

HIV Sequence Compendium 2015

Editors

Brian Foley
Los Alamos National Laboratory

Thomas Leitner
Los Alamos National Laboratory

Cristian Apetrei
University of Pittsburgh

Beatrice Hahn
University of Pennsylvania

Ilene Mizrahi
National Center for Biotechnology
Information

James Mullins
University of Washington

Andrew Rambaut
University of Edinburgh

Steven Wolinsky
Northwestern University

Bette Korber
Los Alamos National Laboratory

Contracting Officer's Representative

Anjali Singh
Division of AIDS
National Institute of Allergy and Infectious Diseases

Los Alamos HIV Sequence Database and Analysis Staff

Werner Abfalterer, Mira Dimitrijevic, Shihai Feng, Will Fischer,
Peter Hraber, Jennifer Macke, James J. Szinger, Hyejin Yoon

This publication is funded by the Division of AIDS, National Institute of Allergy and Infectious Diseases,
through interagency agreement AAI 12007-0000-01000 "HIV/SIV Database and Analysis Unit"
with the U.S. Department of Energy.

Published by
Theoretical Biology and Biophysics
Group T-6, Mail Stop K710
Los Alamos National Laboratory
Los Alamos, New Mexico 87545 U.S.A.

LA-UR-15-27742

<http://www.hiv.lanl.gov/>



HIV Sequence Compendium 2015

Published by
Theoretical Biology and Biophysics
Group T-6, Mail Stop K710
Los Alamos National Laboratory
Los Alamos, New Mexico 87545 U.S.A.

LA-UR-15-27742

Approved for public release; distribution is unlimited.

Los Alamos National Laboratory, an affirmative action/equal opportunity employer, is operated by Los Alamos National Security, LLC, for the National Nuclear Security Administration of the U.S. Department of Energy under contract DE-AC52-06NA25396.

This report was prepared as an account of work sponsored by an agency of the U.S. Government. Neither Los Alamos National Security, LLC, the U.S. Government nor any agency thereof, nor any of their employees make any warranty, express or implied, or assume any legal liability or responsibility for the accuracy, completeness, or usefulness of any information, apparatus, product, or process disclosed, or represent that its use would not infringe privately owned rights. Reference herein to any specific commercial product, process, or service by trade name, trademark, manufacturer, or otherwise does not necessarily constitute or imply its endorsement, recommendation, or favoring by Los Alamos National Security, LLC, the U.S. Government, or any agency thereof. The views and opinions of authors expressed herein do not necessarily state or reflect those of Los Alamos National Security, LLC, the U.S. Government, or any agency thereof.

Los Alamos National Laboratory strongly supports academic freedom and a researcher's right to publish; as an institution, however, the Laboratory does not endorse the viewpoint of a publication or guarantee its technical correctness.

This report was prepared as an account of work sponsored by NIH/NIAID/DAIDS under contract number AAI 12007-0000-01000 "HIV/SIV Database and Analysis Unit".

Contents

Contents	iii
I Preface	1
I-1 Introduction	1
I-2 Acknowledgements	1
I-3 Citing the compendium or database	1
I-4 About the PDF	1
I-5 Genome maps	2
I-6 HIV/SIV proteins	3
I-7 Landmarks of the genome	4
I-8 Amino acid codes	6
I-9 Nucleic acid codes	6
II HIV-1/SIVcpz Complete Genomes	7
II-1 Introduction	7
II-2 Annotated features	8
II-3 Sequences	11
II-4 Alignments	18
III HIV-2/SIV Complete Genomes	153
III-1 Introduction	153
III-2 Annotated features	154
III-3 Sequences	156
III-4 Alignments	158
IV PLV Complete Genomes	223
IV-1 Introduction	223
IV-2 Sequences	224
IV-3 Alignments	226
V HIV-1/SIVcpz Proteins	307
V-1 Introduction	307
V-2 Annotated features	308
V-3 Sequences	310
V-4 Alignments	318
VI HIV-2/SIV Proteins	371
VI-1 Introduction	371
VI-2 Annotated features	372
VI-3 Sequences	373
VI-4 Alignments	378
VII PLV Proteins	405
VII-1 Introduction	405
VII-2 Sequences	406
VII-3 Alignments	413

I

Preface

I-1 Introduction

This compendium is an annual printed summary of the data contained in the HIV sequence database. We try to present a judicious selection of the data in such a way that it is of maximum utility to HIV researchers. Each of the alignments attempts to display the genetic variability within the different species, groups and subtypes of the virus.

This compendium contains sequences published before January 1, 2015. Hence, though it is published in 2015 and called the 2015 Compendium, its contents correspond to the 2014 curated alignments on our website.

The number of sequences in the HIV database is still increasing. In total, at the end of 2014, there were 624,121 sequences in the HIV Sequence Database, an increase of 7% since the previous year. This is the first year that the number of new sequences added to the database has decreased compared to the previous year.

The number of near complete genomes (>7000 nucleotides) increased to 5834 by end of 2014. However, as in previous years, the compendium alignments contain only a fraction of these. A more complete version of all alignments is available on our website, <http://www.hiv.lanl.gov/content/sequence/NEWALIGN/align.html>

As always, we are open to complaints and suggestions for improvement. Inquiries and comments regarding the compendium should be addressed to seq-info@lanl.gov.

I-2 Acknowledgements

The HIV Sequence Database and Analysis Project is funded by the Vaccine and Prevention Research Program of the AIDS Division of the National Institute of Allergy and Infectious Diseases (Anjali Singh, Contracting Officer's Representative) through interagency agreement AAI 12007-0000-01000 "HIV/SIV Database and Analysis Unit" with the U.S. Department of Energy.

I-3 Citing the compendium or database

The LANL HIV Sequence Database may be cited in the same manner as this compendium:

HIV Sequence Compendium 2015. Brian Foley, Thomas Leitner, Cristian Apetrei, Beatrice Hahn, Ilene Mizrahi, James Mullins, Andrew Rambaut, Steven Wolinsky, and Bette Korber editors. 2015. Publisher: Los Alamos Na-

tional Laboratory, Theoretical Biology and Biophysics, Los Alamos, New Mexico. LA-UR-15-27742.

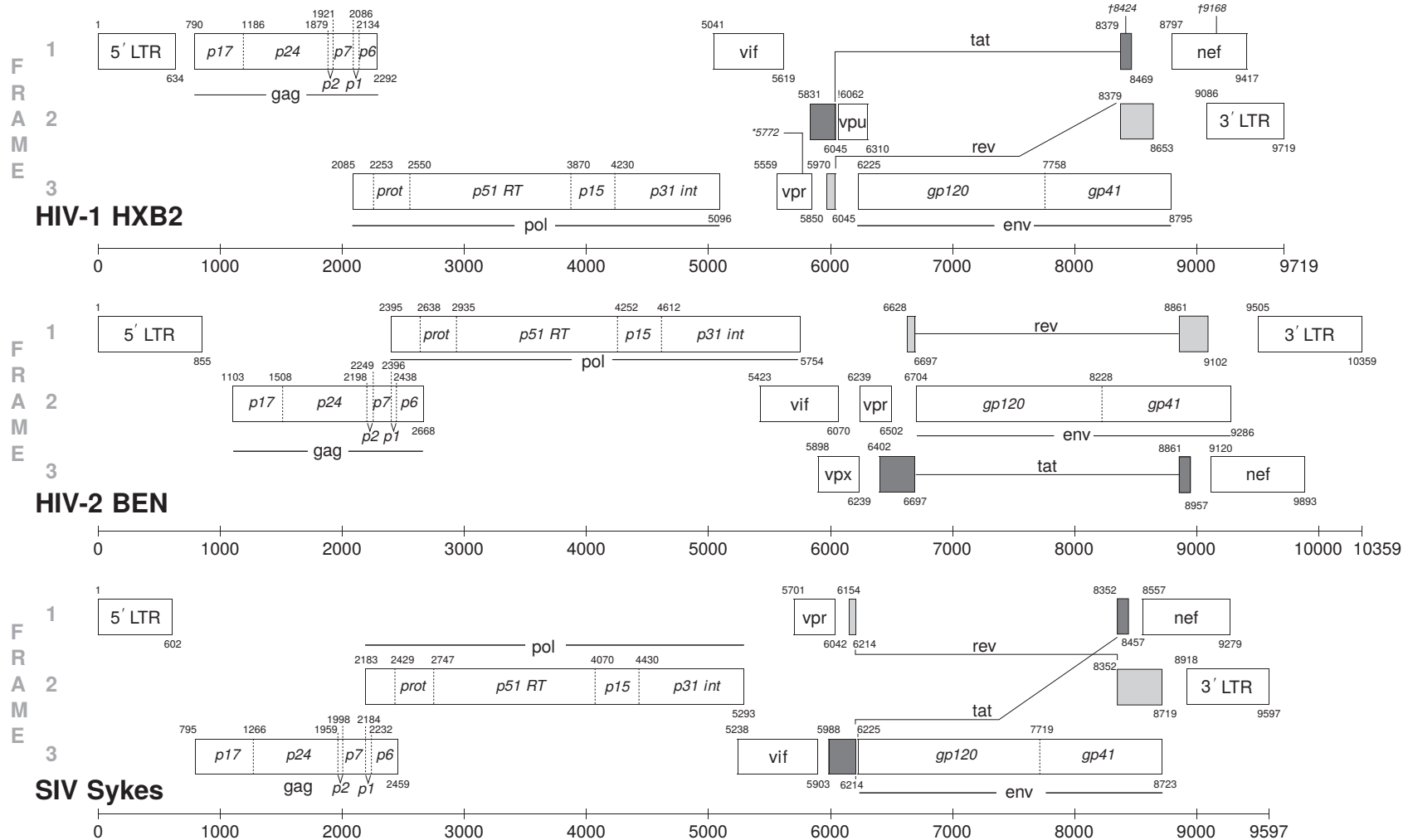
I-4 About the PDF

The complete *HIV Sequence Compendium 2015* is available in Adobe Portable Document Format (PDF) from our website, <http://www.hiv.lanl.gov/>. The 2015 compendium is the first to be available only as PDF; print copies will not be available.

The PDF version is hypertext enabled and features 'clickable' table-of-contents, indexes, references and links to external web sites.

This volume is typeset using L^AT_EX.

I-5 Genome maps



Landmarks of the HIV-1, HIV-2, and SIV genomes. Open reading frames are shown as rectangles. The gene start, indicated by the small number in the upper left corner of each rectangle normally records the position of the **a** in the **atg** start codon for that gene, while the number in the lower right records the last position of the stop codon. For *pol*, the start is taken to be the first **t** in the sequence **tttttag**, which forms part of the stem loop that potentiates ribosomal slippage on the RNA and a resulting -1 frameshift and the translation of the Gag-Pol polypeptide. The *tat* and *rev* spliced exons are shown as shaded rectangles. In HXB2, *5772 marks the position of a frameshift in the *vpr* gene caused by an “extra” **t** relative to most other subtype B viruses; !6062 indicates a defective **acg** start codon in *vpu*; †8424 and †9168 mark premature stop codons in *tat* and *nef*. See Korber *et al.*, Numbering Positions in HIV Relative to HXB2CG, in *Human Retroviruses and AIDS*, 1998, p. 102. Available from <http://www.hiv.lanl.gov/content/sequence/HIV/REVIEWS/HXB2.html>

I-6 HIV/SIV proteins

Name	Size	Function	Localization
Gag			
MA	p17	membrane anchoring; env interaction; nuclear transport of viral core (myristylated protein)	virion
CA	p24	core capsid	virion
NC	p7	nucleocapsid, binds RNA	virion
	p6	binds Vpr	virion
Pol			
Protease (PR)	p15	Gag/Pol cleavage and maturation	virion
Reverse Transcriptase (RT)	p66, p51	reverse transcription, RNase H activity	virion
RNase H	p15		virion
Integrase (IN)	p31	DNA provirus integration	virion
Env	gp120/gp41	external viral glycoproteins bind to CD4 and secondary receptors	plasma membrane, virion envelope
Tat	p16/p14	viral transcriptional transactivator	primarily in nucleolus/nucleus
Rev	p19	RNA transport, stability and utilization factor (phosphoprotein)	primarily in nucleolus/nucleus shuttling between nucleolus and cytoplasm
Vif	p23	promotes virion maturation and infectivity	cytoplasm (cytosol, membranes), virion
Vpr	p10-15	promotes nuclear localization of preintegration complex, inhibits cell division, arrests infected cells at G2/M	virion nucleus (nuclear membrane?)
Vpu	p16	promotes extracellular release of viral particles; degrades CD4 in the ER; (phosphoprotein only in HIV-1 and SIVcpz)	integral membrane protein
Nef	p27-p25	CD4 and class I downregulation (myristylated protein)	plasma membrane, cytoplasm, (virion?)
Vpx	p12-16	Vpr homolog present in HIV-2 and some SIVs, absent in HIV-1	virion (nucleus?)
Tev	p28	tripartite tat-env-rev protein (also named Tnv)	primarily in nucleolus/nucleus

I-7 Landmarks of the genome

HIV genomic structural elements

LTR Long terminal repeat, the DNA sequence flanking the genome of integrated proviruses. It contains important regulatory regions, especially those for transcription initiation and polyadenylation.

TAR Target sequence for viral transactivation, the binding site for Tat protein and for cellular proteins; consists of approximately the first 45 nucleotides of the viral mRNAs in HIV-1 (or the first 100 nucleotides in HIV-2 and SIV.) TAR RNA forms a hairpin stem-loop structure with a side bulge; the bulge is necessary for Tat binding and function.

RRE Rev responsive element, an RNA element encoded within the env region of HIV-1. It consists of approximately 200 nucleotides (positions 7327 to 7530 from the start of transcription in HIV-1, spanning the border of gp120 and gp41). The RRE is necessary for Rev function; it contains a high affinity site for Rev; in all, approximately seven binding sites for Rev exist within the RRE RNA. Other lentiviruses (HIV-2, SIV, visna, CAEV) have similar RRE elements in similar locations within env, while HTLVs have an analogous RNA element (RXRE) serving the same purpose within their LTR; RRE is the binding site for Rev protein, while RXRE is the binding site for Rex protein. RRE (and RXRE) form complex secondary structures, necessary for specific protein binding.

PE Psi elements, a set of 4 stem-loop structures preceding and overlapping the Gag start codon which are the sites recognized by the cysteine histidine box, a conserved motif with the canonical sequence CysX2CysX4HisX4Cys, present in the Gag p7 NC protein. The Psi Elements are present in unspliced genomic transcripts but absent from spliced viral mRNAs.

SLIP A TTTTTT slippery site, followed by a stem-loop structure, is responsible for regulating the -1 ribosomal frameshift out of the Gag reading frame into the Pol reading frame.

CRS Cis-acting repressive sequences postulated to inhibit structural protein expression in the absence of Rev. One such site was mapped within the pol region of HIV-1. The exact function has not been defined; splice sites have been postulated to act as CRS sequences.

INS Inhibitory/Instability RNA sequences found within the structural genes of HIV-1 and of other complex retroviruses. Multiple INS elements exist within the genome and can act independently; one of the best characterized elements spans nucleotides 414 to 631 in the gag region of HIV-1. The INS elements have been defined by functional assays as elements that inhibit expression posttranscriptionally. Mutation of the RNA elements was shown to lead to INS inactivation and up regulation of gene expression.

Genes and gene products

GAG The genomic region encoding the capsid proteins (group specific antigens). The precursor is the p55 myristylated pro-

tein, which is processed to p17 (MA_{TR}ix), p24 (CA_{PS}id), p7 (NucleoCA_{PS}id), and p6 proteins, by the viral protease. Gag associates with the plasma membrane where the virus assembly takes place. The 55 kDa Gag precursor is called assemblin to indicate its role in viral assembly.

POL The genomic region encoding the viral enzymes protease, reverse transcriptase, RNase, and integrase. These enzymes are produced as a Gag-Pol precursor polypeptide, which is processed by the viral protease; the Gag-Pol precursor is produced by ribosome frameshifting near the 3' end of gag.

ENV Viral glycoproteins produced as a precursor (gp160) which is processed to give a noncovalent complex of the external glycoprotein gp120 and the transmembrane glycoprotein gp41. The mature gp120-gp41 proteins are bound by non-covalent interactions and are associated as a trimer on the cell surface. A substantial amount of gp120 can be found released in the medium. gp120 contains the binding site for the CD4 receptor, and the seven transmembrane domain chemokine receptors that serve as co-receptors for HIV-1.

TAT Transactivator of HIV gene expression. One of two essential viral regulatory factors (Tat and Rev) for HIV gene expression. Two forms are known, Tat-1 exon (minor form) of 72 amino acids and Tat-2 exon (major form) of 86 amino acids. Low levels of both proteins are found in persistently infected cells. Tat has been localized primarily in the nucleolus/nucleus by immunofluorescence. It acts by binding to the TAR RNA element and activating transcription initiation and elongation from the LTR promoter, preventing the 5'LTR AATAAA polyadenylation signal from causing premature termination of transcription and polyadenylation. It is the first eukaryotic transcription factor known to interact with RNA rather than DNA and may have similarities with prokaryotic anti-termination factors. Extracellular Tat can be found and can be taken up by cells in culture.

REV The second necessary regulatory factor for HIV expression. A 19 kDa phosphoprotein, localized primarily in the nucleolus/nucleus, Rev acts by binding to RRE and promoting the nuclear export, stabilization and utilization of the unspliced viral mRNAs containing RRE. Rev is considered the most functionally conserved regulatory protein of lentiviruses. Rev cycles rapidly between the nucleus and the cytoplasm.

VIF Viral infectivity factor, a basic protein of typically 23 kDa. Promotes the infectivity but not the production of viral particles. In the absence of Vif the produced viral particles are defective, while the cell-to-cell transmission of virus is not affected significantly. Found in almost all lentiviruses, Vif is a cytoplasmic protein, existing in both a soluble cytosolic form and a membrane-associated form. The latter form of Vif is a peripheral membrane protein that is tightly associated with the cytoplasmic side of cellular membranes. In 2003, it was discovered that Vif prevents the action of the cellular APOBEC-3G protein which deaminates DNA:RNA heteroduplexes in the cytoplasm.

VPR Vpr (viral protein R) is a 96-amino acid (14 kDa) protein, which is incorporated into the virion. It interacts with the p6

Gag part of the Pr55 Gag precursor. Vpr detected in the cell is localized to the nucleus. Proposed functions for Vpr include the targeting the nuclear import of preintegration complexes, cell growth arrest, transactivation of cellular genes, and induction of cellular differentiation. In HIV-2, SIV-SMM, SIV-RCM, SIV-MND-2 and SIV-DRL the Vpx gene is apparently the result of a Vpr gene duplication event, possibly by recombination.

VPU Vpu (viral protein U) is unique to HIV-1, SIVcpz (the closest SIV relative of HIV-1), SIV-GSN, SIV-MUS, SIV-MON and SIV-DEN. There is no similar gene in HIV-2, SIV-SMM or other SIVs. Vpu is a 16 kDa (81-amino acid) type I integral membrane protein with at least two different biological functions: (a) degradation of CD4 in the endoplasmic reticulum, and (b) enhancement of virion release from the plasma membrane of HIV-1-infected cells. Env and Vpu are expressed from a bicistronic mRNA. Vpu probably possesses an N-terminal hydrophobic membrane anchor and a hydrophilic moiety. It is phosphorylated by casein kinase II at positions Ser52 and Ser56. Vpu is involved in Env maturation and is not found in the virion. Vpu has been found to increase susceptibility of HIV-1 infected cells to Fas killing.

NEF A multifunctional 27-kDa myristylated protein produced by an ORF located at the 3' end of the primate lentiviruses. Other forms of Nef are known, including nonmyristylated variants. Nef is predominantly cytoplasmic and associated with the plasma membrane via the myristyl residue linked to the conserved second amino acid (Gly). Nef has also been identified in the nucleus and found associated with the cytoskeleton in some experiments. One of the first HIV proteins to be produced in infected cells, it is the most immunogenic of the accessory proteins. The nef genes of HIV and SIV are dispensable *in vitro*, but are essential for efficient viral spread and disease progression *in vivo*. Nef is necessary for the maintenance of high virus loads and for the development of AIDS in macaques, and viruses with defective Nef have been detected in some HIV-1 infected long term survivors. Nef downregulates CD4, the primary viral receptor, and MHC class I molecules, and these functions map to different parts of the protein. Nef interacts with components of host cell signal transduction and clathrin-dependent protein sorting pathways. It increases viral infectivity. Nef contains PxxP motifs that bind to SH3 domains of a subset of Src kinases and are required for the enhanced growth of HIV but not for the downregulation of CD4.

VPX A virion protein of 12 kDa found in HIV-2, SIV-SMM, SIV-RCM, SIV-MND-2 and SIV-DRL and not in HIV-1 or other SIVs. This accessory gene is a homolog of HIV-1 vpr, and viruses with Vpx carry both vpr and vpx. Vpx function in relation to Vpr is not fully elucidated; both are incorporated into virions at levels comparable to Gag proteins through interactions with Gag p6. Vpx is necessary for efficient replication of SIV-SMM in PBMCs. Progression to AIDS and death in SIV-infected animals can occur in the absence of Vpr or Vpx. Double mutant virus lacking both vpr and vpx was at-

tenuated, whereas the single mutants were not, suggesting a redundancy in the function of Vpr and Vpx related to virus pathogenicity.

Structural proteins/viral enzymes The products of *gag*, *pol*, and *env* genes, which are essential components of the retroviral particle.

Regulatory proteins Tat and Rev proteins of HIV/SIV and Tax and Rex proteins of HTLVs. They modulate transcriptional and posttranscriptional steps of virus gene expression and are essential for virus propagation.

Accessory or auxiliary proteins Additional virion and non-virion-associated proteins produced by HIV/SIV retroviruses: Vif, Vpr, Vpu, Vpx, Nef. Although the accessory proteins are in general not necessary for viral propagation in tissue culture, they have been conserved in the different isolates; this conservation and experimental observations suggest that their role *in vivo* is very important. Their functional importance continues to be elucidated.

Complex retroviruses Retroviruses regulating their expression via viral factors and expressing additional proteins (regulatory and accessory) essential for their life cycle.

I-8 Amino acid codes

A	Alanine
B	Aspartic Acid or Asparagine
C	Cysteine
D	Aspartic Acid
E	Glutamic Acid
F	Phenylalanine
G	Glycine
H	Histidine
I	Isoleucine
K	Lysine
L	Leucine
M	Methionine
N	Asparagine
P	Proline
Q	Glutamine
R	Arginine
S	Serine
T	Threonine
V	Valine
W	Tryptophan
X	unknown or “other” amino acid
Y	Tyrosine
Z	Glutamic Acid or Glutamine
.	gap
-	identity
*	stop codon
#	incomplete codon

I-9 Nucleic acid codes

A	Adenine
C	Cytosine
G	Guanine
T	Thymine
U	Uracil
M	A or C
R	A or G
W	A or T
S	C or G
Y	C or T
K	G or T
V	A or C or G
H	A or C or T
D	A or G or T
B	C or G or T
N	unknown
.	gap
-	identity

II

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Contents

II-1	Introduction	7
II-2	Annotated features	8
II-3	Sequences	11
II-4	Alignments	18

II-1 Introduction

While the “web-alignment” this year has grown to 2635 full-length genomes, the compendium alignment herein has strict page limitations. The selection of sequences for this year’s compendium was slightly different than in past years. We began the selection from the filtered web alignments, thus making the selection slightly more stringent for overall sequence quality. Sequences for each subtype were selected to maximize geographic and phylogenetic diversity, with up to 10 sequences chosen for each pure subtype, CRF01, CRF02, and unclassified (U). When possible, recent sequences were prioritized over older sequences. For all other CRFs, only the reference sequence was included. Representatives were included from groups N, O, and P, and also from the HIV-1-related primate lentiviruses CPZ and GOR. Unique recombinants were all omitted.

The HXB2 sequence (accession K03455) is the master sequence in this alignment. This is also the genome coordinate standard used throughout the HIV Database. The alignment was generated by MAFFT v7.245b (E-INS-i with gap open penalty 2.0) accessed at <http://mafft.cbrc.jp/alignment/server/>. The alignment was subsequently codon-aligned using GeneCutter, followed by a few manual edits to fix obvious misalignments. The alignment presented cannot be considered an “optimal alignment” to any single criterion; it is a compromise between optimal alignment, readability, and codon alignment. Most gaps have been introduced in multiples of 3 bases to maintain open reading frames when the alignment is translated.

Also part of this nucleotide alignment is a translation to protein sequence based on the HXB2 sequence; the HIV genome has many overlapping coding regions, and all are shown. For more complete annotation of functional domains, see the protein sequence alignments in Chapter V.

II-2 Annotated features

Features of HIV-1 annotated in the alignment that follows.

Feature	Location	Page
5' LTR U3 start	1	18
TCF-1 alpha	315-329	20
NF- κ -B-II	350-359	22
NF- κ -B-I	364-373	22
Sp1-III	375-386	22
Sp1-II	388-397	22
Sp1-I	398-408	22
TATA Box	427-431	24
TAR element start	453	24
5' LTR U3 end	455	24
+1 mRNA start site	456	24
5' LTR R repeat begin	456	24
TAR element end	513	24
Poly-A signal	527-532	24
5' LTR R repeat end	551	24
5' LTR U5 start	552	24
Extensive secondary structure	568-605	24
5' LTR U5 end	633	26
Lys tRNA primer binding site	634-653	26
Packaging loops begin	681	26
Packaging loops end	789	28
Gag and Gag-Pol start	790	28
Gag p17 Matrix end	1185	34
Gag p24 Capsid start	1186	34
Gag p24 Capsid end	1881	42
Gag p2 start	1882	42
Gag p2 end	1920	44
Gag-Pol fusion TF protein start	1921	44
Gag p7 nucleocapsid start	1921	44
Gag p7 nucleocapsid end	2085	46
Gag-Pol -1 ribosomal slip site	2085	46
Pol start	2085	46
Gag p1 start	2086	46
Gag p1 end	2133	48
Gag p6 start	2134	48
Gag-Pol TF end	2252	50
Pol protease start	2253	50
Gag p6 end	2292	50
Gag end	2292	50
Pol Protease end	2549	54
Pol p66 and p51 RT start	2550	54
p51 end and p66 RT continue	3869	70
Pol p15 RNase H start	3870	70
Pol p66 RT, Pol p15 RNase H end	4229	74
Pol p31 Integrase start	4230	74
Vif start	5041	84
Pol, Gag-Pol, and p31 integrase end	5096	84
Vpr start	5559	90

Feature	Location	Page
Vif end	5619	90
frameshift insert in HXB2	5772	92
Vpr premature end (HXB2 only)	5795	92
Tat exon 1 start	5831	94
Vpr end	5850	94
Rev exon 1 start	5970	94
Tat Rev exon 1 end	6045	96
intron start	6046	96
Vpu start (ACG in HXB2)	6062	96
Vpu transmembrane domain start	6062	96
Vpu transmembrane domain end	6143	98
Env start	6225	100
Vpu end	6310	100
Env signal peptide end	6314	100
Env gp120 start	6315	100
V1 loop start	6615	104
V1 loop end	6692	106
V2 loop start	6696	106
V2 loop end	6812	108
V3 loop start	7110	112
V3 loop end	7217	114
V4 loop start	7377	116
V4 loop end	7478	118
V5 start	7602	120
V5 end	7634	122
Rev Responsive Element (RRE) region	7710	122
Env gp120 end	7757	122
Env gp41 start	7758	122
RRE end	8061	126
Env gp41 transmembrane domain	8277-8336	130
Tat Rev intron end	8378	130
Tat Rev exon 2 start	8379	130
Tat premature stop in HXB2	8424	132
Tat end	8469	132
Rev end (TAA) in some lineages	8605	134
Rev end	8653	134
Env gp41, gp160 end	8795	136
Nef start	8797	136
3' LTR U3 start	9086	142
Nef premature end in HXB2	9168	142
TCF-1 alpha binding	9400-9414	146
Nef end	9417	146
NF- κ -B-II	9435-9444	148
NF- κ -B-I	9449-9458	148
Sp1-III	9462-9471	148
Sp1-II	9473-9482	148
Sp1-I	9483-9493	148
TATA box	9512-9516	148
TAR element start	9538	148
3' LTR U3 end	9540	148
3' LTR repeat start	9541	148
TAR element end	9599	150
Poly-A signal	9612-9617	150

Feature	Location	Page
3' LTR R repeat end	9636	150
3' LTR U5 start	9637	150
3' LTR U5 end	9719	150

II-3 Sequences

Sequences included in the HIV-1/SIVcpz complete genome alignment.

Name	Accession	Country	Author	Reference
B.FR.83.HXB2	K03455	France	Wong-Staal, F.	<i>Nature</i> 313 (6000):277-284 (1985)
A1.AU.03.PS1044_Day0	DQ676872	Australia	Li, B.	<i>J Virol</i> 81 (1):193-201 (2007)
A1.CH.03.HIV_CH_BID_V3538	JQ403028	Switzerland	Henn, M.R.	<i>PLoS Pathog</i> 8 (3):E1002529 (2012)
A1.CY.08.CY236	JF683783	Cyprus	Kousiappa, I.	<i>ARHR</i> 27 (11); 1183-99 (2011)
A1.ES.05.X1608_8	FJ670519	Spain	Cuevas, M.T.	<i>ARHR</i> 26 (9); 1019-25 (2010)
A1.KE.11.DEMA11KE001	KF716475	Kenya	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
A1.RU.11.11RU6950	JX500694	Russia	Baryshev, P.B.	<i>ARHR</i> 30 (6); 592-7 (2014)
A1.RW.11.DEMA111RW002	KF716472	Rwanda	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
A1.SN.01.DDI579	AY521629	Senegal	Meloni, S.T.	<i>J Virol</i> 78 (22):12438-12445 (2004)
A1.UG.11.DEMA110UG001	KF859745	Uganda	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
A1.ZA.04.04ZASK162B1	DQ396400	S. Africa	Rousseau, C.M.	<i>J Virol Methods</i> 136 (1-2):118-125 (2006)
A2.CM.01.01CM_1445MV	GU201516	Cameroon	Carr, J.K.	<i>Retrovirology</i> 2010 Apr 28;7:39 doi: 101186/1742-4690-7-39
A2.CY.94.94CY017_41	AF286237	Cyprus	Gao, F.	<i>ARHR</i> 17 (8):675-688 (2001)
B.BR.10.10BR_MG029	KJ849799	Brazil	Pessoa, R.	<i>Transfusion</i> 55 (5); 980-90 (2015)
B.CA.07.502_1191_03	JF320424	Canada	Rolland, M.	<i>Nat Med</i> 17 (3); 366-71 (2011)
B.CH.08.M2_0803101_NFLG8	KC797225	Switzerland	Castro, E.	<i>AIDS</i> 28 (12); 1840-4 (2014)
B.CN.10.DEMB10CN002	JX140658	China	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
B.ES.10.DEMB10ES002	KC473842	Spain	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
B.FR.11.DEMB11FR001	KF716496	France	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
B.GB.05.MM45d213_GN1	HM586212	United Kingdom	Turnbull, E.L.	<i>J Immunol</i> 182 (11):7131-7145 (2009)
B.HK.06.HK003	FJ460500	Hong Kong	Tsui, S.K.W.	<i>ARHR</i> 26 (1); 117-22 (2010)
B.HT.05.05HT_129389	EU839602	Haiti	Nadai, Y.	<i>PLoS ONE</i> 4 (3):E4814 (2009)
B.JP.12.DEMB12JP001	KF716498	Japan	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19

Name	Accession	Country	Author	Reference
B.KR.07.HP_18_07JHS10_3909	KJ140263	S. Korea	Kim, B.-R.	<i>Haemophilia</i> 21 (1); e1-11 (2015)
B.PE.07.502_0525_wg5	JF320191	Peru	Rolland, M.	<i>Nat Med</i> 17 (3); 366-71 (2011)
B.RU.11.11RU21n	JX500708	Russia	Baryshev, P.B.	Unpublished
B.TH.08.MERLBDTRC10	JN860769	Thailand	Rutvisuttinunt, W.	<i>ARHR</i> 28 (12); 1703-11 (2012)
B.US.11.ES38	JN397362	United States	Buckheit, R.W.3.	<i>Nat Commun</i> 3 , 716 (2012)
C.AR.01.ARG4006	AY563170	Argentina	Carrion, G.	<i>ARHR</i> 20 (9):1022-1025 (2004)
C.BR.07.DEMC07BR003	JX140663	Brazil	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
C.BW.00.00BW5031_1	AF443115	Botswana	Novitsky, V.	<i>J Virol</i> 76 (11):5435-5451 (2002)
C.CN.10.YNFL19	KC870038	China	Wei, H.	Unpublished
C.CY.09.CY260	JF683803	Cyprus	Kousiappa, I.	<i>ARHR</i> 27 (11); 1183-99 (2011)
C.ES.08.X2363_2	EU786681	Spain	Fernandez-Garcia, A.	<i>ARHR</i> 25 (1); 93-102 (2009)
C.ET.02.02ET_288	AY713417	Ethiopia	Brown, B.K.	<i>J Virol</i> 79 (10):6089-6101 (2005)
C.IN.09.T125_2139	KC156210	India	Parrish, N.F.	<i>PNAS USA</i> 110 (17); 6626-33 (2013)
C.KE.00.KER2010	AF457054	Kenya	Dowling, W.E.	<i>AIDS</i> 16 (13):1809-1820 (2002)
C.MW.09.703010256_CH256.w96	KC156214	Malawi	Parrish, N.F.	<i>PNAS USA</i> 110 (17); 6626-33 (2013)
C.TZ.08.707010457_CH457.w8	KC156220	Tanzania	Parrish, N.F.	<i>PNAS USA</i> 110 (17); 6626-33 (2013)
C.YE.02.02YE511	AY795906	Yemen	Saad, M.D.	<i>ARHR</i> 21 (7):644-648 (2005)
C.ZA.08.705010534_CH534.w12	KC156221	S. Africa	Parrish, N.F.	<i>PNAS USA</i> 110 (17); 6626-33 (2013)
C.ZA.10.DEMC10ZA001	JX140669	S. Africa	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
C.ZM.11.DEMC11ZM006	KF716467	Zambia	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
D.CM.10.DEMD10CM009	JX140670	Cameroon	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
D.CY.06.CY163	FJ388945	Cyprus	Kousiappa, I.	<i>ARHR</i> 25 (8); 727-40 (2009)
D.KE.11.DEMD11KE003	KF716476	Kenya	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
D.KR.04.04KBH8	DQ054367	S. Korea	Cho, Y.-K.	<i>ARHR</i> 29 (4); 738-43 (2013)
D.SN.90.SE365	AB485648	Senegal	Takekawa, N.	Unpublished
D.TZ.01.A280	AY253311	Tanzania	Arroyo, M.A.	<i>ARHR</i> 20 (8):895-901 (2004)
D.UG.10.DEMD10UG004	KF716479	Uganda	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19

Name	Accession	Country	Author	Reference
D.UG.11.DEMD11UG003	KF716480	Uganda	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
D.YE.02.02YE516	AY795907	Yemen	Saad, M.D.	<i>ARHR</i> 21 (7):644-648 (2005)
D.ZA.90.R1	EF633445	S. Africa	Jacobs, G.B.	<i>ARHR</i> 23 (12):1575-8 (2007)
F1.AO.06.AO_06_ANG32	FJ900266	Angola	Guimaraes, M.L.	<i>Retrovirology</i> 6 , 39 (2009)
F1.AR.02.ARE933	DQ189088	Argentina	Aulicino, P.C.	<i>ARHR</i> 21 (2):158-164 (2005)
F1.BR.10.10BR_RJ015	KJ849791	Brazil	Pessoa, R.	<i>Transfusion</i> 55 (5); 980-90 (2015)
F1.CY.08.CY222	JF683771	Cyprus	Kousiappa, I.	<i>ARHR</i> 27 (11); 1183-99 (2011)
F1.ES.02.ES_X845_4	FJ670516	Spain	Fernandez-Garcia, A.	<i>ARHR</i> 25 (11):1187-1191 (2009)
F1.RO.96.BCI_R07	AB485658	Romania	Takekawa, N.	Unpublished
F1.RU.08.D88_845	GQ290462	Russia	Fernandez-Garcia, A.	<i>ARHR</i> 25 (11):1187-1191 (2009)
F2.CM.02.02CM_0016BBY	AY371158	Cameroon	Kijak, G.H.	<i>ARHR</i> 20 (5):521-530 (2004)
F2.CM.10.DEMF210CM001	JX140672	Cameroon	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
F2.CM.10.DEMF210CM007	JX140673	Cameroon	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
G.BE.96.DRCBL	AF084936	Belgium	Oelrichs, R.B.	<i>ARHR</i> 15 (6):585-589 (1999)
G.CM.10.DEMG10CM008	JX140676	Cameroon	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
G.CN.08.GX_2084_08	JN106043	China	Liu, W.	<i>Zhonghua Liu Xing Bing Xue Za Zhi</i> 34 (1); 53-6 (2013)
G.CU.99.Cu74	AY586547	Cuba	Sierra, M.	<i>JAIDS</i> 45 (2):151-160 (2007)
G.ES.09.X2634_2	GU362882	Spain	Cuevas, M.T.	<i>ARHR</i> 26 (9); 1019-25 (2010)
G.GH.03.03GH175G	AB287004	Ghana	Takekawa, N.	Unpublished
G.KE.09.DEMG09KE001	KF716477	Kenya	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
G.NG.09.09NG_SC62	JN248593	Nigeria	Charurat, M.	<i>J Infect Dis</i> 205 (8); 1239-47 (2012)
G.ZA.01.TV546	KJ948662	S. Africa	Wilkinson, E.	<i>ARHR</i> 31 (4); 412-20 (2015)
H.BE.93.VI991	AF190127	Belgium	Janssens, W.	<i>AIDS</i> 14 (11):1533-1543 (2000)
H.CF.90.056	AF005496	C.A.R.	Gao, F.	<i>J Virol</i> 72 (7):5680-5698 (1998)
H.GB.00.00GBAC4001	FJ711703	United Kingdom	Holzmayr, V.	<i>ARHR</i> 25 (7):721-726 (2009)
J.CM.04.04CMU11421	GU237072	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 26 (6); 693-7 (2010)
J.SE.93.SE9280_7887	AF082394	Sweden	Laukkanen, T.	<i>ARHR</i> 15 (3):293-297 (1999)
J.SE.94.SE9173_7022	AF082395	Sweden	Laukkanen, T.	<i>ARHR</i> 15 (3):293-297 (1999)
K.CD.97.97ZR_EQTB11	AJ249235	D.R.C.	Triques, K.	<i>ARHR</i> 16 (2):139-151 (2000)
K.CM.96.96CM_MP535	AJ249239	Cameroon	Triques, K.	<i>ARHR</i> 16 (2):139-151 (2000)
U.CA.01.TV749	HM215251	Canada	Quesnel-Vallieres, M.	<i>Emerging Infect Dis</i> 17 (2):271-274 (2011)
U.CA.99.TV721	HM215249	Canada	Quesnel-Vallieres, M.	<i>Emerging Infect Dis</i> 17 (2):271-274 (2011)

Name	Accession	Country	Author	Reference
U.CD.83.83CD003_Z3	AF286236	D.R.C.	Gao, F.	<i>ARHR</i> 17 (12):1217-1222 (2001)
U.CD.90.90CD121E12	AF457101	D.R.C.	Mokili, J.L.	<i>ARHR</i> 18 (11):817-823 (2002)
U.CY.05.CY090	FJ388921	Cyprus	Kousiappa, I.	<i>ARHR</i> 25 (8); 727-40 (2009)
U.CY.08.CY223	JF683772	Cyprus	Kousiappa, I.	<i>ARHR</i> 27 (11); 1183-99 (2011)
U.ES.10.DEURF10DZ001	JX140679	Spain	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
U.GR.99.99GR303	AY046058	Greece	Paraskevis, D.	<i>J Gen Virol</i> 82 (Pt 10):2509-2514 (2001)
U.NL.95.U_NL_95_H10986_D1	EF029066	Netherlands	van der Hoek, L.	<i>ARHR</i> 23 (3):466-470 (2007)
01_AE.AF.07.569M	GQ477441	Afghanistan	Sanders-Buell, E.	<i>ARHR</i> 26 (5):605-608 (2010)
01_AE.CF.90.90CF11697	AF197340	C.A.R.	Anderson, J.P.	<i>J Virol</i> 74 (22):10752-10765 (2000)
01_AE.CN.10.YNFL03	KC870029	China	Wei, H.	Unpublished
01_AE.HK.04.HK001	DQ234790	Hong Kong	Tsui, S.K.W.	Unpublished
01_AE.IR.10.10IR.THR48F	AB703616	Iran	Jahanbakhsh, F.	<i>ARHR</i> 29 (1); 198-203 (2013)
01_AE.JP.x.JRC77AE	AB565504	Japan	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
01_AE.TH.09.AA090a_WG11	JX447727	Thailand	Rolland, M.	<i>Nature</i> 490 (7420); 417-20 (2012)
01_AE.TH.90.CM240	U54771	Thailand	Carr, J.K.	<i>J Virol</i> 70 (9):5935-5943 (1996)
01_AE.US.05.306163_FL	JX863920	United States	Heipertz, R.A. Jr.	<i>ARHR</i> 29 (10):1310-1320 (2013)
01_AE.VN.98.98VNND15	FJ185235	Viet Nam	Liao, H.	<i>Virology</i> 391 (1):51-56 (2009)
02_AG.CM.10.DE00210CM013	KF859739	Cameroon	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
02_AG.CY.09.CY256	JF683799	Cyprus	Kousiappa, I.	<i>ARHR</i> 27 (11); 1183-99 (2011)
02_AG.ES.06.P1423	EU884501	Spain	Fernandez-Garcia, A.	<i>ARHR</i> 25 (1); 93-102 (2009)
02_AG.GW.05.CC_0048	FJ694792	Guinea-Bissau	Vinner, L.	<i>APMIS</i> 119 (8); 487-97 (2011)
02_AG.KR.12.12MHR9	KF561435	S. Korea	Cho, Y.-K.	Unpublished
02_AG.LR.x.POC44951	AB485636	Liberia	Takekawa, N.	Unpublished
02_AG.NG.09.09NG_SC61	JN248592	Nigeria	Charurat, M.	<i>J Infect Dis</i> 205 (8); 1239-47 (2012)
02_AG.NG.x.IBNG	L39106	Nigeria	Howard, T.M.	<i>ARHR</i> 10 (12):1755-1757 (1994)
02_AG.SE.94.SE7812	AF107770	Sweden	Carr, J.K.	<i>AIDS</i> 13 (14); 1819-26 (1999)
02_AG.SN.98.98SE_MP1211	AJ251056	Senegal	Toure-Kane, C.	<i>ARHR</i> 16 (6):603-609 (2000)
03_AB.RU.97.KAL153_2	AF193276	Russia	Liitsola, K.	<i>ARHR</i> 16 (11):1047-1053 (2000)
04_cpx.CY.94.94CY032_3	AF049337	Cyprus	Gao, F.	<i>J Virol</i> 72 (12):10234-10241 (1998)
05_DF.BE.x.VI1310	AF193253	Belgium	Laukkanen, T.	<i>Virology</i> 269 (1):95-104 (2000)
06_cpx.AU.96.BFP90	AF064699	Australia	Oelrichs, R.B.	<i>ARHR</i> 14 (16):1495-1500 (1998)
07_BC.CN.98.98CN009	AF286230	China	Rodenburg, C.M.	<i>ARHR</i> 17 (2):161-168 (2001)
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	AY008715	China	Piyasirisilp, S.	<i>J Virol</i> 74 (23):11286-11295 (2000)
09_cpx.GH.96.96GH2911	AY093605	Ghana	McCutchan, F.E.	<i>ARHR</i> 20 (8):819-826 (2004)
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	AF289548	Tanzania	Kouliniska, I.N.	<i>ARHR</i> 17 (5):423-431 (2001)
11_cpx.CM.95.95CM_1816	AF492624	Cameroon	Wilbe, K.	<i>ARHR</i> 18 (12):849-56 (2002)
12_BF.AR.99.ARMA159	AF385936	Argentina	Carr, J.K.	<i>AIDS</i> 15 (15):F41-F47 (2001)
13_cpx.CM.96.96CM_1849	AF460972	Cameroon	Wilbe, K.	<i>ARHR</i> 18 (12):849-56 (2002)
14_BG.ES.05.X1870	FJ670522	Spain	Cuevas, M.T.	<i>ARHR</i> 26 (9); 1019-25 (2010)
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	AF516184	Thailand	Viputtijul, K.	<i>ARHR</i> 18 (16):1235-1237 (2002)
16_A2D.KR.97.97KR004	AF286239	S. Korea	Gao, F.	<i>ARHR</i> 17 (8):675-688 (2001)
17_BF.AR.99.ARMA038	AY037281	Argentina	Carr, J.K.	<i>AIDS</i> 15 (15):F41-F47 (2001)
18_cpx.CU.99.CU76	AY586540	Cuba	Thomson, M.M.	<i>AIDS</i> 19 (11):1155-63 (2005)

Name	Accession	Country	Author	Reference
19_cpx.CU.99.CU7	AY894994	Cuba	Casado, G.	<i>JAIDS</i> 40 (5):532-537 (2005)
20_BG.CU.99.Cu103	AY586545	Cuba	Sierra, M.	<i>JAIDS</i> 45 (2):151-160 (2007)
21_A2D.KE.99.KER2003	AF457051	Kenya	Dowling, W.E.	<i>AIDS</i> 16 (13):1809-1820 (2002)
22_01A1.CM.01.01CM_0001BBY	AY371159	Cameroon	Kijak, G.H.	<i>ARHR</i> 20 (5):521-530 (2004)
23_BG.CU.03.CB118	AY900571	Cuba	Sierra, M.	<i>JAIDS</i> 45 (2):151-160 (2007)
24_BG.ES.08.X2456_2	FJ670526	Spain	Cuevas, M.T.	<i>ARHR</i> 26 (9): 1019-25 (2010)
25_cpx.CM.02.1918LE	AY371169	Cameroon	Kijak, G.H.	<i>ARHR</i> 20 (5):521-530 (2004)
26_AU.CD.02.02CD_MBTB047	FM877782	D.R.C.	Vidal, N.	<i>ARHR</i> 25 (8):823-832 (2009)
27_cpx.FR.04.04CD_FR_KZS	AM851091	France	Vidal, N.	<i>ARHR</i> 24 (2):315-321 (2008)
28_BF.BR.99.BREPM12609	DQ085873	Brazil	Sa Filho, D.J.	<i>ARHR</i> 22 (1):1-13 (2006)
29_BF.BR.01.BREPM16704	DQ085876	Brazil	Sa Filho, D.J.	<i>ARHR</i> 22 (1):1-13 (2006)
31_BC.BR.04.04BR142	AY727527	Brazil	Sanabani, S.	<i>ARHR</i> 22 (2):171-176 (2006)
32_06A1.EE.01.EE0369	AY535660	Estonia	Adojaan, M.	<i>JAIDS</i> 39 (5):598-605 (2005)
33_01B.ID.07.JKT189_C	AB547463	Indonesia	SahBandar, I.N.	<i>ARHR</i> 27 (1): 97-102 (2011)
34_01B.TH.99.OUR2478P	EF165541	Thailand	Tovanabutra, S.	<i>ARHR</i> 23 (6):829-833 (2007)
35_AD.AF.07.169H	GQ477446	Afghanistan	Sanders-Buell, E.	<i>ARHR</i> 26 (5):605-608 (2010)
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	EF087994	Cameroon	Powell, R.L.	<i>ARHR</i> 23 (8):1008-1019 (2007)
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	EF116594	Cameroon	Powell, R.L.	<i>ARHR</i> 23 (7):923-933 (2007)
38_BF1.UY.03.UY03_3389	FJ213783	Uruguay	Ruchansky, D.	<i>ARHR</i> 25 (3): 351-6 (2009)
39_BF.BR.04.04BRRJ179	EU735535	Brazil	Guimaraes, M.L.	<i>AIDS</i> 22 (3):433-435 (2008)
40_BF.BR.05.05BRRJ055	EU735537	Brazil	Guimaraes, M.L.	<i>AIDS</i> 22 (3):433-435 (2008)
42_BF.LU.06.luBF_18_06	EU170139	Luxembourg	Struck, D.	<i>ARHR</i> 31 (5): 554-8 (2015)
43_02G.SA.03.J11223	EU697904	Saudi Arabia	Badreddine, S.	<i>ARHR</i> 23 (5):667-674 (2007)
44_BF.CL.00.CH80	FJ358521	Chile	Delgado, E.	<i>ARHR</i> 26 (7): 821-6 (2010)
45_cpx.FR.04.04FR_AUK	EU448295	France	Frangé, P.	<i>Retrovirology</i> 2008 Aug 1;5:69 doi: 101186/1742-4690-5-69
46_BF.BR.07.07BR_FPS625	HM026456	Brazil	Sanabani, S.S.	<i>Virol J</i> 2010 Apr 16;7:74 doi: 101186/1743-422X-7-74
47_BF.ES.08.P1942	GQ372987	Spain	Fernandez-Garcia, A.	<i>ARHR</i> 26 (7): 827-32 (2010)
48_01B.MY.07.07MYKT021	GQ175883	Malaysia	Li, Y.	<i>JAIDS</i> 54 (2):129-136 (2010)
49_cpx.GM.03.N26677	HQ385479	Gambia	de Silva, T.I.	<i>Retrovirology</i> 7 (1):82 (2010)
50_A1D.GB.10.12792	JN417240	United Kingdom	Foster, G.M.	<i>PLoS One</i> 9 (1); e83337 (2014)
51_01B.SG.11.11SG_HM021	JN029801	Singapore	Ng, O.T.	<i>ARHR</i> 28 (5): 527-30 (2012)
52_01B.MY.03.03MYKL018_1	DQ366664	Malaysia	Tee, K.K.	<i>JAIDS</i> 43 (5):523-529 (2006)
53_01B.MY.11.11FIR164	JX390610	Malaysia	Chow, W.Z.	<i>J Virol</i> 86 (20):11398-11399 (2012)
54_01B.MY.09.09MYSB023	JX390976	Malaysia	Ng, K.T.	<i>J Virol</i> 86 (20):11405-11406 (2012)
55_01B.CN.10.HNCS102056	JX574661	China	Han, X.	<i>Genome Announc</i> 1 (1):E00050-12 (2013)
56_cpx.FR.10.URF5_patient_A	JN882655	France	Leoz, M.	<i>AIDS</i> 25 (11):1371-1377 (2011)
57_BC.CN.09.09YNLX19sg	KC899008	China	Han, X.	<i>PLoS ONE</i> 8 (5):E65337 (2013)
58_01B.MY.09.09MYPR37	KC522031	Malaysia	Chow, W.Z.	<i>PLoS ONE</i> 9 (1):E85250 (2014)
59_01B.CN.09.09LNA423	JX960635	China	An, M.	<i>J Virol</i> 86 (22): 12402-6 (2012)
60_BC.IT.11.BAV499	KC899079	Italy	Simonetti, F.R.	<i>Infect Genet Evol</i> 2014 Apr;23:176-81 doi: 101016/j.meegid.2014.02.007 Epub 2014 Mar 3
61_BC.CN.10.JL100010	KC990124	China	Li, X.	<i>Genome Announc</i> 2013 Jun 27;1(3) pii: e00326-13 doi: 101128/genomeA00326-13
62_BC.CN.10.YNFL13	KC870034	China	Wei, H.	<i>ARHR</i> 30 (4):380-383 (2014)
63_02A1.RU.10.10RU6637	JN230353	Russia	Baryshev, P.B.	<i>Arch Virol</i> 157 (12); 2335-41 (2012)

Name	Accession	Country	Author	Reference
64_BC.CN.09.YNFL31	KC870042	China	Hsi, J.	<i>ARHR</i> 30 (4); 389-93 (2014)
65_cpx.CN.10.YNFL01	KC870027	China	Feng, Y.	<i>ARHR</i> 30 (6); 598-602 (2014)
67_01B.CN.11.ANHUI_HF115	KC183779	China	Wu, J.	<i>PLoS ONE</i> 8 (1):E54322 (2013)
68_01B.CN.11.ANHUI_WH73	KC183782	China	Wu, J.	<i>PLoS ONE</i> 8 (1):E54322 (2013)
70_BF1.BR.10.10BR_PE004	KJ849758	Brazil	Pessoa, R.	<i>PLoS One</i> 9 (11); e112674 (2014)
71_BF1.BR.10.10BR_PE008	KJ849759	Brazil	Pessoa, R.	<i>PLoS One</i> 9 (11); e112674 (2014)
72_BF1.BR.10.10BR_MG002	KJ671534	Brazil	Pessoa, R.	<i>Genome Announc</i> 2 (3):e00386-14 (2014)
O.BE.87.ANT70	L20587	Belgium	Vanden Haesevelde, M.	<i>J Virol</i> 68 (3):1586-1596 (1994)
O.CM.98.98CMA104	AY169802	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
O.CM.98.98CMABB141	AY169807	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
O.CM.98.98CMABB212	AY169804	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
O.CM.98.98CMU5337	AY169808	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
O.CM.99.99CMU4122	AY169815	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
O.FR.92.VAU	AF407418	France	Vartanian, J.P.	<i>J Gen Virol</i> 83 (Pt 4):801-805 (2002)
O.GA.11.11Gab6352	JX245015	Gabon	Liegeois, F.	<i>ARHR</i> 29 (7); 1085-90 (2013)
O.SN.99.99SE_MP1299	AJ302646	Senegal	Toure-Kane, C.	<i>ARHR</i> 17 (12):1211-1216 (2001)
O.US.10.LTNP	JN571034	United States	Buckheit, R.W.3.	<i>ARHR</i> 30 (6); 511-513 (2014)
N.CM.02.DJO0131	AY532635	Cameroon	Bodelle, P.	<i>ARHR</i> 20 (8):902-908 (2004)
N.CM.02.SJGddd	GQ324959	Cameroon	Vallari, A.	<i>ARHR</i> 26 (1):109-115 (2010)
N.CM.04.04CM_1015_04	DQ017382	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 22 (1):83-92 (2006)
N.CM.06.U14296	GQ324962	Cameroon	Vallari, A.	<i>ARHR</i> 26 (1):109-115 (2010)
N.CM.06.U14842	GQ324958	Cameroon	Vallari, A.	<i>ARHR</i> 26 (1):109-115 (2010)
N.FR.11.N1_FR_2011	JN572926	France	Delaugerre, C.	<i>Lancet</i> 378 (9806); 1894 (2011)
P.CM.06.U14788	HQ179987	Cameroon	Vallari, A.	<i>J Virol</i> 85 (3); 1403-7 (2011)
P.FR.09.RBF168	GU111555	France	Plantier, J.-C.	<i>Nat Med</i> 15 (8); 871-2 (2009)
CPZ.CD.06.BF1167	JQ866001	D.R.C.	Li, Y.	<i>J Virol</i> 86 (19):10776-10791 (2012)
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	DQ373066	Cameroon	Keele, B.F.	<i>Science</i> 313 (5786):523-526 (2006)
CPZ.GA.88.GAB1	X52154	Gabon	Huet, T.	<i>Nature</i> 345 (6273):356-359 (1990)
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	JQ768416	Tanzania	Takehisa, J.	Unpublished
CPZ.US.85.US_Marilyn	AF103818	United States	Gao, F.	<i>Nature</i> 397 (6718):436-441 (1999)
GOR.CM.07.SIVgor2139_287	FJ424866	Cameroon	Takehisa, J.	<i>J Virol</i> 83 (4):1635-1648 (2009)
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	FJ424863	Cameroon	Takehisa, J.	<i>J Virol</i> 83 (4):1635-1648 (2009)

	5' LTR U3 start	
B.FR.03.HXB2	TGGAAGGGCTAATTCACCTCCCAACGAAGACAAGATATCCCTTGATCTGACCATCCACACACAAGGCTACTTCCCTGATTAGCAGAACTACACACACGGCCAGGGATCAGATATCCACTGACCTTTGGATGGTGCTACAAGCTAGTACCAAGTTGAGCCAGAGAAGTTA	170
A1.AU.03.P51044 Day0		0
A1.CH.03.HIV_CH_BID_V3538		0
A1.CY.08.CY223		0
A1.ES.05.X1608_8		0
A1.KE.11.DEMA11KE001		0
A1.RU.11.11RU6950		0
A1.RW.11.DEMA11RW002		0
A1.SN.01.DDI579		0
A1.UC.11.DEMA110UG001		0
A1.ZA.04.04ZASK162B1		0
A2.CM.01.01CM_1445MV		0
A2.CY.94.94CY017_41		0
B.BR.10.10BR_MG029		0
B.CA.07.502_1191_03		0
B.CH.08.M2_080301_NFLG8		0
B.CN.10.DEMB10CN002		0
B.ES.10.DEMB10ES002		0
B.FR.11.DEMB11FR001		0
B.GB.05.MM45d213_GN1		0
B.HK.06.HK003		0
B.HT.05.05HT_129389		0
B.JP.12.DEMB12JP001		0
B.KR.07.HP_18_07JH510_3909		0
B.PE.07.502_0525_wg5		0
B.RU.11.11RU21n		0
B.TH.08.MERLBDTRC10		0
B.US.11.E538	G A CC C T T T AG	93
C.AR.01.ARC4006		0
C.BR.07.DEMC07BR003		0
C.BW.00.00BW5031_1		0
C.CN.10.YNFL19		0
C.CY.09.CY260		0
C.ES.08.X2263_2		0
F.02.02CT_288	T T TA GAA G G T G T G G T T A AG C T T T A C A G AG	170
C.IN.09.T125_2139	T T A GAA G C T A G T TA T T G A G A G G T T A C AG G AG	170
C.KE.00.KER2010	T T A GAA G C T A G T TA T T G A G A G G T T A C AG G AG	170
C.MW.09.703010256_CH256.w96	T T A GAA G C T A G T TA T T G A G A G G T T A C AG G AG	170
C.TZ.08.707010457_CH457.w8	T T A GAA G C T A G T TA T T G A G A G G T T A C AG G AG	170
C.ZE.02.05010534_CH534.w12	T T AGGAA G G T G C TA T T G A G A G G T T A C AG G AG	170
C.ZA.10.DEMC10ZA001		0
C.ZM.11.DEMC11ZM006		0
D.CM.10.DEMD10CM009		0
D.CY.06.CY163		0
D.KE.11.DEMD11KE003		0
D.KR.04.04KR88	TGG A GAA G T G T G C G T CT C TG T T G AG G G	170
D.SN.96.SE365		0
D.TZ.01.A280		0
D.UG.10.DEMD10UG004		0
D.UG.11.DEMD11UG003		0
D.YE.02.02YE516		0
D.ZA.90.R1		0
F1.A0.06.A0_06_ANG32		0
F1.AR.02.ARE933		0
F1.BR.10.10BR_RJ015		0
F1.CY.08.CY222		0
F1.ES.02.ES_X845_4	T T GAA G G G T A G CT C G T T G G	170
F1.R0.96.BCI_R07		0
F1.RU.09.D88_845		0
F2.CM.02.02CM_0016BBY		0
F2.CM.10.DEMF210CM001		0
F2.CM.10.DEMF210CM007		0
G.BE.96.DRCBL	A C A G TA T CA A T A G CT TC C G T A G A G T TCAG G	132
G.CM.10.DEMG10CM008		0
G.CN.08.GX_2084_08		0
G.CU.98.CU74		0
G.ES.09.X2634_2	T T TGG A GAA G G G TA A T A G CT CTC G T A A A T CAG G	170
G.GH.03.03GH175G		0
G.KE.09.DEMG09KE001		0
G.NG.09.09NG_SC62		0
G.ZA.01.TV546		0
H.BE.93.VT991		0
H.CF.90.05		0
H.GB.00.00GBAC4001		0
J.CM.04.04CMU11421		0
J.SE.93.SE9280_7887		0
J.SE.94.SE9173_7022		0
K.CD.97.97ZR_EQTB11		0
K.CM.96.96CM_MP535		0
U.CA.01.TV749	T T GAA G G C T G A A C C A A T T C G AG TG AG	170
U.CA.99.TV721		0
U.CD.83.83CD003_Z3		0
U.CD.90.90CD121E12		0
U.CY.05.CY090		0
U.CY.08.CY223		0
U.ES.10.DEURF10DZ001		0
U.GR.99.99GR303		0
U.NL.95.U_NL_95_H10986_D1		0
01.AE.AF.07.569H		65
01.AE.CF.90.90CF11697		107
01.AE.CN.10.YNFL03		0
01.AE.HK.04.HK001		0
01.AE.IR.10.10IR_THR48F		0
01.AE.JP.x_JRC77AE	T T TA GAA G T A G TA T T G A C C TGT T C ACAG G	170
01.AE.TH.09.AA090a_WG11		0
01.AE.TH.90.CW49		0
01.AE.US.05.306163_FL		0
01.AE.VN.98.98VNND15		0

B. FR. 83. HXB2	5' LTR U3 start	TGGAAGGGCTAATTCACCTCCCAACGACAAGATATCCTTGATCTGGGATCTACACACACAAGGCTACTTCCTGATTAGCAGAAGTACACACACAGGCCAGGGATCAGATATCCACTGACCTTTGGATGGTGCTACAAGCTAGTACCAGTTGAGCCAGAGAAGTTA	170
02 AG. CM. 10. DE00210CM013			0
02 AG. CY. 09. CY256			0
02 AG. ES. 06. P1423			0
02 AG. GW. 05. CC 0048			0
02 AG. KR. 12. 120HR			0
02 AG. LR. X. POC44951			0
02 AG. NG. 09. 09NG SC61			0
02 AG. NG. X. IBNG			0
02 AG. SE. 94. SE7812			0
02 AG. SN. 98. 98SNMP1211			0
03 AB. RU. 97. KAL153_2			0
04 cpx. CY. 94. 94CY032_3			0
05 DF. BE. X. V11310			0
06 cpx. AU. 96. BFP90			0
07 BC. CN. 98. 98CN009			0
08 BC. CN. 97. 97CN06_6F			0
09 cpx. GH. 96. 96GH2911			0
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061			0
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816			0
12 BF. AR. 99. ARMA159			0
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849			0
14 BG. ES. 05. X1870			0
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079			0
16 A2D. KR. 97. 97KR004			0
17 BF. AR. 99. ARMA038			0
18 cpx. CU. 99. CU76			0
19 cpx. CU. 99. CU7			0
20 BG. CU. 99. CU103			0
21 A2D. KE. 99. KER2003			0
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY			0
23 BG. CU. 03. CB118			0
24 BG. ES. 08. X256_2			0
25 cpx. CM. 02. 1918LE			0
26 AU. CD. 02. 02CD MBT047			0
27 cpx. FR. 04. 04CD FR KZ5			0
28 BF. BR. 99. BREPM12609			0
29 BF. BR. 01. BREPM16704			0
31 BC. BR. 04. 04BR142			0
32 06A1. EE. 01. EE0369			0
33 01B. ID. 07. JKT189_C			0
34 01B. TH. 99. OUR2478P			0
35 AD. AF. 07. 169H			0
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830			0
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926			0
38 BF1. UY. 03. UY03_3389			0
39 BF. BR. 04. 04BRRJ179			0
40 BF. BR. 05. 05BRRJ055			0
42 BF. LU. 06. LU0F_18_06			0
43 02G. SA. 03. J11223			0
44 BF. CL. 00. CH80			0
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK			0
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625			0
47 BF. ES. 08. P1942			0
48 01B. MY. 07. 07MYKT021			0
49 cpx. GM. 03. N26677			0
50 A1D. GB. 10. 12792			0
51 01B. SG. 11. 11SG HM021			0
52 01B. MY. 03. 03MYKL018_1			0
53 01B. MY. 11. 11FIR164			0
54 01B. MY. 09. 09MYSB023			0
55 01B. CN. 10. HNC5102056			0
56 cpx. FR. 10. URF5 patient_A			0
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg			0
58 01B. MY. 09. 09MYPR37			0
59 01B. CN. 09. 09LNA423			0
60 BC. IT. 11. BAV499			0
61 BC. CN. 10. J1100010			0
62 BC. CN. 10. YNFI13			0
63 02A1. RU. 10. 10RU6637			0
64 BC. CN. 09. YNFI31			0
65 cpx. CN. 10. YNFI01			0
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115			0
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73			0
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004			0
71 BF1. BR. 11. 10BR PE008			0
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002			0
0. BE. 87. ANT70			0
0. CM. 98. 98CMA104			0
0. CM. 98. 98CMABB141			0
0. CM. 98. 98CMABB212			0
0. CM. 98. 98CMABB337			0
0. CM. 99. 99CMU4122			0
0. FR. 92. VAU			0
0. GA. 11. 11GAB6352			0
0. SN. 99. 99SE MP1299			0
0. US. 10. LTNP			0
N. CM. 02. DJ00131			0
N. CM. 02. SJGddd			0
N. CM. 04. 04CM 1015_04			0
N. CM. 06. U14296			0
N. CM. 06. U14842			0
N. FR. 11. N1 FR 2011			0
P. CM. 06. U14788			0
P. FR. 09. RBF168			0
CPZ. CD. 06. BF1167			0
CPZ. CM. 05. SIVcpzMT145			0
CPZ. GA. 88. GAB1			0
CPZ. TZ. 06. SIVcpzTAN13			0
CPZ. US. 85. US Marilyn			0
GOR. CM. 07. SIVgor2139_287			0
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con			0

		TCF-1 alpha										
B.FR.03.HXB2	GAAGAA...GCCAACAAAGGAGAGAACACCGCTTGTATACACCTGTTGAGCCTGCATGGAATGGATGACCCGGAGAGAGAAGTTGTTAGAGTGAGAGTTTGACAGCCGCTAGCATTTTCATCACATGCCCGAGAGCTGCATCCGGAGTACTTCAAGAAGCTGCTGA...	332										
A1.AU.03.P51044 Day0		0										
A1.CH.03.HIV_CH_BID_V3538		0										
A1.CY.08.CY223		0										
A1.ES.05.X1608_8		0										
A1.KE.11.DEMA11KE001		0										
A1.RU.11.11RU6950		0										
A1.RW.11.DEMA11RW002		0										
A1.SN.01.DDI579		0										
A1.UC.11.DEMA11UG001		0										
A1.ZA.04.04ZASK162B1		0										
A2.CM.01.01CM_1445MV		0										
A2.CY.94.94CY017_41		0										
B.BR.10.10BR_MG029		0										
B.CA.07.502_1191_03		0										
B.CH.08.M2_0803101_NFLG8		0										
B.CN.10.DEMB10CN002		0										
B.ES.10.DEMB10ES002		0										
B.FR.11.DEMB11FR001		0										
B.GB.05.MM45d213_GN1		0										
B.HK.06.HK003		0										
B.HT.05.05HT_129389		0										
B.JP.12.DEMB12JP001		0										
B.KR.07.HP_18_07JHS10_3909		0										
B.PE.07.502_0525_wg5		0										
B.RU.11.11RU21n		0										
B.TH.08.MERLBDTRC10		0										
B.US.11.ES38	-----C-----A-T-C-----A-A-G-----A-A-----TA-A-----A-----A-C--G-A-----A-----	25										
C.AR.01.ARC4006		0										
C.BR.07.DEMC07BR003		0										
C.BW.00.00BW5031_1		0										
C.CN.10.YNFL19		0										
C.CY.09.CY260		0										
C.ES.08.X2263_2		0										
C.ET.02.02ET_288		0										
C.IN.09.T125_2139	G-----G-----A-T-C-----T-A-----G-TGAAC-C-----A-AT-A-----T-AA-----CGCAGA--C-----T--AA-----TT-A--AG-----	332										
C.KE.00.KER2010		0										
C.MW.09.703010256_CH256.w96	G-----G-----A-A-TTC-C-----A-AA-----G-TGATC-C-----A-A-A-A-----T-AA-----CACAA-A-----C--A-----TT-A--AG-----	332										
C.TZ.08.707010457_CH457.w8	G-AA-CGG-----A-T-C-----A-AA-----G-TGAAC-C-----A-A-A-A-----TATG-----CGCAGA-----C-AAA-----T-A--AG-----	332										
C.ZE.02.02ZE1	G-----TG-----A-A-T-T-C-G-----A-A-----G-TGAA-C-----C-AT-A-----TTA-----CACAGA-----C-A-A-----T-A--AG-----	332										
C.ZA.10.DEMC10ZA001		0										
C.ZM.11.DEMC11ZM006		0										
D.CM.10.DEMD10CM009		0										
D.CY.06.CY163		0										
D.KE.11.DEMD11KE003		0										
D.KR.04.04KR088	G-----TG-----A-T-C-----A-A-----A-G-GA-----C-C-A-----A-A-AAA-----G-A-T-A-----AT-----TT-A--AG-----	28										
D.SN.90.E365	G-----CTG--A--AG-A-T-C-----C-T-A-----A-G-GA-----C-T-----A-A-AAA-----G-A--A-A-A-----T-T-A--AG-----	332										
D.TZ.01.A280		0										
D.UG.10.DEMD10UG004		0										
D.UG.11.DEMD11UG003		0										
D.YE.02.02YE516		0										
D.ZA.90.R1		0										
F1.A0.06.A0_06_ANG32		0										
F1.AR.02.ARE933		0										
F1.BR.10.10BR_RJ015		0										
F1.CY.08.CY222		0										
F1.ES.02.ES_X845_4		0										
F1.R0.96.BCI_R07	-A-G-----T-TG-----T-A-T-AC-----CA-AA-----A-TGAA-C-----AC-GA-----CA-----G--A-A-TGAA-A--AGA-----T-A-C-AG-----AAGAC-----	332										
F1.R0.96.D8B_845		0										
F2.CM.02.02CM_0016BBY		0										
F2.CM.10.DEMF210CM001		0										
F2.CM.10.DEMF210CM007		0										
G.BE.96.DRCBL	-G-----T-----A-TC-A-----CA-CT--A-----G--GAA-C-----C-G-T-----AA-----TA-----CGGAGA-----A-----A-AG-----	294										
G.CM.10.DEMG10CM008		0										
G.CN.08.GX_2084_08		0										
G.CU.99.CU74		0										
G.ES.09.X2634_2		0										
G.GH.03.03GH175G	-G-G-----T-----C-A-TC-C-----CA-CT--A-----A-G-TGAA-C-A-----C-G-TA-----A-----TA-----CGGAGA--TC-T-----A-----	332										
G.KE.09.DEMG09KE001		0										
G.NG.09.09NG_SC62		0										
G.ZA.01.TV546		0										
H.BE.93.VT091		0										
H.CF.90.056		0										
H.GB.00.00GBAC4001		0										
J.CM.04.04CMU11421		0										
J.SE.93.SE9280_7887		0										
J.SE.94.SE9173_7022		0										
K.CD.97.97ZR_EQTB11		0										
K.CM.96.96CM_MP535		0										
U.CA.01.TV749	-----T-CTG-R--R-----A-A-----A-T-AA-----GCA-G--T-T-----A-----AGA--A-----TAAA-G-G-C-GA-D-----A-A-AA-----T-----C-T--A-AG-----	332										
U.CA.99.TV721	-----T-CTG-----A-A-----A-AT-AA-----G-A-A-----A-A-----A-A-----A-A-----C-T-A-AG-----	332										
U.CD.83.83CD003_Z3		0										
U.CD.90.90CD1_Z1E12		0										
U.CY.05.CY090		0										
U.CY.08.CY223		0										
U.ES.10.DEURF10DZ001		0										
U.GR.99.99GR303		0										
U.NL.95.U_NL_95_H10986_D1	G-----TG-----G-A-T-C-----CA-A-----TG-A-C-----AGA-GA-----TC-----CGAGTA--CAA-----T-A-----A-AG-----	227										
01.AE.AF.07.569H		0										
01.AE.AF.07.569H_011697	-G-----A-----AT-A-G-A-T-C-----CA-AA-----G-A-TGAA-A-----C-GAT--A-----TTC-----CGAAGA--A-----G-A-----A-AG-----	26										
01.AE.CN.10.YNFL03		0										
01.AE.HK.04.HK001		0										
01.AE.IR.10.10IR_THR48F		0										
01.AE.JP.X_JRC77AE	-G-G-----A-----AG-A-T-----CA-A-----A-----TGAA-C-----C-GAT--A-----TGC-----CGAA-A--A-----A-----A-----AT-AG-----	332										
01.AE.TH.09.AA990a_WG11		0										
01.AE.TH.90.CW50		0										
01.AE.US.05.306163_FL		0										
01.AE.VN.98.98VNNND15		0										

	TCF-1 alpha	
B. FR. 83. HXB2	GAAGAA...GCCAACAAAGGAGAGAACACCAGCTTGTGTACACCTCTGTAGCCTGCATGGAATGGATGACCCGGAGAGAGAAGTGTAGAGTGGAGGTTTGACAGCCGCTAGCATTTTCATCATGCCCCGAGAGCTGCATCCGGAGTACTTCAAGAACTGCTGA....	332
02 AG. CM. 10. DE00210CM013		0
02 AG. CY. 09. CY256		0
02 AG. ES. 06. P1423		0
02 AG. GW. 05. CC 0048		0
02 AG. KR. 12. 120HR		0
02 AG. LR. X. POC44951		0
02 AG. NG. 09. 09NG SC61		332
02 AG. NG. X. IBNG		0
02 AG. SE. 94. SE7812		0
02 AG. SN. 98. 98CM MP1211		0
03 AB. RU. 97. KAL153_2		0
04 cpx. CY. 94. 94CY032_3		0
05 DF. BE. X. V11310		0
06 cpx. AU. 96. BFP90	CTT-CT--A-T-C--CA-AT-A--GCA-G-TGAA-A--A--A--TC--AGGAGA-A--AAA--TT-A-AG--CAAGG	337
07 BC. CN. 98. 98CN009		0
08 BC. CN. 97. 97CNG 6F		0
09 cpx. GH. 96. 96GH2911		0
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061		0
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816		0
12 BF. AR. 99. ARMA159	A-G--TG--A-T-C--CA--AA--A-TGAA-C--AC-GATA-A--G-GC-AAAGA-T-A-A--AAA--A--GG-AT-AG--AGAC	332
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849		0
14 BG. ES. 05. X1870		0
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079		0
16 A2D. KR. 97. 97KR004		0
17 BF. AR. 99. ARMA038		0
18 cpx. CU. 99. CU76		0
19 cpx. CU. 99. CU7		0
20 BG. CU. 99. CU103		0
21 A2D. KE. 99. KER2003		0
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY		0
23 BG. CU. 03. CB118		0
24 BG. ES. 08. X256_2		0
25 cpx. CM. 02. 1918LE		0
26 AU. CD. 02. 02CD MBT047	-T-T-G--A--A--C-AC-G-TG-A--A--G-TAGT-AG--C-CAT--A--T-AA--CGGA-G--CA--C--A--AG--	332
27 cpx. FR. 04. 04CD FR KZ5	G--TG--A--A--C-C-T-A--G--GAA-A--AT--A--T--C-AAGA-TG-A--AAA--T-A-AG--	332
28 BF. BR. 99. BREPM12609		0
29 BF. BR. 01. BREPM16704		0
31 BC. BR. 04. 04BR142		0
32 06A1. EE. 01. EE0369		0
33 01B. ID. 07. JKT189_C		0
34 01B. TH. 99. OUR2478P		0
35 AD. AF. 07. 169H		0
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830		0
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926		0
38 BF1. UY. 03. UY03 3389		0
39 BF. BR. 04. 04BRRJ179		0
40 BF. BR. 05. 05BRJ055		0
42 BF. LU. 06. LU0F 18_06		0
43 02G. SA. 03. J11223		0
44 BF. CL. 00. CH80		0
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK	G--CTG--TT-T--A-A-AA--A-G-A-A-A--C-ATA-A--T-A--CAAAGA-T--A--AAA--T-A-AG--	332
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625		0
47 BF. ES. 08. P1942		0
48 01B. MY. 07. 07MYKT021		0
49 cpx. GM. 03. N26677		0
50 A1D. GB. 10. 12792		0
51 01B. SG. 11. 11SG HM021		0
52 01B. MY. 03. 03MYKL018_1		0
53 01B. MY. 11. 11FIR164		0
54 01B. MY. 09. 09MYSB023		0
55 01B. CN. 10. HNC5102056		0
56 cpx. FR. 10. URF5 patient_A		0
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg		0
58 01B. MY. 09. 09MYPR3		0
59 01B. CN. 09. 09LNA423		0
60 BC. IT. 11. BAV499	A-TTG--A--G-G-T--A-CAA-AA--A-G-A-A--AT--A--A--G-C--AA--AG--	320
61 BC. CN. 10. J1100010		0
62 BC. CN. 10. YNFI13		0
63 02A1. RU. 10. 10RU6637		0
64 BC. CN. 09. YNFI31		0
65 cpx. CN. 10. YNFI01		0
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115		0
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73		0
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004		0
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008		0
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002		0
0. BE. 87. ANT70		0
0. CM. 98. 98CM104		0
0. CM. 98. 98CMAB141		0
0. CM. 98. 98CMAB212		0
0. CM. 98. 98CMAB337		0
0. CM. 99. 99CMU4122		0
0. FR. 92. VAU		0
0. GA. 11. 11GAb6352		0
0. SN. 99. 99SE MP1299	G--CTA-GA--GT-T--GGG-T--C-CC-G-T-A-CTT-AAC--CT-T-A--AAC-CG-GC--A-AC-GA-A-CA--T-ATCA--GCAGCACC-TG-T-TATG-TAACCA-C-A--CT--T-C--GGA--A-AAC--	338
0. US. 18. LTNP	AG-CTA-GA--T-C-T-T--GGG-T-ATC-CC-G--T-A-CAT-TGCC--CTCT--T-AAC-TG-G--C-AC-GAT--A--T-ATCT--GCAACACC-TG-T-TAGATAACT--C-A--CT--C--GGA--A-AAGC.	259
N. CM. 02. DJ00131		0
N. CM. 02. SJGdd		0
N. CM. 04. 04CM 1015_04		0
N. CM. 06. U14296		0
N. CM. 06. U14842		0
N. FR. 11. N1 FR 2011		0
P. CM. 06. U14788		0
P. FR. 09. RBF168		0
CPZ. CD. 06. BF1167	G-ATG-GAG-TG-GCAG--AG-T-AGC-C--T-A-CCT-ACCT--GGATTCA-T-ATC-T-G-GA-C-AT--A--ATCA-G-G-GAAAGA-TG-T-TT-C-AAA-C--ACTG-T-CT-AGA-A--	335
CPZ. CM. 05. SIVcpzMT145	C-AG-AG-G-AT-A-GG-ATCTAC-CA-G--CTT-TCTCT--GA--TA-TG--C--G-TA--A--TCTGAA-G--TAGAAGA--A--A--AGA--AT-AG-ACTGCTTCC	322
CPZ. GA. 88. GAB1	C--TG--T--A-T-C--G-T-CA-AT-T-A--G--A-TGA--C-A--G-C-G-TG--C-C--A-G-G-C-AAGA-T-T--A--A-AA--A--AG--ACTTTAGAC	337
CPZ. TZ. 06. SIVcpzTAN13	GCGG--T--C-A-TAC-C-G--CA-T-T-A--G--A-TGAAC-TG-C--C-ATC-CA--CTGAA-G--TCGGAGA--GA-TAA--A--CG--A-GCTGTA	337
CPZ. US. 85. US Marilyn		0
GOR. CM. 07. SIVgor2139_287		0
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con		0

				NF-κ-B-II		NF-κ-B-I		Sp1-III		Sp1-II		Sp1-I	
B.FR.83.HX82CATCGAGCTTGCT.....			ACAAGGGACTTT.....		CCGCTGGGACTTTC.....		CAGGGAGCGTGGCCTGGGCGGACTGGGGAGTGGCGAGCCCTCAGA					419
A1.AU.03.PS1044 Day0													0
A1.CH.03.HIV.CH_BID_V3538													0
A1.CY.08.CY236													0
A1.ES.05.X1608_8													0
A1.KE.11.DEMA11KE001													0
A1.RU.11.11RU6950													0
A1.RW.11.DEMA111RW002													0
A1.SN.01.DDI579													0
A1.UG.11.DEMA110UG001													0
A1.UG.01.04ZASK162B1													0
A2.CM.01.01CM_1445MV													0
A2.CY.94.94CY017_41													0
B.BR.10.10BR.MG029													0
B.CA.07.502_1191_03													0
B.CH.08.M2_0803101_NFLG8													0
B.CN.10.DEMB10CN002													0
B.ES.10.DEMB10ES002													0
B.FR.11.DEMB11FR001													0
B.GB.05.MM45d213_GN1													0
B.HK.06.HK003													0
B.HT.05.05HT_129389													0
B.JP.12.DEMB12JP001													0
B.KR.07.HP_18_07JHS10_3909T.....					CG		G			A		81
B.PE.07.502_0525_wg5													0
B.RU.11.11RU21n													0
B.TH.08.MERLBDTRC10													0
B.US.11.ES38CT.....T.....							CAG		A			343
C.AR.01.ARG4006													0
C.BR.07.DEMC07BR003													0
C.BW.00.00BW5031_1													0
C.CN.10.YNFL19													0
C.CY.09.CY260													0
C.ES.08.X2363_2													0
C.ET.02.02ET_288													0
C.IN.02.T125_2139CA-AGGGA-TTCC.....					GCT		CAC	TGGGGTGT-TA		T	TC-A	419
C.KE.00.KER2010													0
C.MW.09.703010256_CH256.w96CAA-AGGGA-TTCC.....					GCT		CAC	TTGGGCGTT-CA		T-G-T	-C	420
C.TZ.08.707010457_CH457.w8CA-AGGGA-TTCC.....					GCT		CAC	TGGGCGTT-C		T-T	-G	419
C.YE.02.02YE511													0
C.ZA.08.707010134_CH534.w12CA-AGGGA-TTC.....					GCGCT		CAC	T.GGGCGTT-C		T-T	-G	420
C.ZA.10.DEMC10ZA001													0
C.ZM.11.DEMC11ZM006													0
D.CM.10.DEMD10CM009													0
D.CY.06.CY163													0
D.KE.11.DEMD11KE003													0
D.KR.04.04KR008CT.....T.....T.....					G	CG		G	ACT-C		AGAA	376
D.SI.00.SI365CA-AG.....					GAC	CCA		CT			T	418
D.TZ.01.A280													0
D.UG.10.DEMD10UG004													0
D.UG.11.DEMD11UG003													0
D.YE.02.02YE516													0
D.ZA.90.R1													0
F1.A0.06.A0_06_ANG32													0
F1.AR.02.ARE933													0
F1.BR.10.10BR.RJ015													0
F1.CY.08.CY222													0
F1.ES.02.ES_X845_4													0
F1.R0.96.BCI_R07CTCTGA-CA-A.....					GACATAGAAGATTAGAGATTGCTGACATAGAAGATTCTA			A-G-CG-CCAGA		A-AA	T-A	462
F1.R0.96.D88_845													0
F2.CM.02.02CM_0016BBY													0
F2.CM.10.DEMF210CM001													0
F2.CM.10.DEMF210CM007													0
G.BE.96.DRCBLCA-AG.....					A-G			CT		CAG	C	384
G.CM.10.DEMG10CM008													0
G.CN.08.GX_2084_08													0
G.CY.09.CY74													0
G.ES.09.X2634_2													0
G.GH.03.03GH175GCA-AGG-T-GACTGC.....					TGACACAGAAGTTGCTG			CT		G	C	442
G.KE.09.DEMG09KE001													0
G.NG.09.09NG_SC62													0
G.ZA.01.TV546													0
H.BE.93.VI991													0
H.CF.90.056													0
H.GB.00.00GBAC4001													0
J.CM.04.04CMU11421													0
J.SE.93.SE9280_7887													0
J.SE.94.SE9173_7022													0
K.CO.97.97ZR_E0TB11													0
K.CM.96.96CM_MP535													0
U.CA.01.TV749CA-AG.....					GAC					T	TTG	419
U.CA.99.TV721CA-AG.....					GAC					T	TTG	419
U.CO.83.83CD003_Z3											A-AGTC		0
U.CO.90.90CD121E12											A-AGTC		0
U.CY.05.CY890													0
U.CY.08.CY223													0
U.ES.10.DEURF10DZ001													0
U.GR.99.99GR303													0
U.NL.95.U_NL_95_H10986_D1	T-AA-AG-T					ACT					T-TA	GT	314
01.AE.AF.07.569M													0
01.AE.CF.90.90CF11697GA-AG.....					ACCA		C			GCTG	ACT-C	350
01.AE.CN.10.YNFL03											AG	T	0
01.AE.HK.04.HK001											TT	AGT	0
01.AE.IR.10.10IR_THR48F													0
01.AE.JP.X_JRC77AE	AA-AG-T					ACTA-ACT-CCGCTG					AG	T	418
01.AE.TH.09.AA090a_WG11											G	AGT	0
01.AE.TH.98.CW240												TT-A	0
01.AE.US.05.306163_FL													0
01.AE.VN.98.98VNND15													0

02 AG. CM. 18. D090210CM013
 02 AG. CY. 09. CY256
 02 AG. ES. 06. P1423
 02 AG. GW. 05. C8 0048
 02 AG. KR. 12. 12MMH9
 02 AG. NG. 09. KAC135_2
 02 AG. NG. 09. 09NG SC61
 02 AG. NG. x. IBNG
 02 AG. SE. 94. SE7812
 02 AG. SN. 98. 98SE MP1211
 02 AB. RU. 97. 94C103_2
 05 DF. BE. 97. 94CY032_3
 05 DF. BE. x. V11310
 06 cp. AU. 96. BFF90
 07 BC. CN. 98. 98CN090
 08 BC. CN. 98. 98CNX 6F
 08 BC. GH. 96. 96GH2911
 10 CD. TZ. 96. 96TZ Bf061
 11 cp. CN. 95. 95CN 1816
 12 BF. AR. 99. ARMA159
 13 cp. CN. 96. 96CN 1849
 14 1870
 15 01B. TH. 99. 99TH MU2970
 16 A2D. KR. 97. 97KR004
 17 BF. AR. 99. ARMA038
 18 cp. CU. 99. CU76
 19 197
 20 BG. CU. 99. CU103
 21 A2D. KE. 09. KER2031
 22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY
 23 BG. CU. 03. CB118
 24 BF. BR. 08. 08BZ456_2
 25 cp. CM. 02. 021918E
 26 AU. CD. 02. 02CD MBT047
 27 cp. FR. 04. 0420 FR KZ5
 28 BF. BR. 99. BREPM1670
 29 BREPM16704
 31 BC. BR. 04. 04B842
 32 06A1. EE. 01. EE0369
 33 01B. ID. 07. IDT189 C
 34 01B. TH. 99. 00TH2478P
 35 cp. CN. 00. 00CMNY1630
 37 cp. CN. 00. 00CMNYU329
 38 BF1. UY. 03. UY03 3389
 39 BF. BR. 04. 04BRRU179
 40 BF. BR. 05. 05BRBRJ055
 41 06. UY. 06. UY6F 18 06
 42 02F. SA. 03. J11223
 44 BF. CL. 00. CH80
 45 cp. FR. 04. 04FRF AU4
 46 BF. BR. 07. 07BR FS625
 47 01B. BR. 07. 07BR P1942
 48 01B. MY. 07. 07MYKT021
 49 cp. GM. 03. N26677
 50 A1D. BG. 10. 12792
 51 01B. SG. 11. 11SG HM021
 52 01B. SG. 11. 11SG HM018_1
 53 01B. MY. 11. 11F1R164
 54 01B. MY. 09. 09MYSB023
 55 01B. CN. 10. HNC5102056
 56 cp. FR. 09. URFS patient A
 57 01B. MY. 09. 09MYL1359
 58 01B. MY. 09. 09MYPR337
 59 01B. CN. 09. 09LNA423
 60 BC. IT. 11. BAV499
 61 BC. CN. 10. J1109010
 62 01B. CN. 10. YNF131
 63 02A1. RU. 10. 10RU6637
 64 BC. CN. 09. YNF131
 65 cp. CN. 10. YNF101
 67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
 68 01B. CN. 11. ANHUI HF159
 70 BF1. BR. 10. 10BR PE04
 71 BF1. BR. 10. 10BR PE08
 72 BF1. BR. 10. 10BR MG002
 0. BE. 87. ANT70
 0. CN. 98. 98CMA104
 0. CN. 98. 98CMBAB112
 0. CN. 98. 98CMBAB21
 0. CN. 98. 98CMUS337
 0. CN. 98. 98CMUA122
 0. FR. 92. VAU
 0. GA. 98. 11Ga6352
 0. SN. 99. 99SE MP1299
 0. US. 10. LTNP
 N. CM. 02. D2J00131
 N. CM. 02. S3Gddd
 N. CM. 04. 04CHCN 1015 04
 N. CM. 06. 06H993
 N. CM. 06. U1842
 N. FR. 11. N1 FR 2011
 P. CM. 06. U14788
 P. FR. 09. RBF168
 CPZ. CD. 06. BFF1167
 CPZ. CD. 06. SIVcp2M1745
 CPZ. GA. 88. GAB1
 CPZ. GA. 88. SIVcp2TAN13
 CPZ. US. 85. US Marilyn
 GOR. CM. 07. SIVgor21339 287
 GOR. CM. 07. SIVgorCP21335 con

[illegible]

	TATA Box	5' LTR U3 end	+1 mRNA start site TAR element start 5' LTR R repeat begin	TAR element end	Poly-A signal	5' LTR R repeat end	5' LTR U5 start	Extensive secondary structure				
B.FR.83.HXB2	TCCTGCATATAAGCAGCTGCTTTTGGCC	TGTA	CTGGGTCCTCTCTGGT	TAGAC	CAGATCTGAGCCTGGGAGCTCTCGGTAACTA	...GGGA	ACCCACTGCTT	AAGCCTCAATAAAGCTTGCCTTGAGTGCTT	CAAGTAGTGTGTGCCCGCTCTG	TTGTGT	GACT	580
A1.AU.03.P51044 Day0												0
A1.CH.03.HIV_CH_BID_V3538												0
A1.CY.08.CY236												0
A1.ES.05.X1608_8								CTTC	A-GT		A	36
A1.KE.11.DEMA11KE001												0
A1.RU.11.11RU6950				G				T			A	125
A1.RW.11.DEMA11RW002												0
A1.SN.01.DDI579												0
A1.UG.11.DEMA110UG001												0
A1.ZA.04.04ZASK162B1											G	14
A2.CM.01.01CM_1445MV												0
A2.CY.94.94CY017_41												0
B.BR.10.10BR_MG029				C	A			G				45
B.CA.07.502_1191_03												0
B.CH.08.M2_0803101_NFLG8								C-GA	C			37
B.CN.10.DEMB10CN002												0
B.ES.10.DEMB10ES002												0
B.FR.11.DEMB11FR001												0
B.GB.05.MM450213_GN1												0
B.HK.06.HK003												0
B.HT.05.05HT_129389												0
B.JP.12.DEMB12JP001												0
B.KR.07.HP_18_073H510_3909	G	A						T				242
B.PE.07.502_0525_wg5												25
B.RU.11.11RU21n				G				C-T				125
B.TH.08.MERLBDTRC10												0
B.US.11.ES38	G			G							T	504
C.AR.01.ARG4006												0
C.BR.07.DEMC07BR003												0
C.BW.00.00BW5031_1												0
C.CN.10.YNFL19												0
C.CY.09.CY260												0
C.ES.08.X2363_2												13
C.ET.02.02ET_288												0
C.IN.09.T125_2139	G		G					C-TG	C			580
C.KE.00.KER2010				A-G-G								0
C.MW.09.703010256_CH256.w96	G		C	A-G				C-T				581
C.TZ.08.707010457_CH457.w8	G		C	A-G				C-T				580
C.YE.02.02YE511				A-G								0
C.ZA.08.705010534_CH534.w12	G		C	A-G		C						581
C.ZA.10.DEMC10ZA001								G				0
C.ZM.11.DEMC11ZM006												0
D.CM.10.DEMD10CM009												0
D.CY.06.CY163												0
D.KE.11.DEMD11KE003												0
D.KR.04.04KBH8	G		C					A-C	C		A	537
D.SN.90.SE365	G		C		G					A	A	579
D.TZ.01.A280												0
D.UG.10.DEMD10UG004												0
D.UG.11.DEMD11UG003												0
D.YE.02.02YE516												0
D.ZA.90.R1												0
F1.A0.06.A0_06_ANG32												0
F1.AR.02.ARE933												0
F1.BR.10.10BR_RJ015								C-GA-GG	ACAC-C-A	G-Y		54
F1.CY.08.CY222												0
F1.ES.02.ES_X845_4												0
F1.R0.96.BCI_R07	G		C-T		A		T	G		TGCT-C-A-G	AG-G	37
F1.RU.08.088_845										T-T		623
F2.CM.02.02CM_0016BBY												37
F2.CM.10.DEMF210CM001												0
F2.CM.10.DEMF210CM007												0
G.BE.96.DRCBL	AG		C	C-C		T		G-AG		AG		546
G.CM.10.DEMG10CM008												0
G.CN.08.GX_2084_08	G		C	C-C		T-C		A-G-AG				174
G.CU.99.CU74											G	37
G.ES.09.X2634_2	AG		C	C-C-T		TCT-C		GTAG	A	C-AGTA		603
G.GH.03.03GH175G												0
G.KE.09.DEMG09KE001												0
G.NG.09.09NG_SC62												0
G.ZA.01.TV546												0
H.BE.93.VI991												0
H.CF.90.056												0
H.GB.00.00GBAC4001								G		C-T		92
J.CM.04.04CMU11421								G				96
J.SE.93.SE9280_7887												0
J.SE.94.SE9173_7022												0
K.CD.97.97ZR_EQTB11												0
K.CM.96.96CM_MP535												0
U.CA.01.TV749	G		C	C								579
U.CA.99.TV721	G		C	C		T-C-G	TA	A	G-AG			579
U.CD.83.83CD003_Z3												78
U.CD.90.90CD121E12												0
U.CY.05.CY090												0
U.CY.08.CY223												0
U.ES.10.DEURF10DZ001												0
U.GR.99.99GR303												0
U.NL.95.U_NL_95_H10986_D1	G		C	C		A		G		A	G	476
01_AE.AF.07_569M	G		A	C	C-T	T-A		G-TC	C			517
01_AE.CF.90.90CF11697								G-A		A		0
01_AE.CN.10.YNFL03												0
01_AE.HK.04.HK001												0
01_AE.IR.10.10IR_THR48F												0
01_AE.JP.X_JRC77AE	G		A	C	C-T	T-G		G-TC	C			579
01_AE.TH.09.AA090a_WG11								G-A		A	G	0
01_AE.TH.90.CM240								G-TC	C			0
01_AE.US.05.306163_FL								G-A		A		127
01_AE.VN.98.98VNND15												0

	TATA Box	5' LTR U3 end	+1 mRNA start site TAR element start 5' LTR R repeat begin	TAR element end	Poly-A signal	5' LTR R repeat end	5' LTR U5 start	Extensive secondary structure	
B.FR.83.HXB2									580
02 AG.CM.10.DE00210CM013									0
02 AG.CY.09.CY256									0
02 AG.ES.06.PI423									21
02 AG.GW.05.CC.0048									0
02 AG.KR.12.120HR9									231
02 AG.LR.X.P0C44951									580
02 AG.NG.09.09NG.5C61									0
02 AG.NG.X.IBNG									110
02 AG.SE.94.SE7812									0
02 AG.SN.98.085.MP1211									0
03 AB.RU.97.KAL153_2									0
04 cpx.CY.94.94CY032_3								AAA	6
05 DF.BE.X.VI1310									0
06 cpx.AU.96.BFP90								AT	592
07 BC.CN.98.98CN009									0
08 BC.CN.97.97CN06.6F									0
09 cpx.GH.96.96GH2911									0
10 CD.TZ.96.96TZ.BF061									0
11 cpx.CM.95.95CM.1816									0
12 BF.AR.99.ARMA159								A-T	600
13 cpx.CM.96.96CM.1849									0
14 BG.ES.05.X1870								GATTGCT...C-AGTAA	38
15 01B.TH.99.99TH.MU2079									0
16 A2D.KR.97.97KR004									0
17 BF.AR.99.ARMA038									0
18 cpx.CU.99.CU76									0
19 cpx.CU.99.CU7									0
20 BG.CU.99.CU103									36
21 A2D.KE.99.KER2003									0
22 01A1.CM.01.01CM.0001BBY									0
23 BG.CU.03.CB118									10
24 BG.ES.08.X256_2									21
25 cpx.CM.02.1918LE									0
26 AU.CD.02.02CD.MBT047								G	580
27 cpx.FR.04.04CD.FR.KZ5									583
28 BF.BR.99.BREPM12609									0
29 BF.BR.01.BREPM16704									0
31 BC.BR.04.04BR142									37
32 06A1.EE.01.EE0369								A	212
33 01B.ID.07.JKT189_C									0
34 01B.TH.99.09R2478P									0
35 AD.AF.07.169H									0
36 cpx.CM.00.00CMNYU830									0
37 cpx.CM.00.00CMNYU926									0
38 BF1.UY.03.UY03.3389									9
39 BF.BR.04.04BRRJ179									57
40 BF.BR.05.05BRRJ055									58
42 BF.LU.06.LU0F.18_06									126
43 02G.SA.03.J11223								A	96
44 BF.CL.00.CH00									21
45 cpx.FR.04.04FR.AUK									580
46 BF.BR.07.07BR.FPS625									36
47 BF.ES.08.P1942								AGG-T	25
48 01B.MY.07.07MYKT021									0
49 cpx.GM.03.N26677								A-G	15
50 A1D.GB.10.12792									0
51 01B.SG.11.11SG.HM021									0
52 01B.MY.03.03MYKL018_1									0
53 01B.MY.11.11FIR164									0
54 01B.MY.09.09MYSB023									0
55 01B.CN.10.HNCS102056									0
56 cpx.FR.10.URF5.patient_A									0
57 BC.CN.09.09YNLX19sg									0
58 01B.MY.09.09MYP037									0
59 01B.CN.09.09LNA423									0
60 BC.IT.11.BAV499								AAT	567
61 BC.CN.10.JL100010									28
62 BC.CN.10.YNFI13									0
63 02A1.RU.10.10RU6637									125
64 BC.CN.09.YNFI31									0
65 cpx.CN.10.YNFI01									0
67 01B.CN.11.ANHUI.HF115									0
68 01B.CN.11.ANHUI.WH73									0
70 BF1.BR.10.10BR.P004									26
71 BF1.BR.10.10BR.PE048									240
72 BF1.BR.10.10BR.MG002									86
0.BE.87.ANT70									609
0.CM.98.98CMA104									40
0.CM.98.98CMAB141									39
0.CM.98.98CMAB212									42
0.CM.98.98CMU537									41
0.CM.99.99CMU4122									39
0.FR.92.VAU									122
0.GA.11.11GAB6352									0
0.SN.99.99SE.MP1299									609
0.US.10.LTNP									332
N.CM.02.DJ00131									51
N.CM.02.SJGddd									51
N.CM.04.04CM.1015_04									51
N.CM.06.U14296									51
N.CM.06.U14842									51
N.FR.11.N1.FR.2011									0
P.CM.06.U14788									50
P.FR.09.RBF168									606
CPZ.CD.06.BF1167									586
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145									125
CPZ.GA.88.GAB1									600
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13									130
CPZ.US.85.US.Marilyn									604
GOR.CM.07.SIVgor2139_287									122
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con									122

Extensive secondary structure		5' LTR U5 end		Lys tRNA primer binding site		Packaging loops begin	
CTGTTAACTAGAGATCCCTCAGACCCCTTTAGTCAGTGTGG. AAAATCTCTAGCAGTGGCGCC. CGAACAGGG. ACC. TGA. AAGCGAAAG. GGAAACCAGAGG. ... AGCTCTCTCGACGCA. GGA							
B.FR.83.HXB2							696
A1.AU.03.P51044 Day0							0
A1.CH.03.HIV_CH_BID_V3538							0
A1.CY.08.CY236							0
A1.ES.05.X1608 8		AC-GG-A-C-C		T-C		TT-A-T	148
A1.KE.11.DEMA11KE001				T		TG-A-T	44
A1.RU.11.1RU6950		AC-C-G-G-A		T-C		TT-A-T	237
A1.RW.11.DEMA11RW002				T-C		TG-A-T	50
A1.SN.01.DDI579							0
A1.UG.11.DEMA11UG001				AAAGCGAAAGTT-T		TT-A-T	61
A1.ZA.04.04ZASK162B1		AC-C-A-T-A-A-G		T-C		TT-A-T	126
A2.CM.01.01CM_1445RV				TTGAAAAGCGAAAGT		TT	0
A2.CY.94.94CY017_41						TT	64
B.BR.10.10BR MG029		A		C		A	161
B.CA.07.502_1191_03		A		C		TAG	115
B.CH.08.M2_0803101_NFLG8				C		TAGG-A-T	153
B.CN.10.DEMB10CN002						TAG	63
B.ES.10.DEMB10ES002				A		TA	66
B.FR.11.DEMB11FR001							0
B.GB.05.MM450213_GN1				T-A-T		A-A	72
B.HK.06.HK003						AG	54
B.HT.05.05HT_129389							0
B.JP.12.DEMB12JP001			CCT	T		T-G-A	69
B.KR.07.HP_1873HS10_3909				T		TAG	358
B.PE.07.502_0525_wq5		AA-A		T-T		TA-A-T	141
B.RU.11.11RU21n		T		T-T		TA-C-AGAG-A-G-T	238
B.TH.08.MERLBDTRC10							0
B.US.11.ES38		T-CG-A		T-A		A	621
C.AR.01.ARG4006							0
C.BR.07.DEMC07BR003				T-C		TA-G-A-A	56
C.BW.00.00BW03_1			TCTCTAGCAG	T		TA-G-A	72
C.CN.10.YNFI19						TA-G-A	64
C.CY.09.CY260							0
C.ES.08.X2363_2		T-AA-T-CTCT		G-C		TAG-A-A	129
C.ET.02.02ET_288							0
C.IN.09.T125_2139		T-T-GT		T		TA-G-A-A	695
C.KE.00.KER2010							0
C.MW.09.703010256_CH256.w96		A-T-GTT-C		T		TA-G-A-A	696
C.TZ.08.707010457_CH457.w8		AA-GT-GT		C		TA-G-A-A	696
C.YE.02.02YE511							0
C.ZA.08.705010534_CH534.w12		G-T-GT		T-C-T		T-A-G-A-A	697
C.ZA.10.DEMC10ZA001				T		TA-G-A-A	58
C.ZM.11.DEMC11ZM006				G-C		T-G-A-A	50
D.CM.10.DEMD10CM009			GT	T		TAG	62
D.CY.06.CY163							0
D.KE.11.DEMD11KE003				T		TAG-A	48
D.KR.04.04KBH8		TCG-T-AA-C		T		TAG-C	653
D.SN.90.SE365				C		TAG	695
D.TZ.01.A280							0
D.UG.10.DEMD10UG004						TAG-A	33
D.UG.11.DEMD11UG003				T		TAG	50
D.YE.02.02YE516							0
D.ZA.90.R1				TCG-TGG-A		C-GTTA-T-A-G-AGTCTCTCG	40
F1.A0.06.A0_06 ANG32							0
F1.AR.02.ARE9						TT	8
F1.BR.10.10BR RJ015		A		G-C		TAG-C-A	169
F1.CY.08.CY222							0
F1.ES.02.ES_X845_4		A-A-T		G-C-A-A		TA-A-A	154
F1.R0.96.BCI_R07		A		T		TAG-A-A	739
F1.RU.08.088_845		A		G-C		TAG-A-A	153
F2.CM.02.02CM_0016BBY							0
F2.CM.10.DEMF210CM001						TAG-A	62
F2.CM.10.DEMF210CM007			GT				0
G.BE.96.DRCBL		AC-C-AT-A		T-A	TTAATAGGGACTCGAAAGCGAAAGTT	A-T	682
G.CM.10.DEMG10CM008				T	TTAATAGGGACTCGAAAGCGAAAGTT	A-T	82
G.CN.08.GX_2084_08							0
G.CU.99.CU74		AC-C-A-G-A		T	TTAACAGGGACTCGAAAGCGAAAGTT	A-T	310
G.ES.09.X2634_2		AC-C-G-A		T	TTAACAGGGACTCGAAAGCGAAAGTT	A-T	173
G.GH.03.03GH175G		AC-C-A-A-A		C-T	TTAATAGGGACTCGAAAGCGAAAGTT	A-T	739
G.KE.09.DEMG09KE001				T	TTAACAGGGACTCGAAAGCGAAAGTT	A-A	81
G.NG.09.09NG_SC62							0
G.ZA.01.TV546							0
H.BE.93.VI991				T		CA	74
H.CF.90.056				T-T		TA-A-A	43
H.GB.00.00GBAC4001		A-Y				TA-A-T	208
J.CM.04.04CMU11421							0
J.SE.93.SE9280_7887				T		TAGG-A-T	212
J.SE.94.SE9173_7022							16
K.CD.97.97ZR_EQTB11							16
K.CM.96.96CM_MP535							0
U.CA.01.TV749		AC-C-A-A		C	TTAATAGGGACTCGAAACGAAAGTT	A-T	716
U.CA.99.TV721		AC-C-A-A			TTAATAGGGACTCGAAACGAAAGTT	A-T	716
U.CO.03.03CO03_Z3		AC-GT		G		TA	194
U.CO.90.90CD121E12							0
U.CY.05.CY090							0
U.CY.08.CY223							0
U.ES.10.DEURF10DZ001							0
U.GR.99.99GR303							0
U.NL.95.U_NL_95_H10986_D1		A		T		TAGG-A-T	591
01.AE.AF.07.569M							0
01.AE.CF.90.90CF11697		AC-C-A-T-A-A			CGAACAGGGACTTGAAAGCGAAAG TT-T	T-C	653
01.AE.CN.10.YNFI03			AT		CGAACAGGGACTTGAAAGCGAAAG TT-T	T-C	85
01.AE.HK.04.HK001					CGAACAGGGACTTGAAAGCGAAAG TT-T	T-C	76
01.AE.IR.10.10IR_THR48F							0
01.AE.JP.X_JRC77A		AC-C-A-T-A-A-T			CGAACAGGGACTTGAAAGCGAAAG TT-T	T-C	715
01.AE.TH.09.09A0905_WG11		AC-C-A-A			CGAACAGGGACTTGAAAGCGAAAG TT-T	T-C	135
01.AE.TH.90.CM240		AC-C-A-T-A-A		C	CGAACAGGGACTTGAAAGCGAAAG TT-T	T-C	264
01.AE.US.05.306163_FL							0
01.AE.VN.98.98VNNND15							0

	Extensive secondary structure	5' LTR U5 end	Lys tRNA primer binding site		Packaging loops begin	
B. FR. 83. HXB2	CTGGTAAGTACAGATCCCTCAGACCCCTTTAGTCAGTGTGG. AAAATCTTCTAGCAGTGGCCG.		.CGAACAGGG. ACC. TGA. AAGCGAAAG.		.GGAACACAGAGG. AGCTCTCTCGACGCA. GGA	696
02 AG. CM. 10. DE00210CM013			CAGGGACCCGGAAGT. TT - T - T. C -		TT - A - A - GA -	66
02 AG. CY. 09. CY256						0
02 AG. ES. 06. P1423			CGAACAGGGACCCGGAAG. TT - T - T. C -		TT - A - A - A - G	157
02 AG. 05. CC. 0048			AA - C - A - TTG - A. GAAGTT - T - T. C -		TT - A - W - C -	56
02 AG. KR. 12. 12MRH9			CGAACAGGGACCCGGAAG. TT - T - T. C -		TT - A - C -	361
02 AG. LR. x. POC44951			CGAACAGGGACTTGAAG. .AT - T - T. C -		TT - A - GA -	709
02 AG. NG. 09. 09NG SC61						0
02 AG. NG. x. IBNG			CGAACAGGACTT. GACGGT - T - T. C -		TT - A - A - A -	239
02 AG. SE. 94. SE7812			CGAACAGGGACTTGAAG. TT - T - T. C -		TT - A - A - G -	89
02 AG. SN. 98. 98SE MP1211						0
03 AB. RU. 97. KAL153 2			GTGAAA. GTT - ATA - T. C -		TT - A - T -	63
04 cpx. CY. 94. 94CY032 3						0
05 DF. BE. x. V11310						0
06 cpx. AU. 96. BFP000			AC - C - A - A. T - T. A - TTAATAGGGACTCGAAAGCGAAAGT. TAG - A - AA -		72	
07 BC. CN. 98. 98CN009					TA - G - A -	72
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F						0
09 cpx. GH. 96. 96GH2911						0
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061						0
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816						0
12 BF. BR. 01. BREPM159						0
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849						0
14 BG. ES. 05. X1870			AC - C - TGT - A. T - T. G -		CT - A - T -	715
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079			A - TC - CCCT - T. CGAACAGGGACCTTAAAGTGAAAG. TT - T - T. C -		TT - A - T -	174
16 A2D. KR. 97. 97KR004			CGTAAAGTGAA. GT - T - T. C -		TT - A - A -	107
17 BF. AR. 99. ARMA038						63
18 cpx. CU. 99. CU176						0
19 cpx. CU. 99. CU17						0
20 BG. CU. 99. CU103			AC - C - A - A. T - T. T - TTAATAAGGGACTCGAAAGCGAAAGTT. T - A - T -		717	
21 A2D. KE. 99. KER2003						0
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY						0
23 BG. CU. 03. CB113			AC - C - A - A. T - T. T - TTAATAAGGGACTCGAAAGCGAAAGTT. T - A - T -		140	
24 BG. ES. 08. X2456 2			AC - C - A - A. T - T. T - TTAATAAGGGACTCGAAAGCGAAAGTT. T - A - T -		157	
25 cpx. CM. 02. 1918LE						0
26 AU. CD. 02. 02CD MBT047			AC - C - GT - A. T - T. T - T. AAAAGGGACTCGAAAGCGAAAGTT. T - A - AGA -		714	
27 cpx. FR. 04. 04CD FR KZ5			A - T - T. T - T. T - T. AAAAGGGACTCGAAAGCGAAAGTT. T - A - T -		697	
28 BF. BR. 99. BREPM12699						67
29 BF. BR. 01. BREPM15704						0
31 BC. BR. 04. 04BR142						0
32 06A1. EE. 01. EE0369			TA - C - T - A - A. T - T. G - C - A - TTAATAGGGACTCGAAAGCGAAAGTT. T - A - T -		153	
33 01B. ID. 07. JKT189 C			A - AC - A - A - A. T - T. G - C - A - TTAATAGGGACTCGAAAGCGAAAGTT. T - A - T -		348	
34 01B. TH. 99. 01BTH2478P						12
35 AD. AX. 07. 169H						0
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830						0
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926						0
38 BF1. UY. 03. UY03 3389			AC - T - A - TAG - A - A -		125	
39 BF. BR. 04. 04BRRJ179			A - TAG - A - A -		173	
40 BF. BR. 05. 05BRRJ055			A - TAG - A - A -		242	
42 BF. LU. 06. 10BF 18 06			AC - C - A - G - A. T - T. T - TTAATAGGGACTCGAAAGCGAAAGTT. T - A - T -		232	
43 02G. SA. 03. 111223			A - TAG - A - A -		137	
44 BF. CL. 00. CH80			AC - C - G - G - A. T - T. T - TTAATAGGGACTCGAAAGCGAAAGTT. T - A - T -		692	
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK			A - A - C - A - A - TAG - A - A -		152	
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625			A - AGTCAGTGTG - A. T - C -		141	
47 BF. ES. 08. P1842						0
48 01B. MY. 07. 07MYKT021						0
49 cpx. GM. 03. N26677			AC - C - A - G - A. T - C - A -		TA - GG - AA - A -	130
50 A1D. GB. 10. 12792			AC - C - A - G - A. T - C -		TA - GG - AA - A -	113
51 01B. SG. 11. 11SG HM021						0
52 01B. MY. 03. 03MYK1018 1						15
53 01B. MY. 11. 11F18164						48
54 01B. MY. 09. 09MYSB023						96
55 01B. CN. 10. HNC5102056						15
56 cpx. FR. 10. URF5 patient A						0
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg			T - A - T. C -		TT - A - T -	50
58 01B. MY. 09. 09MYPR37			GT - T. C -		TT - A - T -	52
59 01B. CN. 09. 09YNLMA23						0
60 BC. IT. 11. BAV499			A - C - T - T. T -		TA - G - A - A -	683
61 BC. CN. 10. JL100010					TA - G - A - A -	144
62 BC. CN. 10. YNLF13					TA - G - A - A -	64
63 02A1. RU. 10. 10RU6637			AC - C - G - A. T. CGAACAGGGACCCGGAAG. TT - T. T. C -		TA - TT - A - T - G - G	255
64 BC. CN. 09. YNLF1					TA - TT - A - T -	64
65 cpx. CM. 10. YNLF01					TA - TT - A - T -	85
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115			AAG. TT - T. T. C -		TT - A - T -	54
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73					TT - A - T -	45
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004			A - A - C - T - A. T. T. C -		TA - G - A - CT -	142
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008			A - G - T. T. C -		TA - C -	366
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002					TA - G - A -	202
O. BE. 87. ANT70						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM. 98. 98CMA104						0
O. CM.						

CTCGGCTTGCTG...AAGCGC...GCACGGCAAGAGCGAGGGGCGGC...GAC...TGGTGAGTACGCCAAAAA...TTTGTACTAGCGGAGGCTAGA...AGG...AGAGAGATGGGTGCGAGAGCGTCAGTATTAAGCG										817	
M G A R A S V L S											
A1.AU.03.PS1044 Day0										A	28
A1.CH.03.HIV CH BID V3538										A	28
A1.CY.08.CY236										A	28
A1.ES.05.X1608 8										A	28
A1.KE.11.DEMA11KE001										A	28
A1.RU.11.11RU6950										A	28
A1.RW.11.DEMA11RW002										A	28
A1.SN.01.DDI579										A	28
A1.UG.11.DEMA11UG001										A	28
A1.ZA.04.04ZASK16281										A	28
A2.CM.01.01CM 1445MV										A	28
A2.CY.94.94CY017 41										A	28
B.BR.10.10BR MG029										A	28
B.CA.07.502 1191 03										A	28
B.CH.08.M2 0803101 NFLG8										A	28
B.CN.10.DEMB10CM002										A	28
B.ES.10.DEMB10ES002										A	28
B.FR.11.DEMB11FR001										A	28
B.GB.05.MM45d213 GN1										A	28
B.HK.06.HK003										A	28
B.HT.05.05HT 129389										A	28
B.JP.12.DEMB12JP001										A	28
B.KR.07.HP 18 07JHS10_3909										A	28
B.PE.07.502 0525 wg5										A	28
B.RU.11.11RU21n										A	28
B.TH.08.MERLBDTRC10										A	28
B.US.11.ES38										A	28
C.AR.01.ARG4006										A	28
C.BR.07.DEMC07BR003										A	28
C.BW.00.00BW5031_1										A	28
C.CN.10.YNFL19										A	28
C.CY.09.CY260 2										A	28
C.ES.08.X2363 2										A	28
C.ET.02.02ET 288										A	28
C.IN.09.T125 2139										A	28
C.KE.00.KER2010										A	28
C.MW.09.703010256 CH256.w96										A	28
C.TZ.08.707010457 CH457.w8										A	28
C.YE.02.02YE511										A	28
C.ZA.08.705010534 CH534.w12										A	28
C.ZA.10.DEMC10ZA001										A	28
C.ZM.11.DEMC11ZM006										A	28
D.CM.10.DEMD10CM009										A	28
D.CY.06.CY163										A	28
D.KE.11.DEMD11KE003										A	28
D.KR.04.04KR08										A	28
D.SN.90.SE365										A	28
D.TZ.01.A280										A	28
D.UG.10.DEMD10UG004										A	28
D.UG.11.DEMD11UG003										A	28
D.YE.02.02YE516										A	28
D.ZA.90.R1										A	28
F1.A0.06.A0 06 ANG32										A	28
F1.AR.02.ARE933										A	28
F1.BR.10.10BR RJ015										A	28
F1.CY.08.CY222 4										A	28
F1.ES.02.ES X845 4										A	28
F1.R0.96.BCI R07										A	28
F1.RU.08.D88 845										A	28
F2.CM.02.02CM 0016BBY										A	28
F2.CM.10.DEMF210CM001										A	28
F2.CM.10.DEMF210CM007										A	28
G.BE.96.DRCBL										A	28
G.CM.10.DEMG10CM008										A	28
G.CN.08.GX 2084 08										A	28
G.CU.99.Cu74										A	28
G.ES.09.X2634 2										A	28
G.GH.03.03GH175G										A	28
G.KE.09.DEMG09KE001										A	28
G.NG.09.09NG SC62										A	28
G.ZA.01.TV546										A	28
H.BE.93.VI991										A	28
H.CF.90.056										A	28
H.GB.00.00GBAC4001										A	28
J.CM.04.04CMU11421										A	28
J.SF.93.SF0200 702										A	28
J.SE.94.SE9173 7022										A	28
K.CD.97.97ZR EQTB11										A	28
K.CM.96.96CM MP535										A	28
U.CA.01.TV749										A	28
U.CA.99.TV721										A	28
U.CD.83.83CD003 Z3										A	28
U.CD.90.90CD121E12										A	28
U.CY.05.CY090										A	28
U.CY.08.CY223										A	28
U.ES.10.DEURF10D2001										A	28
U.GR.99.99GR303										A	28
U.NL.95.U NL 95 H10986 D1										A	28
01.AE.AF.07.569M										A	28
01.AE.CF.90.90CF11697										A	28
01.AE.CM.10.YNF103										A	28
01.AE.HK.04.HK001										A	28
01.AE.IR.10.10IR.THR48F										A	28
01.AE.JP.x.JRC77AE										A	28
01.AE.TH.09.AA990a WG11										A	28
01.AE.TH.90.CM240										A	28
01.AE.US.05.306163 FL										A	28
01.AE.VN.98.98VNND15										A	28

02 AG.CM.10.D.E000210CM013
02 AG.CY.09.CY256
02 AG.PM.05.00.P10M3
02 AG.WG.05.CC 0048
02 AG.KR.12.12MH9R
02 AG.LR.x.P0C44951
02 AG.NG.09.09NG SC61
02 AG.NG.x.IBNG
02 AG.SN.97.07R12
02 AG.SN.98.98SE MP1211
03 AB.RU.10.KL153 2
04 cpx.CY.96.96CY032_3
05 DF.BE.x.U11310
06 BC.CM.97.97CM006
07 BC.CN.98.98CN093
08 BC.CN.97.97CNGX 6F
09 cpx.GH.96.96GH2911
10 CD.TZ.96.96TZ BF661
11 BF.BR.97.97BR10 1816
12 BF.AR.99.ARMA159
13 cpx.CM.96.96CM 1849
14 BG.ES.05.X1870
15 01B.TH.99.99TH MU2079
16 PD.KR.97.97KR004
17 cpx.99.ARMA038
18 cpx.CU.99.CU76
19 cpx.CU.99.CU77
20 BG.CU.99.CU103
21 A2D.KC.09.KER0003
22 AG.CM.00.00.CM0001BB
23 BG.CU.03.CB118
24 BG.ES.08.X2456 2
25 cpx.CD.02.1918LE
26 AU.CD.02.02C MBT8047
27 AG.CM.99.CM99 18 KZ5
28 BF.99.99.BREPM12609
29 BF.BR.01.BREPM16704
31 BC.BR.04.04BR142
32 06A1.EE.01.EE0369
33 01B.ID.07.07KT18R
34 BF.99.99.07.07.0787BP
35 AD.AF.07.07.00H
36 cpx.CU.00.00CMNYU830
37 cpx.CU.00.00CMNY6320
38 BF1.UY.03.UY03 3389
39 cpx.CU.00.04CM1111
40 BF.BR.05.05BRJ055
42 BF.LU.06.06BR 18 06
43 02G.SA.03.J11223
44 BF.FL.CR.08.CH80
45 BF.04.04.04.04.04.04
46 BF.BR.07.07BR FPS625
47 BF.ES.08.08.P1942
48 01B.MY.07.07MYKT021
49 cpx.GM.03.N26677
50 AG.05.GB.10.12792
51 01B.99.11.11.11.115G HM021
52 01B.MY.03.03MYKL018 1
53 01B.MY.11.11F1R164
54 01B.MY.09.09MY58026
55 01B.CN.10.HNCS102053
56 01B.CN.09.09.09 patient
57 BC.CN.09.09YNL195g
58 01B.MY.09.09MYR33
59 01B.CN.09.09YMLP423
60 BC.IT.11.BVA495
61 01B.CN.11.11.11.11.11010
62 BC.CN.10.YNF143
63 02A1.RU.10.10RU6637
64 BC.CN.09.YNF131
65 cpx.CN.10.YNF101
66 01B.CN.11.11.11.11 HF115
68 01B.CN.11.ANHU1 WH73
70 BF1.BR.10.10BR PE004
71 BF1.BR.10.10BR PE008
72 BF1.BR.10.10BR MG002
0.BE.87.AN770
0.CM.98.98CM04
0.CM.98.98CMABB141
0.CM.98.98CMABB212
0.CM.98.98CMU5337
0.CM.99.99CMU4122
0.CM.99.99CMU4122
0.GA.11.11Ga6b352
0.SN.99.99SE MP1299
0.U.10.LTNP
N.CM.02.DJ00131
N.CM.02.53Gddd
N.CM.04.04CH 1015 04
N.CM.04.04.04.04.04.04
N.CM.11.11.11.11.11.11
N.FR.11.N1 FR 2011
P.CM.06.U14788
P.FR.09.RBF168
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.CD.05.FI1CpM2T45
CPZ.GA.98.GA81
CPZ.GA.98.SI1CpTAN13
CPZ.95.85.U5 Marilyn
GOR.CM.07.SIVgor2139 287
GOR.CM.07.SIVgorCP2135 380

CTCGCTTGCTG . AAGCGC . GCACGGCAAGAGCGGAGGGCGGGT . GAC . . . TGGTGAGTACGCCAAAAA . . . TTTTGACTAGCGGAGGCTAGA . . . AGG . . . AGAGAGATGGGTGCGAGAGCGTCACTATTAAAGCG										817
M G A R A S V L S										
	G	T	A	A	A			T		184
	G	T	A	A	A			T		28
Y	G	T	A	A	A			T		270
	G	T	A	A	A			T		173
	G	T	A	G	A			A		479
	G	T	A	A	A			T		827
	G	T	A	A	A			T		24
	G	T	A	A	A			T		357
	G	T	A	A	A			T		204
	G	T	A	A	A			T		29
	G	T	A	A	A			T		49
	G	T	A	A	A			T		183
	G	T	A	A	A			T		193
	T	A	T	A	A			T		845
	T	A	T	A	A			T		164
	T	A	T	A	A			T		24
	T	A	T	A	A			T		28
	T	A	T	A	A			T		196
	T	A	T	A	A			T		193
	T	A	T	A	A			T		837
AA	G	T	A	A	A			T		195
	G	T	A	A	A			T		293
	G	T	A	A	A			T		225
	G	T	A	A	A			T		184
	G	T	A	A	A			T		22
	G	T	A	A	A			T		134
	G	T	A	A	A			T		45
	G	T	A	A	A			T		292
	G	T	A	A	A			T		22
	G	T	A	A	A			T		266
	G	T	A	A	A			T		277
	T	A	A	A	A			T		22
	T	A	A	A	A			T		837
	T	A	A	A	A			T		186
	T	A	A	A	A			T		820
	T	A	A	A	A			T		274
	T	A	A	A	A			T		467
	T	A	A	A	A			T		130
	T	A	A	A	A			T		22
	T	A	A	A	A			T		29
	T	A	A	A	A			T		22
	T	A	A	A	A			T		243
A	T	A	A	A	A			T		291
	G	T	A	A	A			T		300
	G	T	A	A	A			T		362
	G	T	A	A	A			T		351
	G	T	A	A	A			T		256
	T	A	A	A	A			T		809
	T	A	A	A	A			T		270
	T	A	A	A	A			T		262
	T	A	A	A	A			T		28
Y	G	T	A	A	A			T		233
	G	T	A	A	A			T		24
	G	T	A	A	A			T		134
	G	T	A	A	A			T		163
	G	T	A	A	A			T		216
	G	T	A	A	A			T		133
	G	T	A	A	A			T		168
	G	T	A	A	A			T		28
	T	A	A	A	A			T		171
	T	A	A	A	A			T		28
	T	A	A	A	A			T		804
	T	A	A	A	A			T		265
	T	A	A	A	A			T		185
	T	A	A	A	A			T		373
	T	A	A	A	A			T		186
	T	A	A	A	A			T		206

B. FR. 83. HXB2	GGGGAGAATTAGATCGATGGGAAAAAATTCGGTTAAGCGACAGGGGAAAGAAAAATATAAATTAAACATATAGTAGTGGGAAGCAGGGAGCTAGAACGATTGCGAGTTAATCTGGCCTGTTAGAACATCAGAAGGCTAGACAAATCTGGGACAGCTACAACCA	987
Gag	G G E L D R W E K I R L R P G G G K K K Y K L K H I V W A S R E L E R F A V N P G L L E T S E G C R Q I L G Q L Q P	
A1.AU.03.PS1044 Day0	AG GC G C C G A C Y R T T G A C A A A T	198
A1.CH.03.HIV CH BID V358	A GC G C C T T G A C A C A A T	198
A1.CY.08.CY236	A GC G A C T G A C A C A A T	198
A1.ES.05.X1608 8	A GC G A C T G A C A C A A T	435
A1.KE.11.DEMA11KE001	A GC G G A GGC G A C C A T G A C A A A T	332
A1.RU.11.11RU6950	A GC G A C C A T G A C A A A T	529
A1.RW.11.DEMA11RW002	A GC C GGC G A C C A T T G A C A A A T	341
A1.SN.01.DDI579	A AAG G A T G A C A C A G A C A T	194
A1.UG.11.DEMA11UG001	A GCG G A C C C T T G A C A A A T	354
A1.ZA.04.04ZASK162B1	A TC G A C T G A C A A A T	419
A2.CM.01.01CM 1445MV	A GCT G A G T G A A A T A C C T T G G A A A A A G T T T	192
A2.CY.94.94CY017 41	A GCT G G C G T G A A A T A C C T T C G A A A A A A G T	356
B.BR.10.10BR MG029	C G A A C C G A A T C C G G C A A A G	452
B.CA.07.502 1191 03	C A A A G C A A T C G G C A A A A	408
B.CH.08.M2 0803101 NFLG8	C G A A C C G A A T C C A A T G G A G A T T G	447
B.CN.10.DEMB10CN002	C A A A C C G A A T G G G C A A T A A	353
B.ES.10.DEMB10ES002	GA C A A A C C G A A T G G G C A A A A	355
B.FR.11.DEMB11FR001	C G A A G C A A T G G G C A A A A	236
B.GB.05.MM45d213 GN1	C A A G G C A A T C A A A A A	364
B.HK.06.HK003	A A A G C A A T G G T C A A A A T	345
B.HT.05.05HT 129389	C G A A C C A A G C A A A A A	192
B.JP.12.DEMB12JP001	C A A G A A G C A A A A A	365
B.KR.07.HP 18 07JHS10_3909	A A A A A G A A A A A A A A T	651
B.PE.07.502 0525 wq5	A G A T A C G T G G T A C A A T	437
B.RU.11.11RU21n	A A C C C T G G A A A A A G	531
B.TH.08.MERLBDTRC10	C A A A C A A A T C C T G A C A A A G	199
B.US.11.ES38	T C T A C C G C A A T C A A A A A G	910
C.AR.01.ARC4006	C A C T G A A A C C T G A G C C C G A A T T G A A A A A	192
C.BR.07.DEMC07BR003	C A A C A C T G A G C C C G A A T T G A A C C A A	349
C.BW.00.00BW5031 1	C A A A G A A G G C C C G A A T T G A A A A A	364
C.CN.10.YNFL19	C A A G C A A C G T T G C C C G A A T T G A A A A	355
C.CY.09.CY260 2	C A A G A A T G C C T G C C C G A A T T G A A A C	198
C.ES.08.X2363 2	C GA C G C A A A C C T G C C C G A A T T G A A A A	421
C.ET.02.02ET 268	C A A A C C T G C C C G A A T T G A A A A A A A T	192
C.IN.09.T125 2139	C A A A A G A A C C T G C C C G A A T T G A A A A	987
C.KE.00.KER2010	C A A G C A A C C T G C C C G A A T T G A A A A	192
C.MW.09.703010256 CH256.w96	C A A A A A C C C C C G A A T T G A A A A C	988
C.TZ.08.707010457 CH457.w8	C A A A A A G C T G C C C G A A T T G A A A A	432
C.YE.02.02YE11	C A A A C C T G C C C G A A T T G A A A A	989
C.ZA.08.705010534 CH534.w12	C A A A A A C T T G A C C C G A A T T G A A A A	351
C.ZA.10.DEMC10ZA001	C A A A A A C T T G C C C C T G A A T T G A A A A	342
C.ZM.11.DEMC11ZM006	C A A A A G A A A C C T T G C C C T G A A T T G A A A A	353
D.CM.10.DEMD10CM009	A G A T C C C G G C C C G A A T T G G T C A A A A C G	198
D.CY.06.CY163	A G A C C C C G C C C G A A T T G G T C A A A A C	337
D.KE.11.DEMD11KE003	C A C A C T G C C C G A A T T G G T C A A A A T	946
D.KR.04.04KR08	C A C A A A A T G C C G A A T T G G T C A A A A	986
D.SN.90.SE365	C A C C C C C C C C C A A T T G G T C A A A A	182
D.TZ.01.A280	C G C A A C C C C C C A A T T G G T C A A A A	325
D.UG.10.DEMD10UG004	A C G A A A C T A G C C C C A A T T G G T C A A A A	342
D.UG.11.DEMD11UG003	A C G A A A C T A G C C C C A A T T G G T C A A A A	342
D.YE.02.02YE516	A G C G C C C C C C C C C A A T T G G T C A A A A	333
D.ZA.90.R1	A C G A A A C C C C C C C C C C C A A T T G G T C A A A A	198
F1.A0.06.A0 06 ANG32	A C G A C G A A A G C C G G C C G A A T T G G T C A A A A	296
F1.AR.02.ARE933	A C G A C G A A A G C C G G C C C A A T T G G T C A A A A	457
F1.BR.10.10BR RJ015	C A A G C G A A A G C C G G C C C A A T T G G T C A A A A	198
F1.CY.08.CY222	A C G A C G A A A G C C G G C C C A A T T G G T C A A A A	445
F1.ES.02.ES X845 4	A C G A C G A A A G C C G G C C C A A T T G G T C A A A A	1026
F1.FR.96.BC1 R07	A C G A C G A A A G C C G G C C C A A T T G G T C A A A A	443
F1.RU.08.D88 845	A C G A C G A A A G C C G G C C C A A T T G G T C A A A A	192
F2.CM.02.02CM 0016BBY	A C G A C G A A A G C C G G C C C A A T T G G T C A A A A	242
F2.CM.10.DEMF210CM001	C A T C T G A A C C T A G C C C C A A T T G G T C A A A A	352
F2.CM.10.DEMF210CM007	A G C C C G G C C C C A A T T G G T C A A A A	972
G.BE.96.DRCBL	A G C T G G G A A G T G C A A T T G G T C A A A A	371
G.CM.10.DEMG10CM008	A G C G C C A G C C A A T T G G T C A A A A	224
G.CN.08.0X 2084 08	C G G C G C G A G C C C A A T T G G T C A A A A	600
G.CU.99.Cu74	A A A G A C C C C C A A T T G G T C A A A A	464
G.ES.09.X2634 2	A G C T G G G A G C C C A A T T G G T C A A A A	1030
G.GH.03.03GH175G	A G C G G G A G C C C A A T T G G T C A A A A	371
G.KE.09.DEMG09KE001	A G C G G G A G C C C A A T T G G T C A A A A	194
G.NG.09.09NG SC62	A G C G G G A G C C C A A T T G G T C A A A A	192
G.ZA.01.TV546	A G C G G G A G C C C A A T T G G T C A A A A	373
H.BE.93.VI991	A G C T G G G C C C C A A T T G G T C A A A A	334
H.CF.90.056	C A G C T G G C C C C A A T T G G T C A A A A	508
H.GB.00.00GBAC4001	A G C T G G C C C C C A A T T G G T C A A A A	505
J.CM.04.04CMU11421	C A C T G G G C C C C A A T T G G T C A A A A	310
J.SE.93.SE9280 7887	A G A T G G G A G C C C A A T T G G T C A A A A	311
J.SE.94.SE9173 7022	A C G A T G G G A C C C A A T T G G T C A A A A	198
K.CD.97.97ZR EQTB11	A C A A G C C G G C C C A A T T G G T C A A A A	198
K.CM.96.96CM MP535	A G C G C C C G C C C A A T T G G T C A A A A	1007
U.CA.01.TV749	A A G G C C C C C A A T T G G T C A A A A	1009
U.CA.99.TV721	C G G C C C C A A T T G G T C A A A A	485
U.CD.83.83CD003 23	A G C G C C C C C A A T T G G T C A A A A	189
U.CD.90.90CD121E12	A G A A G C C C C C C A A T T G G T C A A A A	198
U.CY.05.CY090	A G A A G C C C C C C A A T T G G T C A A A A	198
U.CY.08.CY223	GA G C G C C C C A A T T G G T C A A A A	278
U.ES.10.DEURF10DZ001	A G A G C C C C C A A T T G G T C A A A A	276
U.GR.99.99GR083	A G A G C C C C C A A T T G G T C A A A A	884
U.NL.95.U NL 95 H10986_ D1	C C A C C C C C C C C A A T T G G T C A A A A	199
01 AE.AF.07.569M	A G C G C C C A A T T G G T C A A A A	942
01 AE.CF.90.90CF11697	A G C G C C C A A T T G G T C A A A A	374
01 AE.CN.10.YNFL03	A G C G C C C A A T T G G T C A A A A	364
01 AE.HK.04.HK001	A G C G C C C A A T T G G T C A A A A	1003
01 AE.IR.10.01IR THR48F	A G C G C C C A A T T G G T C A A A A	422
01 AE.JP.x.JRC77AE	A G C G C C C A A T T G G T C A A A A	552
01 AE.TH.09.AA090a WG11	A G C G C C C A A T T G G T C A A A A	199
01 AE.TH.90.CM240	A G C G C C C A A T T G G T C A A A A	251
01 AE.US.05.306163 FL	A G C G C C C A A T T G G T C A A A A	
01 AE.VN.98.98VNNND15	A G C G C C C A A T T G G T C A A A A	

B. FR. 83. HXB2

Gag

02 AG. CM. 10. DE00210CM013
 02 AG. CY. 09. CY256
 02 AG. ES. 06. P1423
 02 AG. GW. 05. CC 0048
 02 AG. KR. 12. 12MHR9
 02 AG. LR. x. POC44951
 02 AG. NG. 09. 09NG SC61
 02 AG. NG. x. IBNG
 02 AG. SE. 94. SE7812
 02 AG. SN. 98. 98SE MP1211
 03 AB. RU. 97. KAL153_2
 04 cpx. CY. 94. 94CY032_3
 05 DF. BE. x. V11310
 06 cpx. AU. 96. BF090
 07 BC. CN. 98. 98CN009
 08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F
 09 cpx. GH. 96. 96GH2911
 10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061
 11 cpx. CM. 95. 95CM 1816
 12 BF. AR. 99. ARMA159
 13 cpx. CM. 96. 96CM 1849
 14 BG. ES. 05. X1870
 15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
 16 A2D. KR. 97. 97KR004
 17 BF. AR. 99. ARMA038
 18 cpx. CU. 99. CU176
 19 cpx. CU. 99. CU17
 20 BG. CU. 99. CU103
 21 A2D. KE. 99. KER2003
 22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY
 23 BG. CU. 03. 0318
 24 BG. ES. 08. X2456_2
 25 cpx. CM. 02. 1918LE
 26 AU. CD. 02. 02CD MBT0047
 27 cpx. FR. 04. 04CD FR K25
 28 BF. BR. 99. BREPM12609
 29 BF. BR. 01. BREPM16704
 31 BC. BR. 04. 04BR142
 32 06A1. EE. 01. EE0369
 33 01B. ID. 07. JKT189_C
 34 01B. TH. 99. 01B2478P
 35 AD. AF. 07. 169H
 36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
 37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926
 38 BF1. UY. 03. UY03 3389
 39 BF. BR. 04. 04BRJ179
 40 BF. BR. 05. 05BRJ055
 42 BF. LU. 06. 10BF 18_06
 43 02G. SA. 03. J11223
 44 BF. CL. 00. CH80
 45 cpx. FR. 04. 04FR AUK
 46 BF. BR. 07. 07BR FP5625
 47 BF. ES. 08. P1942
 48 01B. MY. 07. 07MYKT021
 49 cpx. GM. 03. N26677
 50 A1D. GB. 10. 12792
 51 01B. SG. 11. 11SG HM021
 52 01B. MY. 03. 03MYK018_1
 53 01B. MY. 11. 11FIR164
 54 01B. MY. 09. 09MYS0023
 55 01B. CN. 10. 10HNS102056
 56 cpx. FR. 10. 10FRFS patient A
 57 BC. CN. 09. 09CN11959
 58 01B. MY. 09. 09MYP33
 59 01B. CN. 09. 09LNA423
 60 BC. IT. 11. BAV499
 61 BC. CN. 10. J1100010
 62 BC. CN. 10. YNFI13
 63 02A1. RU. 10. 10RU6637
 64 BC. CN. 09. YNFI131
 65 cpx. CN. 10. YNFI01
 67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
 68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
 70 BF1. BR. 11. 10BR PE004
 71 BF1. BR. 10. 10BR PE008
 72 BF1. BR. 10. 10BR MG002
 0. BE. 87. ANT70
 0. CM. 98. 98CMA104
 0. CM. 98. 98CMA0B11
 0. CM. 98. 98CMA0212
 0. CM. 98. 98CMU5337
 0. CM. 99. 99CMU4122
 0. FR. 92. VAU
 0. GA. 11. 11GAB6352
 0. SN. 99. 99SE MP1299
 0. US. 10. LTNP
 N. CM. 02. DJ00131
 N. CM. 02. SJGddd
 N. CM. 04. 04CM 1015_04
 N. CM. 06. U14296
 N. CM. 06. U14842
 N. FR. 11. N1. FR 2011
 P. CM. 06. U14788
 P. FR. 09. RBF168
 CPZ. CD. 06. BF1167
 CPZ. CM. 05. SIVcpzMT145
 CPZ. GA. 88. GAB1
 CPZ. TZ. 06. SIVcpzTAN13
 CPZ. US. 85. US Marilyn
 GOR. CM. 07. SIVgor2139_287
 GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con

GGGGAGAATTAGATCGATGGGAAAAAATTCGGTTAAGCGACAGGGGAAAGAAAAATATAAATTAACACATATAGTAGTGGGCAAGCAGGGAGCTAGAACGATTGCGAGTTAATCTGGCCTGTTAGAAACATCAGAAAGCTGTAGACAAATCTGGGACAGCTACAACCA
 G G E L D R W E K I R L R P G G G K K K Y K L K H I V W A S R E L E R F A V N P G L L E T S E G C R Q I L G Q L Q P
 -A- -G- -C- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 354
 -A- -GC- -C- -G- -G- -C- -C- -C- -T- -T- 198
 -A- -GC- -G- -M- -C- -G- -C- -T- -A- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 440
 -A- -GC- -G- -G- -C- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 343
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 649
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 997
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 194
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 527
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 374
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 199
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 219
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 353
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 363
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 1015
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 334
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 194
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 198
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 366
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 363
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 1007
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 365
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 463
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 395
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 354
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 436
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 304
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 213
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 462
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 192
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 192
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 446
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 447
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 192
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 1007
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 990
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 356
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 358
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 444
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 637
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 300
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 192
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 198
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 192
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 413
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 461
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 470
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 532
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 521
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 426
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 979
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 440
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 432
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 198
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 422
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 403
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 194
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 304
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 333
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 386
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 303
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 338
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 198
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 341
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 198
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 974
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 435
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 355
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 543
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 356
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 376
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 342
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 333
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 333
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 474
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 657
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 495
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 1038
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 470
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 469
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 474
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 471
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 469
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 547
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 547
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 1040
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 959
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 457
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 456
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 459
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 457
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 458
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 352
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 473
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 1031
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 996
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 556
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 524
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 547
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 1029
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 548
 -A- -GC- -G- -G- -A- -G- -C- -C- -C- -T- -T- -G- -A- -C- -A- -A- -AT- -T- 547

B. FR. 83. HXB2
Gag
A1. AU. 03. PS1044 Day0
A1. CH. 03. HIV CH BID V3538
A1. CY. 08. CY236
A1. ES. 05. X1608
A1. KE. 11. DEMA11KE001
A1. RU. 11. 11RU6950
A1. RW. 11. DEMA11RW002
A1. SN. 01. DD1579
A1. UG. 11. DEMA11UG0001
A1. ZA. 04. 04ZASK162B1
A2. CM. 01. 01CM 1445MV
A2. CY. 94. 94CY017 41
B. BR. 10. 10BR MG029
B. CA. 07. 502 1191 03
B. CH. 08. M2 0803101 NFLG8
B. CN. 10. DEMB10CM002
B. ES. 10. DEMB10ES002
B. FR. 11. DEMB11FR001
B. GB. 05. MM45d213 GN1
B. HK. 06. HK003
B. HT. 05. 05HT 129389
B. JP. 12. DEMB12JP001
B. KR. 07. HP 18 07JHS10_3909
B. PE. 07. 502 0525 wq5
B. RU. 11. 11RU21n
B. TH. 08. MERLBDTRC10
B. US. 11. ES38
C. AR. 01. ARC4006
C. BR. 07. DEMC07BR003
C. BW. 00. 00BW5031_1
C. CN. 10. YNFI19
C. CY. 09. CY260
C. ES. 08. X2363 2
C. FT. 02. 02FT 268
C. IN. 09. T125 2139
C. KE. 00. KER2010
C. MW. 09. 703010256 CH256.w96
C. TZ. 08. 707010457 CH457.w8
C. YE. 02. 02YE
C. ZA. 08. 705010534 CH534.w12
C. ZA. 10. DEMC10ZA001
C. ZM. 11. DEMC11ZM006
D. CM. 10. DEMD10CM009
D. CY. 06. CY163
D. KE. 11. DEMD11KE003
D. KR. 04. 04KR08
D. SN. 90. SE365
D. TZ. 01. A280
D. UG. 10. DEMD10UG004
D. UG. 11. DEMD11UG003
D. YE. 02. 02YE516
D. ZA. 90. R1
F1. A0. 06. A0 06 ANG32
F1. AR. 02. ARE933
F1. BR. 10. 10BR RJ015
F1. CY. 08. CY222
F1. ES. 02. ES X845 4
F1. RO. 96. BCR07
F1. RU. 08. D88 845
F2. CM. 02. 02CM 0016BBY
F2. CM. 10. DEMF210CM001
F2. CM. 10. DEMF210CM007
G. BE. 96. DRCLB
G. CM. 10. DEMG10CM008
G. CN. 08. CX 2084 08
G. CU. 99. Cu74
G. ES. 09. X2634 2
G. GH. 03. 03GH175G
G. KE. 09. DEMG09KE001
G. NG. 09. 09NG SC62
G. ZA. 01. TV546
H. BE. 93. VI991
H. CF. 90. 056
H. GB. 00. 00GBAC4001
J. CM. 04. 04CMU11421
J. SE. 93. SE9280 7887
J. SE. 94. SE9173 7022
K. CD. 97. 97ZR E0TB11
K. CM. 96. 96CM MP535
U. CA. 01. TV749
U. CA. 99. TV721
U. CD. 83. 83CD003 23
U. CD. 90. 90CD121E12
U. CY. 05. CY090
U. CY. 08. CY223
U. ES. 10. DEURF10DZ001
U. GR. 99. 99GR083
U. NL. 95. U NL 95 H10986_D1
01 AE. AF. 07. 569M
01 AE. CF. 90. 90CF11697
01 AE. CN. 10. YNFI03
01 AE. HK. 04. HK001
01 AE. IR. 10. 10IR THR48F
01 AE. JP. X. 3JC77AE
01 AE. TH. 09. AA090a WG11
01 AE. TH. 90. CM240
01 AE. US. 05. 306163 FL
01 AE. VN. 98. 98VNND15

TCCCTTCAGACAGGATCAGAAGAACTAGATCATTATATAATACAGTAGCAACCTCTATTGTGTCATCAAGGATAGAGATAAAAGACACCAAGGAAGCTTTAGACAAGATA. GAGGAAGAGCAAAACAAAGT.
S L Q T G S E E L R S L Y N T V A T L Y C V H Q R I E I K D T K E A L D K I E E E Q N K S
G-T-YA--W-A-A-T-TG-Y-T-A-ATAA-T-G-C-333
G-T-CA--TA-A-TG-A-G-G-G-G-T-A-GATA-T-G-C-333
G-T-CA-T-A-TG-A-CC-T-A-ATAA-T-G-C-333
G-T-A--A-TG-A-TA-T-G-C-333
G-T-CA-C-A-C-G-T-A-C-T-A-GATA-T-G-C-467
A-T-A--T-A-T-A-C-T-A-ATA-T-G-C-664
G-T-C--GA-G-A-A-CTG-G-A-T-A-GATA-G-C-476
G-T-CA--A-G-C-TG-A-CA-T-A-ATA-T-G-AC-329
G-T-CG--A-G-A-C-G-T-A-CA-T-A-ATA-G-C-489
G-T-A--A-A-C-TG-A-TA-T-G-C-554
G-T-C-CAGT-A-A-C-A-GT-C-A-A-AA-G-CC-T-AT-G-A-TAC-327
G-T-C-A--A-A-C-TGT-C-G-A-G-TG-C-T-A-G-A-TAC-485
G-T-A--A-A-A-C-TG-A-G-A-T-G-C-A-G-587
-T-A--A-C-TC-CGT-A-A-TG-G-T-A-A-G-543
-T-A--AG-C-TG-G-C-T-A-T-582
G-T-A--A-C-C-T-A-G-G-G-A-G-490
GT--GT--A-GT-A-G-A-G-A-G-371
G--A--GT-T-A-G-TG-C-A-A-G-GG-499
G--A--GT-T-A-G-TG-C-A-T-480
-T-A--TC-GT-GT-T-A-C-A-G-C-T-G-G-T-327
A--G--A-T-TG-T-A-A-G-G-C-T-AG-G-500
B. RU. 11. 11RU21n
B. TH. 08. MERLBDTRC10
B. US. 11. ES38
G-T-G-G-AG-T-G-TG-A-C-G-A-T-666
G-T-A-A-G-T-T-TG-AA-C-A-A-A-G-A-1045
G-T-A-A-G-GT-C-T-TT-A-GC-AA-G-CG-A-C-A-A-A-A-G-A-327
G-T-A-GA-G-T-C-TT-A-AG-AC-G-CG-A-C-A-G-CT-484
G-T-A-A-A-TC-C-T-A-G-G-AG-CG-A-C-G-G-A-T-499
-T-A-A-G-T-C-T-A-GC-G-G-CG-A-C-G-556
-T-A-A-G-T-C-T-A-G-AA-G-CG-A-C-G-556
G-T-A-A-G-T-C-T-A-G-G-AG-CG-A-C-G-GT-1122
G-T-A-A-G-T-C-T-A-A-T-AG-CG-A-C-G-A-G-327
G-T-C-A-G-C-A-C-TT-A-A-AT-TG-CG-G-C-G-G-A-T-1123
G-T-A-G-G-A-C-G-TT-T-C-A-A-AG-CG-A-C-G-A-C-1123
G-T-C-A-G-A-T-C-G-T-T-C-A-GGA-TG-CG-A-CC-G-A-1124
G-T-C-A-G-A-TC-C-T-T-A-G-G-TG-CG-A-C-486
G-T-C-A-G-C-T-A-GC-TG-CGG-A-A-G-477
G-A-A-G-T-C-C-A-T-A-A-GC-A-A-TG-G-T-A-A-A-A-G-G-T-488
G-T-A-T-G-T-G-C-A-A-GG-A-G-G-A-G-C-A-A-A-C-A-333
G-TG-A-A-T-T-T-A-GG-A-G-G-A-G-G-A-A-A-A-A-A-C-A-472
D. KR. 04. 04KR08
G-TA-A-A-A-TA-A-A-G-A-A-G-A-A-G-A-A-G-A-A-G-1081
G-TA-A-A-T-T-A-A-AG-A-G-A-A-AT-A-A-A-A-A-A-1121
D. UG. 10. DEMD10UG004
G-TA-A-G-A-A-A-C-A-G-A-A-G-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-317
G-TA-GA-T-G-A-A-T-A-C-A-G-A-A-G-A-A-A-A-A-A-A-A-460
D. YE. 02. 02YE516
-TA--T-A-A-T-A-A-A-G-TG-G-C-T-A-A-A-A-A-A-A-A-477
D. ZA. 90. R1
G-A-A-G-G-TGT-A-A-GA-A-GT-T-C-A-A-G-T-333
-A--G-A-G-GT-GT-C-A-A-G-G-A-G-G-A-A-A-A-A-A-A-431
G--G--T-A-GT-C-T-A-A-G-G-G-A-A-A-A-A-A-A-A-A-592
G-GA--G-A-G-TT-GT-A-A-A-GA-A-G-G-A-A-A-A-A-A-A-333
-C-C--G-G-GA-GT-A-A-A-CCTG-G-T-A-A-A-A-A-A-A-A-580
G-A--C-GT-A-A-A-A-C-A-G-T-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-1161
G-A--G-TGT-A-A-A-T-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-327
G-T-C-A--A-GA-A-C-T-T-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-487
T-C--A-G-A-T-T-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-1107
G-T-C-A--A-G-A-T-G-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-506
G-T-C-A--A-G-A-T-G-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-359
G-T-C-A--A-G-A-T-G-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-735
G-T-C-A--A-G-A-TG-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-599
G-T-C-A--A-G-A-TG-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-1165
-TA-C-A--A-GG-A-T-GG-A-G-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-506
-A-C-A--A-GA-A-T-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-329
-TY-C--C-A-R-G-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-327
G-T-A--A-C-CA-A-GT-C-A-A-A-TG-G-GG-A-ATA-G-T-G-AC-508
G-TA-A--A-A-A-G-T-CT-GT-C-A-G-AA-TG-G-T-G-A-ATA-469
G-T-A--A-A-A-G-T-CT-GT-C-A-G-AA-G-C-T-GT-A-T-G-A-GATA-G-G-AC-643
-TTA-A--GA-A-AG-C-A-A-G-GGS-G-R-A-A-A-A-A-A-A-A-640
G-T-C--A-C-A-A-G-C-A-A-A-A-T-R-G-A-ATT-G-AC-445
G-T-A--A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-ATT-AC-446
-A-A--C-G-GA-A-C-T-A-GT-T-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-333
-A-A--GA-A-C-T-A-GT-T-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-333
G-T-C--A-A-A-T-GT-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-1142
G-T-C--A-A-T-CTT-GT-C-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-1144
G-T-T--G-A-C-CTT-GT-C-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-620
G-A-A-C--G-G-AG-TC-A-A-GG-G-G-A-A-AT-A-A-A-A-324
A-T-AG--AG-C-G-TC-A-A-T-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-333
A-T-A--AG-T-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-333
A-T-A--A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-413
G-T-A--A-A-A-TGT-A-TG-T-C-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-413
A-T-CA--A-C-T-T-GG-C-A-C-G-T-A-A-A-A-A-A-A-A-A-334
AAT-CA--A-A-C-T-CA-T-GG-A-C-TG-T-A-A-A-A-A-A-1077
A-T-CA--G-A-C-G-T-T-GG-C-C-C-G-T-T-A-T-A-T-A-509
A-T-CA--A-A-T-T-GG-C-A-C-G-T-T-A-T-A-T-A-499
A-A--G-A-T-T-GG-C-A-C-G-T-T-A-T-A-T-A-499
01 AE. IR. 10. 10IR THR48F
A-T-CA--A-C-T-T-G-G-TGT-GG-C-A-C-G-T-T-A-T-A-1140
A-T-CA--A-C-T-T-G-A-GT-GG-C-C-A-C-A-C-T-A-A-557
A-T-CA--T-A-T-T-GG-C-A-C-G-T-A-A-T-A-T-G-C-687
A-T-CA--T-G-A-T-GG-C-A-C-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-322
A-T-CA--A-T-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-386

1122

333
333
333
333
467
664
476
329
489
554
327
485
587
543
582
490
371
499
480
327
500
786
572
666
334
1045
327
484
499
490
333
556
327
1122
327
1123
1123
1124
486
477
488
333
472
1081
1121
317
460
477
477
468
333
431
592
333
580
1161
578
327
377
487
1107
506
359
735
599
1165
506
329
327
508
469
643
640
445
446
333
333
1142
1144
620
324
333
333
413
413
1019
334
1077
509
499
499
1140
557
687
322
386

FR. 83. HXB2	CCCTTCAGACAGGATCAGAGAACCTTAGATCATTATAATACAGTAGCAACCTCTATTGTGTGCATCAAAAGATAGAGATAAAAGACACCAAGGAAGCTTTAGACAGATA	GAGGAAGACAAAACAAAGT	1122
Gag	S L Q T G S E E L R S L Y N T V A T L Y C H Q R T E I K D K L E A L D K I	E E E Q N K S	
02 AG. CM. 10. DE00210CM013	G-T -CGG -A -AG -C -T -A -T -GG -A -AGC -A -ACC -C -T -AG -C -T -AG -TA -T -G -C -CAGGCAAAAGACACAG		504
02 AG. CY. 09. CY256	A-T -A -A -G -C -TC -A -T -GG -C -A -AGC -A -ACC -C -T -A -C -T -A -TA -T -G -C -C		333
02 AG. ES. 06. P1423	A-T -AG -A -A -A -GT -C -C -A -AT -T -G -C -C -T -A -A -A -TA -T -G -C -A		575
02 AG. GW. 05. CC 0048	A-T -CAG -A -C -A -A -T -T -GG -A -C -C -G -C -T -AG -C -T -AG -A -TA -T -G -C -CAAAACAAAGGCACAG		493
02 AG. KR. 12. P2MH90	G-T -CAG -A -T -A -T -T -GG -A -C -C -C -C -C -T -AT -G -C -T -A -T -G -C -A		784
02 AG. LR. X. P14951	G-T -CAGT -A -G -A -T -T -GG -A -C -C -C -C -C -T -AG -C -T -AG -A -T -G -C -A		329
02 AG. NG. 09. 09NG SC61	A-T -A -A -A -T -T -T -GG -A -C -C -C -C -C -T -AG -C -T -AG -A -T -G -C -A		662
02 AG. NG. X. IBNG	G-T -CAG -A -A -T -T -T -GG -C -A -C -A -AG -C -T -AG -C -T -AG -A -T -G -C -A		509
02 AG. SE. 94. SE7812	A-T -CAG -A -A -T -CA -T -T -GG -C -A -C -A -AG -C -T -AT -C -T -AT -A -T -G -C -A		334
02 AG. SN. 98. 98SE MP1211	A-T -CA -A -A -T -T -T -T -A -C -A -AG -C -T -AT -C -T -AT -A -T -G -C -A		354
04 AB. RU. 97. KAL153_2	A-T -CA -A -A -T -T -T -T -A -C -A -AG -C -T -AT -C -T -AT -A -T -G -C -A		488
04 cpx. CY. 94. 94CY032_3	A-T -CA -A -A -T -TA -A -T -GG -C -A -C -A -AG -C -T -A -T -A -T -G -C -A		501
05 DF. BE. X. VI1310	G-TA -A -A -A -C -C -C -G -A -G -G -C -T -A -T -A -A -A -A -A		1150
06 cpx. AU. 96. BFP90	A-T -CA -A -A -A -A -T -C -C -A -A -AG -C -C -A -CA -T -A -A -A -A -A		469
07 BC. CN. 98. 98CN009	G-T -A -A -G -A -T -TC -C -T -T -A -A -AC -GA -AG -CG -C -A -C -T -T -A -T -T		329
08 BC. CN. 97. 97CNCG 6F	G-T -A -A -G -A -T -TC -C -T -T -A -A -A -G -GA -AG -CG -C -A -C -T -T -A -T -T		333
09 cpx. CM. 96. 96CM2911	G-T -AG -A		501
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061	G-TA -A -G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		498
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816	G-T -CA -T -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		1142
12 BF. AR. 99. ARMA159	G-T -A -A -G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		500
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849	G-T -A -A -G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		508
14 BF. ES. 05. X18742	G-T -A -A -G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		530
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	A-T -CA -A		489
16 A2D. KR. 97. 97KR004	-TA -A		530
17 BF. AR. 99. ARMA038	-TA -A		489
18 cpx. CU. 99. CU76	-TA -CA -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		437
19 cpx. CU. 99. CU7	A-T -CA -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		348
20 BG. CU. 99. Cu103	A-T -CA -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		597
21 A2D. KE. 99. KER2003	-TA -A		327
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY	AGT -CA -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		327
23 BG. CU. 03. CB118	G-T -CA -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		571
24 BG. ES. 08. X2456_2	G-T -CA -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		537
25 cpx. CM. 02. 02CM 1918	G-T -CA -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		327
26 AU. CD. 02. 02CD MBT047	G-TG -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		1136
27 cpx. FR. 04. 04CD FR KZ5	G-T -C -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		1125
28 BF. BR. 99. BREPM12609	-A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		491
29 BF. BR. 01. BREPM16704	G-T -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		493
31 BF. BR. 04. 04BR142	G-T -CAG -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		579
32 06A1. EE. 01. EE0369	G-T -CAG -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		772
33 01B. ID. 07. JKT189 C	A-T -CA -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		435
34 01B. TH. 99. 09UR2478P	A-T -CA -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		327
35 AD. AF. 07. 169H	A-T -CA -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		334
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU030	A-T -CA -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		327
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU026	A-T -CA -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		431
38 BF1. UY. 03. UY03 3389	A-T -CA -A -A -A -A -A -A -A -A		548
39 BF. BR. 04. 04BRRJ179	-G -G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		596
40 BF. BR. 05. 05BRRJ055	-A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		605
42 BF. LU. 06. LuBF 18 06	G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		667
43 02G. SA. 03. J11223	A-T -AG -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		656
44 BF. CL. 00. CH80	AAT -CA -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		561
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK	-A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		1114
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625	-G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		575
47 BF. ES. 08. P1942	G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		567
48 01B. MV. 07. 07MVKT021	A-T -CA -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		537
49 cpx. CM. 03. N26677	G-T -CAG -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		538
50 A1D. GB. 10. 12792	-T -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		329
51 01B. SG. 11. 11SG MH021	A-T -CA -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		439
52 01B. MY. 03. 03MYKL018_1	R -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		468
53 01B. MY. 11. 11FTR164	R -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		468
54 01B. MY. 09. 09MYSB023	A-T -CA -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		407
55 01B. CN. 10. HNC5102056	A-T -CA -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		473
56 cpx. FR. 10. URF5 patient A	G-T -CA -A -G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		333
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg	G-T -CA -A -A -G -G -T -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		476
58 01B. MY. 09. 09MYPR37	A-T -CA -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		324
59 01B. MY. 09. 09LNA423	G-T -A -A -C -A -G -GT -C -G -T -T -T -GG -C -A -G -A -A -A -A		1103
60 BC. IT. 11. BAV499	G-T -A -A -A -G -GT -C -G -T -T -T -GG -C -A -G -A -A -A -A		470
61 BC. CN. 10. JL100010	G-T -A -A -G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		570
62 BC. CN. 10. YNFL13	G-T -A -A -G -G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		484
63 02A1. RU. 10. 10RU6637	A-T -CA -A -A -G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		678
64 BC. CN. 09. YNFL31	A -TG -CA -A -A -G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		491
65 cpx. CM. 10. YNFL01	G-T -CA -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		511
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115	A-T -CA -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		477
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73	A-T -CA -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		468
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004	G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		569
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008	G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		792
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002	G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A		630
0. BE. 87. ANT70	G-T -CA -A -G -CAGC -GCAG -C -C -GG -CG -A -T -GTG -GG -T -CA -C -ATATA -A -TGG -T -GC -C -G -AA -C -A -T -A -TAATGGGG -GC -GAAG		1176
0. CM. 98. 98CMA194	G-T -CA -A -G -AGC -GCAG -C -C -GG -C -A -GTG -GG -T -CA -C -AT TA -AG -TGG -T -GC -C -G -AA -C -A -T -A -GA -AA -GGGGGG -GAAG		608
0. CM. 98. 98CMA8B141	G-T -CA -A -G -AGC -GCAG -C -C -GG -C -A -GTG -GG -T -CA -C -AT TA -AG -TGG -T -GC -C -G -AA -C -A -T -A -GA -TAATGGGG -C -GAAG		607
0. CM. 98. 98CMA8B212	G-T -AGC -G -GAGCT -G -A -TC -C -GG -CTT -T -GTA -GG -T -AGC -A -T -C -TC -G -T -GC -C -G -AA -C -A -G -A -A -AATGGCA -C -GAAG		612
0. CM. 98. 98CMA5337	G-T -CA -A -G -AGC -GCA -GC -C -GG -C -A -GTG -GG -T -CA -C -ATACA -G -TGG -T -GC -C -G -AA -C -A -G -A -A -TAATGGGG -GC -GAAG		609
0. CM. 98. 98CMA41222	G-T -CA -A -G -CAGC -GCAG -C -C -GG -C -A -GTG -GG -T -CA -C -ATATAGA -G -TGG -T -GC -C -G -AA -C -A -G -A -A -TAATGGGG -GC -GAAG		607
0. FR. 92. VAU	G-T -CA -A -G -AGC -GTAG -C -C -GG -CG -TA -GTG -GG -T -A -C -ATATA -AG -TGG -T -AC -C -G -AG -AGA -AT -A -G -A -AATG -G -C -AAAG		685
0. GA. 11. 11Gab6352	G-T -CA -A -G -CAGC -GCAG -C -C -GG -C -A -GTG -GG -T -CA -TG -AT -TAGA -T -T -AC -C -G -AA -C -A -G -AT -A -TAATG -C -AAAAG		333
0. SN. 99. 99SE MP1299	G-T -CA -A -G -AGC -GCAG -C -C -GG -C -TA -GTG -GG -T -CA -C -A -TA -AG -TGG -T -GC -C -G -AA -C -A -G -AT -A -TAATGGGG -GC -GAAG		1178
0. US. 10. LTNP	G-T -CA -A -G -AGC -GCAG -C -C -GG -C -A -GTG -GG -T -CA -C -ATATA -A -TGG -T -GC -C -G -AA -C -A -G -AT -A -TATGGGG -GC -GAAG		1097
N. CM. 02. DJ00131	G-T -CGCA -G -G -GC -C -C -CG -CC -GTT -T -G -C -AGT -AC -C -G -C -CA -T -GC -A -C -G -G -G -A -A -A -A -GA -AA -GG -ACGGCACAAGTCC		607
N. CM. 02. SJ60dd	G-T -CA -A -G -G -GC -C -C -CG -CC -GTT -T -G -C -AGT -AC -C -G -C -CA -T -GC -A -C -G -G -G -A -A -A -A -GA -AA -GG -AC -GCACAG		506
N. CM. 04. 04AB 1015_04	G-T -CA -T -G -G -GC -C -C -CG -CC -GTT -T -G -C -AGT -AC -C -G -C -CA -T -GC -A -C -G -G -G -A -A -A -A -GA -AA -GG -AC -GCACAGT		600
N. CM. 06. U14296	G-T -CA -A -G -G -GC -C -C -CG -CC -GTT -T -C -C -AGT -A -C -G -C -C -AT -CA -A -G -G -M -R -A -AS -GA -A -GG -MC -GCACAGCTC		598
N. CM. 06. U14842	G-T -CA -T -G -G -GC -C -C -CG -CC -GTT -T -C -A -T -AA -G -C -C -TA -T -CA -A -G -G -C -C -A -A -G -TAA -GG -AC -GCACAGCCC		599
N. FR. 11. N1 FR 2011	G-T -CA -A -G -G -GC -C -C -CG -CC -GTT -T -C -AGT -A -TC -C -G -T -CA -A -C -A -C -G -C -C -A -A -GA -AA -GG -AC -GCACAG		492
P. CM. 06. U14788	G-T -CAGA -C -Y -T -TC -GC -GCAG -TC -T -GG -C -CC -T -GTTY -A -GG -T -CA -A -A -AG -R -T -GT -AC -C -G -CA -TACA -ATGG		608
P. FR. 09. RBF168	G-T -CAGA -T -T -TC -GC -GCAG -TC -T -GG -C -CC -T -GTTY -A -GG -T -CA -A -A -AG -R -T -GT -AC -C -G -CA -TACA -ATGG		1166
CP2. CD. 06. BF1P67	-AG -AG -A -T -G -CC -A -A -C -T -C -CA -T -GTGT -AC -CA -A -G -G -AGA -A -A -TC -G -TG -A -C -AG -A -A -TTG -G -A -A -G -A -T -A -T -CGAGCAGTGAACACCAAGGAATGAGGA		1191
CP2. CD. 05. SIVCPMT145	G-T -A -A -G -G -GC -C -C -CG -CT -T -TT -G -GT -T -GG -CA -A -A -G -A -A -AG -GG -T -AC -AC -G -C -G -AC -G -A -A -CT -CGGT -CC -GAA		657
CP2. CD. 04. 04AB 1015_04	G-T -A -A -G -G -GC -C -C -CG -CT -T -TT -G -GT -T -GG -CA -A -A -G -A -A -AG -GG -T -AC -AC -G -C -G -AC -G -A -A -CT -CGGT -CC -GAA		657
CP2. TZ. 06. SIVCPZTAN13	-AA -AG -C -TT -C -TCC -A -AGTC -G -C -C -C -C -CTGT -A -A -T -C -CG -G -AGA -A -G -CGG -GG -A -CG -TA -TTG -G -A -A -T -A -T -CT -C -GTA		682
CP2. US. 85. US Marilyn	G-T -AA -A -G -GC -GC -GC -C -C -CT -GGT -T -GG -C -AGT -G -G -ACG -G -G -G -G -T -GC -C -G -C -G -TG -AC -G -A -A -G -TAGTGC -TTTCAGAAA -CA		1169
GOR. CM. 07. SIVgor2139 287	G-T -CA -A -G -T -GCT -GC -TC -G -GG -C -TT -G -T -GTG -G -GG -C -C -GG -A -T -TG -TC -TC -C -C -A -AT -T -A -TCATGTCA -AAAG		686
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con	G-T -CA -A -G -T -GCT -GC -TC -G -GG -C -TT -G -T -GTG -G -GG -C -C -GG -A -T -TG -TC -TC -C -C -A -AT -T -A -CATGTCA -AAAG		685

	Gag p17 Matrix end										Gag p24 Capsid start																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					
	AAGAAAAAGCACAGCAA										GCAGCAGCTGAC										ACAGGA										CACAGCAAT										CAGGTACGCCAAATTAACCTATAGTGCAGAACATCCAGGGGCAATGG																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																							
Gag	K	K	K	A	Q	Q					A	A	A	D							T	G																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																										</

B. FR. 83. HXB2 Gag	AAGAAAAAGCAGCAAA.....GCAGCAGTGAC.....ACAGGA.....CAGCACAAT.....CAGGTCAGCCAAATACCTTATAGTCAGAACATCCAGGGGCAATGG 1216																															
	K	K	K	A	Q	Q	A	A	A	D	T	G	H	S	N	Q	V	S	Q	N	Y	P	I	V	Q	N	I	Q	G	Q	M	
02 AG. CM. 10. DE00210CM013	C	C	C	GA		G							AG			A	A	TGCA													589	
02 AG. CY. 09. CY256	C	C	C	GA		G							AG			A	A	TGCA													418	
02 AG. ES. 06. P1423	C	C	C	GA		G							GG	T		A	A	TGCA													660	
02 AG. GW. 05. C 0048	C	C	C	GA		G							AG			A	A	TGCA													578	
02 AG. KR. 12. 12MHR9	C	C	C	GA		G							AT			A	A	TGCA													869	
02 AG. LR. x. POC44951	C	C	C	GA		G							AG			A	A	TGCA													1217	
02 AG. NG. 09. 09NG SC61	C	C	C	GA		G							AG			A	A	TGCA													414	
02 AG. NG. x. 1BNG	C	C	C	GA		G							AG			A	A	TGCA													747	
02 AG. SE. 94. C5E7812	C	C	C	GA		G							AG	T		A	A	TGCA													504	
02 AG. SN. 98. 98SE MP1211	C	C	C	GA		G							AG			A	A	TGCA													419	
03 AB. RU. 97. KAL153_2	C	C	C	GA		G							AG	GC		A	T	T	C												448	
04 CPX. CY. 94. 94CY032_3	C	C	C	GA		G							GGT	GC		A	T	T	C												582	
05 DF. BE. x. V11310	GA												A	GC																		595
06 CPX. AU. 96. BFP09	C	C	C	GA		G							A	GC																		1241
07 BC. CN. 98. 98CN009	C	C	C	GA		G							GCTGA	GGG		A	TC	T													554	
08 BC. CN. 97. 97CNX 6F	C	C	C	GA		G							GCTGAAG	G		A	T	T													414	
09 CPX. GH. 96. 96GH2911	C	C	C	GA		G							A	A	GC		A	T													427	
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061	C	C	C	GA		G							A	GC																		595
11 CPX. CM. 95. 95CM 1816	C	C	C	GA		G							A	GC																		592
12 BF. AR. 99. ARMA159	C	C	C	GA		G							A	GC																		1224
13 CPX. CM. 96. 96CM 1849	C	C	C	GA		G							A	GC																		594
14 BG. ES. 05. X1870	C	C	C	GA		G							A	A	GC																	689
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	C	C	C	GA		G							A	GC																		624
16 A2D. KR. 97. 97KR004	C	C	C	GA		G							AG																			577
17 BF. AR. 99. ARMA038	C	C	C	GA		G							GCTGA			GG	T														533	
18 CPX. CU. 99. CU76	C	C	C	GA		G							A	GC																		442
19 CPX. CU. 99. CU7	C	C	C	GA		G							A	GC																		691
20 BG. CU. 99. CU103	C	C	C	GA		G							A	GC																		421
21 A2D. KE. 99. KER2003	C	C	C	GA		G							AG	GC																		421
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY	C	C	C	GA		G							AG	GC																		421
23 BG. CU. 03. 03B 18	C	C	C	GA		G							AG	GC																		665
24 BG. ES. 08. X2456_2	C	C	C	GA		G							AG	GC																		676
25 CPX. CM. 02. 1918LE	C	C	C	GA		G							AG	GC																		424
26 AU. CD. 02. 02CD MBT047	C	C	C	GA		G							AG	GC																		1227
27 CPX. FR. 04. 04CD FR K25	C	C	C	GA		G							AG	GC																		1210
28 BF. BR. 99. BREPMT2609	C	C	C	GA		G							A	GC																		585
29 BF. BR. 01. BREPMT16704	C	C	C	GA		G							AATAGCAGACAGCAAGCAGCAGCTGGCACAGGA																		620	
31 BC. BR. 04. 04BR142	C	C	C	GA		G							CGT			AGGA		A	T	T											670	
32 06A1. EE. 01. EE0369	C	C	C	GA		G							A																			857
33 01B. ID. 07. JKT189_C	C	C	C	GA		G							AG	A	GC		ACA														526	
34 01B. TH. 99. 01B2478P	C	C	C	GA		G							AG	G	GC																	421
35 AD. AF. 07. 169H	C	C	C	GA		G							AG	G	GC																	425
36 CPX. CM. 00. 00CMNYU830	C	C	C	GA		G							AG	G	GC																	421
37 CPX. CM. 00. 00CMNYU926	C	C	C	GA		G							AG	TGC																		415
38 BF1. UY. 03. UY03 3389	C	C	C	GA		G							A																			630
39 BF. BR. 04. 04BRJ179	C	C	C	GA		G							A	A	GC																	690
40 BF. BR. 05. 05BRJ365	C	C	C	GA		G							G	A	GC																	702
42 BF. LU. 06. 06BF 18_06	C	C	C	GA		G							AG																			761
43 02G. SA. 03. J11223	C	C	C	GA		G							AG																			741
44 BF. CL. 00. CH80	C	C	C	GA		G							AG																			661
45 CPX. FR. 04. 04FR AUK	C	C	C	GA		G							AG	GC																		1208
46 BF. BR. 07. 07BF2 FPS625	C	C	C	GA		G							A	T	A																	657
47 BF. ES. 08. P1942	C	C	C	GA		G							AG																			658
48 01B. MY. 07. 07MYKT021	C	C	C	GA		G							AG																			427
49 CPX. GM. 03. N26677	C	C	C	GA		G							AG	T	GC																	651
50 A1D. GB. 10. 12792	C	C	C	GA		G							AG	T	GC																	632
51 01B. SG. 11. 11SG HM021	C	C	C	GA		G							AG	T	GC																	423
52 01B. MY. 03. 03MYKL018_1	C	C	C	GA		G							AG																			423
53 01B. MY. 11. 11IFIR164	C	C	C	GA		G							AG																			562
54 01B. MY. 09. 09MYSB023	C	C	C	GA		G							AG	GC																		615
55 01B. CN. 10. HNC5102056	C	C	C	GA		G							AGT	GC																		532
56 CPX. FR. 10. URF5 patient A	C	C	C	GA		G							AG	GC																		567
57 BC. CN. 09. 09CNLX199	C	C	C	GA		G							GCTGA	GGG																		618
58 01B. MY. 09. 09MYPR3	C	C	C	GA		G							AG																			567
59 01B. CN. 09. 09LNA423	C	C	C	GA		G							AG																			415
60 BC. IT. 11. BAV499	C	C	C	GA		G							GCTGA	AGGA																		1191
61 BC. CN. 10. J1100010	C	C	C	GA		G							GCTGA	GGG																		655
62 BC. CN. 10. YNFI13	C	C	C	GA		G							GCTGA	GGG																		563
63 02A1. RU. 10. 10RU6637	C	C	C	GA		G							GCTGA	GGG																		763
64 BC. CN. 09. YNFI13	C	C	C	GA		G							GCTGA	GGG																		576
65 CPX. CN. 10. YNFI01	C	C	C	GA		G																										

B. FR. 83. HXB2
Gag

A1.AU.03.PS1044 Day0
A1.CH.03.HIV CH BID V3538
A1.CY.08.CY236
A1.ES.05.X1608_8
A1.KE.11.DEMA11KE001
A1.RU.11.11RU6950
A1.RW.11.DEMA11RW002
A1.SN.01.DDI579
A1.UG.11.DEMA11UG001
A1.ZA.04.04ZASK16281
A2.CM.01.01CM 1445MV
A2.CY.94.94CY017 41

B. BR. 10. 10BR MG029
B. CA. 07. 502 1191 03
B. CH. 08. M2 0803101 NFLG8
B. CN. 10. DEMB10CM002
B. ES. 10. DEMB10ES002
B. FR. 11. DEMB11FR001
B. GB. 05. MM45d213 GN1
B. HK. 06. HK003
B. HT. 05. 05HT 129389
B. JP. 12. DEMB12JP001
B. KR. 07. HP 18 07JHS10_3909
B. PE. 07. 502 0525 wq5
B. RU. 11. 11RU21n
B. TH. 08. MERLBDTRC10
B. US. 11. ES38

C. AR. 01. ARC4006
C. BR. 07. DEMC07BR003
C. BW. 00. 00BW5031_1
C. CN. 10. YNFL19
C. CY. 09. CY260 2
C. ES. 08. X2363 2
C. ET. 02. 02ET 268
C. IN. 09. T125 2139
C. KE. 00. KER2010
C. MW. 09. 703010256 CH256.w96
C. TZ. 08. 707010457 CH457.w8
C. YE. 02. 02YE11
C. ZA. 08. 705010534 CH534.w12
C. ZA. 10. DEMC10ZA001
C. ZM. 11. DEMC11ZM006

D. CM. 10. DEMD10CM009
D. CY. 06. CY163
D. KE. 11. DEMD11KE003
D. KR. 04. 04KR08
D. SN. 09. SE365
D. TZ. 01. A280
D. UG. 10. DEMD10UG004
D. UG. 11. DEMD11UG003
D. YE. 02. 02YE16
D. ZA. 08. R1

F1.A0.06.A0 06 ANG32
F1.AR.02.ARE933
F1.BR.10.10BR RJ015
F1.CY.08.CY222
F1.ES.02.ES X845 4
F1.RO.96.BC1 R07
F1.RU.08.D88 845
F2.CM.02.02CM 0016BBY
F2.CM.10.DEMF210CM001
F2.CM.10.DEMF210CM007

G. BE. 96. DRCLB
G. CM. 10. DEMG10CM008
G. CN. 08. 08X 2084 08
G. CU. 99. Cu74
G. ES. 09. X2634 2
G. GH. 03. 03GH175G
G. KE. 09. DEMG09KE001
G. NG. 09. 09NG SC62
G. ZA. 01. TV546

H. BE. 93. VI991
H. CF. 90. 056
H. GB. 00. 00GBAC4001
J. CM. 04. 04CMU11421
J. SE. 93. SE9280 7887
J. SE. 94. SE9173 7022
K. CD. 97. 97ZR E0TB11
K. CM. 96. 96CM MP535

U. CA. 01. TV749
U. CA. 99. TV721
U. CD. 83. 83CD003 23
U. CD. 90. 90CD121E12
U. CY. 05. CY090
U. CY. 08. CY223
U. ES. 10. DEURF10DZ001
U. GR. 99. 99GR003
U. NL. 95. U_NL_95 HI0986_D1

01 AE.AF.07.569M
01 AE.CF.90.90CF11697
01 AE.CN.10.YNFL03
01 AE.HK.04.HK001
01 AE.IR.10.10IR THR48F
01 AE.JP.x.JRC7AE
01 AE.TH.09.AA090a WG11
01 AE.TH.90.CM240
01 AE.US.05.38V163 FL
01 AE.VN.98.98VND15

TACATCAGGCCATATCACCTAGAACTTTAAATGCATGGGTAAGTAGTAGAGAGAGAGGCTTTTCAGCCGAGAAAGTGATACCCATGTTTTTCAGCATTATCAGAAGGAGCCACCCACAAAGTTTAAACACCATGCTAAACACAGTGGGGGACATCAAGCAGCCATGCA	1386
V H Q A I S P R T L N A W V K V E E K A F S P E V I P M F S A L S E G A T P Q D L N T M L N T V G G H Q A A M Q	
-Y-AAA-T-G	597
-C-AAAT-T	597
-C-AAAT-T	612
-C-AA-T-G	595
-C-AA-T-G	731
-C-T-T-G	916
-T-T-T-G	743
-C-T-T-G	593
-C-AC-C	747
-G-C-T-G	833
-C-T-T-G	585
-T-AT-C	743
-T-T-T	848
-C-T-T	813
-C-T-G	846
-C-T-G	751
-C-T-T	635
-C-T-T	787
-A-T-T	744
-G-T-T	591
-G-T-T	764
-T-T-T	1050
-C-T-T	836
-C-T-T	945
-C-T-T	598
-C-T-T	1309
-C-C-C-G	585
-C-T-G-G	733
-C-T-T	754
-C-T-T	745
-C-T-T	600
-C-T-T	814
-C-T-T	1377
-C-T-T	582
-C-T-T	1378
-C-T-T	1375
-C-T-T	582
-C-T-T	1370
-C-T-T	744
-C-T-T	735
-C-T-T	749
-C-T-T	597
-C-T-T	736
-C-T-T	1345
-C-T-T	1385
-C-T-T	581
-C-T-T	724
-C-T-T	738
-C-T-T	591
-C-T-T	732
-T-T-T	588
-C-T-T	683
-T-T-T	853
-T-T-T	585
-T-T-T	835
-T-T-T	1413
-T-T-T	848
-T-T-T	579
-C-T-T	629
-C-T-T	739
-C-T-T	1350
-C-T-T	770
-C-T-T	614
-C-T-T	999
-C-T-T	860
-C-T-T	1426
-C-T-T	770
-C-T-T	578
-C-T-T	591
-C-T-T	778
-C-T-T	733
-C-T-T	907
-Y-R-C	904
-C-T-T	709
-C-T-T	710
-C-T-T	585
-C-T-T	585
-C-T-T	1394
-C-T-T	1396
-C-T-T	884
-C-T-T	588
-C-T-T	585
-C-T-T	600
-C-T-T	668
-C-T-T	675
-C-T-T	1274
-C-T-T	598
-C-T-T	1341
-C-T-T	773
-C-T-T	763
-C-T-T	1404
-C-T-T	815
-C-T-T	951
-C-T-T	586
-C-T-T	650

B. FR. 83. HXB2

Gag

A1.AU.03.PS1044 Day0
 A1.CH.03.HIV CH BID V3538
 A1.CY.08.CY236
 A1.ES.05.X1568 8
 A1.KE.11.DEMA11KE001
 A1.RU.11.11RU6950
 A1.RW.11.DEMA11RW002
 A1.SN.01.DDI579
 A1.UG.11.DEMA11UG001
 A1.ZA.04.04ZASK162B1
 A2.CM.01.01CM 1445MV
 A2.CY.94.94CY017 41

B. BR. 10. 10BR MG029
 B. CA. 07. 502 1191 03
 B. CH. 08. M2 0803101 NFLG8
 B. CN. 10. DEMB10CM002
 B. ES. 10. DEMB10ES002
 B. FR. 11. DEMB11FR001
 B. GB. 05. MM45d213 GN1
 B. HK. 06. HK003
 B. HT. 05. 05HT 129389
 B. JP. 12. DEMB12JP001
 B. KR. 07. HP 18 07JHS10_3909
 B. PE. 07. 502 0525 wg5
 B. RU. 11. 11RU21n
 B. TH. 08. MERLBDTRC10
 B. US. 11. ES38

C. AR. 01. ARC4006
 C. BR. 07. DEMC07BR003
 C. BW. 00. 00BW5031 1
 C. CN. 10. YNFI19
 C. CY. 09. CY260 2
 C. ES. 08. X2363 2
 C. ET. 02. 02ET 268
 C. IN. 09. T125 2139
 C. KE. 00. KER2010
 C. MW. 09. 703010256 CH256.w96
 C. TZ. 08. 707010457 CH457.w8
 C. YE. 02. 02YE511
 C. ZA. 08. 705010534 CH534.w12
 C. ZA. 10. DEMC10ZA001
 C. ZM. 11. DEMC11ZM006

D. CM. 10. DEMD10CM009
 D. CY. 06. CY163
 D. KE. 11. DEMD11KE003
 D. KR. 04. 04KR08
 D. SN. 90. SE365
 D. TZ. 01. A280
 D. UG. 10. DEMD10UG004
 D. UG. 11. DEMD11UG003
 D. YE. 02. 02YE516
 D. ZA. 90. R1

F1.A0.06.A0 06 ANG32
 F1.AR.02.ARE933
 F1.BR.10.10BR RJ015
 F1.CY.08.CY222
 F1.ES.02.ES X845 4
 F1.RO.96.BC1 R07
 F1.RU.08.D88 845
 F2.CM.02.02CM 0016BBY
 F2.CM.10.DEMF210CM001
 F2.CM.10.DEMF210CM007

G. BE. 96. DRCLB
 G. CM. 10. DEMG10CM008
 G. CN. 08. 08X 2084 08
 G. CU. 99. Cu74
 G. ES. 09. X2634 2
 G. GH. 03. 03GH175G
 G. KE. 09. DEMG09KE001
 G. NG. 09. 09NG SC62
 G. ZA. 01. TV546

H. BE. 93. VI991
 H. CF. 90. 056
 H. GB. 00. 00GBAC4001

J. CM. 04. 04CMU11421
 J. SE. 93. SE9280 7887
 J. SE. 94. SE9173 7022
 K. CD. 97. 97ZR E0TB11
 K. CM. 96. 96CM MP535

U. CA. 01. TV749
 U. CA. 99. TV721
 U. CD. 83. 83CD003 23
 U. CD. 90. 90CD121E12
 U. CY. 05. CY090
 U. CY. 08. CY223
 U. ES. 10. DEURF10DZ001
 U. GR. 99. 99GR003
 U. NL. 95. U. NL 95 H10986_D1

01 AE. AF. 07. 569M
 01 AE. CF. 90. 90CF11697
 01 AE. CN. 10. YNFI03
 01 AE. HK. 04. HK001
 01 AE. IR. 10. 10IR THR48F
 01 AE. JP. X. JRC77AE
 01 AE. TH. 09. AA090a WG11
 01 AE. TH. 90. CM240
 01 AE. US. 05. 306163 FL
 01 AE. VN. 98. 98VNND15

ATGTTAAAGAGACCAATCAATGAGGAAGCTGAGAATGGGATAGAGTGCATCCAGTGCATGCAGGCGCTATTGCCACGCGCAGATGAGAGAACCAAGGGGAAGTGACATAGCAGGAACCTACTAGTACCCCTTCAGGAACAATAGGATGGATGACAAAT...AATCCACC	1553
M L K E T I N E E A A E W D R V H P V H A G P I A P G Q M R E P R G S D I A G T T S T L Q E Q I G W M T N N P P	
-	764
-	764
-	779
-	922
-	898
-	1083
-	910
-	760
-	814
-	1000
-	752
-	910
-	1015
-	980
-	1013
-	925
-	918
-	802
-	954
-	911
-	758
-	931
-	1217
-	1003
-	1112
-	765
-	1476
-	742
-	900
-	921
-	912
-	767
-	981
-	752
-	1544
-	749
-	1545
-	1542
-	749
-	1537
-	911
-	902
-	916
-	764
-	903
-	1512
-	1552
-	748
-	891
-	905
-	758
-	899
-	755
-	850
-	1020
-	752
-	1002
-	1580
-	1015
-	746
-	796
-	906
-	1517
-	937
-	781
-	1166
-	1027
-	1593
-	937
-	745
-	758
-	945
-	900
-	1074
-	1071
-	876
-	877
-	752
-	752
-	1561
-	1563
-	1051
-	755
-	752
-	767
-	815
-	842
-	1441
-	765
-	1508
-	940
-	930
-	1770
-	982
-	1118
-	753
-	817

B. FR. 83. HXB2

Gag

02 AG. CM. 10. DE00210CM013
 02 AG. CY. 09. CY256
 02 AG. ES. 06. P1423
 02 AG. GW. 05. C. 0048
 02 AG. KR. 12. 12MHR9
 02 AG. LR. x. POC44951
 02 AG. NG. 09. 09NG SC61
 02 AG. NG. x. IBNG
 02 AG. SE. 94. SE7812
 02 AG. SN. 98. 98SE MP1211
 03 AB. RU. 97. KAL153_2
 04 CPX. CY. 94. 94CY032_3
 05 DF. BE. x. V11310
 06 CPX. AU. 96. BFP09
 07 BC. CN. 98. 98CN009
 08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F
 09 CPX. GH. 96. 96GHH2911
 10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061
 11 CPX. CM. 95. 95CM 1816
 12 BF. AR. 99. ARMA159
 13 CPX. CM. 96. 96CM 1849
 14 BG. ES. 05. X1870
 15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
 16 A2D. KR. 97. 97KR004
 17 BF. AR. 99. ARMA038
 18 CPX. CU. 99. CU176
 19 CPX. CU. 99. CU17
 20 BG. CU. 99. CU103
 21 A2D. KE. 99. KER2003
 22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY
 23 BG. CU. 03. 0318
 24 BG. ES. 08. X2456_2
 25 CPX. CM. 02. 1918E
 26 AU. CD. 02. 02CD MBT047
 27 CPX. FR. 04. 04CD FR K25
 28 BF. BR. 99. BREPM12609
 29 BF. BR. 01. BREPM16704
 31 BC. BR. 04. 04BR142
 32 06A1. EE. 01. EE0369
 33 01B. ID. 07. JKT189_C
 34 01B. TH. 99. 01BTH2478P
 35 AD. AF. 07. 169H
 36 CPX. CM. 00. 00CMNYU830
 37 CPX. CM. 00. 00CMNYU926
 38 BF1. UY. 03. UY03 3389
 39 BF. BR. 04. 04BRJ179
 40 BF. BR. 05. 05BRJ305
 42 BF. LU. 06. 1UBF 18_06
 43 02G. SA. 03. J11223
 44 BF. CL. 00. CH80
 45 CPX. FR. 04. 04FR AUK
 46 BF. BR. 07. 07BR FPS625
 47 BF. ES. 08. P1942
 48 01B. MY. 07. 07MYKT021
 49 CPX. GM. 03. N26677
 50 A1D. GB. 10. 12792
 51 01B. SG. 11. 11SG HM021
 52 01B. MY. 03. 03MYKL018_1
 53 01B. MY. 11. 11IFIR164
 54 01B. MY. 09. 09MYSB023
 55 01B. CN. 10. HNC5102056
 56 CPX. FR. 10. URF5 patient A
 57 BC. CN. 09. 09YMLX1959
 58 01B. MY. 09. 09MYPR3
 59 01B. CN. 09. 09LNA423
 60 BC. IT. 11. BAV499
 61 BC. CN. 10. J1100910
 62 BC. CN. 10. YNFI13
 63 02A1. RU. 10. 10RU6637
 64 BC. CN. 09. YNFI31
 65 CPX. CN. 10. YNFI01
 67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
 68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
 70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
 71 BF1. BR. 10. 10BR PE008
 72 BF1. BR. 10. 10BR MG002
 0. BE. 87. ANT70
 0. CM. 98. 98CMA104
 0. CM. 98. 98CMA8B11
 0. CM. 98. 98CMA8B212
 0. CM. 98. 98CMU5337
 0. CM. 99. 99CMU4122
 0. FR. 92. VAU
 0. GA. 11. 11GAB6352
 0. SN. 99. 99S95 MP1299
 0. US. 10. L1NP
 N. CM. 02. DJ00131
 N. CM. 02. SJGddd
 N. CM. 04. 04CM 1015_04
 N. CM. 06. U14296
 N. CM. 06. U14842
 N. FR. 11. N1 FR 2011
 P. CM. 06. U14788
 P. FR. 09. RBF168
 CPZ. CD. 06. BF1167
 CPZ. CM. 05. SIVcpzMT145
 CPZ. GA. 88. GAB1
 CPZ. TZ. 96. SIVcpzTAN13
 CPZ. US. 85. US Marilyn
 GOR. CM. 07. SIVgor2139_287
 GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con

ATGTTAAAGAGACCACTCAATGAGGAAGCTGAGAATGGGATAGAGTGCATCCAGTGCATGCAGGCGCTATTGCCACAGGCAGATGAGAGAACCAAGGGAAGTGACATAGCAGGAACACTAGTACCCCTTCAGGAACAAATAGGATGGATGACAAAT...AATCCACC 1553

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

Gag

02 AG. CM. 10. DE00210CM013
 02 AG. CY. 09. CY256
 02 AG. ES. 06. P1423
 02 AG. GW. 05. C. 0048
 02 AG. KR. 12. 12MHR9
 02 AG. LR. x. POC44951
 02 AG. NG. 09. 09NG SC61
 02 AG. NG. x. IBNG
 02 AG. SE. 94. SE7812
 02 AG. SN. 98. 98SE MP1211
 03 AB. RU. 97. KAL153_2
 04 CPX. CY. 94. 94CY032_3
 05 DF. BE. x. V11310
 06 CPX. AU. 96. BFP09
 07 BC. CN. 98. 98CN009
 08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F
 09 CPX. GH. 96. 96GHH2911
 10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061
 11 CPX. CM. 95. 95CM 1816
 12 BF. AR. 99. ARMA159
 13 CPX. CM. 96. 96CM 1849
 14 BG. ES. 05. X1870
 15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
 16 A2D. KR. 97. 97KR004
 17 BF. AR. 99. ARMA038
 18 CPX. CU. 99. CU176
 19 CPX. CU. 99. CU17
 20 BG. CU. 99. CU103
 21 A2D. KE. 99. KER2003
 22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY
 23 BG. CU. 03. 0318
 24 BG. ES. 08. X2456_2
 25 CPX. CM. 02. 1918E
 26 AU. CD. 02. 02CD MBT047
 27 CPX. FR. 04. 04CD FR K25
 28 BF. BR. 99. BREPM12609
 29 BF. BR. 01. BREPM16704
 31 BC. BR. 04. 04BR142
 32 06A1. EE. 01. EE0369
 33 01B. ID. 07. JKT189_C
 34 01B. TH. 99. 01BTH2478P
 35 AD. AF. 07. 169H
 36 CPX. CM. 00. 00CMNYU830
 37 CPX. CM. 00. 00CMNYU926
 38 BF1. UY. 03. UY03 3389
 39 BF. BR. 04. 04BRJ179
 40 BF. BR. 05. 05BRJ305
 42 BF. LU. 06. 1UBF 18_06
 43 02G. SA. 03. J11223
 44 BF. CL. 00. CH80
 45 CPX. FR. 04. 04FR AUK
 46 BF. BR. 07. 07BR FPS625
 47 BF. ES. 08. P1942
 48 01B. MY. 07. 07MYKT021
 49 CPX. GM. 03. N26677
 50 A1D. GB. 10. 12792
 51 01B. SG. 11. 11SG HM021
 52 01B. MY. 03. 03MYKL018_1
 53 01B. MY. 11. 11IFIR164
 54 01B. MY. 09. 09MYSB023
 55 01B. CN. 10. HNC5102056
 56 CPX. FR. 10. URF5 patient A
 57 BC. CN. 09. 09YMLX1959
 58 01B. MY. 09. 09MYPR3
 59 01B. CN. 09. 09LNA423
 60 BC. IT. 11. BAV499
 61 BC. CN. 10. J1100910
 62 BC. CN. 10. YNFI13
 63 02A1. RU. 10. 10RU6637
 64 BC. CN. 09. YNFI31
 65 CPX. CN. 10. YNFI01
 67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
 68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
 70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
 71 BF1. BR. 10. 10BR PE008
 72 BF1. BR. 10. 10BR MG002
 0. BE. 87. ANT70
 0. CM. 98. 98CMA104
 0. CM. 98. 98CMA8B11
 0. CM. 98. 98CMA8B212
 0. CM. 98. 98CMU5337
 0. CM. 99. 99CMU4122
 0. FR. 92. VAU
 0. GA. 11. 11GAB6352
 0. SN. 99. 99S95 MP1299
 0. US. 10. L1NP
 N. CM. 02. DJ00131
 N. CM. 02. SJGddd
 N. CM. 04. 04CM 1015_04
 N. CM. 06. U14296
 N. CM. 06. U14842
 N. FR. 11. N1 FR 2011
 P. CM. 06. U14788
 P. FR. 09. RBF168
 CPZ. CD. 06. BF1167
 CPZ. CM. 05. SIVcpzMT145
 CPZ. GA. 88. GAB1
 CPZ. TZ. 96. SIVcpzTAN13
 CPZ. US. 85. US Marilyn
 GOR. CM. 07. SIVgor2139_287
 GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con

B.FR.83.HXB2

Gag

A1.AU.03.PS1044 Day0
 A1.CH.03.HIV_CH_BID_V3538
 A1.CY.08.CY236
 A1.ES.05.X1608_8
 A1.KE.11.DEMA11KE001
 A1.RU.11.11RU6950
 A1.RW.11.DEMA11RW002
 A1.SN.01.DDI579
 A1.UG.11.DEMA11UG001
 A1.ZA.04.04ZASK16281
 A2.CM.01.01CM_1445MV
 A2.CY.94.94CY017_41
 B.BR.10.10BR_MG029
 B.CA.07.502_1191_03
 B.CH.08.M2_0803101_NFLG8
 B.CN.10.DEMB10CM002
 B.ES.10.DEMB10ES002
 B.FR.11.DEMB11FR001
 B.GB.05.MM45d213_GN1
 B.HK.06.HK003
 B.HT.05.05HT_129389
 B.JP.12.DEMB12JP001
 B.KR.07.HP_18_07JHS10_3909
 B.PE.07.502_0525_wg5
 B.RU.11.11RU21n
 B.TH.08.MERLBDTRC10
 B.US.11.ES38
 C.AR.01.ARG4006
 C.BR.07.DEMB07BR003
 C.BW.00.00BW5031_1
 C.CN.10.YNFL19
 C.CY.09.CY260_2
 C.ES.08.X2363_2
 C.ET.02.02ET_268
 C.IN.09.T125_2139
 C.KE.00.KER2010
 C.MW.09.703010256_CH256.w96
 C.TZ.08.707010457_CH457.w8
 C.YE.02.02YE516
 C.ZA.08.705010534_CH534.w12
 C.ZA.10.DEMC10ZA001
 C.ZM.11.DEMC11ZM006
 D.CM.10.DEMD10CM009
 D.CY.06.CY163
 D.KE.11.DEMD11KE003
 D.KR.04.04KR08
 D.SN.90.SE365
 D.TZ.01.A280
 D.UG.10.DEMD10UG004
 D.UG.11.DEMD11UG003
 D.YE.02.02YE516
 D.ZA.90.R1
 F1.A0.06.A0_06 ANG32
 F1.AR.02.ARE933
 F1.BR.10.10BR_RJ015
 F1.CY.08.CY222
 F1.ES.02.ES_X845_4
 F1.RO.96.06R07
 F1.RU.08.D88_845
 F2.CM.02.02CM_0016BBY
 F2.CM.10.DEMF210CM001
 F2.CM.10.DEMF210CM007
 G.BE.96.DRCBL
 G.CM.10.DEMG10CM008
 G.CN.08.08X_2084_08
 G.CU.99.Cu74
 G.ES.09.X2634_2
 G.GH.03.03GH175G
 G.KE.09.DEMG09KE001
 G.NG.09.09NG_SC62
 G.ZA.01.TV546
 H.BE.93.VI991
 H.CF.90.056
 H.GB.00.00GBAC4001
 J.CM.04.04CMU11421
 J.SE.93.SE9280_7887
 J.SE.94.SE9173_7022
 K.CD.97.97ZR_E0TB11
 K.CM.96.96CM_MP535
 U.CA.01.TV749
 U.CA.99.TV721
 U.CD.83.83CD003_23
 U.CD.90.90CD121E12
 U.CY.05.CY090
 U.CY.08.CY223
 U.ES.10.DEURF10DZ001
 U.GR.99.99GR003
 U.NL.95.U_NL_95_H10986_D1
 01.AE.AF.07.569M
 01.AE.CF.90.90CF11697
 01.AE.CN.10.YNFL03
 01.AE.HK.04.HK001
 01.AE.IR.10.01IR_THR48F
 01.AE.JP.X_JRC77AE
 01.AE.TH.09.AA090a_WG11
 01.AE.TH.90.CM240
 01.AE.US.05.306163_FL
 01.AE.VN.98.98VNND15

TATC.....CCAGTAGGAGAAATTTATAAAAGATGGATAATCTGGGATTAAATAAAATAGTAAGAATGTATAGCCCTACCAAGCATTCTGGACATAAGACAAGACCAAGGAACCCCTTTAGAGACTATGTAGACCGGTTCTATAAACTCTAAGAGCCGAGCAAG 1714
 I.....P V G E I Y K R W I I L G L N K I V R M Y S P T S I L D I R Q G P K E P F R D Y V D R F Y K T L R A E Q
G.....C.....C.....G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....T.....C.....TA.....T.....G.....T.....A.....925
G.....C.....C.....G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....T.....C.....TA.....T.....GGT.....C.....T.....A.....925
 -G.....C.....C.....C.....G.....GTT.....T.....A.....T.....A.....G.....A.....T.....C.....TA.....T.....TG.....C.....T.....A.....940
G.....C.....C.....T.....GTT.....T.....T.....A.....G.....A.....C.....C.....TA.....A.....T.....G.....C.....T.....A.....1059
G.....C.....C.....T.....GTT.....T.....T.....A.....G.....A.....C.....C.....TA.....T.....T.....C.....T.....A.....1059
G.....C.....C.....T.....GTT.....T.....T.....A.....G.....A.....C.....C.....TA.....T.....T.....C.....T.....A.....1071
 -G.....G.....C.....G.....GTT.....T.....G.....G.....G.....A.....C.....C.....TA.....A.....T.....TG.....C.....G.....T.....A.....921
G.....C.....C.....GTT.....T.....G.....G.....G.....A.....C.....C.....TA.....A.....T.....G.....C.....T.....A.....1075
 -G.....G.....C.....GTT.....T.....G.....G.....G.....A.....C.....C.....TA.....T.....T.....G.....C.....T.....G.....1061
G.....C.....C.....GTT.....T.....G.....G.....G.....A.....C.....C.....TA.....T.....T.....G.....C.....T.....A.....913
G.....C.....C.....GTT.....T.....G.....G.....G.....A.....C.....C.....TA.....T.....T.....G.....C.....T.....A.....1071
C.....A.....C.....GTT.....T.....C.....A.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1176
GTT.....T.....G.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1141
GTT.....T.....G.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1174
GTT.....T.....G.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1086
GTT.....T.....G.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1079
GTT.....T.....G.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....963
GTT.....T.....G.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1115
GTT.....T.....G.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1072
GTT.....T.....G.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....949
GTT.....T.....G.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1092
GTT.....T.....G.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1378
GTT.....T.....G.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1164
GTT.....T.....G.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1273
GTT.....T.....G.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....926
GTT.....T.....G.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1037
 -G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....913
 -T.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1061
 -T.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1082
 -G-G.....G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1073
 -G-T.....G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....928
 -G-T.....G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1142
 -G-T.....G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....913
 CG-T.....G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1705
 -G-T.....G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....910
 -G-T.....G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1706
 -G-T.....G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1703
 CG-T.....G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....940
 -G-T.....G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1698
 -G-T.....G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1072
 -G-T.....G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1063
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1077
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....925
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1064
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1073
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1713
 -G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....909
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1052
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1066
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....919
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1060
 -G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....916
 -G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1011
 -G-T.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1181
 -G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....913
 -G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1163
 -G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1176
 -G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....907
 -G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....957
 -G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1067
 -G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1678
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1098
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....942
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1327
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1188
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1754
 -G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1098
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....906
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....919
 A-T.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1106
 -R.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1061
 -R.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1235
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1232
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1037
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1038
 -G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....913
 -G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....913
 -G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1722
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1724
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1212
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....916
 -G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....913
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....928
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....966
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....997
 -G.....GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1602
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....926
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1669
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1101
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1091
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....931
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1732
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1143
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....1279
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....914
GTT.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....A.....978

B.FR.83.HXB2

02 AG.CM.10.DEO0210CM013
02 AG.SY.09.CY256
02 AG.ES.06.PI423
02 AG.GM.05.CU.008
02 AG.09.09.12.17089
02 AG.LR.X.P0C44951
02 AG.NG.09.09NG 5C61
02 AG.NG.X.IBNG
02 AG.SE.94.SE7812
02 AG.09.98.09855.MP1211
03 AB.RU.97.KAL153 2
04 cpx.CY.94.CY4032 3
05 DF.BE.X.VI1130
06 cpx.CY.06.BFP90
07 AG.09.98.09855.MP1211
08 BC.CN.97.97CNGX 6F
09 cpx.GH.96.96GH2191
10 CD.TZ.96.96TZ BF061
11 cpx.CN.95.95CN 1816
12 BF.AE.95.95AE1759
13 AG.09.96.96CNG 1849
14 BG.ES.05.X1870
15 TH.99.99TH MU2079
16 AZD.KR.97.97KR094
17 BF.AE.99.ARM4038
18 cpx.CU.97.97C118
19 cpx.CU.99.CU17
20 BG.CU.99.CU103
21 AZD.KE.99.KER2003
22 01AI.CM.93.91CM 0001BBY
23 AG.03.CB.118
24 BG.ES.08.X2456 2
25 cpx.CM.02.1918LE
26 AU.CD.02.02CD MBT8047
27 cpx.FR.04.04CD FR KZ5
28 AG.09.98.09855.MP1211
29 BF.BR.01.BREP116704
31 BC.BR.04.04BR142
32 06AI.EE.01.EE0369
33 IB.DI.07.JKT189 C
34 BG.TH.99.99TH Z478P
35 AD.07.180
36 cpx.CM.00.00CMNYU926
37 cpx.CM.00.00CMNYU926
38 BF1.UY.03.UY03 3389
39 BF.BR.04.04BR1719
40 BF.09.05BRK1055
42 BF.LU.06.LU06 18
43 BG.SA.03.J11223
44 02.CM.00.CH80
45 cpx.FR.04.04FR AUK
46 BF.ES.08.FPS625
47 BF.ES.08.P1942
48 01B.MY.07.07MYKT021
49 cpx.GM.03.N26677
50 AID.GB.10.1292
51 01B.MY.07.07MY HM021
52 01B.MY.03.03MYK1081 1
53 01B.MY.11.11FR1864
54 01B.MY.09.09MYSR023
55 01B.CN.10.HNCS102056
57 cpx.FR.08.08FR patient
58 01B.09.99YNU1950
59 01B.MY.09.09MYPR37
60 BC.IT.11.BAV499
61 01B.CN.10.10CN010
62 01B.CN.10.YN1507
63 02AI.RU.10.10RU6637
64 BC.CN.09.YN131
65 cpx.CN.11.YN101
66 01B.CN.11.ANHU1
67 01B.CN.11.ANUT1 WH73
70 BF1.BR.10.10BR PE004
72 BF1.BR.10.10BR PE008
0.BE.87.AN770
0.CM.98.CMA104
0.CM.98.98CMA8114
0.CM.98.98CMA8212
0.CM.98.98CMU5337
0.CM.99.99CMU4122
0.FR.92.100
0.SN.99.116ab352
0.SN.99.99SE MP1299
0.05.10.LTNP
N.CM.02.DJ00131
N.CM.02.SJ6dd
N.CM.04.04CM 1015_04
N.CM.04.04CM 1015_04
N.CM.06.144842
N.FR.11.N1 FR 2011
P.CM.06.014788
P.FR.09.RBF168
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.CM.05.S1VcpzMT45
CPZ.GA.08.GAB1
CPZ.CM.05.S1VcpzTAN13
CPZ.US.85.US Marilyn
GOR.CM.07.SVIGor2139 287
GOR.CM.07.SVIGorCP2135con

TATC.....	CCAGTAGGAGAAATTTATAAAAGATGGATATCTCTGGGATTAAATAAAATAGTAAGAAATGTATAGCCCTACAGCAATTCGGACATAAGACAAGGACCAAAGGAACCCCTT	AGAGACTATGTAGACCGGTTCTATATAAACTCTTAAGAGCCGACGAAG	1714
I	PVSGEIKRWILGLNLNKIVRMYSPTSLIDLRQGPKEPFRDYVDRLFYKTLRLAEQ		
G	G	G	1087
C	G	G	916
	G	G	1158
	G	G	1076
	G	G	1367
	G	G	1715
	G	G	912
	G	G	1245
	G	G	1092
	G	G	917
	G	G	1080
G	G	G	1093
G	G	G	1739
G	G	G	1052
G	G	G	925
G	G	G	1093
G	G	G	1090
G	G	G	1722
G	G	G	1092
G	G	G	1187
G	G	G	1122
G	G	G	1075
G	G	G	931
G	G	G	1031
G	G	G	940
G	G	G	1189
G	G	G	919
G	G	G	1163
G	G	G	1174
G	G	G	972
G	G	G	1725
G	G	G	1083
G	G	G	1118
G	G	G	1168
G	G	G	1024
G	G	G	919
G	G	G	923
G	G	G	922
G	G	G	1128
G	G	G	1188
G	G	G	1200
G	G	G	1259
G	G	G	1159
G	G	G	1706
G	G	G	1155
G	G	G	1156
G	G	G	925
G	G	G	1149
G	G	G	1128
G	G	G	921
G	G	G	1031
G	G	G	1113
G	G	G	1030
G	G	G	1065
G	G	G	916
G	G	G	1065
G	G	G	913
G	G	G	1689
G	G	G	1153
G	G	G	1061
G	G	G	1261
G	G	G	1074
G	G	G	1103
G	G	G	1069
G	G	G	1060
G	G	G	1170
G	G	G	1384
G	G	G	1762
G	G	G	1194
G	G	G	1193
G	G	G	1198
G	G	G	1195
G	G	G	1193
G	G	G	1271
G	G	G	919
G	G	G	1764
G	G	G	1683
G	G	G	1199
G	G	G	1192
G	G	G	1192
G	G	G	1190
G	G	G	1191
G	G	G	1088
G	G	G	1179
G	G	G	1746
G	G	G	1795
G	G	G	1253
G	G	G	1775
G	G	G	1271
G	G	G	1762
G	G	G	1251
G	G	G	1250

Gag p24 Capsid end_Gag p2 start

		CTTCACAGGAGTAAAAATTTGGATGACAGAAACCTTTGGTCCAAAAATGCCAACCAGATTGTAAGCATTTTAAAAAGCATTTGGGACAGCGGCTACACTAGAAGAAATGATGACAGCATGTGAGGAGTAGGAGGACCCGGCCATAAGGCAAGAGTTTGGCTGAA		1884
B. FR. 83. HXB2		A S Q E V K N W M T E T L L V Q N A N P D C K T I L K A L G P A A T L E E M M T A C C Q G V G G P G H K A R V L A E		
Gag				
A1.AU.03.PS1044 Day0		-A-	-A-	1095
A1.CH.03.HIV CH BID V358		-A-	-A-	1095
A1.CY.08.CY236		-A-	-A-	1110
A1.E5.05.X1608 8		-A-	-A-	1323
A1.KE.11.DEMA11KE001		-A-	-A-	1229
A1.RU.11.11RU6950		-A-	-A-	1414
A1.RW.11.DEMA11RW002		-A-	-A-	1241
A1.SN.01.DDI579		-A-	-A-	1091
A1.UG.11.DEMA11UG001		-A-	-A-	1245
A1.ZA.04.04ZASK162B1		-A-	-A-	1331
A2.CM.01.01CM 1445MV		-A-	-A-	1083
A2.CY.94.94CY017 41		-A-	-A-	1241
B.BR.10.10BR MG029		-A-	-A-	1346
B.CA.07.502 1191 03		-A-	-A-	1311
B.CH.08.M2 0803101 NFLG8		-A-	-A-	1344
B.CN.10.DEMB10CM002		-A-	-A-	1256
B.ES.10.DEMB10ES002		-A-	-A-	1249
B.FR.11.DEMB11FR001		-A-	-A-	1133
B.GB.05.MM45d213 GN1		-A-	-A-	1285
B.HK.06.HK003		-A-	-A-	1242
B.HT.05.05HT 129389		-A-	-A-	1089
B.JP.12.DEMB12JP001		-A-	-A-	1262
B.KR.07.HP 18 07JHS10_3909		-A-	-A-	1548
B.PE.07.502 0525 wq5		-A-	-A-	1334
B.RU.11.11RU21n		-A-	-A-	1443
B.TH.08.MERLBDTRC10		-A-	-A-	1096
B.US.11.E538		-A-	-A-	1807
C.AR.01.ARC4006		-A-	-A-	1083
C.BR.07.DEMB07BR003		-A-	-A-	1231
C.BW.00.00BW5031_1		-A-	-A-	1252
C.CN.10.YNFL19		-A-	-A-	1243
C.CY.09.CY260 2		-A-	-A-	1098
C.ES.08.X2363 2		-A-	-A-	1312
C.FT.02.02FT 268		-A-	-A-	1083
C.IN.09.T125 2139		-A-	-A-	1875
C.KE.00.KER2010		-A-	-A-	1080
C.MW.09.703010256 CH256.w96		-A-	-A-	1876
C.TZ.08.707010457 CH457.w8		-A-	-A-	1873
C.YE.02.02YE511		-A-	-A-	1840
C.ZA.08.705010534 CH534.w12		-A-	-A-	1868
C.ZA.10.DEMB10ZA001		-A-	-A-	1242
C.ZM.11.DEMB11ZM006		-A-	-A-	1233
D.CM.10.DEMB10CM009		-A-	-A-	1247
D.CY.06.CY163		-A-	-A-	1095
D.KE.11.DEMB11KE003		-A-	-A-	1254
D.KR.04.04KR08		-A-	-A-	1843
D.SN.90.SE365		-A-	-A-	1883
D.TZ.01.A280		-A-	-A-	1079
D.UG.10.DEMB10UG004		-A-	-A-	1222
D.UG.11.DEMB11UG003		-A-	-A-	1233
D.YE.02.02YE516		-A-	-A-	1089
D.ZA.90.R1		-A-	-A-	1230
F1.A0.06.A0 06 ANG32		-A-	-A-	1086
F1.AR.02.ARE933		-A-	-A-	1181
F1.BR.10.10BR RJ015		-A-	-A-	1351
F1.CY.08.CY222		-A-	-A-	1083
F1.ES.02.ES X845 4		-A-	-A-	1333
F1.FR.96.96FR R07		-A-	-A-	1811
F1.RU.08.D88 845		-A-	-A-	1346
F2.CM.02.02CM 0016BBY		-A-	-A-	1077
F2.CM.10.DEMB210CM001		-A-	-A-	1127
F2.CM.10.DEMB210CM007		-A-	-A-	1237
G.BE.96.DRCLB		-A-	-A-	1848
G.CM.10.DEMB10CM008		-A-	-A-	1268
G.CN.08.08X 2084 08		-A-	-A-	1112
G.CU.99.Cu74		-A-	-A-	1497
G.ES.09.X2634 2		-A-	-A-	1358
G.GH.03.03GH175G		-A-	-A-	1924
G.KE.09.DEMB09KE001		-A-	-A-	1268
G.NG.09.09NG SC62		-A-	-A-	1076
G.ZA.01.TV546		-A-	-A-	1089
H.BE.93.VI991		-A-	-A-	1276
H.CF.90.056		-A-	-A-	1231
H.GB.00.00GBAC4001		-A-	-A-	1405
J.CM.04.04CMU11421		-A-	-A-	1402
J.SE.93.SE9280 7887		-A-	-A-	1207
J.SE.94.SE9173 7022		-A-	-A-	1208
K.CD.97.97ZR E0TB11		-A-	-A-	1083
K.CM.96.96CM MP535		-A-	-A-	1083
U.CA.01.TV749		-A-	-A-	1892
U.CA.99.TV721		-A-	-A-	1894
U.CD.83.83CD003 23		-A-	-A-	1382
U.CD.90.90CD121E12		-A-	-A-	1086
U.CY.05.CY090		-A-	-A-	1083
U.CY.08.CY223		-A-	-A-	1098
U.ES.10.DEURF10DZ001		-A-	-A-	1166
U.GR.99.99GR083		-A-	-A-	1167
U.NL.95.U.NL 95 H10986_D1		-A-	-A-	1772
01.AE.AF.07.569M		-A-	-A-	1096
01.AE.CF.90.90CF11697		-A-	-A-	1839
01.AE.CN.10.YNFL03		-A-	-A-	1271
01.AE.HK.04.HK001		-A-	-A-	1261
01.AE.IR.10.10IR THR48F		-A-	-A-	1191
01.AE.JP.X.JRC77AE		-A-	-A-	1902
01.AE.TH.09.AA090a WG11		-A-	-A-	1313
01.AE.TH.90.CM240		-A-	-A-	1449
01.AE.US.05.306163 FL		-A-	-A-	1084
01.AE.VN.98.98VNND15		-A-	-A-	1148

B. FR. 83. HXB2

Gag

02 AG. CM. 10. DE00210CM013
 02 AG. CY. 09. CY256
 02 AG. ES. 06. P1423
 02 AG. GW. 05. CC 0048
 02 AG. KR. 12. 12MHR9
 02 AG. LR. x. POC44951
 02 AG. NG. 09. 09NG SC61
 02 AG. NG. x. IBNG
 02 AG. SE. 94. SE7812
 02 AG. SN. 98. 98SE MP1211
 03 AB. RU. 97. KAL153_2
 04 cpx. CY. 94. 94CY032_3
 05 DF. BE. x. V11310
 06 cpx. AU. 96. BF090
 07 BC. CN. 98. 98CN009
 08 BC. CN. 97. 97CNX 6F
 09 cpx. GH. 96. 96GH2911
 10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061
 11 cpx. CM. 95. 95CM 1816
 12 BF. AR. 99. ARMA159
 13 cpx. CM. 96. 96CM 1849
 14 BG. ES. 05. X1870
 15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
 16 A2D. KR. 97. 97KR004
 17 BF. AR. 99. ARMA038
 18 cpx. CU. 99. CU176
 19 cpx. CU. 99. CU7
 20 BG. CU. 99. CU103
 21 A2D. KE. 99. KER2003
 22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY
 23 BG. CU. 03. 03B18
 24 BG. ES. 08. X2456_2
 25 cpx. CM. 02. 1918E
 26 AU. CD. 02. 02CD MBT047
 27 cpx. FR. 04. 04CD FR KZ5
 28 BF. BR. 99. BREPM12609
 29 BF. BR. 01. BREPM16704
 31 BC. BR. 04. 04BR142
 32 06A1. EE. 01. EE0369
 33 01B. ID. 07. JKT189_C
 34 01B. TH. 99. 01BTH247P
 35 AD. AF. 07. 169H
 36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
 37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926
 38 BF1. UY. 03. UY03 3389
 39 BF. BR. 04. 04BRJ179
 40 BF. BR. 05. 05BRJ305
 42 BF. LU. 06. 06BF 18_06
 43 02G. SA. 03. J11223
 44 BF. CL. 00. CH80
 45 cpx. FR. 04. 04FR AUK
 46 BF. BR. 07. 07BF1 FPS625
 47 BF. ES. 08. P1042
 48 01B. MY. 07. 07MYKT021
 49 cpx. GM. 03. N26677
 50 A1D. GB. 10. 12792
 51 01B. SG. 11. 11SG HM021
 52 01B. MY. 03. 03MYKL018_1
 53 01B. MY. 11. 11FIR164
 54 01B. MY. 09. 09MYS0203
 55 01B. CN. 10. HNC5102056
 56 cpx. FR. 10. URF5 patient A
 57 BC. CN. 09. 09YNU1959
 58 01B. MY. 09. 09MYPR3
 59 01B. CN. 09. 09LNA423
 60 BC. IT. 11. BAV499
 61 BC. CN. 10. J1100010
 62 BC. CN. 10. YNFI13
 63 02A1. RU. 10. 10RU6637
 64 BC. CN. 09. YNFI131
 65 cpx. CN. 10. YNFI101
 67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
 68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
 70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
 71 BF1. BR. 10. 10BR PE008
 72 BF1. BR. 10. 10BR MG002
 0. BE. 87. ANT70
 0. CM. 98. 98CMA104
 0. CM. 98. 98CMA0811
 0. CM. 98. 98CMA0212
 0. CM. 98. 98CMU5337
 0. CM. 99. 99CMU4122
 0. FR. 92. VAU
 0. GA. 11. 11GAB6352
 0. SN. 99. 99SE MP1299
 0. US. 10. LTNP
 N. CM. 02. DJ00131
 N. CM. 02. SJGddd
 N. CM. 04. 04CM 1015_04
 N. CM. 06. U14296
 N. CM. 06. U14842
 N. FR. 11. N1 FR 2011
 P. CM. 06. U14788
 P. FR. 09. RBF168
 CPZ. CD. 06. BF1167
 CPZ. CM. 05. SIVcpzMT145
 CPZ. GA. 88. GAB1
 CPZ. TZ. 06. SIVcpzTAN13
 CPZ. US. 85. US Marilyn
 GOR. CM. 07. SIVgor2139_287
 GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con

CTTCACAGGAGTAAAAATGGATGACAGAAACCTTTGGTCCAAAATGCCAACCAGATTGTAAGCATTTTAAAGCATTGGGACACCGGTACACTAGAAGAAATGATGACAGCATGTTCAGGAGTAGGAGACCCGCCATAAGGCAAGAGTTTGGGTGAA 1884
 A S Q E V K N W M T E T L L V Q N A N P D C K T I L K A L G P A A T L E E M M T A C Q G V G G P G H K A R V L A E
 -A- - - - - C - - - - - T - C - - - - G - A - G - - - - C - A - G - - - - G 1257
 -A-G - - - - - C - - - - - C - - - - - T - C - - - - G - A - G - - - - T - - - - - G 1086
 -A- A - - - - - C - - - - - A - T - C - - - - G - A - A - GR - CW - - - - - C - A - G - - - - G 1328
 -A- - - - - C - - - - - A - - - - - C - - - - - G - G - - - - T - G - - - - - A - G - - - - G 1246
 -A- - - - - C - - - - - AC - TC - - - - - T - T - C - - - - G - G - - - - T - G - - - - - G 1537
 -A-G - - - - - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - A - T - G - - - - T - - - - - G 1885
 -A-G - - - - - C - - - - - C - C - - - - T - C - - - - AC - G - - - - A - G - - - - T - - - - - G 1082
 -A-G - - - - - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - C - - - - G - A - G - - - - T - - - - - G 1415
 -A- - - - - T - - - - - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - G - A - G - - - - T - - - - - G 1262
 -A-G - - - - - T - - - - - C - - - - - T - C - - - - G - A - G - - - - T - - - - - T - - - - - G 1087
 -A- - - - - T - G - C - - - - - C - C - - - - A - T - C - - - - G - A - T - G - - - - T - - - - - C - G 1116
 -A-C - - - - - G - - - - - C - C - - - - A - T - C - - - - T - C - - - - G - A - G - - - - T - - - - - G 1250
 -A- A - - - - - C - - - - - A - - - - - A - C - - - - A - A - CA - - - - - T - - - - - G - G - G - A - A - - - - G 1263
 -A- A - - - - - C - - - - - C - - - - - C - - - - - G - A - G - - - - GA - - - - - T - CA - - - - - G 1905
 -A- A - T - - - - - C - - - - - A - - - - - C - - - - - G - A - G - - - - T - G - T - T - - - - - G 1082
 -A- T - - - - - A - - - - - C - - - - - C - - - - - G - A - G - - - - T - - - - - G - - - - - Y - - - - - G 1095
 -G - T - - - - - C - A - - - - - C - - - - - A - - - - - AT - - - - - G - A - A - GA - - - - - T - - - - - G 1263
 -A- A - - - - - G - - - - - C - - - - - G - C - - - - G - A - A - GA - - - - - T - - - - - G 1260
 -A- A - - - - - C - - - - - C - - - - - T - - - - - C - - - - - G - A - G - - - - T - - - - - G 1892
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - C - - - - - G - A - G - - - - GA - - - - - T - - - - - G 1262
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1357
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1292
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1245
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1101
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 201
 -A- T - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1110
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1359
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1089
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1089
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1323
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1344
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1092
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1895
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1878
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1263
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1288
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1338
 -A- C - T - - - - - G - C - - - - - C - - - - - A - T - - - - A - C - - - - G - A - - - - T - - - - - G 1525
 -A- C - T - - - - - G - C - - - - - C - - - - - A - T - - - - A - C - - - - G - A - - - - T - - - - - G 1194
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1089
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1093
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1092
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1083
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1298
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1358
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1370
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1429
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1409
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1329
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1876
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1325
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1095
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1319
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1298
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1091
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 201
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1230
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1283
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1200
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1235
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1086
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1235
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1083
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1859
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1323
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1231
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1431
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1244
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1273
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1239
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1230
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1400
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1554
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1392
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1932
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1364
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1363
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1368
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1365
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1363
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1441
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1089
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1258
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1853
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1369
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1362
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1362
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1360
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1361
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1258
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1349
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1916
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1965
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1423
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1945
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1525
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1932
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1421
 -A- A - - - - - GGC - - - - - C - - - - - A - C - A - C - - - - - T - C - - - - T - C - - - - T - T - - - - G 1420

Gag p24 Capsid end_Gag p2 start

Gag p2 end Gag p7 nucleocapsid start

Ref. #3. HXB2	GCAATGACCAAGTAACA	AAT	TCAGTACC	ATA	ATGATG	CAG	AGAGGCAATTTTAG	AACCAAGAAG	ATTGTTAAGTGTTC	CAATTGTGCAAGAAGGCCAC	1991
Gag	A M S Q V T	N	S A T	I	M M	Q	R G N F R	N O R K	I V K C F N	C G K E G H T	
A1.AU.03.P51044 Day0	T-C-CA	C-A	A-A-G				C	GGCG	G-A-G	A	CT 1199
A1.CH.03.HIV.CH.BID.V3538	T-C-CA	C-A	A-A-G					GG	G-A	A	CT 1196
A1.CY.08.CY236	T-C-CA	C-A	A-A					GG	G-A	A	CT 1211
A1.ES.05.X1608.8	T-C-CA	C-A	CATA-A-A				A-T	GGT	G	A-C	CT 1427
A1.T.11.DEMA11KE001	T-G-CA	C-A	A-A-A					AA	G	A-C	CT 1315
A1.RU.11.RU6950	T-C-CA	C-A	A-A-G				A-A-T	GG	G-A-GA	A	CT 1342
A1.RW.11.DEMA11RW002	T-C-CA	C-G	A-A-G					GGT	G-A-GA	A	CT 1342
A1.SN.01.DDI579	T-C-CA	C-G	A-A-A	G				GGT	G-A-GA	A	CT 1192
A1.UG.11.DEMA110UG001	T-C-CA	C-G	A-A-AT				G-T	GG	G-AG-GA	A-A	CT 1346
A1.ZA.04.04ZASK16281	T-C-CA	C-G	A-A-A	G			C	GG	G-A-GA	A-A-C	CT 1435
A2.CM.01.01CM.1445NW	A-CAC	G	ACAAATCAA-AT					GGT	C-A-GA	A	CT 1190
A2.CY.94.94CY017.41	T-CA	G	ACAAATA-A					GGT	A-GA	A	CT 1348
B.BR.10.10BR.MG029			A-G-A					C	GA	A	CT 1453
B.CA.07.502.1191.03		G	C-G-A						A	CC	CT 1418
B.CH.08.M2.8803101.NFLG8	C-G-T						G	A	GA	C	CT 1447
B.CN.10.DEMB10CN002	T-CA	CA	A-CA				G	C		A	CT 1363
B.ES.10.DEMB10ES002	AT		A-T-T	G	T-CG			T	A	C	CT 1353
B.FR.11.DEMB11FR001							AG		A-G	GCA	CT 1240
B.GB.05.MM45d213.GN1			G				AG	T	A-GA	AGGCC	CT 1395
B.HK.06.HK003			T	G			G	A	A		CT 1349
B.HT.05.05HT.129389	G		TA-A-G		A		G-A-C		A	A	CT 1369
B.JP.12.DEMB12JP001			TA				T		A-G	C	CT 1655
B.KR.07.HP.18.07JHS10.3909	A-G	G	TCAG	G				C		A	CT 1444
B.PE.07.502.0525.wg5		G	TCAG	C-A	G		A		A	A	CT 1550
B.RU.11.11RU21n	T-C	G	TCAG-T	G				A-A		C	CT 1224
B.TH.08.MERLBDTRC10	C		TCAG	G		CAGAGAAACAATTTTAAG		GG	G-GA	G-C	CT 1914
B.US.11.E538	GA-G		A	G			A	GG	G	CAA	CT 1187
C.AR.01.ARG4006	AC		A-A-A					AA	GG	C-A	CT 1387
C.BR.07.DEMC07BR003	BR	C	A-A				A	AA	GG	CT-A	CT 1344
C.BW.00.00BW5031.1	C-AC		AT-A		C-A		AAT	AA	GG	CT-AG	CT 1356
C.CN.10.YNFL19	CC-AC	GC	A					AA	GG	CT-A-GA	CT 1344
C.CY.09.CY260	C-AC		A				A-A	AA	GG	TCT-A	CT 1202
C.ES.08.X2363.2	AC	C-G	A-A				A	AA	GG	CT-A-GA	CT 1413
C.F.02.FT.288	C-AC		A-A					AA	GG	CT-A-GA	CT 1187
C.IN.09.T125.2139	AC-AC		A					AA	GG	GCT	CT 1976
C.KE.00.KER2010	C-AC		A-A		T			AA	G-CT	A-GA	CT 1184
C.MW.09.703010256.CH256.w96	AC		A-A-A		C			C	AA	GG-ACT	CT 1977
C.TZ.08.707010457.CH457.w8	T-C	AC	A-A					AA	GG	ACT-A	CT 1977
C.YE.02.02YE5.11	YE		C-A-AT					AA	GG	CT-A	CT 1972
C.ZA.08.705010534.CH534.w12	AC		A-A-A				A	AA	AA	GG-CT	CT 1972
C.ZA.10.DEMC10ZA001	C-AC	G	A				A	AA	AA	GG-CT	CT 1342
C.ZM.11.DEMC11ZM006	C-AC	C	A-A					A-A-T	AA	GG-GCT	CT 1337
D.CM.10.DEMD10CM009	A-C-AC		A	G-G				G	GG	TC-A	CT 1351
D.CY.06.CY163	A-C-G		AATA-G	A				G	G	C-AG	CT 1202
D.KE.11.DEMD11KE003	CC	CC	GTAAAT	G							

<

[illegible]

B. FR. 83. HXB2
Gag
Pol

02 AG. CM. 10. DE00210CM013
02 AG. CY. 09. CY256
02 AG. ES. 06. P1423
02 AG. GW. 05. CC 0048
02 AG. KR. 12. 12MHR9
02 AG. LR. x. POC44951
02 AG. NG. 09. 09NG SC61
02 AG. NG. x. IBNG
02 AG. SE. 04. SE7812
02 AG. SN. 98. 98SE MP1211
03 AB. RU. 97. KAL153 2
04 cpx. CY. 94. 94CY032 3
05 DF. BE. x. VT1310
06 cpx. AU. 96. BFP09
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNG 6F
09 cpx. GH. 96. 96GH2911
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816
12 BF. AR. 99. ARMA159
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
16 AZD. KR. 97. 97KR034
17 BF. AR. 99. ARMA038
18 cpx. CU. 99. CU76
19 cpx. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. CU103
21 AZD. KE. 99. KER2003
22 01A1. CM. 01. CM 0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 cpx. CM. 02. 02CM 1818E
26 AU. CD. 02. 02CD MBT047
27 cpx. FR. 05. 05FR KZ5
28 BF. BR. 99. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06A1. EE. 01. EE0369
33 01B. ID. 07. JK189 C
34 01B. TH. 99. 99TH MU2079
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926
38 BF1. UY. 03. UY03 3389
39 BF. BR. 04. 04BR13179
40 BF. BR. 05. 05BRJ055
42 BF. LU. 06. LU06 18 06
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 08. CH80
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 cpx. GM. 03. N26677
50 A1D. GB. 10. 12792
51 01B. SG. 11. 11SG HM021
52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1
53 01B. MY. 11. 11FIR164
54 01B. MY. 09. 09MYSB023
55 01B. CN. 10. HNC5102056
56 cpx. FR. 10. URF5 pat1ent A
57 BC. CN. 09. 09YNLX1959
58 01B. MY. 09. 09MYPR37
59 01B. CN. 09. 09LNA423
60 BC. IT. 11. BAV499
61 BC. CN. 10. J1100010
62 01B. CN. 10. YNFI13
63 02A1. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNFI131
65 cpx. CN. 10. YNFI101
66 01B. CN. 11. ANHUI HF115
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002
0. BE. 87. ANT70
0. CM. 98. 98CM104
0. CM. 98. 98CMAB141
0. CM. 98. 98CMAB212
0. CM. 98. 98CMU5337
0. CM. 99. 99CMU4122
0. FR. 92. VAU
0. GA. 10. 10GAB6352
0. SN. 99. 99SE MP1299
0. US. 10. LTNP
N. CM. 02. DJ00131
N. CM. 02. SJGddd
N. CM. 04. 04CM 1015 04
N. CM. 06. U14296
N. CM. 06. U14842
N. FR. 11. N1 FR 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. CD. 06. BF1167
CPZ. CM. 05. SIVcpzMT145
CPZ. GA. 88. GAB1
CPZ. TZ. 06. SIVcpzTAN13
CPZ. US. 05. US Mer11yn
GOR. CM. 07. SIVgor2139 287
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con

AGCCAGAAATTCAGGGCCCTAGGAAAAAGGCTGTGTGAAATGTGGAAGGAAGGACACCAATGAAAGATTGTACT.....GAG...AGACAGGTAATTTTATAGGGAAGATCTGGCCCTTC...CTACAA.....GGGAAGGCCAGGGAATT 2131
A R N C R A P R K K G C W K C G K E G H Q M K D C T E . R Q A N F L G K I W P S Y K G R P G N F
F F R E D L A F L Q G K A R E N F
02 AG. CM. 10. DE00210CM013 A G C G A G 1498
02 AG. CY. 09. CY256 AA G C GA AG G 1327
02 AG. ES. 06. P1423 A G C GA AG G 1569
02 AG. GW. 05. CC 0048 A G C GA AG G 1487
02 AG. KR. 12. 12MHR9 A G C GA AG G 1778
02 AG. LR. x. POC44951 A G C GA AG A 2126
02 AG. NG. 09. 09NG SC61 A G C GA AG G 1323
02 AG. NG. x. IBNG A G C GA AG G 1656
02 AG. SE. 04. SE7812 A G C GA AG G 1503
02 AG. SN. 98. 98SE MP1211 A G C GA AG G 1328
03 AB. RU. 97. KAL153 2 A G C GA AG A 1357
04 cpx. CY. 94. 94CY032 3 A G C GA AG A 1500
05 DF. BE. x. VT1310 A G C GA AG G 1513
06 cpx. AU. 96. BFP09 A G C GA AG G 2153
07 BC. CN. 98. 98CN009 A G C GA AG G 1463
08 BC. CN. 97. 97CNG 6F A G C GA AG G 1323
09 cpx. GH. 96. 96GH2911 A G C GA AG A 1336
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061 A G C GA AG A 1513
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816 A G C GA AG G 1339
12 BF. AR. 99. ARMA159 A G C GA AG G 2136
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849 A G C GA AG G 1515
14 BG. ES. 05. X1870 A G C GA AG G 1601
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079 A G C GA AG G 1530
16 AZD. KR. 97. 97KR034 A G C GA AG G 1494
17 BF. AR. 99. ARMA038 A G C GA AG G 1345
18 cpx. CU. 99. CU76 A G C GA AG G 1442
19 cpx. CU. 99. CU7 A G C GA AG G 1360
20 BG. CU. 99. CU103 A G C GA AG G 1609
21 AZD. KE. 99. KER2003 A G C GA AG G 1339
22 01A1. CM. 01. CM 0001BBY A G C GA AG G 1586
23 BG. CU. 03. CB118 A G C GA AG G 1594
24 BG. ES. 08. X2456 2 A G C GA AG G 1342
25 cpx. CM. 02. 02CM 1818E A G C GA AG G 2142
26 AU. CD. 02. 02CD MBT047 A G C GA AG G 1528
27 cpx. FR. 05. 05FR KZ5 A G C GA AG G 1497
28 BF. BR. 99. BREPM12609 A G C GA AG G 1532
29 BF. BR. 01. BREPM16704 A G C GA AG G 1585
31 BC. BR. 04. 04BR142 A G C GA AG G 1766
32 06A1. EE. 01. EE0369 A G C GA AG G 1432
33 01B. ID. 07. JK189 C A G C GA AG G 1333
34 01B. TH. 99. 99TH MU2079 A G C GA AG G 1334
35 AD. AF. 07. 169H A G C GA AG G 1336
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830 A G C GA AG G 1327
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926 A G C GA AG G 1542
38 BF1. UY. 03. UY03 3389 A G C GA AG G 1599
39 BF. BR. 04. 04BR13179 A G C GA AG G 1614
40 BF. BR. 05. 05BRJ055 A G C GA AG G 1673
42 BF. LU. 06. LU06 18 06 A G C GA AG G 1659
43 02G. SA. 03. J11223 A G C GA AG G 1573
44 BF. CL. 08. CH80 A G C GA AG G 2123
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK A G C GA AG G 1569
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625 A G C GA AG G 1573
47 BF. ES. 08. P1942 A G C GA AG G 1336
48 01B. MY. 07. 07MYKT021 A G C GA AG G 1560
49 cpx. GM. 03. N26677 A G C GA AG G 1542
50 A1D. GB. 10. 12792 A G C GA AG G 1445
51 01B. SG. 11. 11SG HM021 A G C GA AG G 1471
52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1 A G C GA AG G 1533
53 01B. MY. 11. 11FIR164 A G C GA AG G 1441
54 01B. MY. 09. 09MYSB023 A G C GA AG G 1476
55 01B. CN. 10. HNC5102056 A G C GA AG G 1327
56 cpx. FR. 10. URF5 pat1ent A A G C GA AG G 1476
57 BC. CN. 09. 09YNLX1959 A G C GA AG G 1327
58 01B. MY. 09. 09MYPR37 A G C GA AG G 1476
59 01B. CN. 09. 09LNA423 A G C GA AG G 1321
60 BC. IT. 11. BAV499 A G C GA AG G 2103
61 BC. CN. 10. J1100010 A G C GA AG G 1364
62 01B. CN. 10. YNFI13 A G C GA AG G 1472
63 02A1. RU. 10. 10RU6637 A G C GA AG G 1672
64 BC. CN. 09. YNFI131 A G C GA AG G 1485
65 cpx. CN. 10. YNFI101 A G C GA AG G 1514
66 01B. CN. 11. ANHUI HF115 A G C GA AG G 1480
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73 A G C GA AG G 1471
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004 A G C GA AG G 1581
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008 A G C GA AG G 1795
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002 A G C GA AG G 1639
0. BE. 87. ANT70 A G C GA AG G 2197
0. CM. 98. 98CM104 A G C GA AG G 1629
0. CM. 98. 98CMAB141 A G C GA AG G 1628
0. CM. 98. 98CMAB212 A G C GA AG G 1633
0. CM. 98. 98CMU5337 A G C GA AG G 1630
0. CM. 99. 99CMU4122 A G C GA AG G 1628
0. FR. 92. VAU A G C GA AG G 1706
0. GA. 10. 10GAB6352 A G C GA AG G 1706
0. SN. 99. 99SE MP1299 A G C GA AG G 2196
0. US. 10. LTNP A G C GA AG G 2118
N. CM. 02. DJ00131 A G C GA AG G 1622
N. CM. 02. SJGddd A G C GA AG G 1615
N. CM. 04. 04CM 1015 04 A G C GA AG G 1615
N. CM. 06. U14296 A G C GA AG G 1613
N. CM. 06. U14842 A G C GA AG G 1613
N. FR. 11. N1 FR 2011 A G C GA AG G 1511
P. CM. 06. U14788 A G C GA AG G 1611
P. FR. 09. RBF168 A G C GA AG G 2178
CPZ. CD. 06. BF1167 A G C GA AG G 2224
CPZ. CM. 05. SIVcpzMT145 A G C GA AG G 1676
CPZ. GA. 88. GAB1 A G C GA AG G 2198
CPZ. TZ. 06. SIVcpzTAN13 A G C GA AG G 1787
CPZ. US. 05. US Mer11yn A G C GA AG G 1692
GOR. CM. 07. SIVgor2139 287 A G C GA AG G 1692
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con A G C GA AG G 1691

Gag p1 end Gag p6 start

FR. 83.HXB2	TTCCTTCAGAGCAGACC.....	AGAGCCCAAC.....	AGCCCCACCAGAAGAGAGCTTCAGGTC.....	TGGGGTAGAGACAACAAC.....	TCCCCC.....	2207	
Gag	F L Q S R P	E P T	A P P E E S F R S	G V E T T N	S P P		
Pol	S S E Q T	R A N	S P T R R E L Q V	W G R D N T	S P		
A1.AU.03.PS1044 Day0	-C-C		CG-CT	G-A-T	CT-	1412	
A1.CH.03.HIV CH BID V3538	-C-A	G-T	CG-AT	GA-A-A	CT-T	1409	
A1.CY.08.CY236	-C-C		C-T	G-A-T	CT-	1424	
A1.ES.05.X1608 8	-C-CA	-T	C-K	G-A-T G	CT-A-	1640	
A1.KE.11.DEMA11KE001	-C-A	-T	C-T	G-AC-G-T	CTT-	1543	
A1.RU.11.11RU6950	-C-	-T	CG-A-A	G-A-T	C-T	1728	
A1.RW.11.DEMA111RW002	-CC	-T	TG-ACT	G-A-T-G	CT-	1555	
A1.SN.01.DD1570	-C-		TG-CT	G-A-T	CT-T	1405	
A1.UG.11.DEMA110UG001	-C-A		G-CT	G-A-T	CT-	1559	
A1.ZA.04.04ZASK162B1	-C-A	-T	C-G	G-A-T	CT-	1648	
A2.CM.01.01CM 1445MV	-CC		G-A-G-TG	G-A-T-G	CT-T	1403	
A2.CY.94.94CY017 41	-C-	A	C-A-G-AAT	G-A-T	CT-T	1561	
B.BR.10.10BR MG029	-C-			AG-		1669	
B.CA.07.502 1191 03	-C-A	-T		AG-		1634	
B.CH.08.M2 0803101 NFLG8	-T-C	-A-C	G-	A-	C-AG	1665	
B.CN.10.DEMB10CN002	-C-	-T		AG-G	AG-	1579	
B.ES.10.DEMB10ES002	-C-			AG-A-G	-A-	1569	
B.FR.11.DEMB11FR001	-C-			AG-	-T	1456	
B.GB.05.MM45d213 GN1	-C-	A	G-	A-	-T	1608	
B.HK.06.HK003	-C-		G-	A-	-T	1565	
B.HT.05.05HT 129389	-C-A	-G	G-	A-G	-T	1408	
B.JP.12.DEMB12JP001	-C-	AGCCCCACC		A-A	GAG	1594	
B.KR.07.HP 18 07JHS10 3909	-C-	-T	T-G	AG	-T	1871	
B.PE.07.502 0525 wg5	-GA-TCAGAGCAGGCC		G-A	AG	C-T	1672	
B.RU.11.11RU21n	-C-		G-T	AG	-T	1766	
B.TH.08.MER18DTRC10	-C-A		T-G	A-G	-T	1440	
B.US.11.E538	-C-	AGAGAGCAGACC	G-	A-G-G	-T	2142	
C.AR.01.ARG4006	-Y-C		C-	C-A-A	C-T	1397	
C.BR.07.DEMC07BR003	-C-CC	-T	C-	C-A-A-T	C-T	1545	
C.BW.00.00BW5031 1	-C-C		C-	C-A	C-G	1584	
C.CN.10.YNFL19	-C-A	A	C-	C-A	-AT	1560	
C.CY.09.CY260	-C-A	G	AGCCCCACCAGACT	C-A-AGAG	C-G	1439	
C.ES.08.X2363 2	-C-		AGCCCCACCAGC	C-A-G	-G	1644	
C.ET.02.02ET 288	-C-A	-T	AGCCCCACT	C-A-A	C-T	1415	
C.IN.09.T125 2139	-C-C		C-	C-A-A	CCC-C-AG	2189	
C.KE.00.KER2010	-C-A	G	AGCCCCACCACT	C-A-A	-G-CTTG	1394	
C.MW.09.703010256 CH256.w96	-C-A	G	AGCCCCACCACT	C-A-A	C-G	2187	
C.TZ.08.707010457 CH457.w8	-C-A	A	AGCCCCACCACT	C-A-A	-A	1394	
C.YE.02.02YE511	-C-		TT	C-A-A	-A	1394	
C.ZA.08.705010534 CH534.w12	-C-	G	A-AGCCCCACCAGC	C-A-G	C-TG	2203	
C.ZA.10.DEMC10ZA001	-C-		AGCTCCCCCT	C-A-A	C-TG	1553	
C.ZM.11.DEMC11ZM006	-C-C		TCAGCCAAAC	C-A-A	C-G	1562	
D.CM.10.DEMD10CM009	-C-	AGAGCCCAACAGCCCCACT	C-	A-T	C-T	1582	
D.CY.06.CY163	-C-A		C-	AG-T	C-T	1415	
D.KE.11.DEMD11KE003	-C-G	G	C-CT	AG-T	C-T	1577	
D.KR.04.04KBH8	-C-C	-A	C-	G-T	C-T	2166	
D.SN.90.SE365	-C-		AC	G-T	AG-T G	2213	
D.TZ.01.A280	-C-		T	G-T	-A-A-T	1402	
D.UG.10.DEMD10UG004	-C-		T	G-T	-A-C-T	1545	
D.UG.11.DEMD11UG003	-C-A	G	C-	G-T	A-C-T	1356	
D.YE.02.02YE516	-C-		T	G-T	-A-C-T	1412	
D.ZA.90.R1	-C-		C-	G-T	-A-C-T	1553	
F1.A0.06.A0 06 ANG32	-C-		C-	G-T	CA-AG-T GC	1403	
F1.AR.02.ARE933	-C-		G-C	G-T	CA-A-AG-T	1498	
F1.BR.10.10BR RJ015	-CA-C	-A-G	G-C	G-T	CA-AG-T CC	1668	
F1.CY.08.CY222	-C-	-T	G-C	G-T	CAAA-AG-T-G	1397	
F1.ES.02.ES X845 4	-C-		G-C	G-T	CAAA-AG-T-G	1640	
F1.R0.96.BCI R07	-C-A		T-G-C	CG	CA-AG-A	2228	
F1.RU.08.D88 845	-C-R	-T	G-G-CG	G-T	C-AG-T	1663	
F2.CM.02.02CM 0016BBY	-CA-		G-C	G-T	C-A-A-T	1394	
F2.CM.10.DEMF210CM001	-C-	AG-GCAGACC	AGAGCCTTC	G-CT	C-AG-T	1468	
F2.CM.10.DEMF210CM007	-C-A		G-C	G-T	-A-AG-T	1551	
G.BE.96.DRCBL	-C-A	G	C-A	G-T	C-AG-T-G	2171	
G.CM.10.DEMG10CM008	-C-		C-	G-T	C-AG-T	1388	
G.CN.08.GX 2084_08	-C-A	G-T	C-	G-T	C-A-AG-T	1432	
G.CU.99.Cu74	-C-A	G	T-C	G-T	C-ACAG-T	1820	
G.ES.09.X2634 2	-C-A	G	C-	G-T	CA-A-AG-T	1675	
G.GH.03.03GH1756	-C-A	G	T	G-T	C-AGG-T	2244	
G.KE.09.DEMG09KE001	-C-A	G	T	G-T	C-AG-T	1585	
G.NG.09.09NG SC62	-C-AG	G-T	C-	G-T	C-AG-T	399	
G.ZA.01.TV546	-C-G		C-	G-T	C-AG-T	1409	
H.BE.93.VI991	-C-CC	AG-G-T	C-	G-T	C-A-AG-T	1599	
H.CF.90.056	-C-	G	C-	G-T	C-A-AG-T	1554	
H.GB.00.00GBAC4001	-C-	G	C-AT	G-T	C-AG-T	1728	
J.CM.04.04CMU11421	-Y-	R	C-	G-T	C-A	CY-YY	1719
J.SE.93.SE9280 7887	-C-		C-C	G-CT	C-A-AG-T	1521	
J.SE.94.SE9173 7022	-C-		C-G	G-T	C-A-AG-T	1522	
K.CN.97.97ZR E0TB11	-C-	A	C-	TG-T	C-AGA-T	1400	
K.CM.96.96CM MP535	-C-		C-G	G-T	C-AG-T	1400	
U.CA.01.TV749	-C-CA	AGAGCCCAACAGCCCCACCACTTCCCTTCAGAGCAGCCT	C-	C-GG-AA	G-C-A-G-T	2242	
U.CA.99.TV721	-C-		C-	C-TCA-AG	CA-ACC-C	2208	
U.CD.83.83CD003 23	-C-A		C-	G-T	C-A-AG	1696	
U.CD.90.90CD121E12	-C-A	A	T	G-T	C-A-AG-AGT	1406	
U.CY.05.CY090	-C-C	-A	-T	G-A-T	C-A-AG-T	1403	
U.CY.08.CY223	-C-		C-	TC-GG	C-AG-T	1421	
U.ES.10.DEURF10DZ001	-C-	A	ATG	G-AT	-G-CGC	1400	
U.GR.99.99GR303	-C-	G	C-	G-T	C-A-AG-T	1481	
U.NL.95.U NL 95 H10986_D1	-C-		CG	G-T	C-A-AG-T	2089	
01 AE.AF.07.569M	-C-		G-C	GGG-AT	G-A-T	1410	
01 AE.CF.90.90CF11697	-C-	-T	C-	GG-AT	CT-ATT	2153	
01 AE.CN.10.YNFL03	-C-		C-A-A	GGG-AT	G-A-T	1582	
01 AE.HK.04.HK001	-C-		CG-A-A	GG-AT	G-A-T	1566	
01 AE.IR.10.10IR.THR48F	-C-	G	G	GGG-AT	G-A-T	1415	
01 AE.JP.x.JRC77AE	-C-	-A-T	C-A-A	GGG-AAT	G-A-T	2207	
01 AE.TH.09.AA090a WG11	-C-		C-A	GGG-AT	G-A-AGT	1627	
01 AE.TH.90.CM240	-C-		C-A-A	GGG-ATGGGGGAAGAGATAACG	A-T	1778	
01 AE.US.05.306163 FL	-C-G		C-A	GGG-AT	G-A	1398	
01 AE.VN.98.98VNNND15	-C-A		C-A-A	GGG-AT	G-A-T	1459	

Gag p1 end_Gag p6 start

B. FR. 83. HXB2	AGAGCCCAAC	AGCCCCACCAGAAGAGAGCTTCAGGTC	TGGGGTAGAGACAACAAC	TCCCC	2207
Gag	E P T	S P T R R E L Q V S	G V E D T N T	S P P	
Pol	S S E Q T	S S E Q T	W G R D T N T	S P P	
02 AG. CM. 10. DE00210CM013	-C	-A	-G	-C	1571
02 AG. CY. 09. CY256	-CC	-A	-G	-C	1400
02 AG. ES. 06. P1423	-C	-G	-A	-T	1642
02 AG. GW. 05. C8 0048	-C	-G	-A	-T	1554
02 AG. KR. 12. 12MHR9	-C	-G	-A	-T	1851
02 AG. LR. x. POC44951	-C	-G	-A	-T	2199
02 AG. NG. 09. 09NG SC61	-C	-G	-A	-T	1396
02 AG. NG. x. IBNG	-C	-G	-A	-T	1729
02 AG. SE. 04. SE7812	-C	-G	-A	-T	1401
02 AG. SN. 98. 98SE MP1211	-C	-G	-A	-T	1430
03 AB. RU. 97. KAL153 2	-C	-G	-A	-T	1573
04 cpx. CY. 94. 94CY032 3	-C	-G	-A	-T	1586
05 DF. BE. x. VT1310	-C	-G	-A	-T	2226
06 cpx. AU. 96. BFP00	-C	-G	-A	-T	1539
07 BC. CN. 98. 98CN009	-C	-G	-A	-T	1393
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F	-C	-G	-A	-T	1409
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	-C	-G	-A	-T	1586
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061	-C	-G	-A	-T	1574
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816	-C	-G	-A	-T	2209
12 BF. AR. 99. ARMA159	-C	-G	-A	-T	1618
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849	-C	-G	-A	-T	1674
14 BG. ES. 05. X1870	-C	-G	-A	-T	1603
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	-C	-G	-A	-T	1567
16 AZ. KR. 97. 97KR 0384	-C	-G	-A	-T	1578
17 BF. AR. 99. ARMA038	-C	-G	-A	-T	1515
18 cpx. CU. 99. CU76	-C	-G	-A	-T	1433
19 cpx. CU. 99. CU7	-C	-G	-A	-T	1682
20 BG. CU. 99. CU103	-C	-G	-A	-T	1412
21 A2D. KE. 99. KER2003	-C	-G	-A	-T	1659
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY	-C	-G	-A	-T	1667
23 BG. CU. 03. CB118	-C	-G	-A	-T	1415
24 BG. ES. 08. X2456 2	-C	-G	-A	-T	2215
25 cpx. CM. 02. 1918LE	-C	-G	-A	-T	2201
26 AU. CD. 02. 02CD MBT047	-C	-G	-A	-T	1605
27 cpx. FR. 04. 04CD 125	-C	-G	-A	-T	1685
28 BF. BR. 99. BREPM12609	-C	-G	-A	-T	1842
29 BF. BR. 01. BREPM16704	-C	-G	-A	-T	1508
31 BC. BR. 04. 04BR142	-C	-G	-A	-T	1407
32 06A1. EE. 01. EE0369	-C	-G	-A	-T	1400
33 01B. ID. 07. JK1189	-C	-G	-A	-T	1615
34 01B. TH. 99. OUR2478P	-C	-G	-A	-T	1684
35 AD. AF. 07. 169H	-C	-G	-A	-T	1687
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830	-C	-G	-A	-T	1758
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926	-C	-G	-A	-T	1732
38 BF1. UY. 03. UY03 3389	-C	-G	-A	-T	1646
39 BF. BR. 04. 04BR1179	-C	-G	-A	-T	2196
40 BF. BR. 05. 05BRJ055	-C	-G	-A	-T	1642
42 BF. LU. 06. LU06 18 06	-C	-G	-A	-T	1646
43 02G. SA. 03. J11223	-C	-G	-A	-T	1412
44 BF. CL. 08. CH80	-C	-G	-A	-T	1633
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK	-C	-G	-A	-T	1615
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625	-C	-G	-A	-T	1644
47 BF. ES. 08. P1942	-C	-G	-A	-T	1518
48 01B. MY. 07. 07MYKT021	-C	-G	-A	-T	1547
49 cpx. GM. 03. N26677	-C	-G	-A	-T	1609
50 A1D. GB. 10. 12792	-C	-G	-A	-T	1514
51 01B. SG. 11. 11SG HM021	-C	-G	-A	-T	1549
52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1	-C	-G	-A	-T	397
53 01B. MY. 11. 11FIR164	-C	-G	-A	-T	1552
54 01B. MY. 09. 09MYSB023	-C	-G	-A	-T	1388
55 01B. CN. 10. HNC5102056	-C	-G	-A	-T	2170
56 cpx. FR. 10. URF5 patient A	-C	-G	-A	-T	1634
57 BC. CN. 09. 09YNLX1950	-C	-G	-A	-T	1547
58 01B. MY. 09. 09MYPR37	-C	-G	-A	-T	1609
59 01B. CN. 09. 09LNA423	-C	-G	-A	-T	1514
60 BC. IT. 11. BAV499	-C	-G	-A	-T	1549
61 BC. CN. 10. J1100010	-C	-G	-A	-T	397
62 BC. CN. 10. YNFI13	-C	-G	-A	-T	1552
63 02A1. RU. 10. 10RU6637	-C	-G	-A	-T	1388
64 BC. CN. 09. YNFI31	-C	-G	-A	-T	2170
65 cpx. CN. 10. YNFI01	-C	-G	-A	-T	1634
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115	-C	-G	-A	-T	1745
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73	-C	-G	-A	-T	1561
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004	-C	-G	-A	-T	1584
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008	-C	-G	-A	-T	1553
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002	-C	-G	-A	-T	1544
0. BE. 87. ANT70	-C	-G	-A	-T	1868
0. CM. 98. 98CMA104	-C	-G	-A	-T	1712
0. CM. 98. 98CMA8B141	-C	-G	-A	-T	2264
0. CM. 98. 98CMA8B212	-C	-G	-A	-T	1695
0. CM. 98. 98CMU5337	-C	-G	-A	-T	1700
0. CM. 99. 99CMU4122	-C	-G	-A	-T	1695
0. FR. 92. VAU	-C	-G	-A	-T	1775
0. GA. 11. 11GAB6352	-C	-G	-A	-T	1695
0. SN. 99. 99SE MP1299	-C	-G	-A	-T	1695
0. US. 10. LTNP	-C	-G	-A	-T	1695
N. CM. 02. DJ00131	-C	-G	-A	-T	1704
N. CM. 02. SJGddd	-C	-G	-A	-T	1679
N. CM. 04. 04CM 1015 04	-C	-G	-A	-T	1694
N. CM. 06. U14296	-C	-G	-A	-T	1692
N. CM. 06. U14042	-C	-G	-A	-T	1590
N. FR. 11. N1 FR 2011	-C	-G	-A	-T	1666
P. CM. 06. U14788	-C	-G	-A	-T	2233
P. FR. 09. RBF168	-C	-G	-A	-T	2309
CPZ. CD. 06. BF1167	-C	-G	-A	-T	1749
CPZ. CM. 05. SIVcpzMT145	-C	-G	-A	-T	2271
CPZ. GA. 88. GAB1	-C	-G	-A	-T	1857
CPZ. TZ. 06. SIVcpzTAN13	-C	-G	-A	-T	1744
CPZ. US. 05. US Mar1 Lyn	-C	-G	-A	-T	1744
GOR. CM. 07. SIVgor2139 287	-C	-G	-A	-T	1744
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con	-C	-G	-A	-T	1743

[illegible]

Alignments

HIV-1/SIV cpz Complete Genomes

[illegible]

B. FR. 83. HXB2	Pol	GGGGGGCACTAAAGGAAGCTCTATTAGATACAGGAGCAGATGATACAGTATTA...GAAGAAATGAGTTTGCCAGGAAGATGGAACCAAAATGATAGGGGGAATGGAGGTTTTATCAAAGTAAGACAGTATGATCAGATCTCATAGAAATCTGTGGACATAAAGC	2464
A1.AU.03.PS1044 Day0	-A-A-G-G-GA	-C-AGA-A-A-G	1672
A1.CH.03.HIV CH BID V358	-A-A-G-G-A-G	-C-AGA-A-A-G	1669
A1.CY.08.CY236	-A-A-G-G-GA	-C-AGA-A-A-G	1675
A1.ES.05.X1608 8	-A-A-G-G-A	-G-T-A-A-G	1912
A1.KE.11.DEMA11KE001	-A-A-G-G-A	-C-AGA-A-A-G	1803
A1.RU.11.11RU6950	-A-A-G-G-A	-C-AGA-A-A-G	1988
A1.RW.11.DEMA11RW002	-AA-A-G-G-GA	-A-T-A-A-A-G	1815
A1.SN.01.DDI579	-A-A-G-G-A	-C-AGA-A-A-G	1662
A1.UG.11.DEMA11UG001	-A-A-GT-A	-T-A-A-A-G	1839
A1.ZA.04.04ZASK162B1	-A-A-G-G-A	-A-G-A-G	1905
A2.CM.01.01CM 1445MV	-AA-A-GT-A	-G-T-A-A-GG	1663
A2.CY.94.94CY017 41	-A-A-G-G-A	-A-A-G-G	1821
B.BR.10.10BR MG029	-A-A-G-G-A	-G-C-T	1926
B.CA.07.502 1191 03	-A-A-G-G-A	-C-A-A	1891
B.CH.08.M2 0803101 NFLG8	-A-A-G-G-A	-C-A-A	1933
B.CN.10.DEMB10CM002	-A-A-G-G-A	-C-A-A	1836
B.ES.10.DEMB10ES002	-A-A-G-G-A	-C-A-A	1826
B.FR.11.DEMB11FR001	-A-A-G-G-A	-G-AT	1710
B.GB.05.MM45d213 GN1	-A-A-G-G-A	-C-A-A	1865
B.HK.06.HK003	-A-A-G-G-A	-G-TC	1834
B.HT.05.05HT 129389	-A-A-G-G-A	-G-TC	1665
B.JP.12.DEMB12JP001	-A-A-G-G-A	-G-TC	1851
B.KR.07.HP 18 07JHS10_3909	-A-A-G-G-A	-G-TC	2128
B.PE.07.502 0525 wq5	-A-A-G-G-A	-G-TC	1929
B.RU.11.11RU21n	-A-A-G-G-A	-G-TC	2035
B.TH.08.MERLBDTRC10	-A-A-G-G-A	-G-TC	1697
B.US.11.ES38	-A-A-G-G-A	-G-TC	2399
C.AR.01.ARC4006	-A-A-G-G-A	-G-TC	1648
C.BR.07.DEMB07BR003	-A-A-G-G-A	-G-TC	1796
C.BW.00.00BW5031 1	-A-A-G-G-A	-G-TC	1835
C.CN.10.YNFL19	-A-A-G-G-A	-G-TC	1817
C.CY.09.CY260 2	-A-A-G-G-A	-G-TC	1687
C.ES.08.X2363 2	-A-A-G-G-A	-G-TC	1895
C.FT.02.02FT 268	-A-A-G-G-A	-G-TC	1666
C.IN.09.T125 2139	-A-A-G-G-A	-G-TC	2440
C.KE.00.KER2010	-A-A-G-G-A	-G-TC	1645
C.MW.09.703010256 CH256.w96	-A-A-G-G-A	-G-TC	2444
C.TZ.08.707010457 CH457.w8	-A-A-G-G-A	-G-TC	2438
C.YE.02.02YE516	-A-A-G-G-A	-G-TC	1819
C.ZA.08.705010534 CH534.w12	-A-A-G-G-A	-G-TC	2454
C.ZA.10.DEMC10ZA001	-A-A-G-G-A	-G-TC	1804
C.ZM.11.DEMC11ZM006	-A-A-G-G-A	-G-TC	1813
D.CM.10.DEMD10CM009	-A-A-G-G-A	-G-TC	1839
D.CY.06.CY163	-A-A-G-G-A	-G-TC	1672
D.KE.11.DEMD11KE003	-A-A-G-G-A	-G-TC	1814
D.KR.04.04KR048	-A-A-G-G-A	-G-TC	1675
D.SN.90.SE365	-A-A-G-G-A	-G-TC	2481
D.TZ.01.A280	-A-A-G-G-A	-G-TC	1665
D.UG.10.DEMD10UG004	-A-A-G-G-A	-G-TC	1802
D.UG.11.DEMD11UG003	-A-A-G-G-A	-G-TC	1819
D.YE.02.02YE516	-A-A-G-G-A	-G-TC	1810
D.ZA.90.R1	-A-A-G-G-A	-G-TC	1810
F1.A0.06.A0 06 ANG32	-A-A-G-G-A	-G-TC	1675
F1.AR.02.ARE933	-A-A-G-G-A	-G-TC	1758
F1.BR.10.10BR RJ015	-A-A-G-G-A	-G-TC	1937
F1.CY.08.CY222	-A-A-G-G-A	-G-TC	1657
F1.ES.02.ES X845 4	-A-A-G-G-A	-G-TC	1916
F1.R0.96.BC R07	-A-A-G-G-A	-G-TC	1923
F1.RU.08.D88 845	-A-A-G-G-A	-G-TC	1654
F2.CM.02.02CM 0016BBY	-A-A-G-G-A	-G-TC	1728
F2.CM.10.DEMF210CM001	-A-A-G-G-A	-G-TC	1811
F2.CM.10.DEMF210CM007	-A-A-G-G-A	-G-TC	2428
G.BE.96.DRCBL	-A-A-G-G-A	-G-TC	1845
G.CM.10.DEMG10CM008	-A-A-G-G-A	-G-TC	1704
G.CN.08.0X 2084 08	-A-A-G-G-A	-G-TC	2068
G.CU.99.Cu74	-A-A-G-G-A	-G-TC	1947
G.ES.09.X2634 2	-A-A-G-G-A	-G-TC	2504
G.GH.03.03GH175G	-A-A-G-G-A	-G-TC	1839
G.KE.09.DEMG09KE001	-A-A-G-G-A	-G-TC	1656
G.NG.09.09NG SC62	-A-A-G-G-A	-G-TC	1666
G.ZA.01.TV546	-A-A-G-G-A	-G-TC	1853
H.BE.93.VI991	-A-A-G-G-A	-G-TC	1811
H.CF.90.056	-A-A-G-G-A	-G-TC	1982
H.GB.00.00GBAC4001	-A-A-G-G-A	-G-TC	1970
J.CM.04.04CMU11421	-A-A-G-G-A	-G-TC	1778
J.SE.93.SE9280 7887	-A-A-G-G-A	-G-TC	1779
J.SE.94.SE9173 7022	-A-A-G-G-A	-G-TC	1660
K.CD.97.97ZR EQTB11	-A-A-G-G-A	-G-TC	1660
K.CM.96.96CM MP535	-A-A-G-G-A	-G-TC	2481
U.CA.01.TV749	-A-A-G-G-A	-G-TC	2480
U.CA.99.TV721	-A-A-G-G-A	-G-TC	1959
U.CD.83.83CD003 23	-A-A-G-G-A	-G-TC	1663
U.CD.90.90CD121E12	-A-A-G-G-A	-G-TC	1681
U.CY.05.CY090	-A-A-G-G-A	-G-TC	1740
U.CY.08.CY223	-A-A-G-G-A	-G-TC	1887
U.ES.10.DEURF10DZ001	-A-A-G-G-A	-G-TC	2038
U.GR.99.99GR083	-A-A-G-G-A	-G-TC	1655
U.NL.95.U_NL 95 HI0986_D1	-A-A-G-G-A	-G-TC	1719
01.AE.AF.07.569M	-A-A-G-G-A	-G-TC	1670
01.AE.CF.90.90CF11697	-A-A-G-G-A	-G-TC	2413
01.AE.CN.10.YNFL03	-A-A-G-G-A	-G-TC	1842
01.AE.HK.04.HK001	-A-A-G-G-A	-G-TC	1826
01.AE.IR.10.01IR THR48F	-A-A-G-G-A	-G-TC	1654
01.AE.JP.X.JRC77AE	-A-A-G-G-A	-G-TC	2461
01.AE.TH.09.AA090a WG11	-A-A-G-G-A	-G-TC	1887
01.AE.TH.90.CM240	-A-A-G-G-A	-G-TC	2038
01.AE.US.05.306163 FL	-A-A-G-G-A	-G-TC	1655
01.AE.VN.98.98VNND15	-A-A-G-G-A	-G-TC	1719

B.FR.83.HXB2

01 AG. CM. 10. DE00210CM013
02 AG. CY. 09. CV256
02 AG. ES. 06. P1423
02 AG. GW. 05. CC 0048
02 AG. KR. 12. 12CMH97
02 AG. LR. x. PC044951
02 AG. LU. 09. 09.05.56
02 AG. NG. x. IBNG
02 AG. SE. 94. SE7812
02 AG. SN. 98. 98SE MP1211
03 AB. RU. 97. KAL153 2
03 AB. RU. 97. KAL153 3
05 DF. BE. x. VJ1310
06 cpx. AU. 96. BFPP90
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CMGX 6F
09 cpx. CM. 96. 96GCH29
10 AG. 98. 98. 98. 98F061
11 cpx. CM. 95. 95. 95. 1816
12 BF. AR. 99. ARMA159
13 cpx. CM. 96. 96. 96. 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 AG. 98. 98. 98. MU2079
16 A2D. KR. 97. 97KR004
17 BF. AR. 99. ARMA038
18 cpx. CU. 99. CU76
19 cpx. CU. 99. CU77
20 BG. ES. 05. X1870
21 A2D. KE. 99. KER2003
22 01A1. CM. 01. 01. CM 0001BE
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 cpx. CM. 02. 1918LE
26 AG. 98. 98. 98. HBT047
27 cpx. FR. 04. 04. 04. FR KZ5
28 BF. BR. 09. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06A1. EE. 01. EE0369
33 AG. 98. 98. 98. AKT189 C
34 01B. TH. 99. 09. 09. 2478P
35 AD. AF. 07. 069H
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926
38 BF. BR. 09. 09. 09. 3389
39 BF. BR. 04. 04BRJR179
40 BF. BR. 05. 05BRJR055
42 BF. LU. 06. LU8F 18 06
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. BR. 04. 04. 04. 1892
45 cpx. FR. 04. 04. 04. 1892
46 BF. BR. 07. 07BR FPK525
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 cpx. CM. 03. N26777
50 BF. BR. 09. 09. 09. 1911
51 01B. SG. 11. 11SG HM021
52 01B. MY. 03. 03MYKLO18 1
53 01B. MY. 11. 11F1R161
54 01B. MY. 09. 09MYSB023
55 01B. MY. 09. 09MYSB026
56 cpx. FR. 10. URFS patient
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg
58 01B. MY. 09. 09MYPR37
59 01B. CN. 09. 09NLNA423
60 BC. IT. 14. 14. 14. 100910
61 BC. IT. 14. 14. 14. 100910
62 BC. CN. 10. YNLF13
63 02A1. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNLF131
65 cpx. CN. 10. YNLF01
66 01B. MY. 09. 09. 09. HF115
68 01B. CN. 11. ANHUT WH73
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002
0. BE. 87. ANT70
0. BE. 87. 98CMA104
0. CM. 98. 98CMABB141
0. CM. 98. 98CMABB212
0. CM. 98. 98CMU5337
0. CM. 99. 99CMU4122
0. GA. 11. 11GaB63592
0. SN. 99. 99SE MP1299
0. US. 10. LTNP
N. CM. 02. D300131
N. CM. 02. J5Gddd
N. CM. 04. 04. 04. 1015 04
N. CM. 05. 05. 05. 14296
N. CM. 06. U14842
N. FR. 11. N1 FR 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. CD. 06. F1F6167
CPZ. CD. 05. SV1VC2MT
CPZ. GA. 88. GAB1
CPZ. GA. 88. SV1VC2TAN13
CPZ. GA. 85. US. Marilyn
GOR. CM. 07. SV1Gor2139 287
GOR. CM. 07. SV1GorCP213538

[illegible]

[illegible]

B.FR.83.HXB2

02 AG.CM.10.D.E000210CM013
02 AG.CY.09.CY256
02 AG.CY.09.P1003
02 AG.GM.05.C5 0048
02 AG.GR.12.L2MH9R
02 AG.LR.x.P0C44951
02 AG.NG.09.09NG SC61
02 AG.NG.x.IBNG
02 AG.NG.94.94941816
02 AG.SN.98.985SE MP1211
03 AB.RU.97.KL153.2
04 cp.x.CY.94.94CY032.3
05 DF.BE.x.V13110
06 CP.CY.96.96CP09
07 BC.CN.98.98CN09
08 BC.CN.97.97CNXG 6F
09 cp.x.GM.96.96GM2191
10 CD.TZ.96.96TZ BF861
11 CP.CY.97.97CP1816
12 BF.AR.99.ARMA159
13 cp.x.CM.96.96CM 1849
14 BG.ES.05.X1870
15 01B.TH.99.99TH MU2079
16 CD.KR.97.97KR01
17 cp.x.CY.99.ARMA038
18 cp.x.CU.99.CU76
19 cp.x.CU.99.CU7
20 BG.CU.99.CU103
21 A2D.KC.99.KCER18
22 CP.CY.99.CY0001BB
23 BG.CU.03.B118
24 BG.ES.08.X2456.2
25 cp.x.CM.02.1918LE
26 AU.CD.02.02CD M8TB069
27 CP.CY.97.97CP15R KZ5
28 BF.BR.99.BREPM12609
29 BF.BR.01.BREPM16704
31 BC.BR.04.04BR142
32 06A1.EE.01.EE0369
33 01B.BR.07.07B11818.C
34 BF.BR.09.09BR2478P
35 AD.AF.07.07.169H
36 cp.x.CM.00.CM2NYU830
37 cp.x.CM.00.00CMYU926
38 BF1.UY.03.03UY03 3389
39 BF.04.04.04BF1979
40 BF.BR.05.05BRR1055
42 BF.LU.06.06 BF 186
43 BG.SA.03.J11223
44 02F.CN.08.CH80
45 BF.BR.04.04BR19R AUK
46 BF.BR.07.07BR FPS625
47 BF.ES.08.P1942
48 01B.MY.07.07MYK0T21
49 cp.x.GM.03.N26677
50 CP.CY.10.L2792
51 01B.SC.03.03SC1156 HM021
52 01B.MY.03.03MYK1018.1
53 01B.MY.11.11FR1864
54 01B.MY.09.09MYSB023
55 CP.CY.08.HB5102056
56 cp.x.FR.10.10FR019
57 BC.CN.09.09NYLN1959
58 01B.MY.09.09MYP437
59 01B.CN.09.09YLN233
60 BC.IT.11.BA4V44
61 CP.CY.09.09CP09010
62 BC.CN.10.YNLF13
63 02A1.RU.10.10RU6637
64 BC.CN.09.YNLF31
65 cp.x.CN.10.YNLF01
66 CP.CY.09.YNLF01 HF115
68 01B.CN.11.ANHUT HW73
70 BF1.BR.10.10BR PE004
71 BF1.BR.10.10BR PE008
72 BF1.BR.10.10BR MG002
0.BE.07.AN770
0.CM.98.CMMA194
0.CM.98.98CMA8B141
0.CM.98.98CMA8B212
0.CM.98.98CMU5337
0.CM.99.99CMU4122
0.CM.99.99CMU4122
0.GA.11.11Ga63520
0.SN.99.99SE MP1299
0.US.10.LTNP
N.CM.02.DJ00131
N.CM.02.SJ6ddd
N.CM.04.04CD 1015_04
N.CM.04.04CD 1015_04
N.CM.06.144842
N.FR.11.N1 FR 2011
P.CM.06.144788
P.FR.09.RBF168
CPZ.C.06.5F116p
CPZ.CM.05.SIVCPZMT145
CPZ.GA.08.GAB1
CPZ.TAN13
CPZ.US.85.US Marilyn
GOR.CM.07.SIVgor2139 287
GOR.CM.07.SIVgorCP213508

[illegible]

Pol	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100	101	102	103	104	105	106	107	108	109	110	111	112	113	114	115	116	117	118	119	120	121	122	123	124	125	126	127	128	129	130	131	132	133	134	135	136	137	138	139	140	141	142	143	144	145	146	147	148	149	150	151	152	153	154	155	156	157	158	159	160	161	162	163	164	165	166	167	168	169	170	171	172	173	174	175	176	177	178	179	180	181	182	183	184	185	186	187	188	189	190	191	192	193	194	195	196	197	198	199	200	201	202	203	204	205	206	207	208	209	210	211	212	213	214	215	216	217	218	219	220	221	222	223	224	225	226	227	228	229	230	231	232	233	234	235	236	237	238	239	240	241	242	243	244	245	246	247	248	249	250	251	252	253	254	255	256	257	258	259	260	261	262	263	264	265	266	267	268	269	270	271	272	273	274	275	276	277	278	279	280	281	282	283	284	285	286	287	288	289	290	291	292	293	294	295	296	297	298	299	300	301	302	303	304	305	306	307	308	309	310	311	312	313	314	315	316	317	318	319	320	321	322	323	324	325	326	327	328	329	330	331	332	333	334	335	336	337	338	339	340	341	342	343	344	345	346	347	348	349	350	351	352	353	354	355	356	357	358	359	360	361	362	363	364	365	366	367	368	369	370	371	372	373	374	375	376	377	378	379	380	381	382	383	384	385	386	387	388	389	390	391	392	393	394	395	396	397	398	399	400	401	402	403	404	405	406	407	408	409	410	411	412	413	414	415	416	417	418	419	420	421	422	423	424	425	426	427	428	429	430	431	432	433	434	435	436	437	438	439	440	441	442	443	444	445	446	447	448	449	450	451	452	453	454	455	456	457	458	459	460	461	462	463	464	465	466	467	468	469	470	471	472	473	474	475	476	477	478	479	480	481	482	483	484	485	486	487	488	489	490	491	492	493	494	495	496	497	498	499	500	501	502	503	504	505	506	507	508	509	510	511	512	513	514	515	516	517	518	519	520	521	522	523	524	525	526	527	528	529	530	531	532	533	534	535	536	537	538	539	540	541	542	543	544	545	546	547	548	549	550	551	552	553	554	555	556	557	558	559	560	561	562	563	564	565	566	567	568	569	570	571	572	573	574	575	576	577	578	579	580	581	582	583	584	585	586	587	588	589	590	591	592	593	594	595	596	597	598	599	600	601	602	603	604	605	606	607	608	609	610	611	612	613	614	615	616	617	618	619	620	621	622	623	624	625	626	627	628	629	630	631	632	633	634	635	636	637	638	639	640	641	642	643	644	645	646	647	648	649	650	651	652	653	654	655	656	657	658	659	660	661	662	663	664	665	666	667	668	669	670	671	672	673	674	675	676	677	678	679	680	681	682	683	684	685	686	687	688	689	690	691	692	693	694	695	696	697	698	699	700	701	702	703	704	705	706	707	708	709	710	711	712	713	714	715	716	717	718	719	720	721	722	723	724	725	726	727	728	729	730	731	732	733	734	735	736	737	738	739	740	741	742	743	744	745	746	747	748	749	750	751	752	753	754	755	756	757	758	759	760	761	762	763	764	765	766	767	768	769	770	771	772	773	774	775	776	777	778	779	780	781	782	783	784	785	786	787	788	789	790	791	792	793	794	795	796	797	798	799	800	801	802	803	804	805	806	807	808	809	810	811	812	813	814	815	816	817	818	819	820	821	822	823	824	825	826	827	828	829	830	831	832	833	834	835	836	837	838	839	840	841	842	843	844	845	846	847	848	849	850	851	852	853	854	855	856	857	858	859	860	861	862	863	864	865	866	867	868	869	870	871	872	873	874	875	876	877	878	879	880	881	882	883	884	885	886	887	888	889	890	891	892	893	894	895	896	897	898	899	900	901	902	903	904	905	906	907	908	909	910	911	912	913	914	915	916	917	918	919	920	921	922	923	924	925	926	927	928	929	930	931	932	933	934	935	936	937	938	939	940	941	942	943	944	945	946	947	948	949	950	951	952	953	954	955	956	957	958	959	960	961	962	963	964	965	966	967	968	969	970	971	972	973	974	975	976	977	978	979	980	981	982	983	984	985	986	987	988	989	990	991	992	993	994	995	996	997	998	999	1000
-----	---	---	---	---	---	---	---	---	---	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	------

[illegible]

Pr. 83. HXB2	GACTTCTGGGAAGTTC	CAATAGG	CCACATCCCGAGGGTAAAAAAGAAAAATCAGTAACGATCTGGATGGGTGATG	CATATTTTTCAGTTCCTCCCTAGATGAAGACTTCAGGAAGTATAC	TTCATTTACATACCTAGTATAAACATGAGACAC	CGAGGAT	2974																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																												
Pol	D	F	F	H	E	V	U	Q	L	G	I	P	H	P	A	G	L	K	K	K	K	S	V	T	V	L	D	V	G	D	A	Y	F	S	V	S	L	P	L	D	E	D	F	R	K	Y	T	A	F	T	T	T	P	S	I	N	N	E	T	P	G	I																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					
A1.AU.03.P51044 Day0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

B.FR.83.HXB2

02 AG. CM. 10. DF090210CM013
 02 AG. CY. 09. CT256
 02 AG. ES. 06. P1423
 02 AG. CM. 05. CC 00408
 02 AG. KR. 12. 12MMH9
 02 AG. LR. x. POC44951
 02 AG. NG. 09. IBNG SC61
 02 AG. NG. x. 09NG
 02 AG. NG. 04. SA 3812
 02 AG. SN. 98. 98SE PM1211
 03 AB. RU. 97. KAL153 2
 04 CP. CY. 94. 94CY032 3
 05 DF. BR. x. V11313
 06 AG. NG. 06. BF9P90
 07 BC. CN. 98. 98CN089
 08 BC. CN. 97. 97CN0X 6F
 09 CP. CX. 96. 96CGH2911
 10 CD. T2. 96. 96T2 BF861
 11 AG. NG. 09. 09NG 1816
 12 BF. AF. 09. ARMA159
 13 CP. CM. 96. 96CM 1849
 14 BG. ES. 05. X1870
 15 TH. TH. 99. 99TH MUJ207
 16 ZD. KR. 97. 97KR04 04
 17 BF. AF. 09. ARMA938
 18 CP. CU. 09. CU76
 19 CP. CU. 09. CU7
 20 BG. CU. 09. CU193
 21 A21. KE. 99. KE92003
 22 AG. CM. 01. 01CM 0001BBY
 23 BG. CU. 03. CB118
 24 BG. ES. 08. X2456 2
 25 CP. CM. 02. 1918LE
 26 AU. CD. 02. 02CD MBT8047
 27 AG. NG. 04. 04NG 947
 28 BF. BR. 09. BREPM12609
 29 BF. BR. 01. BREPM16704
 31 BC. BR. 04. 04BR142
 32 AG. ES. 07. EEK369
 33 061A. TH. 99. 99TH 47BP
 34 AD. AF. 07. 169H
 35 CP. CM. 00. 00CMMYU830
 37 CP. CM. 00. 00CMNYU326
 38 BF. IY. 09. IY093 9389
 39 BF. BR. 04. 04BR1179
 40 BF. BR. 05. 05BRBU055
 42 BF. LU. 06. LU6F 18 06
 43 GF. SA. 03. J11223
 44 BG. CN. 08. CH88
 45 BF. BR. 04. 04BR AUK
 46 BF. BR. 07. 07BR P5625
 47 BF. ES. 08. P1942
 48 01B. MY. 07. 07MYT021
 49 CP. GM. 03. N26677
 50 BF. IY. 08. 08IY 792
 51 01B. CN. 11. 11SG HM0121
 52 01B. MY. 03. 03MYKL0811
 53 01B. MY. 11. 11IRF164
 54 01B. MY. 09. 09MYSB023
 55 01B. CN. 10. 10HNC1056
 56 01B. CN. 09. 09CN resident A
 57 BC. CN. 09. 09BCYL195g
 58 01B. MY. 09. 09MYP337
 59 01B. MY. 09. 091NLA423
 60 BC. IT. 11. BAV493
 61 01B. CN. 10. 10J10610
 62 BC. CN. 10. YNFL1
 63 02A1. RU. 10. 10RU6637
 64 BC. CN. 09. YNFL31
 65 CP. CN. 10. YNFL01
 66 01B. CN. 11. 11YH01 HF15
 68 01B. CN. 11. ANHUT WH73
 70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
 71 BF1. BR. 10. 10BR PE098
 72 BF1. BR. 10. 10BR MG002
 0. BE. 07. ANT70
 0. CM. 98. CM9MA184
 0. CM. 98. 98CMABBI141
 0. CM. 98. 98CMABBB212
 0. CM. 98. 98CMUS337
 0. CM. 99. 99CMU4122
 0. CM. 99. VNU
 0. GA. 11. 11GAB6352
 0. SN. 99. 99SN MP1299
 0. US. 10. LTNP
 N. CM. 02. D300131
 N. CM. 02. S3Gddd
 N. CM. 04. 04CHC 1015 04
 N. CM. 04. 04J296
 N. CM. 06. U14842
 N. FR. 11. N1 FR 2011
 P. CM. 06. U14788
 P. FR. 09. RBF168
 CPZ. CD. 06. BF1167
 CPZ. CD. 05. SV1cp2M145
 CPZ. GA. 08. GAB1
 CPZ. GA. 05. SV1cp2TAN13
 CPZ. US. 05. US Marilyn
 GOR. CM. 07. SV1gor2139 287
 GOR. CM. 07. SV1gorCP2135con

[illegible]

B. FR. 83. HXB2
Pol

A1.AU.03.PS1044 Day0
A1.CH.03.HIV CH BID V358
A1.CY.08.CY236
A1.ES.05.X1608_8
A1.KE.11.DEMA11KE001
A1.RU.11.11RU6950
A1.RW.11.DEMA11RW002
A1.SN.01.DDI579
A1.UG.11.DEMA110UG001
A1.ZA.04.04ZASK162B1
A2.CM.01.01CM 1445MV
A2.CY.94.94CY017 41

B.BR.10.10BR MG029
B.CA.07.502 1191 03
B.CH.08.M2 0803101 NFLG8
B.CN.10.DEMB10CM002
B.ES.10.DEMB10ES002
B.FR.11.DEMB11FR001
B.GB.05.MM45d213 GN1
B.HK.06.HK003
B.HT.05.05HT 129389
B.JP.12.DEMB12JP001
B.KR.07.HP 18 07JHS10_3909
B.PE.07.502 0525 wg5
B.RU.11.11RU21n
B.TH.08.MERLBDTRC10
B.US.11.ES38

C.AR.01.ARG4006
C.BR.07.DEMB07BR003
C.BW.00.00BW5031_1
C.CN.10.YNFL19
C.CY.09.CY260
C.ES.08.X2363_2
C.ET.02.02ET 268
C.IN.09.T125 2139
C.KE.00.KER2010
C.MW.09.703010256 CH256.w96
C.TZ.08.707010457 CH457.w8
C.YE.02.02YE
C.ZA.08.705010534 CH534.w12
C.ZA.10.DEMB10ZA001
C.ZM.11.DEMB11ZM006

D.CM.10.DEMB10CM009
D.CY.06.CY163
D.KE.11.DEMB11KE003
D.KR.04.04KR08
D.SN.90.SE365
D.TZ.01.A280
D.UG.10.DEMB10UG004
D.UG.11.DEMB11UG003
D.YE.02.02YE516
D.ZA.90.R1

F1.A0.06.A0 06 ANG32
F1.AR.02.ARE933
F1.BR.10.10BR RJ015
F1.CY.08.CY222
F1.ES.02.ES X845 4
F1.RO.96.BC R07
F1.RU.08.D88 845
F2.CM.02.02CM 0016BBY
F2.CM.10.DEMB210CM001
F2.CM.10.DEMB210CM007

G.BE.96.DRCBL
G.CM.10.DEMB10CM008
G.CN.08.08 CX 2084 08
G.CU.99.Cu74
G.ES.09.X2634 2
G.GH.03.03GH175G
G.KE.09.DEMB09KE001
G.NG.09.09NG SC62
G.ZA.01.TV546

H.BE.93.VI991
H.CF.90.056
H.GB.00.00GBAC4001

J.CM.04.04CMU11421
J.SE.93.SE9280 7887
J.SE.94.SE9173 7022
K.CD.97.97ZR EQTB11
K.CM.96.96CM MP535
U.CA.01.TV749
U.CA.99.TV721
U.CD.83.83CD003 23
U.CD.90.90CD121E12
U.CY.05.CY090
U.CY.08.CY223
U.ES.10.DEURF10DZ001
U.GR.99.99GR003
U.NL.95.U_NL 95 H10986_D1

01.AE.AF.07.569M
01.AE.CF.90.90CF11697
01.AE.CN.10.YNFL03
01.AE.HK.04.HK001
01.AE.IR.10.10IR THR48F
01.AE.JP.X.JRC77AE
01.AE.TH.09.AA090a WG11
01.AE.TH.90.CM240
01.AE.US.05.306163 FL
01.AE.VN.98.98VNND15

TAGATATCAGTACAATGTGCTTCCACAGGGATGGAAGGATCACCAGCAATATTCCAAAGTAGCATGACAAAAATCTTAGAGCCTTTTAGAAAACAAAATCCAGACATAGTTATCTATCAATACATGGATGATTGTGTAGTAGGATCTGACTTAGAAAATAGGCAGCATA R Y Q Y N V L P Q G W K G S P A I F Q S S M T K I L E P F R K Q N P D I V I Y Q Y M D D L Y V G S D L E I G Q H	
C-G	2352
C-G	2349
C-G	2355
C-G	2352
C	2483
C	2668
C-G	2495
C-G	2342
C-G	2409
C-G	2585
C-G	2343
C-G	2501
A	2606
A	2571
C	2613
C	2506
C	2390
C	2545
G	2514
C	2345
C	2531
C	2808
C	2609
C	2715
C	3079
C	2328
C	2476
C	2515
C	2497
C	2367
C	2375
C	2366
C	3120
C	2325
C	3124
C	3118
C	3119
C	3134
C	2484
C	2493
C	2519
C	2352
C	2404
C	3103
C	3161
C	2345
C	2482
C	2499
C	2355
C	2490
C	2355
C	2438
C	2617
C	2337
C	2596
C	2603
C	2334
C	2408
C	2491
C	3101
C	2525
C	2384
C	2748
C	2627
C	3184
C	2519
C	2336
C	2346
C	2533
C	2491
C	2662
C	2650
C	2458
C	2459
C	2340
C	2340
C	3161
C	3160
C	2639
C	2343
C	2343
C	2361
C	2420
C	2418
C	3029
C	2350
C	3093
C	2522
C	2506
C	2344
C	3141
C	2567
C	2718
C	2335
C	2399

B.FR.83.HXB2

01 AG.CM.10.DEO0219C0M013
02 AG.AC.09.CV.Y256
02 AG.E5.06.P1423
02 AG.E5.07.OC.08048
02 AG.KR.12.12PHMR9
02 AG.LR.x.P0C44951
02 AG.NG.09.9BSCV SC61
02 AG.NG.x.IBNQ
02 AG.OA.94.S27812
02 AG.SN.98.98S5 MP1211
03 AB.RU.97.KAL153 2
04 cpx.CV.94.94CY032
05 DF.BE.x.V11310
06 cpx.AU.96.BF.010838
07 AG.98.98.98.98.98.98
08 BC.CN.97.97CNCG 6F
09 cpx.GH.96.96GH2911
10 CD.TZ.96.96T7 BF061
11 cpx.CN.95.95CNCG 1816
12 AG.98.98.98.98.98.98
13 cpx.CN.96.96CM 1849
14 BG.E5.05.X1870
15 B1B.TH.99.99TH MU2079
16 AZD.KR.97.97KR004
17 AG.99.99.99.99.99.99
18 cpx.CU.99.CU7
19 cpx.CU.99.CU7
20 CU.CN.99.CU103
21 AZD.KE.99. KER2003
22 AG.98.98.98.98.98.98
23 BG.CU.03.CB118
24 BG.E5.08.X2456 2
25 cpx.CM.02.1918LE
26 AU.CD.02.02CD MBT8047
27 cpx.FR.04.04CF KR KZ5
28 AG.98.98.98.98.98.98
29 BF.BR.01.BREPMP16704
31 BC.BR.04.04BR1142
32 06A1.EE.01.EE0369
33 B1B.ID.07.JKT189 C
34 AG.99.99.99.99.99.98
35 AD.AF.07.169H
36 cpx.CM.00.CMNHYB830
37 cpx.CM.00.CMNHYB292
38 BF1.UY.03.UY03 3389
39 AG.98.98.98.98.98.98
40 BF.BF.05.05BBRJP 055
42 BF.LU.06.luBF 186
43 QZG.SA.03.J11223
44 BF.CL.08.CH80
45 cpx.98.98.98.98.98 AUK
47 BF.ES.08.P1942
48 B1B.MY.07.07MYK021
49 cpx.GM.03.N26677
50 AID.GB.10.12792
51 AG.98.98.98.98.98.98
52 B1B.MY.03.03MYK H081_1
53 B1B.MY.11.11FR16A4
54 B1B.MY.09.09MYSB023
55 B1B.CN.18.HMC5102956
56 AG.99.99.URFS patient
57 BC.CN.09.09CNV11959
58 B1B.MY.09.09MYPRP37
59 B1B.CN.09.09YLNA423
60 BC.IT.11.YVA499
61 AG.98.98.98.98.98.98
62 BC.CN.10.YNF131
63 02AI.RU.10.10RU6637
64 BC.CN.09.YNFL31
65 cpx.CN.10.YNFL01
66 AG.98.98.ANHUI HF115
68 B1B.CN.11.ANHUT WH73
70 BF1.BR.10.10BR PE004
71 BF1.BR.10.10BR PE008
72 BF1.BR.10.10BR MG002
0.BE.87.ANT78
0.CM.98.98CA194
0.CM.98.98CAMB1141
0.CM.98.98CAMB212
0.CM.98.98CU5137
0.CM.99.99CU4222
0.FAU
0.GA.11.11Ga6352
0.SN.99.99SPZ1299
0.US.10.LTNP
N.CM.02.DJ00131
N.CM.02.SJdddd
N.CM.04.04CM 1015_04
N.CM.04.04CM 1015_04
N.CM.06.U4I482
N.CM.06.U4I482
N.FR.11.N1 FR 2011
P.CM.06.U4I788
P.FR.09.RBF168
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.CD.05.SIVcpzMT45
CPZ.GA.08.GAB1
CPZ.CD.05.SIVcpzTAN13
CPZ.US.85.US Marilyn
GOR.CM.07.SIVgorZ139 287
GOR.CM.07.SIVgorCPZ2135c0r

[illegible]

B. FR. 83. HXB2
Pol

A1.AU.03.PS1044 Day0
 A1.CH.03.HIV_CH_BID_V3538
 A1.CY.08.CY236
 A1.ES.05.X1608_8
 A1.KE.11.DEMAI1KE001
 A1.RU.11.11RU6950
 A1.RW.11.DEMAI11RW002
 A1.SN.01.DDI1579
 A1.UG.11.DEMAI110UG001
 A1.ZA.04.04ZASK16281
 A2.CM.01.01CM_1445MV
 A2.CY.94.94CY017_41
 B.BR.10.10BR MG029
 B.CA.07.502_1191_03
 B.CH.08.M2_0803101_NFLG8
 B.CN.10.DEMB10CM002
 B.ES.10.DEMB10ES002
 B.FR.11.DEMB11FR001
 B.GB.05.MM45d213 GN1
 B.HK.06.HK003
 B.HT.05.05HT_129389
 B.JP.12.DEMB12JP001
 B.KR.07.HP_18_07JHS10_3909
 B.PE.07.502_0525_wg5
 B.RU.11.11RU21n
 B.TH.08.MERLBDTRC10
 B.US.11.E538
 C.AR.01.ARC4006
 C.BR.07.DEMC07BR003
 C.BW.00.00BW5031_1
 C.CN.10.YNFL19
 C.CY.09.CY260
 C.ES.08.X2363_2
 C.FT.02.02FT_268
 C.IN.09.T125_2139
 C.KE.00.KER2010
 C.MW.09.703010256_CH256.w96
 C.TZ.08.707010457_CH457.w8
 C.YE.02.02YE_22
 C.ZA.08.705010534_CH534.w12
 C.ZA.10.DEMC10ZA001
 C.ZM.11.DEMC11ZM006
 D.CM.10.DEMD10CM009
 D.CY.06.CY163
 D.KE.11.DEMD11KE003
 D.KR.04.04KR08
 D.SN.90.SE365
 D.TZ.01.A280
 D.UG.10.DEMD10UG004
 D.UG.11.DEMD11UG003
 D.YE.02.02YE516
 D.ZA.90.R1
 F1.A0.06.A0_06 ANG32
 F1.AR.02.ARE933
 F1.BR.10.10BR RJ015
 F1.CY.08.CY222
 F1.ES.02.ES_X845_4
 F1.RO.96.06RO_807
 F1.RU.08.D88_845
 F2.CM.02.02CM_0016BBY
 F2.CM.10.DEMF210CM001
 F2.CM.10.DEMF210CM007
 G.BE.96.DRCBL
 G.CM.10.DEMG10CM008
 G.CN.08.08CX_2084_08
 G.CU.99.Cu74
 G.ES.09.X2634_2
 G.GH.03.03GH175G
 G.KE.09.DEMG09KE001
 G.NG.09.09NG_SC62
 G.ZA.01.TV546
 H.BE.93.VI991
 H.CF.90.056
 H.GB.00.00GBAC4001
 J.CM.04.04CMU11421
 J.SE.93.SE9280_7887
 J.SE.94.SE9173_7022
 K.CD.97.97ZR_E0TB11
 K.CM.96.96CM_MP535
 U.CA.01.TV749
 U.CA.99.TV721
 U.CD.83.83CD003_23
 U.CD.90.90CD121E12
 U.CY.05.CY090
 U.CY.08.CY223
 U.ES.10.DEURF10DZ001
 U.GR.99.99GR003
 U.NL.95.U_NL_95_H10986_D1
 01.AE.AF.07.569M
 01.AE.CF.90.90CF11697
 01.AE.CN.10.YNFL03
 01.AE.HK.04.HK001
 01.AE.IR.10.10IR_THR48F
 01.AE.JP.X_JRC77AE
 01.AE.TH.09.AA090a_WG11
 01.AE.TH.90.CM240
 01.AE.US.05.306163_FL
 01.AE.VN.98.98VNNND15

GAACAAAAATAGAGGAGCTGAGACAACATCTGTTGAGGTGGGGACTTACCACACAGACAAAAAATCAGAAAGAACCTCCATCTCTTGGATGGGTTTGAACCTCCATCTGATAAATGGACAGTACAGCCTATAGTCTGCCAGAAAAAGACAGCTGGACTGTCAAT 3314
 R T K I E E L R Q H L L R W G L T T P D K K H Q K E P F L W M G Y E L H P D K W T V Q P I V L P E K D S W T V N
 -G- -A- -T-A- -GCT- -A- -C- -T- -T- -C- -G- -T- -A- -AAT- -G- -G- -A- 2522
 -G- -A- -T-A- -GCT- -A- -C- -T- -T- -C- -G- -T- -A- -CA- -G- -G- -A- 2519
 -G- -A- -T- -GCT- -A- -A-AA- -T- -T- -C- -G- -T- -A- -CA- -G- -A- -T- 2525
 -G- -A- -T-A- -GCT- -A- -AC- -T- -T- -C- -G- -T- -A- -CA- -G- -A- -T- 2522
 -G- -G- -A- -T-A- -GCT- -C- -A- -C- -GT- -T- -C- -G- -T- -A- -CA- -G- -T- 2653
 -A- -AT- -GCT- -A- -C- -GT- -T- -A- -CA- -GT- -A- -CA- -T- -G- -T- 2665
 -G- -A- -T-A- -GCT- -A- -AA- -T- -T- -G- -G- -T- -A- -CA- -T- -G- -T- 2512
 -G- -G- -A- -T-A- -GCT- -A- -C- -GT- -T- -G- -G- -T- -A- -CA- -A- -T- -G- 2669
 -G- -AT- -A- -GGCT- -T- -A- -A- -T- -C- -T- -G- -G- -T- -A- -CA- -A- -T- 2513
 -GT- -AT- -A- -GGCT- -CT- -A- -AA- -T- -TAT- -T- -A- -G- -T- -C- -CA- -AA- -G- 2671
 -G- -T- -A- -A- -GCT- -A- -C- -T- -T- -G- -T- -A- -G- -T- -C- -CA- -A- -T- 2776
 -G- -A- -G- -C- -A- -A- -T- -ATA- -G- -T- -A- -C- -G- -GA- -A- -T- -G- -A- -T- 2741
 -A- -T- -A- -T- -A- -T- -C- -C- -C- -C- -C- -A- -AA- -G- -G- -T- 2686
 -G- -T- -C- -A- -A- -C- -GT- -G- -T- -C- -C- -C- -C- -G- -T- -G- -T- 2676
 -T- -A- -G- -R- -A- -GT- -Y- -M- -G- -C- -T- -A- -A- -R- -Y- -A- -Y- -M- 2560
 -T- -G- -A- -A- -G- -TA- -C- -C- -C- -C- -A- -A- -A- -A- -T- 2715
 -GA- -G- -A- -C- -A- -G- -C- -C- -C- -C- -T- -A- -A- -A- -T- 2684
 -AT- -A- -C- -A- -G- -C- -C- -C- -C- -C- -T- -A- -A- -A- -T- 2515
 -G- -A- -A- -A- -A- -GT- -C- -G- -C- -C- -C- -C- -A- -G- -T- 2701
 -G- -A- -T- -A- -G- -A- -A- -T- -C- -C- -C- -C- -C- -C- -A- -G- -T- 2978
 -G- -A- -T- -A- -G- -A- -A- -T- -C- -C- -C- -C- -C- -C- -A- -G- -T- 2779
 -G- -A- -T- -A- -G- -A- -A- -T- -C- -C- -C- -C- -C- -C- -A- -G- -T- 2885
 -G- -A- -T- -A- -G- -A- -A- -T- -C- -C- -C- -C- -C- -C- -A- -G- -T- 2547
 -G- -A- -T- -A- -G- -A- -A- -T- -C- -C- -C- -C- -C- -C- -A- -G- -T- 3249
 -G- -A- -T- -A- -G- -A- -A- -T- -C- -C- -C- -C- -C- -C- -A- -G- -T- 2498
 -G- -G- -T- -A- -A- -A- -A- -T- -C- -C- -C- -C- -C- -C- -A- -G- -T- 2646
 -G- -T- -A- -A- -A- -A- -T- -C- -C- -C- -C- -C- -C- -A- -G- -T- 2685
 -G- -T- -A- -A- -A- -A- -T- -C- -C- -C- -C- -C- -C- -A- -G- -T- 2667
 -GM- -T- -A- -RG- -A- -A- -A- -T- -Y- -G- -C- -T- -G- -A- -G- -T- 2537
 -G- -A- -A- -A- -C- -A- -AA- -T- -C- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2745
 -G- -A- -T- -A- -G- -A- -A- -T- -C- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2516
 -GA- -A- -T- -A- -G- -A- -A- -T- -C- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 3290
 -G- -A- -T- -A- -G- -A- -A- -T- -C- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2495
 -G- -A- -T- -A- -G- -A- -A- -T- -C- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 3294
 -G- -A- -T- -A- -G- -A- -A- -T- -C- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 3288
 -G- -G- -A- -T- -A- -G- -A- -A- -T- -C- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 3273
 -G- -A- -T- -A- -G- -A- -A- -T- -C- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 3304
 -G- -A- -T- -A- -G- -A- -A- -T- -C- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2654
 -GA- -A- -T- -A- -G- -A- -A- -T- -C- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2663
 -A- -AT- -A- -GG- -A- -A- -T- -C- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2689
 -AA- -AT- -A- -GG- -A- -A- -T- -C- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2522
 -A- -AT- -A- -GG- -A- -A- -T- -C- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2664
 -G- -A- -T- -A- -G- -A- -A- -T- -C- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 3273
 -A- -AT- -A- -GG- -A- -A- -T- -C- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 3331
 -AT- -A- -GG- -C- -CT- -A- -A- -T- -C- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2515
 -T- -AT- -A- -GGG- -A- -A- -T- -C- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2652
 -T- -AT- -A- -GG- -G- -C- -A- -A- -T- -C- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2669
 -AA- -AT- -A- -G- -A- -A- -T- -C- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2525
 -G- -A- -T- -A- -G- -A- -A- -T- -C- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2660
 -GG- -AT- -A- -G- -G- -A- -A- -T- -C- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2525
 -G- -T- -A- -A- -AC- -CA- -T- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2608
 -G- -G- -T- -A- -A- -AC- -C- -T- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2787
 -G- -T- -A- -T- -A- -GC- -AC- -CA- -CT- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2507
 -GGA- -A- -AT- -A- -T- -AC- -AA- -CT- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2766
 -GG- -G- -T- -A- -G- -AC- -AA- -CT- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2773
 -G- -G- -T- -A- -G- -C- -AA- -G- -T- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2504
 -GG- -G- -T- -A- -G- -C- -AA- -T- -T- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2578
 -G- -G- -T- -A- -GG- -A- -A- -T- -T- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2661
 -G- -A- -T- -A- -G- -AC- -A- -T- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 3271
 -G- -A- -T- -A- -G- -T- -AC- -AA- -T- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2695
 -G- -T- -A- -G- -T- -AC- -A- -T- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2554
 -G- -AT- -A- -G- -A- -C- -T- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2918
 -G- -T- -A- -A- -A- -C- -GT- -T- -T- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2797
 -G- -G- -T- -A- -G- -AC- -AA- -T- -T- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 3354
 -GA- -AT- -A- -A- -A- -C- -T- -C- -T- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2689
 -G- -T- -A- -A- -AC- -AA- -T- -T- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2506
 -G- -T- -A- -GGT- -AC- -AA- -T- -T- -T- -G- -C- -G- -A- -G- -T- 2516
 -GA- -A- -T- -A- -GCT- -T- -T- -C- -C- -C- -T- -G- -AAAT- -G- -AAAT- 2703
 -G- -A- -T- -A- -GCT- -T- -AA- -T- -T- -C- -T- -A- -G- -AAAT- -G- -AAAT- 2661
 -G- -A- -T- -A- -GCT- -T- -A- -A- -T- -T- -C- -T- -A- -G- -AAAT- -G- -AAAT- 2832
 -G- -K- -RG- -R- -A- -T- -T- -A- -G- -T- -C- -R- -CA- -A- -M- 2820
 -G- -A- -GG- -A- -A- -T- -T- -T- -A- -G- -T- -C- -CA- -CA- -AGA- 2628
 -G- -A- -GG- -A- -A- -T- -TA- -T- -A- -G- -T- -C- -A- -CA- -AGAT- 2629
 -G- -A- -G- -A- -A- -T- -T- -G- -C- -T- -G- -C- -CA- -C- -G- -T- 2510
 -K.M.96.96CM_MP535 -A- -G- -A- -AA- -T- -T- -G- -C- -T- -G- -C- -CA- -C- -G- -T- 2510
 -GT- -AT- -GG- -A- -A- -T- -C- -T- -T- -T- -G- -A- -T- -G- -A- -T- 3331
 -GT- -AT- -GG- -A- -A- -T- -C- -T- -T- -T- -G- -A- -T- -G- -A- -T- 3330
 -G- -T- -GCT- -A- -A- -T- -T- -A- -T- -A- -C- -T- -GAT- -A- -C- -T- 2809
 -G- -T- -GCT- -A- -A- -T- -T- -A- -T- -A- -C- -T- -GAT- -A- -C- -T- 2513
 -G- -A- -A- -AC- -T- -A- -AA- -T- -T- -G- -G- -C- -T- -A- -C- -T- 2513
 -G- -G- -T- -A- -T- -A- -AA- -T- -T- -T- -G- -C- -T- -G- -C- -T- 2531
 -G- -T- -A- -G- -G- -A- -A- -T- -T- -T- -G- -C- -T- -G- -C- -T- 2531
 -G- -A- -A- -A- -A- -T- -TT- -T- -G- -G- -C- -T- -G- -C- -T- 2588
 -G- -A- -GAT- -A- -G- -T- -A- -A- -T- -T- -G- -C- -T- -G- -C- -T- 3199
 -A- -GCT- -C- -T- -T- -G- -G- -A- -A- -T- -A- -A- -T- 2520
 -A- -A- -G- -T- -A- -AA- -T- -T- -G- -G- -A- -A- -T- 3263
 -GT- -A- -GCT- -A- -C- -T- -T- -G- -G- -A- -A- -T- 2692
 -T- -GCT- -T- -A- -C- -T- -T- -G- -G- -A- -A- -T- 2676
 -A- -GCT- -A- -A- -T- -T- -G- -G- -A- -A- -T- 3311
 -A- -GCT- -A- -C- -T- -T- -G- -G- -A- -A- -T- 2737
 -A- -GCT- -A- -C- -T- -T- -G- -G- -A- -A- -T- 2888
 -A- -GCT- -A- -C- -T- -T- -G- -G- -A- -A- -T- 2505
 -A- -GCT- -A- -C- -T- -T- -G- -G- -A- -A- -T- 2569

FR.FR.83.HXB2
Pol

02 AG.CM.09.1D.DE0021C0MC13
02 AG.CY.09.CY256
02 AG.ES.06.P1423
02 AG.GW.05.CS_0048
02 AG.KR.12.12MH98
02 AG.NL.09.09.SX_P24951
02 AG.NG.09.09NG SC61
02 AG.NJ.09.X.IBNG
02 AG.SE.94.SE7812
02 AG.SN.98.98SE PM1211
04 AB.RU.97.LABF_53_2
04 AU.97.04.94CYV032_3
05 DF.BE.X.VI1130
06 cpx.AU.96.BFP90
07 BC.CN.98.98CN009
08 BC.CN.97.97CNCG_6F
08 BC.CN.97.97CNCG_6F
10 CD.TZ.96.96TZ BF061
11 cpx.CM.95.95CM 1816
17 BF.AR.99.ARMA15
13 cpx.CM.96.96CM 1849
14 CM.UK.97.UK1870
15 OIB.TH.99.99TH MU2079
16 AZD.KR.97.97KR00A
17 BF.AR.99.ARMA038
18 cpx.CU.99.CU76
19 cpx.CU.99.CU76
20 CQ.99.99.99.99.103
21 AZD.KE.99.KER2003
22 OIA1.CM.01.01CM 00018BY
23 BG.CU.03.CB118
24 BG.ES.08.C2456_2
25 CB.02.02.02.02.02.02
26 CD.02.02.02CD MBT087
27 cpx.FR.04.04CD FR_KZ5
28 BF.BR.99.BREPEN12609
29 BF.BR.01.BREPM16704
31 BC.BR.04.04BRJ42
32 BE.01.01.01.01.01.01
33 OIB.ID.07.JKT189C
34 OIB.TH.99.99OIB2478P
35 AD.AF.07.169H
36 cpx.CH.06.06CHNYUS830
37 CH.99.99.99.99.99.99
38 UY.03.UY07_3389
39 BF.BR.04.04BBRRJJ79
40 BF.BS.05.05BBRRJ055
42 BF.LJ.06.LuBF 1866
43 ZGW.SA.03.ZZW23
44 US.01.US01.Ch88
45 cpx.FR.04.04FR AUK
46 BF.BR.07.07BR FPSF625
47 BF.ES.08.P1942
48 OIB.MY.07.07MYMT021
49 cpx.UM.98.98UM0526
50 ID.GB.10.7992
51 OIB.SG.11.11SG HM021
52 OIB.OY.03.03MYKL018_1
53 OIB.MY.11.11IFR1464
54 OIB.MY.09.09MSYS0023
55 HC.09.09.HWC5102056
56 cpx.FR.09.URF5 patient_
57 BC.CN.09.09YNL19sg
58 OIB.MY.09.09YPLR3
59 OIB.CN.09.09YNA423
60 CN.98.11.BAY11
61 BC.CN.10.J1009010
62 BC.CN.10.YNFLJ31
63 QZA1.RU.10.10RU6637
64 BC.CN.09.YNFL31
65 cpx.CN.10.YNFL1
65 cpx.CN.10.YNFL1
66 HNC.HF15
68 OIB.11.ANHUI WH73
70 BFL.BR.10.10BR PE004
71 BFL.BR.10.10BR PE008
72 BFL.BR.10.10BR MG002
0.CM.98.98CAM104
0.CM.98.98CMABB121
0.CM.98.98CMABB212
0.CM.98.98CMU5337
0.CM.99.99CUA4122
0.CM.99.99CUA4122
0.GA.11.11GA6352
0.SN.99.99SE MP1299
0.US.10.LTNP
N.CM.02.DJ00131
N.CM.02.SJddnd
N.CM.04.QACM 1015 _04
N.CM.10.10.10.10.10.10
N.CM.06.U44842
N.FR.11.N1 FR 2011
P.CM.06.U14788
P.FR.09.RBF168
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.CA.08.GAB1
CPZ.CM.05.SIVcpzTAN13
CPZ.US.85.US Marilyn
GOR.CM.07.SVGor2139 287
GOR.CM.07.SVGor CPZ135cgo

[illegible]

HIV-1/SIV Complete Genomes

02 AG.CM.10.DEO0219CM013
02 AG.CY.09.CY256
02 AG.CY.09.CY213
02 AG.GM.05.CF 0048
02 AG.GR.12.12MH9R
02 AG.LR.x.P0C44951
02 AG.MG.09.9BNG SC61
02 AG.MG.x.IBNG
02 AG.NG.04.927812
02 AG.SN.98.985SE MP1211
03 AB.RU.97.KAL153.2
04 CPX.CY.04.94C9Y032.3
05 DF.BE.x.V13130.1
06 CPX.CY.09.96B909
07 BC.CN.98.98XCN09
08 BC.CN.97.97CNG6 6F
09 CPX.GH.96.96GH2911
10 CD.TZ.96.96ZTF BF061
11 CD.TZ.96.96ZTF BF1816
12 BF.AR.99.ARMA159
13 CPX.CM.96.96CM 1849
14 BE.ES.05.X1870
15 01B.TH.99.99TH MU2079
16 CZD.KR.97.97KR004
17 BF.AR.99.ARMA038
18 CPX.CU.99.CU76
19 CPX.CU.99.CU76
20 BG.CU.99.CU103
21 A2D.KC.99.08 KER2003
22 BG.CU.99.CU103 0001BBY
23 BG.CU.03.CB118
24 BE.ES.08.X2456.2
25 CPX.CM.02.1918LE
26 AU.CD.02.02CD MBT040
27 BF.BR.99.99BREP1799 KZ5
28 BF.BR.99.99BREP12609
29 BF.BR.01.99BREP16704
31 BC.BR.04.04BR142
32 06A1.EE.01.EE0369
33 01B.TH.97.97TH189 C
34 BF.BR.99.01UR2478P
35 AD.AF.07.169H
36 CPX.CM.00.00CMNYU830
37 CPX.CM.00.00CMNYU926
38 BF1.UY.03.UY13389
39 BF.BR.04.04BR17199
40 BF.BR.05.05BRR1055
42 BF.LU.06.16.06 BF
43 ZG.SA.03.J11223
44 BF.CN.08.CH80
45 BF.BR.04.04BR AUK
46 BF.BR.07.07BR FPS265
47 BF.ES.08.P1942
48 01B.MY.07.07MYT021
49 CPX.GH.03.N26677
50 A1B.SG.10.12792
51 01B.SG.10.12792
52 01B.MY.03.03MYK10811
53 01B.MY.11.11F1R164
54 01B.MY.09.09MY8023
55 01B.CN.10.HB15102056
56 CPX.CN.09.09F5 patient
57 BC.CN.09.09YNL1950
58 01B.MY.09.09MYN37
59 01B.CN.09.09YNL43
60 CD.IT.11.BAV445
61 01B.CN.10.10Y00910
62 BC.CN.10.YN15F1
63 02A1.RU.10.10RU6637
64 BC.CN.09.YN13F1
65 CPX.CN.10.YN10F1
66 01B.CN.11.ANHUT HF115
68 01B.CN.11.ANHUT HW13
70 BF1.BR.10.10BR PE004
71 BF1.BR.10.10BR PE008
72 BF1.BR.10.10BR MG002
0.BE.87.ANT100
0.CM.98.98MA1804
0.CM.98.98CMA8B114
0.CM.98.98CMA8B212
0.CM.98.98CMU5337
0.CM.99.99CMU4122
0.CM.99.99CMU4122
0.GA.11.96B6352
0.SN.99.99SE MP1299
0.US.10.LTNP
N.CM.02.DJ00131
N.CM.02.SJ6dd
N.CM.04.04.CM 1015_04
N.CM.04.04.CM 1015_04
N.CM.06.144842
N.FR.11.N1 FR 2011
P.CM.06.041788
P.FR.09.RBF168
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.CM.05.S1Vcp2MT45
CPZ.GA.08.GAB1
CPZ.GA.05.S1Vcp2TAN13
CPZ.US.85.US Marilyn
GOR.CM.07.SIVgor2139 287
GOR.CM.07.SIVgorCP2135C0

[illegible]

[illegible]

FR. 83. HBXB
P01

02 AG. CM. 10. DE000210CM013
02 AG. CY. 09. CY256
02 AG. ES. 06. P1423
02 AG. GW. 05. C3 0048
02 AG. KR. 12. 12PHW
02 AG. KY. 09. P044051
02 AG. NG. 09. P04405 SC61
02 AG. NG. 09. X. IBNG
02 AG. SE. 94. SE7812
02 AG. SN. 98. 985PM1211
04 AB. RD. 97. 981503 2
04 CY. 09. 94. 94CY032 3
05 DF. BE. X. V11310
06 cpx. AU. 96. BFP90
07 BC. CN. 98. 98CN090
09 BC. CN. 97. 97NCXG 6F
09 BC. CN. 97. 97NCXG 9111
10 CD. TZ. 96. 96ZT BF061
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816
12 BF. AR. 99. ARMA1505
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849
14 BF. AR. 99. 99AR038
15 01B. TH. 99. 99TH UM2079
16 AZD. KR. 97. 97KR004
17 BF. AR. 99. ARMA038
18 cpx. CU. 99. CU76
19 cpx. CU. 99. CU1870
20 cpx. CU. 99. CU183
21 AZD. KE. 99. KER2003
22 01A1. CM. 01. 011CM 0001BBY
23 BG. EU. 03. C8118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 01B. TH. 99. 99TH 0218E
26 CD. CD. 02. 02CD MBT8047
27 cpx. FR. 04. 04CD FR KZ5
28 BF. BR. 09. BREP6M12609
29 BF. BR. 01. BREP6M16704
33 BC. BA. 04. 04BR1424
37 01B. TH. 97. 97TH 0369
33 01B. ID. 97. 97JKT189 C
34 01B. TH. 99. 09UR2478P
35 AD. AF. 07. 07169H
36 cpx. CM. 98. 08CNYU830
37 01B. TH. 99. 99TH 0926
38 BF. IY. 03. IYU93 3389
39 BF. BA. 04. 04BBR17J
40 BF. BS. 05. 05BBR13055
42 BF. LU. 06. LU08 18 06
43 02G. SA. 03. 031223
44 01B. TH. 06. CH80
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK
46 BF. BR. 07. 07BR FP5625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 01B. TH. 99. 99TH 02677
50 AID. GB. 10. T792
51 01B. SG. 11. 11SG HM021
52 01B. MY. 03. 03MYK1018 1
53 01B. MY. 11. 11FR184
54 01B. MY. 09. 09MYB023
55 01B. CM. 10. 10CM HS102056
56 cpx. FR. 10. URF5 patient
57 BC. CN. 09. 09NYLU19xsg
58 01B. MY. 09. 09MYPY33
59 01B. MY. 09. 09YSLA427
60 01B. BA. 09. 09BA0000
61 BC. CN. 10. 10L09010
62 BC. CN. 10. YNF131
63 02A1. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNF131
65 cpx. CN. 98. YNF161
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
70 BF. I. BR. 10. 10BR PE004
71 BF. I. BR. 10. 10BR PE008
72 BF. I. BR. 10. 10BR MG002
0. CM. 98. 98CMA104
0. CM. 98. 98CMAAB141
0. CM. 98. 98CMAAB212
0. CM. 98. 98CMAU337
0. CM. 98. 98CMAU4122
0. FR. VAL
0. GA. 11. 11GAB6352
0. SN. 99. 99SE MP1299
0. US. 10. LTNP
N. CM. 02. D100131
N. CM. 02. SJ6dd
N. CM. 06. 0604CM 015 04
N. CM. 06. U14296
N. CM. 06. U48442
N. FR. 11. N1 FR 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. CD. 06. BF1167
CPZ. CM. 05. SV1Cp2MT145
CPZ. GA. 88. GAB1
CPZ. GA. 88. SV1Cp2TAN13
CPZ. US. 05. Marylin
GOR. CM. 07. SVigor2139 287
GOR. CM. 07. SVigorCP2135cso

[illegible]

B. FR. 83. HXB2	ACAGAGGCACTGCAAAAAAATACACAGAAAGCATAGTAATATGGGGAAGACTCTAAATTTAAATGCGCCATACAAAAGGAAACATGGGAACATGGTGGACAGAGATTGGCAAGCCACTGGATTCTGAGTGGAGATTGTTAATACCCCTCCCTTAGTGAAAT	3823
Pol	T E A V Q K I T T E S I V I W G K T P K F K L P I Q K E T W E T W W T E Y W Q A T W I P E W E F V N T P L V K L	
A1.AU.03.PS1044 Day0	G - A-TG - G-GGT -TG - T - A - A - C - TG - C - G - T - C - A - C -	3031
A1.CH.03.HIV CH BID V3538	- CA-TG - G - G - C - C-G - A - GA - C - TG - C - G - T - C - A - C -	3028
A1.CY.08.CY236	- A-TG - G - G - TG - G - A - A - CT - TG - C - G - T - C - A - C -	3034
A1.ES.05.X1608 8	G - A-TG - G - G - TG - G - A - A - CT - TG - C - G - T - C - A - C -	3034
A1.KE.11.DEMA11KE001	- A-TG - GG-GGT -TG - T - G - A - A - G - TG - T - G - T - A - A - C -	3162
A1.RU.11.11RU6950	- CA-TG - GG-GG -TG - G - A - A - G - TG - T - C - G - T - A - A - C -	3347
A1.RW.11.DEMA111RW002	- A-TG - A - G - TG - G - A - A - G - TG - C - G - T - A - A - C -	3174
A1.SN.01.DDI579	GT - A-TG - G-GGT -TG - G - C - G - A - A - TG - C - G - T - AT - C - A - C -	3021
A1.UG.11.DEMA111UG001	- A-TG - G-GGT -TG - G - C - G - A - A - TG - C - G - T - A - A - C -	3021
A1.ZA.04.04ZASK162B1	- A-TG - GG-GGT -TG - G - C - G - A - A - TG - C - G - T - A - A - C -	3264
A2.CM.01.01CM 1445MV	- A - A - GT -TG - G - G - G - T - A - G - G - G - G - T - A - C -	3022
A2.CY.94.94CY017 41	- A - A - GT -TG - G - G - G - T - A - G - G - G - G - T - A - C -	3180
B.BR.10.10BR MG029	G - A - GT -TG - G - A - A - G - G - G - G - T - A - C -	3285
B.CA.07.502 1191 03	- G - G - G - A - GA - C - G - A - C - A - C -	3250
B.CH.08.M2 0803101 NFLG8	- G - G - G - A - GA - C - G - A - C - A - C -	3292
B.CN.10.DEMB10CM002	- G - G - G - A - GA - C - G - A - C - A - C -	3195
B.ES.10.DEMB10ES002	- G - G - G - A - GA - C - G - A - C - A - C -	3185
B.FR.11.DEMB11FR001	- G - TCA - T - A - A - T - C - G - A - A - G - T - A - C -	3069
B.GB.05.MM45d213 GN1	- G - T - G - G - T - A - A - C - G - A - A - C -	3224
B.HK.06.HK003	- G - G - G - A - A - C - G - A - A - C -	3193
B.HT.05.05HT 129389	- G - G - G - A - A - C - G - A - A - C -	3024
B.JP.12.DEMB12JP001	- C - G - G - G - G - GA - TA - G - A - A - G - TG - G - A - C -	3210
B.KR.07.HP 18 07JHS10 3909	- G - T - G - T - G - A - A - G - TG - T - A - G - C -	3487
B.PE.07.502 0525 wg5	- A - G - G - G - T - A - G - A - G - G - G - A - A - C -	3288
B.RU.11.11RU21n	- G - T - G - G - G - A - A - G - G - G - A - A - C -	3394
B.TH.08.MERLBDTRC10	- C - A - G - G - C - C - G - A - G - G - G - T - C - A - C -	3056
B.US.11.E538	- G - G - G - G - G - A - G - A - G - G - G - T - A - C -	3758
C.AR.01.ARC4006	- G - CAG - A - C - G - T - A - C - G - A - GT - C - C - A - C -	3007
C.BR.07.DEMC07BR003	- G - CAG - G - A - C - G - T - A - C - G - A - GT - C - C - A - C -	3155
C.BW.00.00BW5031 1	- G - CTG - T - G - A - T - G - A - T - C - C - A - C -	3194
C.CN.10.YNFL19	G - T - G - TG - T - G - A - C - G - G - G - C - A - A - C -	3176
C.CY.09.CY260 2	- G - AG - T - G - G - A - C - G - G - G - C - A - A - C -	3046
C.ES.08.X2363 2	- G - CT - G - G - A - C - G - G - G - C - A - A - C -	3054
C.FT.02.02FT 268	- G - CT - G - G - A - C - G - G - G - C - A - A - C -	3054
C.IN.09.T125 2139	- T - G - G - CT - G - A - C - G - G - G - C - A - A - C -	3799
C.KE.00.KER2010	- G - G - G - G - T - A - C - A - G - G - G - C - A - A - C -	3004
C.MW.09.703010256 CH256.w96	- T - G - TG - TG - G - T - G - G - A - C - A - G - C - C - A - C -	3803
C.TZ.08.707010457 CH457.w8	- A - G - TG - TG - G - T - G - G - A - C - A - G - C - C - A - C -	3797
C.YE.02.02YE 34	- G - G - G - TG - G - T - G - G - A - C - A - G - C - C - A - C -	3798
C.ZA.08.705010534 CH534.w12 G	- G - G - G - TG - G - T - G - G - A - C - A - G - C - C - A - C -	3813
C.ZA.10.DEMC10ZA001	- G - G - CAG - T - G - G - A - T - A - G - C - C - A - C -	3163
C.ZM.11.DEMC11ZM006	- G - G - TG - T - G - G - A - C - A - G - C - C - A - C -	3172
D.CM.10.DEMD10CM009	- G - TG - C - G - A - G - G - G - A - T - C -	3198
D.CY.06.CY163	- G - TG - C - G - A - G - G - G - A - T - C -	3031
D.KE.11.DEMD11KE003	- A - ACAC - T - T - G - G - A - G - C - C - T - T -	3173
D.KR.04.04KR04	- A - G - CA - G - G - G - A - G - G - T - A - G - C -	3782
D.SN.90.SE365	- A - G - CA - G - G - G - A - G - G - T - A - G - C -	3840
D.TZ.01.A280	- G - CT - G - T - G - A - T - G - A - G - G - T - T -	3024
D.UG.10.DEMD10UG004	- G - CA - T - T - G - A - G - G - A - G - G - T - T - G -	3161
D.UG.11.DEMD11UG003	- G - CA - T - T - G - A - G - G - A - G - G - T - T -	3178
D.YE.02.02YE516	- T - G - CA - T - T - G - A - G - G - A - G - G - T - T -	3034
D.ZA.90.R1	- G - TT - T - G - G - G - G - G - G - G - G - T - A - C -	3169
F1.A0.06.A0 06 ANG32	- A - GG - G - T - TG - G - G - T - A - G - G - G - T - CAGTAT - A - C - C - TC - A - C -	3034
F1.AR.02.ARE933	- A - G - G - TCA - C - G - G - A - T - A - G - G - T - T - A - C - C - TC - A - C -	3117
F1.BR.10.10BR RJ015	- A - GG - T - TCT - C - T - G - G - A - T - A - G - G - T - T - A - C - C - TC - A - C -	3296
F1.CY.08.CY222	- G - GTTCAG - G - A - T - G - A - A - G - GG - A - T - T - A - C - C - TC - A - C -	3016
F1.ES.02.ES X845 4	- A - G - G - TCTG - G - A - G - A - G - GG - A - T - T - A - C - C - TC - A - C -	3275
F1.RO.96.RO 807	- A - G - G - TGT - G - A - G - A - G - GG - A - T - T - A - C - C - TC - A - C -	3047
F1.RU.08.D88 845	- A - G - G - TGT - G - A - G - A - G - GG - A - T - T - A - C - C - TC - A - C -	3282
F2.CM.02.02CM 0016BBY	- A - TG - A - G - G - G - G - G - G - A - A - G - G - A - C - C - TC - A - C -	3013
F2.CM.10.DEMF210CM001	- T - G - G - G - G - G - G - G - G - A - G - G - A - C - C - TC - A - C -	3087
F2.CM.10.DEMF210CM007	- T - G - G - G - G - G - G - G - G - A - G - G - A - C - C - TC - A - C -	3170
G.BE.96.DRCBL	- A - T - A - G - GG - A - A - T - T - A - T - A - A - GTG - G - T - C - T - C -	3780
G.CM.10.DEMG10CM008	- A - T - A - G - G - A - A - A - T - G - A - T - AG - A - TG - C - G - T - T - C -	3204
G.CN.08.CX 2084 08	- A - T - A - G - G - A - A - A - T - G - A - T - AG - A - TG - C - G - T - T - C -	3063
G.CU.99.Cu74	GT - A - T - G - T - G - A - A - AGT - A - T - AG - A - GT - C - G - T - T - A - C -	3427
G.ES.09.X2634 2	- A - T - GG - T - G - A - A - GG - A - T - AG - A - GT - C - G - T - T - A - C -	3306
G.GH.03.03GH175G	- A - TG - G - GG - A - A - AGT - A - T - AG - A - GT - C - G - T - T - A - C -	3863
G.KE.09.DEMG09KE001	- A - T - G - G - G - G - A - T - G - A - GT - A - C - G - T - C - C - C -	3198
G.NG.09.09NG SC62	- A - T - G - G - G - G - A - T - G - A - GT - A - C - G - T - C - C - C -	3015
G.ZA.01.TV546	- T - G - TGT - T - G - A - T - AG - A - GT - A - C - G - T - C - C -	3025
H.BE.93.VI991	- A - T - A - G - T - A - T - G - T - A - T - A - G - C - C - A - C - ATC -	3212
H.CF.90.056	- A - G - T - T - A - T - G - A - T - A - G - C - C - A - C - ATC -	3170
H.GB.00.00GBAC4001	- A - TGT - G - A - T - A - T - A - G - G - G - G - C - ATC - G - A -	3341
J.CM.04.04CMU11421	- A - G - TTG - G - G - A - G - A - R - Y - G - C - TC - A -	3329
J.SE.93.SE9280 7887	- A - TG - G - TTG - GC - G - A - GA - G - C - C - G - C - TC - A - G -	3137
J.SE.94.SE9173 7022	- T - C - A - TG - G - TTG - GC - G - A - GA - G - C - C - G - C - TC - A -	3138
K.CD.97.97ZR EQTB11	- A - T - G - TG - G - A - A - GG - A - G - C - A - C - A - C -	3019
K.CM.96.96CM MP535	- A - T - G - G - G - G - A - A - GG - A - G - C - A - C - A - C -	3019
U.CA.01.TV749	- A - T - G - G - TG - T - G - G - G - C - G - C - A - TG - TG - C - TC - A -	3840
U.CA.99.TV721	- A - T - G - G - TG - T - G - G - G - C - G - C - A - TG - TG - C - TC - A -	3829
U.CD.83.83CD003 23	- A - T - T - TG - T - G - T - C - C - G - G - GT - TG - C - TC - A - G -	3318
U.CD.90.90CD121E12	- A - T - T - TG - T - G - T - C - C - G - G - GT - TG - C - TC - A - G -	3022
U.CY.05.CY090	- A - A - T - T - G - G - A - G - C - T - G - G - G - T - A - C - T - C -	3022
U.CY.08.CY223	GT - A - T - G - CA - G - AGTC - G - A - G - G - T - TG - C - G - T - A - C -	3040
U.ES.10.DEURF10DZ001	- A - T - G - CT - G - G - G - A - A - G - T - C - C - C - A - C -	3049
U.GR.99.99GR083	- A - T - G - CT - G - G - G - A - A - G - T - C - C - C - A - C -	3094
U.NL.95.U.NL 95 H10986_D1	- A - T - G - TG - G - A - G - G - A - T - A - G - G - A - C - C - A - GC -	3708
01.AE.AF.07.569M	- A - T - G - G - G - G - C - G - A - A - TG - G - T - G - G - A -	3029
01.AE.CF.90.90CF11697	- A - TG - GG - GG - C - G - A - GA - G - G - G - T - A - C -	3772
01.AE.CN.10.YNFL03	- G - A - TG - G - T - C - G - A - GA - G - G - G - T - A - C -	3201
01.AE.HK.04.HK001	- A - TG - GT - G - C - G - A - GA - TG - G - T - A - C -	3185
01.AE.IR.10.10IR THR48F	- A - TG - G - G - G - A - GA - TG - G - T - A - C -	3185
01.AE.JP.X.JRC77AE	- A - TG - G - G - G - A - GA - TG - G - T - A - C -	3820
01.AE.TH.09.AA090a WG11	- A - TG - G - G - TG - C - G - A - GA - TG - G - T - A - C -	3246
01.AE.TH.90.CM240	- A - TG - G - G - G - C - G - A - GA - TG - G - T - A - C -	3397
01.AE.US.05.306163 FL	- A - TG - GT - G - C - G - A - GA - TG - G - T - A - C -	3014
01.AE.VN.98.98VND15	- A - TG - GT - G - C - G - A - GA - TG - G - T - A - C -	3078

B.FR.83.HXB2

02 AG. CM. 10. D.E000210CM013
 02 AG. CY. 09. CY2556
 02 AG. ES. 06. P17013
 02 AG. GM. 05. C5 0048
 02 AG. KR. 12. 12PHR9
 02 AG. LR. x. POC444951
 02 AG. NG. 09. 98SG SC61
 02 AG. NG. x. IBNG
 02 AG. NG. 04. 94 S7812
 02 AG. SN. 98. 98S985 MP1211
 03 AB. RU. 97. KAL153 2
 04 CFX. BE. x. V4104032 3
 05 AD. BE. x. 9701013
 07 AU. 06. B909
 07 BC. CN. 98. 98CNGX
 08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F
 09 Cpx. GH. 96. 96GH2911
 10 CD. TZ. 96. 96GTZ BF061
 11 CD. TZ. 96. 96GTZ BF061
 12 BF. AR. 99. ARMA155
 13 Cpx. CM. 96. 96CM 1849
 14 BG. ES. 05. X1870
 15 IB. TH. 99. 99TH MU2079
 16 AZD. KR. 97. 97KR04
 17 BF. AR. 99. ARN338
 18 Cpx. CU. 99. CU76
 19 Cpx. CU. 99. CU76
 20 BG. CU. 99. CU103
 21 ID. KE. 99. 99KE003
 22 G1. CM. 00. 00C1CM 0001BBY
 23 Cpx. CN. 03. CB118
 24 BG. ES. 08. X2456 2
 25 Cpx. CN. 02. 021918E
 26 AU. CD. 02. 02CD MBT047
 27 Cpx. FR. 02. 02FR 97 KZ5
 28 BF. 09. 09. BREPM12609
 29 BF. BR. 01. BREPM16704
 31 BC. BR. 04. 04BR142
 32 96AL. EE. 01. EE0369
 33 IB. ID. 07. 07ID189 C
 34 Cpx. AU. 99. 99AUX278P
 35 AD. AF. 07. 169H
 36 Cpx. CM. 00. 00CMNYU830
 37 Cpx. CM. 00. 00CMNYU830
 38 BF1. UY. 03. UY03 3389
 39 BF. BR. 09. 09BRF3179
 40 BF. BR. 05. 05BRR3055
 42 BF. LU. 06. 06BF 186
 43 BG. SA. 03. J11223
 44 92F. CN. 08. CH80
 45 BF. BR. 04. 04BR AUK
 46 BF. BR. 07. 07BR FSP625
 47 BF. ES. 08. P1942
 48 IB. MY. 07. 07MYT021
 49 Cpx. GM. 03. N26677
 50 IB. GB. 10. 12J82
 51 IB. BR. 11. 1156 H0811
 52 IB. MY. 03. 03MYK10121
 53 IB. MY. 11. 11FTR164
 54 IB. MY. 09. 09MYSB023
 55 IB. CN. 10. HNC5102056
 56 BF. CN. 09. 09BF patient
 57 BC. CN. 09. 09BNX1950
 58 IB. MY. 09. 09MYPR37
 59 IB. MY. 09. 09NLNA423
 60 BC. IT. 11. BVF439
 61 IB. CN. 10. 10CN1010
 62 BC. CN. 10. CN9F13
 63 02AI. RU. 10. 10RU6637
 64 BC. CN. 09. YNFL31
 65 Cpx. CN. 10. YNFL01
 66 IB. CN. 11. CNHUT HF115
 67 IB. CN. 11. ANHUT WH73
 70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
 71 BF1. BR. 10. 10BR PE008
 72 BF1. BR. 10. 10BR MG002
 0. BE. 07. AN780
 0. CN. 98. CNMA104
 0. CN. 98. 98CMA8B112
 0. CN. 98. 98CMA8B212
 0. CN. 98. 98CMU5332
 0. CN. 99. 99CMU4177
 0. CN. 99. 99CMU4177
 0. CN. 99. 99CMU4177
 0. GA. 11. 11GAB6352
 0. SN. 99. 99SN MP1299
 0. US. 10. LTNP
 N. CM. 02. D300131
 N. CM. 02. S3Gddd
 N. CM. 04. 04CM 1015_04
 N. CM. 04. 04CM 1015_04
 N. CM. 06. U44842
 N. FR. 11. N1 FR 2011
 P. CM. 06. U41788
 P. FR. 09. RBF168
 CPZ. CD. 06. BFZ1167
 CPZ. CD. 05. S5VcpMT145
 CPZ. US. 88. GAB1
 CPZ. US. 88. S5VcpTAN13
 CPZ. US. 85. US Marilyn
 GOR. CM. 07. S5Vgor2139 287
 GOR. CM. 07. S5VgorCP2135 308

[illegible]

[illegible]

FR. 83. HXB2
Pol

A1. AU. 03. PS1044 Day0
A1. CH. 03. HTV CH BID V3538
A1. CY. 08. CY236
A1. ES. 05. X1608 8
A1. FR. 08. DEMB11KE001
A1. RU. 11. 11RU06950
A1. RW. 11. DEMA111RW002
A1. SN. 01. AD1579
A1. UG. 11. DEMA110UG001
A1. UG. 11. DEMB1116ZB1
A2. CM. 01. 01CM 1445MW
A2. CY. 04. 94CY017 41
B. BR. 10. 10BR MG029
B. CA. 07. 502 1191 03
B. CH. 08. M2 0803101 NFLG8
B. CN. 10. DEMB10CN002
B. CN. 10. DEMB10CN002
B. FR. 11. DEMB11FR001
B. GB. 05. MM450213 GN1
B. HK. 06. HK003
B. HT. 05. 05HT 129389
B. IN. 02. 02IN12JP001
B. KR. 07. HP 18 07HS10 3909
B. PE. 07. 502 0525 w5 5
B. RU. 11. 11RU21n
B. TH. 08. MERLBDTRC10
C. BR. 07. 538
C. AR. 01. ARC4006
C. BR. 07. DEMC07BR003
C. BW. 06. 00BW05031 1
C. CN. 10. YNFL19
C. CY. 09. CY260
C. ES. 05. X2632 6
C. FR. 02. 02ET 2082
C. IN. 09. 1125 2139
C. KE. 00. KER2010
C. MW. 09. 793010256 CH256.w
C. TZ. 08. 787010457 CH457.w
C. ZA. 08. 785010534 CH534.w
C. ZA. 10. DEMB10ZA001
C. ZM. 11. DEMC11ZM006
C. ZM. 10. DEMD10CM090
C. ZM. 10. DEMD10CM090
D. CY. 06. CY163
D. JY. 08. DEMJ11KE003
D. KR. 04. 04KXB8
D. SN. 90. SE365
D. TZ. 01. A280
D. UG. 10. DEMD10UG004
D. UG. 10. DEMD10UG003
D. YE. 02. 02YE516
D. ZA. 06. R1
F1. AO. A0 06 ANG32
F1. AR. 02. ARE933
F1. BR. 10. 10BR RJ022
F1. CY. 08. CY222
F1. ES. 05. X2632 6
F1. FR. 08. DEMB11KE001
F1. RO. 96. BCI R07
F1. RU. 08. D88 845
F2. CM. 02. 02CM 0016BBY
F2. CM. 10. DEMF210CM001
F2. CM. 10. DEMF210CM007
G. BR. 07. DRB31
G. CN. 10. DEMG10CM008
G. CN. 08. G6 2084 08
G. CU. 99. Cu74
G. ES. 09. X2634 2
G. GH. 03. 03GH 126
G. KR. 08. 08YNF103
G. NG. 09. 09NG SC62
G. ZA. 01. TV546
H. BE. 93. Y1991
H. CF. 09. 056
H. GB. 00. 00GBAC4001
J. CM. 04. 04CM011421
J. ES. 03. X5282 7887
J. FR. 08. DEMB11KE001
K. CD. 97. 97ZTR E0TB11
K. CM. 96. 96CMP MP535
U. CA. 01. TV749
U. CA. 99. TV721
U. CD. 83. 83CD003 23
U. CD. 99. 90CD12IE12
U. CY. 08. CY090
U. ES. 10. DEURF10DZ001
U. GR. 99. 99GR303
U. NL. 95. U1 NL 95 H10986_D1

01 AE. AF. 07. 5609M
01 AE. CF. 90. 90CF11697
01 AE. FR. 08. YNF103
01 AE. HK. 04. HK001
01 AE. IR. 10. 10IR. THR48F
01 AE. JP. x. JRC779A
01 AE. TH. 09. AA990a WG11
01 AU. 03. PS1044 Day0
01 AU. 05. 05. 306163 FL
01 AE. VN. 98. 98VNND1

		p51 end and p66 RT continue_Pol p15 RNase H start			
B. FR. 83. HXB2		ATGTTACCAAGTTAGAGAAAGCCATAGTAGGAGCAGAAACCTTCTATGTAGATGGGGCAGTAACTAGGAGAGACTAAATAGGAAAGCAGGATATGTTACTAATAGAGAAAGCAAAAAGTTGTACCCCTAACTGACACAACAAATCAGAGAACTGAGTTACAAGCAA		3993	
Pol		W Y Q L E K E P I V G A E T F Y V D G A A N R E T K L G K A G Y V T N R G R Q K V Y T L T D T T N Q K T E L Q A			
02 AG. CM. 10. DE00210CM013	-	-	-	-	3360
02 AG. CY. 09. CY256	-	-	-	-	3189
02 AG. ES. 06. PY423	-	-	-	-	3430
02 AG. GW. 05. TC 0048	-	-	-	-	3343
02 AG. KR. 12. 12MHR9	-	-	-	-	3652
02 AG. LR. x. POC44951	-	-	-	-	3988
02 AG. NG. 09. 09NG SC61	-	-	-	-	3185
02 AG. NG. x. 1BNG	-	-	-	-	3518
02 AG. SE. 94. SE7812	-	-	-	-	3365
02 AG. SW. 98. 98SE MP1211	-	-	-	-	3190
03 AB. RU. 97. KAL153_2	-	-	-	-	3219
04 cpx. CY. 94. 94CY032_3	-	-	-	-	3359
05 DF. BE. x. V11310	-	-	-	-	3375
06 cpx. AU. 96. BF090	-	-	-	-	4021
07 BC. CN. 98. 98CN009	-	-	-	-	3325
08 BC. CN. 97. 97CNX 6F	-	-	-	-	3173
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	-	-	-	-	3195
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061	-	-	-	-	3372
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816	-	-	-	-	3357
12 BF. AR. 99. ARMA159	-	-	-	-	3998
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849	-	-	-	-	3398
14 BG. ES. 05. X1870	-	-	-	-	3460
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	-	-	-	-	3392
16 A2D. KR. 97. 97KR004	-	-	-	-	3356
17 BF. AR. 99. ARMA038	-	-	-	-	3377
18 cpx. CU. 99. CU176	-	-	-	-	3298
19 cpx. CU. 99. CU7	-	-	-	-	3219
20 BG. CU. 99. Cu103	-	-	-	-	3459
21 A2D. KE. 99. KER2003	-	-	-	-	3198
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY	-	-	-	-	3201
23 BG. CU. 03. T1816	-	-	-	-	3436
24 BG. ES. 08. X2456_2	-	-	-	-	3444
25 cpx. CM. 02. 1918LE	-	-	-	-	3201
26 AU. CD. 02. 02CD MBT047	-	-	-	-	3998
27 cpx. FR. 04. 04CD FR KZ5	-	-	-	-	3984
28 BF. BR. 99. BREPM12609	-	-	-	-	3359
29 BF. BR. 01. BREPM16704	-	-	-	-	3394
31 BC. BR. 04. 04BR142	-	-	-	-	3465
32 06A1. EE. 01. EE0369	-	-	-	-	3628
33 01B. ID. 07. JKT189_C	-	-	-	-	3294
34 01B. TH. 99. 01BTH2478P	-	-	-	-	3193
35 AD. AF. 07. 169H	-	-	-	-	3198
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830	-	-	-	-	3183
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926	-	-	-	-	3416
38 BF1. UY. 03. UY03 3389	-	-	-	-	3470
39 BF. BR. 04. 04BRJ179	-	-	-	-	3476
40 BF. BR. 05. 05BRJ305	-	-	-	-	3547
42 BF. LU. 06. 06LUF 18_06	-	-	-	-	3518
43 02G. SA. 03. J11223	-	-	-	-	3435
44 BF. CL. 00. CH80	-	-	-	-	3979
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK	-	-	-	-	3431
46 BF. BR. 07. 07BR1 FFS625	-	-	-	-	3432
47 BF. ES. 08. 19042	-	-	-	-	3198
48 01B. MY. 07. 07MYKT021	-	-	-	-	3415
49 cpx. GM. 03. N26677	-	-	-	-	3400
50 A1D. GB. 10. 12792	-	-	-	-	3200
51 01B. SG. 11. 11SG HM021	-	-	-	-	3307
52 01B. MY. 03. 03MYK1018_1	-	-	-	-	3333
53 01B. MY. 11. 11IFIR164	-	-	-	-	3395
54 01B. MY. 09. 09MYS0203	-	-	-	-	3303
55 01B. CN. 10. 10HNC5102056	-	-	-	-	3344
56 cpx. FR. 10. 10FR patient A	-	-	-	-	3338
57 BC. CN. 09. 09CNX1959	-	-	-	-	3177
58 01B. MY. 09. 09MYP33	-	-	-	-	3950
59 01B. CN. 09. 09LNA423	-	-	-	-	3414
60 BC. IT. 11. BAV499	-	-	-	-	3322
61 BC. CN. 10. J1100010	-	-	-	-	3534
62 BC. CN. 10. YNFI13	-	-	-	-	3347
63 02A1. RU. 10. 10RU6637	-	-	-	-	3364
64 BC. CN. 09. YNFI131	-	-	-	-	3336
65 cpx. CN. 10. YNFI101	-	-	-	-	3327
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115	-	-	-	-	3657
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73	-	-	-	-	3501
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004	-	-	-	-	4047
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008	-	-	-	-	3479
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002	-	-	-	-	3483
0. BE. 87. ANT70	-	-	-	-	3480
0. CM. 98. 98CM104	-	-	-	-	3478
0. CM. 98. 98CMABE11	-	-	-	-	3559
0. CM. 98. 98CMABE212	-	-	-	-	3204
0. CM. 98. 98CMU5337	-	-	-	-	4046
0. CM. 99. 99CMU4122	-	-	-	-	3968
0. FR. 92. VAU	-	-	-	-	3499
0. GA. 11. 11GAB6352	-	-	-	-	3483
0. SH. 99. 99SHF MP1299	-	-	-	-	3498
0. US. 10. LTNP	-	-	-	-	3496
N. CM. 02. DJ00131	-	-	-	-	3394
N. CM. 02. SJGddd	-	-	-	-	3424
N. CM. 04. 04CM 1015_04	-	-	-	-	4028
N. CM. 06. U14296	-	-	-	-	4095
N. CM. 06. U14842	-	-	-	-	3535
N. FR. 11. N1. CT 2011	-	-	-	-	4054
P. CM. 06. U14788	-	-	-	-	4053
P. FR. 09. RBF168	-	-	-	-	3530
CPZ. CD. 06. BF1167	-	-	-	-	3529
CPZ. CM. 05. SIVcpzMT145	-	-	-	-	
CPZ. GA. 88. GAB1	-	-	-	-	
CPZ. TZ. 06. SIVcpzTAN13	-	-	-	-	
CPZ. US. 85. US Marilyn	-	-	-	-	
GOR. CM. 07. SIVgor2139_287	-	-	-	-	
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con	-	-	-	-	

B.FR.83.HXB2
Pol

AI. AU. 03. PS1044 Day0
 AI. CH. 03. HIV CH_BID_V3538
 AI. CY. 08. CY236
 AI. ES. 05. XI608 8
 AI. KE. 11. DEMAI1KE001
 AI. RU. 11. LUR65951
 AI. RU. 11. LUR65951 RW002
 AI. SN. 01. DDI579
 AI. UG. 11. DEMAI10UG001
 AI. ZA. 04. 84ZAS162B1
 AI. ZH. 04. 84ZAS162B1 1445MW
 AZ. 04. 84ZCY017 41
 B. BR. 10. 10BR MG029
 B. CA. 07. 502 1191 03
 B. CH. 08. 202 0803101 NFLG8
 B. CN. 10. DEMB10CN002
 B. ES. 10. DEMB10CN002
 B. GB. 05. 08MB10CN002
 B. GB. 05. MM450213 GN1
 B. HK. 06. HK003
 B. HT. 05. 05HT 129389
 B. JP. 12. DEMB12JP001
 B. JP. 12. DEMB12JP001 79510 3995
 B. PE. 07. 502 0525 wg5
 B. RU. 11. 11RU21N
 B. TH. 08. MERLBDTRC10
 B. US. 11. ES38
 C. AR. 01. ARC4006
 C. BR. 07. DEMC07BR003
 C. BR. 07. 09WB5031 1
 C. CN. 10. YNFL19
 C. CY. 09. CY260
 C. ES. 08. XZ363 2
 C. ET. 02. KET2 280
 C. ID. 03. ID139
 C. KE. 06. 062010
 C. MW. 09. 703010256 CH255.w
 C. TZ. 08. 70710457 CH457.w
 C. YE. 02. 02Y02 10354
 C. ZA. 10. 0505010534 CH534.w
 C. ZA. 10. DEM10ZM006
 C. ZM. 11. DEMC11ZM006
 D. CM. 10. DEMD10CM006
 D. CY. 06. CY163
 D. KE. 11. DEMD11KE003
 D. KR. 04. 04KB8
 D. SN. 09. SE365
 D. TZ. 01. A280
 D. UG. 10. DEMD10UG004
 D. UG. 11. DEMD11UG004
 D. YU. 02. 02Y516
 D. ZA. 90. R1
 F1. AU. 06. A0 06 ANG32
 F1. AR. 02. ARE933
 F1. BR. 10. 10BR RJ015
 F1. CY. 08. CY222
 F1. ES. 05. ES X845 4
 F1. ES. 06. BCI 0977
 F1. RU. 08. D88 845
 F2. CM. 02. 02CM 0016BBY
 F2. CM. 10. DEMF210CM001
 F2. CM. 10. DEMF210CM007
 G. BE. 96. DRCB
 G. BR. 07. DEMG10BR008
 G. CN. 08. G8 2084 08
 G. CU. 09. Cu74
 G. ES. 09. XZ634 2
 G. GH. 03. GHG175G
 G. NG. 09. 09NG 001
 G. NG. 09. 09NG SC62
 G. ZA. 01. TV546
 H. BE. 93. VI991
 H. CF. 90. 0056
 H. GB. 08. 08GBAC40
 J. CM. 04. 04CMU11421
 J. SE. 93. SE9280 7877
 J. SE. 93. SE9280 7877
 K. D. 97. 97ZC 0022
 K. D. 97. 97ZTR EOTB11
 K. CM. 96. 96CM MP535
 U. CA. 01. TV749
 U. CA. 09. TV721
 U. CD. 83. 83CD003 23
 U. CD. 90. 90CD121E12
 U. CY. 05. CY996
 U. ES. 08. CY232
 U. ES. 10. DEURF10DZ001
 U. GR. 99. 99GR303
 U. NL. 95. 95NL H5 H10986_D1
 01. AE. AF. 97. 569M
 01. AE. CF. 98. 90CF11697
 01. AE. CF. 98. 90CF11697
 01. AE. HK. 04. HK001
 01. AE. IR. 10. 10IR. THR48F
 01. AE. JP. X. JRC779A
 01. AE. TH. 89. A49909a WG11
 01. AE. TH. 89. A49909a WG11
 01. AE. US. 05. 306163 FL
 01. AE. VN. 98. 98VNND13

[illegible]

3371
3368
3364
3611
3502
3687
3514
3361
3518
3604
3362
3520
3625
3590
3632
3533
3522
3408
3564
3533
3364
3550
3628
3374
3396
4098
3347
3495
3534
3386
3594
3365
4139
4143
4137
3338
4153
3503
3538
3371
4122
4180
3364
3501
3518
3374
3509
3374
3457
3636
3356
3615
4187
3622
3353
3427
3510
4120
3544
3403
3646
4205
3538
3355
3365
3552
3510
3681
3669
3477
3478
3359
4180
4179
3658
3362
3380
3439
3434
4048
3369
4112
3525
3353
4160
3586
3737
3354
3418

73

02 AG.CM.10.DEO0210CM013
02 AG.CY.09.CY256
02 AG.ES.06.P1423
02 AG.ES.05.CC.0048
02 AG.KR.12.12MH9R
02 AG.LR.9.PC044951
02 AG.NG.09.09NG SC61
02 AG.NG.9.IBN0
02 AG.NG.04.01CM.7812
02 AG.SN.08.98S5 MP1211
03 AB.RU.97.KAL153 2
04 cp.xc.CY.94.94CY032 3
05 DF.BE.X.V11310
06 AG.CY.98.98C000
07 BC.CN.97.98C000
08 BC.CN.97.98CNGX 6F
09 cp.xc.GH.96.96GH2911
10 CD.TZ.96.96TZ BF061
11 cp.xc.CN.95.95CNGX 1816
12 CP.CN.97.98CNGX 159
13 CP.CN.96.96CM 1849
14 BG.ES.05.X1870
15 TB.TU.99.99TH MU2079
16 A2D.KR.97.97KR0084
17 CP.CN.99.99C00338
18 cp.xc.CU.99.CU76
19 CP.CU.99.CU7
20 BG.CY.99.CU103
21 A2D.KE.99.KER2003
22 AG.CY.99.99C0001BBY
23 BG.CY.03.CB118
24 BG.ES.08.X2456 2
25 cp.xc.CN.02.1918E
26 AU.CD.02.02CD MBT047
27 cp.CF.RR.04.04CF RR.KZ5
28 CP.CN.98.98CNGX 2609
29 BF.BR.01.BREPBM16704
31 BC.BR.04.04BR142
32 96A1.EE.01.EE0369
33 01B.D.07.JKT189 C
34 CP.CN.97.98CNGX 2478P
35 AD.AF.07.169H
36 cp.xc.CM.00.CMNYU830
37 cp.xc.CM.00.CMNYU926
38 BF1.UY.03.UY03 3389
39 CP.CN.97.98CNGX 199
40 BF.BR.05.05BRKJ055
42 BF.LU.06.LU8F 18 06
43 BG.SA.03.J11223
44 CF.CN.08.CH80
45 cp.CF.RR.04.04CF AUK
47 BF.ES.08.P1942
48 01B.MY.07.07MYK021
49 cp.GM.03.N26677
50 A1D.GB.10.1292
51 CP.CN.98.98CNGX HM021
52 01B.MY.03.03MYK108 1
53 01B.MY.11.11FTR164
54 01B.MY.09.09MYSR023
55 01B.CN.18.HMCS102056
56 CP.CN.97.98CNGX patient
57 BC.CN.09.09CN11959
58 01B.MY.09.09MYPR37
59 01B.CN.09.09LNA423
60 BC.IT.11.BVA499
61 CP.CN.97.98CNGX 10
62 BC.CN.10.YNFL31
63 02A1.RU.10.10RU6637
64 BC.CN.09.YNFL31
65 cp.xc.CN.1.YNFL01
66 CP.CN.98.ANHUI HF115
68 01B.CN.11.ANHUI WH73
70 BF1.BR.10.10BR PE004
71 BF1.BR.10.10BR PE008
72 BF1.BR.10.10BR MG002
0.BE.87.AN778
0.CM.98.98CNGX104
0.CM.98.98CMA8B114
0.CM.98.98CMA8B212
0.CM.98.98CMAU332
0.CM.99.99CMU4177
0.FR.92.AU
0.GN.99.11G6b352
0.SN.99.99S1P299
0.US.10.LTNP
N.M.02.DJ00131
N.M.02.SJ6dd
N.M.04.04CM 1015_04
N.M.02.A4250
N.M.06.U44842
N.FR.11.N1 FR 2011
P.CM.06.U41788
P.FR.09.RBF168
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.CD.95.SVCPMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.GA.95.SVCPZTAN13
CPZ.US.85.US Marilyn
GOR.CM.07.SVIGOR2139 287
GOR.CM.07.SVIGORCP213530

[illegible]

Pol p66 RT, Pol p15 Rnase H end, Pol p31 Integrase start

CACAAAGGAATTGGAGGAAATGAACAAGTAGATAAATTAGTCAGTGGCTGGGAATCAGGAAGACTACTATTTTAGATGGAATAGATAAGGCCCAAGAT. GAACATGAGAAATATCACAGTAATTGGAGAGCAATGGCTAGTGATTTTAACCTGCCACCTGTAGTAGCAAAAG	4332
H K K G I G G N E Q V D K L V S A G I R K V L F L D G I D K A Q D # E H E K T K Y H S N W R A M A S D F N L P P V V A K	4333
G G C T AAG GG T G T A T A G C A A T T A A G C C A T T A A A G	3540
G G C A A A G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3537
G G G G C T A A G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3543
G G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3780
G G G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3671
G G G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3856
G G G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3687
G G G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3530
G G G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3687
T G G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3773
G G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3531
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3689
C T A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3797
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3759
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3807
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3704
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3694
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3578
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3702
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3533
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3719
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3996
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3797
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3903
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3565
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	4267
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3516
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3664
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3703
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3688
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3555
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3763
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3534
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	4308
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3513
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3512
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	4306
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3507
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	4322
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3672
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3681
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3707
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3540
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3682
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	4291
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	4349
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3533
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3670
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3687
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3543
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3678
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3543
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3626
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3805
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3552
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3784
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	4356
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3791
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3822
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3596
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3679
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	4289
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3713
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3572
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3936
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3815
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3372
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3707
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3524
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3534
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3721
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3679
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3830
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3838
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3646
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3647
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3529
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3528
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	4349
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	4348
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3827
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3531
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3549
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3608
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3603
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	4217
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3538
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	4210
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3694
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3522
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	4329
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3755
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3906
T G A A A G G G C T A T A G C C A A T T A A A G	3523
T G A A A G G G C T A T A G C C	

FR. 83. HXB2
Pol

A1. AU. 03. PS1044 Day0
A1. CH. 03. HIV CH BID V3538
A1. CY. 08. CY236
A1. ES. 05. X1698 8
A1. FR. 02. DEMB11KE001
A1. RU. 11. 11RU6950
A1. RW. 11. DEMA111RW002
A1. SN. 01. DD1579
A1. UG. 11. DEMA110UG001
A2. CM. 01. 04ASK162B1
A2. CM. 01. 01CM 1445MV
A2. CY. 94. 94CY017 41
B. BR. 10. 10BR MG029
B. CA. 07. 502 1191 03
B. CH. 08. M2 08031801 NFLG8
B. CN. 10. 10CN1562B1
B. DE. 08. DEMB101802
B. FR. 11. DEMB11FR001
B. GB. 05. MM450213 GN1
B. HK. 06. HK003
B. HT. 05. 05HT 129389
B. JI. 02. 02J12DP001
B. KR. 07. HP 18 07HJS10 3909
B. RU. 11. 11RU21n
B. TH. 08. MERLBDTRC10
B. UG. 11. 11UG58
C. AR. 01. ARC4006
C. BR. 07. DEMC07BR003
C. BW. 00. 00BW5031 1
C. CN. 10. YNFI19
C. CY. 09. CY260
C. ES. 08. X2362 2
C. E2. 02. 02E2 288
C. IN. 09. T125 2139
C. KE. 00. KER2010
C. MW. 09. 703010256 CH256.w
C. TZ. 08. 070910457 CH457.w
C. ZA. 08. 080210256 CH256.w
C. ZA. 08. 705010534 CH534.w
C. ZA. 10. DEMC10ZA001
C. ZM. 11. DEMC11ZM006
D. CM. 10. DEMD10CM009
D. CY. 06. CY163
D. DE. 08. DEMD11KE003
D. KR. 04. 04KBB8
D. SN. 09. SE365
D. TZ. 01. A280
D. UG. 10. DEMD10UG004
D. UG. 10. DEMD10UG003
D. YE. 02. 02YE516
D. ZA. 09. 01

F1. A0. 06. A0 06 ANG32
F1. AR. 02. ARE933
F1. BR. 10. 10BR RJ015
F1. CY. 08. CY222
F1. DE. 02. ES X845 4
F1. RO. 96. BC1 R07
F1. RU. 08. D88 845
F2. CM. 02. 02CM 0016BBY
F2. CM. 10. DEMF210CM007
F2. CM. 10. DEMF210CM001
G. BR. 96. DRCB
G. CM. 10. DEMG10CM008
G. CN. 08. G6 2084 08
G. CU. 99. Cu74
G. ES. 09. X2634 2
G. GH. 03. 03GH4 2
G. KE. 03. 03GH9KE
G. NG. 09. 09NG SC62
G. ZA. 01. TV546
H. BE. 93. YI991
H. CF. 09. 056
H. GB. 08. 08GBAC4001
J. CM. 04. 04CMU11421
J. SE. 93. SE9202 7887
J. SE. 93. SE9173 103
K. CD. 97. 97ZTR E0TB11
K. CM. 96. 96CM MP535
U. CA. 01. TV749
U. CA. 99. TV721
U. CD. 83. CD0003 23
U. CD. 98. 98CD121E12
U. CY. 08. CY093
U. CY. 08. CY223
U. ES. 10. DEURF10D2001
U. GR. 99. 99GR303
U. NL. 95. 95 NL 95 H0986_D1

01. AE. AF. 07. 569M
01. AE. CF. 98. 90CF11697
01. AE. DE. 08. 08VNF103
01. AE. HK. 04. HK001
01. AE. IR. 10. 10IR. THR48F
01. AE. JP. X. JRC774
01. AE. TH. 89. A4990a WG11
01. AE. TH. 89. CM240
01. AE. US. 05. 05N6163 FL
01. AE. VN. 98. 98VNND13

Alignments

HIV-1/SIV cpz Complete Genomes

[illegible]

B. FR. 83. HXB2	AAATAGTAGCCAGCTGTGATAAATGTCAGCTAAAAGGAGGAAGCCATGCATGGACAAGTAGACTGTAGTCCAGGAATATGGCACTAGATTGTACACATTTAGAAGGAAAAGTTATCTGGTAGCAGTTTCATGTAGCCAGTGGATATATAGAAGCAGAAGTTATTCAGCA	4502
Pol	E I V A S C D K C Q L K G E A M H G Q V D C S P G I W Q L D C T H L E G K V I L V A V H V A S G Y I E A E V I P A	
A1.AU.03.PS1044 Day0	-T- - - - - C-AT- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - - G- - - - - A- - - - - T- - - - - A- - - - - C- - - - - C- - - - -	3710
A1.CH.03.HIV CH BID V3538	-G- -T- - - - - A- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - - TA- - - - - C- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - -	3707
A1.CY.08.CY236	- - - - - A- - - - - C- - - - - A- - - - - G- - - - - T- - - - - G- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - -	3713
A1.ES.05.X1608	- - - - - - - - - - A- - - - - G- - - - - C- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - -	3713
A1.KE.11.DEM11KE001	- - - - - - - - - - A- - - - - G- - - - - C- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - -	3950
A1.RU.11.11RU6950	- - - - - - - - - - A- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - - T- - - - - C- - - - -	3841
A1.RW.11.DEM111RW002	- - - - - - - - - - A- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - - T- - - - - C- - - - -	4026
A1.SN.01.DDI579	- - - - - - - - - - A- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - - T- - - - - C- - - - -	3853
A1.UG.11.DEM110UG001	-G- - - - - C- - - - - A- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - - T- - - - - C- - - - -	3700
A1.ZA.04.04ZASK162B1	- - - - - A- - - - - C- - - - - A- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - - T- - - - - C- - - - -	3877
A2.CM.01.01CM 1445MV	- - - - - T- - - - - T- - - - - G- - - - - A- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - - T- - - - - C- - - - - G- - - - -	3943
A2.CY.94.94CY017 41	- - - - - T- - - - - T- - - - - G- - - - - B- - - - - C- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - - T- - - - - C- - - - - G- - - - -	3701
B.BR.10.10BR MG029	-R- - - - - Y- - - - - M- - - - - - - - - - - - - - - -R- - - - - R- - - - - Y- - - - - - - - - -R- - - - - Y- - - - - C- - - - - G- - - - -	3859
B.CA.07.502 1191 03	-G- - - - - - - - - - A- - - - - - - - - - - - - - - -R- - - - - R- - - - - Y- - - - - - - - - -G- - - - - YY- - - - - - - - - -A- - - - -	3964
B.CH.08.M2 0803101 NFLG8	-G- - - - - T- - - - - G- - - - - - - - - - - - - - - -C- - - - - G- - - - - - - - - -G- - - - - A- - - - - - - - - -C- - - - - A- - - - -	3929
B.CN.10.DEMB10CM002	- - - - - T- - - - - - - - - - - - - - - -G- - - - - - - - - -G- - - - - - - - - -G- - - - - A- - - - - - - - - -C- - - - - T- - - - -	3971
B.ES.10.DEMB10ES002	- - - - - T- - - - - - - - - - - - - - - -G- - - - - - - - - -G- - - - - - - - - -G- - - - - A- - - - - - - - - -C- - - - - T- - - - -	3874
B.FR.11.DEMB11FR001	- - - - - - - - - - T- -	3864
B.GB.05.MM45d213 GN1	- - - - - - - - - - C- - - - - A- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - -	3748
B.HK.06.HK003	- - - - - T- - - - - C- - - - - A- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - -	3903
B.HT.05.05HT 129389	- - - - - - - - - - A- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - -	3872
B.JP.12.DEMB12JP001	- - - - - T- - - - - - - - - - A- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - -	3703
B.KR.07.HP 18 07JHS10 3909	- - - - - A- - - - - G- - - - - - - - - - - - - - - -G- - - - - C- - - - - C- - - - - G- - - - - A- - - - - - - - - -A- - - - -	3889
B.PE.07.502 0525 wg5	- - - - - - - - - - - - - - - -A- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - -	4166
B.RU.11.11RU21n	- - - - - - - - - - - - - - - -AA- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - -	3967
B.TH.08.MERLBDTRC10	- - - - - - - - - - C- - - - - - - - - - - - - - - -C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - -	4073
B.US.11.ES38	- - - - - - - - - - C- - - - - - - - - - - - - - - -C- - - - - G- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - -	3735
C.AR.01.ARG4006	- - - - - T- - - - - - - - - - G- - - - - T- - - - - CA- - - - - - - - - -T- - - - - T- - - - - - - - - -A- - - - - C- - - - - C- - - - -	4437
C.BR.07.DEMB07BR003	- - - - - T- - - - - - - - - - G- - - - - T- - - - - CA- - - - - - - - - -T- - - - - T- - - - - - - - - -A- - - - - C- - - - - C- - - - -	3686
C.BW.00.00BW5031 1	-G- - - - - C- - - - - - - - - - G- - - - - - - - - -C- - - - - GG- - - - - - - - - -C- - - - - A- - - - - A- - - - - G- - - - - C- - - - -	3834
C.CN.10.YNFL19	- - - - - T- - - - - C- - - - - - - - - - G- - - - - - - - - -C- - - - - G- - - - - - - - - -A- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - -	3873
C.CY.09.CY260	- - - - - T- - - - - - - - - - A- - - - - G- - - - - - - - - -C- - - - - G- - - - - - - - - -A- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - -	3855
C.ES.08.X2363 2	- - - - - A- - - - - T- - - - - A- - - - - G- - - - - T- - - - - A- - - - - - - - - -C- - - - - G- - - - - - - - - -A- - - - - C- - - - - C- - - - -	3725
C.FT.02.02FT 268	- - - - - T- - - - - C- - - - - T- - - - - G- - - - - T- - - - - A- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - G- - - - -	3933
C.IN.09.T125 2139	- - - - - T- - - - - C- - - - - T- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - G- - - - -	3704
C.KE.00.KER2010	- - - - - T- - - - - - - - - - G- - - - - CA- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - G- - - - - - - - - -A- - - - - C- - - - - C- - - - -	4478
C.MW.09.703010256 CH256.w96	- - - - - T- - - - - - - - - - G- - - - - A- - - - - - - - - -GG- - - - - - - - - -C- - - - - G- - - - - - - - - -A- - - - - C- - - - -	3683
C.TZ.08.707010457 CH457.w8	- - - - - T- - - - - - - - - - A- - - - - G- - - - - A- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - G- - - - - A- - - - -	4482
C.YE.02.02YE16	- - - - - T- - - - - T- - - - - G- - - - - A- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - G- - - - - A- - - - -	4476
C.ZA.08.705010534 CH534.w12	- - - - - T- - - - - G- - - - - C- - - - - T- - - - - G- - - - - A- - - - - - - - - -C- - - - - G- - - - - C- - - - - C- - - - - G- - - - -	4497
C.ZA.10.DEMC10ZA001	- - - - - T- - - - - A- - - - - G- - - - - T- - - - - CA- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - -	4492
C.ZM.11.DEMC11ZM006	- - - - - T- - - - - - - - - - G- - - - - - - - - -C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - -	3842
D.CM.10.DEMD10CM009	- - - - - T- - - - - - - - - - G- - - - - - - - - -C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - - C- - - - -	3851
D.CY.06.CY163	- - - - - T- - - - - - - - - - C- - - - - A- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - G- - - - - A- - - - -	3877
D.KE.11.DEMD11KE003	- - - - - T- - - - - G- - - - - C- - - - - A- - - - - - - - - -T- - - - - T- - - - - - - - - -C- - - - - G- - - - - - - - - -C- - - - -	3710
D.KR.04.04KR08	- - - - - T- - - - - - - - - - A- - - - - - - - - -T- - - - - T- - - - - - - - - -C- - - - - C- - - - - G- - - - - - - - - -C- - - - -	3852
D.SN.90.SE365	- - - - - T- - - - - - - - - - A- - - - - - - - - -T- - - - - T- - - - - - - - - -C- - - - - C- - - - - G- - - - - - - - - -C- - - - -	4461
D.TZ.01.A280	- - - - - T- - - - - - - - - - T- - - - - - - - - -T- - - - - T- - - - - - - - - -C- - - - - C- - - - - G- - - - - - - - - -C- - - - -	4519
D.UG.10.DEMD10UG004	- - - - - T- - - - - - - - - - T- - - - - - - - - -T- - - - - T- - - - - - - - - -C- - - - - C- - - - - G- - - - - - - - - -C- - - - -	3703
D.UG.11.DEMD11UG003	-G- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - - A- - - - - - - - - -TT- - - - - T- - - - - - - - - -C- - - - - G- - - - - - - - - -C- - - - -	3840
D.YE.02.02YE16	- - - - - T- - - - - - - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - - - - - - -T- - - - - T- - - - - - - - - -C- - - - - G- - - - - - - - - -C- - - - -	3857
D.ZA.90.R1	- - - - - T- - - - - - - - - - T- - - - - - - - - -T- - - - - T- - - - - - - - - -C- - - - - G- - - - - - - - - -C- - - - -	3713
F1.A0.06.A0 06 ANG32	- - - - - T- - - - - - - - - - G- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - G- - - - - - - - - -A- - - - - T- - - - - G- - - - -	3796
F1.AR.02.ARE933	-G- - - - - T- - - - - - - - - - G- - - - - A- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - C- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - -	3975
F1.BR.10.10BR RJ015	- - - - - T- - - - - - - - - - G- - - - - - - - - -G- - - - - G- - - - - - - - - -A- - - - - A- - - - - C- - - - - T- - - - - C- - - - -	3695
F1.CY.08.CY222	- - - - - A- - - - - T- - - - - - - - - - G- - - - - GA- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - C- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - -	3954
F1.ES.02.ES X845 4	- - - - - T- - - - - - - - - - G- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - C- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - - G- - - - -	3726
F1.R0.96.BC1 R07	- - - - - T- - - - - - - - - - G- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - C- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - - G- - - - -	3961
F1.RU.08.D88 845	- - - - - T- - - - - - - - - - G- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - C- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - - G- - - - -	3692
F2.CM.02.02CM 0016BBY	- - - - - C- - - - - T- - - - - G- - - - - A- - - - - - - - - -C- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - -	3766
F2.CM.10.DEMF210CM001	- - - - - C- - - - - T- - - - - G- - - - - A- - - - - - - - - -C- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - -	3849
F2.CM.10.DEMF210CM007	- - - - - C- - - - - T- - - - - G- - - - - A- - - - - - - - - -C- - - - - G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - -	4459
G.BE.96.DRCBL	-G- - - - - C- - - - - T- - - - - G- - - - - - - - - -G- - - - - A- - - - - - - - - -T- - - - - T- - - - - G- - - - - C- - - - -	3883
G.CM.10.DEMG10CM008	-G- - - - - C- - - - - T- - - - - G- - - - - - - - - -G- - - - - A- - - - - - - - - -T- - - - - T- - - - - G- - - - - C- - - - -	3742
G.CN.08.0X 2084 08	-G- - - - - C- - - - - T- - - - - G- - - - - - - - - -G- - - - - A- - - - - - - - - -T- - - - - T- - - - - G- - - - - C- - - - -	4106
G.CU.99.Cu74	-G- - - - - C- - - - - T- - - - - G- - - - - - - - - -G- - - - - A- - - - - - - - - -T- - - - - T- - - - - G- - - - - C- - - - -	3985
G.ES.09.X2634 2	-G- - - - - C- - - - - T- - - - - G- - - - - - - - - -G- - - - - A- - - - - - - - - -T- - - - - T- - - - - G- - - - - C- - - - -	4542
G.GH.03.03GH175G	-G- - - - - C- - - - - T- - - - - G- - - - - - - - - -G- - - - - A- - - - - - - - - -T- - - - - T- - - - - G- - - - - C- - - - -	3877
G.KE.09.DEMG09KE001	-G- - - - - C- - - - - T- - - - - G- - - - - - - - - -G- - - - - A- - - - - - - - - -T- - - - - T- - - - - G- - - - - C- - - - -	3694
G.NG.09.09NG SC62	-G- - - - - C- - - - - T- - - - - G- - - - - - - - - -G- - - - - A- - - - - - - - - -T- - - - - T- - - - - G- - - - - C- - - - -	3891
G.ZA.01.TV546	-G- - - - - C- - - - - T- - - - - G- - - - - - - - - -G- - - - - A- - - - - - - - - -T- - - - - T- - - - - G- - - - - C- - - - -	3849
H.BE.93.VI991	- - - - - T- - - - - - - - - - T- - - - - - - - - -G- - - - - C- - - - - C- - - - - T- - - - - C- - - - - G- - - - - C- - - - -	4020
H.CF.90.056	- - - - - T- - - - - - - - - - T- - - - - - - - - -G- - - - - C- - - - - C- - - - - T- - - - - C- - - - - G- - - - - C- - - - -	4008
H.GB.00.00GBAC4001	- - - - - T- - - - - - - - - - T- - - - - - - - - -G- - - - - C- - - - - C- - - - - T- - - - - C- - - - - G- - - - - C- - - - -	3816
J.CM.04.04CMU11421	-G- - - - - T- - - - - - - - - - R- - - - - G- - - - - - - - - -Y- - - - - - - - - -R- - - - - T- - - - - M- - - - - A- - - - -	3817
J.SE.93.SE9280 7887	-G- - - - - T- - - - - - - - - - G- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - - - - - -C- - - - -	3699
J.SE.94.SE9173 7022	-G- - - - - T- - - - - - - - - - G- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - - - - - -C- - - - -	3698
K.CD.97.97ZR EQTB11	- - - - - T- - - - - - - - - - C- - - - - - - - - -G- - - - - A- - - - - - - - - -G- - - - - GT- - - - - - - - - -A- - - - - A- - - - -	4519
K.CM.96.96CM MP535	- - - - - T- - - - - - - - - - C- - - - - - - - - -G- - - - - A- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - - - - - -C- - - - -	4518
U.CA.01.TV749	- - - - - T- - - - - - - - - - A- - - - - G- - - - - - - - - -G- - - - - GG- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - -	3997
U.CA.99.TV721	- - - - - T- - - - - - - - - - A- - - - - G- - - - - - - - - -G- - - - - GG- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - -	3701
U.CD.83.83CD003 23	- - - - - T- - - - - - - - - - A- - - - - G- - - - - - - - - -G- - - - - GG- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - -	3701
U.CD.90.90CD121E12	- - - - - T- - - - - - - - - - A- - - - - G- - - - - - - - - -G- - - - - GG- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - -	3719
U.CY.05.CY090	- - - - - T- - - - - - - - - - A- - - - - G- - - - - - - - - -G- - - - - GG- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - -	3778
U.CY.08.CY223	-G- - - - - T- - - - - - - - - - A- - - - - G- - - - - - - - - -G- - - - - GG- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - -	3773
U.ES.10.DEURF10DZ001	-G- - - - - T- - - - - - - - - - A- - - - - G- - - - - - - - - -G- - - - - GG- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - -	4387
U.GR.99.99GR003	- - - - - T- - - - - C- - - - - GG- - - - - AT- - - - - G- - - - - - - - - -G- - - - - GT- - - - - - - - - -A- - - - - T- - - - - C- - - - -	3708
U.NL.95.U.NL 95 H10986_D1	- - - - - T- - - - - T- - - - - - - - - - A- - - - - G- - - - - T- - - - - - - - - -G- - - - - GT- - - - - - - - - -A- - - - - T- - - - - C- - - - -	4451
01.AE.AF.07.569M	- - - - - A- - - - - G- - - - - T- - - - - - - - - -Y- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - -	3880
01.AE.CF.90.90CF11697	- - - - - A- - - - - G- - - - - T- - - - - - - - - -G- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - -	3864
01.AE.CN.10.YNFL03	- - - - - A- - - - - G- - - - - T- - - - - - - - - -G- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - -	3692
01.AE.HK.04.HK001	- - - - - A- - - - - G- - - - - T- - - - - - - - - -G- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - -	4499
01.AE.IR.10.I01R THR48F	- - - - - A- - - - - G- - - - - T- - - - - - - - - -G- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - -	3925
01.AE.JP.X.JRC77AE	- - - - - A- - - - - G- - - - - T- - - - - - - - - -G- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - -	4076
01.AE.TH.09.AA090a WG11	- - - - - A- - - - - G- - - - - T- - - - - - - - - -G- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - -	3693
01.AE.TH.90.CM240	- - - - - A- - - - - G- - - - - T- - - - - - - - - -G- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - -	3757
01.AE.US.05.306163 FL	- - - - - A- - - - - G- - - - - T- - - - - - - - - -G- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - -	
01.AE.VN.98.98VNND15	- - - - - A- - - - - G- - - - - T- - - - - - - - - -G- - - - - - - - - -G- - - - - T- - - - - C- - - - - C- - - - - A- - - - -	

PR.FR.83.HXB2
 02 AG.CM.10.DEO0210CM013
 02 AG.CY.09.CY256
 02 AG.ES.06.PI423
 02 AG.GW.05.CC 0048
 02 AG.KR.12.2MHR9
 02 AG.LU.09.P04551
 02 AG.NG.09.09NG SC61
 02 AG.NG.X.IBNG
 02 AG.SE.94.SE7812
 02 AG.SN.98.98S5 MP1211
 04 AB.RU.09.09AB 1
 04 CY.94.94CY032.3
 05 DF.BE.X.VI1130
 06 cpx.AU.96.BFP90
 07 BC.CN.98.98CN09
 08 BC.CN.97.97CN05
 09 BC.CN.96.96CN 61
 10 CD.TZ.96.96TZ BF061
 11 cpx.CN.95.95CX 1816
 12 BF.AR.99.ARMA155
 13 cpx.CM.96.96CM 1849
 14 AB.RU.97.X1870
 15 01B.TH.99.99TH MU2079
 16 AZD.KR.97.97KR00A
 17 BF.AR.99.ARMA038
 18 cpx.CU.99.CU76
 19 cpx.CU.99.CU103
 20 01A1.CM.01.01CM 0001BBY
 22 BG.CU.03.CB118
 24 BG.ES.08.X2452
 25 01B.ES.02.0219LE
 26 AU.CD.02.CD256 MTB0047
 27 cpx.FR.04.04CD FR KZ5
 28 BF.FR.99.BREPM12609
 29 BF.FR.01.BREPM16704
 31 BC.BR.04.04BR142
 32 01B.ES.91.91ES 01
 33 01B.ID.97.97JKT189
 34 01B.TH.99.00R2478 P
 35 AD.AF.07.169H
 36 cpx.CM.08.08CMNYU830
 37 BF.FR.99.99BFRU925
 38 BF1.UY.03.UY03 3389
 39 BF.FR.04.04BRR179
 40 BF.FR.05.05BRRJ055
 42 BF.LU.06.LuBf 18 06
 43 02G.SA.03.J1223
 44 00.00.00.00
 45 cpx.FR.04.04FR AUK
 46 BF.FR.07.07BFR FPS625
 47 BF.ES.08.PI942
 48 01B.MY.07.07MYKT021
 49 01B.ES.03.03N26677
 50 AID.BG.10.12792
 51 01B.SG.11.11SG HM021
 52 01B.MY.03.03MYKL018 1
 53 01B.MY.11.11F1R164
 54 01B.FR.09.09BFR023
 55 01B.CN.10.HNCS102056
 56 cpx.FR.10.URF5 patient_
 57 BC.CN.09.09YCNLX195g
 58 01B.MY.09.09MYPR3
 59 01B.CN.09.09YCNLA23
 60 01B.CN.11.BAV 2
 61 BC.CN.10.10Y100010
 62 BC.CN.10.YNfL31
 63 02AI.RU.10.10RU6637
 64 BC.CN.09.YNfL31
 65 cpx.CN.10.YNfL31
 66 01B.CN.11.ANHUI HF13
 67 01B.CN.11.ANHUI WF75
 70 BF1.BR.10.10BR PE004
 71 BF1.BR.10.10BR PE008
 72 BF1.BR.10.10BR MG69
 0.CM.98.ANT78
 0.CM.98.98CMA164
 0.CM.98.98CMA8141
 0.CM.98.98CMA8212
 0.CM.98.98CUM5337
 0.CM.99.99CUM4122
 0.CM.99.VAU
 0.GA.11.11GAB6352
 0.SN.99.99SE MP1299
 0.US.10.LTNP
 N.CM.02.DJ00131
 N.CM.02.SJ6dd
 N.CM.02.04CM 1015 64
 N.CM.06.014296
 N.CM.06.014482
 N.FR.11.N1 FR 2011
 P.CM.06.014788
 P.FR.09.RBF168
 CPZ.CD.06.BF167
 CPZ.CD.98.SIVcp2MT145
 CPZ.6A.GAB1
 CPZ.98.SIVcp2TAN13
 CPZ.US.85.US Marilyn
 GOR.CM.97.SIVgor2139 287
 GOR.CM.07.SIVgor22135con

[illegible]

B. FR. 83. HXB2

Pol

A1.AU.03.PS1044 Day0
 A1.CH.03.HIV CH BID V3538
 A1.CY.08.CY236
 A1.E5.05.X1608 8
 A1.KE.11.DEMA11KE001
 A1.RU.11.11RU6950
 A1.RW.11.DEMA11RW002
 A1.SN.01.DDI1579
 A1.UG.11.DEMA110UG001
 A1.ZA.04.04ZASK16281
 A2.CM.01.01CM 1445MV
 A2.CY.94.94CY017 41
 B.BR.10.10BR MG029
 B.CA.07.502 1191 03
 B.CH.08.M2 0803101 NFLG8
 B.CN.10.DEMB10CM002
 B.ES.10.DEMB10ES002
 B.FR.11.DEMB11FR001
 B.GB.05.MM45d213 GN1
 B.HK.06.HK003
 B.HT.05.05HT 129389
 B.JP.12.DEMB12JP001
 B.KR.07.HP 18 07JHS10_3909
 B.PE.07.502 0525 wg5
 B.RU.11.11RU21n
 B.TH.08.MERLBDTRC10
 B.US.11.E538
 C.AR.01.ARG4006
 C.BR.07.DEMC07BR003
 C.BW.00.00BW5031 1
 C.CN.10.YNFL19
 C.CY.09.CY260
 C.ES.08.X2363 2
 C.FT.02.02ET 268
 C.IN.09.T125 2139
 C.KE.00.KER2010
 C.MW.09.703010256 CH256.w96
 C.TZ.08.707010457 CH457.w8
 C.YE.02.02YE 2516
 C.ZA.08.705010534 CH534.w12
 C.ZA.10.DEMC10ZA001
 C.ZM.11.DEMC11ZM006
 D.CM.10.DEMD10CM009
 D.CY.06.CY163
 D.KE.11.DEMD11KE003
 D.KR.04.04KR08
 D.SN.90.SE365
 D.TZ.01.A280
 D.UG.10.DEMD10UG004
 D.UG.11.DEMD11UG003
 D.YE.02.02YE516
 D.ZA.90.R1
 F1.A0.06.A0 06 ANG32
 F1.AR.02.ARE933
 F1.BR.10.10BR RJ015
 F1.CY.08.CY222
 F1.ES.02.ES X845 4
 F1.RO.96.06R07
 F1.RU.08.D88 845
 F2.CM.02.02CM 0016BBY
 F2.CM.10.DEMF210CM001
 F2.CM.10.DEMF210CM007
 G.BE.96.DRCBL
 G.CM.10.DEMG10CM008
 G.CN.08.08X 2084 08
 G.CU.99.Cu74
 G.ES.09.X2634 2
 G.GH.03.03GH175G
 G.KE.09.DEMG09KE001
 G.NG.09.09NG SC62
 G.ZA.01.TV546
 H.BE.93.VI991
 H.CF.90.056
 H.GB.00.00GBAC4001
 J.CM.04.04CMU11421
 J.SE.93.SE9280 7887
 J.SE.94.SE9173 7022
 K.CD.97.97ZR E0TB11
 K.CM.96.96CM MP535
 U.CA.01.TV749
 U.CA.99.TV721
 U.CD.83.83CD003 23
 U.CD.90.90CD121E12
 U.CY.05.CY090
 U.CY.08.CY223
 U.ES.10.DEURF10DZ001
 U.GR.99.99GR083
 U.NL.95.U NL 95 H10986_D1
 01.AE.AF.07.569M
 01.AE.CF.90.90CF11697
 01.AE.CN.10.YNFL03
 01.AE.HK.04.HK001
 01.AE.IR.10.01IR THR48F
 01.AE.JP.x.JRC77AE
 01.AE.TH.09.AA090a WG11
 01.AE.TH.90.CM240
 01.AE.US.05.306163 FL
 01.AE.VN.98.98VNND15

GAAACAGGCGAGGAACAGCATATTTTCTTTTAAATAGCAGGAAGTGGCCAGTAAAAACAATACATACTGACAAATGGCAGCAATTTTACCGGGTCTACGGTATAGGCGCGCTGTGGTGGCGGGAATCAAGCAGGAATTTGGAATTCCTACAATCCCCAAAGTCA 4672
 E T G Q E T A Y F L L K L A G R W P V K T I H T D N G S N F T G A T V R A A C W W A G I K Q E F G G I P Y N P Q S Q
 A--G--C--GC--GT-G-G--C--A--G--G--AAAT--C--A--G--3880
 A--A--G--C--GC--G--G--GT--C--A--G--A--AA--A--CAAT--C--A--G--3877
 A--A--G--C--GC--C--G--GT-G-G--C--A--G--A--AA--A--A--AT--C--A--G--3883
 -G--A--R--G--C--A--GC--GT-G--C--A--G--A--T--C--A--A--G--4120
 A--A--G--C--A--AC--GT-G--C--A--C--G--A--AA--A--A--T--C--A--G--4011
 A--G--C--C--GC--GT--C--A--T--CC--A--CAA--G--A--T--C--AAAT--C--A--G--4196
 A--A--G--C--GC--G--G--GT-G--C--A--T--C--A--G--A--A--A--AT--A--G--C--T--4023
 A--GG--C--C--GC--GT--C--A--T--C--A--G--A--G--A--A--AAAT--A--G--C--T--3870
 A--A--C--C--GC--T--TGG-G--C--A--T--C--A--G--AT--AA--A--A--TG--C--A--G--C--4027
 A--A--C--C--GC--C--G--GGGT--C--A--G--GCC--A--A--A--A--A--A--TG--C--A--G--3871
 A--A--T--C--A--A--C--C--GT--A--A--G--GCC--T--A--A--A--A--A--A--T--C--A--A--G--4029
 -R--RR--Y--YM--Y--Y--R--M--A--Y--YMSY--T--A--R--WG--A--A--M--RR--Y--Y--M--4134
 -G--A--C--A--C--G--GC--A--T--CC--T--A--A--A--A--A--A--G--A--G--G--4099
 -G--A--C--C--G--GC--A--T--CC--T--A--A--A--A--A--A--G--A--G--G--4141
 -G--A--C--C--G--GC--A--T--CC--T--A--A--A--A--A--A--G--A--G--G--4044
 -G--A--C--C--G--GC--A--T--CC--T--A--A--A--A--A--A--G--A--G--G--4034
 B--FR.11.DEMB11FR001
 B--GB.05.MM45d213 GN1
 B--HK.06.HK003
 B--HT.05.05HT 129389
 B--JP.12.DEMB12JP001
 B--KR.07.HP 18 07JHS10_3909
 B--PE.07.502 0525 wg5
 B--RU.11.11RU21n
 B--TH.08.MERLBDTRC10
 B--US.11.E538
 C--AR.01.ARG4006
 C--BR.07.DEMC07BR003
 C--BW.00.00BW5031 1
 C--CN.10.YNFL19
 C--CY.09.CY260
 C--ES.08.X2363 2
 C--FT.02.02ET 268
 C--IN.09.T125 2139
 C--KE.00.KER2010
 C--MW.09.703010256 CH256.w96
 C--TZ.08.707010457 CH457.w8
 C--YE.02.02YE 2516
 C--ZA.08.705010534 CH534.w12
 C--ZA.10.DEMC10ZA001
 C--ZM.11.DEMC11ZM006
 D--CM.10.DEMD10CM009
 D--CY.06.CY163
 D--KE.11.DEMD11KE003
 D--KR.04.04KR08
 D--SN.90.SE365
 D--TZ.01.A280
 D--UG.10.DEMD10UG004
 D--UG.11.DEMD11UG003
 D--YE.02.02YE516
 D--ZA.90.R1
 F1--A0.06.A0 06 ANG32
 F1--AR.02.ARE933
 F1--BR.10.10BR RJ015
 F1--CY.08.CY222
 F1--ES.02.ES X845 4
 F1--RO.96.06R07
 F1--RU.08.D88 845
 F2--CM.02.02CM 0016BBY
 F2--CM.10.DEMF210CM001
 F2--CM.10.DEMF210CM007
 G--BE.96.DRCBL
 G--CM.10.DEMG10CM008
 G--CN.08.08X 2084 08
 G--CU.99.Cu74
 G--ES.09.X2634 2
 G--GH.03.03GH175G
 G--KE.09.DEMG09KE001
 G--NG.09.09NG SC62
 G--ZA.01.TV546
 H--BE.93.VI991
 H--CF.90.056
 H--GB.00.00GBAC4001
 J--CM.04.04CMU11421
 J--SE.93.SE9280 7887
 J--SE.94.SE9173 7022
 K--CD.97.97ZR E0TB11
 K--CM.96.96CM MP535
 U--CA.01.TV749
 U--CA.99.TV721
 U--CD.83.83CD003 23
 U--CD.90.90CD121E12
 U--CY.05.CY090
 U--CY.08.CY223
 U--ES.10.DEURF10DZ001
 U--GR.99.99GR083
 U--NL.95.U NL 95 H10986_D1
 01--AE.AF.07.569M
 01--AE.CF.90.90CF11697
 01--AE.CN.10.YNFL03
 01--AE.HK.04.HK001
 01--AE.IR.10.01IR THR48F
 01--AE.JP.x.JRC77AE
 01--AE.TH.09.AA090a WG11
 01--AE.TH.90.CM240
 01--AE.US.05.306163 FL
 01--AE.VN.98.98VNND15

B. FR. 83. HXB2

02 AG. CM. 10. DE00210CM013
 02 AG. CY. 09. CY256
 02 AG. ES. 06. P1423
 02 AG. GW. 05. CC 0048
 02 AG. KR. 12. 12MHR9
 02 AG. LR. x. POC44951
 02 AG. NG. 09. 09NG SC61
 02 AG. NG. x. IBNG
 02 AG. SE. 04. SE7812
 02 AG. SN. 98. 98SE MP1211
 03 AB. RU. 97. KAL153 2
 04 cpx. CY. 94. 94CY032 3
 05 DF. BE. x. V11310
 06 cpx. AU. 96. BFPO9
 07 BC. CN. 98. 98CN009
 08 BC. CN. 97. 97CNX 6F
 09 cpx. GH. 96. 96GH2911
 10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061
 11 cpx. CM. 95. 95CM 1816
 12 BF. AR. 99. ARMA159
 13 cpx. CM. 96. 96CM 1849
 14 BG. ES. 05. X1870
 15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
 16 A2D. KR. 97. 97KR004
 17 RF. AR. 99. ARMA038
 18 cpx. CU. 99. CU176
 19 cpx. CU. 99. CU7
 20 BG. CU. 99. CU103
 21 A2D. KE. 99. KER2003
 22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY
 23 BG. CU. 03. 0318
 24 BG. ES. 08. X2456 2
 25 cpx. CM. 02. 1918LE
 26 AU. CD. 02. 02CD MBT047
 27 cpx. FR. 04. 04CD FR K25
 28 BF. BR. 99. BREPN2609
 29 BF. BR. 01. BREPM16704
 31 BC. BR. 04. 04BR142
 32 06A1. EE. 01. EE0369
 33 01B. ID. 07. JKT189 C
 34 01B. TH. 99. 01BTH2478P
 35 AD. AF. 07. 169H
 36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
 37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926
 38 BF1. UY. 03. UY03 3389
 39 BF. BR. 04. 04BRJ179
 40 BF. BR. 05. 05BRJ305
 42 BF. LU. 06. 06LF 18 06
 43 02G. SA. 03. J11223
 44 BF. CL. 00. CH80
 45 cpx. FR. 04. 04FR AUK
 46 BF. BR. 07. 07BR FPS625
 47 BF. ES. 08. P1042
 48 01B. MY. 07. 07MYKT021
 49 cpx. GM. 03. N26677
 50 A1D. GB. 10. 12792
 51 01B. SG. 11. 11SG HM021
 52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1
 53 01B. MY. 11. 11FIR164
 54 01B. MY. 09. 09MYSB023
 55 01B. CN. 10. HNC5102056
 56 cpx. FR. 10. URF5 patient A
 57 BC. CN. 09. 09NLU1959
 58 01B. MY. 09. 09MYPR3
 59 01B. CN. 09. 09LNA423
 60 BC. IT. 11. BAV499
 61 BC. CN. 10. J1100010
 62 BC. CN. 10. YNFI13
 63 02A1. RU. 10. 10RU6637
 64 BC. CN. 09. YNFI31
 65 cpx. CN. 10. YNFI01
 67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
 68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
 70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
 71 BF1. BR. 10. 10BR PE008
 72 BF1. BR. 10. 10BR MG002
 0. BE. 87. ANT70
 0. CM. 98. 98CMA104
 0. CM. 98. 98CMA8B141
 0. CM. 98. 98CMA8B212
 0. CM. 98. 98CMU5337
 0. CM. 99. 99CMU4122
 0. FR. 92. VAU
 0. GA. 11. 11GAB6352
 0. SN. 99. 99SE MP1299
 0. US. 10. LTNP
 N. CM. 02. DJ00131
 N. CM. 02. SJGddd
 N. CM. 04. 04CM 1015 04
 N. CM. 06. U14296
 N. CM. 06. U14842
 N. FR. 11. N1 FR 2011
 P. CM. 06. U14788
 P. FR. 09. RBF168
 CPZ. CD. 06. BF1167
 CPZ. CM. 05. SIVcpzMT145
 CPZ. GA. 88. GAB1
 CPZ. TZ. 06. SIVcpzTAN13
 CPZ. US. 85. US Marilyn
 GOR. CM. 07. SIVgor2139 287
 GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con

GAAACAGGGCAGGAACAGCATATTTTCTTTTAAATAGCAGGAAGATGCCAGTAAAAACAATACACTGACAATGGCAGCAATTTTACCGGCTACGGTATAGGCGCGCTGTTGGTGGCGGGAATCAAGCAGGAATTTGGAATTCCTACAATCCCCAAGTCA 4672
 E T G Q E T A Y F L L K L A G R W P V K T I H T D N G S N F T G A T V R A A C W W A G I K Q E F G I P Y N P Q S Q
 02 AG. CM. 10. DE00210CM013 - - - - - G - - - - - TC - CA - A - - - - - G - GT - - - - - C - A - - - - - A - A - C - - - - - AAATG - CA - A - - - - - C 4039
 02 AG. CY. 09. CY256 - - - - - CC - A - - - - - C - A - A - - - - - G - T - - - - - C - A - - - - - T - A - - - - - G - AT - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - CA - A - - - - - C 3868
 02 AG. ES. 06. P1423 - - - - - A - - - - - G - - - - - C - A - A - - - - - G - GT - - - - - C - A - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - CA - A - - - - - C 4109
 02 AG. GW. 05. CC 0048 - - - - - A - - - - - A - - - - - C - A - A - - - - - G - GT - - - - - C - A - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - G - A - C - - - - - AAATG - CA - A - - - - - C 4022
 02 AG. KR. 12. 12MHR9 - - - - - A - - - - - G - - - - - C - A - A - - - - - G - GTG - - - - - C - A - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - CA - A - - - - - C 4331
 02 AG. LR. x. POC44951 - - - - - A - - - - - A - - - - - C - A - A - - - - - G - GT - - - - - C - A - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - CA - T - - - - - C 4667
 02 AG. NG. 09. 09NG SC61 - - - - - A - - - - - A - - - - - C - A - A - - - - - G - GT - - - - - C - A - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - A - C - - - - - A - ATG - CA - A - - - - - T - C 3864
 02 AG. NG. x. IBNG - - - - - A - - - - - G - - - - - C - A - A - - - - - G - GT - - - - - C - A - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - G - A - C - - - - - AAATG - CA - A - - - - - C 4197
 02 AG. SE. 04. SE7812 - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - A - A - - - - - G - GT - - - - - C - A - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - CA - A - - - - - C 4044
 02 AG. SN. 98. 98SE MP1211 - - - - - A - - - - - A - - - - - C - A - A - - - - - G - GT - - - - - C - A - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - A - C - - - - - CAA - G - T - CA - G - A - - - - - G - A - T 3869
 03 AB. RU. 97. KAL153 2 - - - - - A - - - - - A - - - - - C - G - C - - - - - G - GT - - - - - C - A - - - - - T - A - - - - - A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - - - - - C 3898
 04 cpx. CY. 94. 94CY032 3 - - - - - A - - - - - A - - - - - C - C - A - C - - - - - G - GT - - - - - G - A - - - - - C - CC - - - - - A - G - - - - - A - A - - - - - A - AT - - - - - C - 4038
 05 DF. BE. x. V11310 - - - - - G - - - - - A - - - - - C - C - A - A - - - - - GC - G - - - - - TG - - - - - A - - - - - T - C - - - - - A - G - - - - - A - A - - - - - A - AT - - - - - C - A - 4054
 06 cpx. AU. 96. BFPO9 - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - A - A - - - - - G - GTG - - - - - C - A - - - - - T - - - - - A - G - - - - - A - A - - - - - A - AAAT - - - - - CA - A - - - - - T 4700
 07 BC. CN. 98. 98CN009 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - C - A - C - - - - - C - GT - - - - - A - - - - - T - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - A - C - - - - - A - T - C - A - - - - - 4004
 08 BC. CN. 97. 97CNX 6F - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - C - A - C - - - - - C - GT - - - - - A - - - - - T - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - A - C - - - - - A - T - C - A - - - - - 3852
 09 cpx. GH. 96. 96GH2911 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - C - G - - - - - GTG - - - - - C - G - - - - - T - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - CA - A - - - - - C 3874
 10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061 - - - - - A - - - - - A - - - - - C - C - C - G - - - - - GT - G - - - - - A - - - - - T - - - - - T - A - - - - - C - G - A - A - A - A - A - C - - - - - A - C - - - - - 4051
 11 cpx. CM. 95. 95CM 1816 - - - - - A - - - - - A - - - - - C - A - A - - - - - G - - - - - GT - - - - - A - - - - - CC - - - - - T - A - - - - - TA - - - - - AA - A - - - - - A - AT - - - - - C - A - - - - - G - C - - - - - 4036
 12 BF. AR. 99. ARMA159 - - - - - A - - - - - A - - - - - C - C - A - A - - - - - G - - - - - GT - - - - - A - - - - - CC - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - A - C - - - - - AAAT - - - - - CA - A - - - - - T - C 4077
 13 cpx. CM. 96. 96CM 1849 - - - - - A - - - - - A - - - - - C - A - A - - - - - G - - - - - GT - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - A - C - - - - - AAAT - - - - - CA - A - - - - - 4139
 14 BG. ES. 05. X1870 - - - - - A - - - - - A - - - - - C - A - C - - - - - G - - - - - G - - - - - GT - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - AA - G - AA - A - A - C - - - - - CAATG - CGA - - - - - T - GGA - - - - - 4071
 15 01B. TH. 99. 99TH MU2079 - - - - - A - - - - - A - - - - - C - A - C - - - - - GC - - - - - G - - - - - GT - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - A - C - - - - - AAAT - - - - - CA - A - - - - - 4035
 16 A2D. KR. 97. 97KR004 - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - T - C - A - A - - - - - C - - - - - GT - - - - - A - - - - - GCC - - - - - T - A - - - - - AC - A - A - A - A - C - - - - - TG - C - A - - - - - G - G - - - - - 4077
 17 RF. AR. 99. ARMA038 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - C - C - A - C - - - - - G - - - - - GT - - - - - A - - - - - CC - - - - - T - A - - - - - AAC - - - - - A - A - - - - - A - AT - - - - - C - A - - - - - C 3886
 18 cpx. CU. 99. CU176 - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - C - A - C - - - - - G - - - - - GT - - - - - C - A - - - - - CC - - - - - T - A - - - - - AAAT - - - - - T - CA - A - - - - - 3897
 19 cpx. CU. 99. CU7 - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - C - A - C - - - - - G - - - - - GGT - - - - - C - A - - - - - TCC - - - - - T - A - - - - - C - G - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - C - A - - - - - G - - - - - G - 3898
 20 BG. CU. 99. CU103 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - C - A - C - - - - - T - G - - - - - G - GT - - - - - A - - - - - CC - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - A - C - - - - - AAAT - - - - - CA - A - - - - - 4138
 21 A2D. KE. 99. KER2003 - - - - - A - - - - - A - - - - - C - T - A - - - - - GC - - - - - G - - - - - GT - - - - - A - - - - - GCC - - - - - T - A - - - - - AG - A - - - - - A - C - - - - - A - T - - - - - A - - - - - G - T - - - - - 3877
 22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - A - C - - - - - T - G - - - - - G - - - - - GT - - - - - C - A - - - - - Y - - - - - C - - - - - T - A - - - - - C - G - A - A - A - A - C - - - - - A - A - - - - - C - A - - - - - T 3880
 23 BG. CU. 03. 0318 - - - - - A - - - - - A - - - - - C - A - C - - - - - T - G - - - - - G - - - - - GT - - - - - A - - - - - CC - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - A - C - - - - - A - AT - - - - - CA - A - - - - - C 4123
 24 BG. ES. 08. X2456 2 - - - - - A - - - - - A - - - - - C - CA - AC - - - - - T - G - - - - - G - - - - - GTG - - - - - A - - - - - CC - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - A - C - - - - - A - AT - - - - - CA - A - - - - - C 3880
 25 cpx. CM. 02. 1918LE - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - A - A - - - - - G - - - - - GT - G - - - - - A - - - - - CC - - - - - A - - - - - CG - - - - - A - A - - - - - A - A - T - - - - - C - A - - - - - 4677
 26 AU. CD. 02. 02CD MBT047 - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - CA - AC - - - - - G - - - - - GGGTGG - - - - - A - - - - - C - G - A - C - A - A - C - - - - - A - C - G - A - A - A - A - C - - - - - AAAT - - - - - C - A - - - - - 4663
 27 cpx. FR. 04. 04CD FR K25 - - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - - C - C - A - - - - - G - - - - - G - - - - - GT - - - - - C - A - - - - - T - - - - - A - - - - - AA - G - - - - - A - A - - - - - A - AG - - - - - C - - - - - G - - - - - 4038
 28 BF. BR. 99. BREPN2609 - - - - - A - - - - - A - - - - - C - C - A - C - - - - - G - - - - - G - - - - - GT - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - C - A - A - - - - - A - A - - - - - A - AG - - - - - C - - - - - G - - - - - 4073
 29 BF. BR. 01. BREPM16704 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - C - C - A - C - - - - - G - - - - - G - - - - - T - GT - - - - - A - - - - - T - - - - - T - AA - AA - A - A - A - A - A - C - - - - - A - C - C - A - - - - - 4144
 31 BC. BR. 04. 04BR142 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - C - A - C - - - - - G - - - - - GT - - - - - C - A - - - - - T - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - A - C - - - - - AAAT - - - - - T - CA - A - - - - - 4307
 32 06A1. EE. 01. EE0369 - - - - - A - - - - - A - - - - - R - - - - - C - GC - - - - - R - - - - - GT - - - - - C - A - - - - - Y - - - - - T - A - - - - - Y - AG - A - A - A - A - A - C - - - - - CAATG - C - - - - - G - C - - - - - T - C 3973
 33 01B. ID. 07. JKT189 C - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - GC - - - - - G - - - - - GT - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - C - G - A - A - A - A - A - C - - - - - CAATG - CGA - - - - - G - C - - - - - 3874
 34 01B. TH. 99. 01BTH2478P - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - GC - - - - - G - - - - - GT - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - AT - - - - - A - A - - - - - A - A - T - - - - - C - A - - - - - 3872
 35 AD. AF. 07. 169H - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - A - A - - - - - C - - - - - GT - - - - - C - A - - - - - T - - - - - C - A - - - - - C - G - A - G - AA - A - A - C - - - - - A - AT - - - - - C - A - - - - - C 3877
 36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - C - C - A - C - - - - - G - - - - - G - - - - - GT - - - - - A - - - - - CC - - - - - T - A - - - - - C - G - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - A - - - - - T - C - - - - - 3862
 37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - C - A - C - - - - - G - - - - - GGT - - - - - C - A - - - - - T - - - - - T - A - - - - - C - G - A - A - A - A - C - - - - - A - T - C - - - - - 4095
 38 BF1. UY. 03. UY03 3389 - - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - - C - C - A - C - - - - - G - - - - - G - - - - - GT - - - - - A - - - - - CC - - - - - T - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - A - - - - - G - - - - - C - - - - - 4149
 39 BF. BR. 04. 04BRJ179 - - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - - C - C - A - C - - - - - G - - - - - G - - - - - GT - - - - - A - - - - - CC - - - - - T - A - - - - - CG - C - A - A - C - - - - - A - - - - - CG - - - - - C - - - - - 4226
 40 BF. BR. 05. 05BRJ305 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - C - C - A - C - - - - - G - - - - - G - - - - - GT - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - A - C - - - - - AA - TG - CA - A - - - - - C 4197
 42 BF. LU. 06. 06LF 18 06 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - C - C - A - C - - - - - G - - - - - G - - - - - GT - - - - - C - A - - - - - CC - - - - - T - A - - - - - CG - A - A - A - A - C - - - - - A - AT - - - - - C - A - - - - - C 4114
 43 02G. SA. 03. J11223 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - C - C - A - C - - - - - G - - - - - G - - - - - GT - - - - - C - A - - - - - CC - - - - - T - A - - - - - CG - A - A - A - A - C - - - - - A - ATG - - - - - C - A - - - - - C 4658
 44 BF. CL. 00. CH80 - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - C - A - C - - - - - G - - - - - GT - - - - - C - A - - - - - T - - - - - A - - - - - CG - A - A - A - A - C - - - - - A - TC - - - - - C - - - - - 4110
 45 cpx. FR. 04. 04FR AUK - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - C - C - A - A - - - - - G - - - - - G - - - - - GT - - - - - A - - - - - CT - - - - - A - - - - - CG - A - A - A - A - C - - - - - A - - - - - C - - - - - 3877
 46 BF. BR. 07. 07BR FPS625 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - C - C - A - A - - - - - G - - - - - G - - - - - GT - - - - - C - A - - - - - T - - - - - T - C - G - A - A - A - A - C - - - - - CAATG - CG - - - - - C 4094
 47 BF. ES. 08. P1042 - - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - A - A - - - - - C - - - - - GT - G - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - C - - - - - AAAT - - - - - C - A - - - - - G 4079
 48 01B. MY. 07. 07MYKT021 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - A - A - - - - - C - - - - - GT - G - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - C - - - - - AAAT - - - - - C - A - - - - - 3879
 49 cpx. GM. 03. N26677 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - A - A - - - - - C - - - - - GT - G - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - C - A - - - - - G - C 4012
 50 A1D. GB. 10. 12792 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - A - A - - - - - C - - - - - GT - G - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - C - - - - - CAATG - C - A - - - - - T - G 4074
 51 01B. SG. 11. 11SG HM021 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - A - A - - - - - C - - - - - GT - G - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - C - A - - - - - G - C 3982
 52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - A - A - - - - - C - - - - - GT - G - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - C - A - - - - - G - C 4023
 53 01B. MY. 11. 11FIR164 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - A - A - - - - - C - - - - - GT - G - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - C - A - - - - - G - C 4017
 54 01B. MY. 09. 09MYSB023 - - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - - C - A - C - - - - - G - - - - - G - - - - - GT - G - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - C - A - - - - - G - C 3856
 55 01B. CN. 10. HNC5102056 - - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - - C - A - C - - - - - G - - - - - G - - - - - GT - G - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - C - A - - - - - G - C 4629
 56 cpx. FR. 10. URF5 patient A - - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - - C - CA - C - G - - - - - G - - - - - G - - - - - GT - G - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - C - A - - - - - G - C 4093
 57 BC. CN. 09. 09NLU1959 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - C - C - A - C - - - - - G - - - - - G - - - - - GT - G - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - C - A - - - - - G - C 4001
 58 01B. MY. 09. 09MYPR3 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - A - C - - - - - G - - - - - GT - G - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - C - A - - - - - G - C 4213
 59 01B. CN. 09. 09LNA423 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - A - C - - - - - G - - - - - GT - G - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - C - A - - - - - G - C 4026
 60 BC. IT. 11. BAV499 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - C - A - C - - - - - G - - - - - G - - - - - GT - G - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - C - A - - - - - G - C 4043
 61 BC. CN. 10. J1100010 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - A - C - - - - - G - - - - - GT - G - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - C - A - - - - - G - C 4015
 62 BC. CN. 10. YNFI13 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - A - C - - - - - G - - - - - GT - G - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - C - A - - - - - G - C 4006
 63 02A1. RU. 10. 10RU6637 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - A - C - - - - - G - - - - - GT - G - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - C - A - - - - - G - C 4336
 64 BC. CN. 09. YNFI31 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - A - C - - - - - G - - - - - GT - G - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - C - A - - - - - G - C 4180
 65 cpx. CN. 10. YNFI01 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - A - C - - - - - G - - - - - GT - G - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - C - A - - - - - G - C 4178
 67 01B. CN. 11. ANHUI HF115 - - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - - C - A - C - - - - - G - - - - - G - - - - - GT - G - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - C - A - - - - - G - C 4162
 68 01B. CN. 11. ANHUI WH73 - - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - - C - A - C - - - - - G - - - - - G - - - - - GT - G - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - C - A - - - - - G - C 4177
 70 BF1. BR. 10. 10BR PE004 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - A - C - - - - - G - - - - - GT - G - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - C - A - - - - - G - C 4175
 71 BF1. BR. 10. 10BR PE008 - - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - - C - A - C - - - - - G - - - - - G - - - - - GT - G - - - - - C - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - A - A - A - A - C - - - - - AAATG - C - A - - - - - G - C 4173
 72 BF1. BR. 10. 10BR MG002 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - C - CA - CC - - - - - G - - - - - T - - - - - T - A - - - - - A - - - - - TA - G - A - A - A - A - C - - - - - CAAC - AC - A - T - G - - - - - A - A - T - A - - - - - 4238
 0. BE. 87. ANT70 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - C - C - G - - - - - G - - - - - T - T - - - - - GT - - - - - A - - - - - CCCT - - - - - T - AA - A - A - TA - G - A - T - A - - - - - CAAC - AC - A - T - G - - - - - A - A - T - A - - - - - 4180
 0. CM. 98. 98CMA104 - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - T - C - G - - -

[illegible]

B.FR.83.HXB2
Re1

[illegible][illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

Alignments

HIV-1/SIV cpz Complete Genomes

B. FR.	Vif start	Pol, Gag-Pol, and p31 integrase end	
ViT			
PoI			
02 AG.CM.10.DE0021CM013	A	G	C
02 AG.CY.09.CY256	A	G	C
02 AG.ES.06.P1423	T	A	C
02 AG.GW.05.CC_0048	A	A	C
02 AG.KR.12.12MHR9	G	T	C
02 AG.LR.X.POC44951	T	A	C
02 AG.NG.09.09NG_SC61	A	A	C
02 AG.NG.X.IBNC	A	A	C
02 AG.SE.94.SE7812	G-T	A-G	C
02 AG.SN.98.98SE_MP1211	A	A-C	C
03 AB.RU.97.KAL153_2			
04 cpx.CV.94.94CV032_3	T	C	C
05 DF.BE.x.V11310			
06 cpx.AU.96.BFP90	A	A	C
07 BC.CN.98.98CN009	G-G	A	A-C
08 BC.CN.97.97CNXG_6F	G-G	A	A-C
09 cpx.GH.96.96GH2911			
10 CD.TZ.96.96TZ_BF061	G-G	T-A	C
11 cpx.CM.95.95CM_1816			
12 BF.AR.99.ARMA159			
13 cpx.CM.96.96CM_1849			
14 BG.ES.05.X1870			
15 01B.TH.99.99TB_MU2079	G	A	C
16 AZD.KR.97.97KR004	G		
17 BF.AR.99.ARMA038			
18 cpx.CU.99.CU76			
19 cpx.CU.99.CU7			
20 BG.CU.99.CU103	G	T	A
21 AZD.KE.99.KER2003			
22 01A1.CM.01.01CM_0001BBY	G	G	C
23 BG.CU.03.CB118	G	G	C
24 BG.ES.08.X2456_2	G		
25 cpx.CM.02.1918L	G		
26 AU.CO.02.02CO_MBTB047			
27 cpx.FR.04.04CD_FR_KZ5	G	A	C
28 BF.BR.99.BREPM12609			
29 BF.BR.01.BREPM16704			
31 BC.BR.04.04BR142	G-G	T-A	A-C
32 06A1.EE.01.EE0369			
33 01B.BE.07.JKT189_C			
34 01B.TH.99.OUR2478P			
35 AD.AF.07.169H			
36 cpx.CM.00.00CMNYU830			
37 cpx.CM.00.00CMNYU926			
38 BF.UY.03.03UY_3389	G	A	C
39 BF.BR.04.04BRR179			
40 BF.BR.05.05BRRJ055			
42 BF.LU.06.LuBF_18_06	G		
43 02G.SA.03.J11223			
44 BF.CL.00.CH00			
45 cpx.FR.04.04FR_AUK	T		
46 BF.BR.07.07BR_FPS625			
47 BF.ES.08.P1942			
48 01B.MY.07.07MYKT021			
49 cpx.GM.03.03GM_T26677	G-G	A	C
50 AD.DS.10.12792			
51 01B.SG.11.11SG_HM021			
52 01B.MY.03.03MYKL018_1			
53 01B.MY.11.11IFIR164			
54 01B.MY.09.09MYSRB023			
55 01B.CN.10.HMC102056			
56 cpx.FR.10.URF5_patient_A	G-G	A	C
57 BC.CN.09.09NLX19sg	G-G	A	A-C
58 01B.MY.09.09MYPR37			
59 01B.CN.09.09INAA23			
60 BC.IT.11.BAVADQ	G-G	T-A	A-C
61 BC.CN.10.10JL00010	G-G	A	A-C
62 BC.CN.10.YNFL13	G-G	A	A-C
63 02A1.RU.10.10RU6637	G-G	A	A-C
64 BC.CN.09.YNFL31			
65 cpx.CN.10.YNFL01			
67 01B.CN.11.ANHUI_HF115			
68 01B.CN.11.ANHUI_WH73			
70 BF1.BR.10.10BR_PE004			
71 BF1.BR.10.10BR_PE008			
72 BF1.BR.10.10BR_MG002			
O.BE.87.AMT70	G	AG	C
O.CM.98.98CM104	G	A	C
O.CM.98.98CMAB141	G	A	C
O.CM.98.98CMAB212	G	A	C
O.CM.98.98CMU337	G	A	C
O.CM.99.99CM5422	G	A	C
O.FR.92.VAI			
O.GA.11.11GaB6352			
O.SN.99.99SE_MP1299			
O.US.10.LTNP	G	A	C
N.CM.02.DJ00131	C-T	G	A
N.CM.02.SJdodd	C-T	G	A
N.CM.04.04CM_1015_04	C-T	G	A
N.CM.06.U14296	C-T	G	A
N.CM.06.U14842	C-T	G	A
N.FR.11.N1_FR_2011	C-G	A	A
P.CM.06.U14788			
P.FR.09.RBF168	G	A	C
CPZ.CD.06.BF1167	G-G	T-A	A
CPZ.CM.85.SIVcpzMT145	G	T	A
CPZ.GA.88.GAB1	G		
CPZ.TZ.96.SIVcpzTan13			
CPZ.US.85.US_Marilyn			
GOR.CM.07.SIVgor2139_287	G	G	A
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	G	G	A
GA-CC	AGA	AAG	G-A-G-C
GA-CC	AGA	AAG	G-A-G-C
CG-G-G	GA	A	G

B. FR. 83. HXB2
Vif

A1. AU. 03. PS1044 Day0
A1. CH. 03. HIV CH BID V3538
A1. CY. 08. CY236
A1. ES. 05. X1608 8
A1. KE. 11. DEMA11KE001
A1. RU. 11. 11RU6950
A1. RW. 11. DEMA11RW002
A1. SN. 01. DD1579
A1. UG. 11. DEMA11UG0001
A1. ZA. 04. 04ZASK16281
A2. CM. 01. 01CM 1445MV
A2. CY. 94. 94CY017 41

B. BR. 10. 10BR MG029
B. CA. 07. 502 1191 03
B. CH. 08. M2 0803101 NFLG8
B. CN. 10. DEMB10CN002
B. ES. 10. DEMB10ES002
B. FR. 11. DEMB11FR001
B. GB. 05. MM45d213 GN1
B. HK. 06. HK003
B. HT. 05. 05HT 129389
B. JP. 12. DEMB12JP001
B. KR. 07. HP 18 07JHS10_3909
B. PE. 07. 502 0525 wq5
B. RU. 11. 11RU21n
B. TH. 08. MERLBDTRC10
B. US. 11. ES338

C. AR. 01. ARG4006
C. BR. 07. DEMC07BR003
C. BW. 00. 00BW5031 1
C. CN. 10. YNFL19
C. CY. 09. CY260 2
C. ES. 08. X2363 2
C. ET. 02. 02ET 268
C. IN. 09. T125 2139
C. KE. 00. KER2010
C. MW. 09. 703010256 CH256.w96
C. TZ. 08. 707010457 CH457.w8
C. YE. 02. 02YE 11
C. ZA. 08. 705010534 CH534.w12
C. ZA. 10. DEMC10ZA001
C. ZM. 11. DEMC11ZM006

D. CM. 10. DEMD10CM009
D. CY. 06. CY163
D. KE. 11. DEMD11KE003
D. KR. 04. 04KR08
D. SN. 90. SE365
D. TZ. 01. A280
D. UG. 10. DEMD10UG004
D. UG. 11. DEMD11UG003
D. YE. 02. 02YE516
D. ZA. 90. R1

F1. A0. 06. A0 06 ANG32
F1. AR. 02. ARE933
F1. BR. 10. 10BR RJ015
F1. CY. 08. CY222
F1. ES. 02. ES X845 4
F1. RO. 96. BCI R07
F1. RU. 08. D88 845
F2. CM. 02. 02CM 0016BBY
F2. CM. 10. DEMF210CM001
F2. CM. 10. DEMF210CM007

G. BE. 96. DRCLB
G. CM. 10. DEMG10CM008
G. CN. 08. 08X 2084 08
G. CU. 99. Cu74
G. ES. 09. X2634 2
G. GH. 03. 03GH175G
G. KE. 09. DEMG09KE001
G. NG. 09. 09NG SC62
G. ZA. 01. TV546

H. BE. 93. VT991
H. CF. 90. 056
H. GB. 00. 00GBAC4001

J. CM. 04. 04CMU11421
J. SE. 93. SE9280 7887
J. SE. 94. SE9173 7022
K. CD. 97. 97ZR E0TB11
K. CM. 96. 96CM MP535

U. CA. 01. TV749
U. CA. 99. TV721
U. CD. 83. 83CD003 23
U. CD. 90. 90CD121E12
U. CY. 05. CY090
U. CY. 08. CY223
U. ES. 10. DEURF10DZ001
U. GR. 99. 99GR083
U. NL. 95. U NL 95 H10986_D1

01 AE. AF. 07. 569M
01 AE. CF. 90. 90CF11697
01 AE. CN. 10. YNLF03
01 AE. HK. 04. HK001
01 AE. IR. 10. 01IR THR48F
01 AE. JP. x. JRC77AE
01 AE. TH. 09. AA090a WG11
01 AE. TH. 90. CM240
01 AE. US. 05. 306163 FL
01 AE. VN. 98. 98VND15

ATCCAAGAATAAGTTTCAGAAGTACACATCCCACTA...GGGGAT...GCTAGA...TTGGTAATAACAACATATTGGGCTGCATACAGGAGAAAGAGACTGGCATTGGGTGAGGAGTCTCCATAGAAATGGAGAAAAAGATATAGCACACAGTA 5334
H P R I S S E V H I P L . . . G D . . . A R L V I T T Y W G L H T G E R D W H L G Q G V S I E W R K K R Y S T Q V
A - G - C - - - - - T - - - - - A - A - G - G - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - A - 4542
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - G - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4539
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4545
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4782
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4673
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4858
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4685
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4532
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4689
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4775
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4533
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4691
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4796
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4761
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4803
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4706
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4696
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4580
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4735
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4704
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4535
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4721
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4998
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4811
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4905
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4567
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 5269
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 5318
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4666
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4705
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4687
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4557
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4765
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4536
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 5310
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4515
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 5314
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 5308
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 5293
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 5324
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4674
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4683
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4709
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4542
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4684
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 5351
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4535
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4672
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4689
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4680
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4545
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4628
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4807
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4527
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4786
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4793
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4527
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4601
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4684
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 5291
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4715
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4574
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4938
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4817
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 5374
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4709
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4526
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4536
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4723
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4681
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4852
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4840
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4648
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4649
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4526
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4530
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 5351
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 5300
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4829
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4533
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4533
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4551
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4610
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4605
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 5219
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4540
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 5283
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4712
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4696
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4534
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 5331
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4757
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4908
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4525
A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - G - T - - - - - A - G - - - - - A - T - A - - - - - T - G - - - - - C - G - A - - - - - A - 4589

FR.FR.83.HXB2
vir

02 AG.CM.09.10.DE00210CM013
02 AG.CY.09.CY256
02 AG.ES.06.PI423
02 AG.GW.05.CS 0048
02 AG.KR.12.12MH98
02 AG.NL.09.09.P40495
02 AG.NG.09.09.NGCV S561
02 AG.NJ.09.X.IBNG
02 AG.SE.94.SZ7812
02 AG.SN.98.98SEPM1211
04 AB.RU.97.AB.YF310
04 BR.09.94.94CAY032.3
05 DF.BE.X.VI1130
06 cpx.AU.96.BFP90
07 BC.CN.98.98CNCG9
08 BC.CN.97.98CNCX 6F
09 BG.02.02.0210BLTE
10 CD.TZ.96.96TZY BF061
11 cpx.CM.95.95CM 1816
17 BF.AR.99.ARMA156
13 cpx.CM.96.96CM 1849
14 CM.97.97.971072
15 01B.TH.99.99TH MU2079
16 AZD.KR.97.97KR00A
17 BF.AR.99.ARMA038
18 cpx.CU.99.CU76
19 cpx.CU.99.CU103
20 CU.99.CU103
21 AZD.KE.99.KEK2003
22 01AI.CM.01.01CM 0001BBY
23 BG.CU.03.CB118
24 BG.ES.08.C2456.2
25 BU.02.02.0210BLTE
26 AU.CD.02.02CD MBT087
27 cpx.FR.04.04CD FR KZ5
28 BF.FR.99.BREPEN12609
29 BF.FR.01.BREPEN16704
31 BC.BR.04.04BRJ42
32 BE.02.02.0210BLTE
33 01B.ID.07.JKT189C
34 01B.TH.99.99T02478P
35 AD.AF.07.169H
36 cpx.CH.06.06CHNYU830
37 CH.06.06.06CHNYU926
38 BF1.UY.03.UY03 3389
39 BF.FR.04.04BRJR179
40 BF.FR.05.05BRJR1055
42 BF.LJ.06.LuBF 18 06
43 02G.SA.03.SA1223
44 BF.09.09.CB080
45 cpx.FR.04.04FR AUK
46 BF.FR.07.07BRF FSP625
47 BF.ES.08.PI942
48 01B.MY.07.07MYK021
49 BF.03.03.0316677
50 AID.BG.10.LT972
51 01B.SG.11.11SG MH021
52 01B.MY.03.03MYKL08.1
53 01B.MY.11.11FR164
54 01B.MY.09.09MYR023
55 01B.CN.10.HWC102056
56 cpx.FR.10.URF5 patient
57 BC.CN.09.09YNLU19sg
58 01B.MY.09.09MYPR3
59 01B.MY.09.09YNLA423
60 01B.CN.11.BAV11
61 BC.CN.10.JL100010
62 BC.CN.10.YNFL13
63 02AI.RU.10.10RU6637
64 BC.CN.09.YNFL31
65 cpx.CN.10.ANHUI HF115
66 01B.CN.11.ANHUI WF73
67 BF1.BR.10.10BR PE004
71 BF1.BR.10.10BR PE008
72 BF1.BR.10.10BR MG002
O.BR.09.UT70
O.CM.98.98CMA104
O.CM.98.98CMAAB141
O.CM.98.98CMAAB212
O.CM.98.98CMAUC537
O.CM.99.99CUA4122
O.FR.VAU
O.GA.11.11GAb352
O.SN.99.99SE MP1299
O.US.10.LTNP
N.CM.02.DJ00131
N.CM.02.SJGddd
N.CM.09.09CM015.04
N.CM.06.U14296
N.CM.06.U4842
N.FR.11.N1 FR 2011
P.CM.09.014788
P.FR.09.RBF168
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.09.09CM02ATAN13
CPZ.US.05.Marylin
GOR.CM.07.SIVgor2139 287
GOR.CM.07.SIVgorCPZ135CO

[illegible]

A1.AU.03.P510V44 Day0
A1.CY.08.HIV CH BID_V3538
A1.CY.08.CY226 8
A1.CY.08.CY1698 8
A1.KE.11.DEMA11KE001
A1.RU.11.11RU6950
A1.RW.11.DEMA11RW002
A1.SN.01.DD1571
A1.SN.01.DD1571 11
A1.ZA.04.AZASK162B1
A2.CM.01.01CM 1445MW
A2.CY.94.94CY017 41
B.BR.10.10BR MG029
B.CA.07.502 1191 03
C.CH.08.08 0903101 NFLG8
C.CM.08.DEMB10CM002
C.ES.10.DEMB10ES002
C.FR.11.DEMB11FR001
B.GB.05.DMBA542213 GN1
B.HK.06.HK003 2
B.JP.12.05HT 129389
B.KR.07.HP 18 07JHS10 3901
B.PE.07.502 0525 wgs
B.RU.11.11RU21N
B.UK.07.NEKL80DTRC10
B.US.11.E538
C.AR.01.ARG4006
C.BR.07.DEMC07BR003
C.BW.00.00BW5031 1
C.CN.18.YNFL19
C.CY.09.CY260
C.ES.08.X236 2
C.ET.02.02ET 288
C.IN.09.T125 2139
C.KE.00.KER2010
C.MW.09.783010256 CH256.w
C.MW.09.783010256 CH457.w
C.YE.02.02YE511
C.ZA.08.705010534 CH534.w
C.ZA.10.DEM10ZAO001
C.ZM.11.DEMC11ZM006
D.CM.10.DEM10CM009
D.CY.06.CY161
D.KE.08.DEMD11KE003
D.KR.04.04KBH8
D.SN.90.SE365
D.TZ.01.A280
D.UG.10.DEMD10UG004
D.UG.10.DEMD10UG003
D.YE.02.02YE511
D.ZA.90.R1
F1.AO.06.AO 06 ANG32
F1.AR.02.ARE933
F1.BR.10.10BR RJ015
F1.CY.08.CY22 8
F1.CY.02.ES X845 4
F1.FO.96.BCI R07
F1.RU.08.D88 845
F2.CM.02.02CM 0016BBY
F2.CM.10.DEMF210CM007
F2.CM.10.DEMF210CM001
G.BE.96.DRCBL
G.CM.10.DEMG10CM008
G.CN.08.GX 2084 08
G.CY.09.Cu74
G.ES.09.X2634 2
G.ES.03.03GFL75C
G.KE.09.DEMG09KE001
G.NG.09.09NG SC62
G.ZA.01.TV546
H.BE.93.VI991
H.CF.08.006
H.GB.00.00GBAC4001
J.CM.04.04CMU11421
J.CM.04.04CMU11421 887
J.ES.04.04.ES YNFL03
J.KE.08.08.KE YN173 78
K.CD.97.97ZTR EQT811
K.CM.96.96CM MP535
U.CA.01.TV749
U.CA.99.TV721
U.CD.83.CD8003 23
U.CD.96.96CD121E12
U.CY.08.CY90
U.CY.08.CY223
U.ES.10.DEURF10DZ001
U.GR.99.99GR303
U.NL.95.95 NL H5 H10986_D1
01.AE.04.07.569M
01.AE.CF.98.98CF11697
01.AE.CF.98.98CF11697
01.AE.HK.04.HK001
01.AE.10.10TR.THR48F
01.AE.JP.x JRC777A
01.AE.TH.09.AA990A WG11
01.AE.09.09.ES YN173 78
01.AE.US.05.05.06163 FL
01.AE.VN.98.98VNND1

[illegible]

B.FR.83.HXB2

01 AG. CM. 98.DF00210CM013
02 AG.EY.CM.97 C260000000
02 AG.EW.05.CE.P1423
02 AG.GW.05.CC.0048
02 AG.LR.L2.12MH9R
02 AG.KR.JC.POC44951
02 AG.SG.97.00.00000 SC61
02 AG.NC.97.J.BMG
02 AG.SE.94.SF57812
02 AG.SN.98.98SE.MP1211
03 AB.RU.97.KAL153.2
03 CPX.CY.94.97.00000 SC3
05 CPX.CY.97.VI3110
06 CPX.AU.96.BFP90
07 BC.CN.98.98CN009R
08 BC.CN.97.97CNGX.6F
09 CPX.CN.96.96GZH2911
09 CPX.CN.96.96CMTB047
11 CPX.CN.95.95.00000 BF661
11 CPX.CN.95.95.CM.1816
12 BF.AR.99.APMIA159
13 CPX.CN.96.96.CM.1849
14 BG.E5.05.X1870
15 CPX.CN.97.97.00000 MU2079
16 AZD.KR.97.97KR080A
17 BF.AR.99.ARM706
18 CPX.CU.99.CU038
19 CPX.CU.99.CU07
20 BG.CU.99.CU038
21 CPX.BE.99.BEP203
22 O1A1.CM.01.O1CM.00018
23 BG.CU.03.CB118
24 BG.E5.08.XZ456.2
25 CPX.CN.02.1918LE
26 CPX.CN.97.97CMTB047
27 CPX.FR.04.04.BRECFR KZS
28 BF.FR.09.09CPM12609
29 BF.FR.01.01BPMP16704
31 BC.BR.04.04BR142
32 06A1.EU.01.E00369
33 CPX.CN.97.97.00000 B9.C
34 B1B.TH.99.09UR2478P
35 AD.AF.07.169H
36 CPX.CM.00.00CMNYU830
37 CPX.CM.00.00CMNYU936
38 CPX.CM.00.00CMNYU129
39 BF.FR.04.04BR1911
40 BF.FR.05.05BRBJR055
42 BF.LU.06.LUBR.18.06
43 02G.SA.03.J11223
44 CN.CM.08.CH08
45 CPX.FR.07.07FRPFR AUK
46 BF.FR.07.07FRP FSP625
47 BF.E5.08.P1942
48 B1B.MY.07.07MYKT021
49 CPX.CM.03.CN2677
50 CPX.CN.97.97.00000 P2
51 B1B.SG.11.11SG.MH08.1
52 B1B.SG.11.11SG.MH02.1
53 B1B.MY.11.11FR1964
54 B1B.MY.09.09PRMS24
55 CPX.CN.97.97.00000 S255
56 CPX.FR.19.09.FRYS patient
57 BC.CN.98.URNFLX195g
58 B1B.MY.09.09MYPR33
59 B1B.CN.09.09LNAA23
60 CPX.B1.11BA.020526
61 BC.CN.10.1009010
62 BC.CN.10.YNFL13
63 02A1.RU.10.10RU6637
64 BC.CN.09.YNFL31
65 CPX.CN.19.YNFL01
66 CPX.CN.97.97.00000 HF15
68 B1B.CN.11.ANHUT.HW13
70 BFL.BR.10.10BR PE004
71 BFL.BR.10.10BR PE008
72 BFL.BR.10.10BR MG002
73 BE.ANT.10.10ANT000
74 BC.CN.98CMA104
75 CN.98.98CBMB1141
76 CN.98.98CBMB212
77 CN.98.98CMU5337
78 CN.99.99CMU4122
79 CPX.VAU.99.99VAV000
80 GA.11.11Ga6P352
81 SN.99.99SGMPS1299
82 U.S.10.LTNP
83 CN.02.DJ00121
84 CN.02.SJdddd
85 CN.02.04CHN.1015.04
86 CN.02.024296
87 CN.06.IU4842
88 FR.NL.11.N1 FR 2011
89 P.CM.06.IU4788
90 P.FR.09.RBF16B
91 CPZ.CD.06.BF1667
92 CN.06.SVPCMT145
93 CPZ.GA.08.GAB1
94 CPZ.06.SVPCMT145
95 CPZ.US.05.USMarlin
96 CPZ.US.05.USMarlin
97 GOR.CM.07.SVGor2135.280
98 GOR.CM.07.SVGorCP2135c

[illegible]

[illegible]

B.FR.83.HXB2
Vif
Vpr

02 AG.CM.10.D069021C0M013
02 AG.CY.C9.YC256
02 AG.GW.E6.P1423
02 AG.GW.E5.CC_0048
02 AG.KR.L2.12PHH9
02 AG.MD.FX.XP0C151
02 AG.NG.O9.09NG SC61
02 AG.NG.XC.IBNG
02 AG.SE.S4.SE7812
02 AG.SN.98.98S MP1211
03 AB.RU.JR.9KAL153
03 AG.AG.94.94AG Y032_3
05 DF.BE.X.V11310
06 cpx.AU.96.BFPF90
07 BC.CN.98.98CNCG9
08 BC.CN.97.97CNCG 6F
09 AG.96.96AG 9653_911
10 CD.TZ.96.96TZ BF061
11 cpx.CM.95.95CM 1816
12 BF.AR.99.ARMAI55
13 cpx.CM.96.96CM 1849
14 ES.E5.E5ES 987505
15 01TH.99.01TH MU2079
16 A2D.ZK.97.97ZR004
17 BF.AR.99.ARMA038
18 cpx.CU.99.CU76
19 CM.99.CM03
20 CU.99.CU0183
21 A2D.KE.99.KER2003
22 01AI.CM.01.01CM 0001BB
23 BG.BG.03.CB118
24 BG.ES.E8.2A56E2
25 CFX.96.96CFX 02CD MBT8047
27 CF.FR.04.04CF BZEPS
28 BF.FR.99.BREPM12609
29 BF.FR.01.BREPM16704
31 BC.BA.04.04BR142
32 01B.D.97.01BD 0369
33 01B.ID.07.JKT1878
34 01B.TH.99.OUR24789
35 AD.AF.07.169H
36 cpx.08.08CMNYU830
37 01B.UV.98.01BU926
38 01B.UV.98.UY93389
39 BF.BA.04.04BRR1J7
40 BF.BF.05.05BRKRJ055
42 BF.LJ.06.LuBF 18 06
43 02G.SA.03.01223
44 01B.06.01B06
45 cpx.FR.04.04FR AUK
46 BF.FR.07.07BR FP5625
47 BF.ES.08.P1942
48 01B.MY.07.07MYKT021
49 cpx.08.08.26772
50 01B.GB.10.GB96
51 01B.SG.11.11SG H0021
52 01B.SG.03.03MYK HM018_1
53 01B.MY.11.11FR184
54 01B.MY.09.09MYB04
55 01B.08.08.08FB 53056
56 cpx.CN.09.URF5 patient
57 BC.CN.09.09NYLX19sg
58 01B.MY.09.09MPY337
59 01B.CN.09.99SLNA423
60 01B.08.08.BABE
61 BC.CN.10.JL100010
62 BC.CN.10.YNFL31
63 02AI.RU.10.10RU6637
64 BC.CN.09.YNFL31
65 cpx.CN.10.YFL01
66 01B.08.08.08.08.HF115
68 01B.CN.11.ANHUT HW73
70 BF1.BR.10.10BR PE008
71 BF1.BR.10.10BR PE004
72 BF1.BR.10.10BR MG002
0.CM.98.98CMA104
0.CM.98.98CMA8B114
0.CM.98.98CMA8B212
0.CM.98.98CMU3327
0.CM.98.98CMU4137
0.CM.98.98CMU4322
0.GA.11.11GAP6352
0.SN.99.99BPMS1P299
0.US.10.LTNP
N.CM.02.DJ00131
N.CM.02.SJ6ddd
N.CM.04.04.CM 1015_04
N.CM.04.04.CM 1015_04
N.CM.06.U4842
N.FR.11.N1 FR 2011
P.CM.06.U41788
P.FR.09.RBF168
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.CD.05.S1VcpMT145
CPZ.GA.08.GAB1
CPZ.CD.05.S1VcpTAN13
CPZ.US.85.US Marilyn
GOR.CM.07.SIVgor2139 287
GOR.CM.07.SIVgorCP2135c0

[illegible]

frameshift insert in HXB2
Vpr premature end (HXB2 only)

[illegible]

B.FR. 83.XHB2
Vpr (framedshift)
Vpr

02 AG.CM.10.D.E000210CM013
02 AG.CY.09.C1256
02 AG.CY.09.C1256
02 AG.GW.05.C1256
02 AG.GR.12.12MH9R
02 AG.LR.x.P0C4A951
02 AG.NG.09.B9NG SC61
02 AG.NG.12.12MH9R
02 AG.SG.14.SE7812
02 AG.SN.98.98SE MP1211
03 AB.RU.97.KA153 2
04 cpx.CY.94.94CY032_3
05 cpx.BE.x.x.130F
06 BC.CN.96.BF990
07 BC.CN.98.98CN0909
08 BC.CN.97.97CNXG 6F
09 cpx.CM.96.96GH2911
10 CD.TZ.96.96TZ BF861
11 CD.TZ.96.96TZ BF861
12 BF.AR.99.ARM159
13 cpx.CM.96.96CM 1849
14 BG.ES.05.X1870
15 IB.TH.99.99TH MU2079
16 IB.TH.99.99TH MU2079
17 BF.AR.99.ARM038
18 cpx.CU.99.CU76
19 cpx.CU.99.CU7
20 BG.CU.99.CU103
21 BG.CU.99.CU103
22 OLA.CM.98.01CM 0001BB
23 BG.CM.93.CB118
24 BG.ES.08.X2456 2
25 cpx.CM.92.1918E
26 AU.CD.92.02CDT MB07
27 BF.CM.99.BF990
28 BF.CD.99.BREFM12609
29 BF.BR.01.BREFM16704
31 BC.BR.04.04BR142
32 OGA1.EE.01.EE0369
33 OGA1.EE.01.EE0369
34 BF.TH.99.99TH 0247BP
35 AD.AF.07.169H
36 cpx.CM.00.00CMNYU830
37 cpx.CM.00.00CMNYU926
38 BF.LU.93.03.LU03 3369
39 BF.LU.93.03.LU03 3369
40 BF.BR.05.05BRR3055
42 BF.LU.06.06LUB 18 06
43 OZG.SA.03.J11223
44 BF.CL.08.CH88
45 BF.CM.94.04CFR AUK
46 BF.BR.07.07BR PSF625
47 BF.ES.08.P1942
48 IB.MY.07.07MYKT021
49 cpx.CM.03.N2677
50 IB.MY.10.10MY92
51 IB.MY.11.11MY HM021
52 IB.MY.03.03MY HM018 1
53 IB.MY.11.11IFR164
54 IB.MY.09.09MY SB023
55 IB.CN.10.H05C12066
56 cpx.CM.99.CM patient
57 BC.CN.09.09YNLX19sg
58 IB.MY.09.09MYPR33
59 IB.CN.99.09.NLA223
60 BC.TT.11.BA499
61 BC.TT.10.10.TT09010
62 BC.CN.10.YNLF13
63 O2A1.RU.10.10RU6637
64 BC.CN.09.YNLF13
65 cpx.CN.10.YNLF01
66 BC.CN.10.YNLF01
67 IB.CN.11.ANHUT HF115
68 IB.CN.11.ANHUT HF173
70 BF1.BR.10.10BR PE094
71 BF1.BR.10.10BR PE008
72 BF1.BR.10.10BR MG002
0.BE.87.ANT70
0.CM.98.98CMA104
0.CM.98.98CMAEB141
0.CM.98.98CMAEB212
0.CM.98.98CMAU5337
0.CM.99.99CMA4122
0.CM.99.99CMA4122
0.GA.11.11GA6P3592
0.SN.99.99SE MP1259
0.US.10.LTNP

N.CM.02.DJ00131
N.CM.02.SJd0dd
N.CM.04.04CH 1015 04
N.CM.05.U4296
N.CM.06.U14842
N.FR.11.N1.FR 2011
P.CM.06.U14788
P.FR.09.RBF168

CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.CM.05.SIVCPZMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.GA.88.SIVCPZTAN13
CPZ.US.85.US Marilyn
GOR.CM.07.SIVgor21398
GOR.CM.07.SIVgorCP21335ct

[illegible]

[illegible]

B. FR. 83. HXB2
Vpr (frameshifted)
Tat exon 1
Rev exon 1
02 AG. CM. 18. DE08210CM013
02 AG. CY. 09. CY215
02 AG. ES. 96. P1423
02 AG. GW. 05. CC 0048
02 AG. KR. 12. 12MHR9
02 AG. LR. x. POC44951
02 AG. NG. 09. 09NG SC61
02 AG. NG. x. 18NG
02 AG. SE. 94. SE7812
02 AG. SN. 98. 98SE MP1211
03 AB. RU. 97. KAL153 2
04 cpx. CY. 94. 94CY032 3
05 DF. BE. x. V1910
06 cpx. AU. 96. BFP90
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNX 6F
09 cpx. GH. 96. 96GH2911
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816
12 BF. AR. 99. ARMA159
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH RMO2079
16 AZD. KR. 97. 97KR004
17 BF. AR. 99. ARMA038
18 cpx. CU. 99. CU76
19 cpx. CU. 99. CU73
20 BG. CU. 99. CU103
21 AZD. KE. 99. KE02003
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 cpx. CM. 02. 1918L
26 AU. CD. 02. 02CD MBT0047
27 cpx. FR. 04. 04CD FR KZ5
28 BF. BR. 99. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06A1. EE. 01. EE0369
33 01B. ID. 04. 04ID C
34 01B. TH. 99. 09TH2478P
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926
38 BF1. UY. 03. UY03 3309
39 BF. BR. 04. 04BRJ179
40 BF. BR. 05. 05BRJ055
42 BF. LU. 06. 06BF 18 06
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CU. 08. CH80
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 cpx. CM. 03. N26677
50 A1D. 08. 10. 10792
51 01B. SG. 11. 11SG HM021
52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1
53 01B. MY. 11. 11FIR164
54 01B. MY. 09. 09MYSB023
55 01B. CN. 10. 10HNC102056
56 cpx. FR. 10. 10FR patient_A
57 BC. CN. 09. 09YNLX199
58 01B. MY. 09. 09MYPR37
59 01B. CN. 09. 09LNA423
60 BC. IT. 11. BAV499
61 BC. CN. 10. J1100010
62 BC. CN. 10. YNFI13
63 02A1. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNFI31
65 cpx. CN. 10. YNFI01
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002
O. BE. 07. ANT70
O. CM. 98. 98MA184
O. CM. 98. 98CMAB141
O. CM. 98. 98CMAB212
O. CM. 98. 98CMU5337
O. CM. 99. 99CMU4122
O. FR. 92. VAU
O. GA. 11. 11GAB6352
O. SN. 99. 99SE MP1299
O. US. 10. LTNP
N. CM. 02. DJ00131
N. CM. 02. SJGdd
N. CM. 04. 04CM 1015 04
N. CM. 06. U14296
N. CM. 06. U14842
N. FR. 11. N1 FR 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. CD. 06. BF1167
CPZ. CM. 05. SIVcpzMT145
CPZ. GA. 08. GAB1
CPZ. TZ. 06. SIVcpzTAN13
CPZ. US. 85. US Marilyn
GOR. CM. 07. SIVgor2139 287
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con

Tat exon 1 start Vpr end
Rev exon 1 start
CAGAGGAGAGCA...AGAAATGGAGCCAGTAGACTCTAGACAGCCCTGGAAGCATCCAGGAAGTCAGCCTAAACTGCTTGTACCAATTGTCTATTGTAAGAAAGTTGTGCTTTTCATTGCCAAAGTTTGTTCATAACAAAGCCTTAGGCATCTCCTATGGCAGGAA 5979
Q R R A . # N N G A S R S *
M E P V D P R L E P W K H P G S Q P K T A C T N C Y C K K C C F H C Q V C F I T K A L G I S Y G R K
M A G
GG -A -GC -G -TG -C -G -GC -G -T -TG -C -GG -T -C -A -C -TT -G -AC -G -G 5345
GG -A -GC -G -TG -C -G -GC -G -T -TG -C -GG -T -C -A -C -TT -G -AC -G -G 5374
AG -AMG -A -T -G -G -A -TG -C -G -GC -G -T -TG -C -GG -T -C -A -C -TT -G -AC -G -G 5412
GGA -A -GC -G -TG -C -G -GC -G -T -TG -C -GG -T -C -A -C -TT -G -AC -G -G 5328
GG -A -GC -G -TG -C -G -GC -G -T -TG -C -GG -T -C -A -C -TT -G -AC -G -G 5637
GG -A -GC -G -TG -C -G -GC -G -T -TG -C -GG -T -C -A -C -TT -G -AC -G -G 5973
AG -A -GC -G -TG -C -G -GC -G -T -TG -C -GG -T -C -A -C -TT -G -AC -G -G 5170
GG -A -GC -G -TG -C -G -GC -G -T -TG -C -GG -T -C -A -C -TT -G -AC -G -G 5302
GG -A -GC -G -TG -C -G -GC -G -T -TG -C -GG -T -C -A -C -TT -G -AC -G -G 5350
GG -A -GC -G -TG -C -G -GC -G -T -TG -C -GG -T -C -A -C -TT -G -AC -G -G 5175
-G -A -GC -G -TG -C -G -GC -G -T -TG -C -GG -T -C -A -C -TT -G -AC -G -G 5204
-A -AG -GGCAG -GG -T -GAC -C -G -C -G -A -A -G -T -TC -T -GG -C -TC -G -G -G 5348
-A -AT -G -T -AC -C -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5360
06 cpx. AU. 96. BFP90 -A -A -G -T -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 6006
07 BC. CN. 98. 98CN009 -A -A -G -T -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5313
08 BC. CN. 97. 97CNX 6F -A -A -G -T -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5161
09 cpx. GH. 96. 96GH2911 -AG -A -GC -GG -A -TG -C -AC -C -G -GC -A -A -C -T -C -GCA -A -A -T -T -CAC -C -T -G -AC -G -G 5183
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061 -GG -A -GC -G -A -TG -C -ACA -C -G -C -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5342
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816 -GG -A -GC -G -A -TG -C -ACA -C -G -C -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5983
12 BF. AR. 99. ARMA159 -A -T -C -T -ACT -C -C -CA -TC -C -A -T -CG -G -T -CTGG -C -G -G -G 5383
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849 -A -A -GT -T -T -AC -A -A -C -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5445
14 BG. ES. 05. X1870 -A -A -GT -T -T -AC -A -A -C -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5338
15 01B. TH. 99. 99TH RMO2079 -GA -AG -C -AGG -G -C -G -T -AC -C -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5192
16 AZD. KR. 97. 97KR004 -A -TC -AT -ACT -T -C -C -C -C -C -GA -T -T -G -GA -A -T -CTGG -C -T -C -G -G 5283
17 BF. AR. 99. ARMA038 -A -A -GG -C -G -AT -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5204
18 cpx. CU. 99. CU76 -GA -A -T -GG -C -G -AT -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5444
19 cpx. CU. 99. CU73 -G -A -T -GG -C -G -AT -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5186
20 BG. CU. 99. CU103 -G -A -T -GG -C -G -AT -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5421
21 AZD. KE. 99. KE02003 -GG -A -GC -GG -A -TG -C -AC -C -G -GC -A -A -C -T -C -GCA -A -A -T -T -CAC -C -T -G -AC -G -G 5429
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY -GG -A -GC -GG -A -TG -C -AC -C -G -GC -A -A -C -T -C -GCA -A -A -T -T -CAC -C -T -G -AC -G -G 5186
23 BG. CU. 03. CB118 -G -A -AG -GG -T -G -AC -C -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5983
24 BG. ES. 08. X2456 2 -G -A -AG -GG -T -G -AC -C -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5344
25 cpx. CM. 02. 1918L -AGC -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5382
26 AU. CD. 02. 02CD MBT0047 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5450
27 cpx. FR. 04. 04CD FR KZ5 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5613
28 BF. BR. 99. BREPM12609 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5180
29 BF. BR. 01. BREPM16704 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5178
31 BC. BR. 04. 04BR142 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5184
32 06A1. EE. 01. EE0369 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5169
33 01B. ID. 04. 04ID C -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5455
34 01B. TH. 99. 09TH2478P -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5461
35 AD. AF. 07. 169H -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5332
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5303
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5964
38 BF1. UY. 03. UY03 3309 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5416
39 BF. BR. 04. 04BRJ179 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5420
40 BF. BR. 05. 05BRJ055 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5183
42 BF. LU. 06. 06BF 18 06 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5400
43 02G. SA. 03. J11223 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5385
44 BF. CU. 08. CH80 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5185
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5292
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5315
47 BF. ES. 08. P1942 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5380
48 01B. MY. 07. 07MYKT021 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5329
49 cpx. CM. 03. N26677 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5165
50 A1D. 08. 10. 10792 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5323
51 01B. SG. 11. 11SG HM021 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5162
52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5402
53 01B. MY. 11. 11FIR164 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5304
54 01B. MY. 09. 09MYSB023 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5519
55 01B. CN. 10. 10HNC102056 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5335
56 cpx. FR. 10. 10FR patient_A -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5475
57 BC. CN. 09. 09YNLX199 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5477
58 01B. MY. 09. 09MYPR37 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5475
59 01B. CN. 09. 09LNA423 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5201
60 BC. IT. 11. BAV499 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 6043
61 BC. CN. 10. J1100010 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5956
62 BC. CN. 10. YNFI13 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5481
63 02A1. RU. 10. 10RU6637 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5465
64 BC. CN. 09. YNFI31 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5486
65 cpx. CN. 10. YNFI01 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5482
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5376
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5455
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 6019
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 6083
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5520
O. BE. 07. ANT70 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 6042
O. CM. 98. 98MA184 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5484
O. CM. 98. 98CMAB141 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5521
O. CM. 98. 98CMAB212 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5520
O. CM. 98. 98CMU5337 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5520
O. CM. 99. 99CMU4122 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5520
O. FR. 92. VAU -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5520
O. GA. 11. 11GAB6352 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5520
O. SN. 99. 99SE MP1299 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5520
O. US. 10. LTNP -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5520
N. CM. 02. DJ00131 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5520
N. CM. 02. SJGdd -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5520
N. CM. 04. 04CM 1015 04 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5520
N. CM. 06. U14296 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5520
N. CM. 06. U14842 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5520
N. FR. 11. N1 FR 2011 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5520
P. CM. 06. U14788 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5520
P. FR. 09. RBF168 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5520
CPZ. CD. 06. BF1167 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5520
CPZ. CM. 05. SIVcpzMT145 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5520
CPZ. GA. 08. GAB1 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5520
CPZ. TZ. 06. SIVcpzTAN13 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5520
CPZ. US. 85. US Marilyn -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5520
GOR. CM. 07. SIVgor2139 287 -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5520
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con -A -GC -G -C -G -C -G -AC -A -C -T -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G 5520

[illegible]

GTAAATCATAGAAATATAGG

6211

5428
5429
5431
5668
5738
571
5421
5561
5655
5879
5877
5672
5640
5666
5587
5456
5580
5417
5674
5874
5687
5781
5443
6145
5402
5585
5585
5566
5653
5674
6186
6202
5403
6216
6210
5573
5581
5585
5418
5548
6166
6227
5411
5548
5559
5432
5514
6626
5410
6074
5679
5403
5474
5559
6177
5456
5824
5703
6260
5411
5411
5422
5725
5533
5554
5722
5725
5409
5413
6236
6235
5702
5403
5418
5418
5491
5492
6102
5417
6163
5418
5584
5404
6211
5636
5782
5404
5469

02 AG.CM.10.D.E00210CM013
02 AG.CY.09.CY256
02 AG.CY.09.P1313
02 AG.GW.05.CC 0048
02 AG.KR.12.12MH9
02 AG.LR.x.P0C44951
02 AG.NG.09.09NG SC61
02 AG.NG.x.IBNG
02 AG.NG.09.09NG 7812
02 AG.SN.98.98SSE MP1211
03 AB.RU.97.KAL153 2
04 cpx.CY.94.94CY032 3
05 DF.BE.x.V13130
06 AG.CY.09.09CY090 13
07 BC.CN.98.98CN09
08 BC.CN.97.97CN08 6F
09 cpx.GH.96.96GH291
10 CD.TZ.96.96TZ BF061
11 AG.CY.09.09CY090 1816
12 BF.AR.99.ARMA155
13 cpx.CM.96.96CM 1849
14 BG.ES.05.X1870
15 01B.TH.99.99TH MU2079
16 AZD.KR.97.97KR004
17 AR.CU.99.99AR038
18 cpx.CU.99.CU76
19 cpx.CU.99.CU7
20 BG.CU.99.CU103
21 AZD.KR.99.KER003
22 AG.CY.09.09CY0001BB
23 BG.CU.03.CB118
24 BG.ES.08.X2456 2
25 cpx.CM.02.1918LE
26 AU.CD.02.02CD MBT09
27 AG.CY.09.09CY090 18 FZ25
28 BF.BR.99.BREPM16704
29 BF.BR.01.BREPM16704
31 BC.BR.04.04BR142
32 06A1.EE.01.EE0369
33 01B.ID.07.07KT188
34 AG.CY.99.09CY090 2478P
35 AD.AF.07.07.169H
36 cpx.CM.96.06CMNYU830
37 cpx.CM.96.06CMNYU926
38 BF1.UY.09.09UY3 3589
39 cpx.CY.04.04CY179
40 BF.BR.05.05BRJR055
41 BF.LU.06.06BR 18 06
42 BG.SA.03.J11223
43 02F.CN.08.CH80
44 AG.CY.09.09CY090 18 FZ25
46 BF.BR.07.07BR FPS625
47 BF.ES.08.P1942
48 01B.MY.07.07MYKT021
49 cpx.GM.03.N26677
50 AG.SG.10.12792
51 01B.MY.09.09MY HM021
52 01B.MY.03.03MYKL018 1
53 01B.MY.11.11FR164
54 01B.MY.09.09MY58023
55 01B.CN.98.HNC5102956
56 cpx.CY.09.09CY090 18 patient
57 BC.CN.09.09CN1959L
58 01B.MY.09.09MYPR37
59 01B.CN.09.09LNA423
60 BC.IT.11.BAV44
61 01B.VA.09.09VA09010
62 BC.CN.10.YNFL13
63 02A1.RU.10.10RU6637
64 BC.CN.09.YNFL31
65 cpx.CN.10.YNFL01
66 01B.CN.11.YNFL01
67 01B.CN.11.ANHUT HF115
68 01B.CN.11.ANHUT WH73
70 BF1.BR.10.10BR PE004
71 BF1.BR.10.10BR PE008
72 BF1.BR.10.10BR MG002
0.BE.07.AN770
0.CM.98.CMMA104
0.CM.98.98CMABB141
0.CM.98.98CMABB212
0.CM.98.98CMU5337
0.CM.99.99CMU4122
0.CM.99.99CMU4122
0.GA.11.11G6b3520
0.SN.99.99SE MP1299
0.US.10.LTNP
N.CM.02.DJ00131
N.CM.02.53Gddd
N.CM.04.04CM 1015 04
N.CM.04.04CM 1015 04
N.CM.04.04CM 1015 04
N.CM.11.044842
N.FR.11.N1 FR 2011
P.CM.06.U14788
P.FR.09.RBF168
CPZ.CD.06.5F116P
CPZ.CD.05.BCpzM145
CPZ.GA.98.GAB1
CPZ.GA.05.CPZTAN13
CPZ.95.85.U5 Marilyn
GOR.CM.07.SIVGor2139 287
GOR.CM.07.SIVGorCP213530

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

	Env start	Vpu end										Env signal peptide end	Env gp120 start	
		GAAGACAGTGGCAATGAGAGTGAAGGAGAAATATCAGCAC	TTG	TTGAGATGG	GGGTGG	AGATGGGGACCATG	CTCTCTGGGATG	TTGATGATCTGT	AGTGCT	ACA	GAAAAATTGTGGGTCA	6333		
		E D S G N E S E G E K Y S A L V E M	L	G V	E M G H	A P W D	V D D L	* S A		T	E K L W V			
Env		M R V K E K Y Q H	L	W R M	G W	R W G T M	L L G M	L M I C	S A					
A1.AU.03.PS1044 Day0		C	G	T	C	GAT	A	T						
A1.CH.03.HIV CH BID V3538		G	T	G	TGC	GAG	A	T						
A1.CY.08.CY236		G	T	C	GAT	A	T							
A1.E5.05.X1608 8		G	T	C	GAT	A	T							
A1.KE.11.DEMA11KE001		T	G	C	CTGAT	A	T							
A1.RU.11.11RU6950		A	C	G	TGA	GAG	A	T						
A1.RW.11.DEMA11RW002		A	T	G	T	C	GAG	A	T					
A1.SN.01.DD1570		T	G	T	C	GAG	A	T						
A1.UG.11.DEMA110UG001		T	T	C	GAT	ATT	G							
A1.ZA.04.04ZASK162B1		T	T	C	C	GAG	A	T						
A2.CM.01.01CM 1445MV		A	T	G	C	C	GAG	A	T					
A2.CY.94.94CY017 41		T	G	C	C	GAG	A	T						
B.BR.10.10BR MG029					TCAGGA	A	T							
B.CA.07.502 1191 03					TCAGGAG	A	T							
B.CH.08.M2 0803101 NFLG8		A			CCA	GA	A	T						
B.CN.10.DEMB10CN002		C	T	TCAGGA	AGT									
B.ES.10.DEMB10ES002		T			TCAGGA	A	T							
B.FR.11.DEMB11FR001		A			CCAGG									
B.GB.05.MM45d213 GN1					TCATGA	AG								
B.HK.06.HK003		A			TCAGGA	ACT								
B.HT.05.05HT 129389		A			TCAGGA									
B.JP.12.DEMB12JP001		G	A		G	CCAGGA	A	T						
B.KR.07.HP 18 07JHS10 3909					G	TCAGGA	A	T						
B.PE.07.502 0525 wq5		C	G	G	TCATGAG	A	T							
B.RU.11.11RU21n					TCAGG									
B.TH.08.MER1BDRCTC10		A	C	T	TCAGGA	A	T							
B.US.11.E538		T	G	TCAGGA	A	T								
C.AR.01.ARG4006		C	G	T	C	GAG	A	T						
C.BR.07.DEMC07BR003		T	G	C	C	GAG	A	T						
C.BW.00.00BW5031 1		T	G	C	C	GAG	A	T						
C.CN.10.YNFL19		G	T	C	CTGAG	A	T							
C.CY.09.CY260		T	G	TCATGAG	A	T								
C.ES.08.X2363 2		G	G	T	CTGAG	A	T							
C.ET.02.02ET 288		G	G	T	C	GAG	A	T						
C.IN.09.T125 2139		T	T	C	CTGAG	A	T							
C.KE.00.KER2010		G	G	T	C	GAG	A	T						
C.MM.09.703010256 CH256.w96		G	G	T	C	GAG	A	T						
C.TZ.08.707C TGA0457 CH457.w8		A			T	G	TGA							
C.YE.02.02YE511		C	G	T	C	CTGAG	A	T						
C.ZA.08.705010534 CH534.w12		T			T	G	C	GA	A	T				
C.ZA.10.DEMC10ZA001		A	T	G	TCA	GAG	ACT							
C.ZM.11.DEMC11ZM006		G	G	T	TGAG	A	T							
D.CM.10.DEMD10CM009		C	G	T	A	GAG	A	T						
D.CY.06.CY163		C	G	T	A	GAG	A	T						
D.KE.11.DEMD11KE003		T			G	TGA	GAG	A	T					
D.KR.04.04KBH8		T			G	TGA	GAG	A	T					
D.SN.90.SE365		T			C	G	TGA	AAG	A	T				
D.TZ.01.A280		T			T	C	C	GAG	A	T				
D.UG.10.DEMD10UG004		T			G	TGA	GA	A	T					
D.UG.11.DEMD11UG003		T			G	T	G	GA	A	T				
D.YE.02.02YE516		C	G	G	TGA	GAG	A	T						
D.ZA.90.R1		C	G	G	TGG	GAG	A	T						
F1.A0.06.A0 06 ANG32		G	A		T	G	TGC	GAG	A	T				
F1.AR.02.ARE933		T			G	G	TGC	GAG	A	T				
F1.BR.10.10BR RJ015					A	G	G	TGC	GAG	A	T			
F1.CY.08.CY222		C			G	T	CGC	GAG	A	T				
F1.ES.02.ES X845 4		G			C		G	TGC	GAG	A	T			
F1.F0.96.BC1 R87			C	A	G		G	T	GC	GA	A	T		
F1.RU.08.D88 845					T	G	TGC	GAG	A	T				
F2.CM.02.02CM 0016BBY					G	G	TGC	GAG	A	T				
F2.CM.10.DEMF210CM001		A			G		TGC	GAG	A	T				
F2.CM.10.DEMF210CM007					G	G	TGC	GAG	A	T				
G.BE.96.DRCBL		A					G	T	C	GAG	A	T		
G.CM.10.DEMG10CM008							G	T	C	GAG	A	T		
G.CN.08.GX 2084 08		T	A				G	T	C	GAG	A	T		
G.CU.99.Cu74		A					G	T	C	GAG	A	T		
G.ES.09.X2634 2		A	A				G	C	G	AGT				
G.GH.03.03GH1756		A					G	T	C	GAC	A	T		
G.KE.09.DEMG09KE001		A					TGA	GAG	A	T				
G.NG.09.09NG SC62		A	A				G	C	GA	A	T			
G.ZA.01.TV546		A					G	T	C	GAG	A	T		
H.BE.93.VI991		C					T	C	C	GAG	A	T		
H.CF.90.056		C					T	C	C	GAG	A	T		
H.GB.00.00GBAC4001		C					T	C	C	GAG	A	T		
J.CM.04.04CMU11421		G	A				C	T	C	GAG	AGT			
J.SE.93.SE9280 7887		T	C				T	C	GA	A	T			
J.SE.94.SE9173 7022		T	C				T	C	GAC	AGT				
K.CD.97.97ZR E0TB1					C		G	T	C	GAG	A	T		
K.CM.96.96CM MP535					G		TGC	GAG	A	T				
U.CA.01.TV749		T					G	C	C	GAG	A	T		
U.CA.99.TV721		T					T	CGA	GAG	A	T			
U.CD.83.83CD003 23							T	C	GAG	A	T			
U.CD.90.90CD121E12		C					T	C	GAG	A	T			
U.CY.05.CY098					C		T	C	GA	A	T			
U.CY.08.CY236					T		G	T	C	GAG	A	T		
U.ES.10.EURF180D001		A			C		T	C	GAC	A	T			
U.GR.99.99GR303					T		G	T	C	GAG	A	T		
U.NL.95.U NL 95 HI0986_D1					G		TGC	GAG	A	T				
01 AE.AF.07.569M		A					G	C	C	GAG	A	T		
01 AE.CF.90.90CF11697		A	G				G	C	AAAT	A	T			
01 AE.CN.10.YNFL03		T					A	C	GAT	A	T			
01 AE.HK.04.HK001							A	C	GAT	A	T			
01 AE.IR.10.10IR THR48F		A					A	C	GAG	A	T			
01 AE.JP.x.JRC77AE		A					G	T	C	GAT	A	T		
01 AE.TH.09.AA090a W611		A					G	C	GAT	ACT				
01 AE.TH.90.CM240		A						C	C	GAT	A	T		
01 AE.US.05.306163 FL		A						G	C	GAT	A	T		
01 AE.VN.98.98VNN15		A						C	C	GAT	A	T		

Alignments

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

[illegible]

B. FR. 83. HXB2

Env

A1.AU.03.PS1044 Day0
 A1.CH.03.HIV CH BID V3538
 A1.CY.08.CY236
 A1.ES.05.X1608 8
 A1.KE.11.DEMA11KE001
 A1.RU.11.11RU6950
 A1.RW.11.DEMA111RW002
 A1.SN.01.DDI5179
 A1.UG.11.DEMA110UG001
 A1.ZA.04.04ZASK162B1
 A2.CM.01.01CM 1445MV
 A2.CY.94.94CY017 41
 B.BR.10.10BR MG029
 B.CA.07.502 1191 03
 B.CH.08.M2 0803101 NFLG8
 B.CN.10.DEMB10CM002
 B.ES.10.DEMB10ES002
 B.FR.11.DEMB11FR001
 B.GB.05.MM45d213 GN1
 B.HK.06.HK003
 B.HT.05.05HT 129389
 B.JP.12.DEMB12JP001
 B.KR.07.HP 18 07JHS10_3909
 B.PE.07.502 0525 wg5
 B.RU.11.11RU21n
 B.TH.08.MERLBDTRC10
 B.US.11.ES38
 C.AR.01.ARG4006
 C.BR.07.DEMB07BR003
 C.BW.00.00BW5031_1
 C.CN.10.YNFL19
 C.CY.09.CY260 2
 C.ES.08.X2363 2
 C.FI.02.02FI 268
 C.IN.09.T125 2139
 C.KE.00.KER2010
 C.MW.09.703010256 CH256.w96
 C.TZ.08.707010457 CH457.w8
 C.YE.02.02YE-AA
 C.ZA.08.705010534 CH534.w12
 C.ZA.10.DEMB10ZA001
 C.ZM.11.DEMB11ZM006
 D.CM.10.DEMB10CM009
 D.CY.06.CY163
 D.KE.11.DEMB11KE003
 D.KR.04.04KR08
 D.SN.90.SE365
 D.TZ.01.A280
 D.UG.10.DEMB10UG004
 D.UG.11.DEMB11UG003
 D.YE.02.02YE516
 D.ZA.90.R1
 F1.A0.06.A0 06 ANG32
 F1.AR.02.ARE933
 F1.BR.10.10BR RJ015
 F1.CY.08.CY222
 F1.ES.02.ES X845 4
 F1.FR.96.BCI R07
 F1.RU.08.D88 845
 F2.CM.02.02CM 0016BBY
 F2.CM.10.DEMB210CM001
 F2.CM.10.DEMB210CM007
 G.BE.96.DRCBL
 G.CM.10.DEMB10CM008
 G.CN.08.0X 2084 08
 G.CU.99.Cu74
 G.ES.09.X2634 2
 G.GH.03.03GH175G
 G.KE.09.DEMB09KE001
 G.NG.09.09NG SC62
 G.ZA.01.TV546
 H.BE.93.VI991
 H.CF.90.056
 H.GB.00.00GBAC4001
 J.CM.04.04CMU11421
 J.SE.93.SE9280 7887
 J.SE.94.SE9173 7022
 K.CD.97.97ZR EQTB11
 K.CM.96.96CM MP535
 U.CA.01.TV749
 U.CA.99.TV721
 U.CD.83.83CD003 23
 U.CD.90.90CD121E12
 U.CY.05.CY090
 U.CY.08.CY223
 U.ES.10.DEURF10D2001
 U.GR.99.99GR083
 U.NL.95.U_NL 95 HI0986_D1
 01.AE.AF.07.569M
 01.AE.CF.90.90CF11697
 01.AE.CN.10.YNFL03
 01.AE.HK.04.HK001
 01.AE.IR.10.01IR THR48F
 01.AE.JP.X.JRC77AE
 01.AE.TH.09.AA090a WG11
 01.AE.TH.90.CM240
 01.AE.US.05.306163 FL
 01.AE.VN.98.98VNND15

CAGCTCTATTATGGGGTACCTGTGTGGGAAGGAAGCAACCACTCTATTTTGTGCATCAGATGCTAAAGCATATGATACAGAGGTACATAATGTTTGGGCCACACATGCCTGTGTACCCACAGACCCCAACCCACACAAGAAGTAGTATTG...GTAAATGTGACAGAAAT 6500
 T V Y Y G V P V W K E A T T L F C A S D A K A Y D T E V H N V W A T H A C V P T D P N P Q E V V L V N V T E N
 -T -C -A -A -T -GAG -CT -G -C -A -G -C -T -T -A -AAT -RA -G 5714
 -G -C -G -A -C -GTG -C -G -A -A -G -C -C -T -C -A -CCT -A -CT -G 5715
 -T -C -G -A -T -GAG -CT -G -A -ACA -A -CG -A -C -T -G -G -A -AAT -A -G 5717
 -T -C -G -A -T -GAG -CT -G -G -A -Y -T -G -C -G -A -CGT -AT -A -G 5718
 -T -C -C -A -T -GAG -TCT -G -A -AAAG -C -T -G -C -GT -TAT -A -G 5855
 -G -A -C -A -GA -T -GAG -C -A -A -C -C -T -TG -A -A -G -A -G 6024
 -T -C -A -A -C -GAG -CT -A -A -G -C -C -T -G -GT -TAT -A -A -G 5857
 -G -C -G -A -C -GAG -C -CA -A -G -C -T -C -G -GT -AT -A -A -G 5707
 -T -C -G -A -T -GAG -CT -A -A -G -C -T -TG -A -AG -AA -A -G 5857
 -G -A -C -A -A -T -GAT -A -AG -A -A -C -T -A -A -A -A -A -G 5938
 -A -C -A -A -A -T -GAG -C -A -G -A -C -T -T -A -ACC -AA -A -G 5702
 -A -C -A -A -T -GAT -TC -A -G -A -G -A -A -AACC -A -A -G 5860
 -C -A -A -A -T -A -G -C -C -T -G -A -G -C -C -G -A -A -G 5958
 -A -A -A -A -T -C -G -C -C -G -C -C -C -G -A -A -G 5944
 -A -A -G -A -T -C -C -C -T -C -G -T -G -G -AT -A -A -G 5956
 -TC -A -A -A -G -G -T -C -C -T -C -G -T -G -G -C -A -G 5861
 -A -A -A -A -A -A -C -T -G -G -G -A -A -G -G -G 5733
 -A -A -A -A -A -A -C -G -C -T -A -G -A -A -G -G -A 5897
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5869
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5700
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5892
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5973
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 6058
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5732
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5641
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5688
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5850
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5871
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5852
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5741
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5939
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5720
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 6472
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5689
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 6485
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 6502
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5892
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 6493
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5853
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5867
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5874
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5710
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5845
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 6502
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 6513
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5697
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5834
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5848
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5710
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5845
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5718
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5800
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5912
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5696
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5958
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5740
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5965
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5689
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5760
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5845
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 6460
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5887
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5742
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 6110
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5989
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 6546
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5882
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5694
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5708
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5878
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5840
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 6008
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 6011
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5819
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5820
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5695
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5699
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 6525
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 6527
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5988
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5689
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5713
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5721
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5777
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5778
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 6388
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5703
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 6449
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5878
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5870
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5690
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 6497
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5922
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 6068
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5691
 -A -A -A -A -A -A -C -C -A -T -A -A -A -A -A -G -A 5755

B.FR.83.HXB2

02 AG.CM.10.DEO60218CM013
02 AG.CY.09.CYZ256
02 AG.E5.E6.P1423
02 AG.E5.E7.A0048
02 AG.KR.12.L2MH9R
02 AG.LR.x.POC44951
02 AG.NG.09.09NG SC61
02 AG.NG.x.IBNG
02 AG.SE.04.SE7812
02 AG.SI.09.98SIL01 MP1211
03 AB.RU.07.PKAL153 2
04 cp.cx.CY.94.94CYO32 3
05 DF.BE.x.V11310
06 cp.cx.AU.96.B8A01
07 CP.CN.97.97CNXG 9F
08 BC.CN.97.97CNCG 6F
09 cp.cx.GH.96.96GHZ911
10 CD.TZ.96.96TZT BF061
11 cp.cx.CH.95.95CHC 1816
12 CP.CN.96.96CPN 1849
13 cp.cx.CM.96.96CM 1816
14 BG.ES.05.X1870
15 01B.TH.99.99TH9 MU2079
16 AZD.KR.97.97KR0804
17 CP.CN.99.99AR09038
18 cp.CU.99.CU76
19 cp.CU.99.CU7
20 BG.CU.99.Cui03
21 AZD.KC.99.KER2003
22 CP.CN.03.031CM 0001BB
23 BG.CU.03.CB118
24 BG.ES.08.X2456 2
25 cp.cx.CM.02.1918LE
26 AU.CD.02.02CD MBT040
27 CP.CZ.FR.04.04CFR KZ5
28 CP.CN.96.96CPN 1779
29 BF.BR.01.BREP61704
31 BC.BR.04.O4BR142
32 06AI.EE.01.EE0369
33 01B.ID.07.JKT1819 C
34 CP.CN.99.99CPN 2478P
35 AD.AF.07.169H
36 cp.cx.CM.00.CMNYU830
37 cp.cx.CM.00.CMNYU928
38 BF1.UY.03.UY03 3389
39 BF.BR.96.96BR0946
40 BF.LU.06.05BRRJ055
42 BF.LU.06.05BF 18 06
43 OZG.SA.03.J11223
44 BF.CL.00.CH80
45 cp.cx.AU.96.96AUF AUK
46 BF.BR.07.97BR FPS625
47 BF.ES.08.P1942
48 01B.MY.07.07MYKT021
49 cp.GM.03.N26677
50 AID.BG.10.12792
51 CP.CN.96.96CPN HM021
52 01B.MY.03.03MYKT018 1
53 01B.MY.11.11FR164
54 01B.MY.09.09MYSR58023
55 01B.CN.18.HNCS102056
56 CP.CN.10.URFS patient
57 BC.CN.09.09BNYLX1950
58 01B.MY.09.09MPY37
59 01B.CN.09.09NLNA423
60 BC.IT.11.BAV499
61 CP.CN.98.98CPN 100010
62 BC.CN.10.YN19
63 02AI.RU.10.10RU6637
64 BC.CN.09.YNFL31
65 cp.cx.CN.10.YNFL01
66 01B.CN.11.ANSA01HF15
68 01B.CN.11.ANHUT WH73
70 BF1.BR.10.10BR PE008
71 BF1.BR.10.10BR PE004
72 BF1.BR.10.10BR MG002
0.BE.87.ANT70
0.CM.98.98CMIA04
0.CM.98.98CMABB141
0.CM.98.98CMABB212
0.CM.98.98CMU5337
0.CM.99.99CMU4122
0.FZ.92.VAI
0.GA.91.bab6352
0.NA.99.99SE5 MP1299
0.U5.10.LTNP
N.CM.02.DJ00131
N.CM.02.SJdodd
N.CM.04.04CAM 1015 04
N.CM.04.04ANHT
N.CM.06.144842
N.FR.11.N1 FR 2011
P.CM.06.014788
P.FR.09.RBF168
CPZ.CD.06.SIFcp167
CPZ.CM.05.SIVCPMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TAN.05.SIVCPZTAN13
CPZ.US.85.US Marilyn
GOR.CM.07.SIVgor2139 287
GOR.CM.07.SIVgorCP21350

[illegible]

[illegible]

B.FR.83.HXB2

02 AG. CM. 10. DE00210CM013
 02 AG. CY. 09. CY4256
 02 AG. ES. 06. P14252
 02 AG. FR. 05. C14248
 02 AG. KR. 12. 12MHR9
 02 AG. LR. x. POC44951
 02 AG. NG. 09. 09NG SC61
 02 AG. NG. x. IBNG
 02 AG. NU. 04. 04. S7812
 02 AG. SN. 08. 98SE PM1211
 03 AB. RU. 97. KAL153 2
 04 cpx. CY. 94. 94CY032 3
 05 DF. BE. x. V11310
 06 cpx. RU. 98. 98BF09
 07 cpx. NG. 98. 98NG09
 08 BC. CN. 97. 97CNG6 F
 09 cpx. GH. 96. 96GHC2911
 10 CD. T2. 96. 96T2 BF861
 11 cpx. CM. 05. 05CM 1816
 12 cpx. NG. 99. 99ARM535
 13 cpx. CM. 96. 96CM 1849
 14 BG. ES. 05. X1870
 15 TH. TH. 99. 99TH MU2079
 16 A2D. KR. 97. 97KRR004
 17 cpx. RU. 99. 99ARM038
 18 cpx. CU. 99. CU76
 19 cpx. CU. 99. CU7
 20 CG. CU. 99. CU193
 21 A2D. KE. 99. KER2003
 22 cpx. CM. 00. 00CM 0001BBY
 23 BG. CU. 93. CB118
 24 BG. ES. 08. X2456 2
 25 cpx. CM. 02. 1918LE
 26 AU. CD. 02. 02CD MBT047
 27 cpx. FR. 04. 04CD FR KZ5
 28 cpx. FR. 04. 04CD 12609
 29 BF. BR. 01. BREPM16704
 31 BC. BR. 04. 04BR142
 32 06A1. EE. 07. 07EE0369
 33 01B. ID. 07. 07KIT189 C
 34 cpx. RU. 99. 99U478P
 35 AD. AF. 07. 07AF169H
 36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
 37 cpx. CM. 00. 00CMNYU326
 38 BF1. UY. 03. 03UY03 9389
 39 cpx. CM. 04. 04CM1179
 40 BF. BR. 05. 05BRBR1055
 42 BF. LU. 06. LU0F 18 06
 43 GF. SA. 03. 112123
 44 02C. CN. 00. CH80
 45 cpx. FR. 04. 04CD FR HK7
 46 BF. BR. 08. 08BR FPS625
 47 BF. ES. 08. P1942
 48 01B. MY. 07. 07MYKT021
 49 cpx. GM. 03. N26677
 50 A1D. GB. 10. 12792
 51 cpx. CM. 01. 01CM 156
 52 01B. MY. 03. 03MY H0181 1
 53 01B. MY. 11. 11FIR164
 54 01B. MY. 09. 09MYSEB023
 55 01B. CN. 10. HNCX102056
 56 01B. CN. 10. U9F5 patient A
 57 BC. CN. 09. 09YNU13959
 58 01B. MY. 09. 09MYPPR37
 59 01B. CN. 09. 09LNA423
 60 BC. IT. 11. YNFV19
 61 01B. CN. 10. 10YNU010
 62 BC. CN. 10. YNFY13
 63 02A1. RU. 10. 10RU6637
 64 BC. CN. 09. YNFI31
 65 cpx. CN. 10. YNFI01
 66 01B. CN. 11. ANHUT HF115
 68 01B. CN. 10. YNFV19
 70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
 71 BF1. BR. 10. 10BR PE008
 72 BF1. BR. 10. 10BR MG002
 0.BE. 07. ANT70
 0.CM. 98. 98CMAB184
 0.CM. 98. 98CMAB114
 0.CM. 98. 98CMAB212
 0.CM. 98. 98CM5337
 0.CM. 99. 99CM4122
 0.FR. 92. VAU
 0.GA. 99. 11Ga6352
 0.SN. 99. 99SE PM1299
 0.US. 10. L1NP
 N.CM. 02. D100131
 N.CM. 02. S3Gddd
 N.CM. 04. 04CM 1015 04
 N.CM. 04. 04CM 1015 04
 N.CM. 06. U14842
 N.FR. 11. N1 FR 2011
 P.CM. 06. U14788
 P.FR. 09. RBF168
 CPZ. CD. 06. BF1167
 CPZ. CD. 05. SVIcp2M145
 CPZ. GA. 08. GAB
 CPZ. GA. 08. SVIcp2TAN13
 CPZ. US. 85. US Marilyn
 GOR. CM. 07. SVIgor2139 287
 GOR. CM. 07. SVIgor2135con

Y1 loop start																																																																				
TTTAACTGTGGAAAATAAGACATGGGTAGACAGATGCATGAGGATATA.ATCAGTTTATGGGATCAAAAGCCTAAAGCCATGTGTAATAATTAACC.CCACTCTGTGTAGTTTAAAGCTCACT..GATTTG...AAGAATGATACTAATACC.....6644																																																																				
F	N	M	W	K	N	D	M	V	E	O	M	H	E	D	I	#	I	S	L	W	D	Q	S	L	K	P	C	V	K	L	T	#	P	L	C	V	S	L	K	C	T	K	T	..	G	A	T	T	G	..	A	A	G	A	A	T	A	A	C	C	..	K	N	D	N	T	..	6644
T	T	T	A	A	C	T	G	T	G	G	A	A	A	T	A	A	G	A	C	A	G	A	T	G	C	A	T	G	C	A	T	A	A	T	T	A	A	A	T	T	A	A	A	G	C	C	A	T	G	T	T	A	A	A	C	C	..	K	N	D	N	T	..	6644				
T	T	T	A	A	C	T	G	T	G	G	A	A	A	T	A	A	G	A	C	A	G	A	T	G	C	A	T	G	C	A	T	A	A	T	T	A	A	A	T	T	A	A	A	G	C	C	A	T	G	T	T	A	A	A	C	C	..	K	N	D	N	T	..	6644				
T	T	T	A	A	C	T	G	T	G	G	A	A	A	T	A	A	G	A	C	A	G	A	T	G	C	A	T	G	C	A	T	A	A	T	T	A	A	A	T	T	A	A	A	G	C	C	A	T	G	T	T	A	A	A	C	C	..	K	N	D	N	T	..	6644				
T	T	T	A	A	C	T	G	T	G	G	A	A	A	T	A	A	G	A	C	A	G	A	T	G	C	A	T	G	C	A	T	A	A	T	T	A	A	A	T	T	A	A	A	G	C	C	A	T	G	T	T	A	A	A	C	C	..	K	N	D	N	T	..	6644				
T	T	T	A	A	C	T	G	T	G	G	A	A	A	T	A	A	G	A	C	A	G	A	T	G	C	A	T	G	C	A	T	A	A	T	T	A	A	A	T	T	A	A	A	G	C	C	A	T	G	T	T	A	A	A	C	C	..	K	N	D	N	T	..	6644				
T	T	T	A	A	C	T	G	T	G	G	A	A	A	T	A	A	G	A	C	A	G	A	T	G	C	A	T	G	C	A	T	A	A	T	T	A	A	A	T	T	A	A	A	G	C	C	A	T	G	T	T	A	A	A	C	C	..	K	N	D	N	T	..	6644				
T	T	T	A	A	C	T	G	T	G	G	A	A	A	T	A	A	G	A	C	A	G	A	T	G	C	A	T	G	C	A	T	A	A	T	T	A	A	A	T	T	A	A	A	G	C	C	A	T	G	T	T	A	A	A	C	C	..	K	N	D	N	T	..	6644				
T	T	T	A	A	C	T	G	T	G	G	A	A	A	T	A	A	G	A	C	A	G	A	T	G	C	A	T	G	C	A	T	A	A	T	T	A	A	A	T	T	A	A	A	G	C	C	A	T	G	T	T	A	A	A	C	C	..	K	N	D	N	T	..	6644				
T	T	T	A	A	C	T	G	T	G	G	A	A	A	T	A	A	G	A	C	A	G	A	T	G	C	A	T	G	C	A	T	A	A	T	T	A	A	A	T	T	A	A	A	G	C	C	A	T	G	T	T	A	A	A	C	C	..	K	N	D	N	T	..	6644				
T	T	T	A	A	C	T	G	T	G	G	A	A	A	T	A	A	G	A	C	A	G	A	T	G	C	A	T	G	C	A	T	A	A	T	T	A	A	A	T	T	A	A	A	G	C	C	A	T	G	T	T	A	A	A	C	C	..	K	N	D	N	T	..	6644				
T	T	T	A	A	C	T	G	T	G	G	A	A	A	T	A	A	G	A	C	A	G	A	T	G	C	A	T	G	C	A	T	A	A	T	T	A	A	A	T	T	A	A	A	G	C	C</																						

Alignments

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

B.FR.83.HXB2
Env
A1.AU.03.PS1044 Day0
A1.CH.03.HIV.CH.BID.V358
A1.CY.08.CY236
A1.ES.05.X1508.8
A1.KE.11.DEMA11KE001
A1.RU.11.11RU6950
A1.RW.11.DEMA11RW002
A1.SN.01.DDI1579
A1.UG.11.DEMA11UG001
A1.ZA.04.04ZASK162B1
A2.CM.01.01CM.1445MV
A2.CY.94.94CY017.41
B.BR.10.10BR.MG029
B.CA.07.502.1191.03
B.CH.08.M2.0803101.NFLG8
B.CN.10.DEMB10CM002
B.ES.10.DEMB10ES002
B.FR.11.DEMB11FR001
B.GB.05.MM45d213.GN1
B.HK.06.HK003
B.HT.05.05HT.129389
B.JP.12.DEMB12JP001
B.KR.07.HP.18.07JHS10.3909
B.PE.07.502.0525.wq5
B.RU.11.11RU21n
B.TH.08.MERLBDTRC10
B.US.11.E538
C.AR.01.ARC4006
C.BR.07.DEMC07BR003
C.BW.00.00BW5031.1
C.CN.10.YNFL19
C.CY.09.CY260.2
C.ES.08.X2363.2
C.FT.02.02FT.268
C.IN.09.T125.2139
C.KE.00.KER2010
C.MW.09.703010256.CH256.w96
C.TZ.08.707010457.CH457.w8
C.YE.02.02YE516
C.ZA.08.705010534.CH534.w12
C.ZA.10.DEMC10ZA001
C.ZM.11.DEMC11ZM006
D.CM.10.DEMD10CM009
D.CY.06.CY163
D.KE.11.DEMD11KE003
D.KR.04.04KR048
D.SN.90.SE365
D.TZ.01.A280
D.UG.10.DEMD10UG004
D.UG.11.DEMD11UG003
D.YE.02.02YE516
D.ZA.90.R1
F1.A0.06.A0.06.ANG32
F1.AR.02.ARE933
F1.BR.10.10BR.RJ015
F1.CY.08.CY222
F1.ES.02.ES.X845.4
F1.R0.96.BC07.R07
F1.RU.08.D88.845
F2.CM.02.02CM.0016BBY
F2.CM.10.DEMF210CM001
F2.CM.10.DEMF210CM007
G.BE.96.DRCBL
G.CM.10.DEMG10CM008
G.CN.08.08X.2084.08
G.CU.99.Cu74
G.ES.09.X2634.2
G.GH.03.03GH175G
G.KE.09.DEMG09KE001
G.NG.09.09NG.SC62
G.ZA.01.TV546
H.BE.93.VI991
H.CF.90.056
H.GB.00.00GBAC4001
J.CM.04.04CMU11421
J.SE.93.SE9280.7887
J.SE.94.SE9173.7022
K.CD.97.97ZR.E0TB11
K.CM.96.96CM.MP535
U.CA.01.TV749
U.CA.99.TV721
U.CD.83.83CD003.23
U.CD.90.CD121E12
U.CY.05.CY090
U.CY.08.CY223
U.ES.10.DEURF10DZ001
U.ES.09.99G083
U.NL.95.U.NL.95.H10986.D1
01.AE.AF.07.569M
01.AE.CF.90.90CF11697
01.AE.CN.10.YNFL03
01.AE.HK.04.HK081
01.AE.IR.10.10IR.THR48F
01.AE.JP.X.JR077AE
01.AE.TH.09.AA090a.WG11
01.AE.TH.90.CM240
01.AE.US.05.306163.FL
01.AE.VN.98.98VNND15

.....AATAGTAGT.....AGC.....GGGAGA.....ATGATAATGGAGAAAGGAGAGATAAAAAAAGTCTCTTTCAATATCAGCACAAAGCAATAAGAGGTAAG..6728
.....N S S.....S.....G R.....M I M E K G E I K N C S F N I S T S I R G K.....
ACCCATAGTAAT.....-A-CCCT--AT--AAT-AC--CC-TGAAAT--A-AG-G-GG--A-CG-G-C--GTAC--A--5966
AAT.....TC-CC--T--C-T--A-CTGAA--AG-TTTA-AG--G-C--TTC--A--5925
AATGTC.....AC--G--ACC-T--ATGAT-CCATTGCCAC--AG--CA-C--GAAT--A--5960
TATGTC.....GTC-A--G--ACAGAG-TC-AC--T-ACGGG--AGG--A-C--T--A-C--GAAC--G-A--6107
TATAAC.....C--G-T--AAC-C--GCGAT-GCTG-GTT-A-TA-G-C--CG-G-C--GAGC--G-A--6270
.....G-T--AAC-C--AAGGG-CA--T-A-GA-G-C--T--GCA-C--GAAT--G-A--A--6070
A1.SN.01.DDI1579.....C--C-CC-A--CCT-T-A--G--G--A-C--GAAC--A--5926
A1.UG.11.DEMA11UG001.....CA--G--C-A-ATGGCACTG-G-T-G-C--G--A-C--GAAT--G-A--6188
GATACT.....G-AC-AC--CC--AAT-AT--CT-T-ATAT-G-AAT-A--G--T--A-TTA-GCC--GAAC--A--5894
.....-T--A-C-CC--CA--GCCCATT--T-A--A--G--CT-C--TAC--A--6085
GCTACT.....AAT.GTC-C--ATAGT..CCTATCG-G..GA--GG-A-CA-G--AG--G-C--GC--T-A--A--6213
.....GCCCTCTC--A--AAT-T--AT-AT-G-TGG-A--A-G--T--TG-G-GA-G--CAAG--G--6175
ACC..AATAGTACTAGTAAT.....GCTC-A--CT--A-TGAG..GCACC--A--T--G--G--G--CAAG--G--6214
.....CC-A--AT--ATA--G-G..CA-GGCTG-C--AG-A--G--GC--A-G-A--G--A--6128
ACT.....GCTTCTAATAACT.....TTAAGC.TGC-A-GA--CT--AAT-G--G-CC--C--AAGG-GTA-C--A--6131
.....C--T--T--A-CG-G--GT--A--G--C--AAGG-GTA-C--A--6106
B.HK.06.HK003.....TC-A--T--A--G-G-TGA-A--G--T-GA-G--G--GC-C--TA-CT-A--A--5964
B.HT.05.05HT.129389.....C-C-T--A--C-AGC--ATATG..ACAA-AGA--C-A-ATGAACT-T-A--G--G--GC-C--CG--GACAC--A--6129
B.JP.12.DEMB12JP001.....CC-A--CC--A--G-G--A-TG-G..A-TG-G--ATGAACTG-T--A--G--C--CA-T--A-AC--AT--6170
B.KR.07.HP.18.07JHS10.3909.....CC-A-A--TAGC..-A-AGGTC--A-G--C--G-A-AAGGGA--6265
B.PE.07.502.0525.wq5.....CC-A-A--TAGC..-A-AGGTC--A-G--C--G-A-AAGGGA--6265
B.RU.11.11RU21n.....C-C--G-T--GAG..GAAG-G--GC--A--G--T--C--TC-GA--A--5960
B.TH.08.MERLBDTRC10.....C-C--G-T--GAG..GAAG-G--GC--A--G--T--C--TC-GA--A--5960
B.US.11.E538.....GCT--A-T-AC..TG-C-CAATAGG-A--G--T--C--TC-GA--A--5963
C.AR.01.ARC4006.....GAT--ACC-TT..C-TGATGAC-C--G--G--G--G--G--GAAC--A--5937
C.BR.07.DEMC07BR003.....CT--AA-AC..AC-GT-GTAT-GTAA--A-G-TG-GT-T--G--G--GAAG--A--6114
C.BW.00.00BW5031.1.....G--C--TGCTGAAAT--G--A--T--C--ATC--GAA--G--A--6072
C.CN.10.YNFL19.....AGT--G--AAC-TC..GT-AT-GTACCG-CA-T-GA--G--T--GCA-C--GAAT--A--6092
C.CY.09.CY260.2.....AGT--C-C-GCC--CC--ACT-CT..CTG-C-GCA-T-G-T--A--T--A-C--GAAC--A--6191
C.ES.08.X2363.2.....CCA.....ACAAAC..AATGAG..CTGG--ACAT--G-A--A--G--T--GCA-C--GAA--A--6191
C.FT.02.02FT.268.....CCT.....AATGTT..ACTGAT..GCC-GT-AA-TT-TT--C-A--G--T--GCA-C--GAA--A--6191
C.IN.09.T125.2139.....ACCCAG.....TT-CC..CAC-ATGA--GTGC-AAT-A--G--T--G-AGC--GAAT--A--6718
C.KE.00.KER2010.....GGG.....CAG-C-A--GAT..ACCTAC..GA--ATGACAT--CGA--A--G--T--CA-C--GAA--A--5932
C.MW.09.703010256.CH256.w96.....ACC.....GGG-A-A--GAT..A-T-CG..TGGG-AAAT-GG-AT-A-G-C-T--GCA-C--GAA--A--5928
C.TZ.08.707010457.CH457.w8.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
C.YE.02.02YE516.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
C.ZA.08.705010534.CH534.w12.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
C.ZA.10.DEMC10ZA001.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
C.ZM.11.DEMC11ZM006.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
D.CM.10.DEMD10CM009.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
D.CY.06.CY163.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
D.KE.11.DEMD11KE003.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
D.KR.04.04KR048.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
D.SN.90.SE365.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
D.TZ.01.A280.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
D.UG.10.DEMD10UG004.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
D.UG.11.DEMD11UG003.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
D.YE.02.02YE516.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
D.ZA.90.R1.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
F1.A0.06.A0.06.ANG32.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
F1.AR.02.ARE933.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
F1.BR.10.10BR.RJ015.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
F1.CY.08.CY222.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
F1.ES.02.ES.X845.4.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
F1.R0.96.BC07.R07.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
F1.RU.08.D88.845.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
F2.CM.02.02CM.0016BBY.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
F2.CM.10.DEMF210CM001.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
F2.CM.10.DEMF210CM007.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
G.BE.96.DRCBL.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
G.CM.10.DEMG10CM008.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
G.CN.08.08X.2084.08.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
G.CU.99.Cu74.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
G.ES.09.X2634.2.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
G.GH.03.03GH175G.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
G.KE.09.DEMG09KE001.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
G.NG.09.09NG.SC62.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
G.ZA.01.TV546.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
H.BE.93.VI991.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
H.CF.90.056.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
H.GB.00.00GBAC4001.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
J.CM.04.04CMU11421.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
J.SE.93.SE9280.7887.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
J.SE.94.SE9173.7022.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
K.CD.97.97ZR.E0TB11.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
K.CM.96.96CM.MP535.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
U.CA.01.TV749.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
U.CA.99.TV721.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
U.CD.83.83CD003.23.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
U.CD.90.CD121E12.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
U.CY.05.CY090.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
U.CY.08.CY223.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
U.ES.10.DEURF10DZ001.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
U.ES.09.99G083.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
U.NL.95.U.NL.95.H10986.D1.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
01.AE.AF.07.569M.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
01.AE.CF.90.90CF11697.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
01.AE.CN.10.YNFL03.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
01.AE.HK.04.HK081.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
01.AE.IR.10.10IR.THR48F.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
01.AE.JP.X.JR077AE.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
01.AE.TH.09.AA090a.WG11.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
01.AE.TH.90.CM240.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
01.AE.US.05.306163.FL.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715
01.AE.VN.98.98VNND15.....GAT.....GTT..TAC..A-AT-CACAG-T-G-AG-TG-T--A-C--GAA--A--6715

FR. B3. HXB2
02 AG. CM. 10.D0E09216CM013
02 AG.CY.CY9.CY256
02 AG.ES.O6.P1423
02 AG.GW.Q5.CC.08
02 AG.HK.CY.12.12MH9R
02 AG.LR.X.P0CA44951
02 AG.NG.09.09NGV SC61
02 AG.NG.X.IBNG
02 AG.SE.94.SF5812
02 AG.SI.98.08SSE MP1211
03 AB.RX.97.KAUJ53 2
04 cpx.AU.CY.94CY032_3
05 DF.BE.X.V11310
06 cpx.AU.96.BFP990
07 BC.CN.98.98CN009
08 AG.98.98.98AG009
09 cpx.GH.96.96GH291F
10 CD.TZ.96.96TZ BF061
11 cpx.CM.95.95CM 1816
12 BF.AR.99.ARMAA38
13 cpx.CU.96.CU98 1849
14 BC.BS.04.04BR142
15 01B.TH.99.99TH UM2079
16 AZD.KR.97.97KR004
17 BF.AR.99.ARMAA38
18 cpx.CU.99.CU76
19 CU.CU.99.CU99
20 BG.CU.99.Cu103
21 AZD.KE.99.KER2003
22 01AI.CM.01.01ICM 0001BBY
23 BG.CU.03.CB118
24 DG.EE.02.DX4538
25 AG.CD.02.02.1918E
26 AU.CD.02.02CD MBT048
27 cpx.FR.04.04CD FR KZ5
28 BF.FR.09.BREPM12609
29 BF.FR.01.BREPM16704
30 BF.FR.04.04BR142
32 06AI.EE.01.EE0369
33 01B.ID.07.JKT189 C
34 01B.TH.99.OUR2478P
35 AD.AF.07.169H
36 cpx.CM.09.09CMNYU830
37 AG.98.09.09AGMY926
38 BF.UY.03.UY03 3389
39 BF.FL.04.04BFRRJ179
40 BF.UY.05.05BFRRJ056
42 BF.LU.06.lu08 1855
43 BF.IL.09.IL99 2223
44 BF.CL.00.CH80
45 cpx.FR.04.04FR AUK
46 BF.FR.07.07BR FS6525
47 BF.ES.08.P1942
48 01B.MT.07.07MTKT021
49 01B.CY.03.N26677
50 AI.DB.10.12792
51 01B.SG.11.11SG HM021
52 01B.MY.03.03MYKL018
53 01B.MY.11.11FR164
54 01B.MY.09.09MYB023
55 01B.CN.10.HNCS102056
56 cpx.FR.10.URF5 patient
57 BC.CN.09.09CNULX19sg
58 01B.MY.09.09MYPR37
59 01B.CN.09.09CNAC423
60 01B.BA.09.BAY499
61 BC.CN.10.JL100010
62 BC.CN.10.YNFL13
63 02AI.RU.10.10RU6637
64 BC.CN.09.YNFL31
65 01B.CN.10.YNF141
67 01B.CN.11.ANHUI HF115
68 01B.CN.11.ANHUI WH73
70 BF1.BR.10.10BR PE004
71 BF1.BR.10.10BR PE008
72 BF1.BR.10.10BR MG002
O.B.
O.CM.98.98CMA104
O.CM.98.98CMAAB141
O.CM.98.98CMAAB212
O.CM.98.98CUM5337
O.CM.98.98CUM4122
O.FR.92.VAL
O.GA.11.11GAb6352
O.SN.99.99SE MP1299
O.US.10.LTNP
N.CM.02.DJ00131
N.CM.02.SJdadd
N.CM.02.04CM 015_04
N.CM.06.U14296
N.CM.06.U14842
N.FR.11.N1 FR 2011
P.CM.06.U14788
P.FR.09.RBF168
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.06.GB.GAB1
CPZ.05.SIVcpzTAN13
CPZ.US.85.US Marilyn
GOR.CM.07.SIVgor2139 287
GOR.CM.07.SIVgorCP2135cso

[illegible]

[illegible]

B.FR.83.HXB2

env
02 AG. CM. 10. DE00210CM013
02 AG. CY. CR. C7256
02 AG. ES. 06. P1423
02 AG. CM. 05. C3 0048
02 AG. KR. 12. 12MMHR
02 AG. LR. x. POC44951
02 AG. NG. 09. 09NG SC61
02 AG. NG. x. IBE1802
02 AG. ES. 04. SE7812
02 AG. SN. 98. 98SE PM1211
03 AB. RU. 97. KAL153 2
04 cpx. CY. 04. 94CY032 3
05 DF. BE. x. V11313
06 AG. NG. 06. 06F 98P90
07 BC. CN. 98. 98CN090
08 BC. CN. 97. 97CNX 6F
09 cpx. GH. 06. 96G92H19
10 CD. T2. 96. 96T2 BF061
11 AG. NG. 04. 04NG 1816
12 BF. AR. 99. ARMA159
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 ITH. TH. 99. 99TH MU2079
16 AZD. KR. 97. 97KAZ003
17 BF. AR. 99. ARMA368
18 cpx. CU. 99. CU76
19 cpx. CU. 99. CU7
20 CG. CU. 99. CU193
21 AG. NG. 09. 09NG 3003
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 cpx. CM. 02. 19181E
26 AU. CD. 02. 02CD MBT047
27 AG. NG. 04. 04NG 944
28 BF. BR. 09. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06A1. EE. 01. EE0369
33 AG. NG. 07. 07K1393
34 BF. AR. 99. 99AR 478P
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU326
38 BF1. UY. 03. UUY038
39 BF. BR. 09. 09BR1179
40 BF. BR. 05. 05BR1055
42 BF. LU. 06. LU6F 18 06
43 BG. SA. 03. J11223
44 02F. CN. 08. CH89
45 BF. BR. 09. 09BR AUK
46 BF. BR. 07. 07BR P5625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYT021
49 cpx. GM. 03. N26677
50 BF. GB. 10. 12792
51 01B. MY. 11. 115G HM0121
52 01B. MY. 03. 03MYK1081
53 01B. MY. 11. 11F1R164
54 01B. MY. 09. 09MYS0823
55 01B. CN. 10. HNC5102056
56 BF. BR. 09. 09BR patient A
57 BC. CN. 09. 09YCN1X95g
58 01B. MY. 09. 09MYP337
59 01B. MY. 09. 091NA423
60 BC. IT. 11. BAV13
61 01B. MY. 10. 10J 00010
62 BC. CN. 10. YNF13
63 02A1. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNF131
65 cpx. CN. 10. YNF191
66 01B. CN. 09. 09YCN1H515
67 01B. CN. 11. ANHUI WH73
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002
0. BE. 07. ANT70
0. CM. 98. 98CMA104
0. CM. 98. 98CMA8B114
0. CM. 98. 98CMA8B212
0. CM. 98. 98CMA5337
0. CM. 99. 99SCMA122
0. FR. 32. VAU
0. FR. 32. IBE63532
0. SN. 99. 99SGEPM1299
0. US. 10. LTNP
N. CM. 02. D1006131
N. CM. 02. S1G62D
N. CM. 04. 04CM 1015 04
N. CM. 06. U299
N. CM. 06. U14842
N. FR. 11. N1 FR 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. CD. 06. BF1167
CPZ. CD. 06. SV1cpz2M K45
CPZ. GA. 88. GAB1
CPZ. GA. 88. SV1cpz2TAN13
CPZ. US. 85. US Marilyn
GOR. CM. 07. SV1gor2139 287
GOR. CM. 07. SV1gorCP2135 280

[illegible]

B. FR. 83. HXB2

Env

A1.AU.03.PS1044 Day0
 A1.CH.03.HIV CH BID V3538
 A1.CY.08.CY236
 A1.E5.05.X1608 8
 A1.KE.11.DEMA11KE001
 A1.RU.11.11RU6950
 A1.RW.11.DEMA11RW002
 A1.SN.01.DDI579
 A1.UG.11.DEMA11UG001
 A1.ZA.04.04ZASK16281
 A2.CM.01.01CM 1445MV
 A2.CY.94.94CY017 41
 B.BR.10.10BR MG029
 B.CA.07.502 1191 03
 B.CH.08.M2 0803101 NFLG8
 B.CN.10.DEMB10CM002
 B.ES.10.DEMB10ES002
 B.FR.11.DEMB11FR001
 B.GB.05.MM45d213 GN1
 B.HK.06.HK003
 B.HT.05.05HT 129389
 B.JP.12.DEMB12JP001
 B.KR.07.HP 18 07JHS10_3909
 B.PE.07.502 0525 wq5
 B.RU.11.11RU21n
 B.TH.08.MERLBDTRC10
 B.US.11.E538
 C.AR.01.ARC4006
 C.BR.07.DEMB07BR003
 C.BW.00.00BW5031 1
 C.CN.10.YNFL19
 C.CY.09.CY260
 C.ES.08.X2363
 C.FI.02.02FI 268
 C.IN.09.T125 2139
 C.KE.00.KER2010
 C.MW.09.703010256 CH256.w96
 C.TZ.08.707010457 CH457.w8
 C.YE.02.02YE 4
 C.ZA.08.705010534 CH534.w12
 C.ZA.10.DEMB10ZA001
 C.ZM.11.DEMB11ZM006
 D.CM.10.DEMB10CM009
 D.CY.06.CY163
 D.KE.11.DEMB11KE003
 D.KR.04.04KR08
 D.SN.90.SE365
 D.TZ.01.A280
 D.UG.10.DEMB10UG004
 D.UG.11.DEMB11UG003
 D.YE.02.02YE516
 D.ZA.90.R1
 F1.A0.06.A0 06 ANG32
 F1.AR.02.ARE933
 F1.BR.10.10BR RJ015
 F1.CY.08.CY222
 F1.ES.02.ES X845 4
 F1.R0.96.BC1 R07
 F1.RU.08.D88 845
 F2.CM.02.02CM 0016BBY
 F2.CM.10.DEMB210CM001
 F2.CM.10.DEMB210CM007
 G.BE.96.DRCBL
 G.CM.10.DEMB10CM008
 G.CN.08.0X 2084 08
 G.CU.99.Cu74
 G.ES.09.X2634 2
 G.GH.03.03GH175G
 G.KE.09.DEMB09KE001
 G.NG.09.09NG SC62
 G.ZA.01.TV546
 H.BE.93.VI991
 H.CF.90.056
 H.GB.00.00GBAC4001
 J.CM.04.04CMU11421
 J.SE.93.SE9280 7887
 J.SE.94.SE9173 7022
 K.CD.97.97ZR EQTB11
 K.M.96.96CM MP535
 U.CA.01.TV749
 U.CA.99.TV721
 U.CD.83.83CD003 23
 U.CD.90.90CD121E12
 U.CY.05.CY090
 U.CY.08.CY223
 U.ES.10.DEURF10DZ001
 U.GR.99.99GR083
 U.NL.95.U_NL_95 H10986_D1
 01.AE.AF.07.569M
 01.AE.CF.90.90CF11697
 01.AE.CN.10.YNFL03
 01.AE.HK.04.HK001
 01.AE.IR.10.10IR THR48F
 01.AE.JP.X.JRC77AE
 01.AE.TH.09.AA090a WG11
 01.AE.TH.90.CM240
 01.AE.US.05.306163 FL
 01.AE.VN.98.98VND15

TATCTTTGAGCCAATCCCATACATTATTGTGCCCGGTGGTTTTGCGATTCTAAATGTAATAATAGACGTTCAATGGACAGGACCATGTACAAATGTCAGCAGTACAAATGTACACATGGAATAGGCGAGTAGTATCAACTCAACTGCTGTTAAATGGCAAT 7016
 V S F E P I P I H Y C A P A G F A I L K C N N K T F N G T G P C T N V S T V Q C T H G I R P V V S T Q L L L L N G S
 -T- -A-T- -A- -A- -G- -G- -GAT- -C- -AG- -T- -C- -C- -A- -A- -G- 6257
 -A-T- -A- -T- -T- -A- -G- -G- -A-A- -G- -A-A- -G- -C- -TG- -T- -C- -C- -AA- -CG- -G- 6222
 -C- -A- -T- -T- -A- -G- -G- -CAGA- -G- -A- -G- -C- -CG- -T- -C- -R- -C- -A- -T- 6254
 -A- -T- -T- -A- -A- -C- -G- -GG- -CG- -CA- -AT- -G- -A- -G- -C- -A- -C- -A- -C- -A- 6398
 -A- -T- -T- -A- -A- -G- -G- -GG- -CCA- -AT- -T- -C- -A- -G- -C- -AG- -T- -C- -C- -A- -C- -A- 6561
 -A- -A- -A- -G- -GGG- -CCA- -A- -T- -C- -A- -G- -C- -AG- -T- -C- -C- -A- -C- -A- -G- 6385
 -A- -C- -A- -G- -GG- -G- -AA- -G- -G- -C- -GG- -T- -G- -C- -G- -C- -A- -C- -A- -G- 6232
 -A- -C- -A- -G- -GG- -GAGA- -G- -G- -C- -AG- -T- -C- -G- -C- -A- -C- -A- -G- 6369
 -A- -C- -T- -A- -G- -G- -CAA- -T- -GAT- -C- -AG- -T- -C- -C- -A- -C- -A- -T- -TC- -G- 6472
 -A- -T- -T- -A- -G- -GG- -CC- -GA- -GT- -C- -AG- -T- -T- -C- -A- -C- -A- -C- -A- -G- 6209
 -A- -T- -T- -A- -G- -GG- -CC- -GA- -GT- -C- -AG- -T- -T- -C- -A- -C- -A- -C- -A- -G- 6397
 -T- -T- -A- -G- -G- -C- -G- -A- -G- -A- -AC- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6507
 -A- -C- -A- -T- -C- -G- -G- -A- -G- -A- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6478
 -A- -A- -A- -T- -G- -G- -A- -G- -A- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6538
 -A- -A- -A- -T- -G- -G- -A- -G- -A- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6404
 -A- -T- -C- -A- -T- -C- -G- -G- -A- -G- -A- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6416
 -A- -A- -A- -A- -A- -C- -G- -G- -A- -G- -A- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6228
 -A- -A- -A- -A- -A- -C- -G- -G- -A- -G- -A- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6428
 -A- -A- -A- -A- -A- -C- -G- -G- -A- -G- -A- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6388
 -C- -A- -T- -C- -A- -T- -G- -G- -A- -G- -A- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 7052
 -A- -G- -T- -C- -A- -A- -C- -G- -G- -A- -G- -A- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6438
 -A- -A- -C- -A- -A- -G- -AG- -AT- -A- -CAC- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6462
 -A- -T- -A- -A- -C- -A- -G- -C- -A- -A- -G- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6556
 -A- -C- -A- -C- -A- -G- -G- -A- -CA- -AT- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6278
 -CA- -T- -C- -T- -T- -A- -G- -A- -G- -A- -C- -A- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6959
 -C- -T- -C- -T- -T- -A- -G- -A- -G- -A- -C- -A- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6213
 -C- -T- -GG- -T- -T- -A- -A- -G- -A- -C- -A- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6411
 -CAAT- -T- -T- -C- -CA- -T- -A- -A- -G- -A- -C- -A- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6378
 -CA- -T- -C- -T- -C- -T- -A- -A- -G- -A- -C- -A- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6401
 -C- -T- -A- -T- -C- -T- -A- -A- -G- -A- -C- -A- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6272
 -C- -T- -A- -T- -C- -T- -A- -A- -G- -A- -C- -A- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6494
 -C- -T- -C- -T- -C- -T- -A- -A- -G- -A- -C- -A- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6263
 -CA- -T- -T- -T- -C- -T- -A- -A- -G- -A- -G- -A- -C- -A- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 7039
 -C- -T- -A- -T- -T- -T- -A- -A- -G- -A- -G- -A- -C- -A- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6226
 -T- -G- -C- -C- -T- -T- -A- -A- -G- -A- -G- -A- -C- -A- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 7016
 -C- -T- -C- -T- -T- -A- -A- -G- -C- -G- -A- -G- -A- -C- -A- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 7003
 -C- -T- -C- -T- -T- -A- -A- -G- -C- -G- -A- -G- -A- -C- -A- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6344
 -CA- -T- -T- -C- -T- -C- -CA- -T- -A- -A- -G- -G- -A- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6997
 -C- -T- -T- -T- -T- -T- -A- -G- -A- -G- -C- -A- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6372
 -CAGT- -A- -T- -T- -T- -A- -G- -A- -G- -C- -C- -A- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6389
 -GAG- -A- -A- -A- -G- -C- -A- -C- -A- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6375
 -AG- -A- -A- -A- -A- -C- -G- -C- -A- -G- -A- -C- -A- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6235
 -D.KE.11.DEMB11KE003
 -A- -A- -A- -A- -A- -C- -G- -C- -A- -G- -A- -C- -A- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6385
 -AA- -A- -T- -A- -A- -A- -G- -AG- -A- -G- -C- -A- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6947
 -A- -A- -A- -A- -A- -G- -AG- -A- -G- -C- -A- -A- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 7053
 -A- -A- -A- -A- -A- -G- -AG- -A- -G- -C- -A- -A- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6222
 -A- -A- -A- -A- -A- -G- -AG- -A- -G- -C- -A- -A- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6329
 -A- -A- -A- -A- -A- -G- -AG- -A- -G- -C- -A- -A- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6370
 -A- -A- -A- -A- -A- -G- -AG- -A- -G- -C- -A- -A- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6202
 -A- -A- -A- -A- -A- -G- -AG- -A- -G- -C- -A- -A- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6382
 -T- -GG- -T- -C- -A- -C- -C- -T- -A- -A- -G- -A- -A- -T- -G- -G- -C- -AT- -T- -C- -A- -G- -C- -T- -T- -C- 6234
 -T- -GG- -T- -C- -A- -C- -C- -T- -A- -A- -G- -A- -A- -T- -G- -G- -C- -AT- -T- -C- -A- -G- -C- -T- -T- -C- 6313
 -T- -GG- -T- -C- -A- -C- -C- -T- -A- -A- -G- -A- -C- -AC- -G- -G- -C- -G- -T- -C- -A- -G- -C- -T- -T- -C- 6440
 -T- -GA- -T- -C- -A- -A- -G- -GG- -C- -G- -AGAT- -G- -G- -C- -AT- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6215
 -T- -GG- -T- -C- -T- -C- -T- -A- -A- -G- -GG- -A- -A- -G- -G- -C- -AT- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6468
 -T- -GG- -T- -C- -T- -C- -T- -A- -A- -G- -GG- -A- -A- -G- -G- -C- -AT- -T- -C- -A- -G- -G- -T- -T- -C- 6944
 -T- -T- -T- -TR- -A- -T- -A- -A- -A- -G- -GW- -G- -A- -T- -G- -A- -G- -CRAC- -G- -R- -G- -A- -YG- -R- -A- -G- -C- 6505
 -G- -T- -T- -T- -T- -T- -T- -A- -A- -G- -G- -A- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- 6208
 -G- -T- -T- -C- -T- -T- -T- -T- -T- -T- -G- -A- -A- -T- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- 6303
 -G- -T- -T- -C- -T- -T- -T- -T- -T- -T- -G- -G- -A- -AC- -C- -G- -A- -G- -T- -G- -G- -A- -AA- -G- -G- -G- -G- -G- 6364
 -A- -T- -T- -A- -A- -C- -G- -GTGG- -A- -A- -AC- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- 6982
 -GAGT- -A- -A- -C- -T- -G- -G- -G- -A- -AT- -T- -G- -G- -A- -AC- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -G- -G- -G- 6406
 -G- -T- -C- -T- -A- -G- -C- -T- -G- -G- -GGG- -C- -AT- -T- -G- -G- -A- -AC- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -G- -G- 6273
 -G- -T- -C- -T- -A- -G- -G- -GGG- -G- -AT- -T- -G- -G- -A- -AC- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -G- -G- -G- 6650
 -G- -A- -C- -T- -A- -G- -G- -GGG- -T- -A- -T- -T- -AC- -T- -T- -G- -A- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- 6529
 -AAT- -A- -C- -T- -A- -A- -T- -G- -GGG- -T- -A- -T- -T- -AC- -T- -T- -G- -A- -G- -G- -G- -G- -G- -G- 7098
 -GA- -T- -A- -A- -A- -T- -G- -G- -AT- -C- -A- -T- -CA- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- 6416
 -G- -T- -A- -A- -A- -T- -G- -GGG- -AT- -CA- -A- -GA- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- 6225
 -GAAT- -C- -T- -A- -G- -A- -G- -GGG- -AT- -C- -A- -G- -T- -T- -R- -A- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- 6221
 -G- -A- -A- -T- -T- -A- -C- -GGG- -A- -AA- -T- -C- -C- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- 6415
 -G- -A- -T- -T- -A- -C- -G- -C- -A- -A- -T- -G- -TT- -C- -G- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -G- -G- -G- -G- 6347
 -GA- -A- -A- -A- -C- -T- -A- -C- -G- -C- -A- -A- -T- -G- -TT- -C- -G- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -G- -G- -G- 6548
 -GAAT- -C- -A- -A- -C- -G- -G- -AT- -T- -C- -A- -T- -C- -A- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- 6554
 -G- -T- -C- -A- -A- -G- -AT- -T- -C- -A- -T- -C- -A- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- 6329
 -G- -T- -C- -A- -A- -G- -AT- -T- -C- -A- -T- -C- -A- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- 6336
 -A- -A- -C- -T- -A- -C- -G- -C- -A- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- 6238
 -A- -A- -C- -T- -A- -C- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- 6224
 -GA- -T- -A- -C- -T- -A- -G- -KG- -GA- -G- -G- -C- -G- -T- -C- -A- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- 7041
 -GA- -T- -A- -C- -T- -A- -G- -G- -G- -AT- -T- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- 7077
 -G- -T- -C- -T- -T- -T- -G- -G- -G- -AT- -T- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- 6498
 -G- -T- -C- -T- -T- -T- -G- -G- -G- -AT- -T- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- 6184
 -A- -T- -A- -C- -T- -T- -A- -A- -G- -GGG- -GTA- -AC- -G- -G- -C- -A- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- 6226
 -A- -T- -A- -C- -T- -T- -A- -A- -G- -GG- -AT- -A- -G- -G- -C- -A- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- 6303
 -A- -T- -A- -C- -T- -T- -A- -C- -G- -C- -AT- -C- -A- -G- -T- -GG- -T- -C- -A- -G- -G- -G- -G- -G- 6305
 -GA- -T- -A- -C- -T- -T- -A- -G- -GG- -AT- -C- -A- -G- -T- -GG- -T- -C- -A- -G- -G- -G- -G- -G- 6309
 -GGAT- -A- -A- -A- -A- -G- -GG- -A- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- 6913
 -A- -T- -T- -A- -T- -A- -A- -T- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- -G- 6234
 -A- -T- -T- -A- -T- -A- -A- -T- -G- -G- -G- -AT- -T- -G- -G- -C- -A- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -G- -G- 6986
 -T- -T- -T- -T- -T- -A- -A- -T- -G- -G- -G- -AT- -T- -G- -G- -C- -A- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -G- -G- 6412
 -T- -T- -T- -T- -T- -A- -A- -T- -G- -G- -G- -AT- -T- -G- -G- -C- -A- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -G- -G- 6392
 -T- -T- -T- -T- -T- -A- -A- -T- -G- -G- -G- -AT- -T- -G- -G- -C- -A- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -G- -G- 6221
 -T- -T- -T- -T- -T- -A- -A- -T- -G- -G- -G- -AT- -T- -G- -G- -C- -A- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -G- -G- 7022
 -T- -T- -T- -T- -T- -A- -A- -T- -G- -G- -G- -AT- -T- -G- -G- -C- -A- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -G- -G- 6453
 -T- -T- -T- -T- -T- -A- -A- -T- -G- -G- -G- -AT- -T- -G- -G- -C- -A- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -G- -G- 6596
 -T- -T- -T- -T- -T- -A- -A- -T- -G- -G- -G- -AT- -T- -G- -G- -C- -A- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -G- -G- 6171
 -T- -T- -T- -T- -T- -A- -A- -T- -G- -G- -G- -AT- -T- -G- -G- -C- -A- -T- -T- -C- -A- -G- -G- -G- -G- 6289

B.FR.83.HXB2

ENV
02 AG. CM. 10. DE00210CM013
02 AG. CY. 09. C1256
02 AG. ES. 06. P1452
02 AG. FR. 05. CM. 00408
02 AG. KR. 12. 12MHR9
02 AG. LR. x. POC44951
02 AG. NG. 09. IBNG SC61
02 AG. NG. x. 089G
02 AG. RU. 04. SF1812
02 AG. SN. 08. 985E PM1211
03 AB. RU. 97. KAL153 2
03 AG. CY. 94. 94CY032 3
05 DF. BE. x. V11310
05 AG. RU. 96. BFI090
07 BC. CN. 08. 98C0N809
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F
09 CP. GM. 96. 96G92H19
10 CN. T2. 96. 96T2 BF061
11 CP. CM. 95. 95CM 1816
12 AG. RU. 96. 96C0N809
13 CP. CM. 96. 96CM 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 O1B. TH. 99. 99TH MU2079
16 AD2. KR. 97. 97KR004
17 CP. FR. 09. 99FRM038
18 CP. CU. 99. CU76
19 CP. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. CU103
21 AD2. KE. 99. KER2003
22 AG. RU. 96. 96C0N809 0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 CP. CM. 02. 1918LE
26 AU. CD. 02. 02CD MBT8047
27 CP. FR. 04. 04FR B7R KZ5
28 BF. BR. 01. BREPM1269
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06A1. EE. 01. EE0369
33 O1B. ID. 07. JKT189 C
34 CP. FR. 09. 99FRM038
35 AD. AF. 07. 169H
37 CP. CM. 00. 00CMNYU430
38 BFI. UY. 03. UY03 9386
39 CP. CM. 00. 00CMNYU430
40 BF. LU. 06. 05BBR1055
42 BF. LU. 06. LU6F 18 06
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 00. CH80
45 CP. FR. 04. 04FR AUK
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625
47 BF. ES. 08. P1942
48 O1B. MY. 07. 07MYKT021
49 CP. GM. 03. N26677
50 AID. BG. 10. 12792
51 O1B. CM. 01. 01CM H0021
52 O1B. MY. 03. 03MYKL018 1
53 O1B. MY. 11. 11FIR164
54 O1B. MY. 09. 09MY58023
55 O1B. CN. 18. 08NC102056
56 CP. FR. 10. 10FRM038
57 BC. CN. 09. YNVLX195g
58 O1B. MY. 09. 09MYPPR37
59 O1B. CN. 09. 09LNA423
60 BC. IT. 11. BV499
61 O1B. CN. 10. 10J10010
62 BC. IT. 11. YNF119
63 02A1. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNFL31
65 O1B. CN. 10. YNFP101
66 O1B. CN. 11. ANHUT HF115
70 BFI. BR. 10. 10BR PE004
71 BFI. BR. 10. 10BR PE008
72 BFI. BR. 10. 10BR MG002
0. BE. 87. ANT70
0. CM. 98. 98CMA104
0. CM. 98. 98CMBAB114
0. CM. 98. 98CMBAB212
0. CM. 98. 98CMU5337
0. CM. 99. 99CMJ442
0. CM. 99. 99CMJ442
0. GA. 11. 11GAB6352
0. SA. 99. 99SM MP1299
0. US. 10. LTNP
N. CM. 02. D01031
N. CM. 02. SJGddd
N. CM. 04. 04CHC 1015 04
N. CM. 06. 06U4296
N. CM. 06. U14842
N. FR. 11. N1 FR 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. CD. 06. BFI167
CPZ. CD. 06. STVcpMT145
CPZ. GA. 08. GAB1
CPZ. GA. 06. STVcpZTAN13
CPZ. US. 05. US Marilyn
GOR. CM. 07. STVgor2139 287
GOR. CM. 07. STVgorCP2135con

[illegible]

[illegible]

B. FR. 83. HXB2

Env
02 AG. CM. 10. DE00210CM013
02 AG. CY. 09. CY256
02 AG. ES. 06. P1423
02 AG. GW. 05. C. 0048
02 AG. KR. 12. 12MHR9
02 AG. LR. x. POC44951
02 AG. NG. 09. 09NG SC61
02 AG. NG. x. 18NG
02 AG. SE. 94. SE7812
02 AG. SN. 98. 98SE MP1211
03 AB. RU. 97. KAL153.2
04 cpx. CY. 94. 94CY032.3
05 DF. BE. x. V11310
06 cpx. AU. 96. BF09P
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNXG 6F
09 cpx. GH. 96. 96GH2911
10 CD. T2. 96. 96T2 BF061
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816
12 BF. AR. 99. ARMA159
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
16 A2D. KR. 97. 97KR084
17 BF. AR. 99. ARMA038
18 cpx. CU. 99. 99C176
19 cpx. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. CU103
21 A2D. KE. 99. KER2003
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY
23 BG. CU. 03. 03C18
24 BG. ES. 08. X2456.2
25 cpx. CM. 02. 1918LE
26 AU. CD. 02. 02CD MBT047
27 cpx. FR. 04. 04CD FR KZ5
28 BF. BR. 99. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06A1. EE. 01. EE0369
33 01B. ID. 07. JKT189 C
34 01B. TH. 99. 01BTH2478P
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926
38 BF1. UY. 03. UY03 3389
39 BF. BR. 04. 04BRJ379
40 BF. BR. 05. 05BRJ305
42 BF. LU. 06. 06LUF 18.06
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 00. CH80
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK
46 BF. BR. 07. 07BR FP5625
47 BF. ES. 08. 08E2
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 cpx. GM. 03. N26677
50 A1D. GB. 10. 12792
51 01B. SG. 11. 11SG HM021
52 01B. MY. 09. 09MYK018.1
53 01B. MY. 11. 11FIR164
54 01B. MY. 09. 09MYS023
55 01B. CN. 10. 10HNS102056
56 cpx. FR. 10. 10FRS patient A
57 BC. CN. 09. 09CNX1959
58 01B. MY. 09. 09MYP33
59 01B. CN. 09. 09LNA423
60 BC. IT. 11. BAV499
61 BC. CN. 10. J1100910
62 BC. CN. 10. YNFI13
63 02A1. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNFI31
65 cpx. CN. 10. YNFI01
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002
0. BE. 87. ANT70
0. CM. 98. 98CM1804
0. CM. 98. 98CMAB8141
0. CM. 98. 98CMAB212
0. CM. 98. 98CMU5337
0. CM. 99. 99CMU4122
0. FR. 92. VAU
0. GA. 11. 11GAB6352
0. SN. 99. 99S101 FR. 1299
0. US. 18. LTNP
N. CM. 02. DJ00131
N. CM. 02. SJGdd
N. CM. 04. 04CM 1015.04
N. CM. 06. U14296
N. CM. 06. U14842
N. FR. 11. N1. 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. CD. 06. BF1167
CPZ. CM. 05. S1Vcp2MT145
CPZ. GA. 88. GAB1
CPZ. T2. 96. S1Vcp2TAN13
CPZ. US. 85. US Marilyn
GOR. CM. 07. S1Vgor2139.287
GOR. CM. 07. S1VgorCP2135con

CTAGCAGAA... GAAGAGGTAGTAATAGATCTGTCAATTTACGAGCAATGCTAAACCAATAAGTAGCAGCTGAACACATCTGTA... GAAATTAATTGTACAAGA... CCACAACAAT... ACAAGAAAAAGATCCGTATCCAG... AGAGGACCAGG 6165

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

02 AG. CM. 10. DE00210CM013
02 AG. CY. 09. CY256
02 AG. ES. 06. P1423
02 AG. GW. 05. C. 0048
02 AG. KR. 12. 12MHR9
02 AG. LR. x. POC44951
02 AG. NG. 09. 09NG SC61
02 AG. NG. x. 18NG
02 AG. SE. 94. SE7812
02 AG. SN. 98. 98SE MP1211
03 AB. RU. 97. KAL153.2
04 cpx. CY. 94. 94CY032.3
05 DF. BE. x. V11310
06 cpx. AU. 96. BF09P
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNXG 6F
09 cpx. GH. 96. 96GH2911
10 CD. T2. 96. 96T2 BF061
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816
12 BF. AR. 99. ARMA159
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
16 A2D. KR. 97. 97KR084
17 BF. AR. 99. ARMA038
18 cpx. CU. 99. 99C176
19 cpx. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. CU103
21 A2D. KE. 99. KER2003
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY
23 BG. CU. 03. 03C18
24 BG. ES. 08. X2456.2
25 cpx. CM. 02. 1918LE
26 AU. CD. 02. 02CD MBT047
27 cpx. FR. 04. 04CD FR KZ5
28 BF. BR. 99. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06A1. EE. 01. EE0369
33 01B. ID. 07. JKT189 C
34 01B. TH. 99. 01BTH2478P
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926
38 BF1. UY. 03. UY03 3389
39 BF. BR. 04. 04BRJ379
40 BF. BR. 05. 05BRJ305
42 BF. LU. 06. 06LUF 18.06
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 00. CH80
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK
46 BF. BR. 07. 07BR FP5625
47 BF. ES. 08. 08E2
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 cpx. GM. 03. N26677
50 A1D. GB. 10. 12792
51 01B. SG. 11. 11SG HM021
52 01B. MY. 09. 09MYK018.1
53 01B. MY. 11. 11FIR164
54 01B. MY. 09. 09MYS023
55 01B. CN. 10. 10HNS102056
56 cpx. FR. 10. 10FRS patient A
57 BC. CN. 09. 09CNX1959
58 01B. MY. 09. 09MYP33
59 01B. CN. 09. 09LNA423
60 BC. IT. 11. BAV499
61 BC. CN. 10. J1100910
62 BC. CN. 10. YNFI13
63 02A1. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNFI31
65 cpx. CN. 10. YNFI01
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002
0. BE. 87. ANT70
0. CM. 98. 98CM1804
0. CM. 98. 98CMAB8141
0. CM. 98. 98CMAB212
0. CM. 98. 98CMU5337
0. CM. 99. 99CMU4122
0. FR. 92. VAU
0. GA. 11. 11GAB6352
0. SN. 99. 99S101 FR. 1299
0. US. 18. LTNP
N. CM. 02. DJ00131
N. CM. 02. SJGdd
N. CM. 04. 04CM 1015.04
N. CM. 06. U14296
N. CM. 06. U14842
N. FR. 11. N1. 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. CD. 06. BF1167
CPZ. CM. 05. S1Vcp2MT145
CPZ. GA. 88. GAB1
CPZ. T2. 96. S1Vcp2TAN13
CPZ. US. 85. US Marilyn
GOR. CM. 07. S1Vgor2139.287
GOR. CM. 07. S1VgorCP2135con

[illegible]

V3 loop end

B.F. BR.3.HXB2	GAGAGCATTTGTTACAAATGAGAA	ATAGGAAATAGAGACAAGCATCTGTAACTTAGTAGAGCAAAATGGAATAACACTTTTAAACAGAGTAGCTAGCAAAATTAAGA	GAACAAATTGGGA	AAT	7289
Env	R A F V T T G T T A C A A T G G A A A	I G N M R Q R A C H C T I S R A K N W N N T L K Q I A S A S K L R	E Q F G		N
02 AG.CM.10.DE00210CM013	-CA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6719
02 AG.CY.09.061423	-CA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6722
02 AG.ES.06.P1423	ACA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6705
02 AG.GW.05.CC 0048	ACA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6672
02 AG.KR.12.12MHR9	ACA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6957
02 AG.LR.X.P0C44951	-CA-A-TA-G-C-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	7266
02 AG.NG.09.B9NG SC61	-CA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6484
02 AG.NG.10BNC	-CA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6807
02 AG.SE.94.5E7812	-CA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6649
02 AG.SN.98.98SE MP1211	-CA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6476
03 AB.RU.97.KAL153 2	-CA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6481
04 CPX.CY.94.94CY032 3	ACT-A-GGTA-G-G-T	GAAATA-C-G-A		-AG-TC-CCCT	6671
05 DF.BR.13.9REPM12604	ACA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6866
06 CPX.AU.96.BFP90	ACA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	7335
07 BC.CN.98.98CN009	ACA-A-CTA-G-G-T	GAAATA-C-G-A		-GG-C-CCG	666
08 BC.CN.97.97CNGX 6F	ACA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6471
09 CPX.GH.96.96GH2911	ACA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6482
10 CD.TZ.96.96TZ BF061	ACA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6653
11 CPX.CN.95.95CM 1816	ACA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6636
12 BF.AR.99.ARMA159	AC-G-TA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	7293
13 CPX.CM.96.96CM 1849	ACA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6708
14 BG.ES.05.X1870	A-T-GTA-G-G-T	SAAATA-C-G-A		-GG-C-CCG	6774
15 OIB.TH.99.99TH M2079	-T-GGTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6655
16 ABZ.BR.97.97KBR04	AC-T-C-TA-G-GGCA-C-TATACAAGGCAAGCA-A	GG-A-C-C-A-G		-GG-C-CCG	6607
16 BF.AR.99.ARMA038	ACA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6802
18 CPX.CU.99.CU76	ACA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6591
19 CPX.CU.99.CU7	ACA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6421
20 BG.CU.99.CU03	ACA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6753
21 A2D.KE.99.KER2003	-CA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6481
22 G1AI.CM.01.01ATC 0001BBY	ACA-TC-CTA-G-GG-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6483
23 BG.CU.03.CB118	ACA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6753
24 BG.ES.08.X2456 2	AC-G-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6773
25 CPX.CM.02.1918E	ACA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6500
26 AU.CD.02.02CD MBT0847	ACA-T-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	7286
27 CPX.FR.94.04CDF FR KZ5	ATCC-T-GGTA-G-G-C	GAAATA-C-G-A		-GG-C-CCG	6707
28 BF.BR.01.01BREP16704	-AT-A-GTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6636
31 BC.BR.04.04BR142	ACA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6751
32 06A1.EE.01.EE0369	-CA-G-T-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6954
33 OIB.ID.07.JKT189 C	ACA-T-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6602
34 OIB.TH.99.09UR2478P	ACA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6476
35 AD.AF.07.169H	ACA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6495
36 CPX.CM.00.00CMNYU30	ACA-T-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6495
37 CPX.CM.00.00CMNYU926	ACA-A-CT-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6477
38 BF1.UY.03.UY03 3389	ACA-TA-C-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6703
39 BF.BR.04.04BRJ179	ACAT-CA-C-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6775
40 BF.BR.05.05BR1855	ACA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6813
42 BF.UJ.06.06UBF 18 06	ACA-A-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6869
43 02G.SA.03.J11223	ACA-A-G-CTACG-C-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6811
44 BF.CL.00.CH80	ACA-TA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6737
45 CPX.FR.04.04FR AUK	ACA-TG-CTA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	7248
46 BF.BR.07.07BR FPS625	ACA-TA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6707
47 BF.ES.08.P1842	C-A-G-TA-G-G-T	GATATA-C-GG-A		-GG-C-CCG	6709
48 OIB.MY.07.07MYKT021	ACAT-T-CTA-G-G-T	GAAATA-C-G-A		-GG-C-CCG	6533

[illegible]

B.FR.83.HXB2

env
02 AG. CM. 10. DE00210CM013
02 AG. CY. CR. C7256
02 AG. ES. 06. P1423
02 AG. CM. 05. C3 0048
02 AG. KR. 12. 12MMHR
02 AG. LR. x. POC44951
02 AG. NG. 09. 09NG SC61
02 AG. NG. x. IBA8120
02 AG. ES. 04. SE7812
02 AG. SN. 98. 98SE PM1211
03 AB. RU. 97. KAL153 2
04 cpx. CY. 04. 94CY032 3
05 DF. BE. x. V11313
06 AG. NG. 06. 06 NG 8F90
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNXG 6F
09 cpx. gh. 06. 96GCH2911
10 CD. T2. 96. 96T2 BF061
11 AG. NG. 04. 04 NG 8F12 1616
12 BF. AR. 99. ARMA159
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 ITH. TH. 99. 99TH MU2079
16 AZD. KR. 97. 97KAZ03
17 BF. AR. 99. ARMA368
18 cpx. CU. 99. CU76
19 cpx. CU. 99. CU7
20 CG. CU. 99. CU103
21 AG. NG. 09. 09NG3003
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 cpx. CM. 02. 19181E
26 AU. CD. 02. 02CD MBT047
27 AG. NG. 04. 04 NG 8F90
28 BF. BR. 09. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06A1. EE. 01. EE0369
33 AG. NG. 07. 07K1393
34 BF. AR. 99. 99ARMA478P
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU326
38 BF1. UY. 03. UUY038
39 BF. BR. 09. 09BRNR179
40 BF. BR. 05. 05BRNR055
42 BF. LU. 06. LU6F 18 06
43 BG. SA. 03. J11223
44 02F. CN. 08. CH89
45 BF. BR. 09. 09BF ARUK
46 BF. BR. 07. 07BR PF5625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYT021
49 cpx. GM. 03. N26677
50 BG. 10. 10. 12792
51 01B. MY. 11. 115G HM0121
52 01B. MY. 03. 03MYKL0811
53 01B. MY. 11. 11F1R164
54 01B. MY. 09. 09MYSB023
55 01B. CN. 10. HNC5102056
56 BF. BR. 09. 09BF patient A
57 BC. CN. 09. 09YCNLX195g
58 01B. MY. 09. 09MYP337
59 01B. MY. 09. 09YCNL4423
60 BC. IT. 11. BAV13
61 01B. MY. 10. 10YCN00810
62 BC. CN. 10. YNFL3
63 02A1. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNFL31
65 cpx. CN. 10. YNFL91
66 01B. CN. 09. 09YCNL HF15
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002
0. BE. 07. ANT70
0. CM. 98. 98CMA104
0. CM. 98. 98CMA8B114
0. CM. 98. 98CMA8B212
0. CM. 98. 98CMA5337
0. CM. 99. 99SCMA4122
0. FR. 32. VAU
0. FR. 32. IBA6352
0. SN. 99. 99SGE6352
0. SN. 99. 99MPE1299
0. US. 10. LTNP
N. CM. 02. D1006131
N. CM. 02. S1GDD2
N. CM. 04. 04CM 1015 04
N. CM. 06. U299
N. CM. 06. U14842
N. FR. 11. N1 FR 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. CD. 06. BF1167
CPZ. CD. 06. SV1cpz2M K45
CPZ. GA. 88. GAB1
CPZ. GA. 88. SV1cpz2TAN13
CPZ. US. 85. US Marilyn
GOR. CM. 07. SV1gor2139 287
GOR. CM. 07. SV1gorCP2135 280

[illegible]

												V4 loop end					
B.FR.83.HXB2		AGTACTTGGAGT		ACTGAA		GGGTCA		AATAACACT		GAAGGA		AGTGAC		ACAATCACCCTCCCATGCA		7479	
Env		S T W S		T E		G S		S N		S D		P		T I T L P C			
A1.AU.03.PS1044 Day0		C-GACCA-TTA		AAT		AGC		ACAGAA		G-G-A		CGCT		T-A-T		6714	
A1.CH.03.HIV_CH_BID_V3538		CG-GCAAC-CA						TCG		C-GGGG-A		A-TAAC		A-AGT		6667	
A1.CY.08.CY236		C-GACA-C								TAG-AGAG		TC-C		ACACT		6696	
A1.ES.05.X1608 8		CC-AG-CA		AAT		ATC				C-TGGGAA		AGCAT		AC-		6957	
A1.KE.11.DEMA11KE001		AC-ACACTT-GTCC		CTTAAC		AGC		ACGCAGTCA		G-G-A		GGAT		A-T		6870	
A1.RU.11.11RU6950		A-GGCACT								GG-CA-A		A-CAC		GAG-		7003	
A1.RW.11.DEMA11RW002		AC-AACAGA-AAT		ACACT		T		TTAGGAAC		G-G-A		GGTT		A-G		6860	
A1.SN.01.DDI579		CGG-CATC-A				GAC		ACT		ATC		CGTGCAG		A-TTC		6683	
A1.UG.11.DEMA11UG0001		C-CAAGAGCT										A-TA-C		CG-G		6808	
A1.ZA.04.04ZASK162B1		CCG-A				GAA		ACA		ACTTGG		A-TTC		A-GA		6928	
A2.CM.01.01CM 1445MV		GAGGGCAAT-C		AC		T		AAA		AAGG		AACGATAGTGC		GT-A-T		6681	
A2.CY.94.94CY017 41		A-GG-AC				AAC		GGG		CCCTAC		C-CACTT		GT-A		6854	
B.BR.10.10BR MG029				GW-ACT		R		AAT		GGT		MC-TAGAG		G-A-T		6973	
B.CA.07.502 1191 03		A-GAGACT-G								G-G		AT-AC		A-AG		6923	
B.CH.08.M2 0803101 NFLG8		C-GG-ACTCAG				AAT		ACT		ACTGGTACTC		G-TGAG		ACTAA		7004	
B.CN.10.DEMB10CN002		GA-GG-ACTGA		T		AAT				GT		CTGGA		A		6855	
B.ES.10.DEMB10ES002		C-G				AAT		GAG		ACT		CTGTA		A-TAAC		6867	
B.FR.11.DEMB11FR001		G-AGAGCCA				AAT				CTGGA		G-AAT		GACACA		6676	
B.GB.05.MM45d213 GN1		C-GAAG-C		T		AAT				GC-CTGAA		A-GAAC		CTC		6888	
B.HK.06.HK003		C-AC--G				AAT				G-CTGA		C-A		A-T		6836	
B.HT.05.05HT 129389		CAGAC-TT				ATT				TCCCTTGG		A-TAAG		C-A		6694	
B.JP.12.DEMB12JP001		A--CCA				AAT				G-C-TT-G		CC-AAT		A-A		6886	
B.KR.07.HP 18 07JHS10 3909		A-G-ACCT-G				AAT				GG-CTGAA		GAT		C-T		7127	
B.PE.07.502 0525 wq5						GAT				G-G-TCAG		TAA		A-T		6904	
B.RU.11.11RU21n		A-T-ACAGAG				TTAAT				G-CT-A GAGTTAA		TAAC		C-A		7013	
B.TH.08.MERLBDTRC10		C-GAAG-CGAA				AAT				TA-CTGAA		AGCAT-AAT		CAACA		6729	
B.US.11.E538		CA-A-GAT-C		T		AGT				GG-TGAA		ACGTT		A-G		7422	
C.AR.01.ARG4006		A-GG-ACAGAA				ATT				ACA		GG-TGG-A		A-CAT		6844	
C.BR.07.DEMC07BR003		A-GG-ACATTC				AAA				ATT		GGG-A		A-TCA		6907	
C.BW.00.00BW5031_1										GT-A		A-TA-TACTTCA		A-TGC		6814	
C.CN.10.YNFL19		ACATAC				ATG				TCT		GGT-A		C-A		6846	
C.CY.09.CY260		A-GG-ACACAC										AGCCAT		AC-GT		6708	
C.ES.08.X2363 2		GGCACATAC				AGT				CCGGGA		T		TT-A		6951	
C.FT.02.02ET 288		GA								GAT		G-T-A		ATAATTCA		6844	
C.IN.09.T125 2139		GACCTG		TTT-A-AGACATA				AAT		GAT		G-T-A		ATAATTCA		7505	
C.KE.00.KER2010				TTG-A-GA-ACATAC				AGT		TCTAAT		G-CAA		TCA-GA		6668	
C.MW.09.703010256 CH256.w96										G-C-TG-A		A-CAA-ACT		TA-A		7440	
C.TZ.08.707010457 CH457.w8		A-G-ACATAC				ATG				CCT		GT-A		A-TA-TACTTCA		7427	
C.YE.02.02YE11						ATG				TCT		G-T-A		A-GAATGATACA		6911	
C.ZA.08.705010534 CH534.w12						ATG				TAT		C-G-G-A		AC		7442	
C.ZA.10.DEMC10ZA001										CTT		G-T-A		A-TCA		6796	
C.ZM.11.DEMC11ZM006												G-A-CACCTTCAAACAACACT		A-TCA		6840	
D.CM.10.DEMD10CM009		G-C-AA-A				GAC				CA-GG		A-T		CA-GG		6817	
D.CY.06.CY163		GAA-A--GAG				AAT		AGT		ACGGGA		T-C		TT		6689	
D.KE.11.DEMD11KE003						AAC				C-G-CAGGG		TTAAT		GAA-GG		6599	
D.KR.04.04KR08		A-G-ACAGTG				AAT				G-T		TC		A-AGT		7305	
D.SN.90.SE365										A-TC		GAT		AT-T		7471	
D.TZ.01.A280		G--ACAA				AAT				CAGAG		AC-AAT		A-A		6664	
D.UG.10.DEMD10UG004		A-G-ACCTTA				T-AAT		AAA		ACA		T-T-A		A-A		6789	
D.UG.11.DEMD11UG003		A--G-T-AC				T-A		GGGAAT		ACAAAC		G-CAGAG		A-AAT		6833	
D.YE.02.02YE516		CA-A-GAT-A		ACT		TA		AAT		G-GA-A		A-TAC		A-T		6656	
D.ZA.90.R1		CAGGGAAT-A				AGT				G-GT-A		GGTC		A-G		6830	
F1.A0.06.A0 06 ANG32										ACCTC		ACAGA		T-T-T		6649	
F1.AR.02.ARE933										T-AC		A-G		T-T		6728	
F1.BR.10.10BR RJ015										AGT-T		A		A		6855	
F1.CY.08.CY222										TC-AAC		A-G		T-T		6633	
F1.ES.02.ES X845 4										TTT		A		T-T		6889	
F1.R0.96.BC1 R07		GAAGGAGT								TT		G		AA-GA		6712	
F1.RU.08.D88 845		GA-CAAT-AC				ATA				GG-T-A		CTC-CTC		A-G		6962	
F2.CM.02.02CM 0016BBY		CA-AAAT								TAAT		A		A-GT		6638	
F2.CM.10.DEMF210CM001										GTCA		A		T-TA		6739	
F2.CM.10.DEMF210CM007		AGG-G								G-AAT		A-G		GT-TT		6800	
G.BE.96.DRCBL		A-ATATCA								AAT		A-T		A-T		7418	
G.CM.10.DEMG10CM008										GT-A		A-TA-T		C-GG		6845	
G.CN.08.GX 2084 08		CACT						CCATTA		GT-A		AC-AAT		A-AC		6712	
G.CU.99.Cu74		A-G								ACT-G		A-G		C-T		7095	
G.ES.09.X2634 2		C								ACTA-T		A		AT-T		6956	
G.GH.03.03GH175G										AGCAC		ACACA		AT-T		7519	
G.KE.09.DEMG09KE001						AAA				TC-C		A-A		A		6849	
G.NG.09.09NG SC62		GAC-C								ATCAC		A		C-TG		6852	
G.ZA.01.TV546		GAA-ACCTC-CA				GTT				GGG-A		A-GACC		G-G-A		6669	
H.BE.93.VI991		C-GC-AT-CC				AAT		GACACC		TATAACAGCAAC		GC-CAGAA		CA-GA		6884	
H.CF.90.056		CA--AATTAC				ACA				TCA		G-A		AC-T		6798	
H.GB.00.00GBAC4001		A-GA-ACCG-G				AAT		GGC				ACT-AT		A-G		6987	
J.CM.04.04CMU11421		AG-A-GAT-CA				AAT		AGC		AC-C		A-T		A-T		6993	
J.SE.93.SE9280 7887		A-GCATTGAA				GCT				CA-TGAC		AC-A-T		NAC-CA		6774	
J.SE.94.SE9173 7022		A-ACATT-AG				GAC		ACA		GT-A		A-T-AC		ACACA		6784	
K.CD.97.97ZR EQTB11												AG		GA-AC		6656	
K.CM.96.96CM MP535														A-GT		6642	
U.CA.01.TV749		A-ACA-A				AGC		ATA		GGAATAAATACA		G-G		A-T		7516	
U.CA.09.TV721		T-GGAGCTT-A				ACT		ACA		GAGGTT		AAT		A-A		7527	
U.CD.83.83CD003 23		C-TGGAT-AG				AAT		AAT		TGCACTAGC		C-G-G-G		A-TT-C		6952	
U.CD.90.90CD121E12		C-TGGGCTGAG				AAT		AAT		TGCACTAACAGTGAG		T-GC		AGTT		6647	
U.CY.05.CY090		A-GGAATTGCA				GGG				TC-AAT		GAAA		A		6659	
U.CY.08.CY223		G-C-A--GT				AATGGCAC		T		ACAAT		AAT		A-T		6781	
U.ES.10.DEURF10DZ001		A-GACACTGTC				AGC		AAT		ACACTAGAC		GC-TGAC		AC-C		6781	
U.GR.09.99GR303		ACGACAT-CAG				T				AGC		G-G		CA-C		6761	
U.NL.95.U_NL_95_H10986_D1		A-G-ACCTG-G				AAT		GAC		ACACAAGAT		G		G-C-AT		7379	
01.AE.AF.07.569M		A-G-AACCTGT				AGG				G-T-T		A		A		6673	
01.AE.CF.90.90CF11697		A-GAAATT-TG				GAG		GAG		TT		GGGC		AC-AAT		7437	
01.AE.CN.10.YNFL03		A-GAAACCTGT				AAG				AGC-A		AG		T-T		6851	
01.AE.HK.04.HK001		CA-AACC-A				AGG				GAAC		C-AGT		ATT-TA		6831	
01.AE.IR.10.10IR_THR48F		A-GGAACC-TA				GAG				G-G		A-G		T-TA		6669	
01.AE.JP.X_JRC177AE		A-GGAACC-TA				GAG				GGCAT		A-TAAT		A-G		7458	
01.AE.TH.09.AA090a WG11		A-GTAACCG-G				GAG		GGG		AGT		G-TGAG		ACA-G		6904	
01.AE.TH.90.CM240		A-GAAACC-TG				GCG				GGT-T		A		AG		7032	
01.AE.US.05.306163 FL		TC-A-G-C				ACT				AGT		A-G		T-TA		6595	
01.AE.VN.98.98VNNND15		A-ACA-C				AGG				GGT-T		A		T-TA		6725	

EV. FR. 83. HBX2
 02 AG. CM. 01.D.E00210CM013
 02 AG. CY. 09. CY256
 02 AG. ES. 06. P1423
 02 AG. GW. 05. CO 08048
 02 AG. LR. 12. 12.M299
 02 AG. LR. X. POC44951
 02 AG. NG. 09. 09NG SC61
 02 AG. NG. X. IBNG
 02 AG. SE. 94. SE7812
 02 AG. RI. 98. 98SE MP1211
 02 AG. RI. 98. 98RI K153
 04 cpx. CY. 94. 94CY032 3
 05 DF. BE. X. V11310
 06 cpx. AU. 96. BFP90
 07 BC. CN. 98. 98CN089
 07 BC. CN. 97. 97BC 6F
 09 cpx. GH. 96. 96G92H19
 10 CD. T2. 96. 96T2 BF061
 11 cpx. CM. 95. 95CM 1816
 12 BF. AR. 99. ARMA159
 13 cpx. CU. 99. 99C6CM 1849
 14 BF. AR. 99. 99AR 1877
 15 01B. TH. 99. 99TH MJ2079
 16 2AD. KR. 97. 97KR004
 17 BF. AR. 99. ARMA036
 18 cpx. CU. 99. CU97
 19 BF. AR. 99. CU97
 20 BG. CU. 99. CU103
 21 2AD. KE. 99. KER2003
 22 01A1. CM. 01. 01CM 00018BY
 23 BG. CU. 03. CB118
 24 BG. ES. 02. 02B18
 25 01B. CM. 02. 01B18E
 26 AU. CD. 08. CD242
 27 cpx. FR. 04. 04CD FR KZ5
 28 BF. BR. 99. BREPM12609
 29 BF. BR. 01. BREPM16704
 30 BF. BR. 04. 04BR70
 32 06A1. ES. 01. EE0369
 33 01B. ID. 07. JKT189 C
 34 01B. TH. 99. OUR2478P
 35 AD. AF. 07. 169H
 36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
 37 01B. NY. 00. 00NYU126
 38 BF1. UY. 03. UY03 3389
 39 BF. BR. 04. 04BR9R1179
 40 BF. BR. 05. 05BR9R1055
 42 BF. LU. 06. LUBF 18 06
 43 BF. SA. 03. 03SA 1223
 44 BF. CN. 00. CN80
 46 cpx. FR. 04. 04FR AUK
 46 BF. BR. 07. 07BR FPS625
 47 BF. ES. 08. P1942
 48 01B. MY. 07. 07MYCT021
 49 01B. CN. 03. CN26077
 50 A1D. BG. 10. 12792
 51 01B. SE. 11. 11SE HM021
 52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1
 53 01B. MY. 11. 11FR1864
 54 01B. CN. 09. 09CN58023
 55 01B. CN. 10. HNC5102056
 56 cpx. FR. 10. URF5 patient A
 57 BC. CN. 09. 09YCNL19xg
 58 01B. MY. 09. 09MYPR37
 59 01B. CN. 09. 09NYA423
 60 01B. CN. 11. BAV991
 61 BC. CN. 10. 10J100910
 62 BC. CN. 10. YNFL13
 63 02A1. RU. 10. 10RU6637
 64 BC. CN. 09. YNFL31
 65 01B. CN. 10. YNFL01
 67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
 68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
 70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
 71 BF1. BR. 10. 10BR PE008
 72 BF1. BR. 10. 10BR MG002
 0. B. 01B. AR78
 0. CM. 98. 98CMA104
 0. CM. 98. 98CMABB141
 0. CM. 98. 98CMABB212
 0. CM. 98. 98CMUS337
 0. CM. 98. 98CMVA4122
 0. FR. 92. VAU
 0. GA. 11. 11GaB6352
 0. SN. 99. 99SE MP1299
 0. US. 10. LTNP
 N. CM. 02. D100131
 N. CM. 02. S3gdd
 N. CM. 04. 04CM 1015 04
 N. CM. 06. U14296
 N. CM. 06. U14842
 N. FR. 11. N1 FR 2011
 P. CM. 06. U14788
 P. FR. 09. RBF168
 CPZ. CD. 06. BF1167
 CPZ. CM. 05. SIVcpzMT145
 CPZ. 08. GAB
 CPZ. 08. SIVcpzTAN13
 CPZ. US. 85. US Marilyn
 GOR. CM. SIVgor2139 287
 GOR. CM. SIVgorCP2135con

[illegible]

B.F. 83. HBX2

Env

A1.AU.03.P51044 Day0

A1.CH.03.HIV.CH.B1D.V3538

A1.CY.08.CY236

A1.ES.05.X1608.8

A1.KE.11.DEMAL1KE001

A1.RU.11.11RU06950

A1.RW.11.DEMAL11RW002

A1.RN.01.DD1579

A1.UG.11.DEMAL10UG001

A1.ZA.04.04ZASK162B1

A2.CM.01.01CM.1445MV

A2.CY.94.94CY017.41

B.BR.10.10BR.M6029.C

C.A.07.502.1191.03

B.CH.08.M2.0803101.NFLG8

B.CN.10.DEMB10CN002

B.ES.10.DEMB10ES002

B.FR.11.DEMB11FR001

B.GB.05.MMA5213.GN1

B.HK.06.HK003

B.HT.05.05HT.129389

B.JP.12.DEMB12JP001

B.KR.07.HP.18.07JHS10.3909

B.PE.07.502.0525.w95

B.RU.11.11RU210

B.TH.08.MERLBDTRC10

B.US.11.ES538

C.AR.01.ARG4006

C.BR.07.DEMC07BR003

C.BW.08.P0BW5031.1

C.CN.10.YNF19

C.CY.09.CY266

C.ES.08.X2363.2

C.ET.02.02ET.288

C.IN.09.T125.2139

C.KE.08.KER2010.40

C.MW.09.703810256.CH256.w96

C.TZ.08.707010457.CH457.w8

C.YE.02.02YE511

C.ZA.08.705010534.CH534.w12

C.ZA.10.DEMC10ZA001

C.ZM.11.DEMC11ZM006

C.ZM.10.DEMD10CM009

D.CY.06.CY163

D.KE.11.DEMD11KE003

D.KR.04.04KBH8

D.SN.98.SE365

D.TZ.01.A260

D.UG.10.DEMD10UG004

D.UG.11.DEMD11UG003

D.YE.02.02YE516

D.ZA.90.R1

F1.A0.06.A0.06.ANG32

F1.AR.02.ARE933

F1.BR.10.10BR.RJ015

F1.CY.08.CY222

F1.ES.02.ES.X845.4

F1.RO.96.BCI.R07

F1.RU.08.D88.845

F2.CM.02.02CM.0616BBY

F2.CM.10.DEMF210CM001

F2.CM.10.DEMF210CM007

G.BE.96.DRCBL

G.CM.10.DEMG10CM008

G.CN.08.GX.2084.08

G.CU.99.Cu74

G.ES.09.X2614.2

G.GB.03.03GB175G

G.KE.09.DEMG09KE001

G.NG.09.09NG.SC62

G.ZA.01.TV546

H.BE.93.VI991

H.CF.90.058

H.GB.08.08GBAC4001

J.CM.04.04CMU11421

J.ES.03.SF9280.7887

J.SE.94.SF9173.7022

K.CD.97.97ZTR.E0TB11

K.CM.96.96CM.MP535

U.A.01.TV749

U.A.99.TV721

U.CD.83.CD003.23

U.CD.98.98CD121E12

U.CY.05.CY080

U.CY.08.CY223

U.ES.10.DEURF10DZ001

U.GR.99.99GR303

U.NL.95.U.NL.95.H10986.D1

01.AE.AF.07.569M

01.AE.CF.90.90CF1697

01.AE.CM.10.YNF193

01.AE.HK.04.HK001

01.AE.IR.10.10IR.THR48F

01.AE.JP.x.JR77AE

01.AE.TH.09.AA090a.WG11

01.AE.TH.98.CM240

01.AE.US.05.306163.FL

01.AE.VN.98.98VND15

01.AE.AF.07.569M

01.AE.CF.90.90CF1697

01.AE.CM.10.YNF193

01.AE.HK.04.HK001

01.AE.IR.10.10IR.THR48F

01.AE.JP.x.JR77AE

01.AE.TH.09.AA090a.WG11

01.AE.TH.98.CM240

01.AE.US.05.306163.FL

01.AE.VN.98.98VND15

01.AE.AF.07.569M

01.AE.CF.90.90CF1697

01.AE.CM.10.YNF193

01.AE.HK.04.HK001

01.AE.IR.10.10IR.THR48F

01.AE.JP.x.JR77AE

01.AE.TH.09.AA090a.WG11

01.AE.TH.98.CM240

01.AE.US.05.306163.FL

01.AE.VN.98.98VND15

01.AE.AF.07.569M

01.AE.CF.90.90CF1697

01.AE.CM.10.YNF193

01.AE.HK.04.HK001

01.AE.IR.10.10IR.THR48F

01.AE.JP.x.JR77AE

01.AE.TH.09.AA090a.WG11

01.AE.TH.98.CM240

01.AE.US.05.306163.FL

01.AE.VN.98.98VND15

01.AE.AF.07.569M

01.AE.CF.90.90CF1697

01.AE.CM.10.YNF193

01.AE.HK.04.HK001

01.AE.IR.10.10IR.THR48F

01.AE.JP.x.JR77AE

01.AE.TH.09.AA090a.WG11

01.AE.TH.98.CM240

01.AE.US.05.306163.FL

01.AE.VN.98.98VND15

01.AE.AF.07.569M

01.AE.CF.90.90CF1697

01.AE.CM.10.YNF193

01.AE.HK.04.HK001

01.AE.IR.10.10IR.THR48F

01.AE.JP.x.JR77AE

01.AE.TH.09.AA090a.WG11

01.AE.TH.98.CM240

01.AE.US.05.306163.FL

01.AE.VN.98.98VND15

01.AE.AF.07.569M

01.AE.CF.90.90CF1697

01.AE.CM.10.YNF193

01.AE.HK.04.HK001

01.AE.IR.10.10IR.THR48F

01.AE.JP.x.JR77AE

01.AE.TH.09.AA090a.WG11

01.AE.TH.98.CM240

01.AE.US.05.306163.FL

01.AE.VN.98.98VND15

01.AE.AF.07.569M

01.AE.CF.90.90CF1697

01.AE.CM.10.YNF193

01.AE.HK.04.HK001

01.AE.IR.10.10IR.THR48F

01.AE.JP.x.JR77AE

01.AE.TH.09.AA090a.WG11

01.AE.TH.98.CM240

01.AE.US.05.306163.FL

01.AE.VN.98.98VND15

01.AE.AF.07.569M

01.AE.CF.90.90CF1697

01.AE.CM.10.YNF193

01.AE.HK.04.HK001

01.AE.IR.10.10IR.THR48F

01.AE.JP.x.JR77AE

01.AE.TH.09.AA090a.WG11

01.AE.TH.98.CM240

01.AE.US.05.306163.FL

01.AE.VN.98.98VND15

01.AE.AF.07.569M

01.AE.CF.90.90CF1697

01.AE.CM.10.YNF193

01.AE.HK.04.HK001

01.AE.IR.10.10IR.THR48F

01.AE.JP.x.JR77AE

01.AE.TH.09.AA090a.WG11

01.AE.TH.98.CM240

01.AE.US.05.306163.FL

01.AE.VN.98.98VND15

01.AE.AF.07.569M

01.AE.CF.90.90CF1697

01.AE.CM.10.YNF193

01.AE.HK.04.HK001

01.AE.IR.10.10IR.THR48F

01.AE.JP.x.JR77AE

01.AE.TH.09.AA090a.WG11

01.AE.TH.98.CM240

01.AE.US.05.306163.FL

01.AE.VN.98.98VND15

02 AG. CM. 10. DE000210CM013
 02 AG. CY. 09. CY256
 02 AG. ES. 06. P1423
 02 AG. GW. 05. C3 0048
 02 AG. IR. 05. P1220
 02 AG. LR. x. POC44951
 02 AG. NG. 09. 099NG SC61
 02 AG. NG. x. IBNG
 02 AG. SE. 94. SE57812
 02 AG. SI. 07. 02985E MP1211
 02 AB. RU. 97. KA4532
 04 cp. CY. 94. 94CY032_3
 05 DF. BE. x. V11310
 06 cp. AU. 96. BFP98
 06 BC. CN. 98. 98CN009
 06 CP. 07. 97. 04BR142
 09 cp. GH. 96. 96G62H91
 10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061
 11 cp. CM. 95. 95CM 1816
 12 BF. AR. 99. ARMA159
 13 CP. CU. 99. 96CM 1849
 14 BE. ES. 05. X1870
 15 TH. TH. 99. 99TH MU2079
 16 AZD. KR. 97. 97KR004
 17 BF. AR. 99. ARMA083
 18 cp. CU. 99. CU76
 19 CP. CU. 99. CU99
 20 BG. CU. 99. CU183
 21 AZD. KE. 99. KER2003
 22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BB
 23 BG. CU. 03. C8118
 24 CP. CM. 02. 02CM X456 2
 25 cp. CM. 02. 1918E
 26 AU. CD. 02. 02CD MBT047
 27 cp. FR. 04. 04CD FR KZ5
 28 BF. BR. 99. BREPM12609
 29 BF. BR. 01. BREPM16704
 30 01. 11. 99. 011199
 32 06A1. EE. 01. EE0369
 33 01B. ID. 07. JKT189 C
 34 TH. TH. 99. 09TUR2478
 35 AD. AF. 07. 169H
 37 cp. CM. 09. 09CMMYU380
 38 CP. CM. 06. 06CMMYU926
 38 BF1. UV. 03. UV03 3389
 39 BF. BR. 04. 04BRJR179
 40 BF. BR. 05. 05BRJR055
 41 BF. 06. 06. tUbf 18 06
 43 CG. 03. 03. 03. 03. 223
 44 BF. CL. 00. CH80
 45 cp. FR. 04. 04FR AUK
 46 BF. BR. 07. 07BR FPK525
 47 BF. ES. 08. P1942
 48 CP. CM. 09. 09CMYKT021
 49 cp. GM. 03. G26677
 50 AID. GB. 10. 12792
 51 01B. SG. 03. 1155G HM021
 52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1
 53 01B. MY. 11. 11F1R164
 54 04. 04. 04. 04. 08B023
 55 01B. CN. 10. HNC5102056
 56 cp. CN. 10. URFS patient
 57 BC. CN. 09. 09NYULX195g
 58 01B. MY. 09. 09MYR3P7
 59 01B. 09. 09. 09. 09A423
 60 BC. IT. 11. BVA499
 61 BC. CN. 10. JL100010
 62 BC. CN. 10. YNLF13
 63 02A1. RU. 10. 10RU6637
 64 BC. CN. 09. YNLF131
 65 01B. CN. 10. YNLF01
 67 01B. CN. 11. ANHUI WF115
 68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
 70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
 71 BF1. BR. 10. 10BR PE008
 72 BF1. BR. 10. 10BR MG002
 0. BE. 87. 10. 10
 0. CM. 98. 98CMA104
 0. CM. 98. 98CMABB141
 0. CM. 98. 98CMABB212
 0. CM. 98. 98CMAUC537
 0. CM. 98. 98CMA54322
 0. FR. 92. VAU
 0. GA. 11. 11Gab6352
 0. SN. 99. 99SE MP1299
 0. US. 10. LTPN
 N. CM. 02. DJ000131
 N. CM. 05. 05Gdd
 N. CM. 04. 04. 04. 04. 1015_04
 N. CM. 06. U14296
 N. CM. 06. U14842
 N. FR. 11. N1 FR 2011
 P. CM. 09. U14788
 P. FR. 09. RBF168
 CPZ. CD. 06. BFF167
 CPZ. CD. 05. SVICPMT145
 CPZ. TZ. 06. 06. 06. 06. 06A1
 CPZ. TZ. 06. SVICPZTAN13
 CPZ. US. 85. US Marilyn
 GOR. CM. 07. SVIGOR2139 287
 GOR. CM. 07. SVIGORCP2135cso

[illegible]

	V5 end	Rev Responsive Element (RRE) region	Env gp120 end	Env gp41 start
	TCCGAGATCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATGGGAAAGTGAATTATATAAATATAAAGTAGTAAAAATTGAACCATAGGAGTAGCACCCACCAAGGCAAGAGAGAAGAGTGGTGCAGAGAGAAAAAAGA.....GCA.....	7760
B. FR. 83. HXB2	S E I F R P G G G D M R D N W R S E L Y K Y K V V K I E P L G V A P T K A K R R V VQ R E K R.....	A	
Env				
A1.AU.03.PS1044 Day0	AAT - A - CGG	6998
A1.CH.03.HIV CH BID V3538	A - A -GG	6951
A1.CY.08.CY236	AGT - A - CGG	6977
A1.ES.05.X1608 8	AAT - A - CGG	7244
A1.KE.11.DEM11KE001	AAT - A - CGG	7159
A1.RU.11.11RU6950	AAT - A - CGG	7287
A1.RW.11.DEM111RW002	AAT - A - CGG	7144
A1.SN.01.DDI579	AAT - CA -GG	6964
A1.UG.11.DEM111UG001	AAT - A - CGG	7088
A1.ZA.04.04ZASK162B1	AAT - A - CGG	7215
A2.CM.01.01CM 1445MV	AGT - C - GGG	6965
A2.CY.94.94CY017 41	AAT - C - GGG	7132
B.BR.10.10BR MG029	AAT - C - TGG	7257
B.CA.07.502 1191 03	A - T - CGG	7207
B.CH.08.M2 0803101 NFLG8	A - T - GGG	7303
B.CN.10.DEMB10CN002	AAT - C -GG	7136
B.ES.10.DEMB10ES002	A - T - CGG	7148
B.FR.11.DEMB11FR001	AA - C -GG	6957
B.GB.05.MM45d213 GN1	A - T - A - CGG	7178
B.HK.06.HK003	A - A -GG	7120
B.HT.05.05HT 129389	AAT - C - TGG	6984
B.JP.12.DEMB12JP001	A - C -GG	7170
B.KR.07.HP 18 07JHS10_3909	A - T -GG	7423
B.PE.07.502 0525 wg5	A - T -GG	7191
B.RU.11.11RU21n	A - C -GG	7288
B.TH.08.MERLBDTRC10	AAT - C -GG	7010
B.US.11.ES38	AA - C -GG	7709
C.AR.01.ARC4006	A - A -GG	6950
C.BR.07.DEMC07BR003	GA - A - GGG	7182
C.BW.00.00BW5031 1	AAT - CA -GG	7095
C.CN.10.YNFL19	AAT - CA -GG	7130
C.CY.09.CY260 2	A - A - CA -GG	6995
C.ES.08.X2363 2	AAA - A -GG	7240
C.ET.02.02ET 268	A - A - CA -GG	6965
C.IN.09.T125 2139	AAT - CA -GG	7792
C.KE.00.KER2010	A - T - CA -GG	6949
C.MW.09.703010256 CH256.w96	A - A -GG	7721
C.TZ.08.707010457 CH457.w8	C - A - CA -GG	7711
C.YE.02.02YE511	C - A -GG	6940
C.ZA.08.705010534 CH534.w12	A - A -GG	7729
C.ZA.10.DEMC10ZA001	A - A - G - A -GG	7092
C.ZM.11.DEMC11ZM006	C - A - CA -GG	7130
D.CM.10.DEMD10CM009	GAG - C -GG	7098
D.CY.06.CY163	AAT - C -GG	6970
D.KE.11.DEMD11KE003	AAT - C -GG	7090
D.KR.04.04KR08	AAT - CT -GG	7673
D.SN.90.SE365	A - C -GG	7758
D.TZ.01.A280	GAG -GG	6948
D.UG.10.DEMD10UG004	CAG - CTG -GG	7070
D.UG.11.DEMD11UG003	AAT - C -GG	7114
D.YE.02.02YE516	D - C -GG	6940
D.ZA.90.R1	AAT - C -GG	7114
F1.A0.06.A0 06 ANG32	A - C -GG	6933
F1.AR.02.ARE933	A - T - CGG	7030
F1.BR.10.10BR RJ015	A - T -GG	7145
F1.CY.08.CY222	AGT -GG	6926
F1.ES.02.ES X845 4	AA - A - CGG	7179
F1.R0.96.BC0 R07	A - A -GG	7814
F1.RU.08.D88 845	AAT - C -GG	7246
F2.CM.02.02CM 0016BBY	A - A - C - C -GG	6919
F2.CM.10.DEMF210CM001	AGT - C - C -GG	7020
F2.CM.10.DEMF210CM007	A - T - C - C -GG	7081
G.BE.96.DRCBL	AGT -GG	7699
G.CM.10.DEMG10CM008	ATT - A - CGG	7123
G.CN.08.0X 2084 08	AAT - C -GG	6990
G.CU.99.Cu74	A - T - G -GG	7379
G.ES.09.X2634 2	AAT - CT -GG	7240
G.GH.03.03GH175G	A - A - C -GG	7806
G.KE.09.DEMG09KE001	AA - C -GG	7132
G.NG.09.09NG SC62	A - G -GG	6938
G.ZA.01.TV546	AGT -GG	6947
H.BE.93.VI991	AAT - TT - CGG	7159
H.CF.90.056	AAT - T - CGG	7079
H.GB.00.00GBAC4001	AAT - TT - C - CGG	7268
J.CM.04.04CMU11421	A - T -GG	7286
J.SE.93.SE9280 7887	A - T - CGG	7067
J.SE.94.SE9173 7022	A - T - CGG	7074
K.CD.97.97ZR E0TB11	GAG - C -GG	6943
K.CM.96.96CM MP535	AAT - C -GG	6920
U.CA.01.TV749	AAT - C -GG	7800
U.CA.99.TV721	U - CA -GG	7236
U.CD.83.83CD003 23	AAT - C - T -GG	6931
U.CD.90.90CD121E12	AAA - C - T -GG	6934
U.CY.05.CY090	A - A - C -GG	7056
U.CY.08.CY223	A - T - A - CGG	7041
U.ES.10.DEURF10DZ001	AAT - CT -GG	7666
U.GR.99.99GR083	A - C -GG	6951
U.NL.95.U_NL 95 H10986_D1	AAT - C -GG	7712
01.AE.AF.07.569M	AA - C -GG	7129
01.AE.CF.90.90CF11697	AAT - C -GG	7120
01.AE.CN.10.YNFL03	A - T -GG	6965
01.AE.HK.04.HK001	A - T -GG	7139
01.AE.IR.10.10IR THR48F	A - T -GG	7188
01.AE.JP.X.JRC77AE	AAT -GG	7313
01.AE.TH.09.AA090a WG11	AAT - C -GG	6873
01.AE.TH.90.CM240	AA - C -GG	7029
01.AE.US.05.306163 FL	AA - C -GG	
01.AE.VN.98.98VNNND15	GAG -GG	

[illegible]

Envr. R3. HXB2 . . . GTGGGA . . . ATAGGAGCTTTT . . . TGGGTTCTTGGGA . . . GCAGCAGGAGCATATGGCGGACCTCAATGACGCTGACGGTACAGGCCAGACAAATATTGTCTGGTATAGTCAGCAGCAGACAAATTTGTGAGGGCTATTGAGGCGCAACAGCATCTGTGTC 7923

A1.AU.03.PS1044 Day0
A1.CH.03.HIV.CH BID_V3538
A1.CY.08.CY236
A1.ES.05.X1608 8
A1.RU.11.DEMAI1KE001
A1.RU.11.11R06950
A1.RW.11.DEMAI11RW002
A1.SN.01.DDI579
A1.UG.11.DEMAI10UG001
A1.ZA.04.04ZASK162B1
A2.CM.01.01CM.1445INV
A2.CY.94.94CY017 41
B.BR.10.10BR.MG029
B.CA.07.502 1191 03
B.CH.08.M2.0803101 NFLG8
B.CN.10.DEMB10CN002
B.ES.01.DEMB10ES002
B.FR.11.DEMB11FR001
B.GB.05.MM45d213 GN1
B.HK.06.HK003
B.HT.05.05HT.129389
B.JP.12.DEMB12JP001
B.KR.07.HP.18.07JHS10 3909
B.PE.07.502 0525 wq5
B.RU.11.11RU21n
B.TH.08.MERLBDTRC10
B.US.11.E538
C.AR.01.ARG4006
C.BR.07.DEMC07BR003
C.BW.00.00BW5031 1
C.CN.10.YNFL19
C.CY.09.CY260 2
C.ES.08.X2363 2
C.FT.02.02FT.268
C.IN.09.T125 2139
C.KE.00.KER2010
C.MW.09.703010256 CH256.w96
C.TZ.08.707010457 CH457.w8
C.YE.02.02YE511
C.ZA.08.705010534 CH534.w12
C.ZA.10.DEMC10ZA001
C.ZM.11.DEMC11ZM006
D.CM.10.DEMD10CM009
D.CY.06.CY163
D.KE.11.DEMD11KE003
D.KR.04.04KRB8
D.SN.90.SE365
D.TZ.01.A280
D.UG.10.DEMD10UG004
D.UG.11.DEMD11UG003
D.YE.02.02YE516
D.ZA.90.R1
F1.A0.06.A0.06.AMG32
F1.AR.02.ARE933
F1.BR.10.10BR.RJ015
F1.CY.08.CY222
F1.ES.02.ES.X845 4
F1.RO.96.BC1 R07
F1.RU.08.D88 845
F2.CM.02.02CM.0016BBY
F2.CM.10.DEMF210CM001
F2.CM.10.DEMF210CM007
G.BE.96.DRCBL
G.CM.18.DEMG10CM008
G.CN.08.GX.2084 08
G.CU.99.Cu74
G.ES.09.X2634 2
G.GH.03.03GH175G
G.KG.09.DEMG09KE001
G.NG.09.09NG.SC62
G.ZA.01.TV546
H.BE.93.VI991
H.CF.90.056
H.GB.00.00GBAC4001
J.CM.04.04CMU11421
J.SE.93.SE9280 7887
J.SE.94.SE9173 7022
K.CD.97.97ZR.EQTB11
K.CM.96.96CM.MP535
U.CA.01.TV749
U.CA.99.TV721
U.CD.83.83CD003 Z3
U.CD.90.90CD121E12
U.CY.05.CY090
U.CY.08.CY223
U.ES.10.DEURF10DZ001
U.GR.99.99GR303
U.NL.95.U.NL.95.H10986.D1
01.AE.AF.07.569M
01.AE.CF.90.90CF11697
01.AE.CI.10.YNFM03
01.AE.HK.04.HK001
01.AE.IR.10.10IR.THR48F
01.AE.JP.x.JRC77AE
01.AE.TH.09.AA090a.WG11
01.AE.TB.08.CM272
01.AE.US.05.306163.FL
01.AE.VN.98.98VNN15

02 AG. CM. 10. DE000218CM013
 02 AG. CY. 09. CY256
 02 AG. CM. 09. 0123
 02 AG. CM. 05. C3 6048
 02 AG. KR. 12. 12MH9R
 02 AG. LR. x. POC44951
 02 AG. NC. 09. 09NG 5C61
 02 AG. NC. x. IBNG
 02 AG. CM. 09. 0123
 02 AG. SN. 98. 98SE MP1211
 03 AB. RU. 97. KAL153 2
 05 OF. CY. 94. 94CY032 3
 05 DF. BE. x. YF1310
 07 BC. CN. 96. 96CN 9809
 07 BC. CN. 98. 98CN0989
 08 BC. CN. 97. 97CNXG 6F
 09 CP. CM. 96. 96GCH2911
 10 CN. T2. 96. 96ZT BF861
 10 CN. T2. 96. 96ZT BF861
 12 BF. AR. 99. ARMA159
 13 CP. CM. 96. 96CM 1849
 14 BG. ES. 05. X1870
 15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
 16 02. AR. 99. 99AR084
 16 BF. AR. 99. ARMA159
 18 CN. CU. 99. CU76
 19 CP. CU. 99. CU7
 20 BG. CU. 99. CU163
 21 A2D. KE. 99. KER0003
 22 BG. CU. 96. 96CM 6001B
 23 BG. CU. 83. CB118
 24 BG. ES. 08. X2456 2
 25 CP. CM. 02. 01918E
 26 AU. CD. 02. 020201BE047
 28 BF. AR. 99. 99AR084
 29 BF. AR. 99. BREPM12689
 29 BF. BR. 01. BREPM16704
 31 BC. BR. 04. 04BC411
 32 06A1. EE. 01. EE0369
 33 01B. ID. 07. JKT188
 34 01B. ID. 07. JKT2478P
 35 AD. AF. 07. 169H
 36 CP. CM. 00. 00CMNYU830
 37 CP. CM. 00. 00CMNYU936
 38 BF1. NY. 03. 0Y63 3229
 39 BF1. NY. 03. 0Y63 3229
 40 BF. BR. 05. 05BRBJ055
 42 BF. LU. 06. 06BR 18 06
 44 02C. SA. 03. J11223
 44 BF. CN. 08. CH80
 46 BF. BR. 07. 07BR FUK
 47 BF. BR. 07. 07BR FPS625
 48 01B. MY. 07. 07MYKT021
 49 CP. CM. 03. N26677
 50 01B. GB. 10. 12792
 51 01B. MY. 08. 08MYG H08121
 52 01B. MY. 03. 03MYKLM011
 53 01B. MY. 11. 11F1R614
 54 01B. MY. 09. 09MYSM8023
 55 01B. CN. 18. 08N102056
 56 01B. CN. 18. 08N102056
 57 BC. CN. 09. 09NCX18950
 58 01B. MY. 09. 09MYPP37
 59 01B. CN. 09. 09CNAA243
 60 BC. TT. 11. BVA499
 61 01B. CN. 09. 09CN0010
 62 BC. CN. 10. YNLF13
 63 02A1. RU. 10. 10RU6637
 64 BC. CN. 09. YNLF131
 65 CP. CN. 18. YNLF081
 66 01B. CN. 11. ANHU1
 67 01B. CN. 11. ANHU1
 70 BF1. BR. 10. 10BR PF08
 71 BF1. BR. 10. 10BR PE004
 72 BF1. BR. 10. 10BR MG0020
 0.BE. 87. AN770
 0.01B. 98. 98CN04
 0. CN. 98. 98CNAB8114
 0. CN. 98. 98CNAB2212
 0. CN. 98. 98CNM5337
 0. CN. 99. 99CN1816
 0. CN. 99. 99CN1816
 0. GA. 11. 11Ga6352
 0. SN. 99. 99SN MP1299
 0. US. 10. L1NP
 N. CM. 02. D10011
 N. CM. 02. S3Gdd
 N. CM. 04. 04CHN 1015 04
 N. CM. 04. 04CHN 1015 04
 N. CM. 06. 06U4296
 N. CM. 06. 06U4842
 N. FR. 11. N1 FR 2011
 P. CM. 06. 06U4788
 P. FR. 09. RBF168
 CPZ. CD. 06. B1F167
 CPZ. 06. 06. S1VCpZMT145
 CPZ. GA. 08. GAB1
 CPZ. 06. 06. S1VCpZMT145
 CPZ. US. 05. 05US Tarilyn
 GOR. CM. 07. S1Vgor2139 280
 GOR. CM. 07. S1Vgor2139 357

[illegible]

[illegible]

B. FR. 83. HXB2	AACTCAGCTGTGGGGCATCAAGCAGCTCCAGGCAAGAATCTGGCTGTGGAAGATACCTAAAGGATCAACAGCTCTGGGGGATTGGGGTTGCTCTGGAAGAACTCATTTGACCACTGCTGCCTTGAATGCTAGTTGGAGT...AATAAA	8075
Env	Q L T V W G I K Q L Q A R I L A V E R Y L K D Q Q L L G I W G C S G K L I C T T A V P W N A S W S N K	
02 AG. CM. 10. DE00210CM013	G - G - T - A - G - G - A - A - C - C - G - C - A - C - A - C - T - C -	7514
02 AG. CY. 09. CY256	G - G - T - A - G - G - C - G - A - A - G - C - C - A - A - C - T - C -	7252
02 AG. ES. 06. P1423	G - R - T - A - G - G - C - G - A - A - G - C - C - A - A - C - T - C -	7515
02 AG. CM. 05. C. 0048	G - G - T - A - G - G - C - G - A - A - G - C - C - A - A - C - T - C -	7449
02 AG. KR. 12. 12MHR9	G - G - T - A - G - G - C - G - A - A - G - C - C - A - A - C - T - C -	7761
02 AG. LR. x. POC44951	G - G - T - A - G - G - C - G - A - A - G - C - C - A - A - C - T - C -	8046
02 AG. NG. 09. 09NG SC61	G - G - T - A - G - G - C - G - A - A - G - C - C - A - A - C - T - C -	7279
02 AG. NG. x. IBNG	G - G - T - A - G - G - C - G - A - A - G - C - C - A - A - C - T - C -	7581
02 AG. SE. 94. SE7812	G - G - T - A - G - G - C - A - G - C - G - A - A - C - T - C -	7465
02 AG. SN. 98. 98SE MP1211	G - G - T - A - G - G - C - A - G - C - G - A - A - C - T - C -	7280
03 AB. RU. 97. KAL153_2	G - G - T - A - G - G - C - A - G - C - G - A - A - C - T - C -	7252
04 cpx. CY. 94. 94CY032_3	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7445
05 DF. BE. x. V11310	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7481
06 cpx. AU. 96. BFP09	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	8123
07 BC. CN. 98. 98CN009	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7397
08 BC. CN. 97. 97CNXG 6F	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7254
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7247
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7427
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7474
12 BF. AR. 99. ARMA159	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	8040
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7500
14 BG. ES. 05. X1870	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7557
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7447
16 A2D. KR. 97. 97KR004	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7441
17 BF. AR. 99. ARMA038	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7264
18 cpx. CU. 99. CU176	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7283
19 cpx. CU. 99. CU7	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7141
20 BG. CU. 99. CU103	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7509
21 A2D. KE. 99. KER2003	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7267
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7242
23 BG. CU. 03. CU118	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7503
24 BG. ES. 08. X2456_2	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7526
25 cpx. CM. 02. 1918LE	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7274
26 AU. CD. 02. 02CD MBT047	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	8063
27 cpx. FR. 04. 04CD FR KZ5	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	8074
28 BF. BR. 99. BREPMT2609	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7476
29 BF. BR. 01. BREPM16704	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7520
31 BC. BR. 04. 04BR142	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7525
32 06A1. EE. 01. EE0369	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7701
33 01B. ID. 07. JKT189_C	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7367
34 01B. TH. 99. 01BTH2478P	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7241
35 AD. AF. 07. 169H	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7257
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7272
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7257
38 BF1. UY. 03. UY03 3389	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7471
39 BF. BR. 04. 04BRJ179	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7525
40 BF. BR. 05. 05BRJ305	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7572
42 BF. LU. 06. 06BF 18_06	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7580
43 02G. SA. 03. J11223	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7558
44 BF. CL. 00. CH80	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7490
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	8034
46 BF. BR. 07. 07BF102 FPS625	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7451
47 BF. ES. 08. P1042	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7492
48 01B. MY. 07. 07MYKT021	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7295
49 cpx. GM. 03. N26677	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7502
50 A1D. GB. 10. 12792	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7481
51 01B. SG. 11. 11SG HM021	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7266
52 01B. MY. 03. 03MYKL018_1	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7404
53 01B. MY. 11. 11FIR164	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7391
54 01B. MY. 09. 09MYS0203	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7483
55 01B. CN. 10. 10HNS102056	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7397
56 cpx. FR. 10. 10FRF patient A	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7402
57 BC. CN. 09. 09BNLX1959	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7282
58 01B. MY. 09. 09MYP33	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7426
59 01B. CN. 09. 09LNA423	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7253
60 BC. IT. 11. BAV499	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	8035
61 BC. CN. 10. J1100010	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7453
62 BC. CN. 10. YNFI13	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7385
63 02A1. RU. 10. 10RU6637	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7601
64 BC. CN. 09. YNFI31	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7419
65 cpx. CN. 10. YNFI01	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7460
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7373
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7367
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7512
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7738
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7555
0. BE. 87. ANT70	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	8128
0. CM. 98. 98CMA104	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7626
0. CM. 98. 98CMA0811	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7646
0. CM. 98. 98CMA0212	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7577
0. CM. 98. 98CMU5337	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7579
0. CM. 99. 99CMU4122	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7598
0. FR. 92. VAU	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7694
0. GA. 11. 11GAB6352	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7354
0. SN. 99. 99SN T MP1299	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	8104
0. US. 10. LTNP	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	8052
N. CM. 02. DJ00131	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7499
N. CM. 02. SJGdd	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7471
N. CM. 04. 04CM 1015_04	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7477
N. CM. 06. U14296	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7523
N. CM. 06. U14842	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7545
N. FR. 11. N1. 2011	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7405
P. CM. 06. U14788	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7627
P. FR. 09. RBF168	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	8167
CPZ. CD. 06. BF1167	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	8215
CPZ. CM. 05. SIVcpzMT145	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7584
CPZ. GA. 88. GAB1	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	8115
CPZ. TZ. 06. SIVcpzTAN13	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7704
CPZ. US. 85. US Marilyn	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	8080
GOR. CM. 07. SIVgor2139_287	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7636
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con	G - G - T - A - G - G - C - G - C - G - A - A - C - T - C -	7620

B.FR.83.HXB2

Env

A1.AU.03.PS1044 Day0
 A1.CH.03.HIV.CH.BID.V358
 A1.CY.08.CY236
 A1.E5.05.X1608.8
 A1.KE.11.DEMA11KE001
 A1.RU.11.11RU6950
 A1.RW.11.DEMA11RW002
 A1.SN.01.DDI579
 A1.UG.11.DEMA11UG001
 A1.ZA.04.04ZASK16281
 A2.CM.01.01CM.1445MV
 A2.CY.94.94CY017.41
 B.BR.10.10BR.MG029
 B.CA.07.502.1191.03
 B.CH.08.M2.0803101.NFLG8
 B.CN.10.DEMB10CM002
 B.ES.10.DEMB10ES002
 B.FR.11.DEMB11FR001
 B.GB.05.MM45d213.GN1
 B.HK.06.HK003
 B.HT.05.05HT.129389
 B.JP.12.DEMB12JP001
 B.KR.07.HP.18.07JHS10.3909
 B.PE.07.502.0525.wq5
 B.RU.11.11RU21n
 B.TH.08.MERLBDTRC10
 B.US.11.E538
 C.AR.01.ARG4006
 C.BR.07.DEMB07BR003
 C.BW.00.00BW5031.1
 C.CN.10.YNFL19
 C.CY.09.CY260.2
 C.ES.08.X2363.2
 C.FT.02.02FT.268
 C.IN.09.T125.2139
 C.KE.00.KER2010
 C.MW.09.703010256.CH256.w96
 C.TZ.08.707010457.CH457.w8
 C.YE.02.02YE.69A
 C.ZA.08.705010534.CH534.w12
 C.ZA.10.DEMB10ZA001
 C.ZM.11.DEMB11ZM006
 D.CM.10.DEMB10CM009
 D.CY.06.CY163
 D.KE.11.DEMB11KE003
 D.KR.04.04KR08
 D.SN.90.SE365
 D.TZ.01.A280
 D.UG.10.DEMB10UG004
 D.UG.11.DEMB11UG003
 D.YE.02.02YE516
 D.ZA.90.R1
 F1.A0.06.A0.06.ANG32
 F1.AR.02.ARE933
 F1.BR.10.10BR.RJ015
 F1.CY.08.CY222
 F1.ES.02.ES.X845.4
 F1.R0.96.BC.R07
 F1.RU.08.D88.845
 F2.CM.02.02CM.0016BBY
 F2.CM.10.DEMB210CM001
 F2.CM.10.DEMB210CM007
 G.BE.96.DRCLB
 G.CM.10.DEMB10CM008
 G.CN.08.0X.2084.08
 G.CU.99.Cu74
 G.ES.09.X2634.2
 G.GH.03.03GH175G
 G.KE.09.DEMB09KE001
 G.NG.09.09NG.SC62
 G.ZA.01.TV546
 H.BE.93.VT991
 H.CF.90.056
 H.GB.00.00GBAC4001
 J.CM.04.04CMU11421
 J.SE.93.SE9280.7887
 J.SE.94.SE9173.7022
 K.CD.97.97ZR.E0TB11
 K.CM.96.96CM.MP535
 U.CA.01.TV749
 U.CA.99.TV721
 U.CD.83.83CD003.23
 U.CD.90.90CD121E12
 U.CY.05.CY090
 U.CY.08.CY223
 U.ES.10.DEURF10D2001
 U.GR.99.99GR.0083
 U.NL.95.U.NL.95.H10986.D1
 01.AE.AF.07.569M
 01.AE.CF.90.90CF11697
 01.AE.CN.10.YNFL03
 01.AE.HK.04.HK001
 01.AE.IR.10.10IR.THR48F
 01.AE.JP.X.JRC77AE
 01.AE.TH.09.AA090a.WG11
 01.AE.TH.90.CM240
 01.AE.US.05.306163.FL
 01.AE.VN.98.98VNN015

.....TCTCTGGACAGAGTT...TGGAAATCACACACCTGGATGGAGTGGGACAGAGAAATTAACAATTACACAGCTTAATACACTCTTAATTGAAGAATCGAAAACCGCAAGAAAGAAATGAACAAGAAATTATGGAAATAGATAAATG 8221
 S L E O I W N H T T W M E W D R E I N N Y T S L I H S L I E E S Q N Q O E K N E Q E L L E L D K W
 AACAAG-AGTG-A-G-CA-A-T-C-CA-T-AG-G-T-CAAA-T-TAATC-G-C-TA-C-G-G-7459
 A-G-C-A-T-GG-A-T-T-AC-A-G-A-G-T-CA-T-TGAGC-C-A-G-G-G-7412
 C-TA-TA-A-CA-T-C-A-T-A-G-T-CAA-T-TA-TC-G-TA-C-G-G-7438
 A-M-ATR-Y-A-G-A-T-C-CA-T-G-G-GA-T-TAATC-C-RR-T-G-TA-C-G-G-7708
 TACA-TG-A-G-CG-A-T-CA-A-G-A-G-GA-T-TAA-C-C-RR-T-A-T-C-C-G-7621
 G-C-GG-A-G-A-T-C-A-AG-G-TT-ATC-TTGAGC-GC-G-T-C-G-G-7748
 A-TG-A-G-A-T-AC-A-T-A-G-T-GAA-T-TAATC-C-G-T-C-G-G-7605
 A-GG-A-GG-A-T-C-A-T-A-G-GA-T-TAGTC-G-A-G-T-G-TAGTC-G-7425
 C-AT-TG-A-C-AA-T-T-A-T-A-AG-GG-GATC-T-A-TC-G-G-T-G-7550
 AA-A-AGT-G-A-T-G-CA-T-T-A-G-GAATC-T-AAAC-C-C-G-G-7426
 A-TG-G-CA-T-T-CA-T-A-G-G-A-T-TAGC-C-A-G-G-G-C-C-7593
 A-TAT-TG-A-C-GA-T-G-T-A-G-C-G-A-TAA-C-A-A-A-7718
 A-TG-AA-T-C-A-A-G-GA-T-A-C-A-TA-G-TA-C-G-TG-T-A-G-A-G-7668
 A-TG-GG-A-T-C-A-A-G-T-A-G-T-A-G-T-A-G-T-A-G-T-A-G-T-A-G-7764
 A-TG-C-CA-T-C-G-A-G-T-G-TCAA-T-GA-G-A-A-A-A-T-A-G-7606
 A-ATACA-T-G-A-T-C-G-G-T-CA-T-A-C-A-A-G-A-G-G-A-G-7418
 A-TG-G-A-T-C-T-A-TAC-T-A-C-A-G-A-G-A-G-A-G-7639
 A-AACTG-G-A-CTA-A-A-A-G-G-C-T-T-R-A-C-C-C-G-7581
 A-TT-GA-T-C-A-A-AG-G-T-AG-G-T-A-T-T-G-C-G-A-G-C-7425
 AA-AACTG-T-G-A-T-G-AC-G-AG-AAGA-T-A-T-C-G-C-G-A-G-7444
 A-A-GG-A-C-G-A-T-G-A-T-GAA-T-A-C-A-G-A-G-7655
 C-A-C-A-G-GA-T-C-A-A-G-T-GAGG-T-AGT-A-C-A-A-A-7749
 A-TG-C-A-T-A-A-G-T-G-A-T-AGT-C-G-G-G-GG-C-TA-T-T-G-7474
 A-CTG-A-T-A-A-G-T-G-A-T-AGT-C-G-G-G-GG-C-TA-T-T-G-7474
 A-GG-G-A-T-AC-A-A-G-T-G-A-T-AGT-C-G-G-G-GG-C-TA-T-T-G-8173
 A-TA-T-G-A-T-A-C-T-T-GA-AC-T-AGG-GC-G-GC-A-A-T-T-A-C-C-G-7412
 A-AAC-GG-T-GA-T-T-GA-AC-T-AGG-GC-G-GC-A-A-T-T-A-C-C-G-7463
 BR-GAA-GG-T-GG-A-T-T-A-C-T-T-CGT-C-GATACT-AGG-GC-C-A-G-T-C-A-C-G-GC-7553
 A-AC-TG-G-A-T-C-T-T-GT-A-AC-T-CAA-GC-G-GC-A-T-A-C-C-G-GT-7591
 AAA-T-G-CA-T-C-T-A-G-GA-AC-T-AGG-GC-A-A-T-T-A-C-C-G-GT-7456
 GAAAC-G-G-AA-T-C-T-GT-TA-AC-T-AATC-GC-A-A-T-A-G-GA-C-A-G-T-C-A-C-G-7702
 A-TG-GA-T-G-AA-T-C-T-GT-TA-AC-T-AGG-GC-TA-T-G-GA-A-G-T-T-A-C-C-G-7426
 TAT-CG-A-G-AA-T-T-C-T-A-T-T-GA-AC-T-AGG-GC-TA-T-G-GA-A-G-T-T-A-C-C-G-8256
 AAAC-G-T-C-CA-T-T-A-T-GA-AC-T-AGG-GC-G-G-G-GA-A-T-T-A-C-C-G-GT-7410
 AA-TG-T-GGCA-T-T-C-A-G-GA-AC-T-AGG-GC-C-T-G-GA-A-G-T-T-A-C-C-G-GT-8182
 GAACTG-T-C-A-T-C-A-T-A-GT-A-AC-T-AGG-GC-G-GA-A-T-T-A-C-C-G-GT-8172
 A-AA-GG-T-GA-T-T-C-A-T-T-GT-TA-AC-T-AGG-GC-G-GA-A-T-TA-C-C-G-GT-8134
 A-AA-T-G-GA-T-T-C-A-T-T-GT-TA-AC-T-AGG-GC-G-GA-A-T-TA-C-C-G-GT-8190
 T-TG-T-GA-T-T-C-T-T-TA-AC-T-AGG-GC-G-GC-A-A-G-T-T-A-C-C-G-G-7553
 AG-TAC-GG-T-GAA-T-A-C-G-A-T-T-GA-AC-T-AGG-GC-G-TA-C-G-G-7591
 AA-TG-T-GGGA-T-T-C-A-G-G-G-G-G-GG-T-AA-C-T-T-A-A-G-A-G-7559
 T-AA-TG-A-G-A-T-C-A-G-G-G-TG-T-A-C-CT-GA-A-C-A-G-G-C-7434
 A-TG-AA-T-GG-A-T-A-A-G-GAG-T-AG-G-AGT-A-T-GCA-A-GC-A-G-C-7551
 A-TG-TACA-G-AA-T-A-A-G-G-TAG-TAG-G-A-C-C-G-C-G-C-8219
 A-TG-C-CT-A-TG-C-A-T-GAG-T-AG-GT-A-C-C-G-C-7409
 A-A-GG-C-GG-A-T-GAG-T-AA-T-T-T-G-T-TA-C-C-G-C-7531
 G-A-T-C-G-AA-T-C-A-A-A-G-G-T-GG-T-AGT-G-T-G-TA-C-GC-G-C-G-7575
 A-TG-TG-GGGA-T-T-A-A-A-G-T-G-GA-AC-T-A-C-A-T-GGT-TA-A-G-A-G-C-7575
 A-CTG-G-AA-T-A-A-G-GT-C-T-A-AC-TTGAG-TA-A-G-G-TA-G-G-C-G-G-7394
 A-A-GG-T-ATGA-T-AGG-GG-GG-G-G-G-T-ATGA-T-AGG-GG-G-A-C-G-C-7491
 TATAC-G-T-G-A-T-C-A-A-G-G-T-GAAGA-T-AGA-C-C-G-G-T-7609
 A-GG-C-TA-A-G-G-GA-AC-T-AGG-C-C-G-G-A-G-C-A-C-C-G-C-7387
 A-TT-C-G-AA-T-A-A-A-G-GT-T-A-AC-TTAGG-C-C-G-G-TA-A-C-C-G-7640
 A-TG-TA-A-TA-C-TA-C-TA-C-TA-C-TA-C-TA-C-TA-C-TA-C-TA-C-7707
 A-TAT-TG-A-CA-T-C-A-AG-G-G-C-T-GAAAC-T-AGG-GC-GTC-G-T-G-A-G-7707
 A-GA-G-GGAA-T-G-C-A-A-G-G-GT-GA-AC-T-AGA-A-G-GG-G-G-C-C-G-C-7380
 A-TG-TG-C-C-AA-T-A-A-G-GC-G-ACC-T-CAA-G-A-G-G-G-TA-C-GC-G-G-7481
 TAT-GG-A-G-CA-T-C-A-A-A-G-G-CGAAAC-T-AGT-A-TG-A-G-G-G-C-C-G-7542
 TATA-TG-GA-T-T-A-A-G-G-G-GA-TA-CAC-T-AG-C-G-C-T-T-G-8160
 TAT-TG-A-GA-T-T-A-G-G-G-CAACA-T-TAGTC-A-T-G-T-G-7584
 TATAGT-T-G-A-T-AC-A-A-G-GA-CAT-T-AG-G-G-G-G-G-T-C-C-G-7454
 G-T-TG-T-GGAA-T-A-A-G-G-GCACA-T-AG-G-G-G-G-G-T-C-C-G-7840
 TAT-TG-C-G-A-T-A-G-AC-A-A-G-T-CAACA-T-A-C-G-T-G-7698
 A-TATA-TG-G-A-T-T-AC-A-A-AG-G-AAACA-T-AG-C-G-G-TA-A-C-C-G-8267
 A-TAT-G-GA-T-T-CAC-A-A-G-G-CAAGA-T-AGG-A-T-G-G-C-A-C-G-7594
 TAT-T-G-A-T-AC-A-A-G-G-C-GG-CAGCA-T-A-C-G-G-G-G-G-G-7400
 YTWTAGTG-G-YA-T-A-A-A-G-G-C-Y-CAACAW-TAG-C-A-S-G-W-R-G-R-G-C-C-G-7408
 A-TG-T-G-CA-T-T-A-A-C-G-GATGA-T-AGA-GC-TC-G-G-G-C-A-C-G-C-7620
 A-A-AGT-A-C-G-CA-T-T-A-T-A-C-G-GAGGA-T-AGG-GC-TC-C-G-G-G-C-A-C-G-7540
 CTATRMTR-G-WA-T-T-A-C-G-RMTGAR-T-ASG-GC-ATC-A-G-G-C-ATC-Y-G-C-7729
 AT-TG-C-GGAA-T-AC-A-G-G-GA-T-A-TC-G-A-A-G-A-C-G-CC-7747
 TAT-GG-C-GA-T-AC-A-A-G-GA-T-AGTC-G-A-G-T-A-C-C-G-G-7528
 TAT-GG-C-GA-T-AC-A-A-G-GA-T-AGTC-G-A-G-CT-A-G-C-C-G-G-7535
 A-AGTG-GA-T-C-A-AG-G-GT-C-T-AC-TTAGG-G-A-T-A-G-C-C-G-G-7404
 TG-G-CA-T-A-A-G-GG-T-GA-AC-TAAG-G-A-C-G-T-C-G-7381
 T-TG-CA-T-T-T-G-G-T-GCAA-T-TGGTC-G-GC-A-G-G-G-G-T-C-C-CC-8261
 TATA-T-GA-T-T-G-T-G-CAAG-T-TGGG-GC-C-A-G-A-G-G-G-TA-C-C-8269
 CT-TA-C-G-CA-TCT-G-CA-T-G-T-CAAG-T-TGGG-GC-C-A-G-A-T-C-G-7697
 CT-AA-TG-C-G-CA-T-T-T-A-G-G-CAAA-T-TGGG-C-A-G-C-C-G-7392
 A-TATA-TG-C-G-AA-CT-C-T-A-G-G-T-G-TA-T-TGGA-TT-G-A-G-C-A-AGC-T-7395
 ATAT-GG-A-G-A-T-A-C-AC-A-A-G-G-G-T-GTACA-T-A-T-G-T-G-A-C-7517
 TAT-G-C-A-T-CA-C-A-T-A-G-G-T-GAAG-T-TAGC-A-G-T-G-T-G-7471
 A-TA-CATATG-G-AA-T-CA-C-A-T-GT-GCAACA-TTAGC-CC-C-G-C-G-7508
 A-GG-G-CA-T-T-A-A-G-G-G-A-G-AC-TTAGG-G-A-G-G-C-C-G-C-G-8127
 TAT-G-T-CA-CT-A-CA-A-G-GT-A-CA-T-TG-GC-C-AC-A-GG-G-C-GA-ATG-T-G-AA-G-C-7412
 TAT-C-G-A-G-CA-T-A-A-A-T-A-CA-T-TGAGC-AC-A-A-G-G-G-G-T-G-A-C-G-C-8173
 A-TAT-GA-T-A-A-A-A-GG-A-CA-T-TGATA-C-AT-A-GG-G-G-A-G-T-G-A-G-7590
 A-TAT-G-A-CA-C-A-G-G-GA-CA-T-TG-TA-C-AC-G-C-A-GA-G-T-G-CC-7582
 A-TAT-G-A-CA-C-A-G-G-GT-GAACA-T-TGGG-AC-G-G-A-G-A-G-T-G-A-G-7586
 TAT-G-A-G-CA-T-A-A-A-G-G-C-A-CA-T-TGA-A-C-AC-G-G-T-A-A-G-T-G-A-G-8200
 TAT-A-CA-T-A-A-A-G-G-C-A-CA-T-TGA-A-C-AC-G-G-T-A-A-G-T-G-A-G-7649
 T-T-G-CA-T-A-A-A-G-G-A-CA-T-TGAGA-C-AC-G-A-G-C-A-G-T-G-A-G-7774
 TAT-G-CA-T-A-GA-A-G-G-GA-CA-T-TGGG-C-AC-G-G-G-A-G-T-G-A-G-7334
 T-T-G-G-CA-T-A-A-A-G-G-G-CA-T-TG-GA-C-AC-G-G-G-A-G-T-G-A-G-7491

B.FR.83.HXB2

02 AG. CM. 10. DE00210CM013
 02 AG. CY. 09. CY4256
 02 AG. ES. 06. P14252
 02 AG. FR. 05. C14248
 02 AG. KR. 12. 12MHR9
 02 AG. LR. x. POC44951
 02 AG. NG. 09. 09NG SC61
 02 AG. NG. x. IBNG
 02 AG. NU. 04. 04. S7812
 02 AG. SN. 08. 98SE PM1211
 03 AB. RU. 97. KAL153 2
 04 cpx. CY. 94. 94CY032 3
 05 DF. BE. x. V11310
 06 cpx. RU. 98. 98BF09
 07 cpx. NG. 98. 98NG09
 08 BC. CN. 97. 97CNG6 F
 09 cpx. GH. 96. 96GHC2911
 10 CD. T2. 96. 96T2 BF861
 11 cpx. CM. 05. 05CM 1816
 12 cpx. NG. 99. 99ARM535
 13 cpx. CM. 96. 96CM 1849
 14 BG. ES. 05. X1870
 15 TH. TH. 99. 99TH MU2079
 16 A2D. KR. 97. 97KRR004
 17 cpx. RU. 99. 99ARM038
 18 cpx. CU. 99. CU76
 19 cpx. CU. 99. CU7
 20 CG. CU. 99. CU193
 21 A2D. KE. 99. KER2003
 22 cpx. CM. 00. 00CM 0001BBY
 23 BG. CU. 03. CB118
 24 BG. ES. 08. X2456 2
 25 cpx. CM. 02. 1918LE
 26 AU. CD. 02. 02CD MBT047
 27 cpx. FR. 04. 04CD FR KZ5
 28 cpx. FR. 04. 04CD 12609
 29 BF. BR. 01. BREPM16704
 31 BC. BR. 04. 04BR142
 32 06A1. EE. 07. 07EE0369
 33 01B. ID. 07. 07KIT189 C
 34 01B. ID. 99. 99ID 478P
 35 AD. AF. 07. 07AF
 36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
 37 cpx. CM. 00. 00CMNYU326
 38 BF1. UY. 03. UY03 9398
 39 cpx. CM. 04. 04CM1179
 40 BF. BR. 05. 05BRBM055
 42 BF. LU. 06. LU0F 18 06
 43 02F. SA. 03. 112123
 44 BG. CL. 00. CH80
 45 cpx. FR. 04. 04CD FR HK7
 46 BF. BR. 08. 08BR FPS625
 47 BF. ES. 08. P1942
 48 01B. MY. 07. 07MYKT021
 49 cpx. GM. 03. N26677
 50 A1D. GB. 10. 12792
 51 cpx. CM. 01. 01CM 156
 52 01B. MY. 03. 03MY H001 1
 53 01B. MY. 11. 11FIR164
 54 01B. MY. 09. 09MYSEB023
 55 01B. CN. 10. HNCX102056
 56 01B. CN. 10. U9F5 patient A
 57 BC. CN. 09. 09YNU13959
 58 01B. MY. 09. 09MYPPR37
 59 01B. CN. 09. 09LNA423
 60 BC. IT. 11. YNFV19
 61 01B. CN. 10. 10YNU010
 62 BC. CN. 10. YNFY13
 63 02A1. RU. 10. 10RU6637
 64 BC. CN. 09. YNFI31
 65 cpx. CN. 10. YNFI01
 66 01B. CN. 11. ANHUT HF115
 68 01B. CN. 10. YNFV19
 70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
 71 BF1. BR. 10. 10BR PE008
 72 BF1. BR. 10. 10BR MG002
 0.BE. 07. ANT70
 0.CM. 98. 98CMAB184
 0.CM. 98. 98CMAB114
 0.CM. 98. 98CMAB212
 0.CM. 98. 98CM5337
 0.CM. 99. 99CM4122
 0.FR. 92. VAU
 0.GA. 11. 11GaB6352
 0.NG. 99. 99SE PM1299
 0.US. 10. L1NP
 N.CM. 02. D100131
 N.CM. 02. S3Gddd
 N.CM. 04. 04CM 1015 04
 N.CM. 04. 04CM 1015 04
 N.CM. 06. U14842
 N.FR. 11. N1 FR 2011
 P.CM. 06. U14788
 P.FR. 09. RBF168
 CPZ. CD. 06. BF1167
 CPZ. CD. 05. SVIcp2M145
 CPZ. GA. 08. GAB
 CPZ. GA. 06. SVIcp2TAN13
 CPZ. US. 85. US Marilyn
 GOR. CM. 07. SVIgor2139 287
 GOR. CM. 07. SVIgor2135con

[illegible]


```

R.FR. 83.HXB2
Rev exon 2
Taxt exon 2
Env
02 AG.CM.10.0E00210CM013
02 AG.CM.10.0E00210CM013
02 AG.ES.06.P1423
02 AG.GW.05.CC 0048
02 AG.KR.12.12MH9R
02 AG.LR.03.P0C44951
02 AG.NG.09.09NG SC61
02 AG.SG.09.09SG15 IBN
02 AG.SE.94.SE57812
02 AG.SN.98.98SE MP1211
03 AB.RU.97.7.KAL153 2
04 CPX.CY.94.94CY032_3
04 CPX.BE.04.94BE035
06 CPX.CU.96.96CU079
07 BC.CN.98.98CNBF90
08 BC.CN.97.97CNKG69
09 CPX.GH.96.96GCH211
10 CD.TZ.96.96TZT BF061
11 CD.TZ.96.96TZT BF061
12 BF.AR.99.ARM159
13 CPX.CM.96.96CM 1849
14 BG.ES.05.X1870
15 TH.99.99TH MU2079
16 QD.CK.97.97QKRO04
17 BF.99.ARM158
18 CPX.CU.99.CU076
19 CPX.CU.99.CU07
20 CG.KU.99.CU013
21 A2D.CE.99.KER2003
22 A2D.CE.99.KER2003
23 CG.CS.03.CB118
24 BC.ES.08.X2456 2
25 CPX.CM.02.1918LE
26 AU.CD.02.02CD MTB047
27 CPX.FR.04.04CD FR KZ5
28 CPX.FR.04.04CD FR KZ5
29 BF.BR.01.BREPM16704
31 BC.BE.04.04BR142
32 06A1.EE.01.EE0369
33 01B.ID.07.JKT189C
33 01B.ID.07.JKT189C
35 01B.TD.99.01BTD99
36 CPX.CM.00.00CMNYU830
37 BF.UY.03.03UY03 3389
38 BF.UY.04.04BFR1075
39 BF.UY.04.04BFR1075
42 BF.06.06.LUBF LB 06
43 02G.SA.03.J11223
44 BF.CL.00.CH80
45 CPX.FR.04.04FR AUK
46 BF.BR.07.07BR FP525
48 01B.MY.07.07MYKT021
49 CPX.GM.10.12677
50 AID.GB.08.D.129292
51 01B.SG.11.11SG HM021
51 01B.SG.11.11SG HM021
53 01B.MY.03.03MYT18 1
53 01B.MY.03.03MYT18 1
54 01B.MY.09.09MYSB023
55 01B.CN.10.HNCS102056
56 CPX.FR.09.URF5 patient
57 BC.CN.09.09NYUK1359
57 BC.CN.09.09NYUK1359
59 01B.CN.09.09INA423
60 BC.IT.11.BAV499
61 BC.CN.10.JL100010
62 BC.CN.10.YNLF13
63 02A.CN.10.10RUB6637
65 CPX.CN.09.YNLF31
67 01B.CN.10.YNLF61
68 01B.CN.11.ANHU1 HF115
68 01B.CN.11.ANHU1 WH73
70 BF1.BR.10.10BR PE004
71 BF1.BR.10.10BR PE008
71 BF1.BR.10.10BR MG002
0.BE.87.AN170
0.CM.98.98CMA104
0.CM.98.98CMABB141
0.CM.98.98CMABB212
0.CM.98.98CMA107
0.CM.99.99CMU4122
0.FR.92.VAU
0.GA.11.11GAB63592
0.SN.99.99SMP1299
0.US.10.LTNP
N.CM.02.DJ00131
N.CM.02.DJ00131
N.CM.04.04CM 1015_04
N.CM.06.06I4296
N.CM.06.06I4842
N.FR.11.N1 FR 2011
P.CM.06.06I4788
P.FR.09.RBF168
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.CD.05.SIVCPMT145
CPZ.CD.05.SIVCPMT145
CPZ.TZ.06.SIVCPZTAN13
CPZ.TZ.05.S85 US Marilyn
GOR.CM.07.SIVGOR2139 287
GOR.CM.07.SIVGORCP2135c00

```

[illegible]

Alignments

HIV-1/SIV_{cpz} Complete Genomes

	Tat premature stop in HXB2																				Tat end																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																											
B. FR. 83. HXB2	CCCCG	AGGGGA	CCCGACAGG	CCCGAAGGA	ATAGA	GAAGA	AGGTGG	AGAGAG	AGAGAG	AGAGAT	CCATT	CGATT	AGTGA	ACGGAT	CCTTGG	CACCTT	ATCGGAC	GATCTGCGG	AGCCTGTG	CGCTCTT	CAGCTAC	CCGCTT	GAGAGACT	TACTCTTG	8552																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					
Rev exon 2	P	R	E	G	D	T	R	Q	A	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																						
Tat exon 2	P	R	E	G	D	T	R	Q	A	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																						
Env	P	P	R	G	P	D	R	P	E	G	E	E	E	G	G	E	R	D	R	D	R	S	I	R	L	V	N	G	S	L	A	L	I	W	D	D	L	R	S	L	C	L	F	S	Y	H	R	L	R	D	L	L	L																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																											
A1.AU.03.PS1044 Day0	A	-	A	-	G	A	-	T	-	G	-	A	-	C	-	G	-	A	-	C	-	G	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A	-	G	-	C	-	A

P.FR.83.HXB2
 Rev exon 2
 Tat exon 2
 Env
 02 AG.CM.10.D.E000210CM013
 02 AG.CY.09.CY256
 02 AG.CY.96.121P133
 02 AG.GM.05.CC 0048
 02 AG.KR.12.12MH9R
 02 AG.LR.9.C.P0C44951
 02 AG.NG.09.09NG SC61
 02 AG.NG.9.C.IBNG
 02 AG.NG.96.94.5E1812
 02 AG.SN.98.98S5 MP1211
 03 AB.RU.97.KAL153 2
 04 cpv.CY.94.CY4C0Y32_3
 05 DF.BE.X.U11310
 06 cpv.AL.96.B06000
 06 BC.CN.98.08CN009
 08 BC.CN.97.97NCNG 69
 09 cpv.GH.96.96GCH211
 10 CD.TZ.96.96ZT BF061
 11 cpv.CN.95.95CN 1816
 12 AR.MA159
 13 cpv.CN.96.96.CN 1849
 14 BG.ES.05.X1870
 15 01B.TH.99.99TH MU2079
 16 AZD.KR.97.97KR004
 17 BF.AR.99.ARMA038
 18 CP.98.98.CP 186
 19 cpv.CU.99.CU7
 20 BG.CU.99.Cu103
 21 AZD.KE.99.KER2003
 22 01AI.CM.01.01CM 00018B
 23 BG.CU.98.CB118
 24 CP.CN.98.98.CP 256
 25 cpv.CN.92.1918LE
 26 AU.CD.02.02CD MTB047
 27 cpv.FR.04.04CD FR KZ5
 28 BF.FR.99.BREPM12609
 29 CP.CN.97.97CP074
 31 BC.BE.04.04BR142
 32 06AI.EE.01.EE0369
 33 01B.ID.07.JKT189
 34 01B.TH.99.09TH Z478P
 35 AD.AF.07.169H
 36 CP.CN.98.98.CN MU830
 38 BF1.UY.03.UY03 3389
 39 BF.BR.04.04BRR1179
 40 BF.BR.05.05BRR1055
 41 01B.06.06.LuBf 18 06
 43 02G.SA.93.93.SA 123
 44 BF.CL.00.CH80
 45 cpv.FR.04.04FR AK2
 46 BF.BR.07.07BR TP0251
 47 BF.ES.08.P1942
 48 CP.CN.98.08.CP MK520
 49 cpv.CM.03.N26767
 50 AID.GB.10.12792
 51 01B.SG.03.11.SG HM021
 52 01B.MY.03.03MYKL018 1
 53 01B.MY.11.11FR164
 54 01B.CN.98.98CN S8023
 55 01B.CN.10.HNC5102056
 56 cpv.FR.10.URF5 patient
 57 BC.CN.09.099YRX1959
 58 01B.MY.09.09MYR3P7
 59 01B.94.09.94NA423
 60 BC.IT.11.BVA499
 61 BC.CN.10.JL100010
 62 BC.CN.10.YNFI13
 63 02AI.RU.10.10RU6637
 64 BC.CN.09.YNFI13
 65 01B.CN.10.YNFI13
 67 01B.CN.11.ANHUI HF115
 68 01B.CN.11.ANHUI WH73
 70 BF1.BR.10.10BR PE004
 71 BF1.BR.10.10BR PE008
 72 BF1.BR.10.10BR MG002
 O.BR.97.AN10
 O.CM.98.98CMA104
 O.CM.98.98CMA8B141
 O.CM.98.98CMA8B212
 O.CM.98.98CUM5337
 O.CM.98.98CUM4122
 O.FR.92.VAU
 O.GA.11.11Gab6352
 O.SN.99.99SE MP1299
 O.US.10.LTNP
 N.CM.02.DJ00131
 N.CM.02.SJ6dd
 N.CM.02.94CM 0015_04
 N.CM.06.U14296
 N.CM.06.U14842
 N.FR.11.N1 FR 2011
 P.CM.06.U14788
 P.FR.09.RBF168
 CPZ.CD.05.BF116P
 CPZ.CD.05.SIVcpzMT145
 CPZ.08.GAB1
 CPZ.08.SIVcpzTAN13
 CPZ.US.85.US Marilyn
 GOR.CM.07.SIVgor2139 287
 GOR.CM.07.SIVgorCP2135 380

[illegible]

[illegible]

FR. 83.XHB2
Rev exon 2
Env

02 AG.CM.10.DEO0210CM013
02 AG.CY.09.CY256
02 AG.E5.06.P0133
02 AG.E5.06.P05.CC_0048
02 AG.KR.12.L2MH9Y
02 AG.LR.x.P0CA44951
02 AG.NG.09.98XNG SC61
02 AG.NG.x.IBNG
02 AG.OH.07.98OHL2
02 AG.SN.08.98S8SE MP1211
03 AB.RU.97.KAL153.2
04 cp.cx.CY.94.CYC032.3
05 DF.BE.x.VJ1310
06 CP.CM.06.96CPF90
07 BC.CN.98.98CNCG
08 BC.CN.97.97XCNG 6F
09 cp.cx.GH.96.96GHZ911
10 CD.TZ.96.96TZT BF061
11 CP.CM.06.96CPM13.1616
12 CP.CM.99.ARMAL5Y
13 CP.CM.96.96CM 1849
14 BG.E5.05.X1870
15 TH.TH.99.99TH MU2079
16 AZD.KR.97.97KRO04
17 CP.CM.99.ARG038
18 CP.CU.99.CU76
19 CP.CU.99.CU7
20 BG.CU.99.CU103
21 AZD.KR.99.KER2003
22 CP.CM.99.99CPM 0001BB
23 BG.CU.03.CB118
24 BG.E5.08.X2456 2
25 cp.cx.CM.02.1918LE
26 AU.CD.02.02CD MBT804
27 CP.CM.04.04CMCF KFZ5
28 BR.BR.99.99BRP12609
29 BF.BR.01.BREP1M6704
31 BC.BR.04.04BR142
33 OGA.IE.01.EE0369
34 OGA.IE.09.09IAT89 C
35 AD.AF.07.169H
36 cp.cx.CM.00.00CMNYU830
37 CP.CM.00.00.00CMUY026
38 BF1.UY.03.CMY03 3589
39 CP.CM.00.00.CPM179
40 BF.BR.05.05BBRJ055
42 BF.LU.06.luBF 18 06
43 Q2G.SA.03.J11223
44 BF.LC.08.CH80
45 CP.CM.04.04CMCF AUK
46 BF.BR.07.07BR FPS265
47 BF.E5.08.P1942
48 OIB.MY.07.07MYKT021
49 cp.cx.GM.07.02MGW71
50 IG.DG.10.12792
51 OIB.MY.07.07MYHM021
52 OIB.MY.03.03MYKL018 1
53 OIB.MY.11.11FIR164
54 OIB.MY.09.09MYSH023
55 OIB.MY.10.HNC5102056
56 CP.CM.00.00.CPM195 patient
57 BC.CN.09.09BNCYL19sg
58 OIB.MY.09.09MYPR37
59 OIB.CN.09.09SLNA423
60 BC.IT.11.BAV498
61 CP.CM.09.09.CPM1010
62 BC.CN.10.YNF131
63 O2AI.RU.10.10RU6637
64 BC.CN.09.YNFB131
65 cp.cx.CN.10.YNFL01
66 OIB.CN.11.ANHUT HF115
68 OIB.CN.11.ANHUT HW13
70 BF1.BR.10.10BR PE004
71 BF1.BR.10.10BR PE008
72 BF1.BR.10.10BR MG002
01 BE.87.ANT70
01 CM.98.98CMA104
01 CM.98.98CMABB141
01 CM.98.98CMABE212
01 CM.98.98CMU5337
01 CM.99.99CMU4122
01 CM.99.99VAJ
01 GA.11.b6p3532
01 SN.99.99SEP ML2199
01 US.10.LTNP
N.CM.02.DJ00131
N.CM.02.SJ6ddd
N.CM.04.04.CM 1015 04
N.CM.06.06.06
N.CM.06.144842
N.FR.11.N1 FR 2011
P.CM.06.014788
P.FR.09.RBF168
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.CM.05.SilvcpZMT145
CPZ.CM.08.GAB1
CPZ.CM.05.SilvcpZTAN13
CPZ.US.85.US Marilyn
GOR.CM.07.Silvor2139 287
GOR.CM.07.SilgorCP2135cso

[illegible]

[illegible]

B. FR. 83. HXB2
Nef
Env
02 AG. CM. 10. DE00210CM013
02 AG. CY. 09. CY256
02 AG. ES. 06. P1423
02 AG. GW. 05. CC 0048
02 AG. KR. 12. 12MHR9
02 AG. LR. x. POC44951
02 AG. NG. 09. 09NG SC61
02 AG. NG. x. IBNG
02 AG. SE. 04. SE7812
02 AG. SN. 98. 98SE MP1211
03 AB. RU. 97. KAL153 2
04 cpx. CY. 94. 94CY032 3
05 DF. BE. x. VT1310
06 cpx. AU. 96. BFP09
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F
09 cpx. GH. 96. 96GH2911
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816
12 BF. AR. 99. ARMA159
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
16 AZD. KR. 97. 97KR MU2079
17 BF. AR. 99. ARMA038
18 cpx. CU. 99. CU76
19 cpx. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. CU103
21 AZD. KE. 99. KER2003
22 01A1. CM. 01. CM 0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 cpx. CM. 02. 1918LE
26 AU. CD. 02. 02CD MBT047
27 cpx. FR. 05. 04CD KZ5
28 BF. BR. 99. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06A1. EE. 01. EE0369
33 01B. ID. 07. JK189C
34 01B. TH. 99. 01BTH2478P
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926
38 BF1. UY. 03. UY03 3389
39 BF. BR. 04. 04BR1179
40 BF. BR. 05. 05BRJ055
42 BF. LU. 06. LU06 18 06
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 08. CH80
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 cpx. GM. 03. N26677
50 A1D. GB. 10. 12792
51 01B. SG. 11. 11SG HM021
52 01B. MY. 03. 03MYK1018 1
53 01B. MY. 11. 11FIR164
54 01B. MY. 09. 09MYSB023
55 01B. CN. 10. HNC5102056
56 cpx. FR. 11. 11FR5 patient A
57 BC. CN. 09. 09YNLX1959
58 01B. MY. 09. 09MYPR37
59 01B. CN. 09. 09LNA423
60 BC. IT. 11. BAV499
61 BC. CN. 10. J1100010
62 BC. CN. 10. YNFI13
63 02A1. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNFI31
65 cpx. CN. 10. YNFI01
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002
0. BE. 87. ANI70
0. CM. 98. 98CM104
0. CM. 98. 98CMAB8141
0. CM. 98. 98CMAB8212
0. CM. 98. 98CMU5337
0. CM. 99. 99CMU4122
0. FR. 92. VAU
0. GA. 11. 11GAB6352
0. SN. 99. 99SE MP1299
0. US. 10. LTNP
N. CM. 02. DJ00131
N. CM. 02. SJGddd
N. CM. 04. 04CM 1015 04
N. CM. 06. U14296
N. CM. 06. U149422
N. FR. 11. N1 FR 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. CD. 06. BF1167
CPZ. CM. 05. SIVcpzMT145
CPZ. GA. 88. GAB1
CPZ. TZ. 06. SIVcpzTAN13
CPZ. US. 05. US Meri13v
GOR. CM. 07. SIVgor2139 287
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con

CAGCATATGAGTGTAGGAGGAGATAGGAGGTTATAGAAGTAGTACAAGGAGCTTGTAGAGCTATTGCCACATACCTAGAGAAGAATAAGCAGGCGTTG. GAAAGATTTTTGCTA.
T A I A V A E G T D R V I E V V Q G A C R A I R H I P R R I R Q G L # E R I L L
T - A - - - - - A - C T - - - - - C - A - - - - - A - - - - - T A - A - - - - - C - T - - - - - A G C - - - - - C - - - - - 8262
T - A G - - - - - G - A - C T - - - - - C G - A - - - - - A - G - - - - - T - T A - - - - - C - - - - - T C - A - - - - - A G C - - - - - A - - - - - 8000
T - A - - - - - A - C T - - - - - C - A - - - - - A - C - - - - - A - G - - - - - T - T A - - - - - C - - - - - A - C - - - - - C - - - - - 8263
T - A - - - - - T - - - - - A - C T - - - - - C - A - - - - - G A - G - - - - - A - C - - - - - T - T A - - - - - C - - - - - C - C - - - - - C - - - - - 8197
T - A - - - - - A - C T - - - - - A - C - - - - - A - G - - - - - A - G - - - - - T T A - - - - - T - - - - - T - C - - - - - C - - - - - G C - - - - - 8509
T - A - - - - - A - C T - - - - - A - G - - - - - A - G - - - - - A - G - - - - - T A - - - - - T - C - - - - - C - - - - - T C - T - - - - - A - C - - - - - G C - - - - - 8794
T - A - - - - - A - C T - - - - - C A A - - - - - A - G - - - - - A - G - 7973
T - A - - - - - T - - - - - A - C T - - - - - A - C - - - - - A - G - - - - - T G G - - - - - T - A - - - - - G - - - - - C - - - - - T - - - - - G C - - - - - 8329
T - A G - - - - - A - C T - - - - - C - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - T - A - - - - - G - - - - - C - - - - - T - - - - - G C - - - - - 7192
T - A G - - - - - A - C T - - - - - A - - - - - A - - - - - A - A - G - - - - - A - T - A - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - G C - A - - - - - 8028
T - A - - - - - G - T - - - - - A - - - - - A - G - - - - - A - T T - - - - - G - T A - - - - - G - - - - - G C A - - - - - A - G C - A - - - - - G - 7979
T - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - C - G A - - - - - G - - - - - T - A - - - - - C - - - - - C - T - - - - - A G C - - - - - T - - - - - A - 8175
T - A G - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - C T T - G - - - - - A - T - T - - - - - T - T A - G - - - - - A - A - T - - - - - A G C - - - - - A - 8208
T - A - - - - - A - C T - - - - - A - G C - - - - - C T T - G - - - - - A - T - T - - - - - T - T A - G - - - - - A - A - T - - - - - A G C - - - - - A - 8850
T - A - - - - - A - A - - - - - A - A - - - - - T - - - - - C T A - A - - - - - C T A - A - - - - - C A - A - G - - - - - T - - - - - G C A G C - A - - - - - A - 8145
T - A - - - - - A - A - - - - - A - A - - - - - A - C A G - - - - - A T - - - - - C A - A - G - - - - - T - - - - - G C A G C - A - - - - - A - G 8002
T - A - - - - - T - - - - - C - - - - - T T - G - - - - - A - G - - - - - G - - - - - C - T T - T - - - - - C - - - - - T - - - - - G C - - - - - A - 7974
T - A - - - - - A - - - - - G C T - - - - - A - - - - - G - A - - - - - G T C - - - - - T T A - - - - - C - C - - - - - G - - - - - G - - - - - A - 8154
T - A - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - G - A - - - - - T A - - - - - T A - - - - - G - - - - - T - A - - - - - G - - - - - A - - - - - A - 8201
T - A - - - - - T - - - - - A - - - - - A A - T - - - - - C T T - G - - - - - A - T - G - - - - - G - - - - - T - A - G C - - - - - G - - - - - A - - - - - G C - - - - - A - 8767
T - A - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - G A C - G - - - - - A - T - G - G - - - - - G C - - - - - T - A - G - - - - - G - - - - - C - - - - - G C - A - A - - - - - 8248
T - A - - - - - A - C T - - - - - A - C - - - - - C W - - - - - G - - - - - T - G - - - - - G - - - - - T - A - G - - - - - G T - - - - - A - - - - - A T - C - T T - - - - - G 8305
T - A - - - - - G - G - T - - - - - A - - - - - C - A - - - - - G - - - - - C - - - - - T - G - - - - - C - - - - - T - C - - - - - G - - - - - G C - - - - - A - 8195
T - A - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - G - - - - - T - A - - - - - C - - - - - A - G - - - - - A G - - - - - A - 8199
T - A - - - - - T - - - - - A - - - - - C T T - G - - - - - A - - - - - G - - - - - G - - - - - T - A - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - 7981
T - A - - - - - A C - A - C T - - - - - A - - - - - A - A - G - - - - - A - - - - - T T A - - - - - C - - - - - G C C - - - - - A G C - - - - - A - - - - - T - - - - - 8131
T - A - - - - - T - - - - - G - G - T - - - - - C - - - - - A - A - - - - - A - G - - - - - G - - - - - T - - - - - C - - - - - A - - - - - G - 7864
T - A - - - - - A - C T - - - - - A A - - - - - A - - - - - A - - - - - G A - T - - - - - T - - - - - T G - - - - - G - - - - - A - - - - - T - - - - - G C G C - - - - - A - 8257
T - A - - - - - A - - - - - G - G A T - - - - - A - - - - - A C - - - - - G - - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - C - - - - - G - - - - - A - 7990
T - A - - - - - A - - - - - A - C - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - G A - T - - - - - T - - - - - T G - - - - - G - - - - - A - - - - - T - - - - - G C G C - - - - - A - 8251
T - A - - - - - A - - - - - A - C - - - - - A - - - - - A - - - - - A - G - G A - T - - - - - T - - - - - T G - - - - - G - - - - - A - - - - - T - - - - - G C G C - - - - - A - 8241
T - A - - - - - A C - - - - - C T - - - - - A - C - - - - - A - - - - - A - - - - - T T A - G - - - - - G T - - - - - A - - - - - A - - - - - A G C - - - - - A - 8022
T - A G - - - - - C D - - - - - T C - - - - - A - C - - - - - A - - - - - G - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - G - - - - - A - 8811
T - A - - - - - A C - - - - - A C T - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A T T A - - - - - G - - - - - A - - - - - G C T - - - - - A G C - - - - - A - 8802
T - A - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - 8203
T - A - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - 8247
T - A - - - - - A - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A T - G - - - - - C T A - A - - - - - A - - - - - T - - - - - G C A G C - - - - - A - - - - - G 8273
T - A - - - - - A - C T - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - T - T - - - - - T - - - - - T T A - T - - - - - A - A - - - - - A - - - - - T A G C - - - - - A - 8428
T - A - - - - - G - G - T - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A T - T - - - - - G - - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - T C - - - - - A - 8115
T - A - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - 7988
T - A - - - - - G C T - - - - - A - - - - - C A - G - - - - - A - - - - - T T - G - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - 8005
T - A G - A - - - - - A - G - T - - - - - A - - - - - C - A - - - - - A - - - - - T T A - G - - - - - C - - - - - C - - - - - A C - A - - - - - G C - - - - - A - 8023
T - A - - - - - T - - - - - A - G - T - - - - - A - C - - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - G C - - - - - A - 8006
T - A - - - - - T - - - - - A - - - - - A A - - - - - C T T - G - - - - - A - - - - - G - - - - - G - - - - - T - A - - - - - C - - - - - T - - - - - A G C - - - - - A - 8198
T - A - - - - - T - - - - - A - - - - - A A - C - - - - - C T T - G - - - - - A C - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - 8299
T - A - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - 8307
T - A - - - - - G C T - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - 8306
T - A - - - - - T - - - - - G - T - - - - - A - - - - - T T - G - - - - - A - - - - - G - - - - - G - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - A - 8217
T - A - - - - - T - - - - - G - T - - - - - A - - - - - A C - - - - - A - - - - - T C T - - - - - G - - - - - T - A - - - - - A - - - - - C - - - - - G - - - - - 8761
T - A - - - - - T - - - - - A - - - - - A A - - - - - C T T - G - - - - - A - - - - - G G - - - - - G - - - - - T - A - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - 8178
T - A - - - - - T - - - - - A - - - - - A A - - - - - C T T - G - - - - - A - - - - - T - - - - - G - - - - - G - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - G C - A - - - - - 8219
T - A - - - - - G - A - - - - - A - - - - - G - - - - - C - G - A - - - - - G - - - - - G - - - - - C - - - - - A T - - - - - C - - - - - A - - - - - G C - - - - - A - 8034
T - A - - - - - T - - - - - A - A - - - - - A - C - - - - - C - G - A - - - - - T - - - - - G - - - - - G C - - - - - T T A - - - - - C - - - - - G C T - - - - - A - 8229
T - A - - - - - T - - - - - A G C T - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - 8208
T - A - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - 7993
T - A - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - 8131
T - A - - - - - A - G - T - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - 8142
T - A G - - - - - T - - - - - G - T - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - 8231
T - A - - - - - T - - - - - G - G - T - - - - - A - - - - - A - C T - - - - - A - - - - - C - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - T - - - - - T - - - - - A - 8133
T - A - - - - - A - - - - - A - C T - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - 8150
T - A - - - - - T - - - - - A - A - - - - - A - - - - - T T A - - - - - A - - - - - A T - - - - - A G - - - - - T - A - - - - - A - - - - - G C A G C - A - - - - - A - 8030
T - A - - - - - T - - - - - G - G - T - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - 8174
T - A - - - - - T - - - - - G - G - T - - - - - A - A - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - 8001
T - A - - - - - T - - - - - G - - - - - A - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - 8783
T - A - - - - - T - - - - - A - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - 8201
T - A - - - - - T - - - - - A - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - 8133
T - A - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - 8349
T - A - - - - - T - - - - - A - T T - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - 8349
T - A - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - 8167
T - A G - A - - - - - A - G - T - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - G - - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - - C - - - - - A - - - - - A - 8211
T - A - - - - - R - A - - - - - G - G - T - - - - - C - - - - - A - - - - - G - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - C - - - - - A - - - - - A - 8121
T - A - - - - - T - - - - - A C - - - - - G - G - T - - - - - C - - - - - A - - - - - G - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - C - - - - - A - - - - - 8125
T - A - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - 8239
T - A - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - 8465
T - A - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - 8282
T - A G - G - - - - - C A - T T - - - - - T - - - - - C G - C A - - - - - C - - - - - G G A - - - - - A - - - - - A T A G - A - - - - - C - - - - - G A - - - - - 8870
T - A G - G - - - - - G C A - T T - - - - - T - - - - - G A C A - A - - - - - C - - - - - G G A - A - - - - - A - - - - - A T A G - A - - - - - G A - - - - - 8374
T - A - - - - - T - - - - - A - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - 8308
T - A G - G - - - - - C T - C A - T T - - - - - T - - - - - C A C A - C - - - - - Y T T - - - - - G T A - - - - - A - - - - - A T A G - A C - - - - - G R Y - - - - - C - - - - - 8399
T - A G - - - - - A C T - Y A - T T - - - - - T - - - - - C - C A - A - - - - - C T T - - - - - G G A - - - - - A - - - - - A T A G - A - - - - - G A - - - - - 8333
T - A G - - - - - T - C A - T A - - - - - T - - - - - C - C A - C - - - - - C T T - - - - - G T A - - - - - A - - - - - A T A G - A - - - - - G A - - - - - 8346
T - A G - G - - - - - T - A - T T - - - - - T - - - - - C - C A - C - - - - - C C T - - - - - G G A - - - - - A - - - - - A T A G - A - - - - - G A - - - - - 8436
T - A G - - - - - T - C A - T T - - - - - T - - - - - C - C A - A - - - - - C T T - - - - - G G A - - - - - A - - - - - A T A G - A - - - - - G A - - - - - 8436
T - A G - G - - - - - T - C A - T T - - - - - T - - - - - T C C A A - A - - - - - T T T - - - - - G G A - - - - - A - - - - - A T A G - A - - - - - G A - - - - - 8938
T - A G - G - - - - - C A - T T - - - - - T - - - - - C G - C A - A - - - - - C T C - - - - - G - A - - - - - A - - - - - A T A G - A - - - - - G A - - - - - 8795
T - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - C - - - - - A - - - - - A T A G - A - - - - - G - G A - - - - - A T T A - - - - - A - - - - - 8256
T - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - C - - - - - A - - - - - A T A G - A - - - - - G - G A - - - - - A T T A - - - - - A - - - - - 8222
T - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - C - - - - - A - - - - - A T A G - A - - - - - G - G A - - - - - A T T A - - - - - A - - - - - 8228
T - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - C - - - - - A - - - - - A T A G - A - - - - - G - G A - - - - - A T T A - - - - - A - - - - - 8274
T - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - C - - - - - A - - - - - A T A G - A - - - - - G - G A - - - - - A T T A - - - - - A - - - - - 8296
T - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - A C - - - - - G T - - - - - C - - - - - A - - - - - A T A G - A - - - - - G - G A - - - - - A T T A - - - - - A - - - - - 8156
T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - 8375
T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - 8919
T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - 9006
T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - 8335
T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - 8875
T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - 8444
T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - 8825
T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - 8390
T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - 8374

B. FR. 83. HXB2	GGCAAGTGGTCAAAAAGTAGTGTGATTGGATGGCTACTGTAAGGGAAGAATGAGACGAGCTGAG.....CCAGCAGCAGATAGGGTGGGAGCAGATC	8897
Nef	G K W S K S S V I G W P T V R R E R M R R	A E	P A A D R V G A A S	
A1.AU.03.PS1044 Day0	-A-CAGC-AG-T-GAAA-T-A-A-	-A-CCT-	-A-AG-A-A-T-	8156
A1.CH.03.HIV CH BID V3538	-C-CA-AG-G-TGAGA-T-G-G-	-A-CCA-	-A-AG-A-A-G-T-	8109
A1.CY.08.CY236	-CA-AG-G-GAAA-C-A-A-	-A-CCT-	-A-AG-A-A-T-	8135
A1.E5.05.X1608 8	-CA-TG-G-GAAA-T-A-AG-	-A-CCT-	-A-AG-A-A-T-	8411
A1.KE.11.DEMA11KE001	-CA-AG-G-GAG-T-C-A-T-	-K-CCT-	-A-AG-A-A-T-	8318
A1.RU.11.11RU6950	-A-CA-AG-G-CAG-T-A-A-	-A-CCT-	-A-AG-A-A-T-	8454
A1.RW.11.DEMA11RW002	-A-CA-AG-G-GAG-T-A-G-A-	-A-CCT-	-A-AG-A-A-T-	8317
A1.SN.01.DDI1579	-C-ACAAGAG-A-AG-T-T-A-	-A-CCC-	-A-AG-A-A-T-	8095
A1.UG.11.DEMA110UG001	-A-CA-AG-G-T-GAG-T-A-AAC-	-A-CCT-	-A-AG-A-A-T-	8253
A1.ZA.04.04ZASK16281	-CA-AG-G-CAGA-T-A-AG-	-A-CCT-	-A-AG-A-A-T-	8358
A2.CM.01.01CM 1445MV	-A-A-T-G-C-G-G-A-	-A-CCT-	-A-AG-A-A-TG-	8111
A2.CY.94.94CY017 41	-G-CA-ACCA-G-A-T-G-A-	-A-CCT-	-A-AG-A-A-TG-	8320
B.BR.10.10BR MG029	GC-G-AG-G-AG-G-G-C-T	-A-	-A-AG-A-A-T-	8394
B.CA.07.502 1191 03	GG-G-A-GG-G-AA-G-G-C-T	-A-	-A-AG-A-A-T-	8341
B.CH.08.M2 0803101 NFLG8	A-T-T-T-C-CC-G-T-G-A-A-	-A-CCACGAAATGAA	CAAAATGAG-AG-T-G-	8462
B.CN.10.DEMB10CM002	-CC-GC-GG-T-G-A-C-	-A-	-A-AG-A-A-T-	8282
B.ES.10.DEMB10ES002	-TA-TT-C-G-GG-G-R-A-C-	-A-G-ACGAGCA	GCTGAG-CAG-G-	8294
B.FR.11.DEMB11FR001	-C-G-AG-GA-GA-G-A-T-A-	-ACGA-	ACTGAGCCAAAGCAGAAAGGCTGGGGAAGGAAAGAGTGAGAAGAACTGAG	8145
B.GB.05.MM45d213 GN1	-C-G-AG-GA-GA-G-A-T-A-	-A-	-A-AG-A-A-T-	8321
B.HK.06.HK003	-C-AGA-GA-G-A-G-A-	-A-	-A-AG-A-A-T-	8269
B.HT.05.05HT 129389	-C-AGA-GA-G-A-G-A-	-A-	-A-AG-A-A-T-	8153
B.JP.12.DEMB12JP001	-C-TCC-G-GA-G-A-A-	-A-	-A-AG-A-A-T-	8563
B.KR.07.HP 18 07JHS10_3909	-A-GT-CCC-G-GAA-C-CA-A-	-A-	-A-AG-A-A-T-	8331
B.RU.11.11RU21n	-CT-G-GA-A-CA-A-	-A-	-A-AG-A-A-T-	8425
B.TH.08.MERLBDR10	-G-T-C-G-GA-T-GA-	-GA-ACA-	-A-AG-A-A-T-	8190
B.US.11.E538	AA-T-G-G-T-GA	-CCT-	-A-AG-A-A-T-	8558
C.AR.01.ARG4006	AA-A-GT-CCAG-G-T-G-A-A-	-A-	-A-AG-A-A-T-	812
C.BR.07.DEMC07BR003	-TCC-C-AG-G-GAG-A-T-A-A-	-A-	-A-AG-A-A-T-	8340
C.BW.00.00BW5031 1	-C-CA-AG-G-G-A-G-G-	-A-	-A-AG-A-A-T-	8250
C.CN.10.YNFL19	-C-CY-09.CY260 2	-A-	-A-AG-A-A-T-	8276
C.CY.09.CY260 2	AA-T-C-CT-A-GG-G-A-A-G-G-	-A-C-	-A-AG-A-A-T-	8183
C.ES.08.X2363 2	-C-AAGAG-A-GAA-A-A-	-A-	-A-AG-A-A-T-	8402
C.FT.02.02FT 268	A-GC-T-CCA-GG-T-CA-A-	-A-CCA-	-A-AG-A-A-T-	8123
C.IN.09.T125 2139	-A-TCC-CA-AG-G-A-C-G-	-A-	-A-AG-A-A-T-	8953
C.KE.00.KER2010	-C-CA-AG-G-A-A-	-A-	-A-AG-A-A-T-	8107
C.MW.09.703010256 CH256.w96	-C-A-AG-G-A-A-A-G-	-A-T-	-A-AG-A-A-T-	8879
C.TZ.08.707010457 CH457.w8	-TCC-A-G-G-GAG-A-C-A-GA-	-A-CA-	-A-AG-A-A-T-	8869
C.YE.02.02YE 146	-A-TCC-A-AG-G-GAG-C-A-A-	-A-T-	-A-AG-A-A-T-	8146
C.ZA.08.705010534 CH534.w12	-AAT-TCC-CA-AG-G-A-A-G-A-	-A-AG-	-A-AG-A-A-T-	8908
C.ZA.10.DEMC10ZA001	AA-A-G-C-CA-AG-G-A-A-G-A-	-A-AG-	-A-AG-A-A-T-	8280
C.ZM.11.DEMC11ZM006	-A-A-G-A-A-G-A-A-G-	-A-	-A-AG-A-A-T-	8276
D.CM.10.DEMD10CM009	-A-A-AG-A-G-A-A-A-	-A-C-	-A-AG-A-A-T-	8244
D.CY.06.CY163	-A-CA-AG-G-A-A-A-A-	-A-T-	-A-AG-A-A-T-	8110
D.KE.11.DEMD11KE003	-A-AG-G-A-A-A-A-	-A-A-	-A-AG-A-A-T-	8227
D.KR.04.04KR04	-A-A-AG-A-A-A-A-	-A-	-A-AG-A-A-T-	8795
D.SN.90.SE365	-A-A-AG-A-A-A-A-	-A-	-A-AG-A-A-T-	8895
D.TZ.01.A280	-A-A-AG-G-A-A-AA-	-A-T-	-A-AG-A-A-T-	8085
D.UG.10.DEMD10UG004	-A-A-AG-G-A-A-AA-	-A-T-	-A-AG-A-A-T-	8207
D.UG.11.DEMD11UG003	-A-CA-AG-C-G-A-A-A-	-A-C-	-A-AG-A-A-T-	8251
D.YE.02.02YE516	-A-A-AG-G-A-A-AA-	-A-T-	-A-AG-A-A-T-	8077
D.ZA.90.R1	-A-A-AG-G-A-A-AA-	-A-T-	-A-AG-A-A-T-	8251
F1.A0.06.A0 06 ANG32	-C-A-AG-G-A-C-G-	-A-CCCT-	-A-AG-A-A-TG-	8070
F1.AR.02.ARE933	-A-AG-GAAA-G-G-	-A-CCCT-	-A-AG-A-A-TG-	8167
F1.BR.10.10BR RJ015	-G-A-AGA-ACCA-G-A-	-A-CCCT-	-A-AG-A-A-TG-	8303
F1.CY.08.CY222	-T-C-A-AG-C-G-G-	-A-CCCT-	-A-AG-A-A-TG-	8063
F1.ES.02.ES X845 4	-G-A-AG-A-G-G-C-G-	-A-CCCT-	-A-AG-A-A-TG-	8316
F1.RO.96.BC1 R07	-C-AGC-C-AGC-G-G-A-G-	-A-CCCT-	-A-AG-A-A-TG-	8966
F1.RU.08.D88 845	-C-A-AG-G-G-A-T-G-	-A-CCCT-	-A-AG-A-A-TG-	8415
F2.CM.02.02CM 0016BBY	-A-AG-AG-A-A-	-A-CCCT-	-A-AG-A-A-TG-	8056
F2.CM.10.DEMF210CM001	-CA-AG-G-A-C-A-A-	-A-CCCA-	-A-AG-A-A-TG-	8175
F2.CM.10.DEMF210CM007	-CA-AG-A-G-A-A-A-	-A-CCCT-	-A-AG-A-A-TG-	8218
G.BE.96.DRCBL	-G-AA-AGC-CGAG-C-A-A-	-A-CCCT-	-A-AG-A-A-TG-	8857
G.CM.10.DEMG10CM008	-G-T-CA-AG-G-GAG-A-A-	-A-CCCT-	-A-AG-A-A-TG-	8273
G.CN.08.0X 2084 08	-A-A-AG-G-G-G-A-A-	-A-CCCT-	-A-AG-A-A-TG-	8150
G.CU.99.Cu74	-C-CTCA-AG-G-GAGA-C-A-	-A-CCCT-	-A-AG-A-A-TG-	8537
G.ES.09.X2634 2	-G.GH.03.03GH175G	-A-CCCT-	-A-AG-A-A-TG-	8398
G.KE.09.DEMG09KE001	AA-A-C-AG-CAG-G-A-G-	-A-CCCT-	-A-AG-A-A-TG-	8964
G.NG.09.09NG SC62	AA-A-CG-G-G-A-G-	-A-CCCA-	-A-AG-A-A-TG-	8303
G.ZA.01.TV546	-A-G-T-A-A-G-G-A-A-	-A-	-A-AG-A-A-TG-	8003
H.BE.93.VI991	-A-AG-GG-G-T-A-A-	-A-	-A-AG-A-A-TG-	8297
H.CF.90.056	-GA-A-AG-G-GRA-A-G-C-	-A-	-A-AG-A-A-TG-	8217
H.GB.00.00GBAC4001	-CA-AG-CAG-G-G-G-	-A-CT-	-A-AG-A-A-TG-	8432
J.CM.04.04CMU11421	AA-A-CAG-CAG-G-G-	-CT-	-A-AG-A-A-TG-	8195
J.SE.93.SE9280 7887	AA-A-CAG-CAG-C-G-	-CT-	-A-AG-A-A-TG-	8205
J.SE.94.SE9173 7022	-A-AG-T-A-AA-	-A-ACCT-	-A-AG-A-A-TG-	8080
K.CD.97.97ZR EQTB11	-A-AG-G-A-A-	-ACGA-	-A-AG-A-A-TG-	8084
K.CM.96.96CM MP535	-C-A-CA-AG-G-G-R-C-R-A-G-	-YCT-	-A-AG-A-A-TG-	8967
U.CA.01.TV749	-C-G-CA-AG-G-G-A-G-	-A-CT-	-A-AG-A-A-TG-	8966
U.CA.99.TV721	AA-A-CA-GA-G-G-A-G-	-A-AG-	-A-AG-A-A-TG-	8361
U.CD.83.83CD003 23	AA-A-CA-GA-G-G-A-A-	-A-AG-	-A-AG-A-A-TG-	8056
U.CD.90.90CD121E12	AA-T-A-AG-G-A-A-	-A-CCCT-	-A-AG-A-A-TG-	8116
U.CY.05.CY090	AA-C-CAAG-GAG-C-G-A-	-A-CC-	-A-AG-A-A-TG-	8194
U.CY.08.CY223	-C-CA-AG-GAG-A-G-A-	-A-CCA-	-A-AG-A-A-TG-	8183
U.ES.10.DEURF10D2001	-G-GR.90.GR083	-A-CC-	-A-AG-A-A-TG-	8208
U.NL.95.U.NL 95 H10986_D1	-A-AG-G-A-G-G-A-G-	-A-CCA-	-A-AG-A-A-TG-	8824
01.AE.AF.07.569M	A-T-CA-AG-G-CAG-C-A-A-AGAA-	-A-CCT-	-A-AG-A-A-TG-	8157
01.AE.CF.90.90CF11697	-A-AA-AG-G-CAG-C-A-G-	-A-CCT-	-A-AG-A-A-TG-	8870
01.AE.CN.10.YNFL03	AA-CA-AG-G-CGA-C-A-G-ACAG-A-	-A-CCC-	-A-AG-A-A-TG-	8278
01.AE.HK.04.HK001	-A-CA-AG-G-CAG-C-A-G-A-	-A-CCC-	-A-AG-A-A-TG-	8279
01.AE.IR.10.10IR THR48F	-A-AG-G-AGAG-A-G-AG-	-A-CCCT-	-A-AG-A-A-TG-	8897
01.AE.JP.X.JRC77AE	-C-CA-AG-G-AGAG-C-A-GA-	-A-CCCT-	-A-AG-A-A-TG-	8328
01.AE.TH.09.AA090a WG11	-A-CA-AG-G-CAG-C-A-GAA-	-A-CCT-	-A-AG-A-A-TG-	8471
01.AE.TH.90.CM240	A-T-CA-AG-G-CAG-C-A-AG-A-	-A-CCT-	-A-AG-A-A-TG-	8019
01.AE.US.05.306163 FL	-C-CA-AG-G-CAG-C-A-GA-	-A-CCT-	-A-AG-A-A-TG-	8188
01.AE.VN.98.98VND15	-A-CA-AG-G-CAG-C-A-G-	-A-CCT-	-A-AG-A-A-TG-	8188

Ref.	33.HXB2	GGCAAGTGTGCAAAAGTAGTGGATGATGGCCCTACTGTAAAGGAAAGATGAGACGA	GCTGAG	CCACGACAGATAGGGTGGGAGCAGCATC	8897
		G K W S K S S V I G W P T V R E R M R R	A E	P A A D R V G A A S	
02	AG.CM.10.DE00210CM013	-	-	-	-
02	AG.CY.09.CY256	-	-	-	-
02	AG.ES.06.P1423	-	-	-	-
02	AG.GW.05.CC.0048	-	-	-	-
02	AG.KR.12.12MH99	-	-	-	-
02	AG.LR.x.POC44951	-	-	-	-
02	AG.NG.09.09NG.SC61	-	-	-	-
02	AG.NG.x.IBNG	-	-	-	-
02	AG.SE.94.SE7812	-	-	-	-
02	AG.SN.98.98SE.MP1211	-	-	-	-
02	AB.RU.97.97AL153.2	-	-	-	-
04	CPX.CY.94.94CY032.3	-	-	-	-
05	DF.BE.x.V11310	-	-	-	-
06	CPX.AU.96.BFP90	-	-	-	-
07	BC.CN.98.98CN009	-	-	-	-
08	BC.CN.97.97CN06.6F	-	-	-	-
09	CPX.GH.96.96GH2911	-	-	-	-
10	CD.TZ.96.96TZ.BF061	-	-	-	-
11	CPX.CM.95.95CM.1816	-	-	-	-
12	BF.AR.99.99ARMA159	-	-	-	-
13	CPX.CM.96.96CM.1849	-	-	-	-
14	BC.ES.95.95BR142	-	-	-	-
15	01B.TH.99.99TH.MU2079	-	-	-	-
16	AZD.KR.97.97KR004	-	-	-	-
17	BF.AR.99.99ARMA038	-	-	-	-
18	CPX.CU.99.CU76	-	-	-	-
19	CPX.CU.99.CU7	-	-	-	-
20	BC.CU.99.CU103	-	-	-	-
21	AZD.KE.99.99KER2003	-	-	-	-
22	01A1.CM.01.01CM.0001BBY	-	-	-	-
23	BG.CU.03.CB118	-	-	-	-
24	BG.ES.08.08E2456.2	-	-	-	-
25	CPX.CN.02.02CN191E	-	-	-	-
26	AU.CD.02.02.CD.MBT0047	-	-	-	-
27	CPX.FR.04.04CD.FR.KZ5	-	-	-	-
28	BF.BR.99.99BREP12609	-	-	-	-
29	BF.BR.01.01BREP16704	-	-	-	-
31	BC.BR.04.04BR142	-	-	-	-
32	06A1.BR.01.01B6369	-	-	-	-
33	01B.ID.07.07JKT189.C	-	-	-	-
34	01B.TH.99.99OUR2478P	-	-	-	-
35	AD.AF.07.07.169H	-	-	-	-
36	CPX.CM.00.00CMVU0830	-	-	-	-
37	CPX.CM.00.00CMVU026	-	-	-	-
38	BF1.UY.03.03UY03.3389	-	-	-	-
39	BF.BR.04.04BR179	-	-	-	-
40	BF.BR.05.05BRJ055	-	-	-	-
42	BF.LU.06.06LUF18.06	-	-	-	-
43	02G.SA.03.03.1223	-	-	-	-
44	BF.CN.06.06CH80	-	-	-	-
45	CPX.FR.04.04FR.AUK	-	-	-	-
46	BF.BR.07.07BR.FPS625	-	-	-	-
47	BF.ES.08.P1942	-	-	-	-
48	01B.MY.07.07MYKT021	-	-	-	-
49	CPX.GN.06.06N2677	-	-	-	-
50	AID.GB.10.10.12792	-	-	-	-
51	01B.SG.11.11SG.HM021	-	-	-	-
52	01B.MY.03.03MYK1018.1	-	-	-	-
53	01B.MY.11.11F1R164	-	-	-	-
54	01B.MY.09.09MYR0023	-	-	-	-
55	01B.CN.10.10HMC102056	-	-	-	-
56	CPX.FR.10.10URF5.patient.A	-	-	-	-
57	BC.CN.09.09YNLX195g	-	-	-	-
58	01B.MY.09.09MYPR37	-	-	-	-
59	01B.CN.09.09SLNA423	-	-	-	-
60	BC.TT.11.11BAV48	-	-	-	-
61	BC.CN.10.10JL100010	-	-	-	-
62	BC.CN.10.10YNFL13	-	-	-	-
63	02A1.RU.10.10RU6637	-	-	-	-
64	BC.CN.09.09YNFL31	-	-	-	-
65	CPX.CN.11.11YNFL11	-	-	-	-
67	01B.CN.11.11ANHUI.HF115	-	-	-	-
68	01B.CN.11.11ANHUI.WH73	-	-	-	-
70	BF1.BR.10.10BR.PE004	-	-	-	-
71	BF1.BR.10.10BR.PE008	-	-	-	-
72	BF1.BR.10.10BR.MG002	-	-	-	

[illegible]

FR..83.HXB2
Nef

02 AG..CM..10.D000210CM013
02 AG..CY..09.CY256
02 AG..ES..06.P1423
02 AG..GW..05.C.0848
02 AG..SN..12.CM069
02 AG..LR..LR..09.C0C44951
02 AG..NG..09.PNC9G SC61
02 AG..NG..X..IBNG
02 AG..SE..94.E5F812
02 AG..SN..98.985F MP1211
03 AG..BA..04.153
04 cpx..CY..09.CY032_3
05 DF..BE..X..VI1310
06 cpx..AU..96.BFP90
07 BC..CN..98.98CN090
08 AG..CY..09.CY256 F6
09 cpx..GH..96.96GH2911
10 CD..TZ..96.96TZ BF061
11 cpx..CN..95.95CM 1816
12 BF..AR..99.ARMA157
13 cpx..BE..96.96CM 1849
14 AG..BA..04.153
15 01B..TH..99.99TH MU2079
16 A2D..KR..97.97KR0004
17 BF..AR..99.ARMA038
18 cpx..CU..99.CU76
19 AG..CY..09.CY256
20 BG..CU..99.CU103
21 A2D..KE..99.KER2003
22 01A1..CM..01.01CM 0001B18
23 BG..CU..03.CB118
24 BG..ES..08.08E22_2
25 AG..BA..04.1918LE
26 AU..CD..02.02CD MBT047
27 cpx..FR..94.04CD FR KZ5
28 BF..BR..99.BREPM12609
29 BF..BR..01.BREPM16704
30 AG..BA..04.153
32 06A..EE..01.EE0369
33 01B..ID..07.JKT189 C
34 01B..TH..99.09TH A7BPC
35 AD..AF..07.169H
36 cpx..CM..00.00CMNYU830
37 AG..CY..09.CY256
38 BF1..UY..03.UY03 3389
39 BF..FR..04.04BRJ179
40 BF..05.05BRJ055
42 BF..LU..06.LU18 06
43 AG..CY..09.CY256
44 BF..CL..00.CH80
45 cpx..FR..04.04FR A2K
46 BF..BR..07.07BR FPS625
47 BF..ES..08.P1942
48 01B..MY..07.07MYKT021
49 AG..BA..04.153
50 A1D..BG..10.12792
51 01B..SG..11.11SG HM021
52 01B..MY..03.03CMH018 1
53 01B..MY..11.11FR164
54 AG..CY..09.CY256
55 01B..CN..10.HNCS102056
56 cpx..FR..10.URFS patient
57 BC..CN..09.09YMLX1959
58 01B..MY..09.09MYPR347
59 01B..CN..09.09YMLA423
60 01B..BA..04.153
61 BC..CN..10.JL100910
62 BC..CN..10.YNLF13
63 02A1..RU..10.10RU6637
64 BC..CN..09.YNLF13
65 01B..CN..10.YNLF01
67 01B..CN..11.ANHUI HF115
68 01B..CN..11.ANHUI WH73
70 BF1..BR..10.10BR PE004
71 BF1..BR..10.10BR PE008
72 BF1..BR..10.10BR MG002
O..B..87.87B76
O..CN..98.98CMA104
O..CN..98.98CMABB141
O..CN..98.98CMABB212
O..CN..98.98CMAUS337
O..CN..98.98CMAU4122
O..FR..92.VAU
O..GA..11.11Ga6b352
O..SN..99.99SE MP1299
O..US..10.LTNP
N..CM..02.DJ00131
N..CM..02.SJ6dd
N..CM..06.06CM 1015 04
N..CM..06.U14296
N..CM..06.U14842
N..FR..11.N1 FR 2011
P..CM..06.U14788
P..FR..09.RBF168
CPZ..CD..06.BF1167
CPZ..CM..05.S1Cvp2MT145
CPZ..GA..08.GAB1
CPZ..BA..04.153
CPZ..US..85.US Marilyn
GOR..CM..07.S1Vgor2139 287
GOR..CM..07.S1VgorCP235 309

[illegible]

[illegible]

02 AG. CM. 10. DE00210CM013
02 AG. CY. 09. C7256
02 AG. NG. 05. P14223
02 AG. CM. 05. C6048
02 AG. KR. 12. 12MHR9
02 AG. LR. x. POC44951
02 AG. NG. 09. 09NG SC61
02 AG. NG. x. IBNG
02 AG. NG. 05. C7812
02 AG. SN. 98. 98SE PM1211
03 AB. RU. 97. KAL153 2
04 cpx. CY. 04. C94Y032 3
05 DF. BE. x. V11310
06 cpx. FR. 05. 96 BF090
07 BC. CN. 98. 98CNO89
08 BC. CN. 97. 97CN08 6F
09 cpx. GH. 96. 96GH2911
10 CD. T2. 96. 96T2 BF861
11 cpx. CM. 05. 05CM1816
12 BF. AR. 99. ARMA159
13 cpx. CM. 96. 96CM18
14 BG. ES. 05. X1870
15 TH. TH. 99. 99TH MU2079
16 AZ. KR. 97. 97KR04
17 BF. AR. 99. ARMA038
18 cpx. CY. 09. CUI76
19 cpx. CY. 09. CUI7
20 BG. CY. 09. CUI83
21 cpx. KE. 99. KER2003
22 01A1. 01. 01. 0001BBY
23 BG. CY. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 cpx. CM. 02. 1918LE
26 AU. CD. 02. 02CD MBT047
27 cpx. FR. 04. 04FR KZ5
28 BF. BR. 01. BREPM1260
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06A1. EE. 07. 07EE0369
33 01B. ID. 07. JKT189 C
34 01B. ID. 09. 09IDU478P
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU336
38 BF1. UY. 03. UY03 0329
39 BF. BR. 01. 04BR1179
40 BF. BR. 05. 05BRJ0055
42 BF. LU. 06. LU0F 18 06
43 BG. SA. 03. J11223
44 02F. CN. 08. CH80
45 BF. BR. 04. 04BF AUK
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625
47 BF. ES. 08. P194
48 01B. MY. 07. 07MYTK021
49 cpx. GM. 03. N26677
50 01B. GB. 10. 12792
51 01B. MY. 11. 1155C HM011
52 01B. MY. 11. 1155C HM012
53 01B. MY. 11. 11F1R164
54 01B. MY. 09. 09MY5B023
55 01B. CN. 10. 09NC102056
56 01B. CN. 09. 09CN patient A
57 BC. CN. 09. HNSYLX1959
58 01B. MY. 09. 09MYPPR37
59 01B. CN. 09. 091NLN4223
60 BC. IT. 11. YNFA11
61 01B. CN. 10. 10B0910
62 BC. CN. 10. BVN438
63 02A1. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNFI31
65 cpx. CN. 10. YNFI01
66 01B. CN. 10. 10B0911
67 01B. CN. 11. ANHUI WH73
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002
0. BE. 07. ANT70
0. CM. 98. 98CMA184
0. CM. 98. 98CMA8B114
0. CM. 98. 98CMA8B212
0. CM. 98. 98CMA5337
0. CM. 99. 99CMA1222
0. FR. 32. VAU
0. 11Gabb6352
0. SN. 99. 99SEP12299
0. US. 10. L1NP
N. CM. 02. D100131
N. CM. 02. S3Gddd
N. CM. 04. 04CNC 1015 04
N. CM. 06. 06U429
N. CM. 06. U14842
N. FR. 11. N1 FR 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. CD. 06. BF1167
CPZ. CM. 05. SIVcp2M145
CPZ. GA. 08. GAB1
CPZ. CM. 06. SIVcp2TAM13
CPZ. US. 85. US Marilyn
GOR. CM. 07. SIVgor2139 287
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135cn

[illegible]

[illegible]


```

FR..83.XHB2
Net
02 AG.CM.10.D000210CM013
02 AG.CY.09.CY256
02 AG.ES.06.P1423
02 AG.GW.05.CC 00048
02 AG.KR.12.12MH9R
02 AG.LG.05.05.CC 1453
02 AG.NR.09.09NG SC61
02 AG.NG.05.IBNG
02 AG.ES.94.SE57812
02 AG.NR.98.985PM MP1211
02 AG.CY.09.09NG2911
04 Cpx.CY.94.04CY032_3
02 DF.BE.05.V11310
06 cpx.AU.06.BF090
07 BC.CN.98.98CN009
08 BC.CN.99.99NG006F
09 BC.CN.99.99NG006F
10 CD.TZ.96.96TZ BF061
11 cpx.CM.95.95CM 1816
12 BF.AR.99.ARMA159
13 cpx.CM.96.96CXM 1849
14 BF.CN.99.99NG006F
15 10B.TH.99.99TH MU2079
16 A2D.KR.97.97KR004
17 BF.AR.99.ARMA038
18 cpx.CU.99.CU76
19 cpx.CU.99.CU76
20 BC.CU.99.CU103
21 A2D.KE.99.KER2003
22 01A1.CM.01.01CM 0001B1
23 BG.CU.03.CB118
24 BG.ES.08.X2456_2
25 01A1.CM.01.01CM 0001B1
26 A2D.KR.02.02CD MBT047
27 cpx.FR.04.04CD FR KZ5
28 BF.BR.99.BREPM12609
29 BF.BR.01.BREPM16704
31 BC.BR.04.04BR142
32 AG.ES.02.02ES 00007
33 01B.ID.97.07IDT189
34 01B.TH.99.09THK2478C
35 AD.AF.07.07AF
36 cpx.CM.08.08CMNYU830
37 BF.BR.99.99BRYU525
38 BF1.UY.03.UY03 3389
39 BF1.UY.04.04BRR1179
40 BF.BR.05.05BRRJ055
42 BF.LU.06.LUBF 18 06
43 02G.SG.03.03SG 1223
44 01B.FR.09.CH80
45 cpx.FR.04.04FR AUK
46 BF.BR.97.07BR FPS625
47 BF.ES.08.P1942
48 01B.MY.07.07MYKT021
49 BF.BR.03.03BR 066771
50 A1D.GB.10.12792
51 01B.SG.11.11SG HM021
52 01B.MY.03.03MYKL018 1
53 01B.MY.11.11F1R164
54 01B.MY.09.09MY5023
55 01B.10.10.HNCS102056
56 cpx.FR.10.URF5 patient
57 BC.CN.09.09YNLX1959
58 01B.MY.09.09MYMR37
59 01B.CN.09.09YNA423
60 01B.10.10.BA01
61 BC.CN.10.10JL00010
62 BC.CN.10.YNFL13
63 02A1.RU.10.10RU6637
64 BC.CN.09.YNFL31
65 01B.CN.10.YNFL01
67 01B.CN.10.ANHUI HF115
68 01B.CN.11.ANHUI WH73
70 BF1.BR.10.10BR PE004
71 BF1.BR.10.10BR PE008
72 BF1.BR.10.10BR MG002
O.BF
O.CM.98.98CMA104
O.CM.98.98CMABB141
O.CM.98.98CMABB212
O.CM.98.98CMAH5337
O.CM.98.98CMAH4122
O.FR.97.VAU
O.GA.11.11GaB6352
O.SN.99.99SE MP1235
O.US.10.LTNP
N.CM.02.DJ00131
N.CM.02.SJ6dd
N.CM.04.CN.04.1015 04
N.CM.06.U14296
N.CM.06.U14842
N.FR.11.N1 FR 2011
P.FR.06.U14788
P.FR.09.RBF168
CPZ.CD.06.BF167
CPZ.CM.05.SVCP2MT145
CPZ.05.GS.GAB1
CPZ.05.GS.GAB2
CPZ.05.GS.SVCP2TAN13
CPZ.05.85.US Marilyn
GOR.CM.07.SVQor2139 287
GOR.CM.07.SVQor21335 287

```

[illegible]

[illegible]

	TCF-1 alpha binding										Nef end											
	CGTGGCCCGAGAG, CTGCATCCGGAGTACTTCAAG										AACTGCTGACA											
	V	A	R	E	#	L	H	P	E	Y	F	K		N	C	*		TCGAGCT	TGCTAC	A		
B. FR. 83. HXB2																					9433	
Nef																						
02 AG. CM. 10. DE00210CM013	-AAA								T	T	A	A	AGACTGAAGATTGTTGCTGACAGAA	G				CAGGAGATTGCTGACTGCTGACA	CA-AG-	GA.C	8969	
02 AG. CY. 09. CY256	-ACA	T												G				CAGAAGTTGCTGACACA	AG	GA.C	8128	
02 AG. ES. 06. P1423	-AA	TAA												G		T					8909	
02 AG. GW. 05. CC 0048	-AGA	T	A											G				CA-AG		GA.C	8765	
02 AG. KR. 12. 12MHR9	-A	A												G				CA-AG		GA.C	9166	
02 AG. LR. x. POC44951	-A	A												G				CA-AG		GA.C	9434	
02 AG. NG. 09. 09NG SC61	-ACA	TA												G				CA-AG		CACAGAAGTTGCTGACACAGTTGTTGCTGACAA	8636	
02 AG. NG. x. IBNG	-AAA	T												G				CTTCTA.CAAAGACTGCTGACACA	AG	GA.C	8960	
02 AG. SE. 94. SE7812	-ACA	T												G				CA-AG		GA.CAGGGACTTTCT	GAC	
02 AG. SN. 98. 98SE MP1211	-AGA	T												G				CA-AG		GA.C	A 8669	
03 AB. RU. 97. KAL153_2	-AGA													G				CAGACTGCTGACA	T	AG	8610	
04 cpx. CY. 94. 94CY032_3	-A	A												G				CA-AG		GA.C	8847	
05 DF. BE. x. V11310	-A	A	A			AGA		A					C-AGACTGAGACTGC	TGACACAGA				CAGGAAGTGTGACACA	AGCT	T	AA 8879	
06 cpx. AU. 96. BF09	-A	A	A			AAA												AGGCTGTGACAAA	AG	T	9490	
07 BC. CN. 98. 98CN009	-AG		C	A		A								G				CA-AGGG		AC TTCCG.C	8779	
08 BC. CN. 97. 97CNX 6F	-AG		C	A		A								G				CA-AGGG		AC TTCCG.C	8635	
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	YA	A				AAA								G				CA-AG		CTAG	8605	
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061	-A	A				C	A							G		T		CA-AG			8778	
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816	-A	A											C-T-A	-AGACTAA				CA-AG		GA.C	8847	
12 BF. AR. 99. ARMA159	-T	A	A			AAA		A					GG-AT	-AGACTGA				CA-AC		GA.CACAGAAGAATC	TAA 9418	
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849	-A	A												G				AGAGAT		TAC	8856	
14 BG. ES. 05. X1870	-A	A												G				CAGCTGTGACACA	AG		AA 8953	
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	-A	A				A								G				AA-AG		T	8808	
16 A2D. KR. 97. 97KR004	-AAA													G				CAGAAGCTGTGACACA	AG		8865	
17 BF. AR. 99. ARMA038	-A	A	A			AGA		A					T-A	C-AAACTGA				CA-A		GA.CACAGAAGAATCT	A 8635	
18 cpx. CU. 99. CU176	-A	A	AA			A	AA							G				CA-AG		GA.C	8762	
19 cpx. CU. 99. CU7	-AA		A			ATA	AA		C	A				G				C-A-T		T	8498	
20 BG. CU. 99. CU103	-T	A												G				CA-AG		GA.C	8881	
21 A2D. KE. 99. KER2003	-AGA		A			AA								G		T		CAGAAGCCAAAGCTGTGACACT	T	GT	8650	
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY	-A	A												G				CA-AG		GA.C	8372	
23 BG. CU. 03. CU18	-A	A												G				CA-AG-G		CG	8890	
24 BG. ES. 08. X2456_2	-A	A												G				CA-AG-G		CG	8922	
25 cpx. CM. 02. 1918LE	-ACA													G				CA-AG		GA.C	8425	
26 AU. CD. 02. 02CD MBT047	-T	A				AAA								G				CA-AG		GA.C	9445	
27 cpx. FR. 04. 04CD FR K25	-A													AG				CA-AG		GA.C	9458	
28 BF. BR. 99. BREPM12609	-A																	A		T-G	8853	
29 BF. BR. 01. BREPM16704	-A													G				T			8893	
31 BC. BR. 04. 04BR142	-A													G				CA-AGGG		AC TTCCG.C	8955	
32 06A1. EE. 01. EE0369	-A	A				A	AA							G				AA-AG		T-A	9058	
33 01B. ID. 07. JKT189_C	-A	A				A	AA			T				G				AA-AG		G-C	8740	
34 01B. TH. 99. OUR2478P	-A	A				A								G				AA-AG		T-A.C	8587	
35 AD. AF. 07. 169H	-AAA													G				CA-AG		GA.C	8653	
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830														G				CA-AG			8410	
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926	-A	A	A			AGA							T-A	C-AGACTGAGACTGC	TGCCACGAG			CA-A		GA.CACAGAAGAATC	TAA 8396	
38 BF1. UY. 03. UY03_3389	-A	A	A			AGA								G				CT		T	8864	
39 BF. BR. 04. 04BRJ179	-A													G				C-A-T		TA	8910	
40 BF. BR. 05. 05BRJ305	-T					C								G				T		C	8948	
42 BF. LU. 06. 06BF 18_06	-A					AC								G				C-A-T		TA	8938	
43 02G. SA. 03. J11223	-T	A				A								G				CTGTGACACA	AG		ACAGATGTTGTTGACAA	
44 BF. BR. 04. 04BF 18_06	-A	A				A								GG-C		G		CA-AG		GA.C	8958	
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK	-A	A				AAA								G				CA-AG		GA.C	A 9396	
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625	-AGA												C-T-A	-AACTGTTGCATC	GAGCTG			T			8827	
47 BF. ES. 08. P1942	-A													G				T		T	8850	
48 01B. MY. 07. 07MYKT021	-A	A												G				AA-GAG		T-A.C	8662	
49 cpx. GH. 03. N26677	-A	A												G				CA-AG		GA.C	8819	
50 A1D. 08. 10. 12792	-A													G				A		T	8833	
51 01B. SG. 11. 11SG HM021	-ACA					AA								G				AA-AG		T-A.C	8756	
52 01B. MY. 03. 03MYKL018_1	-ACA					A								G				AA-AG		T-A.C	8770	
53 01B. MY. 11. 11FIR164	-A	A				A								G				AA-AG		T-A.C	8880	
54 01B. MY. 09. 09MYS8023	-A					A								G				AA-AG		T-A.C	8770	
55 01B. CN. 10. HMC5102056	-AGA													G				AA-AG		T-A.C	8880	
56 cpx. FR. 10. URF5 patient_A	-A													G				CA-AG			8396	
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg	-AGA					C								G				AA-AG		T-A.C	8654	
58 01B. MY. 09. 09MYPR37	-A	A				A	AA							G				AA-AG		T-A.C	8802	
59 01B. CN. 09. 09LNA423	-A													G							8380	
60 BC. TT. 11. BAV409	-A													G				AG		T-M	9298	
61 BC. CN. 10. JL100010	-A													G				CA-AGGG		AC TTCCG	8834	
62 BC. CN. 10. YNFI13	-AG					C								G				CAGAGGGACTTTTGTGACA	CA-AGGG	AC TTCCG	8789	
63 02A1. RU. 10. 10RU6637	-T	A	T											G				CA-AG		GA.C	A 8984	
64 BC. CN. 09. YNFI31	-AG					C								G				CA-AGGG		AC TTCCG.C	8804	
65 cpx. CN. 10. YNFI01	-A													G				CA-AGGG		AC TTCCG.C	8860	
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115	-A													G				CA-AGGG		AC TTCCG.C	8770	
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73	-A	A				A								G				AA-GAG		T-A.C	8749	
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004														G				AA-GAG		A-C	8749	
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008	T																	T		T	8524	
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002	-A													AG				CT		T	9090	
BE. 87. AMT70	-T	TATGATA	ACT	C	A	CT												CT			8967	
0. CM. 98. 98CMA104	-T	TAAGATA	ACT	C	A	CT								C				CTCT	AAAGGGACTTTCCAG		GA.CA	CTG 9053
0. CM. 98. 98CMA104	-T	TAAGATA	ACT	C	A	CT												CT			GA.CA	CTG 9050
0. CM. 98. 98CMA104	-T	TAAGATA	ACT	C	A	CT												CT			GA.CA	CTG 9050
0. CM. 98. 98CMA104	-T	TAAGATA	ACT	C	A	CT												CT			GA.CA	CTG 9050
0. CM. 98. 98CMA104	-T	TAAGATA	ACT	C	A	CT												CT			GA.CA	CTG 9050
0. CM. 98. 98CMA104	-T	TAAGATA	ACT	C	A	CT												CT			GA.CA	CTG 9050
0. CM. 98. 98CMA104	-T	TAAGATA	ACT	C	A	CT												CT			GA.CA	CTG 9050
0. CM. 98. 98CMA104	-T	TAAGATA	ACT	C	A	CT												CT			GA.CA	CTG 9050
0. CM. 98. 98CMA104	-T	TAAGATA	ACT	C	A	CT												CT			GA.CA	CTG 9050
0. CM. 98. 98CMA104	-T	TAAGATA	ACT	C	A	CT												CT			GA.CA	CTG 9050
0. CM. 98. 98CMA104	-T	TAAGATA	ACT	C	A	CT												CT			GA.CA	CTG 9050
0. CM. 98. 98CMA104	-T	TAAGATA	ACT	C	A	CT												CT			GA.CA	CTG 9050
0. CM. 98. 98CMA104	-T	TAAGATA	ACT	C	A	CT												CT			GA.CA	CTG 9050
0. CM. 98. 98CMA104	-T	TAAGATA	ACT	C	A	CT												CT			GA.CA	CTG 9050
0. CM. 98. 98CMA104	-T	TAAGATA	ACT	C	A	CT																

	NF-κ-B-II		NF-κ-B-I		Spl-III		Spl-II		Spl-I		TATA box		TAR element start		
	AGGGACITTTCCGCT		GGGGACTTTTCCA		GGGAGGCGTGGCC		TGGCGGGACTGGGGAGTGGCGAGCCCTCAGAT		CCTGCATATAAGCAGCTGCTTTTTTGCC		TGACTGTTGGG		TCTCTCT		9563
B.FR.83.HXB2															
A1.AU.03.PS1044 Day0															8667
A1.CH.03.HIV1H BID V3538		A						AGT		T			C	C	8758
A1.CY.08.CY236															8168
A1.ES.05.X1608 8	T				G	T	TT		AGT	T	A				9017
A1.KE.11.DEM11KE001					G	T	TT		AGT	T	A				8979
A1.RU.11.11RU6950					G	T	TT		AGT	T	A			C	T
A1.RW.11.DEM111RW002		A			G	T	TT		AGT	T	A				9132
A1.SK.01.DD1570					G	T	TT		AGT	T	A			C	T
A1.UG.11.DEM110UG001					G	T	TT		AGT	T	A				8998
A1.ZA.04.04ZASK162B1	G	A			G	T	TT		AGT	T	A			C	T
A2.CM.01.01CM 1445MV		A			G	T	TT		AGT	T	A	A	G	C	C
A2.CY.94.94CY017 41	G		G		T	GG		A	AGT	T	A			C	C
B.BR.10.10BR MG029					G	A			AGT	T	A			C	C
B.CA.07.502 1191 03					T		C							A	9032
B.CH.08.M2 0803101 NFLG8					G		A		A					C	9144
B.CN.10.DEMB10CN002					G				A					C	8948
B.ES.10.DEMB10ES002						T			A					C	8963
B.FR.11.DEMB11FR001						A			C					C	8811
B.GB.05.MM450213 GN1					G		T		G					A	8950
B.HK.06.HK003															8398
B.HT.05.05HT 129389					G	TG	A			A					8983
B.JP.12.DEMB12JP001					G				C					T	9123
B.KR.07.HP 18 07JHS10 3909					G				C					T	9009
B.PE.07.502 0525 wg5							A								9092
B.RU.11.11RU210					G				C						8793
B.TH.08.MERLBDTRC10					G		T								9531
B.US.11.ES38					G		A								8782
C.AR.01.ARG4006	T	A			CG	C	CA	G	A	T				T	9009
C.BR.07.DEMC07BR003	T				CG	C	CA	A	T					A	8920
C.BW.08.00BW5031 1	G	A			CG	C	CA	A	T					A	8963
C.CN.10.YNFL19	G				CG	C	CA	T	G					A	8216
C.CY.09.CY260															9023
C.ES.08.X2363 2	T	A			CG	C	CA	A	TT						8814
C.ET.02.02ET 288	T	A			CG	C	CA		AGAA						9622
C.IN.09.T125 2139	T	A			TG	C	TA		T					A	8777
C.KE.08.KER2010	C	A			CG	C	CA	T	T					A	9549
C.MW.09.703010256 CH256.w96					CG	C	CA	T	G					A	9538
C.TZ.08.707010457 CH457.w8	T	A			CG	C	CA	T	T					A	8816
C.YE.02.02YE511	T	T			CG	C	CA	T	T					A	9578
C.ZA.08.705010534 CH534.w12	T	A			CG	C	C	T	T					A	8944
C.ZA.10.DEMC10ZA001	T		A		CG	C	C	A	G	T				A	8952
C.ZM.11.DEMC11ZM006	T	A			CG	C	CA	G	T	T				A	8934
D.CM.10.DEMD10CM009									G					C	8143
D.CY.06.CY163															8903
D.KE.11.DEMD11KE003		A	A				AA	A						C	9464
D.KR.04.04KBH8	G				GAA		A							C	9564
D.SN.90.SE365		A					T	TT						C	8769
D.TZ.01.A280					G		AA							A	8873
D.UG.10.DEMD10UG004		A			G		AA							C	8919
D.UG.11.DEMD11UG003					G		AC	A						T	8757
D.YE.02.02YE516					A		G	G							8916
D.ZA.90.R1							T	T						G	8257
F1.A0.06.A0 06 ANG32															8338
F1.AR.02.ARE933															8494
F1.BR.10.10BR RJ015															8096
F1.CY.08.CY222															8953
F1.ES.02.ES X845 4		T													9678
F1.R0.96.BCI R07					ACCA	AG	GTA	A		A				C	T
F1.RU.08.D88 845						A	G	CG	CCAG					A	
F2.CM.02.02CM 0016BBY						GA	AG	GTC	A						9049
F2.CM.10.DEM210CM001															8349
F2.CM.10.DEM210CM007		AAA				AG	TC	A							8904
G.BE.96.DRCBL	A	C			C		GAA	GC	T	CCA					T
G.CM.10.DEMG10CM008	G	C			C				A	G				C	C
G.CN.08.GX 2084 08	G	C			C		GA		T					C	C
G.CU.99.Cu74		C			C		G		C	A				C	C
G.ES.09.X2634 2	G	A	C		T										9098
G.GH.03.03G30175G					G		C								9007
G.KE.09.DEMG09KE001	G	C			T				A	A				C	C
G.NG.09.09NG SC62		C			T				C	A				C	C
G.ZA.01.TV546					G		C	A						C	C
H.BE.93.VI991					TG		T		T					C	T
H.CF.90.058					G		AT							C	T
H.GB.08.00GBAC4001	C	AGA	T	ACAGAGAC	GT		C	G	T					T	
J.CM.04.04CMU11421															8881
J.SF.03.SF9280 7887	C				G		A								9081
J.SE.94.SE9173 7022	G				G		T							C	T
K.CD.97.97ZR E0TB11															8077
K.CM.96.96CM MP535															8862
U.CA.01.TV749															8872
U.CA.99.TV721							T	TT						T	G
U.CD.83.83CD003 23							T	TT						T	C
U.CD.90.90CD121E12	G	AAAG			A		T	T						A	C
U.CY.05.CY090		A	AG				T	A							
U.CY.08.CY223															8227
U.ES.10.DEURF10DZ001					G		T	TT						T	
U.GR.99.99GR303		C					T	TA						C	C
U.NL.95.U.NL 95 H10986 D1	T						T							A	
01.AE.AF.07.569M	TA				G		T								8762
01.AE.CF.90.90CF11697	CA				G		T							T	A
01.AE.CN.10.YNF103	T				G		T							C	T
01.AE.HK.04.HK001	TA				G		T							T	G
01.AE.IR.10.10IR.THR48F	TA				G		T								G
01.AE.JP.x.JRC77AE	TA				G		T							T	G
01.AE.TH.09.AA090a WG11	TA	A			G		T							T	A
01.AE.TH.90.CW240	TA	A			G		T							T	A
01.AE.US.05.306163 FL					G		T								G
01.AE.VN.98.98VNNND15	TA				G		T							T	

	NF-κ-B-II	NF-κ-B-I	Sp1-III	Sp1-II	Sp1-I	TATA box	TAR element start				3' LTR U3 end	3' LTR repeat start	
B. FR. 83. HXB2	AGGGACTTTCCGCT	GGGGACTTTTCCA	GGGAGCGTGGCC	TGGGCGGAGCTGGGGAGTGGCGAGCCCTCAGAT	CCTGCATATAAGCAGCTGCTTTTTTGGC	TGTACTGGG	TCTCTCT	GGTTAGACCAGATCT	9563				
02 AG. CM. 10. DE00210CM013	G-A-C	A-G	T-TT	G-A-AGT-T	T-A	G	C-C	T-C	T	9099			
02 AG. CY. 09. CY256										8128			
02 AG. ES. 06. P1423			G-T-TT	AGT	T-A	G				8983			
02 AG. GW. 05. CC 0048										8765			
02 AG. KR. 12. 12MHR9										9166			
02 AG. LR. x. POC44951			T-TT	A-AGT	T-A	G	C-C	T-C	T	9564			
02 AG. NG. 09. 09NG SC61	G-ACT	A-C	T	G	C-A	A-G	C-C	T-C	T	8766			
02 AG. NG. x. IBNG		A	T-TT	A-AGT	T-A	C-G	C-C	T-C	T	9090			
02 AG. SE. 94. SE7812		A	T-TT	A-AGT	T-A	A	C-C	T-C	T	8988			
02 AG. SN. 98. 98SE MP1211			T-TT	A-AGT	T-A	G	C-C	T-C	T	8789			
03 AB. RU. 97. KAL153_2			G-T-TT	AGT	T-A	G	C-C	T-C	T	8739			
04 cpx. CY. 94. 94CY032_3		C	T	A-GT	T-A	G	A-C	C-C	T	8978			
05 DF. BE. x. V11310			T-A	TGA		G	C-C	T-C	T	9009			
06 cpx. AU. 96. BFP90	G		T	G		G	A-C	C-C	T	9620			
07 BC. CN. 98. 98BCN009	G	A-C	CG-C	TA	T	TC-A	G	C	C	8906			
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F	C	A-C	CA	T	T	TC-A	G	C	C	8762			
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	G	AA		GT	T-A	G	C	C	T	8735			
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061		ACT-C-A	T	C	TTCCA-GAGGAGTGGTC	A-A	C	C	T	8917			
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816		Y	G	GT	T-A	G	C	C	T	8978			
12 BF. AR. 99. ARMA159			GA	GC-G	CCA	TCA	G	C	C	9548			
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849			C-T		T-A	A				8916			
14 BG. ES. 05. X1870	G	C	T	G	C	A-GT	A-C	T-A	A-G	9028			
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	T		G	T		AGT	A	T-A	A	8937			
16 A2D. KR. 97. 97KR004		A-C	T	A	G-AG	AGT	A	T-A	G	8991			
17 BF. AR. 99. ARMA038		A-C	G	GC-G	CCA	GA		TCA	G	8765			
18 cpx. CU. 99. CU76		C	G	G	C	GT	A	TCA	G	8893			
19 cpx. CU. 99. CU7		G					A	C	C	8512			
20 BG. CU. 99. CU103	G	C	T	G	AA	A-G-G	A			8935			
21 A2D. KE. 99. KER2003		A	CT-C	A		A-T	T-A	G	C	8777			
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY										8372			
23 BG. CU. 03. CB118	G	C	T	G	TA	A-G	T-A	A-G		8964			
24 BG. ES. 08. X2456_2										8925			
25 cpx. CM. 02. 1918LE										8425			
26 AU. CD. 02. 02CD MBT0047		C	T	G	T-TT	AGT	T-A	G	C	9575			
27 cpx. FR. 04. 04CD FR KZ5	A	C		A	C	GT	A		A	9589			
28 BF. BR. 99. BREPM12609		T	G	G	AG-A					8886			
29 BF. BR. 01. BREPM15704			G-T		T					9079			
31 BC. BR. 04. 04BR142	T	A	CG-C	CA	A-T	C	A-C	A	G	9077			
32 06A1. EE. 01. EE0369			G-T			G	A	A	C	9189			
33 01B. ID. 07. JKT189_C	T-A		G	T		AGT	T-A	G	A	8871			
34 01B. TH. 99. 09UR2478P	TA		G	T	TT	AGT	T-A	G	A	8650			
35 AD. AF. 07. 169H		A	G	T		AGT	T-A	G		8698			
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830										8410			
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926										8396			
38 BF1. UY. 03. UY03 3389			GA	GC-G	CA	CA	T	TC		8935			
39 BF. BR. 04. 04BRRJ179			G	A					A	9041			
40 BF. BR. 05. 05BRRJ055			A	TG		A-A				9042			
42 BF. LU. 06. LU0F 18_06										9056			
43 02G. SA. 03. J11223		C	T	G	C-A	A	T-A	A-G	C	9085			
44 BF. CL. 00. CH80										8858			
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK		A	G	T	TT	AGT	A-A	G		9525			
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625		A	G	C	T	A				8957			
47 BF. ES. 08. P1942			G	T	G	T				8926			
48 01B. MY. 07. 07MYKT021	TAAA-ACA		A	T	G	G	AGT	T	A	8792			
49 cpx. GM. 03. N26677										8519			
50 A1D. GB. 10. 12792			G	T	TT	AGT	T-A	G	C	8963			
51 01B. SG. 11. 11SG HM021		A	G	T	A	AGT	T-A	G	A	8767			
52 01B. MY. 03. 03MYKL018_1	TA		G	T		AGT	T-A	G	C	8885			
53 01B. MY. 11. 11F164	TAA		G	T		AGT	T-A	G	C	8809			
54 01B. MY. 09. 09MYSB023	T		G	T		AGT	T-A	G	A	9010			
55 01B. CN. 10. HNC5102056	TA		G	T		AGT	T-A	G	A	8889			
56 cpx. FR. 10. URF5 patient A										8396			
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg	G	A	CG-C	CA	T	TC-A	G	C	C	8781			
58 01B. MY. 09. 09MYPR3	T-R		GA	T	T	T-A	G	A	C	8931			
59 01B. CN. 09. 09LNA423					G	AGT	T-A	G	C	8380			
60 BC. IT. 11. BAV499		C	A-G	T	T		T-A	G		9528			
61 BC. CN. 10. J1100010	C		CG-C	T	T		TC-A	G		8960			
62 BC. CN. 10. YNFI13	C	A-A	CG-C	CA	T	A	TC-A	G	A	8917			
63 02A1. RU. 10. 10RU6637			G	CA	T	TT	T-A	G	C	9114			
64 BC. CN. 09. YNFI31	G	A	A-CG-G	CA	A		T-A	G	C	8931			
65 cpx. CN. 10. YNFI01	G	A		T		TC-A	G		C	8987			
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115	TAA		G	T	T	G	AGT	T-A	R	8884			
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73	TAA		G	T	T	G	AGT	T-A	A	8878			
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004										8344			
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008										9198			
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002										9062			
0. BE. 87. ANT70										9683			
0. CM. 98. 98CM1804	T-A		AGCAAGACTGCTGACACTGC		G	GC-TTC	T-A	A-G	C	9198			
0. CM. 98. 98CMAB141	C-A-G		AGCAAGACTGCTGACACTGC		G	GC-TTC	T-A	A-G	C	9182			
0. CM. 98. 98CMAB212	T		AACGAAGACTGCTGACATTGC			GT-TTC	T-A	A-G	C	9177			
0. CM. 98. 98CMAB237			AGACTGCTGACACTGC			GT-TTC	T-A	A-G	C	9134			
0. CM. 98. 98CMU5331	C		AGACTGCTGACACTGC			GT-TTC	T-A	A-G	C	9134			
0. CM. 99. 99CMU4122	C		AACAGAGACTGCTGACACTGC			GT-TTC	T-A	A-G	C	9152			
0. FR. 92. VAU	C		AGCAAGACTGCTGACACTGC			GT-TTC	T-A	A-G	C	9255			
0. GA. 11. 11GAB6352	T		AGCAGAGACTGCTGACACTGC			GT-TTC	T-A	A-G	C	8921			
0. SN. 99. 99SE MP1299	C		AGCAGAGACTGCTGACACTGC			GT-TTC	T-A	A-G	C	9103			
0. US. 18. LTN9										8938			
N. CM. 02. DJ00131	G		A	G						8615			
N. CM. 02. SJGdd	G									8926			
N. CM. 04. 04CM 1015_04	G		A	G						8545			
N. CM. 06. U14296										8637			
N. CM. 06. U14842	G									8892			
N. FR. 11. N1 FR 2011	C-TAG-GCT		A	T	T	G	TTT	G		9193			
P. CM. 06. U14788	C-CAG-ACT		AAAGCTGCTGACACTGCA		G	AC-AAA-T	CGAGGCGGAACAAG	A-AG-A	TTTCA-CTCAGA	G	TA		
P. FR. 09. RBF168			AAGTTGCTGACACTGCA		G	AC-AAA-T	CGAGGCGGAACAAG	A-AG-A	TTTCA-CTCAGA	G	TA		
CPZ. CD. 06. BF1167			ACTAAT			GTATG-A	TT	GGGGCGTAAC	GC-ACT	TT	CGCTGA GACA	G	9758
CPZ. CM. 05. SIVcpzMT145						GTATG-A	TT	GGGGCGTAAC	GC-ACT	TT	CGCTGA GACA	G	9135
CPZ. GA. 88. GAB1						GTATG-A	TT	GGGGCGTAAC	GC-ACT	TT	CGCTGA GACA	G	9656
CPZ. TZ. 06. SIVcpzTAN13						GTATG-A	TT	GGGGCGTAAC	GC-ACT	TT	CGCTGA GACA	G	9247
CPZ. US. 85. US Marilyn						GTATG-A	TT	GGGGCGTAAC	GC-ACT	TT	CGCTGA GACA	G	9628
GOR. CM. 07. SIVgor2139 287	T-AA		AAGCTGCTGACACTGCA		G	T-AG-AAAGTC	CGGGGCGGAAC	A-AG-A	TTTCA-CTC-GA	G	A		9180
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con	T-AA		AAGCTGCTGACACTGCA		G	T-AG-AAAGTC	CGGGGCGGAAC	A-AG-A	TTTCA-CTC-GA	G	A		9174

	TAR element end	Poly-A signal	3' LTR R repeat end	3' LTR U5 start	3' LTR U5 end
B.FR.83.HXB2	GAGCCTGGGAGCTCTCTGGCTAACTAGG...	GAACCACTGCTTAA	GCCTCAATAAAGCTTGCC	TTGAGTGTGCTCAA	GTAGTGTGCGCCGCTGTG.TTGTG.TGACTCTGGTAACTAGAGATCCCTCAGACCCCTTTAGTCAGTGTGGAAATCTCTAGCA
A1.AU.03.P51044 Day0					
A1.CH.03.HIV_CH_BID_V3538					
A1.CY.08.CY236					
A1.ES.05.X1608 8					
A1.KE.11.DEMA11KE001					
A1.RU.11.11RU6950					
A1.RW.11.DEMA11RW002					
A1.SN.01.DDI579					
A1.UG.11.DEMA11UG001					
A1.ZA.04.04ZASK162B1					
A2.CM.01.01CM_1445RV					
A2.CY.94.94CY017 41					
B.BR.10.10BR MG029					
B.CA.07.502 1191 03					
B.CH.08.M2 0803101 NFLG8					
B.CN.10.DEMB10CN002					
B.ES.10.DEMB10ES002					
B.FR.11.DEMB11FR001					
B.GB.05.MM450213 GN1					
B.HK.06.HK003					
B.HT.05.05HT 129389					
B.JP.12.DEMB12JP001					
B.KR.07.HP 0773HS10_3909					
B.PE.07.502 0525 wg5					
B.RU.11.11RU21n					
B.TH.08.MERLBDTRC10					
B.US.11.ES38					
C.AR.01.ARG4006					
C.BR.07.DEMC07BR003					
C.BW.00.00BW03 1					
C.CN.10.YNFL19					
C.CY.09.CY260					
C.ES.08.X2363 2					
C.ET.02.02ET 208					
C.IN.09.T125 2139					
C.KE.00.KER2010					
C.MW.09.703010256 CH256.w96					
C.TZ.08.707010457 CH457.w8					
C.YE.02.02YE511					
C.ZA.08.705010534 CH534.w12					
C.ZA.10.DEMC10ZA001					
C.ZM.11.DEMC11ZM006					
D.CM.10.DEMD10CM009					
D.CY.06.CY163					
D.KE.11.DEMD11KE003					
D.KR.04.04KBH8					
D.SN.90.SE365					
D.TZ.01.A280					
D.UG.10.DEMD10UG004					
D.UG.11.DEMD11UG003					
D.YE.02.02YE516					
D.ZA.90.R1					
F1.A0.06.A0 06 ANG32					
F1.AR.02.ARE9 03					
F1.BR.10.10BR RJ015					
F1.CY.08.CY222					
F1.ES.02.ES X845 4					
F1.R0.96.BCI R07					
F1.RU.08.088 845					
F2.CM.02.02CM 0016BBY					
F2.CM.10.DEMF210CM001					
F2.CM.10.DEMF210CM007					
G.BE.96.DRCBL					
G.CM.10.DEMG10CM008					
G.CN.08.GX 2084 08					
G.CU.99.CU74					
G.ES.09.X2634 2					
G.GH.03.03GH175G					
G.KE.09.DEMG09KE001					
G.NG.09.09NG SC62					
G.ZA.01.TV546					
H.BE.93.VI991					
H.CF.90.056					
H.GB.00.00GBAC4001					
J.CM.04.04CMU11421					
J.SE.93.SE9280 7887					
J.SE.94.SE9173 7022					
K.CD.97.97ZR E0TB11					
K.CM.96.96CM MP535					
U.CA.01.TV749					
U.CA.99.TV721					
U.CD.03.03CD003 Z3					
U.CD.90.90CD121E12					
U.CY.05.CY090					
U.CY.08.CY223					
U.ES.10.DEURF10D2001					
U.GR.99.99GR303					
U.NL.95.U.NL 95 H10986.D1					
01 AE.AF.07.569M					
01 AE.CF.90.90CF11697					
01 AE.CN.10.YNFL03					
01 AE.HK.04.HK001					
01 AE.IR.10.10IR_THR48F					
01 AE.JP.X.JR1774					
01 AE.TH.09.A0905 WG11					
01 AE.TH.90.CM240					
01 AE.US.05.306163 FL					
01 AE.VN.98.98VNND15					

	TAR element end	Poly-A signal	3' LTR R repeat end	3' LTR U5 start	3' LTR U5 end
B. FR. 83. HXB2	GAGCCTGGGAGCTCTCTGGCTAACTAGG. . . . GAACCACTGCTTAA. GCCTCAATAAAGCTTGCC. TTGAGTGCTTCAA. GTAGTGTGTGCCGCTGTG. TTGTG. TGACTCTGGTAACTAGAGATCCCTCAGACCCCTTTAGTCAGTGTGGAAAACTCTTAGCA				
02 AG. CM. 10. DE00210CM013	-----A--G-AG-----				
02 AG. CY. 09. CY256	-----				
02 AG. ES. 06. P1423	-----				
02 AG. GW. 05. CC 0048	-----				
02 AG. KR. 12. 120HR9	-----				
02 AG. LR. X. POC44951	-----A--G-AGA-----				
02 AG. NG. 09. 09NG SC61	-----G--A-----				
02 AG. NG. X. IBNG	-----G--GGA-----				
02 AG. SE. 94. SE7812	-----A--G-AGA-----				
02 AG. SN. 98. 0985 MP1211	-----G--AGA-----				
03 AB. RU. 97. KAL153_2	-----G--A-----				
04 cpx. CY. 94. 94CY032_3	-----G--A-----				
05 DF. BE. X. V11310	-----G--A-----				
06 cpx. AU. 96. BFP90	-----A--G-AG-----				
07 BC. CN. 98. 98CN009	-----G-----				
08 BC. CN. 97. 97CNG 6F	-----G--A-----				
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	-----C-----				
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061	-----T--G-----				
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816	-----G-----				
12 BF. AR. 99. ARMA159	-----G-----				
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849	-----G-----				
14 BG. ES. 05. X1870	-----				
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	-----C-----				
16 AZD. KR. 97. 97KR004	-----G--A-----				
17 BF. AR. 99. ARMA038	-----G--AG-----				
18 cpx. CU. 99. CU76	-----G-----				
19 cpx. CU. 99. CU7	-----G-----				
20 BG. CU. 99. CU103	-----				
21 AZD. KE. 99. KER2003	-----A--G-----				
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY	-----				
23 BG. CU. 03. CB118	-----				
24 BG. ES. 08. X246_2	-----				
25 cpx. CM. 02. 1918LE	-----				
26 AU. CD. 02. 02CD MBT047	-----A--G--A-----				
27 cpx. FR. 04. 04CD FR KZ5	-----G-----				
28 BF. BR. 99. BREPM12609	-----				
29 BF. BR. 01. BREPM16704	-----				
31 BC. BR. 04. 04BR142	-----				
32 06A1. EE. 01. EE0369	-----A--G--AG--A-----				
33 01B. ID. 07. JKT189 C	-----C-----				
34 01B. TH. 99. 09R2478P	-----				
35 AD. AF. 07. 169H	-----				
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830	-----				
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926	-----				
38 BF1. UY. 03. UY03 3389	-----				
39 BF. BR. 04. 04BRRJ179	-----				
40 BF. BR. 05. 05BRRJ055	-----				
42 BF. LU. 06. LU0F 18 06	-----G-----				
43 02G. SA. 03. J11223	-----				
44 BF. CL. 08. CH80	-----				
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK	-----C-----				
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625	-----G-----				
47 BF. ES. 08. P1942	-----C--G--A-----				
48 01B. MY. 07. 07MYKT021	-----C-----				
49 cpx. GM. 03. N26677	-----C-----				
50 A1D. GB. 10. 12792	-----C-----				
51 01B. SG. 11. 11SG HM021	-----C-----				
52 01B. MY. 03. 03MYKL018_1	-----C-----				
53 01B. MY. 11. 11F1164	-----C-----				
54 01B. MY. 09. 09MYS0023	-----C-----				
55 01B. CN. 10. HNC5102056	-----C-----				
56 cpx. FR. 10. URF5 patient A	-----				
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg	-----C-----				
58 01B. MY. 09. 09MYP037	-----				
59 01B. CN. 09. 09LNA423	-----				
60 BC. IT. 11. BAV499	-----				
61 BC. CN. 10. J1100010	-----				
62 BC. CN. 10. YNFI13	-----				
63 02A1. RU. 10. 10RU6637	-----				
64 BC. CN. 09. YNFI31	-----				
65 cpx. CN. 10. YNFI01	-----				
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115	-----				
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73	-----				
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004	-----				
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008	-----				
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002	-----				
0. BE. 87. ANT70	-----C-----				
0. CM. 98. 98CMA104	-----C-----				
0. CM. 98. 98CMABB141	-----				
0. CM. 98. 98CMABB212	-----				
0. CM. 98. 98CMAB537	-----				
0. CM. 99. 99CMU4122	-----				
0. FR. 92. VAU	-----				
0. GA. 11. 11GAB6352	-----				
0. SN. 99. 99SE MP1299	-----				
0. US. 18. LTNP	-----				
N. CM. 02. DJ00131	-----				
N. CM. 02. SJGddd	-----				
N. CM. 04. 04CM 1015_04	-----				
N. CM. 06. U14296	-----				
N. CM. 06. U14842	-----				
N. FR. 11. N1 FR 2011	-----				
P. CM. 06. U14788	-----				
P. FR. 09. RBF168	-----				
CPZ. CD. 06. BF1167	-----				
CPZ. CM. 05. SIVcpzMT145	-----				
CPZ. GA. 88. GAB1	-----				
CPZ. TZ. 06. SIVcpzTAN13	-----				
CPZ. US. 85. US Marilyn	-----				
GOR. CM. 07. SIVgor2139 287	-----				
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con	-----				

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/SIVsmm alignment contains HIV-2 genomes, plus examples from related species SIVmne, SIVstm, and SIVmac. Compared to HIV-1, fewer HIV-2 genomes have been sequenced, so we are able to include all available HIV-2 genomes, removing only problematic sequences and multiples from the same patient. This year, we have been more selective in removing redundant SIVsmm sequences from the alignment, so it has fewer total sequences than in previous years.

The HIV-2/SIVsmm 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 *vpu* genes in some of these viruses.

The Mac239 sequence (accession M33262) is the master sequence in this alignment. The alignment was generated by a HMMER model, then subsequently codon-aligned using GeneCutter and manual edits to fix obvious misalignments. The alignment presented cannot be considered an “optimal alignment” to any single criterion; it is a compromise between optimal alignment, readability, and codon alignment. Most gaps have been introduced in multiples of 3 bases to maintain open reading frames when the alignment is translated.

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	184
Pol p15 RNase H start	4169	184
Pol RNase H end	4528	186
Pol p31 Integrase start	4529	186
Vif start	5340	191
Pol, Gag-Pol, and p31 Integrase end	5410	191
Vpx start	5812	194
Vif end	5984	195
Vpx end	6150	196
Vpr start	6151	196
Tat exon 1 start	6302	197
Vpr end	6456	197
Rev exon 1 start	6528	198
Tat Rev exon 1 end	6597	198
Tat Rev intron start	6598	198

Feature	Location	Page
Env start	6604	198
Env signal peptide end	6669	199
Env gp120 start	6670	199
V1 loop start	6940	200
V1 loop end	7104	202
V2 loop start	7108	202
V2 loop end	7236	202
V3 loop start	7534	204
V3 loop end	7635	205
V4 loop start	7807	206
V4 loop end	7899	207
V5 start	8017	207
V5 end	8034	207
Rev Responsive Element (RRE) start	8123	208
Env gp120 end	8178	208
Env gp41 start	8179	208
RRE end	8479	210
Tat Rev intron end	8805	212
Tat Rev exon 2 start	8806	212
Tat end	8902	213
Rev end	9059	214
Nef start	9077	214
Env gp41, gp160 end	9243	215
Premature stop in SMM239	9355	215
3' LTR U3 start	9462	216
TCF-1 alpha binding	9770-9785	218
Nef end	9868	218
NF- κ -B-II	9876-9884	219
NF- κ -B-I	9891-9900	219
TATA box	9949-9955	219
TAR element start	9980	220
3' LTR U3 end	9978	220
3' LTR repeat start	9979	220
TAR element end	10103	220
Poly-A signal	10132-10137	220
3' LTR R repeat end	10155	221
3' LTR U5 start	10156	221
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_KR_KRCG	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	Kuehnelt, H.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> 86 (7):2383-2387 (1989)
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	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_clone_NIHZ	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.MDS	Z48731	Guinea- Bissau	Becker, M.	Unpublished
A.IN.07.NNVA	EU980602	India	Gurjar, S.R.	<i>JAIDS</i> 52 (3); 329-35 (2009)
A.IN.95.CRIK_147	DQ307022	India	Santhosh, C.V.	<i>ARHR</i> 24 (10); 1315-7 (2008)
A.JP.08.NMC786_clone_41	AB731742	Japan	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
A.PT.x.ALI	AF082339	Portugal	Reeves, J.D.	<i>J Virol</i> 73 (9); 7795-804 (1999)
A.SN.85.ROD	M15390	Senegal	Clavel, F.	<i>Nature</i> 324 (6098):691-695 (1986)
A.SN.86.ST_JSP4_27	M31113	Senegal	Kumar, P.	<i>J Virol</i> 64 (2):890-901 (1990)
B.CI.88.UC1	L07625	Cote D'Ivoire	Barnett, S.W.	<i>J Virol</i> 67 (2):1006-1014 (1993)
B.CI.x.20_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_ALT	X61240	Ghana	Dietrich, U.	<i>Nature</i> 342 (6252):948-950 (1989)
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	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.CM.03.03CM_510_03	EU028345	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 24 (1):86-91 (2008)
H2_01_AB.CI.90.7312A	L36874	Cote D'Ivoire	Gao, F.	Unpublished
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	AB731738	Japan	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	AB731740	Japan	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	AB731744	Japan	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
U.CI.07.07IC_TNP3	KC693505	Cote D'Ivoire	Ayouba, A.	<i>AIDS</i> 27 (15):2488-2491 (2013)
U.FR.96.12034	AY530889	France	Damond, F.	<i>ARHR</i> 20 (6):666-672 (2004)

Name	Accession	Country	Author	Reference
MAC.US.x.17EC1	AY033233	United States	Anderson, M.G.	<i>Virology</i> 195 (2):616-626 (1993)
MAC.US.x.251_1A11	M76764	United States	Marthas, M.L.	<i>J Med Primatol</i> 18 (3-4):311-9 (1989)
MAC.US.x.251_32H_PJ5	D01065	United States	Rud, E.W.	(in) Brown, F, Chanock, RM and Ginsberg, HS(Eds); <i>VACCINES 92: MODERN APPROACHES TO NEW VACCINES INCLUDING PREVENTION OF AIDS: 229-235</i> ; 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.MM142_IVMXX	Y00277	United States	Chakrabarti, L.	<i>Nature</i> 328 (6130):543-547 (1987)
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.CI.79.SIVsmCI2	JX860430	Cote d'Ivoire	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	JX860431	Liberia	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	JX860432	Sierra Leone	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SL92B	AF334679	Sierra Leone	Chen, Z.	<i>J Virol</i> 70 (6):3617-3627 (1996)
SMM.US.04.G078	JX860415	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.G932	JX860416	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M919	JX860417	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M922	JX860418	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M923	JX860419	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M926	JX860420	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M934	JX860421	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M935	JX860422	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M940	JX860423	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M946	JX860424	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M947	JX860425	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M949	JX860426	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M950	JX860427	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M951	JX860428	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M952	JX860429	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.05.D215	JX860413	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.06.FTq	JX860414	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	JQ864084	United States	Wu, F.	<i>J Virol</i> 86 (16): 8835-47 (2012)
SMM.US.86.CFU212	JX860407	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
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.PBJA	M31325	United States	Dewhurst, S.	<i>Nature</i> 345 (6276):636-640 (1990)
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)
SMM.US.x.pE660.CG7G	JX648292	United States	Lopker, M.J.	Unpublished
STM.US.89.STM_37_16	M83293	United States	Novembre, F.J.	<i>Virology</i> 186 (2):783-787 (1992)

	5' LTR U3 start	
MAC.US.x.239	TGGAAGGGATTTATTACAGTGAAGAAG.ACATAGAATCTTAGACATATACCTTAGAAAAGGAAGAAGGCATCATACCAGATTGGCAGGATTACACCTCAGGACCAGGAATTAGATACCCAAAGACATTTGGCTGGCTATGGAAATTAGTCCCTGTAAATGTATCAGATGA	169
A.CI.88.UC2	-----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
A.DE.x.BEN	---C-----G-T-----AGG-G-----C-----A-G-----G-A-----A-----T-----TCAT-----G-----G-A-G-----T-TAC-----C-----G-----G-----GC-----AT-A-----G-AC-----C-A-----	169
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	-----T-----G-----AG-----G-----C-----A-G-----G-A-----T-----A-C-----T-----TCAT-----G-----G-A-G-----T-TTC-----G-----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_SBL_6669_85	0
A.GM.x.MCN13	0
A.GM.x.MCR35	0
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	-----C-G-T-----A-----C-G-T-----A-----G-A-TG-----A-C-T-----TAGT-----G-----G-A-----T-TTC-----G-----GC-----A-----A-----G-ACC-----C-A-----	169
A.GW.87_CAM2CG	0
A.GW.x.MD5	-----G-----AG-----GAGA-----A-----TT-----G-----G-A-T-----C-----A-C-T-----AGT-----G-----A-----T-----T-TTCCA-----G-----GC-----A-----A-----CC-----C-A-----	169
A.IN.07.NNVA	-----G-T-----A-----C-----T-G-----C-----A-G-----G-A-----T-----A-C-----T-----TCAT-----G-----G-A-G-----T-TGC-----C-----G-----G-----GC-----A-----A-----G-CA-CA-----C-A-----	24
A.IN.95.CRIK_147	-----G-T-----AG-----C-----T-G-----C-----A-G-----G-A-----T-----A-C-----T-----TCAT-----G-----A-G-----G-T-TTC-----G-----G-----GC-----A-----A-----G-----CC-----C-A-----	168
A.JP.08.NMC786_clone_41	-----G-T-----AG-----C-----T-G-----C-----A-G-----G-A-----T-----A-C-----T-----TCAT-----G-----A-G-----G-T-TTC-----G-----G-----GC-----A-----A-----G-----CC-----C-A-----	169
A.PT.x.ALI1	0
A.SN.85.ROD	-----C-----T-----AG-----AC-----C-----TC-----G-----T-----G-----TG-----T-T-GA-----AA-C-----T-----A-AT-----G-----G-A-G-----T-----G-----C-----G-----G-----GC-----G-----A-----G-A-----C-----G-----	169
A.SN.86.ST_JSP4_27	-----C-----T-----AG-----AC-----C-----TC-----G-----T-----G-----TG-----T-T-GA-----AA-C-----T-----A-AT-----G-----G-A-G-----T-----G-----C-----G-----G-----GC-----G-----A-----G-A-----C-----G-----	168
B.CI.88.UC1	-----C-----T-----AG-----AC-----C-----TC-----G-----T-----G-----TG-----T-T-GA-----AA-C-----T-----A-AT-----G-----G-A-G-----T-----G-----C-----G-----G-----GC-----G-----A-----G-A-----C-----G-----	169
B.CI.x.20_56	-----C-----T-----AG-----AC-----C-----TC-----G-----T-----G-----TG-----T-T-GA-----AA-C-----T-----A-AT-----G-----G-A-G-----T-----G-----C-----G-----G-----GC-----G-----A-----G-A-----C-----G-----	168
B.CI.x.EH0	-----TC-----T-----AG-----G-----A-----AC-----C-----T-----G-----T-----G-----TG-----T-T-GA-----AA-C-----T-----A-AT-----G-----G-A-G-----T-----G-----C-----G-----G-----GC-----G-----A-----G-A-----C-----G-----	169
B.GH.86.D205_ALT	-----G-----T-----AG-----C-----A-----C-----C-----T-----T-----G-----T-----G-----TG-----T-T-GC-----AA-C-----T-----TCAT-----G-----G-A-GC-----T-----C-----ATAC-----T-----G-----GC-----G-----A-----G-G-----GC-----CA-C-----	169
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	0
G.CI.92.Abt96	0
AB.CM.03.03CM_510_03	0
H2_01_AB.CI.90.7312A	-----T-----T-----A-----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-T-----	169
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	-----T-----T-----AG-----G-----A-----T-C-----T-----G-----T-----G-----T-----AG-CT-----T-GA-----AA-C-----ACAT-----G-----GG-A-----T-----ATAT-----G-----C-----A-----AA-----G-A-----GG-----CA-C-----	169
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	-----T-----T-----AG-----A-----A-----T-C-----T-----G-----T-----G-----T-----AG-CT-----T-GA-----A-C-----ACAT-----G-----GG-A-----T-----TAT-----G-----C-----A-----AA-----G-A-----GG-----CA-C-----	169
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	-----T-----T-----AG-----G-----A-----T-C-----T-----G-----T-----G-----T-----AG-CT-----T-GA-----A-C-----ACAT-----G-----GG-A-----T-----TTC-----G-----C-----A-----A-----G-A-----GG-----CA-C-----	169
U.CI.07.071C_TNP3	0
U.FR.96.12034	0
MAC.US.x.17EC1	169
MAC.US.x.251_1A11	-----T-----	169
MAC.US.x.251_32H_PJ5	-----G-----G-----	169
MAC.US.x.251_BK28	-----G-----	169
MAC.US.x.MM142_IVMXX	-----C-----	169
MNE.US.02.MNE_8	0
MNE.US.x.MNE827	0
SMM.CI.79.SIVsmCI2	0
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	0
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	0
SMM.SL.92.SL92B	0
SMM.US.04.G078	0
SMM.US.04.G932	0
SMM.US.04.M919	0
SMM.US.04.M922	0
SMM.US.04.M923	0
SMM.US.04.M926	0
SMM.US.04.M934	0
SMM.US.04.M935	0
SMM.US.04.M940	0
SMM.US.04.M946	0
SMM.US.04.M947	0
SMM.US.04.M949	0
SMM.US.04.M950	0
SMM.US.04.M951	0
SMM.US.04.M952	0
SMM.US.05.D215	0
SMM.US.06.FT0	-----A-----AG-A-----A-----T-----G-----A-G-----A-----A-----AA-----A-----G-----C-----T-T-TAC-A-----G-----C-----A-----G-----C-----	169
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-----A-----AG-A-----A-----T-----G-----A-G-----A-----A-----AA-----A-----G-----C-----T-T-TAC-A-----G-----C-----A-----G-----C-----	169
SMM.US.86.CFU212	-----A-----AG-----A-----T-----G-----G-----A-----A-----AA-----A-----G-----C-----T-T-CAC-A-----G-----C-----A-----G-----C-----	169
SMM.US.x.F236_H4	0
SMM.US.x.H9	0
SMM.US.x.PBJA	0
SMM.US.x.PGM53	-----A-----AG-A-----A-----T-----G-----A-G-----A-----A-----AA-----A-----G-----C-----T-T-TTC-----G-----G-----A-----G-----C-----	95
SMM.US.x.SNE543	-----A-----AG-A-----A-----T-----G-----A-G-----A-----A-----AA-----A-----G-----C-----T-T-TAC-A-----G-----C-----A-----G-----C-----	169
SMM.US.x.pE660_C67G	-----A-----AG-A-----A-----T-----G-----A-G-----A-----A-----AA-----A-----G-----C-----T-T-TAC-A-----G-----C-----A-----G-----C-----	169
STM.US.89.STM_37_16	-----AG-----G-----	30

HIV-2/SIV Complete Genomes

HIV-2 Genomes

[illegible]

HIV Sequence Compendium 2015

	TAR element end	Poly-A signal 5' LTR R repeat end	5' LTR U5 start	
MAC.US.x.239	ACTCTCACCAGCACTTGGCCGGTGTGGCAGAGTGACTCCACGCTTGCTTGCTT..AAAGCCCTCTTCAATAAA..GCTGCCATTTTAGAAGTAAGCTA..GTGTGTGTTCCCATCTCTCTAGCCGCCGCTGGTCAACTCGGTACTCAA.TAAT.AAGAA.....			758
A.CI.88.UC2	-----TG--C-----CA-----C-G-----	A-----C--T-A-----	T-----GT--TC-G-GT--C-----	794
A.DE.x.BEN	-----T-----A-----C-G-----	A-----G-----C--T-A-----	T-----GT--TC-G-GT--C-----	795
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	-----TG-----CA-----C-G-----	A-----G-----C--T-A-----	T-----GT--CC--GTG--C-----	774
A.GH.x.GH1	-----TG-----CA-----C-G-----	A-----G-----C--T-A-----	T-----GT--TC-G-AT--C-----	239
A.GM.87.D194	-----TG-----CA-----C-G-----	A-----G-----C--T-A-----	T-----GT--TC-G-GT--C-----	239
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	-----TG-----C-----C-G-----	A-----G-----C--T-A-----	T-----GT--TCC-G-GT--C-----	240
A.GM.x.MCN13	-----G-TG-----CA-----C-G-----	A-----G-----C--T-A-----	T-----GT--TC-G-AT--C-----	240
A.GM.x.MCR35	-----G-TG-----CA-----C-G-----	A-----G-----C--T-A-----	T-----GT--TC-G-AT--C-----	240
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	-----TG-----C-----C-G-----	A-----G-----C--T-A-----	T-----GT--TC-G-AT--C-----	238
A.GW.87.CAM2CG	-----TG-----CA-----C-G-----	A-----G-----C--T-A-----	T-----GT--CC-G-AT--C-----	805
A.GW.x.MDS	-----TG-----CA-----C-G-----	A-----G-----C--T-A-----	T-----GT--CC-G-AT--C-----	239
A.IN.07.NNVA	-----TG-----C-----C-G-----	A-----G-----C--TC-A-----	T-----GT--CC-G-GT--C-----	789
A.IN.95.CRIK_147	-----TG-----CA-----C-----	A-----G-----C--T-A-----	T-----GT--TC-G-AT--C-----	540
A.JP.08.NMC786_clone_41	-----T-----A-----C-G-----	A-----G-----C--T-A-----	T-----GT--TC-G-AT--C-----	792
A.PT.x.ALI	-----TG-----CA-----C-G-----	A-----G-----C--G-T-A-AG-----	T-----GT--CC-G-GT--C-----	790
A.SN.85.ROD	-----TG-----C-----C-G-C-----	A-----G-----C--T-A-----	T-----GT--CC-G-GT--C-----	239
A.SN.86.ST_JSP4_27	-----TG-----CA-----C-G-----	A-----G-----C--T-A-----	T-----GT--TC--AGT-AC-A-----	241
B.CI.88.UC1	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C--T-GA-----	T-----AA-G--T-C--AAT-A-----	795
B.CI.x.20_56	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C--T-GA-----	T-----A-G--C-C-G-GTTCA-----	793
B.CI.x.EH0	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C--AC-A-----	T-----T--G--C--GA-----	791
B.GH.86.D205_ALT	-----A-----A-----T-----	A-----A-----C-----A-----	T-----G--C-C-G-A-----	790
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	-----TG-----C-----C-G-----	A-----G-----C--T-A-----	T-----GT--TC--AGT-AC-A-----	241
G.CI.92.Abt96	-----G-----Y-G-----AC-----A-----	AA-----A-GT-----	T-----C-----GT--GCG--GCA-----	163
AB.CM.03.03CM_510_03	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C--TC-A-----	T-----GT--GC-G-AT--AG-----	801
H2_01_AB.CI.90.7312A	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C--TC-A-----	T-----GT--GC-G-AT--AG-----	797
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C--TC-A-----	T-----GT--GC-G-AT--AG-----	797
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C--TC-A-----	T-----GT--GC-G-AT--AG-----	797
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C--TC-A-----	T-----GT--GC-G-AT--AG-----	798
U.CI.07.071C_TNP3	-----G-----A-----C-G-----	A-----A-----C--T-A-----	T-----GT--TC-GGCT--C-----	267
U.FR.96.12034	-----T-----A-----C-G-----	A-----G-----C--T-A-----	T-----AGA-TC-CCTTAT-----	287
MAC.US.x.17EC1	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----GG-----	758
MAC.US.x.251_1A11	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----GG-----	757
MAC.US.x.251_32H_PJ5	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----GG-----G-----	758
MAC.US.x.251_BK28	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----GG-----	746
MAC.US.x.MM142_IVMXX	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----GG-----A--GACCTGG-----	247
MNE.US.82.MNE_8	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----G-----	239
MNE.US.x.MNE027	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----G-----	239
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----GG-----	0
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----GG-----	0
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----GG-----	0
SMM.SL.92.SL92B	-----A-CAGCAACA-G-CA-TGCT--GTAGAC-G-----	GA-----G--A-C-----C--TC-A--A-----T-----	TTCG--GT-C-G--G--CG-----	232
SMM.US.04.G078	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----TTG-G--AT-AG-A-----	25
SMM.US.04.G932	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----G-TAC-----	16
SMM.US.04.M919	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----G-AAC-----	22
SMM.US.04.M922	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----G-AAC-----	23
SMM.US.04.M923	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----G-AC-----	22
SMM.US.04.M926	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----GC--C-----	22
SMM.US.04.M934	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----GC--C-----	22
SMM.US.04.M935	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----G-AAC-----	23
SMM.US.04.M940	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----TTG-G--AT-AG-A-----	25
SMM.US.04.M946	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----GC--C-----	22
SMM.US.04.M947	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----G-AT-----	22
SMM.US.04.M949	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----TTGAT-----	23
SMM.US.04.M950	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----GT--C-----	22
SMM.US.04.M951	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----TTGAT-----	23
SMM.US.04.M952	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----GC--C-----	22
SMM.US.05.D215	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----GT--C-G-T-A-----	20
SMM.US.06.FT0	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----G--T-G-C-A-----	19
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----G-CAC-----	758
SMM.US.86.CFU212	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----GCTA-CAG-----	21
SMM.US.x.F236_H4	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----G-CAC-----	755
SMM.US.x.H9	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----G-AC-----	241
SMM.US.x.PBJA	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----G-AC-----	534
SMM.US.x.PGMS3	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----G-AAC-A-----	684
SMM.US.x.SME543	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----G-CAC-A-----	772
SMM.US.x.pE660_C67G	-----TG-----C-----C-G-----	A-----A-----C-----	T-----G-CAC-----	757
STM.US.89.STM_37_16	-----A-----T-----G-----	T-TAT-----A-----A-----	T-----G-----	422

	5' LTR U5 end Lys tRNA primer binding site										
MAC.US.x.239GACCCTGGT.CTGTTAGGACCCCTTCTGCTTTGGG.AAACCGAAGCA...GGAAAAATCCCTAGCAGATTGGCGCCTGAACAGGGACTTG.AAGGAGAGTGAGAGACTCC.TGAGT.ACGGCTGAGTGAAGGCAGTAAGGGCGGCAGGAACCAACCACGACGG										912
A.CI.88.UC2C-C.....T-A-G.....G.....G.....C.....-AG-C.....AG-C-T.G--AC.....-A.....										948
A.DE.x.BENCTC.....T-A-G.....G.....G.....C.....-AG-C.....AG-C-T.G--AC.T.....-A.....										949
A.DE.x.PE12_KR_KRCGCT.....G.....G.....A.....C.....C.....-G-A-C.....G--AC.....-A.....										917
A.GH.x.GH1C-C.....T-A-G.....G.....G.....C.....A-A-G.....AG-C-T.G--AC.....T.....-A.....										389
A.GM.87.D194C-C.....A.....T-A-G.....G.....G.....C.....A-A-G.....AG-C-T.G--AC.....-A.....										394
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85CT.....G.....G.....G.....G.....C.....-G-A-C.....AG-CTT.G--AC.....-A.....										394
A.GM.x.MCN13CT.....A.....A.....G.....G.....C.....A-G-A-C.....A-AG-CTT.G--AC.....-A.....										394
A.GM.x.MCR35CT.....A.....A.....G.....G.....C.....A-A-C.....A-AG-CTT.G--AC.....-A.....										394
A.GW.86.FG_clone_NIHZCT.....G.....G.....GGC.....G.....C.....A-A-C.....A-AG-CTT.G--ACA-G.....G.....GC.....										395
A.GW.87.CAM2CGCT.....A.....G.....G.....G.....C.....A-A-C.....A-AG-CTT.G--AC.....-A.....										959
A.GW.x.MDSCT.....G.....G.....G.....G.....C.....A-A-C.....AGTCTT.GA-AC.....-A.....										393
A.IN.07.NNVACT.....T-A-G-T.....G.....G.....C.....A-GC.....AG-C-T.G--AC.....-A.....										943
A.IN.95.CRIK_147CT.....A-C.....G.....T.....G.....C.....-C.....AGTCTT.G--AC.....-A.....										695
A.JP.08.NMC786_clone_41CT.....G.....G.....G.....G.....C.....-AG-C.....AG-C-T.G--AC.....-A.....										946
A.PT.x.ALICT.....G.....G.....G.....G.....C.....-A-C.....AGTCTA.G--AC.....-A.....										944
A.SN.85.RODCT.....G.....G.....G.....G.....C.....-A-C.....AGTCTT.G--AC.....-A.....										393
A.SN.86.ST_JSP4_27CT.....A-G.....G.....G.....C.....-A-C.....AG-CTT.G--AC.....-A.....										395
B.CI.88.UC1CT.....A-G.....G.....G.....C.....A-A.....T-T.G--C.....-T.....										949
B.CI.x.20_56C.....G-T-G.....A.....C.....A-A.....T-T.G--C.....-T.....										947
B.CI.x.EH0A.....C.....A-G.....G.....C.....C.....G-A.....T-T.G-GAC.....-T.....										945
B.GH.86.D205_ALTCT.....G.....G.....G.....C.....C.....G-A.....T-T.G-GAC.....-T.....										946
B.JP.01.IMCJ_KR020_1CT.....G.....G.....G.....C.....C.....G-A.....T-T.G--C.....-T.....										91
G.CI.92.Abt96R.G--AG-G.....G.....C.....-GAAG.....T-CTT--AC.....A.....T.....										317
AB.CM.03.03CM_510_03CT.....T.....G.....C.....C.....G-A.....T-T-AG--C.....A.....T.....										85
H2_01_AB.CI.90.7312ACT.....T.....G.....C.....CC.....A-A.....T-T.G--AC.....A.....T.....										954
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20CT.....T.....G.....C.....CC.....A-A.....T-T.G-GAC.....A.....C.....T.....										950
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01CT.....T.....G.....G.....C.....CC.....A-A.....T-T-AG-GAC.....A.....T.....										951
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10CT.....T.....G.....G.....C.....CC.....A-A.....T-T.G-GAC.....A.....C.....T.....										951
U.CI.07.071C_TNP3A.....A.....CT--T.....A-G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										421
U.FR.96.12034A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....T-T-TGA-AC.T.....G.....-A.....										440
MAC.US.x.17EC1A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										912
MAC.US.x.251_1A11A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										911
MAC.US.x.251_32H_PJ5A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										912
MAC.US.x.251_BK28A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										899
MAC.US.x.MM142_IVMXXA.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										409
MNE.US.02.MNE_8A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										393
MNE.US.x.MNE027A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										393
SMM.CI.79.SIVsmCI2A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										4
SMM.LR.89.SIVsmLIB1A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										4
SMM.SL.92.SIVsmSL92AA.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										4
SMM.SL.92.SL92BAG.....A-C-A-C-ACTC.....GGCAACTCTCTGAGT-A-T-G-T.....C-G.....AC.....GAC.T.....T-G.....										375
SMM.US.04.G078A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										179
SMM.US.04.G932A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										170
SMM.US.04.M919A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										175
SMM.US.04.M922A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										176
SMM.US.04.M923A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										174
SMM.US.04.M926A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										176
SMM.US.04.M934A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										176
SMM.US.04.M935A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										176
SMM.US.04.M940A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										179
SMM.US.04.M946A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										176
SMM.US.04.M947A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										175
SMM.US.04.M949A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										167
SMM.US.04.M950A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										176
SMM.US.04.M951A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										177
SMM.US.04.M952A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										176
SMM.US.05.D215A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										173
SMM.US.06.FT0A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										174
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										911
SMM.US.86.CFU212A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										175
SMM.US.x.F236_H4A.....A.....CT--T.....AG.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										908
SMM.US.x.H9S.....Y.....G.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										394
SMM.US.x.PBJAC.....G.....G.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										687
SMM.US.x.PGMS3C.....G.....G.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										837
SMM.US.x.SME543C.....G.....G.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										924
SMM.US.x.pE660_C67GC.....G.....G.....G.....G.....C.....G.....G--AC.....-A.....										910
STM.US.89.STM_37_16CT-T-G.....-A.....C.....G.....G--AC.....-A.....										576

[illegible]

HIV-2/SIV Complete Genomes

HIV-2 Genomes

MAC.US.x.239
 Gag
 A.CI.88.UC2
 A.DE.x.BEN
 A.DE.x.PE12 KR.KRCG
 A.GH.x.GH1
 A.GM.87.D194
 A.GM.x.ISY.SBL.6669_85
 A.GM.x.MCN13
 A.GM.x.MCR35
 A.GW.86.FG.clone.NIHZ
 A.GW.87.CAM2CG
 A.GW.x.MDS
 A.IN.07.NNVA
 A.IN.95.CRIK.147
 A.JP.08.NMC786.clone.41
 A.PT.x.ALI
 A.SN.85.RDD
 A.SN.86.ST.JSP4_27
 B.CI.88.UC1
 B.CI.x.20.56
 B.CI.x.EH0
 B.GH.86.D205.ALT
 B.JP.01.IWCJ.KR020_1
 B.CI.92.Abt96
 AB.CM.03.03CM.510.03
 H2.01.AB.CI.90.7312A
 H2.01.AB.JP.04.NMC307_20
 H2.01.AB.JP.07.NMC716_01
 H2.01.AB.JP.08.NMC842_10
 U.CI.07.07IC.TNP3
 U.FR.96.12034
 MAC.US.x.17EC1
 MAC.US.x.251.1A11
 MAC.US.x.251.32H.PJ5
 MAC.US.x.251.BK28
 MAC.US.x.MN142.IVMXX
 MNE.US.82.MNE.8
 MNE.US.x.MNE827
 SMM.CI.79.SIVsmCI2
 SMM.LR.89.SIVsmLIB1
 SMM.SL.92.SIVsmSL92A
 SMM.SL.92.SL92B
 SMM.US.04.6078
 SMM.US.04.G932
 SMM.US.04.M919
 SMM.US.04.M922
 SMM.US.04.M923
 SMM.US.04.M926
 SMM.US.04.M934
 SMM.US.04.M935
 SMM.US.04.M940
 SMM.US.04.M946
 SMM.US.04.M947
 SMM.US.04.M949
 SMM.US.04.M950
 SMM.US.04.M951
 SMM.US.04.M952
 SMM.US.05.D215
 SMM.US.06.FTQ
 SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
 SMM.US.86.CFU212
 SMM.US.x.F236.H4
 SMM.US.x.H9
 SMM.US.x.PBJA
 SMM.US.x.PGW53
 SMM.US.x.SME543
 SMM.US.x.pE660.CG7G
 STM.US.89.STM_37_16

GAAGGATGTCAAAAAATACTTTCGGTCTTAGCTCCATTAGTGCCACAGGCTCAGAAAAATTTAAAAAGCCTTTATAACTGCTGCTGCTCATCTGGTGCAATTCACGCAGAGAGAAAGTGAACACACTGAGGAAGCAAAACAGATAGTCAGAGACACCTAGTGGTGGG 1384
 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 K V K H T E E A K Q I V Q R H L V V E
 ---T-C---G-T-CA-A-T-A---A---G---T---C---T---G---A-AC---A---T---CA- 1434
 ---T-C---G-T-CAGA-T-A---A---G---T---C---T---G---G-T---GA-AC---CA---T---CA- 1434
 ---T-C---TA-A-A-T-A---A---G---T---T---G---G-T---A-G---A---A---T---CA- 1402
 ---T-C---G-T-CA-A-T-A---A---G---T---C---A---G-T---A---A-AC---A---T---CA- 875
 ---T-C---G-T-AAA-T-AA---A---G---T---C---A---G-T---A---GA-AC---CA---T---CA- 878
 ---T-C---TA-A-T-AA---A---G---T---AC---T---G---G-T---A---AGA---AGG---T---CA- 878
 ---T-C---G-T-A-A-T-G---A-G---T---T---A---G-T---A-G---A---A---T---CA- 879
 ---T-C---G-T-A-A-T-A---A-G---T---T---A---G-T---A-G---A---A---T---CA- 879
 ---T-C---G-T-A-A-T-A---A-G---T---T---A---G-T---A-G---A---A---T---CA- 878
 ---T-C---G-T-AAA-T-AA---A---G---T---T---A---G-T---A---AGA---CA-T---T---CA- 1443
 ---G-T-C---T-A-A-T-A---A-G---T---T---A---G-T---A---A-T-C-CA-G---T---CA- 878
 ---G-T-C---T-A-A-T-A---A-G---T---T---A---G-T---A---A---A---T---CA- 1428
 ---G-T-C---T-A-A-T-A---A-G---T---T---A---G-T---A---A---A---T---CA- 1179
 ---T-C---G-T-A-A-T-AA---A---G---T---T---A---G-T---A---A---C---T---CA- 1430
 ---T-C---G-T-AAA-T-AA---A---G---T---T---A---G-T---A---A---A---T---CA- 1427
 ---G-T-C---T-A-A-T-A---A-G---T---T---A---G-T---A---A-G---A---G---T---CA- 877
 ---G-T-C---T-A-A-T-A---A-G---T---T---A---G-T---A---A---A-G---T---CA- 879
 ---C---T---A---A---A---T---AC---T---G---A---A---CA---C---T---C---C--- 1415
 C---C---G---T---GAAA---GA---A---T---T---C---T---G---G-T---A---CA---C---T---CA- 1413
 ---C---G---T---GAAA---GA---A---T---T---C---T---G---G-T---A---CA---C---T---CA- 1411
 ---C---T---AAA---AA---A---G---T---TC---T---G---G-T---A---CA---C---T---CA- 1410
 ---T-C---T---A---A---A---G---T---T---AC---TC---G---T---A---T---T---C---C---A- 356
 ---T-C---T---A---A---A---G---T---T---AC---TC---G---T---A---T---A---AG---T---A- 797
 ---C---T---AAA---A---A---T---TC---C-G---G-T---A---G---A---CA---C---T---C--- 546
 ---G---T---A---A---A---G---G---T---T---A---A---A---C---CA---C---T---A- 1416
 ---G---T---A---C---A---G---G---T---T---A---A---A---C---CA---C---T---CA- 1415
 ---G---T---A---AAA---A---G---G---T---T---A---A---A---C---CA---C---T---CA- 1415
 ---G---T---A---C-C---A---A---G---G---T---T---A---A---A---C---CA---C---T---CA- 1415
 ---T---T---A---A---G---G---G---AC---T---G---T---AC---A---A---T---C---A- 902
 ---TT-A---G---T---G---G---TT-G---T---G---A---A---T---C---A- 913
 ---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A--- 1384
 ---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A--- 1383
 ---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A--- 1385
 ---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A--- 1372
 ---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A--- 882
 ---C---C---C---C---C---C---C---C---C---C---C---C---C---C---C---C---C---C--- 864
 ---C---C---C---C---C---C---C---C---C---C---C---C---C---C---C---C---C---C--- 864
 ---C---TT-G-A-T---A-G---T---T---G---T---A-T---C---A---A---T---A- 480
 ---T---T---G-A-G-T---T---T---G---T---C---A---A---T---A---A---T---A- 469
 ---T---G-TT-G-A-G-T---T---C---G---T---A---AT---A-T---G---A---A---C---A- 477
 ---G---T-AG-A-AC---A---G---T---G-T---G---AG-T---TC-G---AT---G---A---T---GA-A-C---A---C---T---A- 824
 ---C---T---C---C---A---G---T---G---T---G---T---T---TC---T---A---G---G---A---A---T---T--- 650
 ---C---T---A---A---T---A---G---T---G---C---T---TC---T---A---G---T---A---A---T---T--- 642
 ---C---G---A---A---T---A-T-G---T---G---C---T---T---T---A---G---T---A---A---T---T--- 647
 ---T---TA-A-T---T-G---T---G---C---T---T---T---A---C---A---T---T---C--- 648
 ---T---T---A---T---T-G---T---G---C---T---T---T---A---C---A---T---T---T--- 647
 ---C---G---T---A---T---T---T---G---C---T---T---T---A---G---T---A---T---CT--- 647
 ---T---TA-G-A-T---T-G---T---G---C---T---T---T---A---G---T---A---T---T--- 648
 ---C---T---C---C---A---G---T---G---T---G---C---T---T---G---A---A---A---T--- 650
 ---T---G---T---A---T---AA---T---G---T---G---C---T---T---TT-G---A---G---AG---A---T--- 646
 ---T---G---T---C---A---G---T---G---T---G---C---T---T---T---A---A---T---T--- 647
 ---T---G---T---C---A---C---T---G---T---G---C---T---T---C---C---T---A---T--- 638
 ---T---G---T---A---T---T-G---T---G---C---T---T---T-G---T---AG---T---T--- 646
 ---C---T---C---A---T---C-G---T---G---T---G---C---T---T---T-G---T---A---T--- 647
 ---T---G---T---A---T---T-G---T---G---C---T---T---T-G---G---T---AG---T--- 646
 ---T---G---TA---A---T---A---G---T---G---C---T---T---T-G---T---A---T--- 644
 ---T---T---C---A---T---A---T---G---T---G---C---T---T---C---C---T---A---T--- 657
 ---T---R---T---A---T---ACA---G---G---C---C---Y---T---Y---A---A---T---A- 1383
 ---T---T---A---T---T-G---T---C---G---C---C---T---Y---A---A---T---T--- 636
 ---T---T---A---T---T-G---T---C---G---C---C---C---T---A---A---T---T--- 1380
 ---T---T---A---T---T-G---T---G---C---C---C---T---A---A---T---T--- 866
 ---T---T---A---T---T-G---T---G---C---C---C---T---A---A---T---T--- 1159
 ---T---TA---A---T---T-G---T---G---C---T---T---A---A---T---T--- 1310
 ---T---T---T---T---T-G---T---G---C---T---T---A---A---T---T--- 1396
 ---T---T---T---T---T-G---T---G---C---T---T---A---A---T---T--- 1382
 ---G---TA-AA---AA---T---G---T---T---T---T---T---T---G-AG-G-AA---T---T---A- 1040

HIV-2/SIV Complete Genomes

HIV-2 Genomes

[illegible]

MAC.US.x.239
Gag
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR.KRCG
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY.SBL.6669_85
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.F6 clone NIHZ
A.GW.87.CAN2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CRIK.147
A.JP.08.NMC786 clone 41
A.PT.x.ALI
A.SN.85.RDD
A.SN.86.ST.JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EH0
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.INCJ.KR020_1
G.CI.92.Abt96
AB.CH.03.03CM.510.03
H2.01.AB.CI.90.7312A
H2.01.AB.JP.04.NMC307_20
H2.01.AB.JP.07.NMC716_01
H2.01.AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC.TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.MN142.IVMXX
MNE.US.82.MNE.8
MNE.US.x.MNE827
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.6078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.F236.H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PGMS3
SMM.US.x.SME543
SMM.US.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM_37_16

GCTCCA...CAACAAGGACAACCTAGGGAGCCGTAGGATCAGATATTGCAGGAACAACCTAGTTTCAGTAGATGAACAAATCCAGTGGGATACAGACAACAGAACCCCATACAGTAGGCAACATTTCAGAGAGATGGATCCAACTGGGGTTGCAAAAATGTGTGAGAAT 1882
A P Q Q G O 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 G L Q K C V R M
-GC-CTTA-C-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-C--G-G--1935
-GC-CTTA-C-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-C--G-G--A-1935
-GC-CTTG-C-GC--G-G--A-A--AAG-G-T-C-A--G--A-CA--A-G--TT-GC-A-T-T-G-G-G--C-T--GA-A-AC--G-G-C--G-1903
-GC-CTTA-C-GC--G-G--A-C--AAG-G-T-C-A--A-CA--A-G--T-GC-A-T-T-G-G-G--G-C-A--GA-A-C-A-G-G--G-1379
-GC-CTTA-C-GC--G-G--A-C--AAGG-G-T-C-A--A-CA--A-G--T-G-CA-T-T-G-G-G--G-C-A--GA-A-C-A-G-G--G-1379
-GC-CTTA-C-GC--G-G-C-A-T-ACG--T-C-A--G--A-CA--G-G-G-A-T-G-G-A-T-TG--A-C-T--GA-A-AC--G-G-G--G-1379
-G-CTTA-C-GC--G-G--A-A--AAG-G-T-C-A--G--A-CA--G-G--TT-G-C-A-T-G--G-A-C-T--GA-A-AC--G-G-C--G-1380
-G-CTTA-C-GC--G-G--A-A--AAG-G-T-C-A--G--A-CA--G-G--TT-G-C-A-T-T-G-G-G--A-C-T--GA-A-AC--G-G-C--G-1380
-GC-CTTA-C-GC--G-G--A-A--AAG-G-T-C-A--G--A-CA--A-G--TT-GC-A-T-T-G-G-G--G-C-A--GA-A-AC--G-G-C--G-1373
-GC-CTTA-C-GC--G-G--C-A-C--AAG-G-T-C-A--A-CA--A-G--T-GG-A-T-T-G--G-C-T-A--T-GA-A-C-A-G-G--G-1944
-GC-CTTA-C-GC--G-G--A-A--AAG-G-T-C-A--G--A-CA--A-G--T-GG-A-T-TG--G-A-C-T-A--GA-A-C-G-G--G-1379
-GC-CTTA-C-GC--G-G-C-A-A--AAG-G-T-C-A--G--A-CA--A-G-G-G--TT-GC-A-T-TG--G-A-C-T-A--GA-A-C-G-G--G-1929
-GC-CTTA-C-GC--G-G--A-A--AAG-G-T-C-A--G--A-CA--A-G--TT-GC-A-T-TG--G-A-C-T-A--GA-A-AC--G-G-G--G-1680
-GC-CTTA-C-GC--G-G-C-A-C--AAGG-G-T-C-A--G--A-CA--A-GC--TT-G-G-CA-T-T-G-G-G--G-C-T-A--GA-A-C-A--G-1931
-GC-CTTA-C-GC--G-G--A-A--AAG-G-T-C-A--G--A-CA--A-G--T-G-C-G-T-TG--G-G-C-T-A--GA-A-C-A-G-G--G-1928
-GC-CTTA-C-GC--G-G--A-A--AAGG-T-C-A--G--A-CA--A-G--TT-GC-A-T-TG--A-C-T-A--GA-A-A--G-G-G--G-1378
-GC-CTTA-C-GC--G-G-C--A--AAGG-T-C-A--G--A-CA--A-G-G--TT-GC-A-T-TG--A-G-C-T-A--GA-A-C-A-G-G-C--G-1380
-G-CTG-C-GC--G-G--C-CAG-G--A--C-C-CA--G--A--GGC-A-T-TG-T-G-G--G--A--T-A-A-C-G--G--C-G-1901
-G-CTG-C-GC--G-G--C-CAG-G--A--C-C-CA--G--A--GGC-A-T-TG-T-G-G--G--A--T-A-A-C-G--G--C-G-1899
-GC-ATG-C-GC--G-G--C-A--AAG-G-C-A-G--C-C-CA--A--G-A--CC-A-T-TG-T-G-G--G-A-C-T-A-G--T-GT-A-C-A-G--C-G-1897
-GC-ATG-CGGC--G-G--C-AAG-G-C-A--G--C-C-CA--G-G-G--GGG-A-T-TG-C--G-A--T-G--T-T-A-A--G--C--G-1896
-GC-ATG-C-GC--G-G--C-AAG-G-C-A--G--C-C-CA--G-G-G--GGC-A-T-TG-C--G-A--T-GT-A--G--C--G-1042
-GG-GCCG-C-GC--G-G--M-C--A-A--A--G-C--A-A--CAC--G-G-A--T--A-T-Y-T-A--RT-A-AC-T--G--G-1298
-GC-CTG-CGGC--G-G--A-C--AAGG--A-G--C-C-CA--G--G-A--GGGC-A-T-T-C--G-A--T-A--T-A-A--G--G--C-G-1032
-G-CTG-C-GC--G-G--C-CAG--A-G--C-C-CA--G--G-A--GGGT-A-GT-T-C--G--G--T-A--T-G-A-A--G-G--C-G-1902
-G-CTG-C-GC--G-G--C-A-CAG--A-G--C-C-CA--G--A--GGGT-A-TT-C--G--G--T-A--T-T-A--G--G--C-G-1901
-G-CTG-C-GC--G-G--C-A-CAG--A-G--C-C-CA--G--A--GGGT-A-TT-G-C--G--G--T-A--T-A-A--G--G--G-1907
-GC-CTA-C-GC--G-G--A-A--TAGG-G--C-A--C-C-CA-G-G-A--G-A--T-G--A-T-T-G--A-C--T-A--T-T-A-AC-C--G-1403
-GC-CCA-C-GC--G-G--A-AAG--T-T--C-A--G-A-G-G-A--G-G--G-CG-A-T-A--G-G-T-C-TC--T-CC-A--T--1414
-----G-----1882
-----G-----1881
-----G-----1883
-----G-----1870
-----G-----1380
-----G-----1362
-----G-----1362
-----G-----1362
-GG-TTG-CGGC--GT-G-A-A--AGT-C-C--A-A-G-G--A--G--A--TG--T-G-C-T--T--C-A-G--G--981
AGC-ATA-C-GC--G-G--A-C--AAG-T-C-A-T-C-C--A-A-G-G--A--G--A--T-G--T-A--T-AA-C--G--970
-G-CTC-C-GC--G-G--C--AAG-T--A--CA--A--G--A--GGCTGCC--C-G--C-C-C--T-A--T-A--G--T--978
C-GG-GCAA-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--AC-C--G--1325
-GC-CTA-C-GC--G-G--C-A-A--AAGG-C-T-A--C--C-A--G-A--G--G--T-G-A--T-A--T-A--T-A--G--1151
SMM.US.04.G932--G-G--C-C--AAG--C-T-A--G-C--A--G-A--G--T-G-A--T--T-C-A--T-A--T-A--G--1143
-G-ATA-C-GC--G-G--C-A-C--AAG--T--A--A--G-A--G--T-G-G--T--G-A--T--T-A--G--1148
-G-CTA-C-GC--G-G--A-AAG--T--A--G-A--G--T--T-G-A--T--G-A--C--T-A--G--T-A--G--1149
-G-GCTA-C-GC--G-G--A-AAG--C--C--CA--A--G--T--T-G-G-A--T--T-G-A--C--A-G--GT-A-C-G--A-G--1148
-GC-TTG-C-GC--G-G--C-A-A--AAG--C--C--CA--A--G--T--T-G-G-A--T--G-A--C--A-G--T--T-A--G--1148
-G-TTA-C-GC--G-G--C-A--AAG-G--C--C--CA--A--G-A--G--T--T-G--T--T-G-A--C--A--G--1146
-G-ATA-C-GC--G-G--A-T--AAG--T--A--G-A--G--T--T-G--T--T-G-A--T-C--T--A--G--1149
-GC-GTTA-C-GC--G-G--A-AAGG-C-T-C-A--C-C-A--G-A--G--A--T-G-G-A--G--T-G--T-A--T-C-G--G--1151
-G-TTG-C-GC--G-G--A-AAG--C--C--CA--A--G-A--G--A--T-G-G-A--T--T-G-A--G--G-T-C-A--G--1147
-G-ATA-C-GC--G-G--A-T--AAG--C--C--CA--A--G-A--G--T--T-G-G-A--T--T-G--T--T-A--G--T-A--G--1148
-GC-CTA-C-GC--G-G--A-AAG--C-T-C-A--C-C-A--G-A--G--A--T-G-A--TG-G-T-G--T-A--T-AC-G-G--G--1147
-G-TTG-C-GC--G-G--C-A--AAG--C--C--CA--A--G-A--G--T--T-G--T--T-G-G--T--T-A--G--1147
-GC-GCTA-C-GC--G-G--C-A--A--G-T-C--C-C-A--G--G--A--T-G-G-A--T--G--A--C--A-G--T--A--G--1145
-GC-ATA-C-GC--G-G--C-A-C--AAG--C--C--CA--A--G-G-AG-A--T-G-G-A-T--T--T-C--A--G--G-T-A--G--1161
-G-CCA-C-GC--G-G--C-AAG--C--C--CA--A--G--A--G--G--A--T--T-A-G--T-A-G--T-A-C--G--A--1884
-G-ATA-C-GC--G-G--C-AAG-R--A--C-C-CA--G-A--G--T--G-G-T-G--G--A-C--T--T--T--G-G--1137
-G-CTA-C-GC--G-G--A-AAG--C--C--CA--A--G--A--G--A--T--T-A-G--T-A-G--T-A-C--G--A--1881
-G-ATA-C-GC--G-G--A-AAGR--C--C--CA-S--C--T-A--Y--G-G-A--T--C--R-G--T-A-C--G--C-A--1367
-G-GATA-C-C--G-G--A-AAG--C--C--CA--A--G--T--T-G-A--T--T-C-A--G--T-A-C--G--A--1660
-G-ATA-C-GC--G-G--C-A-T--AAG--C--C--CA--A--G--T--T-G--T--G-A--T--T-A--G--1811
-G-CTA-C-GC--G-G--A-AAG--C--C--CA--A--G--A--G--A--T--T-A-G--T-A-C--G--A--1897
-G-CTA-C-GT--G-G--A-AAG--C--C--CA--A--G--A--G--A--T--T-A-G--T-A-C--G--A--1883
-G--GCTG-C-GC--G-G--A-A--AAGC--G--A--G--T--C--CC--G--T--A--C-G-G-A--T-T--G--A--C--T--A-C-A--1544

[illegible]

[illegible]

[illegible]

MAC.US.x.239
Pol
Gag
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR_KRCG
A.GH.x.GH1
A.GH.x.01_94
A.GM.x.ISY_SB1_6669_85
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.GF_clone NIHZ
A.GW.x.CM2CG
A.GW.x.MD5
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CRK 147
A.JP.08.NMC786_clone A1
A.PT.x.ALD
A.SN.85.Rod
A.SN.86.ST_JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20_56
B.CI.x.EHO
B.GH.86.D205 ALT
B.GP.01.LMCJ_KR020_1
B.GP.02.Abt96
AB.CM.03.03CM 510_03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.07.NMC307_20
H2 01 AB.JP.07.NMC716_01
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251_1A11
MAC.US.x.251_32H PJ5
MAC.US.x.51BK28
MAC.US.x.MM142 IVMXx
MNE.US.82.NME2
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVSmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVSmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G08
SMM.US.04.G832
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M931
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M943
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.05.D215
SMM.US.15.SIVSmE660_FL10
SMM.US.86.FU212
SMM.US.x.F236 H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PCM53
SMM.US.x.SME543
SMM.US.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM 37_16

[illegible]

[illegible]

MAC.US.x.239
Pol
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR.KRCG
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY.SBL.6669_85
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.F6 clone NIHZ
A.GW.87.CAN2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CRIK.147
A.JP.08.NMC786 clone 41
A.PT.x.ALI
A.SN.85.RDD
A.SN.86.ST.JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EH0
B.GH.86.D205.ALT
B.JP.01.IMCJ.KR020_1
G.CI.92.Abt96
AB.CH.03.03CM.510.03
H2.01.AB.CI.90.7312A
H2.01.AB.JP.04.NMC307_20
H2.01.AB.JP.07.NMC716_01
H2.01.AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC.TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.MN142.IVMXX
MNE.US.82.MNE.8
MNE.US.x.MNE827
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.F236.H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PGMS3
SMM.US.x.SME543
SMM.US.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM_37_16

CTGTAGAAGTATTACTGGATACAGGGCTGATGATTCTATTGTAACAGGAATAGAGTTAGGTCCACATTATACCCCAAAATAGTAGGAGGAATAGGAGGTTTTATTAACTAAAGAATACAAAAATGTAGAAATAGAAAGTTTTAGGCAAAAGGATTAAGGGGACAAATC 2779
Q P V E V L L D T G A D D S I V 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
-G-----C-----A-----C-----A-----A-----G-----GGACA-----C-----T-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----T-----G-----A-----AC-----AAT-----AG-----A-----G-----CC-----C-----A-----2862
-G-----C-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----GGACA-----C-----T-----G-----G-----G-----A-----A-----C-----C-----C-----G-----T-----A-----AC-----AAT-----AG-----A-----G-----CC-----C-----A-----2862
-A-----C-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----GGACA-----GT-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----G-----T-----A-----AC-----AAT-----AG-----A-----G-----CC-----C-----A-----2830
-G-----C-----T-----A-----C-----C-----A-----A-----GG-----C-----GGACA-----C-----T-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----GATT-----A-----A-----G-----AC-----AAT-----AG-----A-----G-----CC-----C-----A-----2836
-G-----C-----A-----C-----A-----C-----A-----A-----G-----GGACA-----C-----T-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----AG-----GC-----AAT-----A-----G-----A-----G-----CC-----C-----A-----2836
-A-----T-----A-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----GGACA-----GT-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----AG-----GC-----AAT-----A-----G-----A-----G-----CC-----C-----A-----2830
-A-----TC-----G-----A-----C-----G-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----GGACA-----GT-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----G-----T-----A-----A-----T-----A-----G-----A-----G-----CC-----C-----A-----2837
-A-----TC-----G-----A-----C-----G-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----GGACA-----GT-----G-----G-----T-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----G-----T-----A-----A-----T-----A-----G-----A-----G-----CC-----C-----A-----2837
-A-----T-----GT-----A-----C-----A-----A-----C-----A-----A-----G-----G-----GGACA-----GT-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----G-----T-----A-----A-----T-----A-----G-----A-----G-----CC-----C-----A-----2830
-A-----T-----GT-----A-----C-----A-----A-----C-----A-----A-----G-----A-----GGACA-----C-----T-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----G-----T-----G-----A-----AC-----AAT-----AG-----A-----G-----CC-----C-----A-----2871
-A-----T-----C-----G-----C-----G-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----AAGCA-----GT-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----G-----T-----G-----A-----AG-----GC-----AAT-----A-----G-----A-----G-----CC-----C-----A-----2836
-A-----T-----G-----A-----C-----G-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----AAGTG-----AT-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----AG-----GC-----AAT-----A-----G-----A-----G-----CC-----C-----A-----2856
-A-----T-----A-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----AAGTA-----GT-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----T-----C-----A-----AC-----AAT-----AG-----A-----G-----CC-----C-----A-----2867
-A-----C-----C-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----GAACA-----C-----T-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----AC-----AAT-----AG-----A-----G-----CC-----C-----A-----2858
-A-----G-----T-----A-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----GAACA-----C-----T-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----TG-----G-----A-----AC-----AAT-----AG-----A-----G-----CC-----C-----A-----2855
-A-----C-----GT-----A-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----GAACA-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----G-----T-----G-----A-----AG-----GC-----AAT-----A-----G-----ACGG-----CC-----C-----A-----2838
-A-----T-----G-----A-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----CG-----GAACA-----GT-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----AG-----A-----AAT-----AG-----A-----G-----CC-----C-----A-----2837
-A-----G-----C-----A-----C-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----AGCA-----C-----C-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----G-----G-----A-----AG-----G-----A-----AG-----A-----G-----CA-----T-----A-----2843
-A-----G-----A-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----AGTA-----C-----C-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----G-----G-----A-----AG-----G-----A-----AG-----A-----G-----CA-----T-----A-----2838
-A-----A-----C-----A-----A-----C-----A-----A-----G-----G-----CAGCA-----C-----C-----T-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----AG-----A-----A-----AG-----A-----G-----CA-----G-----A-----2833
-A-----A-----C-----A-----A-----C-----A-----A-----G-----G-----AGCA-----C-----C-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----G-----G-----A-----AG-----G-----A-----AG-----A-----G-----CA-----T-----A-----2838
-A-----C-----T-----A-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----AGTG-----C-----T-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----G-----G-----A-----AG-----G-----A-----AG-----A-----G-----CA-----T-----A-----1984
-A-----C-----T-----A-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----AAGTA-----GT-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----TA-----GG-----A-----A-----AC-----G-----CT-----TG-----T-----1819
-A-----A-----C-----A-----C-----R-----C-----C-----A-----A-----G-----AY-----AGCA-----C-----C-----G-----R-----G-----A-----C-----C-----G-----A-----AG-----G-----A-----CAG-----A-----GG-----CA-----T-----A-----1974
-A-----G-----A-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----AAGCA-----C-----C-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----G-----CA-----A-----AG-----A-----A-----G-----A-----GGT-----CA-----T-----A-----2844
-A-----G-----A-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----AAGCA-----C-----C-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----G-----CA-----A-----AG-----A-----A-----G-----A-----GG-----CA-----T-----A-----2844
-A-----G-----C-----A-----C-----C-----C-----A-----A-----GG-----A-----AAGCA-----C-----C-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----G-----CA-----A-----AG-----A-----A-----G-----A-----GG-----CA-----T-----A-----2849
-G-----T-----A-----C-----C-----C-----A-----A-----GG-----A-----AGT-----A-----CA-----T-----CT-----G-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----TTC-----C-----A-----C-----A-----A-----G-----CA-----G-----G-----A-----G-----CC-----C-----2294
-A-----A-----C-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----TA-----A-----AA-----T-----T-----CT-----G-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----TTC-----C-----A-----C-----A-----A-----G-----CA-----G-----G-----T-----C-----A-----2344
-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----A-----G-----2779
-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----A-----G-----2778
-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----A-----G-----2780
-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----A-----G-----2755
-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----A-----G-----2265
-----C-----T-----A-----G-----A-----2247
-----C-----C-----T-----G-----A-----2247
-A-----C-----T-----C-----A-----C-----A-----A-----GG-----A-----G-----T-----GG-----G-----G-----A-----GG-----G-----C-----A-----T-----AC-----CC-----T-----AG-----A-----G-----C-----T-----1899
-G-----C-----T-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----G-----T-----G-----T-----T-----A-----A-----G-----TG-----G-----G-----AC-----G-----G-----A-----GG-----A-----C-----1858
-G-----G-----T-----A-----C-----A-----C-----A-----A-----G-----A-----ATT-----A-----AA-----G-----T-----G-----T-----T-----A-----C-----A-----C-----A-----C-----G-----G-----TA-----TC-----C-----G-----GAAG-----A-----G-----CC-----C-----G-----1860
-CC-----G-----TC-----C-----A-----C-----C-----A-----G-----G-----GGG-----C-----A-----G-----T-----G-----G-----T-----A-----C-----A-----A-----T-----G-----CA-----A-----TC-----C-----A-----GGTA-----A-----G-----AA-----C-----A-----2210
-G-----G-----T-----C-----C-----C-----A-----A-----GG-----G-----G-----A-----G-----T-----C-----C-----AC-----C-----C-----G-----G-----A-----C-----G-----T-----A-----G-----A-----T-----2039
-C-----G-----T-----A-----C-----A-----GG-----G-----AC-----A-----A-----T-----T-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----A-----GGTA-----G-----A-----T-----2033
-C-----C-----A-----C-----A-----G-----G-----G-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----C-----GGTA-----G-----A-----T-----2034
-C-----C-----GT-----A-----A-----G-----G-----A-----G-----A-----T-----T-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----A-----GTA-----G-----A-----T-----2033
-C-----C-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----T-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----C-----A-----T-----2033
-C-----C-----G-----A-----C-----C-----C-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----C-----GTA-----G-----A-----T-----2031
-C-----C-----G-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----C-----GTA-----G-----A-----T-----2034
-G-----G-----T-----C-----A-----C-----C-----A-----GG-----G-----A-----A-----G-----C-----T-----C-----G-----A-----G-----A-----G-----T-----A-----G-----A-----T-----2039
-C-----C-----A-----C-----C-----C-----A-----GG-----G-----A-----G-----A-----C-----T-----T-----G-----GA-----A-----C-----GGT-----G-----A-----T-----2032
-G-----G-----T-----C-----A-----C-----C-----A-----GG-----G-----A-----A-----A-----C-----C-----C-----T-----G-----GA-----A-----C-----GGT-----G-----A-----T-----2033
-C-----G-----T-----C-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----A-----G-----C-----T-----G-----A-----A-----T-----A-----A-----T-----A-----T-----2027
-C-----G-----C-----G-----T-----C-----C-----C-----GG-----G-----A-----A-----G-----C-----G-----TC-----GG-----G-----A-----G-----T-----A-----C-----G-----A-----G-----T-----2032
-C-----G-----C-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----A-----A-----C-----T-----T-----G-----G-----A-----C-----G-----T-----A-----C-----G-----A-----T-----2032
-G-----GC-----A-----A-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----A-----C-----T-----T-----T-----C-----C-----T-----C-----G-----G-----A-----GC-----A-----A-----G-----A-----T-----2033
-A-----T-----A-----C-----C-----A-----G-----G-----A-----ATT-----A-----G-----G-----G-----C-----C-----C-----G-----T-----G-----A-----A-----T-----CA-----GG-----A-----G-----2061
-C-----T-----A-----C-----C-----A-----G-----G-----A-----G-----A-----T-----G-----G-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----C-----GGTA-----G-----A-----T-----2769
-G-----C-----C-----C-----C-----A-----G-----G-----A-----AA-----A-----C-----G-----T-----G-----A-----A-----C-----AC-----G-----A-----G-----A-----C-----2025
-C-----T-----A-----C-----C-----A-----G-----G-----A-----G-----A-----T-----T-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----C-----GGTA-----G-----A-----T-----2766
-CA-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----A-----T-----T-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----C-----GTA-----G-----A-----T-----2252
-C-----T-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----A-----T-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----A-----GTA-----G-----A-----T-----2545
-C-----T-----A-----A-----G-----AC-----A-----T-----T-----C-----C-----C-----C-----G-----T-----G-----A-----A-----C-----GGTA-----G-----A-----T-----2696
-C-----T-----A-----C-----A-----G-----A-----G-----A-----T-----T-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----GA-----A-----C-----GGTA-----G-----A-----T-----2782
-C-----T-----A-----C-----A-----G-----A-----G-----A-----T-----G-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----C-----GGTA-----G-----A-----T-----2768
-----C-----T-----C-----C-----C-----A-----A-----GG-----G-----G-----C-----G-----T-----A-----A-----C-----G-----G-----A-----A-----A-----T-----T-----2426

Pol Protease end, Pol p66 and p51 RT start

MAC.US.x.239	ATGACAGGGGACACCCGATTAAACATTTTGGTAGAAATTTGCTAACAGCTCTGGGAGATGCTCTAAATTTTCCATAGCTAAAGTAGAGCTGTGAAAAGTCGCCCTAAAGCCAGGAAGGATGGACAAAATTGAAGCAGTGCCATTATCAAAAGAAAAGATAGTTGC	2949
Pol	I M T G D T P I N I F G R N L L T A L G M S L N F P I A K V E P V K A L K P G K D G P K L K Q W P L S K E K I V	
A.CI.88.UC2	A-T-A-C-C-C-C-A-TT-G-CT-A-C-AT-A-AG-C-GGA-AA-AA-A-G-A-C-GGC-A-A-CC-A-AG-AA-3032	
A.DE.x.BEN	A-T-A-C-C-C-C-A-T-G-CT-A-C-AT-A-AG-T-C-GA-AA-AA-A-G-A-G-A-GGC-A-A-CC-A-G-AA-3032	
A.DE.x.PE12 KR KRCC	T-T-A-C-C-C-C-CA-T-G-CT-A-C-AT-C-A-AG-C-G-AA-AA-A-TAAC-G-A-G-A-GA-A-TC-A-AG-3000	
A.GH.x.GH1	A-T-A-C-C-C-C-A-C-G-CT-A-C-AT-C-A-A-C-C-GA-AA-AA-AA-G-G-A-G-C-GA-A-CC-A-G-AA-2476	
A.GM.87.D194	A-T-A-C-C-C-C-A-T-GG-A-CT-A-C-AT-CC-A-AG-C-C-GT-C-AA-AA-A-G-G-A-GGC-A-A-CC-A-AA-2476	
A.GM.x.ISY SBL 6669_85	T-T-A-C-C-C-C-A-C-G-CT-A-C-AT-A-AG-C-C-A-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-2473	
A.GM.x.MCN13	T-T-A-C-C-C-C-A-T-G-CT-A-C-AT-A-AG-C-C-A-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-2477	
A.GM.x.MCR35	T-T-A-C-C-C-C-A-T-G-CT-A-C-AT-A-AG-C-C-A-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-2477	
A.GW.86.FG clone NIHZ	T-T-A-C-C-C-C-G-T-G-CT-A-C-AT-CC-G-AG-T-C-GA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-2470	
A.GW.87.CAM2CG	C-A-A-C-C-C-C-A-T-G-CT-A-C-AT-C-A-AG-C-C-GA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-3041	
A.GW.x.MDS	T-T-A-C-C-C-C-A-TT-G-CT-A-C-AT-C-A-AG-C-C-GA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-2476	
A.IN.07.NNVA	T-T-A-C-C-C-C-CA-TT-G-CT-A-C-T-CC-A-AG-C-C-GA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-3026	
A.IN.95.CRIK 147	T-T-A-C-C-C-C-CA-TT-G-CT-A-C-AT-C-A-G-C-C-GA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-2777	
A.JP.08.NMC786 clone 41	A-T-A-C-C-C-C-A-C-GG-G-CT-A-C-AT-A-A-A-C-C-GA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-3028	
A.PT.x.ALI	T-T-A-C-C-T-C-CA-TT-G-CT-A-C-AT-CC-A-AG-C-C-GA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-3025	
A.SN.85.ROD	C-A-A-C-C-C-C-A-T-G-CT-A-C-AT-CC-A-AG-T-C-GA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-2478	
A.SN.86.ST JSP4_27	T-T-A-C-C-C-C-CA-T-G-CT-A-C-AT-C-A-AG-C-C-GA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-2477	
B.CI.88.UC1	A-A-A-A-C-C-C-A-TT-ATA-AT-A-C-A-C-AG-A-GA-A-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-3013	
B.CI.x.20 56	A-A-A-A-C-C-C-A-CT-ATA-CT-A-C-A-C-AG-A-A-A-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-3008	
B.CI.x.EH0	A-A-A-A-C-C-C-A-TT-ATAGCT-A-C-A-C-AG-A-GGA-A-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-3003	
B.GH.86.D205 ALT	A-T-A-A-C-C-C-A-TT-ATA-CT-C-A-T-AG-G-A-G-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-3008	
B.JP.01.IMCJ KR020_1	A-T-A-A-C-C-C-A-T-ATA-CT-C-A-A-A-A-A-A-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-2154	
G.CI.92.Abt96	T-T-A-T-A-T-C-A-G-CA-TT-GTTAAG-A-C-A-A-T-A-G-A-AAAGGC-A-T-C-T-G-A-C-G-A-CC-T-G-AA-CAA-2359	
AB.CM.03.03CM 510 03	A-A-A-A-C-C-C-A-TT-ATA-T-R-C-A-C-AG-G-A-RGR-A-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-2144	
H2 01 AB.CI.90.7312A	A-A-A-A-T-T-C-A-CT-ACA-CT-A-C-A-C-AG-G-A-A-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-3014	
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	A-A-A-A-T-T-C-A-CT-GC-CT-A-C-AG-T-C-A-G-A-T-A-A-G-G-CAG-T-T-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-3013	
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	A-A-A-A-T-T-C-A-CT-GT-CT-A-C-AG-T-C-A-G-A-T-A-A-G-G-CAG-T-T-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-3013	
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	A-A-A-A-T-T-C-A-CT-GC-CT-A-C-AG-T-C-A-G-A-T-A-A-G-G-CAA-T-A-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-3019	
U.CI.07.07IC TNP3	A-T-T-A-A-A-T-T-GGTCAAAT-A-A-C-AG-G-A-G-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-AA-2464	
U.FR.96.12034	A-A-A-C-T-G-C-TT-G-AA-C-C-A-A-GA-A-CA-TA-C-TT-GG-GAC-A-C-A-A-GA-T-T-G-AT-AA-2514	
MAC.US.x.17EC1		2949
MAC.US.x.251 1A11		2948
MAC.US.x.251 32H PJ5		2950
MAC.US.x.251 BK28		2925
MAC.US.x.MM142 IVMXX		2435
MNE.US.82.MNE 8		2417
MNE.US.x.MNE027		2417
SMM.CI.79.SIVsmCI2	A-A-A-A-T-T-G-AT-A-C-AT-C-GC-AT-G-A-G-A-A-G-AA-T-G-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-2069	
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	A-T-A-T-T-T-C-A-CT-G-AA-T-A-2028	
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	A-T-A-T-T-T-C-A-A-TT-AT-A-A-T-A-2030	
SMM.SL.92.SL92B	A-T-A-T-T-T-C-A-A-T-G-AT-A-G-C-T-AC-AG-G-A-G-ATA-AC-AAAG-G-GAG-T-G-G-G-A-A-A-A-C-T-G-CAA-2380	
SMM.US.04.6078	T-A-A-T-T-T-C-CC-AT-G-AA-AA-2209	
SMM.US.04.G932	A-A-A-T-T-T-C-A-A-G-A-2198	
SMM.US.04.M919	A-T-A-A-T-T-C-A-2203	
SMM.US.04.M922	A-T-A-A-T-T-C-A-2204	
SMM.US.04.M923	A-T-A-A-T-T-C-A-2203	
SMM.US.04.M926	A-A-A-T-T-T-C-A-2203	
SMM.US.04.M934	A-A-A-T-T-T-C-A-2201	
SMM.US.04.M935	A-A-A-T-T-T-C-A-2204	
SMM.US.04.M940	C-A-A-T-T-T-C-G-CC-AT-G-AT-A-2209	
SMM.US.04.M946	A-A-A-T-T-T-C-C-A-2202	
SMM.US.04.M947	A-A-A-T-T-T-C-C-A-2203	
SMM.US.04.M949	C-A-A-T-T-T-C-C-A-2197	
SMM.US.04.M950	A-A-A-T-T-T-C-C-A-2202	
SMM.US.04.M951	C-A-A-T-T-T-C-G-CC-AT-G-AT-A-2206	
SMM.US.04.M952	AA-A-A-T-T-T-C-A-2202	
SMM.US.05.DA15	A-A-T-T-T-CC-AT-G-TA-AA-AT-AG-G-G-A-A-G-AA-A-G-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-A-2203	
SMM.US.06.FTQ	G-A-T-A-C-T-C-T-AGAT-A-T-T-C-C-A-2231	
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	G-A-T-A-C-T-C-A-2939	
SMM.US.86.CFU212	G-A-T-A-C-T-C-A-2195	
SMM.US.x.F236_H4	G-A-T-A-T-T-C-A-2936	
SMM.US.x.H9	A-T-A-T-T-T-C-C-A-2422	
SMM.US.x.PBJA	A-T-A-T-T-T-C-C-A-2715	
SMM.US.x.PGM53	A-T-A-T-T-T-C-C-T-A-2866	
SMM.US.x.SME543	G-A-T-A-T-T-C-A-2952	
SMM.US.x.pE660_C67G	G-A-T-A-T-T-C-A-2938	
STM.US.89.STM 37 16	T-A-A-C-C-G-CC-AT-G-T-AT-AG-A-A-A-G-GA-2596	

MAC.US.x.239
Pol
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PI2_KR_KRCG
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.x.CBL 6669 85
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.GF_clone_NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.87.NNVA
A.IN.95.CRK1 147
A.JP.08.NMC786_clone_41
A.PT.x.ALI
A.SN.85.RSD
A.SN.86.ST JP54 27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.29 56
B.CI.x.EHO
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.TMCJ KR020 1
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 50 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10
U.CI.07.07IC TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.2511A11
MAC.US.x.311 32H PJ5
MAC.US.x.251 BK28
MAC.US.x.82.M142 IVMXX
MNE.US.82.MNE
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLI1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.US.92.9L28
SMM.US.04.G0878
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.F236 H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PB3A
SMM.US.x.PG65
SMM.US.x.SME543
SMM.US.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM 37 16

[illegible]

POL.US.x.239
 POL.
 A.CI.88.UC2
 A.DE.X.BEN
 A.DE.X.PE12 KR.KRCG
 A.GH.X.GH1
 A.GM.87.D194
 A.GM.X.SV5 SBL_6669_85
 A.GM.X.MCN13
 A.GM.X.MCR35
 A.GW.86.GF clone.NIHZ
 A.GW.87.CAMZCG
 A.GW.X.MDS
 A.IN.67.NNVA
 A.IN.95.CRIK147
 A.JP.08.NMC786_clone_41
 A.PT.X.AL1
 A.SM.85.ROD
 A.SV.86.ST JSP4_27
 B.CI.88.UC1
 B.CI.X.20_56
 B.CI.X.EHO
 B.GH.86.D205 AL7
 B.JP.01.IMCJ.R0820_1
 B.CI.92.Abt96
 AB.CM.83.03CM.510 013
 H2 01 AB.CI.90.7312A
 H2 01 AB.JP.04.NMC307 210
 H2 01 AB.JP.07.NMC716 01
 H2 01 AB.JP.08.NMC842 10
 U.FF.86.07IC.TNP3
 U.FF.86.1203
 MAC.US.x.17EC1
 MAC.US.x.251 A11
 MAC.US.x.251 32H P35
 MAC.US.x.251 BK28
 MAC.US.x.MM142 IVMXX
 MNE.US.82.MNE 8
 MNE.US.x.MNE027
 SMMH.CI.79.SIVsmCI2
 SMMH.LR.92.SIVsmLIB1
 SMMH.SL.92.SIVsmSL92A
 SMMH.US.04.G078
 SMMH.US.04.G932
 SMMH.US.04.M919
 SMMH.US.04.M922
 SMMH.US.04.M923
 SMMH.US.04.M926
 SMMH.US.04.M934
 SMMH.US.04.M935
 SMMH.US.04.M948
 SMMH.US.04.M946
 SMMH.US.04.M947
 SMMH.US.04.M949
 SMMH.US.04.M950
 SMMH.US.04.M951
 SMMH.US.04.M952
 SMMH.US.05.D215
 SMMH.US.06.FTQ
 SMMH.US.11.SIVsmE660_FL10
 SMMH.US.86.FCU212
 SMMH.US.x.F236 H4
 SMMH.US.x.H9
 SMMH.US.x.PB3A
 SMMH.US.x.PG563
 SMMH.US.x.SME453
 SMMH.US.x.pE668.CG7G
 STM.US.89.STM 37 16

MAC.US.x.239
Pol
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PI2_KR_KRCG
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.x.GBL 6669 85
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.GF_clone_NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.87.NNVA
A.IN.95.CRK1 147
A.JP.08.NMC786_clone_41
A.PT.x.ALI
A.SN.85.RSD
A.SN.86.ST JP54 27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.29 56
B.CI.x.EHO
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.TMCJ KR020 1
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 50 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10
U.CI.07.07IC TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.2511A11
MAC.US.x.311 32H PJ5
MAC.US.x.251 BK28
MAC.US.x.82.M142 IVMXX
MNE.US.x.MNE07
MNE.CI.79.SIVsmCI2
SMML.LR.89.SIVsmLI1
SMML.SL.92.SIVsmSL92A
SMML.95.SL92B
SMML.US.04.G0878
SMML.US.04.G932
SMML.US.04.M919
SMML.US.04.M922
SMML.US.04.M935
SMML.US.04.M926
SMML.US.04.M934
SMML.US.04.M935
SMML.US.04.M940
SMML.US.04.M946
SMML.US.04.M947
SMML.US.04.M949
SMML.US.04.M950
SMML.US.04.M951
SMML.US.04.M952
SMML.US.05.D215
SMML.US.06.FTQ
SMML.US.11.SIVsmE660_FL10
SMML.US.86.CFU212
SMML.US.x.F236 H4
SMML.US.x.H9
SMML.US.x.PB3A
SMML.US.x.PG65
SMML.US.x.SME543
SMML.US.x.pE660.CG7G
STM.US.x.STM 37 16

[illegible]

MAC.US.x.239	TACAGTCAAAGGAACCTTTGAATAGCATAGGTTTTCACCCAGAAGAGAAATTCAAAAAGATCCCCATTTCAATGGATGGGGTACGAATTTGTGCCCAACAAAATGGAAGTTGCAAAAGATAGAGTTGCCACAAAGAGACCTGGACAGTGAATGATATACAGAAG	3628
Pol	V L Q S K E L L N S I G F S T P 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	
A.CI.88.UC2	-G-CT-A--C-A--G-C--C--G--G--G--C-T-G--C-T-C--T-G--C--G-A--C-AC--C-G-A--A-A--C--C--C-A--A-3711	
A.DE.x.BEN	-G-CT-A--TC-A--G-C--C--T--T--G--C--T--C-CT--C-A--T--C--G--AC--C-AC--C-G-A--C-TA--C--C--C-A--A-3711	
A.DE.x.PE12 KR KRCC	-G-CT-A--T-A--G-C--A--C--C--T--T--G--G--C--ACA--C-T--C-A--C--C--G--AT--C-AC--C-G-A--A-TA--C--C--C-A--A-3679	
A.GH.x.GH1	-G-CT-A--TC-A--G-C--A--C--C--T--T--G--G--C--T--G--C--T--C-A--T--C--G--AT--C-AC--C-G-A--A-TA--C--C--C-A--A-3155	
A.GM.87.D194	-G-ACT-A--TC--G--C--C--C--T--T--G--G--C--T--G--C--T--C--T--AC--G-A--C-A--A--T-G-A--A-TA--C--C--C-A--A-3155	
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	-CT--CT--TC-A--G-C-G-A--C--C--A-G--G--C-T--AC--C-T--C--C--C--A--C-A--C--AG--AGTA--T--C--C--A--A-3152	
A.GM.x.MCN13	-G-CT--TC-A--A-C--A--A--T--T--G--G--C--T--AC--C--C-T--C--T--G--C--G--C--C--A--TGTA--A--C--C--A--A-3156	
A.GM.x.MCR35	-G-CT--TC-A--A-C--A--A--T--T--G--G--C--T--AC--C--C-T--C--T--T--G--C--G--C--C--A--TGTA--A--C--C--A--A-3156	
A.GW.86.F6 clone NIHZ	-G-CT--A--TC-A--G-AC--A--C--T--T--G--G--C--T--AC--GC--C-T--C--A--T--C--G--A--C--C--A--AGTA--C--C--C--A--A-3149	
A.GW.87.CAN2CG	-G-CT--A--TC-A--G-AC--A--C--T--T--G--G--C--T--AC--GC--C-T--C--A--T--C--G--A--C--C--A--AGTA--C--C--C--A--A-3720	
A.GW.x.MDS	-G-CT--C-A--C-G--C--C--T--A-G--G--C-T--AC--GC--C-T--C--A--T--C--G--A--C--C--A--AGTA--C--C--C--A--A-3155	
A.IN.07.NNVA	-CT--CT--TC-A--G-C--C--C--T--T--G--G--C--T--ACT-C--C-T--A--T--C--G--A--C--C--C-G-AG--GTA--C--C--C--A--A-3705	
A.IN.95.CRIK 147	-CT--CT--TC-A--G-C--C--C--T--T--G--G--C--T--AC--C--C-T--C--A--T--C--G--A--C--C--C-AG--GTA--C--C--C--A--A-3456	
A.JP.08.NMC786 clone 41	-CT--A--G--TC--G--C--C--C--T--T--A-G--C--C-T--G--C--C--T--C--A--AT--C--A--G--A--C--A--T-G-A--AGTA--C--C--T--A--A-3707	
A.PT.x.ALI	-G--T--C-A--G-C--A--C--C--T--T--G--G--C--T--ACA--C-T--G--C--A--AT--C--A--G--A--C--A--T-G-A--AGTA--C--C--T--A--A-3704	
A.SN.85.RDD	-G-CTC--TC-A--G-C-A--C--C--T--T--G--G--C--C-T--AC--C--C-T--C-A--T--C--G--A--C--C--A--TA--C--C--C--A--A-3157	
A.SN.86.ST JSP4_27	-G-CT--TC-A--G-C-G-A--C--C--T--T--G--G--C--C-T--C--C--C--T--C--G-A--C--A--C--AG--AGTA--C--C--C--A--A-3156	
B.CI.88.UC1	CC-ACT--A--G--A--A--GA--G-A--C--A-G--C--T--G-CA--T--T--GC-C--A--GG--AC--A--C-AC--G--AG--AGTT--C--T--A--A-3692	
B.CI.x.20_56	CT-ACT--AC--A--A--GA--G-A--C--A-G--C--C--CA--T--T--GC-C--A--G--AC--A--C-C-A--G--A--AGT--A--C--C--A--A-3687	
B.CI.x.EH0	CT-ACT--A--G--A--A--G-A--C--C--T--A-G--C--C--T--GC-C--AG--AC--A--C-C-A--G--A--GTT--A--C--C--T--A-3682	
B.GH.86.D205 ALT	CC-ACT--A--GT--A--A--GA--G-A--C--A-G--C--C--T--G-CA--T--T--GC-C--A--G--AC--A--C-C-A--G--A--AGTT--CA--T--A--A-3684	
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	-T-CTG-A--G--A--A--GA--G-A--C--A-G--C--G--C--T--G-CA--T--T--GC-C--A--G--AC--A--C-C-A--G--A--AGT--A--C--T--A--A-2834	
G.CI.92.Abt96	-G-CT--C--A--A--AA-CR--C--T--T-A--G--C--C--T--A--T--R--A--G--AC--A--TA-CC--MG--A--T--A--T--A--A--3038	
AB.CH.03.03CM_510_03	CC-ACT--A--G--A--A--A--G-A--C--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--A-2823	
H2_01.AB.CI.90.7312A	CT-ACT--A--G--AC--A--GA--G-A--C--A--G--C--T--C--G--T--T--GC-C--AG--G--C--A--C-AA-A--G--G--GTT--A--C--T--A--A-3693	
H2_01.AB.JP.04.NMC307_20	CT-ACT--A--GT--AC--A--GAT--G-A--C--A-G--C--C--G--T--T--GC-C--A--G--AC--A--C-AA-A--G--G--GTT--A--C--T--A--A-3693	
H2_01.AB.JP.07.NMC716_01	CT-ACT--A--GT--AC--A--GAA--G-A--C--A-G--C--C--G--C--T--GC-C--A--G--AC--A--C-AA-A--G--G--GTT--A--C--T--A--A-3692	
H2_01.AB.JP.08.NMC842_10	CT-ACT--A--GT--GC--A--GA--G-A--C--A--G--C--C--G--C--T--GC-C--A--G--C--A--C-AA-A--G--G--GTT--A--C--T--A--A-3698	
U.CI.07.07IC_TNP3	-T--T--TC-A--CAGC-G--C--C--T--G--G--C--A--A--T--T--C-A--C-AG--G--C--C--CA-T--G--A--GTA--T--C--T--A--A-3143	
U.FR.96.12034	C--CTC--G--AC--AG-C--A--AGC--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--A--A-3193	
MAC.US.x.17EC1	-T--A--	3628
MAC.US.x.251_1A11	-T--A--	3627
MAC.US.x.251_32H_PJ5	-T--A--	3629
MAC.US.x.251_BK28	CT--A--A--C--AT--	3604
MAC.US.x.MN142_IVMXX	-T--A--	3114
MNE.US.82.MNE_8	-T--A--	3096
MNE.US.x.MNE027	-T--A--	3096
SMM.CI.79.SIVsmCI2	C--CTC--GT-G-A--G-AT-G-A--CAGC-A--T--C--T--G--C-A--CCA-A--C--T--A--AG-G--A--A--G-A--CA-A--G--C-GA--A--C--T--A--A-2748	
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-T--A--T--A--G--T--A--C-A--T--A--G--T--G--C--A--A--A--A--G--A--A--A--G--A--CA-A--G--C-GA--A--C--T--A--A-2707	
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	C--CT--A--T--G--A--GATT-G--C--C--C--A--G--T--G--C--A--T--C-A--AT--T-A--A--ACCC--G--A--AGT--A--T--A--2709	
SMM.SL.92.SL92B	C--CT--GA--CA--GC--C-ATC-G--CAG--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--T--A--A-3059	
SMM.US.04.6078	-G-ACT--TC-A--G-GC--A--C--C--A--G--G--G--C--A--G--A--T--GC--C--C--A--G--A--A--A--A--AT--A--C--T--A--2888	
SMM.US.04.G932	-G-A-T--T-A--A--C--C--C--A--G--G--G--C--A--G--A--T--G--C--C--C--A--G--A--A--A--A--AT--A--C--T--A--2877	
SMM.US.04.M919	-T--T--TC--C--T--A--C--C--G--G--G--C--G--A--T--G--C--AC-A--G--A--C--A--A--C--A--A--A--A--A--A--2882	
SMM.US.04.M922	-CT--G--TC-A--C--T--G--A--C--C--G--G--G--C--G--A--T--C--A--G--A--A--A--A--A--A--A--A--A--A--A--2883	
SMM.US.04.M923	-A-T--TC--C--T--A--C--C--G--G--G--C--G--A--T--C--C--AC--A--G--A--C--G--A--A--A--A--A--A--A--A--A--2882	
SMM.US.04.M926	-G--CT--TC-A--C--C--A--C--T--T--G--T--G--A--CA--T--T--G--C--C--A--C--A--C--A--A--T--A--C--A--2882	
SMM.US.04.M934	-T--T--G--TC-A--C--T--A--C--C--G--G--G--C--G--A--T--C--C--A--G--A--A--A--A--A--A--A--A--A--A--2880	
SMM.US.04.M935	-T--T--G--TC-A--C--T--A--C--C--G--G--G--C--G--A--T--C--C--A--G--A--A--A--A--A--A--A--A--A--A--2883	
SMM.US.04.M940	-G-ACT--TC--CG-GC--A--C--T--T--G--G--C--A--G--T--GC--C--C--G--C--A--G--AC--A--A--AT--A--C--T--A--2888	
SMM.US.04.M946	-CT--TC--C--A--G--A--T--T--G--G--A--CA--T--T--C--C--AC--A--A--A--A--A--A--A--A--A--A--A--2881	
SMM.US.04.M947	-T--G--TC-A--C--T--G--A--C--C--G--G--C--C--C--A--T--C--C--AC--A--A--A--A--A--A--A--A--A--A--A--2882	
SMM.US.04.M949	-A-T--G--TC-A--G-GC--A--C--T--T--G--G--C--A--C--A--T--C--C--G--C--A--AC-T--A--G--A--C--T--A--A--2876	
SMM.US.04.M950	-CT--TC--C--G--A--T--T--G--T--C--CA--T--T--G--C--C--G--C--A--A--A--A--A--A--A--A--A--A--A--2881	
SMM.US.04.M951	-A-T--TC-A--G-GC--A--C--T--T--G--T--G--A--GG--T--GC--C--C--G--G--C--A--A--A--A--A--A--A--A--A--A--2885	
SMM.US.04.M952	-CT--TC-A--C--C--A--C--T--T--G--T--C--CA--T--T--G--C--C--A--A--A--A--A--A--A--A--A--A--A--2881	
SMM.US.05.D215	-A-TG-A--G--A--G--C--A--C--T--T--G--C--T--AC-T--A--T--G--A--A--A--A--G--G--A--C--C--A--2882	
SMM.US.06.FTQ	-G--T--A--A--G--C--C--C--C--T--T--G--C--T--A--T--A--T--G--A--T--C--C--A--C--A--A--G--A--C--T--A--2910	
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-G--T--A--TC--CG--A--C--C--G--G--G--C--G--A--T--C--G--A--T--C--AC--G--A--C--A--A--A--A--A--A--A--A--3618	
SMM.US.86.CFU212	-G--T--A--TC--CG-A--G-C--C--T--G--T--G--G--C--T--A--T--C--A--A--A--A--T--G-A--C-AT--A--C--T--A--2874	
SMM.US.x.F236_H4	-T--T--TC--CG--A--C--G--G--G--C--G--A--T--C--C--AC--G--A--A--A--A--A--A--A--A--A--A--A--3615	
SMM.US.x.H9	-A-T--TC--C--T--A--C--C--G--G--C--G--A--T--C--C--AC--A--A--G--A--A--A--A--A--A--A--A--A--3101	
SMM.US.x.PBJA	-TG--TC--C--T--A--C--C--G--G--C--G--A--T--C--C--AC--A--A--A--A--A--A--A--A--A--A--A--3394	
SMM.US.x.PGM53	-T--T--TC--C--C--A--C--C--G--G--C--G--A--T--C--C--AC--G--A--A--A--A--A--A--A--A--A--A--3345	
SMM.US.x.SME543	-T--T--TC--CG--A--C--C--G--G--C--G--A--T--C--C--AC--G--A--A--A--A--A--A--A--A--A--A--3631	
SMM.US.x.pE660_C67G	-T--T--TC-A--CG--A--C--C--G--G--C--G--A--T--C--C--AC--G--A--A--A--A--A--A--A--A--A--A--3617	
STM.US.89.STM_37_16	-TG--C-A--ATT--A--C--C--T--T--G--G--T--T--G--A--A--T--G--A--AC--A--A--A--A--T--G--CGTT--C--A--A-3275	

MAC.US.x.239
Pol
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PI2_KR_KRCG
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.x.GBL 6669 85
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.GF_clone_NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.87.NNVA
A.IN.95.CRK1 147
A.JP.08.NMC786_clone_41
A.PT.x.ALI
A.SN.85.RSD
A.SN.86.ST JP54 27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.29 56
B.CI.x.EHO
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.TMCJ KR020 1
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 50 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10
U.CI.07.07IC TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.2511A11
MAC.US.x.311 32H PJ5
MAC.US.x.251 BK28
MAC.US.x.82.M142 IVMXX
MNE.US.82.MNE
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLI1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.US.92.9L298
SMM.US.04.G0878
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.F236 H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PB3A
SMM.US.x.PG65
SMM.US.x.SME543
SMM.US.x.pE660.CG7G
STM.US.x.STM 37 16

[illegible]

MAC.US.x.239	ATGTTATTACCAAGAAGGCAAGCCATTAGAAGCCAGGTAATAAAGAGTCAGGACAATCAGTGGTCTTATAAAATTCACCAAGAAGACAAAATA.CTGAAGATAGGAAAATTTGCAAAGATAAAGAATACACATACCAATGGAGTGAGACATATTAGCACATGTAATACAG	3967
Pol	G C Y Y Q E G K P L E A T V I 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	
A.CI.88.UC2	-CAC-----AG-AGA--G-G-A--A-CCA-A-A--A--A-A--A--G--G--C--A--A--A--A--C-C--G--C--T--C--G--G-T--	4050
A.DE.x.BEN	-A-----AA-AGA--G-A--A-CCA-A-C-A-GAC-A-A-A-C--A--G--G--C--A--G-A--A--A--C-C--G--C--T--C--G--G-T--	4050
A.DE.x.PE12 KR.KRCG	-C-----AA--GA--G-A--A-CCA--GA--A--A--A--A--G--G--C--A--G-A--A--A--C--G--C--T--G--G--G-T--	4018
A.GH.x.GH1	-AC-----AA-AGA--G-A--A-CCA-A-A--A--A--A--A--G--G--C--A--G-A--A--A--C--G--C--T--C--G--G-T--	3494
A.GM.87.D194	-CC-C--T-G--AAG-AGA-C--G-A--C-C-A-C-A--A--A--A--G-A-C--A--G--G--G--T--A--G--G-A--G--A--T--G--C--	3494
A.GM.x.ISY.SBL.6669_85	-CAC-----G-AA-AGAG--A-A--TCA--GA--A--A--A--G-A--G--G-A--T--A--A--A--A--C--C--C--G--G--G--G--G--	3491
A.GM.x.MCN13	-CAC-----AA-AGAG--A-A--CCA--GA--A--A--A--G-A--G--G--G--T--A--G--A--A--A--C--C--G--C--T--G--	3495
A.GM.x.MCR35	-CAC-----AA-AGGG--A-A--CCA--GA--A--A--A--G-A--G--G--G--T--A--G--A--A--A--C--C--G--C--T--G--	3495
A.GW.86.F6 clone NIHZ	-CAC-----G--AA-AAAG--A-A--CCAG--AGA--A--A--A--GG-A--G--G--G--TCTCA--G--G--A--A--A--C--C--C--	3488
A.GW.87.CAM2CG	CAC-C--G--AA-AGA--A-A--CCA--GA--A--A--A--G-A--G--G--G--TCTCA--G--G--A--A--A--C--C--C--C--A--T--	4059
A.GW.x.MDS	-CAC-----G-AA-AGA--A-A--CCA--GA--A--A--A--G-A--G--G-A--CT--A--A--A--A--C--C--C--C--T--G--	3494
A.IN.07.NNVA	-CAC--A--G-AA-AGA-C--G-A--A-CCA--AGAC--A--A--G-C--GG-A--T--G--G-A--C--A--A--G--A--G--C--C--G--C--T--C--	4044
A.IN.95.CRIK.147	-CAC-----G-AA-GAGC--A-A--CCA--AGAC--A--A--A--G-A--G--G--A--C--A--A--G--A--G--C--C--G--C--T--GC--	3795
A.JP.08.NMC786 clone 41	G-C-----AA-AGA--G-A--A-CCA--GA--A--A--A--C--A--G--G--C--A--G--A--A--A--C--C--G--C--T--C--	4046
A.PT.x.ALI	GCAC-----AA--GAG--A-A--CCA--AGA--A--A--A--A--A--G--G--A--T--A--A--A--A--G--A--A--G--A--C--C--G--C--T--G--	4043
A.SN.85.RDD	CAC-----AA-AGAGC--A-A--CCA--GA--A--G--A--A--A--G--A--G--A--T--A--A--A--A--G--G--A--C--C--C--A--C--T--G--	3496
A.SN.86.ST.JSP4_27	-C-----G-AA--GAGC--A-A--CCA--AGA--A--A--A--A--G-A--G--G--GA--T--A--A--A--A--C--C--C--C--C--C--C--	3495
B.CI.88.UC1	-CC-C--A-G--GGTA--C--A--A--CAG--A-AC-TA-CA--A-A--C--G--T--G-G-A-T-G--T--A--A--G--T--A--C--C--C--C--G--A--	4031
B.CI.x.20.56	-CC-C--A--AGTA--TC--G-A--A--GCAG--A-A-TA-CA--C--A--A--C--G--T--G-GA-T-GG-CC--A--A--G--T--A--C--C--C--C--G--G--	4026
B.CI.x.EH0	-CC--A--GGTA--T--A--A--GCAG--A-A-TA-CA--A-A--C--G--T--G-G--T--C--A--A--G--T--A--C--T--C--A--G--T--	4021
B.GH.86.D205 ALT	-C-C--A-G--AGTA--GC--A--A--CAG--A-AC-TA-CA--A-A--C--G--T--G-G-A-T--G--C--A--A--G--T--A--C--C--C--G--A--	4023
B.JP.01.IMCJ.KR020_1	-CC-C--TA--G--A-TA--CC--A--A--CAG--A-AC-TA-CA--A-A--C--G--T--G-G-A-T--G--C--A--G--A--G--T--A--C--C--C--G--A--	3173
G.CI.92.Abt96	CGCC-----A--RAG--T-R--T--CAG--A-A-TTA--A-A--C--G--T--G-A--G--C--A--A--T--A--A--A--A--C--A--A--T--G--T--GG-C--	3377
AB.CH.03.03CM.510.03	-CC-C--A-G--GGTA--C--A--A--CAG--A-AC-TA-CA--A-A--C--G--T--G-G-A-Y-G--G-T-A--A--G--T--A--C--C--C--C--G--A--RA-RC-G--	3162
H2.01.AB.CI.90.7312A	-C-C--A--GGTA--TC--A--A--GCAG--A-AC-TA-CA--C--A--A--C--G--T--G-G-A-T--G--C--A--A--G--T--A--C--C--C--A--A--C--	4032
H2.01.AB.JP.04.NMC307_20	-CC-C--A--GGTA--TC--A--A--GCAG--A-AC-TA-CA--C--A--A--C--G--T--G-G--T--G--C--A--A--G--T--A--C--C--C--G--A--C--	4032
H2.01.AB.JP.07.NMC716_01	-CC-C--A--AGTA--TC--A--A--CAG--A-AC-TA-CA--C--A--A--C--G--T--G-G--T--G--C--A--A--G--T--A--C--C--C--A--A--C--	4031
H2.01.AB.JP.08.NMC842_10	-CC-C--A--GGTA--TC--A--A--GCAG--A-AC-TA-CA--C--A--A--C--G--T--G-G--T--G--C--A--G--A--G--T--A--C--C--C--A--A--G--	4037
U.CI.07.07IC.TNP3	CACA-C--AG--GG-A--T--A--A--GCAG--A-TA--C--A--A--G--C--T--G-GCA-T--C-T-A--C--A--G--A--GT--G--T--G--T--A--	3482
U.FR.96.12034	GGC-----AGG--AAG-AAATC--A-A--GC-T--A-A--A-T--A--A--C--C--G--C--T--G-GT--GG-C--T-A--C--G--T--A--TC-C-GC--GG--	3532
MAC.US.x.17EC1		3967
MAC.US.x.251.1A11		3966
MAC.US.x.251.32H.PJ5		3968
MAC.US.x.251.BK28		3943
MAC.US.x.MN142.IVMXX		3453
MNE.US.82.MNE.8		3435
MNE.US.x.MNE827		3435
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-GCC-T--AGG--AAG-AAAT--A-A--GCA--A-A-T--A-A-A-C--G-A-T--GTAGT-GGG--A--G--C--A--C--C--TC-T-CC-G--G-G--	3087
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	C-C-----AT--T--A-A--GG--A-A--GC-A--A--G--C--T--G--T--T-A--G--C--T--AG-G-A--C--C--A--GT-GC-G--G-T--A	3046
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	C-C--T-G-G--AG--G--A--T-C--A-A--A-C-A--A-C--G--C--A--G--A--G--T-T-A--T--A--T--C--A--C--A--C--G--C--G--	3048
SMM.SL.92.SL92B	-A-A--AG--ATG-A--GC--A--TC--A--A--A--AG--G--T--GT--GG--T--C--G--G--G--A--A--A--A--GT--C-G-TA--G-T--A	3398
SMM.US.04.6078	G-C-----G--A--CC--A--CA-G-G--C--A--AG--C--T--G--A--GG--T--C--G--G--A--C--A--C--A--GT-GC--G--G--C--	3227
SMM.US.04.G932	-C-----G--A--C--A--A--G--A--A--C--C--T--A--A--G--T--A--C--G--A--C--T--A--C--C--GT-GC--G--G--C--	3216
SMM.US.04.M919	-C-----G--A--C--A--A--G--A--A--T--A--A--G--T--C--C--C--A--C--A--C--C--T--G--G--G--G--G--	3221
SMM.US.04.M922	-C-----G--G--C--G-A--A--A--T--A--A--G--T--A--G--C--C--C--A--C--A--C--C--T--G--C--GG-G--	3222
SMM.US.04.M923	-C-C--T-G-G--A--A--C--G-A--A--T--A--A--G--C--T--A--T--G--A--T--A--C--A--C--GT-C--G--G--	3221
SMM.US.04.M926	-C-----A--G--A--G--A--A--T--A--A--G--C--T--A--G--C--T--A--A--C--A--T--GT-G--G--	3221
SMM.US.04.M934	-C-----A--G--C--G-A--A--A--T--A--A--G--C--T--A--G--C--T--A--A--C--A--T--GT-G--G--	3219
SMM.US.04.M935	-C-----A--G--C--G-A--A--A--T--A--A--G--C--T--A--G--C--C--T--A--C--A--C--C--T--G--G--	3222
SMM.US.04.M940	SMM.US.04.M946	3227
SMM.US.04.M947	SMM.US.04.M949	3220
SMM.US.04.M950	SMM.US.04.M951	3215
SMM.US.04.M952	SMM.US.04.M953	3220
SMM.US.05.D215	SMM.US.06.FTQ	3224
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	SMM.US.86.CFU212	3221
SMM.US.x.F236.H4	SMM.US.x.H9	3249
SMM.US.x.PBJA	SMM.US.x.PGMS3	3957
SMM.US.x.SME543	SMM.US.x.pE660.C67G	3213
STM.US.89.STM_37_16		3954
		3440
		3733
		3884
		3970
		3956
		3614

A. 65 00 USD

— — — — —

[illegible]

MAC.US.x.239
 Pol
 A.CI.88.UC2
 A.DE.x.BEN
 A.DE.x.PE12 KR.KRCG
 A.GH.x.GH1
 A.GM.07.D194
 A.GM.x.ISY.SBL.6669_85
 A.GM.x.MCN13
 A.GM.x.MCR35
 A.GW.86.F6 clone NIHZ
 A.GW.87.CAM2CG
 A.GW.x.MDS
 A.IN.07.NNVA
 A.IN.95.CRIK.147
 A.JP.08.NMC786 clone 41
 A.PT.x.ALI
 A.SN.85.RDD
 A.SN.86.ST.JSP4_27
 B.CI.88.UC1
 B.CI.x.20.56
 B.CI.x.EH0
 G.GH.86.D205 ALT
 B.JP.01.IMCJ.KR020_1
 G.CI.92.Abt96
 AB.CH.03.03CM.510.03
 H2.01.AB.CI.90.7312A
 H2.01.AB.JP.04.NMC307_20
 H2.01.AB.JP.07.NMC716_01
 H2.01.AB.JP.08.NMC842_10
 U.CI.07.07IC.TNP3
 U.FR.96.12034
 MAC.US.x.17EC1
 MAC.US.x.251.1A11
 MAC.US.x.251.32H.PJ5
 MAC.US.x.251.BK28
 MAC.US.x.MN142.IVMXX
 MNE.US.82.MNE.8
 MNE.US.x.MNE827
 SMM.CI.79.SIVsmCI2
 SMM.LR.89.SIVsmLIB1
 SMM.SL.92.SIVsmSL92A
 SMM.SL.92.SL92B
 SMM.US.04.6078
 SMM.US.04.G932
 SMM.US.04.M919
 SMM.US.04.M922
 SMM.US.04.M923
 SMM.US.04.M926
 SMM.US.04.M934
 SMM.US.04.M935
 SMM.US.04.M940
 SMM.US.04.M946
 SMM.US.04.M947
 SMM.US.04.M949
 SMM.US.04.M950
 SMM.US.04.M951
 SMM.US.04.M952
 SMM.US.05.D215
 SMM.US.06.FTQ
 SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
 SMM.US.86.CFU212
 SMM.US.x.F236.H4
 SMM.US.x.H9
 SMM.US.x.PBJA
 SMM.US.x.PGM53
 SMM.US.x.SME543
 SMM.US.x.pE660.C67G
 STM.US.89.STM_37_16

CAGACTCAGGGCCAAAGGCAAAATTATTAGTAGATTACAAATATGTTATGGGAATAAACAAGGATGCCCTACAGAATCAGAGAGCAGGCTAGTTAATCAAATATAGAAGAAATGATTAAGAAAGTCAGAAATTTATGTAGCATGGGTACCAGCACAAAGGTATAGGA 4477
 L T D S G P K A N I I V D S Q Y V M G I T G C P T E S E S R L V N Q I E E M I K K S E I Y V A W V P A H K G I
 -----T-----TT-----C-----G-----A-----G-----G-----A-----G-----T-----AA-----A-----C-----T-----C-----A-----G-----AGA-----C-----G-----C-----T-----A-----C-----C-----T-----C-----4560
 -----C-----TT-----C-----G-----A-----G-----G-----G-----CCAG-----A-----G-----A-----AT-----AA-----G-----C-----G-----C-----A-----G-----GA-----C-----G-----C-----T-----C-----C-----T-----C-----4560
 -----T-----A-----C-----C-----G-----A-----G-----G-----G-----CCAG-----A-----G-----T-----AA-----A-----C-----C-----T-----G-----C-----A-----G-----AC-----C-----C-----T-----C-----C-----T-----C-----4528
 -----G-----T-----A-----TT-----C-----G-----A-----G-----G-----GT-----CCAA-----A-----G-----A-----T-----AA-----A-----C-----C-----T-----G-----C-----A-----G-----AG-----C-----G-----C-----T-----G-----C-----C-----T-----C-----4004
 -----T-----C-----TT-----C-----C-----G-----A-----G-----G-----GT-----CCAA-----A-----G-----A-----AT-----AA-----A-----C-----C-----T-----G-----C-----A-----G-----AG-----C-----G-----C-----T-----C-----C-----T-----C-----4004
 -----T-----A-----TC-----G-----C-----G-----A-----G-----G-----G-----CCAA-----GG-----T-----T-----AA-----A-----A-----T-----G-----G-----A-----GA-----C-----C-----T-----C-----G-----C-----G-----C-----4001
 -----T-----A-----C-----C-----G-----A-----G-----G-----G-----CCAG-----A-----T-----T-----AA-----A-----C-----G-----G-----A-----GA-----C-----C-----T-----C-----C-----T-----C-----4005
 -----T-----A-----C-----C-----G-----A-----G-----G-----G-----CCAG-----A-----T-----T-----AA-----A-----C-----G-----G-----A-----GA-----C-----C-----T-----C-----C-----T-----C-----4005
 -----T-----A-----T-----C-----G-----A-----G-----G-----G-----CCAA-----A-----G-----A-----AT-----AA-----A-----G-----C-----A-----G-----AG-----C-----C-----T-----G-----C-----C-----T-----C-----4569
 -----C-----A-----T-----C-----G-----A-----G-----G-----GT-----CCAA-----A-----G-----A-----AT-----AA-----A-----G-----C-----G-----A-----GA-----C-----C-----T-----C-----C-----T-----C-----4004
 -----T-----A-----TC-----C-----G-----A-----G-----G-----GT-----CCAA-----A-----G-----A-----AT-----AA-----A-----G-----C-----G-----A-----GA-----C-----C-----T-----C-----C-----T-----C-----4554
 -----T-----A-----C-----G-----A-----G-----G-----GT-----CCAA-----A-----G-----A-----AT-----AA-----A-----G-----C-----G-----A-----GA-----C-----C-----T-----C-----C-----T-----C-----4305
 -----TA-----TT-----C-----C-----A-----G-----G-----GT-----CCAA-----A-----A-----T-----AA-----A-----C-----C-----T-----G-----C-----A-----GA-----C-----G-----C-----T-----C-----C-----T-----C-----4556
 -----G-----T-----A-----C-----C-----G-----A-----G-----G-----GT-----CCAA-----A-----A-----T-----AA-----A-----C-----C-----T-----G-----C-----A-----GA-----C-----G-----C-----T-----G-----C-----C-----T-----C-----4553
 -----G-----T-----A-----TT-----C-----G-----A-----G-----C-----GTG-----A-----CCAA-----A-----G-----A-----T-----AA-----G-----C-----G-----C-----A-----GA-----C-----C-----T-----C-----C-----T-----C-----G-----4006
 -----T-----A-----C-----C-----C-----C-----A-----G-----G-----GT-----CCAA-----A-----G-----A-----T-----AA-----A-----C-----C-----T-----A-----GA-----C-----C-----T-----C-----C-----T-----C-----4005
 AG-----T-----A-----C-----A-----TC-----C-----C-----C-----G-----T-----C-----CAG-----A-----A-----G-----TCACCA-----A-----A-----G-----T-----C-----AGA-----C-----A-----G-----G-----T-----G-----AC-----T-----4541
 AG-----T-----A-----C-----A-----TC-----C-----C-----C-----G-----T-----C-----CAA-----A-----A-----CTCACCA-----A-----A-----G-----T-----C-----GA-----C-----A-----G-----G-----T-----G-----AC-----T-----4536
 AG-----T-----A-----C-----TC-----C-----C-----C-----G-----T-----C-----CAA-----A-----A-----ATCACC-----A-----A-----GAG-----T-----C-----GA-----A-----A-----G-----T-----G-----AC-----G-----T-----4531
 AG-----T-----AA-----A-----TC-----C-----C-----G-----C-----G-----T-----C-----CAG-----A-----A-----ATCACCA-----AGCAA-----T-----C-----AGAG-----C-----G-----A-----G-----G-----T-----G-----AC-----G-----T-----4533
 AG-----T-----A-----C-----TC-----C-----C-----G-----C-----G-----T-----C-----CAG-----A-----A-----ATCACCA-----A-----GAG-----G-----C-----T-----C-----GA-----C-----A-----C-----G-----T-----AC-----G-----T-----3683
 AG-----T-----T-----A-----TC-----C-----C-----R-----C-----G-----C-----R-----CAA-----A-----G-----A-----ATC-----CC-----T-----A-----A-----T-----R-----AGA-----RCTC-----A-----G-----T-----T-----A-----3887
 AG-----T-----R-----A-----C-----A-----TT-----C-----C-----C-----G-----T-----C-----CAR-----A-----A-----ATCACCA-----R-----CAAR-----T-----C-----RGAG-----C-----A-----G-----C-----G-----AC-----T-----3672
 AG-----T-----A-----C-----A-----TC-----C-----C-----C-----G-----G-----T-----C-----CAG-----A-----A-----TCACC-----A-----A-----A-----G-----T-----C-----GA-----C-----A-----G-----G-----T-----AC-----T-----4542
 AG-----T-----A-----C-----A-----TC-----C-----C-----G-----G-----T-----C-----CAG-----A-----A-----TCATCA-----A-----A-----AGG-----T-----C-----GA-----C-----G-----A-----G-----T-----AC-----T-----4542
 AG-----T-----A-----C-----A-----TC-----C-----C-----G-----C-----G-----T-----C-----CAG-----A-----A-----TCATCA-----A-----CAGG-----T-----C-----AGA-----C-----G-----A-----G-----G-----T-----AC-----T-----4541
 AG-----T-----A-----CGA-----TC-----C-----C-----G-----C-----G-----T-----C-----CAA-----A-----A-----TCATCAG-----A-----AGG-----T-----C-----GA-----C-----G-----A-----G-----G-----T-----AC-----T-----4547
 AG-----TT-----T-----A-----T-----G-----C-----C-----C-----G-----CAG-----C-----A-----ATCACCA-----G-----CA-----C-----T-----C-----TG-----GA-----CTT-----A-----R-----GC-----C-----AC-----T-----3992
 A-----T-----A-----A-----T-----C-----G-----GAC-----A-----A-----G-----CAG-----A-----A-----TC-----CCA-----A-----G-----A-----C-----C-----T-----A-----GG-----AGA-----C-----G-----G-----T-----GC-----T-----T-----T-----G-----T-----T-----4039
 -----A-----C-----A-----4477
 -----C-----C-----A-----4476
 -----C-----C-----A-----4478
 -----A-----C-----A-----4453
 -----C-----C-----A-----3963
 -----C-----C-----A-----3945
 -----C-----C-----A-----3945
 G-----TG-----A-----G-----GG-----GAC-----C-----T-----TG-----G-----CA-----G-----GA-----CTCTCC-----A-----G-----G-----C-----G-----GC-----A-----G-----AGA-----CC-----C-----T-----G-----C-----T-----T-----A-----C-----3597
 A-----T-----G-----A-----T-----G-----CAC-----C-----T-----G-----GT-----A-----G-----TG-----GTT-----GAG-----A-----ATCTCCAA-----A-----G-----G-----A-----CC-----C-----GTT-----AGA-----GC-----G-----G-----T-----T-----AT-----G-----3558
 A-----T-----TCCAAGT-----TC-----G-----AG-----ACG-----C-----T-----G-----CT-----AAC-----G-----G-----G-----GCAAT-----C-----T-----A-----A-----A-----G-----T-----C-----C-----AG-----C-----G-----AGA-----C-----G-----A-----CA-----G-----T-----T-----C-----3908
 T-----T-----AA-----G-----A-----C-----C-----T-----G-----G-----G-----G-----GCAAT-----C-----T-----A-----A-----A-----A-----G-----C-----G-----G-----C-----T-----C-----CC-----3737
 T-----T-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----G-----TCAG-----C-----T-----A-----T-----AT-----G-----T-----G-----C-----GA-----C-----G-----G-----T-----T-----A-----3731
 T-----T-----A-----C-----G-----C-----C-----C-----C-----G-----TCAG-----C-----T-----A-----AT-----AT-----A-----C-----G-----G-----G-----GA-----C-----G-----G-----T-----T-----A-----3732
 T-----T-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----G-----TCAG-----C-----T-----A-----T-----AT-----A-----C-----G-----G-----G-----GA-----C-----G-----G-----T-----T-----A-----3731
 A-----T-----A-----T-----A-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----GCAAT-----C-----T-----A-----T-----AT-----A-----C-----G-----G-----G-----GA-----C-----G-----G-----T-----T-----A-----3731
 T-----T-----A-----A-----C-----G-----C-----T-----T-----C-----C-----G-----TCAA-----C-----T-----A-----T-----AT-----A-----C-----G-----G-----G-----GA-----C-----G-----G-----T-----T-----G-----3729
 T-----T-----AA-----G-----A-----C-----G-----C-----G-----G-----G-----GCAAT-----C-----T-----A-----T-----AT-----A-----G-----G-----G-----GA-----C-----G-----G-----T-----T-----C-----3732
 A-----T-----A-----T-----A-----C-----G-----C-----G-----G-----G-----GCAAT-----C-----T-----A-----AT-----AT-----A-----C-----G-----G-----G-----AGA-----GG-----C-----G-----G-----T-----G-----A-----3730
 T-----T-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----TCAG-----C-----T-----A-----AT-----AT-----A-----C-----T-----G-----G-----GA-----C-----G-----G-----T-----T-----A-----3731
 T-----T-----G-----G-----C-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----G-----GCAAT-----C-----T-----A-----AAA-----A-----G-----G-----G-----A-----C-----G-----A-----G-----T-----T-----G-----C-----3725
 A-----T-----T-----A-----G-----G-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----GCAAT-----C-----T-----A-----T-----G-----A-----GC-----G-----G-----G-----AGG-----G-----C-----G-----G-----T-----A-----G-----3730
 A-----T-----AA-----G-----A-----C-----G-----T-----T-----C-----G-----G-----G-----GCAAT-----C-----T-----A-----AAA-----A-----G-----G-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----T-----T-----C-----3734
 A-----T-----A-----T-----A-----C-----G-----G-----T-----C-----G-----G-----G-----CAG-----C-----C-----A-----ATTCTA-----A-----G-----T-----G-----C-----A-----C-----G-----G-----G-----T-----C-----G-----3730
 T-----T-----A-----G-----A-----C-----G-----G-----T-----G-----C-----C-----G-----G-----G-----CAA-----T-----A-----G-----A-----C-----G-----C-----A-----C-----G-----G-----T-----T-----C-----3759
 T-----GA-----A-----G-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----TCAA-----C-----T-----A-----T-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----GA-----C-----G-----G-----T-----T-----A-----4467
 T-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----G-----G-----G-----TCAA-----C-----T-----A-----AT-----A-----A-----GC-----C-----C-----A-----G-----C-----CA-----T-----T-----GC-----3723
 T-----G-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----TCAG-----C-----T-----A-----T-----AT-----A-----C-----G-----G-----GA-----C-----C-----T-----T-----A-----4464
 T-----T-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----TCAA-----C-----T-----A-----T-----AT-----A-----C-----G-----GA-----C-----C-----T-----T-----RRA-----3950
 T-----T-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----TCAA-----C-----T-----A-----T-----AT-----A-----C-----G-----GA-----C-----C-----T-----T-----A-----4243
 T-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----TCAA-----C-----T-----A-----T-----AT-----A-----C-----G-----GA-----C-----C-----T-----T-----A-----4394
 T-----G-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----TCAG-----C-----T-----A-----T-----A-----C-----G-----G-----GA-----C-----C-----T-----T-----A-----4480
 T-----G-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----TCAA-----C-----T-----A-----T-----T-----A-----C-----G-----G-----GA-----C-----C-----T-----T-----A-----4466
 G-----T-----T-----A-----G-----G-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----G-----CAG-----C-----G-----A-----T-----A-----G-----G-----GA-----C-----C-----T-----T-----A-----4124

[illegible]

A. 65.00 USD

STM.US.89.STM 37 16

-----C-G-C-C-----A-C-----A-T-G-GT-----G-C-A-A-C-G-T-A-----G-T-G-A-C-----A-----G----- 4463

MAC.US.x.239
Pol

A.CI.88.UC2
A.DE.X.BEN
A.DE.X.PE12.KR KRGC
A.GH.X.GH1
A.GM.X.G7.D194
A.GM.X.TCN SBCL 6669_85
A.GM.X.MC91
A.GW.86.FG clone NIHZ
A.GW.X.MC35
A.IN.07.NVGA
A.IN.95.CRIK 147
A.P.08.NMC786 clone 4
A.PT.AL1
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST.JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.X.20.56
B.CI.X.EH0
B.CI.X.82.025 ALT
B.JP.01.1MCJ KR020_1
C.GI.92.ABt96
AB.CM.93.03CM 510.03
H2.01.AB.CI.90.7312A
H2.01.AB.JP.04.NMC307
H2.01.AB.JP.07.NMC716
H2.01.AB.JP.08.NMC842
U.CI.07.071C TNP3
U.FR.96.12634
MAC.US.X.17EC1
MAC.US.X.25.1A11
MAC.US.X.251-32H.PJ5
MAC.US.X.251.BK28
MAC.US.X.MM142 IVMXX
MNE.US.X.82.MNE 8
MNE.US.X.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI12
SMM.LR.95.SIVsmL1B1
SMM.US.X.SIVsmL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTG
SMM.US.06.FTG11SME660_FL
SMM.US.86.CF.U0212
SMM.US.X.F236.H4
SMM.US.X.H9
SMM.US.X.PBJA
SMM.US.X.PG03
SMM.US.X.SME543
SMM.US.X.pE660.C67G
STM.US.89.STM 37 16

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

MAC.US.x.239
Vif
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCG
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.GM3 SBL 6669 85
A.GM.x.MN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.FG clone NIH2
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MD5
A.IN.97.NNVA
A.IN.95.CRIK 147
A.JP.08.MNM786_clone_41
A.PT.x.ALT
A.SN.85.R0D
A.SN.86.F2 JSP4 27
C.CI.88.UC1
C.CI.x.29 36
C.CI.x.EH0
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020 1
C.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20
H2 01 AB.JP.04.NMC716 01
H2 01 AB.JP.04.NMC842 10
U.CI.87.07IC TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.2531 1A11
MAC.US.x.251 32H P25
MAC.US.x.251 BKJ8
MAC.US.x.MM142 IVMXX
MME.US.82.MNE 8
MME.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLB1
SMM.SL.92.SIVsmL91A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10
SMM.US.86.FCU212
SMM.US.x.F236 H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PCM53
SMM.US.x.SME543
SMM.US.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM 37 16

[illegible]

	Vpx start		
MAC.US.x.239	CGATGTGAGA.....TCCACGGGAGAGAAATCCCACTGGAACAGTGGAGAGAGACAATAGGAGAGGCTTCGAATGGCTAAACAGAAACAGTAGAGGAGATAAACAGAGAGGCGGTAACACCACTACCAAGGAGCTAATTTTCCAGGTTTGGCAAAGGCTTTGGGAA	5973	
Vpx	M S D P R E R I P T P G N S G E E T I G E A F E W L N R T V G E I N R E A V N H L P R E L I F Q V L W O R S W E		
Vif	D V R S Q G E N P T W K Q W R R D N R R G L R M A K Q N S R G G D K Q R G G K P P T K G A N F P G L A K V L G		
A.CI.88.UC2	AC-AAATGAC..AGAC..A-A-GG-A-G-A.....C-T.....G-G-G-TA-A-CCT-G.....G-CC-A-C.....G-C-AG-6059		
A.DE.x.BEN	AC-AAATGAC..AGAC..A-A-GG-A-G-A.....C-T.....G-G-G-TA-A-CCT-G.....G-CC-A-C.....G-C-AG-6059		
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	AC-AAATG-C..AGAC..A-A-C-G-A-G-A.....G-C---TA-T-T.....CT---G-A-TG---CC---A-G-T-G-CC-A-C.....G-C-AG-6027		
A.GH.x.GH1	AC-AAATGAC..AGAC..A-A-GG-A-G-A.....G-C---TA-T-T.....CT---G-G-TA-A-CCT-G.....G-CC-A-C.....G-C-AG-5503		
A.GM.87.D194	AC-AAATG-C..AGAC..A-A-GG-G-G-A.....C-T.....G-G-G-TA-A-CCT-G.....G-CC-A-C.....G-C-AG-5503		
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	GC-AAATGAC..AAAC..A-C-A-A-A.....C-A-T-C-A-A.....T-G-G-G-A-CC.....A-G-T-G-CC-A-T.....G-C-AG-5500		
A.GM.x.MCN13	GC-AAATGAC..AGAC..A-A-CGG-A-C-A.....C-T-C-A-A.....A-T-G-G-G-G-A-CC.....A-G-T-G-CC-A-T.....G-C-AG-5504		
A.GM.x.MCR35	GC-AAATGAC..AGAC..A-A-CGG-A-C-A.....C-T-C-A-A.....A-T-G-G-G-GA-A-CC.....A-G-T-G-CC-A-T.....G-C-AG-5504		
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	AC-AAATGAC..AGA..A-C-G-G-A.....C-C-G-T-C-A-A.....G-G-G-TA-A-CCT-G.....G-CC-A-C.....G-C-AG-5497		
A.GW.87.CAM2CG	AC-AAATGAC..AGAC..A-CCG-A-A-A.....C-T-C-A-A.....CC-G-G-G-A-CT.....A-G-T-G-CC-A-T.....G-C-AG-6068		
A.GW.x.MDS	AC-AAATG-C..AGAC..A-C-G-A-A-A.....C-C-T-C-AGC.....CC-G-G-G-A-CC.....A-G-T-G-CC-A-T.....G-C-AG-5503		
A.IN.07.NNVA	AC-AAATGAC..AGA..A-C-G-A-A-A.....C-C-T-C.....CT-G-G-G-G-A-CC.....A-G-T-G-CC-A-T.....G-C-AG-6053		
A.IN.95.CRIK_147	AC-AAATGAC..AGA..A-CGG-A-A-A.....C-T-C.....CT-G-G-G-A-CC.....A-G-T-G-CC-A-C.....G-C-AG-5804		
A.JP.08.NMC786_clone_41	AC-AAATG-C..AGAC..A-A-GG-A-T-A.....C-T.....G-G-G-TA-A-CCT-G.....A-GG-T-G-CC-A-C.....G-C-AG-6055		
A.PT.x.ALI	AC-AAATG-C..AAAC..A-A-C-G-A-A-A.....C-T-C.....G-G-G-G-TA-A-CCT-G.....G-T-G-CC-A-C.....G-C-AG-6052		
A.SN.85.RDD	AC-AAATGAC..AGAC..A-C-G-A-A-A.....C-C-T-C.....CC-G-G-G-A-CC.....A-A-G-T-G-CC-A-A-T.....G-C-AG-5505		
A.SN.86.ST_JSP4_27	AC-AAATG-C..AGGC..A-C-A-A-A.....C-A-T-C.....G-G-G-G-A-CC.....A-G-T-G-CC-A-T.....G-C-AG-5504		
B.CI.88.UC1	G-A-GA-A-GATGGA.....G-G-A-A.....C-AC-A-A.....A-A-T-G-A-A-A-ACA-C-C.....G-TA-A-C-T-T-G-CC-A-A-C.....C-G-G-C-6043		
B.CI.x.20_56	A-A-GA-A-AATGGA.....G-G-A-A.....C-AC-G-A-G.....A-A-C-G-A-C-ACA-C-C.....AG-A-A-C-T-T-G-CC-A-A-C.....C-A-G-C-6038		
B.CI.x.EHO	A-A-GA-A-AATGGA.....G-A-A-A.....C-C-A-A-G.....A-A-G-C-T-AC-TC.....TA-A-C-T-T-G-CC-A-A-C.....C-G-A-C-6033		
B.GH.86.D205_ALT	A-A-GA-A-AATGGA.....G-G-A-A.....C-AC-A-A.....A-A-CT-G-A-A-ACA-C-C.....G-TA-A-C-T-T-G-CC-A-A-T.....C-G-G-C-6035		
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	A-A-GAG-AATGGAC.....G-G-G-A-A.....C-C-A-A.....A-A-CT-G-A-A-ACA-C-C.....TA-T-C-T-T-G-CC-A-T.....C-G-G-C-5185		
G.CI.92.Abt96	AA-A-GACAT...GGA-A-A.....G-M-A-A-A.....C-AC-G.....C-A-A.....G-A-MACA-C-C.....GATA-A-C-T-TT-C.....T-G-G-C-5386		
AB.CM.03.03CM_510_03	G-A-GA-A-AATGGA.....A-A-A-A-G.....C-AC-A-A.....A-A-K-G-A-A-ACA-C-C.....G-TA-A-C-T-T-G-CC-A-A-C.....C-G-G-C-5174		
H2_01_AB.CI.90.7312A	A-A-GA-A-AATGGA.....G-G-A-A.....C-AC.....G-A-A.....C-G-A-A-TA-AC-C.....G-A-A-C-TT-G-CC-A-A-T.....C-G-G-C-6044		
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	A-A-GA-A-AATGGA.....A-GG-G-A-A.....C-AC.....A-T-G-A-A-ACA-C-C.....G-A-A-C-TT-G-CC-A-A-C.....C-G-G-C-6044		
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	A-A-GA-A-AATGGA.....A-GG-G-A-A.....C-AC.....A-T-G-A-A-ACA-C-C.....G-A-A-C-TT-G-CC-A-A-C.....C-G-G-C-6043		
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	A-A-GA-AGAATGGA.....G-G-A-A.....C-AC.....A-CT-G-A-A-ACA-C-C.....G-A-A-C-T-TT-G-CC-A-C.....C-G-G-C-6049		
U.CI.07.07IC_TNP3	G.....C-A-A-A-A.....TCA-A-C-A-G-G-A-A.....G-GTC.....CACAC-CC-CA.....A-G-T-T-G-C-A-T.....G-C-G-C-5488		
U.FR.96.12034	A--GG.....A-A-A-A.....TTCA-A-A-A-TG.....T-AGT.....G-A-T-GAGA-T-C.....G-CA-A-GC-A-T-T-C-A-T.....C-C-C-5534		
MAC.US.x.17EC1	5973	
MAC.US.x.251_1A11G-A.....	5972	
MAC.US.x.251_32H_PJ5	TT.....	5974	
MAC.US.x.251_BK28	TC.....	5949	
MAC.US.x.MM142_IVMXX	TT.....	5459	
MNE.US.82.MNE_8	TT.....A.....	5441	
MNE.US.x.MNE027	TT.....A.....	5441	
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-A-ACAG-ATGGGAAG-G-A-A.....A-C.....G-A-A.....T-G.....G-A-A-T-G-C.....G-C-G-C-5099		
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	GC.....A-A-A-A.....A-T.....G-G-A-G-A-A-A-C.....A-G-T-G-CC-A-A-C.....AT-G-C-G-C-5051		
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	A--ATG.....A-A-ACAG.....T-A-G.....G-C.....C.....G-A-C-ACA-C.....TA-A-C-T-T-G-CC-A-A-C.....C-G-G-C-5050		
SMM.SL.92.SL92B	G-AAATGAC..AGAC..A-A.....A.....A.....T-C-AT.....G-CCC-G-TCA-ACA-A-C-A.....T-A-T.....C-A-G-5410		
SMM.US.04.G078	TT.....	5233	
SMM.US.04.G932	TC.....A-G.....A-T.....T-G-G-A-T.....G-A-G-T-T.....G-C-5222		
SMM.US.04.M919	TC.....G.....A-C.....C-G-A-A.....G-CA-A-G-T-T-G-G.....G-C-G-C-5227		
SMM.US.04.M922	TC.....A-G.....A-C.....C-G-A-A.....G-CA-A-G-T-T-G-G.....T-C-G-C-5228		
SMM.US.04.M923	TC.....A-G.....A-C.....C-G-A-A.....G-CA-A-G-T-T-G-G.....A-C-G-C-5227		
SMM.US.04.M926	TC-G.....T.....AA.....G-GA-G.....C-A-AG.....G-A-A-T.....AT-G.....G-G-A-5227		
SMM.US.04.M934	TC.....A-G.....A-G.....C-A-A.....G-CA-A-G-T.....T-G.....G-G-C-5225		
SMM.US.04.M935	TC.....A-G.....G.....A-G.....C-A-A.....G-CA-A-G-T-T-G-G.....G-C-G-C-5228		
SMM.US.04.M940	-T.....A-G.....C.....G-A-A.....C-A-A.....G-A-A.....G-T.....A-G.....G-G-C-5233		
SMM.US.04.M946	TC.....C.....A-G.....G-C.....C-G-A-A.....G-CA-A-G-T-TT-G-G.....T-G.....G-G-C-5226		
SMM.US.04.M947	TT.....A.....G-G-A.....C-G-A-A.....G-A-G.....G-C-T-T.....A-G.....G-G-C-5221		
SMM.US.04.M949	TC.....A.....G-C-A-A.....C-A-C.....G-A-A-G-T-T.....AT-G.....G-G-C-5225		
SMM.US.04.M950	T.....A.....A-G-G-A.....C-G.....G-A-C.....G-C-G-T.....A-G.....G-G-C-5230		
SMM.US.04.M952	TC.....A.....CAG.....A-T-C.....G-GC.....C-A-C.....G-A-G-T.....T-G.....G-G-C-5226		
SMM.US.05.0215	AC.....A.....A-T-G-A-T.....G-A-C.....TA-A-T.....A-G.....G-C-5227		
SMM.US.06.F1Q	TC.....A.....G-A.....C-A-A.....G-G-G.....C-A-T.....G-CA-A-T.....A-G.....C-G-C-5255		
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	TC.....G.....G-A.....G-A-A.....G-G.....G-G-A-AC.....G-TA-A-T.....G-G-A.....G-G-C-5963		
SMM.US.86.CFU212	TC.....G.....G-A.....A-A.....A-G.....G-G-A-AC.....G-TA-A-T.....G-G-A.....G-G-C-5219		
SMM.US.x.F236_H4	TC.....R.....R.....A-RR.....C-Y.....C-C.....S-A-A.....G-CA-A-G-T-TT-G-R.....C-G-K-C-5961		
SMM.US.x.H9	TC.....A.....G.....A-A.....A-A.....G-CA-A-G-T-TT-G-R.....C-G-K-C-5446		
SMM.US.x.PB3A	TC.....A.....G.....A-A.....A-A.....G-CA-A-G-T-TT-G-R.....C-G-K-C-5739		
SMM.US.x.PGM53	TC.....A.....G.....A-A.....A-A.....G-CA-A-G-T-TT-G-R.....C-G-K-C-5890		
SMM.US.x.SME543	TC.....A.....G.....A-A.....A-A.....G-CA-A-T.....G-G.....C-G-C-5976		
SMM.US.x.pE660.CG7G	TC.....A.....G.....A-A.....A-A.....G-CA-A-T.....G-G.....G-C-C-5962		
STM.US.89.STM_37_16	AC.....A.....A-G-C.....G-AG-A-A.....G-C.....G-C.....C-A-A-T.....G-A-G.....C-G-5620		

195

[illegible]

	Vpx end	Vpr start		
MAC.US.x.239	ACTAGCATAA	ATGGAAGAAAGACCTCCAGAAAATGAAGACCACAAAGGAACCATGGGATGAATGGGTAGTGAGGTTCTGGAAGAAGCTGAAAGAAAGCTTTAAACATTTTGATCCTCGCTTGTAACTGCACTTGGTAATCATATCTATAAT	6297	
Vpx	L A *	M E E R P P E N E G P O R E P 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		
Vpr				
A.CI.88.UC2	T---TC---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---C-A---GG---	---C---T---T---AC---CT---
A.DE.x.BEN	T---TC---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	C---TC---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
A.GH.x.GH1	T---TC---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
A.GM.87.D194	T---TC---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	TT---TC---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
A.GM.x.MCN13	T---TC---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
A.GM.x.MCR35	T---TC---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
A.GW.86.F6_clone_NIHZ	TT---TC---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
A.GW.87.CAM2CG	GT---TC---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
A.GW.x.MDS	TT---TC---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
A.IN.07.NNVA	TTGG---TT---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
A.IN.95.CRIK_147	T---TC---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
A.JP.08.NMC786_clone_41	T---TC---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
A.PT.x.ALI	T---TC---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
A.SN.85.RDD	T---TC---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
A.SN.86.ST_JSP4_27	T---TC---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
B.CI.88.UC1	C---C---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
B.CI.x.20_56	C---C---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
B.CI.x.EH0	C---C---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
B.GH.86.D205_ALT	C---G---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	CT-G-C---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
G.CI.92.Abt96	T---G---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
AB.CM.03.03CM_510_03	C-G-C---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
H2_01_AB.CI.90.7312A	C---C---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	C---C---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	C---C---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	C---C---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
U.CI.07.07IC_TNP3	CT-G---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
U.FR.96.12034	T-GATC---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
MAC.US.x.17EC1				
MAC.US.x.251_Ia11				
MAC.US.x.251_32H_PJ5				
MAC.US.x.251_BK28				
MAC.US.x.MM142_IVMXX				
MNE.US.82.MNE_8				
MNE.US.x.MNE027				
SMM.CI.79.SIVsmCI2	TT-G---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	CT-G---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	TT-T-G---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
SMM.SL.92.SL92B	TT-G-C---	---TGG-A---G-T-G-A---T-T---	---A-A---A-A---A-A---G---	---C---G---T---CT---CT---
SMM.US.04.G078				
SMM.US.04.G932				
SMM.US.04.M919				
SMM.US.04.M922				
SMM.US.04.M923				
SMM.US.04.M926				
SMM.US.04.M934				
SMM.US.04.M935				
SMM.US.04.M940				
SMM.US.04.M946				
SMM.US.04.M947				
SMM.US.04.M949				
SMM.US.04.M950				
SMM.US.04.M951				
SMM.US.04.M952				
SMM.US.05.D215				
SMM.US.06.F1Q				
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10				
SMM.US.86.CFU212				
SMM.US.x.F236_H4				
SMM.US.x.H9				
SMM.US.x.PB3A				
SMM.US.x.PGM53				
SMM.US.x.SME543				
SMM.US.x.pE660.CG7G				
STM.US.89.STM_37_16				

HIV-2/SIV Complete Genomes

[illegible]

[illegible]

	Env signal peptide end	Env gp120 start	
MAC.US.x.239	CCATCTGCTTTTAAAGTGTCTATGGGATCTATTGT	ACTCTATATGTCAACAGTCTTTTATGGGTACACAGCTTGGAGGAATGCGACAATTCCTCCCTCTTTTGTGCAACCAAGAAATAGGGATACTTGGGGAACAACTCAGTGCTTACCAGATAATGGTGATTATTTCA	6798
Env	A I L L L S V Y G I Y C	T L Y V T V F Y G V P A W R N A T I P L F C A T K N R D T W G T T Q C L P D N G D Y S	
A.CI.88.UC2	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	AA-A-G-T-C-C-TG-A-AT-T-C-A-A-A-G-C-TA-T-G-C-A-CAG 6837	
A.DE.x.BEN	T-T-A-AAC-CT-GCTTAG-A-C	GC-AG-G-T-T-C-CA-C-G-AA-AT-T-T-A-T-A-A-C-G-C-TA-T-G-C-A-CAG 6898	
A.GH.x.GH1	T-T-A-AAC-CT-GCTTA-A-C	G-C-A-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-GA-A-A-C-TA-T-G-C-A-CAG 6860	
A.GM.87.D194	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	AA-A-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-T-T-A-T-A-A-A-G-C-TA-T-G-C-A-CAG 6339	
A.GM.x.ISY.SBL.6669_85	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAA-G-T-T-C-A-C-TG-AA-AT-C-T-A-A-A-C-TA-T-G-C-A-CAG 6336	
A.GM.x.MCN13	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
A.GM.x.MCR35	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
A.GW.86.F6 clone NIH2	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
A.GW.87.CAM2CG	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
A.GW.x.MDS	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
A.IN.07.NNVA	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
A.IN.95.CRIK 147	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
A.JP.08.NMC786 clone 41	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
A.PT.x.ALI	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
A.SN.85.RDD	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
A.SN.86.ST JSP4_27	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
B.CI.88.UC1	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
B.CI.x.20.56	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
B.CI.x.EH0	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
G.GH.86.D205 ALT	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
B.JP.01.IMGJ.KR020_1	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
G.CI.92.Abt96	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
AB.CH.03.03CM.510.03	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
H2.01.AB.CI.90.7312A	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
H2.01.AB.JP.04.NMC307_20	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
H2.01.AB.JP.07.NMC716_01	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
H2.01.AB.JP.08.NMC842_10	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
U.CI.07.07IC.TNP3	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
U.FR.96.12034	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
MAC.US.x.17EC1	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
MAC.US.x.251.1A11	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
MAC.US.x.251.32H.PJ5	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
MAC.US.x.251.BK28	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
MAC.US.x.MN142.IVMXX	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
MNE.US.82.MNE.8	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
MNE.US.x.MNE827	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.CI.79.SIVsmCI2	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.SL.92.SL92B	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.US.04.6078	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.US.04.G932	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.US.04.M919	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.US.04.M922	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.US.04.M923	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.US.04.M926	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.US.04.M934	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.US.04.M935	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.US.04.M940	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.US.04.M946	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.US.04.M947	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.US.04.M949	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.US.04.M950	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.US.04.M951	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.US.04.M952	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.US.05.D215	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.US.06.FTQ	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.US.86.CFU212	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.US.x.F236.H4	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.US.x.H9	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.US.x.PBJA	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.US.x.PQW5	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.US.x.SME543	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
SMM.US.x.pE660.C67G	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	
STM.US.89.STM_37_16	T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-C-T-A-T-T-G-C-A-CAG 6340	

[illegible]

[illegible]

	V1 loop end	V2 loop start		V2 loop end	
MAC.US.x.239	AAATGATAAGCTGTAAATTCAACATGACAGGGTTAAAAAGAGACAAGAAAAAGAGTACAATGAACTTGGTACTCTGCAGATTGGTATGTGAA			CAAGGGAATAACACTGGTAATGAAAGTAGATGTTACATGAACCACTGTAACACT	7242
Env	Q M I S C K F N M T G L K R D K K K E Y N E T W Y S A D L V C E			Q G N N T G N E S R C Y M N H C N T	
A.CI.88.UC2	GG--G-T-AT--G--T--G-AC-GG-CA-T-T--G-G--T-C-C-A--A-AT-G-T--C--			.AGCACA-C-G-A--C-CAA-C-CG-C--GA-T--	A 7272
A.DE.x.BEN	-G--GCAA--G-G--T-AG--G-CA-T--T--GGAG--T-G-C-A--T-TA-A--G-T--C--			..ACACA-CA-CTG-C-C--GA-T--C--	A 7324
A.DE.x.PE12 KR KRCC	-GG-AG-CGAT--CGG--T--AC-C-CT--T-CC-C-GC-A-T-G-A--AAAG-G-A-T--C--			..CA-CT-A--G-CCAGCC-C-A--	A 7265
A.GH.x.GH1	-G-AG-C-AT--C-G--T--A-G-G--T--C--T--A--AAA--G-A-T--			..TC-AAT--A-A-GGTA--AC--	A 6741
A.GM.87.D194	-GG-G-TGAG--G-G--T--G-C-G-CA-T--GGA--T--CG-A--AAG-G-T--C--			..G-AAACGGAAC-G-C-C--GA-T--C--	A 6732
A.GM.x.ISY SBL 6669_85	-C--G-CGAG--C-G--T--AC-G-GTT-T--C--T-G-C--AAA--G-T--			..TCAG--GCACAG-CCG-AA--	A 6738
A.GM.x.MCN13	-GG-G-C-AT--C--T--A-G-G--T--GC-A-T-G-G-A--GAAG-G-A-T--			..GGA-A--C-CCAC-GA-C--	A 6754
A.GM.x.MCR35	-GG-AG-C-AT--C-CAAG--T--A-G-G--T--GC--T-GG-A--GAAG-G-A-T--			..GGA-A--C-CCAC--C--	A 6754
A.GW.86.F6 clone NIHZ	-G--CGA--C-G--T-GT--A-G-G--T--G--C--T-C-G-A--AAA--G-T--			..CTCA-G-C-G-C-AG--	A 6729
A.GW.87.CAN2CG	-G-AG-C-AG--C-C--T--A-C-G--T--C--T--A--AAA--G-T--			..AATAGCACAG--C-G-CACA--G-CC-CG--	A 7377
A.GW.x.MDS	-G-G-C-AG--C--T--A-C-G-T-T--C--T-C-A--AAGC-G-T--G--			..G-AT--CACA-CC--C-G-C--G--	A 6798
A.IN.07.NNVA	-G-AG-C-TA--C-G--T--A--T--T-CC--AG-T--A--AAGC-G-T--			..CCAG-TA-C-CC-CT-GCAC-GGCA-C-A--C-CC-CAGGCC-G--ATGCG--	G 7319
A.IN.95.CRIK 147	-GG-AG-C-AT--G-G--T--A-GTG--T-ACC--GACA-T--A--ACGT-G-AT--			..CCAG--G--CACA-CTCG--A-AG--	A 7066
A.JP.08.NMC786 clone 41	-G--G-C-A--C-G--T--A-G-G-G--T--CC--CG-T--A--AAG--G-A-T--			..CCAA-TAATC-G-C-G-A-A-GGGA--GAA-A--	A 7323
A.PT.x.ALI	-G--G-C-AT--CGG--T--A-C-G--T--CC--C--T--A--AAA--G-T--			..C-TTT-C-C--CACA-CC-G-CC-G--	A 7305
A.SN.85.RDD	-C--C-AT--CC-G--T--A-G-G--T--C--T--A--AAA--G-T--G--			..ACA--T-GCACA--C-G-CCCAG--	A 6767
A.SN.86.ST JSP4_27	-G--G-CGA--C-G--T--A-G-G-G--T--CTA-T--A--AAA--G-A-C--			..TCA--G--CAAG-A-G-AA-C--	A 6751
B.CI.88.UC1	-C-CAG-TGA--T-C--T--AC--G--TG--C-A-T-G-C--GAAAA--A-AG-CA-C--			..GG-ACA-C-CCAGC-CC-T--	T 7296
B.CI.x.20 56	-TG--G-T-A--CC--T--AC--G-CA--TG--G--C-A-T-G-C--C--AGGAG--A-AG-C-G--			..GT--CC--	T 7270
B.CI.x.EH0	-G--GA--C--A--A--TG--TC--C-A-T-G-C--TAAACA--A-G--			..AA-GGG-CA-GGA--C-A--T--A-AAC--	A 7286
B.GH.86.D205 ALT	-A--GCAA--T-T-GT--G-AC--G--TG--CT--C-A-T-A-C--C--TG-A-A--G-ACAG--A-T--			..C-GGAAGT--ACC--	A 6291
B.JP.01.INCJ KR020_1	-C--G--CA--CG--T--A--GT--TG-ACCG-AC--T-C--TG-A-A--G-ACAG--A-T--			..GG-C--CC-T-A--AAC--	A 6414
G.CI.92.Abt96	CC--G-TG--C--C--T--C--G--TC--G--G-A--G--T--ACA--CA--Y--			..GTCC--G--AG--G--G--C-T--GG--	T 6655
AB.CH.03.03CM 510 03	-G--G-T-CA--C--T--GT--G-CA-T--GAG--T--G-A--T--ACAG--G-T--C--			..AAAA-CAATTCA-G-GAAACATTAA-C-AA-C--	A 6403
H2 01 AB.CI.90.7312A	-G--G-CGAT--C-G--T--A--G-G--T--C--C-A-T-G--A--AAA--G-A-T--G--			..TC-AAT--GGC-G-A-GGAG-GAC--	A 7306
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	-G-AG-CAG--C-G--T--A-G-G--T--GGC--T--A--T--AAA--G-A-T--G--			..ACCAAT--GGGC-AAA-G-GAC--C--T--	A 7388
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	-G--G-CGAG--C-G-TG--T--A-G-G-G--T--CG-T--A--AAA--G-G--G--			..G-GGC-A--C-CAT--C--	A 7281
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	-GG-AG-CGAG--C-G-TG--A-C-G--T--CGA-T--G-A--T--AAA--G-A-T--G--			..ACCAATAATAAGAC-AAT--G-AAA-G-GAC-AC--	A 7311
U.CI.07.07IC TNP3	-C--G-G--C-G--T--C--G--TC-AG-G-GC--T-G-G-C--T--CGT--CA-A-C--			..CAGAGTAAT--CTGA-AA--GAGC--C--C-T--T--T--C--	C 6760
U.FR.96.12034	C-T--G-G-T--G--T--T--C--G--T--C--T--A--A--T--CAT--CA-A-T--			..CA--CT-G-AA-G--A--C-T--	C 6784
MAC.US.x.17EC1		T			7242
MAC.US.x.251 1A11		G		G	7238
MAC.US.x.251 32H PJ5		G	A	T	7240
MAC.US.x.251 BK28		C	A	T	7224
MAC.US.x.MN142 IVMXX		C			6737
MNE.US.82.MNE 8		G		T	6710
MNE.US.x.MNE827		G		T	6713
SMM.CI.79.SIVsmCI2	CCC-A-TG--C--T--T--AC-T--G--A-G--A-T--G-A--T--ACAG--A-C--			..C-A--GGT-A--C-G--C--T--T--	A 6389
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-C--G-A--GG--T--AC--G-G--G--G--T--G-A--T--AG--T-G--			..CAA--T-A-AG--C--T--G--T--C--T--	A 6298
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-C--G-A--G-T-GT--T--C--GG--G--G--T--G-C--TG-CAGG--A-T-G--			..AAG-C--CAGAC-GGCA-C--C-C--T--GG--T--	C 6327
SMM.SL.92.SL92B	-C--G-T--C--T--AC--G--G--G--C--T--CAG--C-A-C--G--			..C-AGGAGGAAA-G-AAGC--	A 6678
SMM.US.04.6078	-C--G--T--T--A--GG--T-G-GG--A-T--C--T--AAG--A-C-A-T--			..CAA-G-G-A--A-G--AC--	C 6523
SMM.US.04.G932	-C--G--T--A--GG--T-G-GG--A-T--C--T--AAG--A-C-A-T--			..GC-AAT--CC--	C 6500
SMM.US.04.M919	-G--G--T--A--GTG--A-G--A-T-C--A--T-CA--C-A-T--			..CAAACTACTGAACTAATGAACTAAT--A-TGGAA--A--AT--T--T--C--T--	C 6522
SMM.US.04.M922	-G--G--T--T--T--G--G--A-G--A-T--A--T--AAG--AA--			..CAA--CTGA--A--AC--	C 6525
SMM.US.04.M923	CC--G--CC--T--A--G--A-T--A--T--AAG--A-T--			..AAC--CTGACA--AA--	C 6509
SMM.US.04.M926	CC--G--G--T--TC--T--G-G--A--G--C--T--A--C--C--G--			..CAAGGTAATGCTAAT--A-CA-G-AA--	C 6518
SMM.US.04.M934	-C--G--T--G--G--A--G--T--A--T--AAG--A--			..CAA--GT--G--	C 6482
SMM.US.04.M935	-C--G--T--G--A--G-G-A-T--A--T--AAG--A--			..CCAG--GCT-AA--G--AC--	C 6498
SMM.US.04.M940	-C--G-CAA--C--T--T--C--G--G--G--CT--C--T--			..C-A--GCT--AGGG-A--C--C-T--T--	C 6541
SMM.US.04.M946	-C--G--T--C--T--GG-G-A--G--T--A--T--AAG--A-A-T--			..CGAAATGGT--A--GGT--AAG--	C 6513
SMM.US.04.M947	CC--T--T--G--A-G-G-A-T--A--T--AAGG--A-A-T--			..CAA--A--AATC--A--T--T--C--	C 6512
SMM.US.04.M949	-C--G-CAA--T--T--G--G--G--A--G--G--C--C--T--			..CAA--GTT--AA--C--T--T--	C 6499
SMM.US.04.M950	-C--G-CAA--T--T--C--G--T--G--G--A--G--T--CA--C--T--G--			..CAAAATAATGGT-AA--GT--A-CA--	C 6506
SMM.US.04.M951	-C--G-CAA--T--T--G--G--G--GCGG--A--C--C--T--C--			..T-GCT--A--C--	C 6499
SMM.US.04.M952	-C--G--T--G--G--T--G--G--A--G--G--T--A--T--G--			..AAT--GGT--A-CA--	C 6498
SMM.US.05.D215	-C--G-TCA--C-G--T--T-C--C--G--G--A--G--G--C--AGG--A-A--			..GC-G-A-A--A-CA--G--C-T--T--	A 6499
SMM.US.06.FTQ	-T--G-TCT--C--T--T--C--G--G--G--A--G--G--C--AAG--C--			..CGAG-C-A--G-A-TA-CA--C--T--T--	C 6524
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	CC--G-T--T--T--G--G--A-GG-T--A-T--G--T--AAG--AA-C--G--			..CA-TCAGCG-A-AA-G--G--A--C-T--T--	C 7236
SMM.US.86.CFU212	CC--G-A--T--T--A-G--G--G--G--G--A--AGT--AA-C--G--			..TGG--ACACA--C--T--T--T--	A 6494
SMM.US.x.F236_H4	CC--G-T--T--T--T--G--A-G--A-T--A--T--AAG--AA-C--G--			..CA-TCAGCG-A-AA-G--G--A--C-T--T--	C 7192
SMM.US.x.H9	CC--G-T--T--T--A-G-G-A-T--A--T--AAG--A-G--			..CAAA-TA-C-GGA-A-AA-C--A-C-T--T--	C 6719
SMM.US.x.PBJA	CC--G-T--T--T--A-G-G-A-T--A--T--AAG--A-A-T--			..CAA--G--A-AA-C--C--A-C-T--T--	C 7021
SMM.US.x.PG053	C--G--G--T--AG--A-G--A-T--A--T--AAG--A-A--			..A-T-C-CT-G-A-A--A--T--T--	C 7176
SMM.US.x.SME543	CC--G-T--T--T--G--G--T--A-T--A--T--AAG--AA-C--G--			..CA-CCAGCA-A--A-G--G--A--C-G-T--T--	C 7249
SMM.US.x.pE660_CG7G	CC--G-T--T--T--G--G--T--A-T--A--T--AAG--AA-C--G--			..CA-TCAGCG-A-AA-G--G--A--C-T--T--	C 7232
STM.US.89.STM_37_16	C-C-AG--G-T--T--T--AC--T--A-G-G--G--G--AGC--C-AA-C--			..CAA--GT--CG-A-G--C--GA--T--C--T--C--	C 6881

MAC.US.x.239
Env
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PI2_KR_KRCG
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.87.x.CBL 6669 85
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.GF clone NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.87.NNVA
A.IN.95.CRK1 147
A.JP.08.NMC786_clone_41
A.PT.x.ALI
A.SN.85.FSD
A.SN.86.S7.JSD4 27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.29 36
B.CI.x.EHO
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.TMCJ KR020_1
C.I.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307 01
H2 01 AB.JP.07.NMC716 20
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.2511A11
MAC.US.x.251 32H PJ5
MAC.US.x.251 BK28
MAC.US.x.82142 IVMXX
MNE.US.MM.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLI1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.US.92.SL92B
SMM.US.04.G0878
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.G919
SMM.US.04.G922
SMM.US.04.G934
SMM.US.04.G926
SMM.US.04.G934
SMM.US.04.G935
SMM.US.04.G940
SMM.US.04.G946
SMM.US.04.G947
SMM.US.04.G949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D75
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.F236 H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PB3A
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
SMM.US.x.p6660.CG7G
STM.US.89.STM 37 16

[illegible]

[illegible]

[illegible]

V4 loop start

MAC.US.x.239	Env	ATCAATTG...ACGGCTCTGGAGGA...GGAGATCCGGAAGTACTCTCATGTGGACAAATTCAGAGGAGAGTCTCTACTGTAAATGAATTTGGTTTCTAAATTTGGGTAGAAATAGGAATACAGCTAACCCAGAA...CCAAAGGAACAGCA	7877
A.CI.88.UC2	-T-C-T-...GT-AAA-A--T-GGCTC-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7893
A.DE.x.BEN	-T-C-T-...ACAA-G--C-GGCTC-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7939
A.DE.x.PE12 KR KRCG	-T-C-T-...ACAA-A--AA-GGTTT-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7882
A.GH.x.GH1	-T-C-T-...AAAA-A--A-GGCTC-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7359
A.GM.87.D194	-T-C-T-...AAG-A--AT-GGTTT-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7353
A.GM.x.ISY SBL 6669_85	-T-C-T-...A-A-A-A-AA-GACTC-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7356
A.GM.x.MCN13	-T-C-T-...A-A-A-A-AAGGGCTC-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7366
A.GM.x.MCR35	-T-C-T-...A-A-A-A-AAGGGCTC-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7366
A.GW.86.F6 c1one NIHZ	-T-C-T-...AA-A-A-GA-GGCTC-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7363
A.GW.87.CAM2CG	-T-CC-C-...AA-A-A-AA-GGTTT-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7948
A.GW.x.MDS	-T-CC-C-...A-A-A-AA-GGCTC-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7416
A.IN.07.NNVA	-T-A-T-...A-A-G-AA-GGTTT-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7937
A.IN.95.CRIK 147	-T-CC-T-...G-A-A-G-AA-GGCTC-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7687
A.JP.08.NMC786 c1one 41	-TCGC-T-...TAAAA-A--A-GGCTC-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7941
A.PT.x.ALI1	-T-C-T-...AAAA-A--A-GGCTC-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7923
A.SN.85.RDD	-T-GC-T-...G-A-G-AA-GGCTC-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7382
A.SN.86.ST JSP4_27	-TCG--T-...TA-G-A--A-GGCTC-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7369
B.CI.88.UC1	-A-GA-...GTA-GG-CTCG-C-GGTTT-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7914
B.CI.x.20 56	-A-...GTA-GG-CTCG-C-GGTTT-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7888
B.CI.x.EH0	-A-GG-A-...G-A-G-AC-CGA-AGCTC-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7898
G.GH.86.D205 ALT	G-A-G-AGTAT-A-AA-A-AA-GGTTT-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7915
B.JP.01.IWCJ KR020_1	-A-G-A-...G-A-G-AGCTCGCA-GGCTC-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7029
G.CI.92.Abt96	-A-CC-T-...AA-A-A--A-GGTTT-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7293
AB.CH.03.03CM 510 03	-T-C-T-...AAA-A--A-GGCTC-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7018
H2 01 AB.CI.90.7312A	-T-CC-T-...AAAA-A--AC-GGCTC-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7924
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	-T-CC-T-...AAAA-A--A-GGCTC-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7904
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	G-T-C-T-...AAAA-A--A-GGCTC-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7899
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	-T-C-T-...AAAA-A--ACTGGCTC-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7926
U.CI.07.07IC TNP3	-T-...ACAG-A--GGA-...C-A-CC-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7404
U.FR.96.12034	-A-C-...G-A-AA-A-C-...T-T-A-G-A-AA-T-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7419
MAC.US.x.17EC1	-A-...A-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7877
MAC.US.x.251 1A11	-A-...A-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7873
MAC.US.x.251 32H PJ5	-A-...A-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7875
MAC.US.x.251 BK28	-A-...A-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7859
MAC.US.x.MN142 IVMXX	-A-...A-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7372
MNE.US.82.MNE 8	-A-...A-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7351
MNE.US.x.MNE827	-A-...A-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7354
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-C-...A-A-G-A-A-AAGTCT-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7030
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-T-CC-A-...C-A-...G-C-A-G-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	6948
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-T-CC-A-...C-A-...G-C-A-G-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	6977
SMM.SL.92.SL92B	-T-CC-A-...C-A-...G-C-A-G-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7328
SMM.US.04.6078	-T-CC-C-...AC-A-...G-C-A-G-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7173
SMM.US.04.G932	-T-CC-C-...A-A-...A-C-T-T-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7150
SMM.US.04.M919	-T-CC-C-...A-A-...A-C-T-T-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7172
SMM.US.04.M922	-T-CC-C-...A-A-...A-C-T-T-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7175
SMM.US.04.M923	-T-CC-C-...A-A-...A-C-T-T-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7159
SMM.US.04.M926	-T-CC-C-...A-A-...A-C-T-T-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7168
SMM.US.04.M934	-T-CC-C-...A-A-...A-C-T-T-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7141
SMM.US.04.M935	-T-CC-C-...A-A-...A-C-T-T-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7151
SMM.US.04.M940	-TT-C-...C-A-T-...G-C-A-G-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7200
SMM.US.04.M946	-TT-C-...C-A-T-...G-C-A-G-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7166
SMM.US.04.M947	-TT-C-...C-A-T-...G-C-A-G-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7156
SMM.US.04.M949	-T-C-...A-C-A-T-...G-A-C-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7134
SMM.US.04.M950	-T-C-...A-C-A-T-...G-A-C-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7156
SMM.US.04.M951	-T-C-...A-C-A-T-...G-A-C-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7149
SMM.US.04.M952	-T-C-...A-C-A-T-...G-A-C-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7148
SMM.US.05.D215	-TT-GC-...AAAG-A-...C-A-C-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7149
SMM.US.06.FTQ	-A-C-T-...T-AG-A-...AA-ACCTCT-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7162
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-T-CC-A-...A-A-C-...C-A-C-T-T-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7886
SMM.US.86.CFU212	-T-CC-A-...A-A-C-...C-A-C-T-T-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7144
SMM.US.x.F236 H4	-T-CC-A-...A-A-C-...C-A-C-T-T-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7842
SMM.US.x.H9	-T-GC-A-...A-A-...A-C-T-T-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7366
SMM.US.x.PBJA	-T-GC-A-...A-A-...A-C-T-T-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7668
SMM.US.x.PGMS3	-T-CC-A-...A-A-...A-C-T-T-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7826
SMM.US.x.SME543	-T-CC-A-...A-A-...A-C-T-T-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7899
SMM.US.x.pE660.C67G	-T-CC-A-...A-A-...A-C-T-T-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7882
STM.US.89.STM_37_16	-A-GGA-A-...GT-...G-...A-G-C-	-C-A-G-G-A-A--T-C-	7531

[illegible]

[illegible]

TTTCTCGCAACGGCAGGTTTCAATGGGCGCGGCGTGGTTGACGCTGACCGCTCAGTCCCAGCTTTATTGGCTGGGATAGTGCAGCAACAGCAACAGCTGTTGGACGTGGTCAAGAGACAACAAGAATTGTTGCGACTGACCGTCTGGGGAACAAAGAACCTCCAGAC	8375
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 E L L R L T V W G T K N L Q T	
MAC.US.x.239	
Env	
A.CI.88.UC2	-G-A-CC-T-A-G-C-C-A-A-T-T-G-8384
A.DE.x.BEN	-G-A-CC-T-A-C-G-C-A-A-T-T-G-8430
A.DE.x.PE12 KR_KRCG	-G-A-CC-T-G-TC-G-CT-AC-G-A-A-T-T-G-8374
A.GH.x.GH1	-G-A-CC-T-G-T-G-G-C-C-A-A-T-T-G-8446
A.GM.87.D194	-G-A-CC-T-G-T-G-G-C-C-A-A-T-T-G-8444
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	-A-G-A-G-G-T-C-T-G-T-G-CCG-T-A-T-T-G-8750
A.GM.x.MCN13	-A-A-C-C-A-T-G-T-G-C-C-G-A-T-T-G-8757
A.GM.x.MCR35	-A-A-C-T-G-T-G-C-C-G-A-T-T-G-8757
A.GW.86.F6 clone NIHZ	-A-A-AGT-C-A-C-T-A-T-G-C-A-T-T-G-8784
A.GW.87.CAM2CG	-A-A-AGT-C-A-C-T-A-T-G-C-A-T-T-G-8442
A.GW.x.MDS	-A-A-A-G-C-T-T-G-C-C-C-A-T-T-G-7907
A.IN.07.NNVA	-C-A-A-G-C-T-T-G-C-C-C-G-A-T-T-G-8422
A.IN.95.CRIK_147	-A-A-A-A-C-T-T-G-C-C-C-A-T-T-G-8185
A.JP.08.NMC786 clone 41	-A-A-AG-A-T-G-T-G-C-A-T-T-G-8432
A.PT.x.ALI	-G-A-A-AG-T-A-T-T-G-C-A-T-T-G-8414
A.SN.85.RDD	-A-A-AG-T-A-T-T-G-C-A-T-T-G-8786
A.SN.86.ST_JSP4_27	-A-G-A-AG-C-T-G-T-G-C-A-T-T-G-8760
B.CI.88.UC1	C-T-T-T-AA-C-T-A-G-C-G-A-G-C-G-G-A-T-T-G-8417
B.CI.x.20_56	-G-A-C-T-A-G-C-G-A-G-C-G-G-A-T-T-G-8382
B.CI.x.EH0	-C-T-G-T-C-T-T-G-C-C-G-A-G-C-G-G-A-T-T-G-8392
B.GH.86.D205 ALT	-C-T-T-AA-C-T-T-G-C-C-G-A-G-C-G-G-A-T-T-G-8406
B.JP.01.IWC1_KR020_1	-T-T-T-AA-C-T-T-G-C-G-A-G-C-G-G-A-T-T-G-7523
G.CI.92.Abt96	-T-T-T-AA-C-T-T-G-G-G-A-G-A-T-T-G-7791
AB.CM.03.03CM_510_03	-C-T-G-T-AA-C-T-A-G-C-G-A-G-C-G-G-A-T-T-G-7509
H2_01.AB.CI.90.7312A	-A-G-A-AG-C-T-G-T-G-C-C-A-A-T-T-G-8421
H2_01.AB.JP.04.NMC307_20	-A-G-A-GGT-C-T-A-G-C-A-A-T-T-G-8403
H2_01.AB.JP.07.NMC716_01	-A-G-A-AGT-C-T-A-G-C-A-A-T-T-G-8393
H2_01.AB.JP.08.NMC842_10	-A-G-A-AGT-A-C-T-A-G-C-A-A-T-T-G-8420
U.CI.07.07IC_TNP3	-T-T-A-T-T-T-T-G-A-T-T-G-7899
U.FR.96.12034	-C-A-T-T-T-A-G-C-A-T-T-G-7914
MAC.US.x.17EC1	
MAC.US.x.251_1A11	
MAC.US.x.251_32H_PJ5	
MAC.US.x.251_BK28	
MAC.US.x.MN142_IVMXX	
MNE.US.82.MNE_8	
MNE.US.x.MNE027	
SMM.CI.79.SIVsmCI2	
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	
SMM.SL.92.SL92B	
SMM.US.04.G078	
SMM.US.04.G932	
SMM.US.04.M919	
SMM.US.04.M922	
SMM.US.04.M923	
SMM.US.04.M926	
SMM.US.04.M934	
SMM.US.04.M935	
SMM.US.04.M940	
SMM.US.04.M946	
SMM.US.04.M947	
SMM.US.04.M949	
SMM.US.04.M950	
SMM.US.04.M951	
SMM.US.04.M952	
SMM.US.05.D215	
SMM.US.06.FTQ	
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	
SMM.US.86.CFU212	
SMM.US.x.F236_H4	
SMM.US.x.H9	
SMM.US.x.PBJA	
SMM.US.x.PGM53	
SMM.US.x.SME543	
SMM.US.x.pE660.CG7G	
STM.US.89.STM_37_16	

MAC_US.x.239	Env	TAGGGTCACTGCCATCGAAGAACTCTTAAAGGACCAAGCGCAGCTGAATGCTTGGGATGTGCGTTTAGACAAGTCTGCCACACTGTGACCATGG	RRE_end	8533
		R V T A T A I E K Y L K D G Q A Q L N A A Q C G C A F R Q V C H T T V P W	P N A L T P K W N N E T W Q E W E R K	
A.DE.18.UC2	A-A	-	GT	8542
A.DE.18.BEN	A-A	-	GT	8538
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	A-A	-	GA	8532
A.GH.x.GH1	A-A	-	GT	8532
A.GM.87.D194	A-A	-	GT	8532
A.GM.x.ISV_SBL 6669_85	A-A	-	GT	8532
A.SN.x.MC91	A-A	-	GT	8532
A.GM.x.MCR35	A-A	-	GT	8532
A.GW.86.FG.clone_NIH2	A-A	-	GT	8532
A.GW.87.CAM2CG	A-A	-	GT	8532
A.GW.x.HDS	A-A	-	GT	8532
A.IN.87.NMVA	A-A	-	GT	8532
A.IN.95.CRIK_147	A-A	-	GT	8532
A.JP.88.NMC786.clone_41	A-A	-	GT	8532
A.PT.x.ALI	A-A	-	GT	8532
A.SN.85.R0D	A-A	-	GT	8532
A.SN.86.ST_JSP4_27	A-A	-	GT	8532
B.CI.x.UC1	A-A	-	GT	8532
B.CI.x.20_56	A-A	-	GT	8532
B.CI.x.EH0	A-A	-	GT	8532
B.GH.86.D205_ALT	A-A	-	GT	8532
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	A-A	-	GT	8532
G.CI.92.Abt96	A-A	-	GT	8532
AB.CM.03.03CM_510_03	A-A	-	GT	8532
H2_01_AB.CI.90_7312A	A-A	-	GT	8532
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	A-A	-	GT	8532
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	A-A	-	GT	8532
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	A-A	-	GT	8532
U.CI.07.07IC_TNP3	A-A	-	GT	8532
U.FR.96.12034	A-A	-	GT	8532
MAC_US.x.17EC1	A-A	-	GT	8532
MAC_US.x.251_1A11	A-A	-	GT	8532
MAC_US.x.251_32H_PJ5	A-A	-	GT	8532
MAC_US.x.251_BK28	A-A	-	GT	8532
MAC_US.x.MH142_IVMXX	A-A	-	GT	8532
MNE_US.02.MNE_8	A-A	-	GT	8532
MNE_US.x.MNE027	A-A	-	GT	8532
SMM.CI.79.SIVsmC12	A-A	-	GT	8532
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	A-A	-	GT	8532
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	A-A	-	GT	8532
SMM.SL.92.SL92B	A-A	-	GT	8532
SMM.US.04.G078	A-A	-	GT	8532
SMM.US.04.G032	A-A	-	GT	8532
SMM.US.04.M919	A-A	-	GT	8532
SMM.US.04.M922	A-A	-	GT	8532
SMM.US.04.M923	A-A	-	GT	8532
SMM.US.04.M926	A-A	-	GT	8532
SMM.US.04.M934	A-A	-	GT	8532
SMM.US.04.M935	A-A	-	GT	8532
SMM.US.04.M940	A-A	-	GT	8532
SMM.US.04.M946	A-A	-	GT	8532
SMM.US.04.M947	A-A	-	GT	8532
SMM.US.04.M949	A-A	-	GT	8532
SMM.US.04.M950	A-A	-	GT	8532
SMM.US.04.M951	A-A	-	GT	8532
SMM.US.04.M952	A-A	-	GT	8532
SMM.US.05.D215	A-A	-	GT	8532
SMM.US.06.FT0	A-A	-	GT	8532
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	A-A	-	GT	8532
SMM.US.86.CFU212	A-A	-	GT	8532
SMM.US.x.F236_H4	A-A	-	GT	8532
SMM.US.x.H9	A-A	-	GT	8532
SMM.US.x.PB3A	A-A	-	GT	8532
SMM.US.x.PGWS3	A-A	-	GT	8532
SMM.US.x.SME543	A-A	-	GT	8532
SMM.US.x.pE660.CG76	A-A	-	GT	8532
STM.US.89.STM_37_16	A-A	-	GT	8532

MAC.US.x.239	TTGACTCTTGGGAAGAAAATAACAGCCCTCTAGAGGAGGCACAAATTCACCAAGAGAAGAACATGTATGAATTACAAAAGTTGAATAGCTGGGATGTGTTGGCAATTGGTTGACCTTGCTTCTGGATAAAGTATATACATATGGAGTTTATATAGTTGTAGGA	8703
Env	V D F L E E N I T A 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 S W I K Y I Q Y G V Y I V V G	
A.CI.88.UC2	-CCG-A-C-A-G-C-C-GTCAAAG-T-A-A-T-A-T-C-C-TT-AA-C-C-C-A-T-G-8712	
A.DE.x.BEN	-CCG-A-C-A-G-C-C-GTCAAAGTT-A-A-C-A-T-A-T-C-TT-AA-C-C-C-G-T-GC-A-A-G-8758	
A.DE.x.PE12 KR.KRCG	-CCG-GA-C-A-G-C-C-GTAAATCGT-C-A-T-GC-A-A-T-TT-AA-C-C-T-T-G-G-AA-8702	
A.GH.x.GH1	-CCG-A-C-A-G-C-C-GTCAAAGTT-AC-A-T-C-A-A-C-TT-AA-C-C-C-A-T-8718	
A.GM.87.D194	-CC-A-C-A-G-C-C-GTCAAAGTT-AC-A-T-C-AC-A-C-TT-GA-C-C-C-A-T-8172	
A.GM.x.ISY.SBL.6669_85	-CCG-C-A-G-C-C-GT-AGAGTT-AC-A-T-GC-G-C-A-T-TT-AA-C-C-C-T-CATG-A-8178	
A.GM.x.MCN13	-CCG-GA-C-G-C-C-GTCAA-AAT-AC-A-T-C-A-T-TT-AA-C-C-C-T-A-AA-8185	
A.GM.x.MCR35	-CCG-GA-C-G-C-C-GTCAA-AAT-AC-A-T-C-A-T-TT-AA-C-C-C-T-A-AA-8185	
A.GW.86.F6 clone NIHZ	-CCG-A-C-G-C-C-GTAAAGT-AC-A-T-GC-A-A-C-A-TT-AA-C-C-C-G-T-G-A-8169	
A.GW.87.CAN2CG	-CCG-A-C-G-C-C-GTAAAGT-AC-A-T-GC-A-A-C-A-TT-AA-C-C-C-G-T-G-A-8170	
A.GW.x.MDS	-CCG-A-C-G-C-C-GTCAAAGT-AC-A-T-GC-G-G-AC-GC-A-A-C-A-TT-AA-C-C-C-T-C-8235	
A.IN.07.NNVA	-CCG-CA-C-G-C-C-GTCAAAGTT-AC-C-G-G-A-T-GC-A-A-A-TT-AA-C-C-C-T-8750	
A.IN.95.CRIK.147	-CCG-A-C-G-C-C-GTCAAAGTT-AC-C-G-G-A-T-GC-T-A-A-TT-AA-C-C-C-T-G-8513	
A.JP.08.NMC786 clone 41	-CAGT-C-A-G-C-C-GT-AAAAAT-AC-A-T-T-A-TT-AA-C-C-C-GA-T-G-T-AA-C-8760	
A.PT.x.ALI	-CCGT-A-C-A-G-C-C-GT-AA-AGT-ACG-A-T-AGT-A-TT-AA-CG-C-T-A-8742	
A.SN.85.RDD	-CCG-A-C-G-C-C-GTAAAGTT-AC-G-A-T-TT-AA-C-C-C-G-TT-AA-C-C-G-T-GCT-A-A-C-8204	
A.SN.86.ST.JSP4_27	-CCG-AA-C-A-G-C-C-GT-AAAAAT-AC-C-G-A-T-TT-AA-C-C-C-TT-AA-C-C-C-T-G-8188	
B.CI.88.UC1	-CA-T-T-T-TT-A-T-G-A-T-G-A-TT-CA-C-C-C-GGCA-C-CAGG-TA-C-A-G-A-C-8745	
B.CI.x.20.56	-CC-A-T-T-TT-CAAT-AT-A-G-A-G-G-A-T-GC-G-A-A-CAT-T-TT-CA-C-C-C-GGCA-C-CAGG-TA-C-G-G-A-C-8710	
B.CI.x.EHO	-CCG-T-T-TT-AAAT-A-A-T-G-A-T-G-A-TT-CA-C-C-C-GGCA-C-CAGG-TA-T-A-AA-8720	
B.GH.86.D205 ALT	-CC-T-T-TT-G-T-GT-A-T-G-A-T-G-A-TT-CA-G-G-AA-A-CAAA-T-TT-TT-CA-C-C-GC-C-ATA-T-A-G-A-G-8734	
B.JP.01.INCJ.KR020_1	-CCG-T-T-TT-AAAT-AT-T-T-G-A-T-G-A-TT-CA-G-G-AA-A-CAAA-T-TT-TT-CA-C-C-GC-C-ATA-T-A-G-A-G-8785	
G.CI.92.Abt96	-CA-T-T-T-TT-C-C-C-CG-G-TT-A-A-T-G-A-TT-G-A-A-TT-AA-C-C-G-T-A-CG-TT-C-TA-CC-G-G-C-8131	
AB.CH.03.03CM.510.03	-CCG-GA-C-A-G-C-C-GTCAA-TT-AC-G-A-T-AC-A-C-TT-AA-C-C-C-GA-T-A-C-8737	
H2.01.AB.CI.90.7312A	-CCG-GA-C-G-C-C-GT-AAAAAT-AC-C-G-A-T-AC-A-TT-AA-C-C-C-G-A-T-G-8749	
H2.01.AB.JP.04.NMC307_20	-CCG-A-C-A-G-C-C-GT-AAAAAT-AC-C-G-A-T-AC-A-TT-AA-C-C-C-G-A-T-G-CTC-8731	
H2.01.AB.JP.07.NMC716_01	-CCG-A-C-A-G-C-C-GTATAAGTT-AC-C-G-A-TT-CA-C-C-C-A-T-T-G-CTC-8721	
H2.01.AB.JP.08.NMC842_10	-CCG-A-C-A-G-C-C-GT-AAAAAT-AC-G-C-G-A-TT-CA-C-C-C-A-T-T-G-CTC-8748	
U.CI.07.07IC.TNP3	-AA-AGA-T-T-T-TT-T-AT-G-A-A-T-T-T-TT-AA-C-C-G-A-G-T-T-TA-T-T-G-A-C-8227	
U.FR.96.12034	-GA-A-T-T-TT-C-CAG-AT-A-CA-T-A-T-T-T-TT-AA-C-A-G-T-A-G-T-TA-T-T-G-G-A-C-8242	
MAC.US.x.17EC1	-G-A-A-T-T-TT-A-A-T-T-T-TT-AA-C-A-G-T-T-TA-T-T-G-G-A-C-8703	
MAC.US.x.251.1A11	-G-A-A-T-T-TT-A-A-T-T-T-TT-AA-C-A-G-T-T-TA-T-T-G-G-A-C-8699	
MAC.US.x.251.32H.PJ5	-G-A-A-T-T-TT-A-A-T-T-T-TT-AA-C-A-G-T-T-TA-T-T-G-G-A-C-8701	
MAC.US.x.251.BK28	-G-A-A-T-T-TT-A-A-T-T-T-TT-AA-C-A-G-T-T-TA-T-T-G-G-A-C-8685	
MAC.US.x.MN142.IVMXX	-G-A-A-T-T-TT-A-A-T-T-T-TT-AA-C-A-G-T-T-TA-T-T-G-G-A-C-8198	
MNE.US.82.MNE.8	-G-A-A-T-T-TT-A-A-T-T-T-TT-AA-C-A-G-T-T-TA-T-T-G-G-A-C-8177	
MNE.US.x.MNE827	-G-A-A-T-T-TT-A-A-T-T-T-TT-AA-C-A-G-T-T-TA-T-T-G-G-A-C-8180	
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-CAGAGATC-G-C-CT-AATCAT-G-A-A-T-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-8756	
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-G-C-T-G-C-CAA-AT-A-A-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-8765	
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-G-C-T-G-C-CTGA-GT-A-A-C-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-8780	
SMM.SL.92.SL92B	-A-C-A-G-C-TCAA-GT-G-A-G-C-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-8151	
SMM.US.04.6078	-A-ATC-A-G-C-T-AGA-GT-G-A-G-C-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-7996	
SMM.US.04.G932	-C-TC-A-G-C-T-CTAA-GT-A-A-G-C-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-7973	
SMM.US.04.M919	-C-A-G-C-TCAAT-AT-G-A-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-7998	
SMM.US.04.M922	-CA-C-A-G-C-TCAAT-AT-G-A-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-7998	
SMM.US.04.M923	-GA-C-A-G-C-TCAAT-AT-G-A-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-7985	
SMM.US.04.M926	-TC-A-G-C-TA-G-A-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-7994	
SMM.US.04.M934	-TC-T-G-C-TA-G-A-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-7970	
SMM.US.04.M935	-C-A-G-C-TCAAT-AT-G-A-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-7977	
SMM.US.04.M940	-TC-A-G-C-CTTGA-GT-G-A-A-G-GG-C-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-8023	
SMM.US.04.M946	-TC-T-G-C-T-G-A-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-7998	
SMM.US.04.M947	-C-A-G-C-TCAAT-GT-G-A-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-7982	
SMM.US.04.M949	-TC-A-G-C-C-G-AT-G-A-G-G-C-A-TT-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-7957	
SMM.US.04.M950	-C-T-G-C-TA-GT-A-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-7985	
SMM.US.04.M951	-TC-A-G-C-CTTGT-AT-A-A-G-GG-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-7978	
SMM.US.04.M952	-TC-T-G-C-T-G-A-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-7974	
SMM.US.05.D215	-T-TC-A-G-C-T-CAA-G-A-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-7972	
SMM.US.06.FTQ	-A-CT-A-C-A-G-C-T-CAG-AAT-G-A-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-7988	
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-C-A-G-C-TCAAT-AT-A-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-8712	
SMM.US.86.CFU212	-ATC-A-G-C-GCTT-AT-A-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-7970	
SMM.US.x.F236.H4	-C-A-G-C-TCAAT-AT-A-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-8668	
SMM.US.x.H9	-GA-C-A-G-C-TSAATYAT-G-A-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-8192	
SMM.US.x.PBJA	-GA-C-A-G-C-TCAATCAT-G-A-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-8494	
SMM.US.x.PGMS3	-GA-C-A-G-C-TCAAGCAT-G-A-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-8649	
SMM.US.x.SME543	-C-A-G-C-TCAAT-AT-A-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-8725	
SMM.US.x.pE660.CG7G	-C-A-G-C-TCAAT-AT-A-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-8708	
STM.US.89.STM_16	-TC-T-G-C-CAA-GT-A-A-T-T-TT-AA-C-G-A-CT-TATA-T-T-G-A-8354	

Tat Rev intron end Tat Rev exon 2 start

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 P S Y F Q Q T H I Q Q D P A L P T R E G K E R D G G E G G

										N P Y P T G P G R H C O P E R R K A K R K E I V E R R																																																										
A	-	GCT	-	CA	-	A	-	G	-	G	-	T	-	T	-	AG	-	GA	-	TA	-	AA	-	C	-	T	-	T	-	C	-	C	-	GG	-	C	-	A	-	T	-	CA	-	AC	-	AA	-	C	-	G	-	CC	-	A	-	CA	-	AT	-	8882								
A	-	GCT	-	CA	-	A	-	G	-	G	-	T	-	T	-	AG	-	GA	-	TA	-	AA	-	C	-	T	-	T	-	C	-	C	-	GG	-	C	-	A	-	T	-	CA	-	AC	-	AA	-	C	-	G	-	CC	-	A	-	CA	-	AT	-	8828								
A	-	GCT	-	CA	-	A	-	G	-	G	-	T	-	T	-	AG	-	GA	-	TA	-	AA	-	C	-	T	-	T	-	C	-	C	-	GG	-	C	-	A	-	T	-	CA	-	AC	-	AA	-	C	-	G	-	CC	-	A	-	CA	-	AT	-	8872								
A	-	G	-	G	-	T	-	T	-	AG	-	GA	-	TA	-	AA	-	C	-	T	-	T	-	C	-	T	-	T	-	C	-	C	-	GG	-	C	-	A	-	T	-	CAC	-	G	-	A	-	G	-	AC	-	A	-	C	-	GA	-	ACA	-	C	-	A	-	8342				
A	-	G	-	G	-	T	-	T	-	AG	-	GA	-	TA	-	AA	-	C	-	T	-	T	-	C	-	T	-	T	-	C	-	C	-	GG	-	C	-	A	-	T	-	CA	-	AG	-	G	-	A	-	G	-	AC	-	AA	-	C	-	GA	-	CC	-	A	-	CA	-	AT	-	8342
A	-	G	-	G	-	T	-	T	-	AG	-	GA	-	TA	-	AA	-	C	-	T	-	T	-	C	-	T	-	T	-	C	-	C	-	GG	-	C	-	A	-	T	-	CA	-	TG	-	A	-	G	-	AC	-	AA	-	C	-	GA	-	T	-	GA	-	C	-	A	-	8348		
A	-	G	-	G	-	T	-	T	-	AG	-	GA	-	TA	-	AA	-	C	-	T	-	T	-	C	-	T	-	T	-	C	-	C	-	GG	-	C	-	A	-	T	-	CA	-	TG	-	A	-	G	-	AC	-	AA	-	C	-	GA	-	T	-	GA	-	C	-	A	-	8348		
A	-	G	-	G	-	T	-	T	-	AG	-	GA	-	TA	-	AA	-	C	-	T	-	T	-	C	-	T	-	T	-	C	-	C	-	GG	-	C	-	A	-	T	-	CA	-	TG	-	A	-	G	-	AC	-	AA	-	C	-	GA	-	T	-	GA	-	C	-	A	-	8348		
A	-	G	-	G	-	T	-	T	-	AG	-	GA	-	TA	-	AA	-	C	-	T	-	T	-	C	-	T	-	T	-	C	-	C	-	GG	-	C	-	A	-	T	-	CA	-	TG	-	A	-	G	-	AC	-	AA	-	C	-	GA	-	T	-	GA	-	C	-	A	-	8348		
A	-	G	-	G	-	T	-	T	-	AG	-	GA	-	TA	-	AA	-	C	-	T	-	T	-	C	-	T	-	T	-	C	-	C	-	GG	-	C	-	A	-	T	-	CA	-	TG	-	A	-	G	-	AC	-	AA	-	C	-	GA	-	T	-	GA	-	C	-	A	-	8348		
A	-	G	-	G	-	T	-	T	-	AG	-	GA	-	TA	-	AA	-	C	-	T	-	T	-	C	-	T	-	T	-	C	-	C	-	GG	-	C	-	A	-	T	-	CA	-	TG	-	A	-	G	-	AC	-	AA	-	C	-	GA	-	T	-	GA	-	C	-	A	-	8348		
A	-	G	-	G	-	T	-	T	-	AG	-	GA	-	TA	-	AA	-	C	-	T	-	T	-	C	-	T	-	T	-	C	-	C	-	GG	-	C	-	A	-	T	-	CA	-																									

B.C.I. 88.UC1
B.C.I. x.20 56
B.C.I. x.EHO
B.GH.86.D205 ALT
B.J.P.01.LMCJ KRO20_1
G.C.I. 92.Abt96
AB.CM.03.03.CM 510_03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307_20
H2 01 AB.JP.07.NMC716_01
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251_1A11
MAC.US.x.251_12H PJ5
MAC.US.x.251_BK28
MAC.US.x.MM142_IVMXX
MNE.US.82.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVSxCI2
SMM.LR.89.SIVSxI81
SMM.LR.89.SIVSxSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.W922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M951
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.Ftq
SMM.US.86.FU212
SMM.US.x.F236 H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.P8JA
SMM.US.x.PG53
SMM.US.x.SME543
SMM.US.x.p6660.CG7G
STM.US.89.STM 37 16

MAC.US.x.239
Env
Tat exon 2
Rev exon 2
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12_KR_KRCG
A.GH.x.GB1
A.GM.x.87.94
A.GM.x.ISY SBL_6669_85
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.FG clone NIHZ
A.GW.x.87.CAMZG
A.GW.x.MD5
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CRK 147
A.JP.08.NMC786_clone_41
A.PT.x.X
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST_JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EHO
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.TMCJ_KR020_1
C.I.92.Abt96
AB.CM.03.OB3C.150 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC3097_20
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10
U.FI.07.07IC TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251.1a11
MAC.US.x.251.32K PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.MM142 IVMXX
MNE.US.062.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVSmCI2
SMM.LR.89.SIVSmI81
SMM.LR.89.SIVSmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M912
SMM.US.04.M929
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.0215
SMM.US.06.FT4
SMM.US.11.SIVSmE660_F110
SMM.US.86.FCU212
SMM.US.x.F236 H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PB3A
SMM.US.x.PG053
SMM.US.x.SME543
SMM.US.x.p6660.CG7G
STM.US.89.STM 37 16

[illegible]

[illegible]

	Env gp41, gp160 end	Premature stop in SMM239
MAC.US.x.239	AGACAAGGGCTTGAAGCTCACTCTCTTGTGAGGGA.....CAGAAATACAATCAGGAGCAGTATATGAATACTCATGGAGAAACCCAGCTGAAGAGAGAGAAAAATAGCATACAGAAAAACAAATATGGATGATATAGATGAGTAAAGATGATGAC...TTGTGAGGGG 9374	
Env	R Q G L E L T L 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 K Q N M D D I D E * D D D . . L V G	
Nef	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 K Q N M D D I D E * D D D . . L V G	
A.CI.88.UC2	-G-G-AGCA-AA-G-C-C-.....C-G-TCGG-.....G-T-C-.....C-.....AATG-AG-C-G-GAGT-.....AGC-G-.....G-.....TCTG-T-.....A-.....CAA-G-A-9371	
A.DE.x.BEN	-G-G-AGCA-A-G-C-C-.....C-G-TC-G-.....G-T-C-.....C-G-.....AAC-A-C-G-GATTG-T-.....GC-G-.....G-.....TCTG-T-.....A-.....C-AA-.....A-9417	
A.DE.x.PE12 KR KRCG	-G-G-AGCA-A-TG-C-C-.....G-.....CGG-TC-A-.....G-T-C-.....C-.....CT-.....A-C-GA-G-GGG-AC-TTG-.....AGC-.....G-.....CAG-TA-.....A-.....C-AA-.....A-9373	
A.GH.x.GH1	-G-G-AGCA-AA-G-C-C-.....G-.....C-G-TCGG-.....G-T-TC-.....C-.....C-G-AAT-AG-C-G-AAGTT-.....AGC-G-.....G-.....TCTAGT-.....A-.....C-A-G-A-8837	
A.GM.87.D194	-G-G-AGCA-AA-G-C-C-.....C-G-TC-G-.....G-T-C-.....C-.....C-A-ATAG-GC-G-AATT-.....T-AGC-G-.....G-.....TCTG-T-.....C-A-G-A-8831	
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-G-G-AGCA-AA-TG-C-C-.....G-TC-G-A-G-C-T-.....C-.....C-AAC-A-AG-.....GA-T-G-.....GC-.....G-.....TCAG-T-.....C-A-.....8816	
A.GM.x.MCN13	-G-G-AGCA-A-G-C-C-A-.....CGG-TC-G-.....G-C-T-.....C-.....C-AA-AG-G-G-GA-TTG-.....AGC-.....GA-.....G-.....TC-G-T-.....C-A-.....AA-8856	
A.GM.x.MCR35	-G-G-AGCA-A-G-C-C-A-.....CGG-TC-G-.....G-C-T-.....C-A-.....C-AA-AG-G-G-GA-TTG-.....AGC-.....GA-.....G-.....TCAG-T-.....C-A-.....8856	
A.GW.86.FG clone_NIHZ	-G-G-AGCA-A-G-C-.....CGG-TC-G-.....G-T-G-A-.....C-.....C-A-C-A-G-G-GA-TTG-.....A-C-G-.....G-.....CTAG-.....C-AA-.....AT-8840	
A.GW.87.CAM2CG	-G-AGCA-A-G-C-.....CG-TC-G-.....GG-C-T-.....C-.....GC-A-C-G-GA-G-AAT-.....G-G-.....G-.....TCAG-T-.....C-A-G-.....9420	
A.GW.x.MDS	-G-GCA-A-G-C-C-.....C-G-TC-A-A-GG-C-TC-.....C-.....AAC-AG-G-G-GATT-.....T-C-.....G-.....TCAG-T-.....C-A-.....AT-8885	
A.IN.07.NNVA	-G-G-GCA-A-G-C-C-.....G-C-GA-TC-C-.....G-.....CGC-G-CCGC-.....G-T-CATCA-C-GAGAGACCG-.....CG-TTGAT-.....GGG-GC-G-ACAA-GG-.....G-.....TCAG-T-.....C-A-.....9400	
A.IN.95.CRIK 147	-G-GCA-G-G-C-C-.....C-TC-A-A-GG-C-TC-.....C-.....C-AAC-A-A-GG-GACTT-.....GC-.....G-.....TCAG-T-.....C-A-.....163	
A.JP.08.NMC786 clone_41	-G-GCA-A-G-C-C-.....CGG-TC-G-.....G-.....C-G-GATT-AGCA-C-GG-AAG-.....AGC-G-.....G-.....CAG-T-.....T-C-A-.....T-9398	
A.PT.x.ALI	-G-G-GCA-AA-TG-C-C-A-.....CGG-TC-G-.....G-T-T-.....C-.....C-AAC-A-AG-G-GA-TTG-.....AGC-G-.....G-.....TTAG-T-.....TAGCC-A-.....9416	
A.SN.85.RDD	-G-AGCA-AA-G-C-C-.....G-C-G-TC-G-.....G-C-T-.....AGG-.....A-C-A-G-G-AATTG-.....GC-.....G-.....TCAG-T-.....CAA-A-A-8854	
A.SN.86.ST.JSP4_27	-G-G-GCA-AA-G-C-C-.....G-CGG-TC-A-.....G-T-T-.....C-.....GC-A-G-GAGA-.....GGCT-G-.....AGC-.....G-.....TCAG-T-.....C-A-.....8856	
B.CI.88.UC1	-A-A-G-C-C-.....GC-.....ATGC-AGA-C-AG-G-G-.....G-GC-.....G-CA-.....GT-.....G-TA-.....A-.....G-.....9329	
B.CI.x.20.56	-A-A-G-C-C-A-.....GC-.....TGCC-A-GAC-A-G-G-G-.....G-GC-.....G-AA-A-.....GT-.....G-TA-.....A-.....G-.....9294	
B.CI.x.EH0	-GC-A-G-C-.....T-.....A-.....AGCTTG-GA-AG-G-G-.....G-GC-.....G-TCA-.....GGAT-.....G-CA-.....A-.....G-.....9304	
B.GH.86.0205 ALT	-A-A-G-C-C-.....A-.....ATGC-GG-GC-AG-G-G-.....G-GC-.....G-GCA-.....A-GT-.....G-C-.....A-.....G-.....9327	
B.JP.01.IMCJ KR020_1	-A-C-A-G-C-.....GC-.....TGCT-.....GA-C-C-AG-G-G-.....G-GC-.....GGG-.....A-A-.....GT-.....AG-TA-.....A-.....G-.....8435	
G.CI.92.Abt96	-G-.....A-G-.....AC-.....CG-.....T-A-T-.....C-.....AAC-A-C-C-G-.....GY-G-.....AT-.....G-.....AGTG-T-.....A-.....A-.....8802	
AB.CM.03.03CM 510 03	-A-A-G-C-.....ATGC-TG-GG-C-AG-G-G-.....G-GC-.....GCA-.....A-GT-.....G-C-.....A-.....G-A-.....8418	
H2 01 AB.CI.90.7312A	-G-A-A-G-C-C-.....A-.....CCGC-GA-C-AG-G-G-.....G-GC-.....G-C-A-G-AGAT-.....G-CA-.....A-.....G-.....9333	
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	-A-A-C-C-C-.....A-.....ACGC-GG-C-AG-G-G-.....G-GC-.....G-C-A-A-AGAT-.....G-C-.....A-.....G-A-.....9315	
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	-A-A-C-C-C-.....A-.....ACGCT-GG-C-AG-G-G-.....G-GC-.....G-C-A-A-AGAT-.....G-C-.....A-.....G-A-.....9305	
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10	-A-A-G-C-C-.....A-.....ACGC-GG-C-AG-G-G-.....G-GC-.....G-C-A-A-AGATA-AG-CA-.....A-.....G-.....9332	
U.CI.07.07IC TNP3	-G-G-AT-.....TG-C-C-A-.....GC-T-G-G-A-G-TC-.....C-G-.....A-G-AG-G-.....GC-AA-T-.....C-G-C-.....G-.....AGTG-T-.....A-.....AAA-8889	
U.FR.96.12034	-G-AT-.....G-G-T-.....A-CTCAGGC-AGGC-T-G-G-A-G-TC-.....A-T-.....C-.....AAC-G-A-T-CA-T-AGC-.....C-.....G-.....AG-.....A-.....T-.....A-.....8898	
MAC.US.x.17EC1A-.....C-.....9374	
MAC.US.x.251 1A11G-.....T-.....9370	
MAC.US.x.251 32H PJ5G-.....G-.....9372	
MAC.US.x.251 BK28	-G-.....G-.....G-.....9356	
MAC.US.x.MM142 IVMXXC-.....A-.....G-A-C-.....A-.....GA-.....C-.....A-.....G-.....A-.....8869	
MNE.US.82.MNE 8	-C-.....T-.....T-.....A-.....G-.....G-.....A-.....AG-.....A-.....8848	
MNE.US.x.MNE027	-A-.....T-.....T-.....A-.....G-.....G-.....G-.....G-.....8851	
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-G-G-A-G-.....G-T-.....A-G-.....A-CT-TTCAG-.....G-A-T-.....T-A-.....T-A-.....A-G-.....C-CAAG-TG-G-G-.....TGC-.....A-A-G-.....G-AG-T-.....A-G-.....C-A-.....A-8518	
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-G-.....A-T-CT-G-.....CC-.....A-G-.....A-G-.....G-C-TCG-.....T-.....A-.....AGG-A-A-.....AA-T-GC-.....G-.....G-.....G-.....C-AA-.....A-8430	
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-G-G-AT-G-A-T-A-.....AAT-.....G-CA-.....GG-A-C-.....C-.....AG-.....A-.....GGA-.....G-.....G-.....G-.....T-.....A-.....8445	
SMM.SL.92.SL92B	-G-C-.....A-.....TG-TAAC-AG-ATGGA-.....T-T-.....GTA-.....GG-A-T-.....C-.....T-.....AC-.....A-C-.....GCA-CAG-.....T-.....GC-G-.....GTG-.....G-.....G-.....C-CT-.....A-8825	
SMM.US.04.G078	-G-G-T-.....A-CT-.....T-G-G-.....A-TC-.....C-C-.....G-.....T-.....AAC-A-C-.....GT-.....T-.....G-.....G-.....G-.....T-.....A-.....8667	
SMM.US.04.G932	-G-G-A-G-.....T-.....AGCT-T-G-G-.....A-TC-.....C-C-.....T-.....A-G-.....G-.....GAGCTG-.....T-.....GC-.....C-.....GG-.....G-.....G-.....AA-.....A-8644	
SMM.US.04.M919	-G-.....G-A-TT-A-C-T-A-.....GG-.....G-A-T-A-TC-.....C-C-.....G-T-.....A-G-.....A-GA-.....AA-T-.....C-.....C-.....G-.....TG-T-.....G-.....A-.....AA-8669	
SMM.US.04.M922	-G-G-T-G-A-T-A-C-C-.....A-G-.....G-.....A-TC-.....C-C-.....T-.....AG-.....G-.....GAAG-.....T-.....C-.....C-.....G-.....G-.....G-.....C-A-G-.....A-8648	
SMM.US.04.M923	-G-G-A-G-A-T-CT-.....CCT-.....G-.....TTG-.....AT-.....A-TC-.....C-C-.....T-.....AAC-A-C-.....GC-AA-.....T-.....C-.....C-.....G-.....TG-T-.....A-.....AA-.....TT-8656	
SMM.US.04.M926	-G-G-A-G-A-T-A-C-.....G-.....G-.....A-TC-.....C-C-.....T-.....AG-.....A-G-.....GC-AA-.....T-.....C-.....C-.....G-.....TG-T-.....A-.....C-A-.....A-8665	
SMM.US.04.M934	-G-G-A-G-A-T-A-C-.....G-.....G-.....A-TC-.....C-C-.....T-.....AG-.....A-G-.....GC-AA-.....T-.....C-.....C-.....G-.....TG-T-.....A-.....C-A-.....G-A-8641	
SMM.US.04.M935	-G-G-.....G-A-T-A-C-C-A-G-.....G-.....A-TC-.....C-C-.....T-.....AG-.....GA-.....GC-AAG-.....T-.....C-.....C-.....G-.....TG-T-AG-CA-.....C-A-.....G-AA-8648	
SMM.US.04.M940	-G-G-A-.....G-TC-.....CCCGAGCCA-AGCT-TTG-G-AA-C-T-.....C-C-.....T-.....AAC-A-C-CT-CA-T-.....TGC-.....G-.....CAGTG-T-.....G-AA-T-.....GAA-.....A-8700	
SMM.US.04.M946	-G-G-A-G-A-T-A-.....CCT-.....A-G-.....TTG-G-A-C-A-T-.....C-C-.....T-.....T-.....AAT-AG-.....G-.....GA-AA-.....T-.....C-.....G-.....TG-T-.....C-A-.....G-A-8669	
SMM.US.04.M947	-G-.....C-.....T-.....AAT-AG-.....C-.....AT-.....T-.....C-.....G-.....TG-T-.....A-.....GCA-.....TT-8653	
SMM.US.04.M949	-G-T-.....GT-TC-.....CCCGAGTCA-AGCT-TTG-G-A-T-.....T-.....C-C-.....T-.....AAC-A-CT-GCA-T-.....C-G-.....TGC-.....G-.....AAGTG-T-.....A-AA-T-.....GAA-.....8634	
SMM.US.04.M950	-G-G-A-G-A-T-A-.....G-.....G-.....A-TC-.....C-C-.....T-.....AG-.....A-G-.....C-AA-.....T-.....C-.....G-.....G-.....T-.....C-A-.....G-A-8656	
SMM.US.04.M951	-G-G-A-.....G-AC-.....CCCAAAACA-AGCT-TTG-G-AA-T-.....T-.....C-C-.....T-.....AAT-AG-CT-GC-CA-T-.....C-.....GTGC-.....G-.....CAGTG-.....G-AA-T-.....GAAA-.....8655	
SMM.US.04.M952	-G-G-A-G-A-T-A-.....G-.....G-.....A-TC-.....C-.....T-.....T-.....AG-.....A-AG-.....GC-GAA-.....T-.....C-.....G-C-.....G-.....TG-T-.....C-A-.....G-A-8645	
SMM.US.05.0215	-G-.....T-.....A-G-.....AGTT-.....G-.....G-T-.....C-.....T-.....C-.....T-.....AAG-.....G-.....CGATG-.....T-AGC-.....GC-A-.....G-.....G-.....C-AA-.....A-8640	
SMM.US.06.F1Q	-G-G-C-.....G-.....GT-.....T-.....T-.....C-C-.....G-.....AG-.....G-.....TG-.....T-AGC-.....GC-A-.....G-.....TG-TA-.....T-.....AA-.....A-8659	
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-G-.....CCT-.....TG-T-G-G-A-C-.....C-.....C-.....G-.....AAC-A-.....GT-.....T-.....C-.....G-.....G-.....G-.....A-.....A-.....T-.....9383	
SMM.US.86.CFU212	-G-.....CCT-.....TG-T-G-G-A-C-.....C-.....C-.....G-.....T-.....AAG-A-C-CC-.....T-.....G-.....G-.....G-.....G-.....A-.....A-.....8641	
SMM.US.x.F236_H4	-G-.....CCT-.....T-G-G-.....C-.....C-.....G-.....AAC-A-C-.....GT-.....T-.....C-.....C-.....G-.....TG-.....A-.....AA-.....T-.....9339	
SMM.US.x.H9	-G-.....CCT-.....TTG-G-.....T-A-TC-.....C-.....T-.....G-.....AAC-AG-.....C-.....AT-.....T-.....C-.....C-.....G-.....A-TG-.....T-.....A-.....TT-8857	
SMM.US.x.PB3A	-G-.....CCT-.....TTG-G-.....T-A-TC-.....C-.....T-.....G-.....AAC-A-C-.....AT-.....T-.....C-.....C-.....G-.....AGTCT-.....A-.....TT-9159	
SMM.US.x.PGM53	-G-G-A-G-A-TG-A-C-T-.....GG-.....G-.....A-TC-.....C-.....C-.....T-.....AG-.....G-.....AA-.....T-.....C-.....C-.....G-.....TG-T-.....G-.....C-A-.....A-9311	
SMM.US.x.SME543	-G-.....CCT-.....T-G-G-.....A-TC-.....C-.....C-.....G-.....A-A-C-A-A-C-.....GT-.....T-A-C-.....C-.....G-.....TG-.....A-.....T-.....9396	
SMM.US.x.pE660.CG7G	-G-.....T-.....G-.....CCT-.....T-G-G-.....A-TC-.....C-.....C-.....G-.....AAC-A-C-.....GT-.....T-.....C-.....C-.....G-.....TG-.....A-.....T-.....9379	
STM.US.89.STM_37_16	-A-A-.....CCT-.....G-.....T-G-A-T-A-T-.....C-T-.....A-.....G-A-C-A-C-CT-GC-A-T-.....C-G-.....C-.....G-.....G-.....A-T-.....C-A-.....A-9025	

[illegible]

3' LTR U3 start

MAC.US.x.239
Nef
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR.KRCG
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY.SBL.6669_85
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.F6 clone NIH2
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CRIK.147
A.JP.08.NMC786 clone 41
A.PT.x.ALI
A.SN.85.RDD
A.SN.86.ST.JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EH0
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.INCJ.KR020_1
G.CI.92.Abt96
AB.CH.03.03CM.510.03
H2.01.AB.CI.90.7312A
H2.01.AB.JP.04.NMC307_20
H2.01.AB.JP.07.NMC716_01
H2.01.AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC.TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.MN142.IVMXX
MNE.US.82.MNE.8
MNE.US.x.MNE827
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.6078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.F236.H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PGMS3
SMM.US.x.SMES43
SMM.US.x.pE660.C67G
STM.US.89.STM_37_16

TGGCAGGATTACACCTCAGGACCAGGAATTAGATACCCAAAGACATTTGGCTGGCTATGAAATAGTCCCTGTAAATGTATCAGATGAGGCACAGGAGGAT.....GAGGAGCATTATTATGATCCAGCTCAAATCTCCAGTGGGATGACCTTGGGG 9699
W Q 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 H Y L M H P A Q T S Q W D D P W G
A-T-TTCAT-G-G-G-G-T-TGC-C-G-G-G-C-A-A-CA-G-C-A-G-GCA-GAT-ACCA-C-GC-C-A-A-AAG-AGA-AT-ATACAT-9696
A-T-TTCAT-G-G-A-G-T-TAC-C-G-G-GC-AT-A-G-AC-C-A-A-GCA-A-GAT-CCA-C-GC-G-A-C-A-A-AAG-AGACAT-TGACAT-9742
A-C-T-TTCAT-G-G-A-G-TTC-G-G-GC-A-A-G-C-CC-C-A-GT-GCA-A-ACCA-C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-CAT-9689
A-T-TTCAT-G-G-A-G-TTGT-C-G-GC-A-A-G-C-CC-C-A-GCA-C-GAT-ACCA-C-GC-C-A-C-A-AAG-AGACAT-GAGCAT-9159
A-T-TTCAT-G-CA-G-T-TTAC-C-G-G-GC-A-A-G-CA-C-C-A-GCA-A-GTA-ACCA-C-GC-G-A-C-A-A-AAG-AGA-AT-GAGCAT-9156
A-C-T-TTCAT-G-T-G-A-G-T-TTC-G-G-GC-A-A-G-C-CC-C-A-A-GG-C-ACT-ACT-TC-GC-CT-A-GTAAG-AGA-TT-GCAT-9141
A-C-T-TTCAT-G-A-T-TTC-G-G-GC-A-A-G-G-CA-GCAG-G-G-C-GAT-G-ACT-C-G-G-C-A-C-A-A-AAG-AG-TT-GCAT-9181
A-C-T-TTCAT-G-A-T-TTC-G-G-GC-A-A-G-G-CA-GCAG-G-G-C-GAT-G-ACT-C-G-G-C-A-C-A-A-AAG-AG-TT-GCAT-9181
A-C-T-TTCAT-G-A-T-TTC-G-G-GC-A-A-G-G-CA-GCAG-G-G-C-GAT-G-ACT-C-G-G-C-A-C-A-A-AAG-AG-TT-GCAT-9181
A-C-T-TAGT-G-G-A-T-TTC-G-G-GC-A-A-G-ACC-C-A-G-G-CAC-GAGACTGACACT-ACT-C-GC-T-A-C-A-A-AAG-AG-CAT-ATGCAT-9723
A-C-T-TTCAT-G-G-CA-C-T-TTC-G-G-GC-A-A-G-C-CC-C-A-T-AGA-CACT-G-ACT-C-GC-GG-C-A-TAAG-A-TT-AGCAT-9207
A-C-T-TAGT-G-A-T-T-TTCCA-G-G-GC-A-A-G-C-CC-C-A-GGA-A-C-ACT-AACT-C-GC-C-A-A-AAGTA-TT-AGCAT-9725
A-T-TTCAT-G-G-A-G-T-TGC-C-G-G-GC-A-A-G-CA-CA-C-A-G-G-C-ACCA-C-GCC-CA-C-A-A-AAG-AGA-AT-TGACAT-9723
A-C-T-TTCAT-G-G-A-G-T-TTC-G-G-GC-A-A-G-CC-C-A-A-GG-C-ACT-ACT-C-GCC-CA-C-A-TA-AAG-AG-CAT-A-GCAT-9741
A-C-T-TTCAT-G-G-A-G-T-TTC-G-G-GC-A-A-G-CC-C-A-A-GG-C-ACT-ACT-C-GC-G-A-A-AAG-A-TT-GCAT-9179
A-C-T-TTCAT-G-G-A-G-T-TTC-G-G-GC-A-A-G-CC-C-A-A-GGA-T-C-AGT-ACT-C-GC-G-A-A-AAG-AG-TT-GCAT-9181
AA-C-T-A-AT-G-G-A-G-T-G-C-G-G-GC-G-A-G-A-C-G-G-AAG-GA-GCG-AAACAG-G-C-GG-C-A-G-TC-TTCA-ATCCAC-9654
AA-C-T-ACAT-G-G-A-G-T-G-C-G-G-GC-G-A-A-A-C-G-A-G-A-AGA-GCA-AA-CAG-G-GG-C-A-G-C-TTCA-CCAC-9619
A-C-T-ACAT-G-G-A-T-T-TTC-G-G-GC-G-AA-A-GAT-CA-A-CA-C-GAG-AAACC-G-C-GG-A-G-C-GCA-CCAC-A-9629
AA-C-T-TTCAT-G-G-A-G-T-C-ATAC-T-G-GC-G-A-A-G-G-GC-CA-C-A-CA-GA-G-GAG-AAACC-G-C-GG-A-G-A-GC-TCA-ATCAT-9658
AA-C-T-ACAT-G-G-A-G-T-C-A-C-G-GC-G-A-A-C-G-A-G-A-GA-A-GCA-CAACAG-G-C-G-G-A-GC-TCA-GTCCAC-8760
A-T-AG-T-A-T-T-TG-G-G-GC-A-A-C-G-C-T-T-C-ACT-GC-GG-A-A-AG-CA-GGA-AC-9127
AA-C-T-TTCAT-G-G-A-T-T-C-ATAC-G-GC-A-A-G-GAC-C-ACA-C-G-GA-GAG-AAAC-C-GCC-C-A-G-C-TCA-TACCAT-8746
A-C-T-AT-G-G-A-T-ACAC-G-GC-A-A-GG-A-GG-CA-TAA-C-G-GAG-ACC-G-C-G-C-A-G-CG-GCA-T-CCAT-9661
A-C-ACAT-G-G-A-T-TTC-A-G-GC-A-A-G-CA-TGA-C-GAG-ACC-G-C-G-C-A-G-C-TGCA-CCAT-9643
A-C-ACAT-G-GG-A-T-TTC-G-GC-A-A-G-A-GG-CA-CAA-C-G-GAG-ACC-G-C-G-C-A-G-C-TTCA-CCAT-9660
A-TGA-G-G-G-TT-G-G-GC-G-G-A-C-T-AGCA-T-ACT-GCC-GG-A-G-CAGT-GA-G-GA-9214
A-TGA-G-G-G-TT-GG-T-GC-AA-A-G-C-AAT-A-A-AG-TG-TG-GG-GG-T-A-G-CAG-TGCGA-G-AC-9223
C-AG-G-A-9699
AG-G-A-9695
AG-G-A-9697
AG-G-A-9681
AG-G-A-9191
A-G-C-9173
A-G-C-9176
AGA-C-GCC-G-C-T-A-G-TC-T-TA-A-8842
ACA-G-C-GG-C-C-A-CA-AT-T-A-8755
A-T-GCC-GC-T-C-T-A-G-ATA-AT-AG-T-A-8769
ACC-GC-GG-A-C-G-A-AT-CATTCA-9150
ACA-G-C-GG-C-A-G-CCAT-8992
ACA-C-G-C-GG-T-A-G-AAG-A-8969
ACA-GC-G-A-G-A-T-C-8994
AGA-GC-G-A-G-A-T-C-8973
CA-GC-G-A-T-C-8981
ACA-GC-G-A-G-A-T-C-8990
ACA-GC-G-A-G-A-T-C-8973
A-CC-C-G-C-GG-A-AGTG-AAG-A-A-G-9025
ACA-GC-GG-A-G-C-T-8994
ACA-C-G-C-GG-C-A-G-C-8978
ACC-C-G-C-GG-A-G-AGTG-AAG-A-T-G-8959
ACA-GC-G-GGT-T-C-8981
AACCC-C-G-C-GG-A-AGTG-AAG-A-G-8980
ACA-C-G-G-A-T-C-8970
TTA-C-G-C-GG-A-G-AG-A-A-8965
ACA-G-C-GG-A-G-GG-A-8984
ACA-GCC-G-G-A-G-CAT-C-9708
ACC-C-G-C-GG-A-G-A-AT-A-8966
ACA-GCC-GG-G-A-G-AT-C-9664
ACA-GC-G-A-T-C-9182
ACA-C-G-A-T-C-9484
ACA-C-G-GTA-T-C-9636
ACA-GCC-GG-A-G-CAT-C-9721
ACA-GCC-GG-G-A-G-CAT-C-9704
GAT-G-ACA-C-GG-A-G-ACAT-9353

[illegible]

	3' LTR U3 end	TAR element start	TAR element end	Poly-A signal		
MAC.US.x.239	CTCTGTA.TTCAGTGCCTCTGCGGAGAGGCTGGCAGATTGAGCCCTGGGAGGTTCTCTCCAGCACTAGCAGGTAGAGCTGGGTGTTCCCTGCTAGACTCTCA.CCAGCACTTGGCCGGTGCCTGGGCAGAGTGACTCCACGCTTGCTTGCTTA..AAGCCCTCTTCAATA	0135				
A.CI.88.UC2	-A-----T--C-----	C-----A-----	C-----C-----	TG--C--CA--C-G-----A-----	10167	
A.DE.x.BEN	-AT-----	C-----A-----	G-----	T--A--C-G-----A-----	10214	
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	-AT-----	C-----	T-----	A--C-G-----A-----	10148	
A.GH.x.GH1	-AT-----				9480	
A.GM.87.D194	-AT-----				9472	
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	-AT-----		G-----	TG--C--C-G-----A--A-----	9612	
A.GM.x.MCN13	-AT--C-----		G-TG--CA--	C-G-----A--A-----	9652	
A.GM.x.MCR35	-AT-A-C-----		G-TG--CA--	C-G-----A--A-----	9527	
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	-AT-----	C-----	TG--C--	C-G-----A-----	9407	
A.GW.87.CAM2CG	-AT--C-----		TG--CA--	C-G-----A-----	9525	
A.GW.x.MDS	-AT--C-----		TG--C--	C-G-----A-----	10191	
A.IN.07.NNVA	-AT--C-----	C-----AG--CT--T-----A-----	TG--C--	C-G-----A-----	9705	
A.IN.95.CRIK_147	-AT--C-----		TG--CA--	C-G-----A-----	10193	
A.JP.08.NMC786_clone_41	-AT-----	C-----A-----	G-----	T--A--C-G-----A-----	10208	
A.PT.x.ALI	-AT-----		TG--CA--	C-G-----A-----	9652	
A.SN.85.ROD	-AT--C-G-----		G-----	C-G-C--	AA--C-T-----	9653
A.SN.86.ST_JSP4_27	-AT-----		TG--CA--	CG-CTC-ACGCT-GCT-GCT-A--	A-----	10128
B.CI.88.UC1	-AT-----	C-----		C-G-----A-----	10092	
B.CI.x.20_56	-AT--AC-----			C-G-----A-----	10103	
B.CI.x.EH0	-AT-----	C-----		C-G-----A-----	10132	
B.GH.86.D205_ALT	-AT-----		A--A--T--	C-G-----A-----	9233	
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	-AT--AC-----	C-----		C-G-----CA-C-A-----	9564	
G.CI.92.Abt96	-AT-----	C-----			9089	
AB.CM.03.03CM_510_03	-AT--AC-----				10138	
H2_01.AB.CI.90.7312A	-AT-----			C-G-----A-----	10119	
H2_01.AB.JP.04.NMC307_20	-AT-----			C-G-----A-----	10110	
H2_01.AB.JP.07.NMC716_01	-AT-----		G-----	C-G-----A-----	10137	
H2_01.AB.JP.08.NMC842_10	-AT-----		G-----	C-G-----A-----	9540	
U.CI.07.071C_TNP3	-AT-----			AA-G-----	9607	
U.FR.96.12034	-AT-----				10135	
MAC.US.x.17EC1	-A-----G-----				10130	
MAC.US.x.251_1A11	-A-----G-----				10133	
MAC.US.x.251_32H_PJ5	-A-----G-----			G-----A-----	10105	
MAC.US.x.251_BK28	-A-----G-----			G-----A-----	9627	
MAC.US.x.MM142_IVMXX	-A-----G-----			G-----A-----	9609	
MNE.US.82.MNE_8	-A-----G-----			G-----A-----	9612	
MNE.US.x.MNE027	-A-----G-----			T-----G-----	9147	
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-G-A-T-C-----	A-T-----G-----	G-G-----	A-----T-----	9192	
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-G-A-T-C-----	A-T-----G-----	G-G-----	A-----T-----	9086	
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	ACTGTAT-----	A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----			9589	
SMM.SL.92.SL92B	-A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----				9157	
SMM.US.04.G078	-A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----				9121	
SMM.US.04.G932	-A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----				9159	
SMM.US.04.M919	-A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----				9138	
SMM.US.04.M922	-A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----				9146	
SMM.US.04.M923	-A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----				9155	
SMM.US.04.M926	-A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----				9131	
SMM.US.04.M934	-A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----				9138	
SMM.US.04.M935	-A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----				9202	
SMM.US.04.M940	-A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----				9159	
SMM.US.04.M946	-A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----				9143	
SMM.US.04.M947	-A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----				9135	
SMM.US.04.M949	-A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----				9146	
SMM.US.04.M950	-A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----				9155	
SMM.US.04.M951	-A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----				9135	
SMM.US.04.M952	-A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----				9128	
SMM.US.05.D215	-A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----				9149	
SMM.US.06.FT0	-A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----				10143	
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----				9130	
SMM.US.86.CFU212	-A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----				10097	
SMM.US.x.F236_H4	-A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----				9618	
SMM.US.x.H9	-A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----				9942	
SMM.US.x.PBJA	-A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----				10072	
SMM.US.x.PGM53	-A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----				10170	
SMM.US.x.SME543	-A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----				10139	
SMM.US.x.pE660_C67G	-A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----				9789	
STM.US.89.STM_37_16	-A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T--A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----G-----A--C-----					

	Poly-A signal ^a LTR R repeat end 3' LTR U5 start	3' LTR U5 end
MAC.US.x.239	AA.GCTGCCATTTTGAAGAAGCT.AGTGTGTGTTCCCATCTCTCTAGCCGCCGCTGGTCAACTCGGTACTCAATAA..TAAGAAGACCCTGGTCTGTTAGGACCCCTTCTGCTTTGGGAAA.CCGAAGCAGGAAATCCCTAGCA	
A.CI.88.UC2	-----A-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----C-----T-A-----G-----	10279
A.DE.x.BEN	-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----C-----T-A-----G-----	10312
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----C-----T-A-----G-----	10359
A.GH.x.GH1	-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----C-----T-A-----G-----	10172
A.GM.x.7.D194	-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----C-----T-A-----G-----	9472
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----C-----T-A-----G-----	9636
A.GM.x.MCN13	-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----C-----T-A-----G-----	9713
A.GM.x.MCR35	-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----C-----T-A-----G-----	9588
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	-----A-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----C-----T-A-----G-----	9431
A.GW.87.CAM2CG	-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----C-----T-A-----G-----	10372
A.GW.x.MDS	-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----C-----T-A-----G-----	9525
A.IN.07.NNVA	-----G-----C-----TCA-----T-----T-----G-----GT-----CCTGAG-----C-----C-----T-A-----G-----T-----	10336
A.IN.95.CRIK_147	-----G-----C-----T-A-----T-----T-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----C-----T-A-----G-----T-----	9851
A.JP.08.NMC786_clone_41	-----A-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----C-----T-A-----G-----T-----	10301
A.PT.x.ALI	-----A-----C-----G-T-A-AG-----T-----T-----GT-----CCTGAG-----C-----C-----T-A-----G-----	10353
A.SN.85.ROD	-----G-----C-----C-----T-----T-----T-----GT-----CCTGAG-----C-----C-----T-A-----G-----	9671
A.SN.86.ST_JSP4_27	-----G-----C-----C-----T-----T-----T-----GT-----CCTGAG-----C-----C-----T-A-----G-----	9672
B.CI.88.UC1	-----A-----C-----T-G-----T-----T-----AA-G-----T-CT-AAA.TA-----A-G-----	10271
B.CI.x.20_56	-----C-----C-----T-G-----T-----T-----A-G-----C-CTGAG-.TC-----C-----G-----T-G-----	10235
B.CI.x.EH0	-----A-----TA-----C-----ACA-----T-----T-----G-----C-CT-G-----A-----C-----A-G-----	10242
B.GH.86.D205_ALT	-----A-----C-----A-----T-----T-----G-----C-CTGA-----T-----CT-----G-----	10269
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	-----TA-----C-----T-G-----T-----T-----G-----CTGAGA.TA-----CT-----G-----	9339
G.CI.92.Abt96	-----AA-----AA-----GT-----	9599
AB.CM.03.03CM_510_03	-----A-----C-----TCA-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----CT-----T-----	9089
H2_01_AB.CI.90.7312A	-----TA-----C-----TCA-----T-----T-----GTC-----GCTTT-----G-----	10282
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	-----TA-----C-----TCA-----T-----T-----GTC-----GCTTT-----G-----	10222
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	-----TA-----C-----TCA-----T-----T-----GTC-----GCT-T-----G-----	10213
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	-----TA-----C-----TCA-----T-----T-----GTC-----GCT-T-----G-----	10240
U.CI.07.07IC_TNP3	-----	9540
U.FR.96.12034	-----	9607
MAC.US.x.17EC1	-----	10279
MAC.US.x.251_1A11	-----T-----	9607
MAC.US.x.251_32H_PJ5	-----T-----	10274
MAC.US.x.251_BK28	-----C-----T-----	10277
MAC.US.x.MMI42_IVMXX	-----T-----C-----T-----	10249
MNE.US.02.MNE_8	-----T-----C-----T-----	9646
MNE.US.x.MNE027	-----T-----C-----T-----	9628
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-----GA-----C-----A-----	9664
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-----GA-----C-----A-----	9147
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-----G-----A-C-----C-----TC-----	9224
SMM.SL.92.SL92B	-----G-----A-C-----C-----TC-----	9086
SMM.US.04.G078	-----	9613
SMM.US.04.G932	-----	9157
SMM.US.04.M919	-----	9121
SMM.US.04.M922	-----	9159
SMM.US.04.M923	-----	9138
SMM.US.04.M926	-----	9146
SMM.US.04.M934	-----	9155
SMM.US.04.M935	-----	9131
SMM.US.04.M940	-----	9138
SMM.US.04.M946	-----	9202
SMM.US.04.M947	-----	9159
SMM.US.04.M949	-----	9143
SMM.US.04.M950	-----	9135
SMM.US.04.M951	-----	9146
SMM.US.04.M952	-----	9155
SMM.US.05.D215	-----	9135
SMM.US.06.FT0	-----	9128
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-----A-----C-----T-----T-----G-C-CA-----G-----	9149
SMM.US.86.CFU212	-----A-----A-----T-----T-----G-C-CA-----A-----G-----	10287
SMM.US.x.F236_H4	-----A-----A-----T-----T-----G-C-CA-----A-----G-----	9130
SMM.US.x.H9	-----G-----G-----	10241
SMM.US.x.PBJA	-----A-----CA-----T-----T-----G-ATCA-----	9638
SMM.US.x.PGM53	-----GC-----A-----T-----T-----G-C-CATA-----	9996
SMM.US.x.SME543	-----A-----A-----T-----T-----G-C-CATA-----	10184
SMM.US.x.pE660_CG7G	-----A-----A-----T-----T-----G-C-CA-----	10315
STM.US.89.STM_37_16	-----A-----A-----G-----T-----T-----G-C-CA-----	10283
	-----	9892

IV

PLV Complete Genomes

Contents

IV-1	Introduction	223
IV-2	Sequences	224
IV-3	Alignments	226

IV-1 Introduction

Complete genomes of HIV-1, HIV-2, and SIV sequences are represented in the alignment.

For HIV-1, we include a single sequence from groups M, N, O, and P. For HIV-2, we include a single representative from groups A, B, and G, plus both available subtype U genomes. For the SIVs, we include representatives of all species for which full genome sequences are available. The principle in deciding which sequences to include in this alignment was to provide a representative sampling of all primate lentiviruses which have had complete or nearly complete genomes sequenced. Many HIV-1, HIV-2, SIVsmm and SIVmac genomes were not included, but they can be found in the HIV-1/SIVcpz and HIV-2/SIVsmm alignments.

The alignment was based on the previous version published last year, produced by a hidden Markov model using HMMER and manual editing using the programs BioEdit and Se-Al. It is codon-aligned, meaning that the correct translation reading frame has been maintained as much as possible; in the case of overlapping frames, obviously one will not translate correctly. We have tried to “reset” the alignment so that each new gene starts in the first frame; this means some empty columns have been inserted. The HIV-2/SIVsmm *vpx* gene is postulated to be a duplication of the *vpr* gene and thus there may be two alternative alignments of this region of the genome, as there are for the duplicated stem-loops of the TAR element.

The annotation is based on known protein coding regions in HIV-1 and on annotations found in SIV sequence database entries. The protein cleavage sites that create Gag p17, Gag p24 and other mature peptides from the Gag and Gag-Pol precursor polyproteins have been experimentally determined for HIV-1 and at least one strain of HIV-2, but the study of analogous cleavages in SIV polyproteins have not been published. Two representative genomes have been translated: HIV-1 subtype B strain HXB2, and SIV Mac239. The translations are provided as a visual aid for finding landmarks in the genomes.

IV-2 Sequences

Primate lentivirus (PLV) Sequences in the complete genome alignments.

Name	Accession	Country	Author	Reference
H1B.FR.83.HXB2	K03455	France	Wong-Staal, F.	<i>Nature</i> 313 (6000):277-284 (1985)
H1O.CM.91.MVP5180	L20571	Cameroon	Gurtler, L.G.	<i>J Virol</i> 68 (3):1581-1585 (1994)
H1N.CM.95.YBF30	AJ006022	Cameroon	Simon, F.	<i>Nat Med</i> 4 (9):1032-1037 (1998)
H1P.CM.06.U14788	HQ179987	Cameroon	Vallari, A.	<i>J Virol</i> 85 (3):1403-7 (2011)
CPZ.CD.06.BF1167	JQ866001	D.R.C.	Li, Y.	<i>J Virol</i> 86 (19):10776-10791 (2012)
CPZ.TZ.00.TAN1	AF447763	Tanzania	Santiago, M.L.	<i>J Virol</i> 77 (3):2233-2242 (2003)
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	FJ424863	Cameroon	Takehisa, J.	<i>J Virol</i> 83 (4):1635-1648 (2009)
MAC.US.x.239	M33262	United States	Kestler, H.	<i>Science</i> 248 (4959):1109-1112 (1990)
H2A.SN.86.ST_JSP4_27	M31113	Senegal	Kumar, P.	<i>J Virol</i> 64 (2):890-901 (1990)
H2B.Cl.x.EHO	U27200	Cote D'Ivoire	Rey-Cuille, M.A.	<i>Virology</i> 202 (1):471-476 (1994)
H2G.Cl.92.Abt96	AF208027	Cote D'Ivoire	Brennan, C.A.	<i>ARHR</i> 13 (5):401-404 (1997)
H2U.Cl.07.07IC_TNP3	KC693505	Cote D'Ivoire	Ayoub, A.	<i>AIDS</i> 27 (15):2488-2491 (2013)
H2U.FR.96.12034	AY530889	France	Damond, F.	<i>ARHR</i> 20 (6):666-672 (2004)
ASC.UG.10.RT03	KJ461716	Uganda	Lauck, M.	<i>Retrovirology</i> 11 (1):55 (2014)
ASC.UG.10.RT08	KJ461715	Uganda	Lauck, M.	<i>Retrovirology</i> 11 (1):55 (2014)
ASC.UG.10.RT11	KJ461714	Uganda	Lauck, M.	<i>Retrovirology</i> 11 (1):55 (2014)
COL.CM.x.CGU1	AF301156	Cameroon	Cournaud, V.	<i>J Virol</i> 75 (2):857-866 (2001)
COL.UG.10.BWC01	KF214240	Uganda	Lauck, M.	<i>Retrovirology</i> 10 (1):107 (2013)
COL.UG.10.BWC07	KF214241	Uganda	Lauck, M.	<i>Retrovirology</i> 10 (1):107 (2013)
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061	FJ919724	Cameroon	Aghokeng, A.F.	<i>Infect Genet Evol</i> 10 (3):386-96 (2010)
DEB.CM.99.CM40	AY523865	Cameroon	Bibollet-Ruche, F.	<i>J Virol</i> 78 (14):7748-7762 (2004)
DEB.CM.99.CM5	AY523866	Cameroon	Bibollet-Ruche, F.	<i>J Virol</i> 78 (14):7748-7762 (2004)
DEN.CD.x.CD1_CMO580407	AJ580407	D.R.C.	Dazza, M.C.	<i>J Virol</i> 79 (13):8560-8571 (2005)
DRL.DE.11.D3	KM378563	Germany	Dietrich, U.	<i>ARHR</i> 31 (3):353-7 (2015)
DRL.x.x.FAO	AY159321		Hu, J.	<i>J Virol</i> 77 (8):4867-4880 (2003)
GRV.ET.x.GRI_677_gri_1	M66437	Ethiopia	Fomsgaard, A.	<i>Virology</i> 182 (1):397-402 (1991)
GSN.CM.99.CN166	AF468659	Cameroon	Cournaud, V.	<i>J Virol</i> 76 (16):8298-8309 (2002)
GSN.CM.99.CN71	AF468658	Cameroon	Cournaud, V.	<i>J Virol</i> 76 (16):8298-8309 (2002)
LST.CD.88.SIVlhoest447	AF188114	D.R.C.	Beer, B.E.	<i>J Virol</i> 74 (8):3892-3898 (2000)
LST.CD.88.SIVlhoest485	AF188115	D.R.C.	Beer, B.E.	<i>J Virol</i> 74 (8):3892-3898 (2000)
LST.CD.88.SIVlhoest524	AF188116	D.R.C.	Beer, B.E.	<i>J Virol</i> 74 (8):3892-3898 (2000)
LST.KE.x.lho7	AF075269	Kenya	Hirsch, V.M.	<i>J Virol</i> 73 (2):1036-1045 (1999)
MAC.US.x.251_1A11	M76764	United States	Marthas, M.L.	<i>J Med Primatol</i> 18 (3-4):311-9 (1989)
MND-1.GA.x.MNDGB1	M27470	Gabon	Tsujimoto, H.	<i>Nature</i> 341 (6242):539-541 (1989)
MND-2.CM.98.CM16	AF367411	Cameroon	Takehisa, J.	<i>ARHR</i> 17 (12):1143-1154 (2001)
MND-2.GA.x.M14	AF328295	Gabon	Souquiere, S.	<i>J Virol</i> 75 (15):7086-7096 (2001)
MND-2.x.x.5440	AY159322		Hu, J.	<i>J Virol</i> 77 (8):4867-4880 (2003)
MNE.US.x.MNE027	U79412	United States	Kimata, J.T.	<i>J Virol</i> 72 (1):245-256 (1998)
MON.CM.99.L1_99CML1	AY340701	Cameroon	Cournaud, V.	<i>J Virol</i> 77 (23):12523-12534 (2003)
MON.NG.x.NG1	AJ549283	Nigeria	Barlow, K.L.	<i>J Virol</i> 77 (12):6879-6888 (2003)
MUS-1.CM.01.CM1239	EF070330	Cameroon	Aghokeng, A.F.	<i>Virology</i> 360 (2):407-418 (2007)
MUS-1.CM.01.SIVmus_01CM1085	AY340700	Cameroon	Cournaud, V.	<i>J Virol</i> 77 (23):12523-12534 (2003)

Name	Accession	Country	Author	Reference
MUS-2.CM.01.CM1246	EF070329	Cameroon	Aghokeng, A.F.	<i>Virology</i> 360 (2):407-418 (2007)
MUS-2.CM.01.CM2500	EF070331	Cameroon	Aghokeng, A.F.	<i>Virology</i> 360 (2):407-418 (2007)
MUS-3.GA.09.09GabOI81	KF304707	Gabon	Liegeois, F.	<i>Viruses</i> 6 (7):2880-2898 (2014)
MUS-3.GA.11.11GabPts02	KF304708	Gabon	Liegeois, F.	<i>Viruses</i> 6 (7):2880-2898 (2014)
OLC.CI.97.97CI12	FM165200	Cote D'Ivoire	Liegeois, F.	<i>J Virol</i> 83 (1):428-439 (2009)
RCM.CM.00.SIVagi_00CM312	HM803690	Cameroon	Ahuka-Mundeke, S.	<i>J Gen Virol</i> 2010 Dec;91(Pt 12):2959-64 doi: 101099/vir0025767-0 Epub 2010 Aug 25
RCM.CM.02.SIVrcm_02CM8081	HM803689	Cameroon	Ahuka-Mundeke, S.	<i>J Gen Virol</i> 2010 Dec;91(Pt 12):2959-64 doi: 101099/vir0025767-0 Epub 2010 Aug 25
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1	AF382829	Gabon	Bibollet-Ruche, F.	<i>J Virol</i> 78 (14):7748-7762 (2004)
RCM.NG.x.NG411	AF349680	Nigeria	Beer, B.E.	<i>J Virol</i> 75 (24):12014-12027 (2001)
SAB.SN.x.SAB1	U04005	Senegal	Jin, M.J.	<i>EMBO J</i> 13 (12):2935-2947 (1994)
SMM.CI.79.SIVsmCI2	JX860430	Cote D'Ivoire	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	JX860431	Liberia	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	JX860432	Sierra Leone	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SIVsmSL92B	JX860433	Sierra Leone	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SL92B	AF334679	Sierra Leone	Chen, Z.	<i>J Virol</i> 70 (6):3617-3627 (1996)
SMM.US.04.G078	JX860415	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.05.D215	JX860413	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.06.FTq	JX860414	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.86.CFU212	JX860407	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.x.H9	M80194	United States	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> 66 (1):414-419 (1992)
SMM.US.x.PGM53	AF077017	United States	Novembre, F.J.	<i>J Virol</i> 72 (11):8841-8851 (1998)
SMM.US.x.pE660.CG7G	JX648292	United States	Lopker, M.J.	Unpublished
STM.US.89.STM_37_16	M83293	United States	Novembre, F.J.	<i>Virology</i> 186 (2):783-787 (1992)
SUN.GA.98.L14	AF131870	Gabon	Beer, B.E.	<i>J Virol</i> 73 (9):7734-7744 (1999)
SYK.KE.x.KE51	AY523867	Kenya	Bibollet-Ruche, F.	<i>J Virol</i> 78 (14):7748-7762 (2004)
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM	L06042	Kenya	Hirsch, V.M.	<i>J Virol</i> 67 (3):1517-1528 (1993)
TAL.CM.00.266	AY655744	Cameroon	Liegeois, F.	<i>Virology</i> 349 (1):55-65 (2006)
TAL.CM.01.8023	AM182197	Cameroon	Liegeois, F.	<i>Virology</i> 349 (1):55-65 (2006)
TAN.UG.x.SIVagmTAN1	U58991	Uganda	Soares, M.A.	<i>Virology</i> 228 (2):394-399 (1997)
VER.DE.x.AGM3	M30931	Germany	Baier, M.	<i>Virology</i> 176 (1):216-221 (1990)
VER.KE.x.9063	L40990	Kenya	Hirsch, V.M.	<i>J Virol</i> 69 (2):955-967 (1995)
VER.KE.x.AGM155	M29975	Kenya	Johnson, P.R.	<i>J Virol</i> 64 (3):1086-1092 (1990)
VER.KE.x.TYO1_patent	DJ048201	Kenya	Omori, T.	Patent: WO 2007049749-A 13 03-MAY-2007; DNAMEC CORPORATION
WRC.CI.97.97CI14	AM745105	Cote D'Ivoire	Liegeois, F.	<i>J Virol</i> 83 (1):428-439 (2009)
WRC.CI.98.98CI04	AM713177	Cote D'Ivoire	Liegeois, F.	<i>J Virol</i> 83 (1):428-439 (2009)
WRC.GM.05.Pbt_05GM_X02	AM937062	Gambia	Locatelli, S.	<i>Virology</i> 376 (1):90-100 (2008)

	5' LTR U3 start		
H1B.FR.83.HXB2TGGAAAGGCTAATTCACTCCCAACGAAGACAAGATATCCTTGATCTGTGGATCTACCAACACACAAGGCTACTTCCCTGATTAGCAGAACTACACACCCAGGGCCAGGGATCAGATATCCACTGACCTTTGGATGGTGCTACAAGCTAGTACCAAGTTGAG.....	158	0
H1N.CM.95.BF38TGGAAAGGCTAATTCACTCCCAACGAAGACAAGATATCCTTGATCTGTGGATCTACCAACACACAAGGCTACTTCCCTGATTAGCAGAACTACACACCCAGGGCCAGGGATCAGATATCCACTGACCTTTGGATGGTGCTACAAGCTAGTACCAAGTTGAG.....	158	0
H1P.CM.06.U14788TGGAAAGGCTAATTCACTCCCAACGAAGACAAGATATCCTTGATCTGTGGATCTACCAACACACAAGGCTACTTCCCTGATTAGCAGAACTACACACCCAGGGCCAGGGATCAGATATCCACTGACCTTTGGATGGTGCTACAAGCTAGTACCAAGTTGAG.....	158	0
CPZ.CD.06.BF1167TGGAAAGGCTAATTCACTCCCAACGAAGACAAGATATCCTTGATCTGTGGATCTACCAACACACAAGGCTACTTCCCTGATTAGCAGAACTACACACCCAGGGCCAGGGATCAGATATCCACTGACCTTTGGATGGTGCTACAAGCTAGTACCAAGTTGAG.....	158	0
CPZ.TZ.09.TAN1TGGAAAGGCTAATTCACTCCCAACGAAGACAAGATATCCTTGATCTGTGGATCTACCAACACACAAGGCTACTTCCCTGATTAGCAGAACTACACACCCAGGGCCAGGGATCAGATATCCACTGACCTTTGGATGGTGCTACAAGCTAGTACCAAGTTGAG.....	158	0
GOR.CM.07.SIVgorCP2135conTGGAAAGGCTAATTCACTCCCAACGAAGACAAGATATCCTTGATCTGTGGATCTACCAACACACAAGGCTACTTCCCTGATTAGCAGAACTACACACCCAGGGCCAGGGATCAGATATCCACTGACCTTTGGATGGTGCTACAAGCTAGTACCAAGTTGAG.....	158	0
	5' LTR U3 start		
MAC.US.x.239A-TTA-T-AGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	164	0
H2A.SN.86.ST JSP4 27A-TT-CT-TAGTG-GA--G-TA-A-A-A--CACA-ACT-AG-AA-TGA-G-----ATTG-GT--GA-G-----AT-----AG-A-----CAA-TT-----C--CTA-GG-----G--A-AA-TATGATA	164	0
H2G.CI.x.HDA-TT-CT-TAGTG-GA--G-TA-A-A-A--CACA-ACT-AG-AA-TGA-G-----ATTG-GT--GA-G-----AT-----AG-A-----CAA-TT-----C--CTA-GG-----G--A-AA-TATGATA	164	0
H2G.CI.x.HDA-TT-CT-TAGTG-GA--G-TA-A-A-A--CACA-ACT-AG-AA-TGA-G-----ATTG-GT--GA-G-----AT-----AG-A-----CAA-TT-----C--CTA-GG-----G--A-AA-TATGATA	164	0
H2U.CI.07.07IC TNP3A-TT-CT-TAGTG-GA--G-TA-A-A-A--CACA-ACT-AG-AA-TGA-G-----ATTG-GT--GA-G-----AT-----AG-A-----CAA-TT-----C--CTA-GG-----G--A-AA-TATGATA	164	0
H2U.FR.96.12034A-TT-CT-TAGTG-GA--G-TA-A-A-A--CACA-ACT-AG-AA-TGA-G-----ATTG-GT--GA-G-----AT-----AG-A-----CAA-TT-----C--CTA-GG-----G--A-AA-TATGATA	164	0
ASC.UG.10.RT03A-TT-CT-TAGTG-GA--G-TA-A-A-A--CACA-ACT-AG-AA-TGA-G-----ATTG-GT--GA-G-----AT-----AG-A-----CAA-TT-----C--CTA-GG-----G--A-AA-TATGATA	164	0
ASC.UG.10.RT08A-TT-CT-TAGTG-GA--G-TA-A-A-A--CACA-ACT-AG-AA-TGA-G-----ATTG-GT--GA-G-----AT-----AG-A-----CAA-TT-----C--CTA-GG-----G--A-AA-TATGATA	164	0
ASC.UG.10.RT11A-TT-CT-TAGTG-GA--G-TA-A-A-A--CACA-ACT-AG-AA-TGA-G-----ATTG-GT--GA-G-----AT-----AG-A-----CAA-TT-----C--CTA-GG-----G--A-AA-TATGATA	164	0
COL.CM.x.CGU1A-TT-CT-TAGTG-GA--G-TA-A-A-A--CACA-ACT-AG-AA-TGA-G-----ATTG-GT--GA-G-----AT-----AG-A-----CAA-TT-----C--CTA-GG-----G--A-AA-TATGATA	164	0
COL.UG.10.BWC01A-TT-CT-TAGTG-GA--G-TA-A-A-A--CACA-ACT-AG-AA-TGA-G-----ATTG-GT--GA-G-----AT-----AG-A-----CAA-TT-----C--CTA-GG-----G--A-AA-TATGATA	164	0
COL.UG.10.BWC07A-TT-CT-TAGTG-GA--G-TA-A-A-A--CACA-ACT-AG-AA-TGA-G-----ATTG-GT--GA-G-----AT-----AG-A-----CAA-TT-----C--CTA-GG-----G--A-AA-TATGATA	164	0
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061A-TT-CT-TAGTG-GA--G-TA-A-A-A--CACA-ACT-AG-AA-TGA-G-----ATTG-GT--GA-G-----AT-----AG-A-----CAA-TT-----C--CTA-GG-----G--A-AA-TATGATA	164	0
DEB.CM.09.CM48A-TT-CT-TAGTG-GA--G-TA-A-A-A--CACA-ACT-AG-AA-TGA-G-----ATTG-GT--GA-G-----AT-----AG-A-----CAA-TT-----C--CTA-GG-----G--A-AA-TATGATA	164	0
DEB.CM.99.CM5A-TT-CT-TAGTG-GA--G-TA-A-A-A--CACA-ACT-AG-AA-TGA-G-----ATTG-GT--GA-G-----AT-----AG-A-----CAA-TT-----C--CTA-GG-----G--A-AA-TATGATA	164	0
DEN.CD.x.CD1 CM0580407A-TT-CT-TAGTG-GA--G-TA-A-A-A--CACA-ACT-AG-AA-TGA-G-----ATTG-GT--GA-G-----AT-----AG-A-----CAA-TT-----C--CTA-GG-----G--A-AA-TATGATA	164	0
DRL.DE.11.D3A-TT-CT-TAGTG-GA--G-TA-A-A-A--CACA-ACT-AG-AA-TGA-G-----ATTG-GT--GA-G-----AT-----AG-A-----CAA-TT-----C--CTA-GG-----G--A-AA-TATGATA	164	0
DRL.x.x.FAOA-TT-CT-TAGTG-GA--G-TA-A-A-A--CACA-ACT-AG-AA-TGA-G-----ATTG-GT--GA-G-----AT-----AG-A-----CAA-TT-----C--CTA-GG-----G--A-AA-TATGATA	164	0
GRV.x.GRI 677 gri_1T--A--TA-T--TG-A--G-A-G--GA-T--ATGC-TGA--GAGTGG--AATAA-AGA--G--AGCT--T-----C-G--A-G-C--GAGAGT--C-Tc--TT-----C--G--CCTGCAT	164	0
GSN.CM.99.CN166T--A--TA-T--TG-A--G-A-G--GA-T--ATGC-TGA--GAGTGG--AATAA-AGA--G--AGCT--T-----C-G--A-G-C--GAGAGT--C-Tc--TT-----C--G--CCTGCAT	164	0
GSN.CM.99.CN71T--A--TA-T--TG-A--G-A-G--GA-T--ATGC-TGA--GAGTGG--AATAA-AGA--G--AGCT--T-----C-G--A-G-C--GAGAGT--C-Tc--TT-----C--G--CCTGCAT	164	0
LST.CD.88.SIVlhoest447T--A--TA-T--TG-A--G-A-G--GA-T--ATGC-TGA--GAGTGG--AATAA-AGA--G--AGCT--T-----C-G--A-G-C--GAGAGT--C-Tc--TT-----C--G--CCTGCAT	164	0
LST.CD.88.SIVlhoest485T--A--TA-T--TG-A--G-A-G--GA-T--ATGC-TGA--GAGTGG--AATAA-AGA--G--AGCT--T-----C-G--A-G-C--GAGAGT--C-Tc--TT-----C--G--CCTGCAT	164	0
LST.CD.88.SIVlhoest524T--A--TA-T--TG-A--G-A-G--GA-T--ATGC-TGA--GAGTGG--AATAA-AGA--G--AGCT--T-----C-G--A-G-C--GAGAGT--C-Tc--TT-----C--G--CCTGCAT	164	0
LST.KE.x.lho7T--A--TA-T--TG-A--G-A-G--GA-T--ATGC-TGA--GAGTGG--AATAA-AGA--G--AGCT--T-----C-G--A-G-C--GAGAGT--C-Tc--TT-----C--G--CCTGCAT	164	0
MAC.US.x.251 JA11A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
MND-1.GA.x.MNDGB1A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
MND-2.CM.98.CM16A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
MND-2.CM.x.M14A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
MND-2.x.x.5440A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
MNE.US.x.MNE027A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
MON.CM.99.L1 99CML1A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
MON.NG.x.NG1A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
MUS-1.CM.01.CM1239A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
MUS-1.CM.01.SIVmus_01CM1085A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
MUS-2.CM.01.CM1246A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
MUS-2.CM.01.CM2500A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
MUS-3.GA.09.09GaboI81A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
MUS-3.GA.11.11GaboP502A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
OLC.CI.97.97CI12A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
RCM.CM.00.SIVagi_00CM312A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
RCM.CM.02.SIVrcm_02CM8081A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
RCM.NG.x.NG41A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
SAB.SN.x.SAB1A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
SMM.CI.79.SIVsmCI2A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
SMM.LR.89.SIVsmLIB1A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
SMM.SL.92.SIVsmSL92AA-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
SMM.SL.92.SIVsmSL92BA-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
SMM.SL.92.SL92BA-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
SMM.US.04.G078A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
SMM.US.05.D215A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
SMM.US.06.FTqA-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
SMM.US.06.CFU212A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
SMM.US.x.H9A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
SMM.US.x.PGM53A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
SMM.US.x.PE660_CG7GA-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
STH.US.89.STM 37 16A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
SUN.GA.x.SUN1A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
SYK.KE.x.KE51A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
SYK.KE.x.SYK173_COMGNMA-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
TAL.CM.00.266A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
TAL.CM.01.8023A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
TAL.CM.01.SIVsmTAN1A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
VER.DE.x.AGM3A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
VER.KE.x.9063A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
VER.KE.x.AGM155A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
VER.KE.x.TY01 patentA-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
WRC.CI.98.98CI04A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0
WRC.GM.05.Pbt 05GM X02A-TTA-T-TAGTGC-A-----TAGA--T-A-CA-A-ACT-AG-AA-GGA-G-----AT-A-A-A-----G--G-T-----CT--A--A-T-----C--AA--A-----C--CTA-GG-AT-----C-T-AA-TGTATCA	158	0

		TCF-1 alpha	
H18. FR. 83. HXB2	CCAGAGAAGTTAGAAGAAGCCAAAGAGAGAGAACACCACTGTTTACACCTGTGTAGCTGCATGGAATG.....GATGACCCGGAGAGAGAAAGTGTAGAGTGGAGGTTTGACAGCCGCTAGCATTTTCATCATATGCCCCGAGAGCTGCATCCGGAGTACTTCAA	322	
H10. CM. 91. MVP5180	GA----GCAGAGAG-CTG-GT--T-C-AAT--AG-TG-T--TC-TC-----T--A-CTT-T.....AATCATGGAGCT--G--TG-AC-CG-G--GA-AC--A-A--CA-----T--ATCAT--GC--AACA--T--A----TGC-AAA--C--A--CT----CC	325	
H1N. CM. 95. YBF30		0	
H1P. CM. 06. U14788		0	
CPZ. CD. 06. BF1167	GA.....AT--A-GG-ATCTAC-CA-G-----CTT-TCCT-----GA.....TA-TG-----C--G-TA--A-----TCTGAA--G--TAGAAGA--A--A--AGA-----	313	
CPZ. TZ. 08. TAN1		0	
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con		0	
		TCF-1 alpha	
MAC. US. x. 239	GAT-----AC-GG-G-AT--G-GCATTAT--AA-G--T--A-CTCAAACTTCCCAGTG-----TTG-G---G--TC--CA---A-----TCCAAC--G--C-ACAC-T-TGA--ATAT-TTAGAT-C--A--AG-G--TGG	316	
H2A. SN. 86. ST JSP4_27	G---A-----C-AG-GG-C-AG--A-C-CATT-TC--G-G-T--A-CACAGACTCC-C-TG-----CC-CGA--GACCC-T-TC--CA-----TC-T-----A-G-CT-TG-----TTCAGCAG-TTC--A--G-G--TGG	316	
H2B. CI. x. EHO		0	
H2G. CI. 92. Abt96		0	
H2U. CI. 07. 071C TNP3		0	
H2U. FR. 96. 12034		0	
ASC. UG. 10. RT03		0	
ASC. UG. 10. RT08		0	
ASC. UG. 10. RT11		0	
COL. CM. x. CGU1		0	
COL. UG. 10. BWC01		0	
COL. UG. 10. BWC07		0	
DEB. CM. 04. SIVdeb04CMPF3061		0	
DEB. CM. 99. CM40		0	
DEB. CM. 99. CM5		0	
DEN. CD. x. CD1 CM0580407		0	
DL. DE. 11. 03		0	
DRL. x. x. FA0		0	
GRV. ET. x. GRI 677 gri_1	GAG-----ACG--CT-T--GACA-T-TC--A-G-T--A-CACAGA--GGG-A-GATCCTGAT-GAATAGATC-TG-----C--G-TC--A-----CCGAAGT-G--G-----T-GA-T-C-GCCC-----G-	298	
GSN. CM. 99. CN166		0	
GSN. CM. 99. CN71		0	
LST. CD. 88. SIVlhoest447		0	
LST. CD. 88. SIVlhoest485		0	
LST. CD. 88. SIVlhoest524		0	
LST. KE. x. lno7		0	
MAC. US. x. 251 1A11	..TGTG-TGAGT-TA--ATCC-TC--AT--CACAAT--C-T-G--TT-AAGCCAG--GGG-TCC-----A-----CTG-G--GAG-C-TATC--CAC--CA-TCCAATGT-G-----T-GACTT-ATA-CCCT-AAA--	301	
MND-1.GA.x.MNDGB1	GAT-----AC-GG-G-AT--G-GCATTAT--AA-G--T--A-CTCAAACTTCCCAGTG-----TTG-G---G--TCC-CA--A-----CCAACT--G--C-ACAC-T-TGA--ATAT-TTAGAT-C--A--AG-G--TGG	316	
MND-2.CM.98.CM16		0	
MND-2.GA.x.M14		0	
MND-2.x.x.5440		0	
MNE. US. x. MNE027		0	
MON. CM. 99. L1 99CML1		0	
MON. NG. x. NG1		0	
MUS-1.CM.01.CM1239		0	
MUS-1.CM.01.SIVmus_01CM1085		0	
MUS-2.CM.01.CM1246		0	
MUS-2.CM.01.CM2500		0	
MUS-3.GA.09.09Gabo181		0	
MUS-3.GA.11.11GaboPts02		0	
OLC. CI. 97. 97C112	..T-----A-CTTG--AT--GGGATGC-----G-T--A-TCAGACC-C-CA--CA-----CC--GGA-TTAG-G-----C-GG-T--GTC--CA-TCCA-ATAG-----A-TAC--C--TTA--AAGG--	229	
RCM. CM. 00. SIVagi_00CM312		0	
RCM. CM. 02. SIVrcm_02CM8081		0	
RCM. GA. x. SIVRCMGAB1		0	
RCM. NG. x. NG411		0	
SAB. SN. x. SAB1	GAG-----T-G-TA-T-----CA-T-C-C-G-T--CTCAAG--GCCTATGA-----G-CTG-A--GACCC-G-T--A-----CCA-TA-----T-GACT--GTT-CT-GGAGGCT	298	
SMM. CI. 79. SIVsmCI2		0	
SMM. LR. 89. SIVsmLIB1		0	
SMM. SL. 92. SIVsmSL92A		0	
SMM. SL. 92. SIVsmSL92B		0	
SMM. SL. 92. SIVsmSL92B		0	
SMM. US. 04. G078		0	
SMM. US. 05. D215		0	
SMM. US. 06. FTq		0	
SMM. US. 06. CFU212		0	
SMM. US. x. H9		0	
SMM. US. x. PGM53	GAT--A-----TC-AG--AC--CACATTA--AG-G-T--A-CTCAGA-ATCCCAGTG-----T-CTG-G--G--TC-G-CA--A-----TTCA-AAT--C-ACAGAT-TGA--TTTTATTAGA--C--A--AG-G--TGG	242	
SMM. US. x. pE660. CG7G	GAT--A-----C-GG--AC--CACATT--C-G-G-T--G-CACAGACT--CAGTG-----CTG-G--G--AC-G-CA--A-----TCCAGAAT--T-A-AGCT-T-A--ATTATTAA-T-C--A--AG-G--TGG	316	
STM. US. 89. STM_37_16		22	
SUN. GA. 98. L14	GA--C-----AGGG-TCCTAATC-TCCTTGTCAAGCCC--TG-A-TCC--A--A--GG-TAAT--A-----TTG-G--GAGAC-TATC--CA--TCC-ACT--G-C-----T-TGATTT-AG--CCATACAG--	301	
SYK. KE. x. KE51	GG-TGC-----TTGG-GT-T-AG--T--ACT-C-CC-C-T--A-CCTCT--GGGAC-GG-GAGTTC--AC-T-----G-G--GAACC-CAT--AC-CA--CC-A--G-C-----T-TACA-CAGGCTG-G-GA-GGC	192	
SYK. KE. x. SYK173_COMGNM		0	
TAL. CM. 00. 266		0	
TAL. CM. 01. 8023		0	
TAN. UG. x. SIVagmTAN1	-AG-A-----C-GG-T-AG--GACA-T-T--C-C-----CCCAGA-TG-AT-GGAA-----AGC-----TTG-A--GACA--G-T--AA--A-TCCA-T-----TT-A-T-CAACCC-----G-	289	
VER. DE. x. AGM3	GA-----AG-G-CCT-T--GACATTA--GCG-T--CACAAA-AA-A-AGGACCCCGAT-GCAT-AGTC-TG--GACC--G-TC--A-----CCTATGT-----T-A-T--GACCCAA--AGAC--	304	
VER. KE. x. 9063	GAG-A-----AG-A-C-T-T--A-GGCATT--G--A--CACAAA--A-GACCTGAT-G-ATAAATC-TG--A-A--G-CA--A-----TCCAATGT-G-T-----TT-A-T-CGACCCCA--CAAGGG--	304	
VER. KE. x. TY01 patent	GAG-A-----AC-A-C-T-T--A-GACATT--C-AG-C-T--A-C-CAGA--GGA-A-GATCCAGAT-G-AT-AGCC-TG--GA-C--G-T--A-----TCCTATGT-G-----ATA-A-T-CGACCCCA--TCGGG--	304	
WRC. CI. 97. 97C114	GA--ATCAGATA-TAC-A-CCAT-CTAT--GA-AT-AG-AC-G-T--A-CAT-TGCTG-GCC-----G-T-CTG-G--CATC-G-TC--A-----CCTAAG--G-C-----TGTGATTTGT--CAGGAAGA-TCCCTGGACAGTC	319	
WRC. CI. 98. 98C104	GA-----TCTAAT--CAGCT-TC-GT-CTAC--G-A--AGC--T--A-GCT--AAG-A--TCA-----G-T-TTG-G--CAC--G-TC--A-----CCT-A--C-----TGTGACTTTGTG--CAAGTAGA-TCCCTGGACAT-T	319	
WRC. GM. 05. Pbt_05GM_X02		0	

H1B.FR.83.HXB2	TCF-1 alpha	GAAGTGC	TGACA	TCGA	338
H10.CM.91.MVP5180	C--G	-A-	-A-		332
H1N.CM.95.YBF30					0
H1P.CM.06.U14788	A	-A-GGA	CTGCTTCGGCAAC	AC	337
CPZ.CD.06.BF1167					0
CPZ.TZ.08.TAN1					0
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	TCF-1 alpha				0
MAC.US.x.239	A-G-AAG...TCAGGCCTGTGACAGGAAGAG...GTTAGAAGAAGGCTAACCGCAAGAGGCTTCTTAACATGGCTGACAAGAAGGAAACTCGC---				407
H2A.SN.86.ST JSP4_27	-T-TCAG...TCAGGAATGCCAGAGAAAGAG...TGGAAGGCTAAACTGAGAGCAAGAGGAATACCTACAGAG...AGACAGGAAATAACAGCACAAAGAGGAACT...AGCTAACACTGCATAGAGAAGGAA-				439
H2B.CI.x.EHO					0
H2G.CI.92.Abt96					0
H2U.CI.07.071C TNP3					0
H2U.FR.96.L2034					0
ASC.UG.10.RT03					0
ASC.UG.10.RT08					0
ASC.UG.10.RT11					0
COL.CM.x.CGU1					0
COL.UG.10.BWC01					0
COL.UG.10.BWC07					0
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061					0
DEB.CM.99.CM40					0
DEB.CM.99.CM5					0
DEN.CD.x.CD1 CM0580407					0
DRL.DE.11.D3					0
DRL.x.x.FA0					0
GRV.ET.x.GRI 677 gri_1	C-TG-TTAAGGACATGCACGAACAT...GCAAAAGCGC...AGTGTGAC				341
GSN.CM.99.CN166					0
GSN.CM.99.CN71					0
LST.CD.88.L1hoest447					0
LST.CD.88.SIVLhoest485					0
LST.CD.88.SIVLhoest524					0
LST.KE.x.lho7	-C-GCCTGCGAAGATACAAATACT...GCTTCGCTTTTGACTGCAAGAGGAAG...AG-CAAACCGCAAACCGCAGCACATCCTCTTGACGCCGGTTGCTAA...GGCAACCGGGCTAGCGCATGCG-A-				426
MAC.US.x.251 1A11	A-G-AAG...TCAGGCCTGTGACAGGAAGAG...GTTAGAAGAAGGCTAACCGCAAGAGGCTTCTTAACATGGCTGACAAGAAGGAAACTAGA---				407
MND-1.GA.x.MNDGB1					0
MND-2.CM.98.CM16					0
MND-2.GA.x.M14					0
MND-2.x.x.5440					0
MNE.US.x.MNE027					0
MON.CM.99.L1 99CML1					0
MON.NG.x.NG1					0
MUS-1.CM.01.CM1239					0
MUS-1.CM.01.SIVmus 01CM1085					0
MUS-2.CM.01.CM1246					0
MUS-2.CM.01.CM2500					0
MUS-3.GA.09.09gab0181					0
MUS-3.GA.11.11gabPts02					0
OLC.CI.97.97CI12	-CA--TTCAGACTTGATAGGATG...TGTTTGTGTGGTTAAGC...AGA-GACTTGGTTGCTTGGGAGACGGGGGTTGG...ACATGGGCGGGCT				318
RCM.CM.00.SIVagi 00CM312					0
RCM.CM.02.SIVrcm 02CM8081					0
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1					0
RCM.NG.x.NG411					0
SAB.SN.x.SAB1	-C-CCAGAGCAGGTGCGCTGACGA...CAAGGC...A-CACAAAACCATCCTATG...GAGTTGTCATGGTGATGACAT-AAG				377
SMM.CI.79.SIVsmCI2					0
SMM.LR.89.SIVsmLIB1					0
SMM.SL.92.SIVsmSL92A					0
SMM.SL.92.SIVsmSL92B					0
SMM.SL.92.SL92B					0
SMM.US.04.G078					0
SMM.US.05.D215					0
SMM.US.06.FTq					0
SMM.US.06.CFU212					0
SMM.US.x.H9					0
SMM.US.x.PGM53	T-GTAAG...TCAGGCCTGTGACGGGAAGAG...GTAAGAGAGAAGGCTAACCGCAAGAGGCTTTTAAAAATGGCTGACAAGAAGGAAACGAGC...GACAGC				333
SMM.US.x.pE660.C67G	T-GTAAG...TCAGACTTGTGACAGGAAGAG...GTAAGAGAGAAGGCTAACCGCAAGAGGCTTTTAAAAATGGCTGACAAGAAGGAAACGAGC...GACAGC				413
STM.US.89.STM 37_16	-C-CCTGAAGAGTTTCAAGCATGTT...ACTAGTCTGAGTGGGAGGTG...AG-TTAACCGCAAACCGCATCTCTTGCATCGCCT...AGGCAACGGGGCTAGC.GCAT				80
SUN.GA.98.L14	CCG--TGCAGTTAGAGAGACAAACA...GGAAAACCAAGAGCTGCACTGAGCACTTAGTAAGACATCTCC...AGG-GACTCCATGGTGACAAGCTCGG...CCCAGGGGA				403
SYK.KE.x.KE51					0
SYK.KE.x.SYK173 COMGNM					298
TAL.CM.00.266					0
TAL.CM.01.8023					0
TAN.UG.x.SIVagmTAN1	C-G--TTAAGGACATGCATGGTCTT...GTTAAGAGGAAG...AG-CTAACCGCAGGCTTGGGGTTAAGCTAACTAGGCCGTTGCCTAGGAGA...TGACATA-				385
VER.DE.x.AG93	-T-TTGAAGACATGCATGCAATA...GTGAAGAGGAAG...AG-TAACCGCAGGCTTTGTGTTAAG...CCGTTGCCAGGGAGATGACAT-T				392
VER.KE.x.9063	-T--TTACAGACTTATATCAACA...GTTGGTACAGGAAC...AG-CGACCCAGGCTTGGGGTTTCC...TGGTTGCCTAGGAGATGACAT-AAG				395
VER.KE.x.AG155	-T--TTACTGACATGCATGGGCTG...GTGAAGAGGAAG...AG-CAGACCGCAAGCTTGGGTTAGA...ACATCACCATTGGAGATGACAT-AA				393
VER.KE.x.TY01 patent	A-T-GC-ACTGGGAAAGAGGCTATTGAG...AGTCTCTATAAGAAACAAGAAGCAGTGCAAG...AGAGACATGTTGCAGTAGGAAGTGGCTTTGCGGTTAAGCTACAT...CCTGAGACTGTGTACCAACGGA-TT				447
WRC.CI.97.97CI14	A-TAGC-CAAGGAGAAGATGCTATTGAGACCTCCATAAAGAGAAGCTGAAGCGGCACAAG...AGAGACATGTTGCAGTAGGATGTGGTTTGTGGTTACGCTACATCCT...GGACCTGTGTACCAACGAAC-T-A-C				453
WRC.CI.98.98CI04					0
WRC.GM.05.Pbt 05GM_X02					0

PLV Complete Genomes

		+1 mRNA start site		TAR element end	
	5' LTR U3 end	5' LTR R repeat begin			
H1B. FR. 83. HXB2	GGGTCTCTCTGGTTAGACCA	TCTGAGCCTGGAG	CTCTCT	.GGCTA.ACTA	.GGG.AACCCA
H10. CM. 91. MVP5180TAG-TAGAGGCCTCTG
H1N. CM. 95. YBF30T-C-GTACG
H1P. CM. 86. U14788CTTGT-AGGGCATGGA
CPZ. CD. 06. BFI167CTG-CTAA-CTGTAGTGGCTGGCTAGGA-G
CPZ. TZ. 08. TAN1G-ACATCTT-GC
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con
	+1 mRNA start site				
	TAR element start				
	5' LTR U3 end	5' LTR R repeat begin		TAR element end	
MAC. US. x. 239	C...AGTCGCTCTGCGGAGAGGCTGGCAGATTGAGCCCTGGGATCA-CACT-G--GAT-TT-C--GCTA-..ACTCT-A..
H2A. SN. 86. ST JSP4_27	C...AGTCGCTCTGCGGAGAGGCTGGCAGATTGAGCCCTGGGATCA-CACT-G--GAT-TT-C--GCTA-..ACTCT-A..
H2B. CI. x. EHO	C...AGTCGCTCTGCGGAGAGGCTGGCAGATTGAGCCCTGGGATCA-CACT-G--GAT-TT-C--GCTA-..ACTCT-A..
H2G. CI. 92. Abt96	C...AGTCGCTCTGCGGAGAGGCTGGCAGATTGAGCCCTGGGATCA-CACT-G--GAT-TT-C--GCTA-..ACTCT-A..
H2U. CI. 07. 071C TNP3	C...AGTCGCTCTGCGGAGAGGCTGGCAGATTGAGCCCTGGGATCA-CACT-G--GAT-TT-C--GCTA-..ACTCT-A..
H2U. FR. 96. 12034	C...AGTCGCTCTGCGGAGAGGCTGGCAGATTGAGCCCTGGGATCA-CACT-G--GAT-TT-C--GCTA-..ACTCT-A..
ASC. UG. 10. RT83
ASC. UG. 10. RT88
ASC. UG. 10. RT11
COL. CM. x. CGU1TGGAGTTTCTGACTCTTG.CC-GG.CT.GCGCCGAGCA-T-GCT-GC-AGCTATC-GC
COL. UG. 10. BWC01TGCCT-AGT-TG-GTAGCTTG
COL. UG. 10. BWC07CTTGTTGAAGGGCTTGAAGGACTC
DEB. CM. 04. SIVdeb04MCPF3061TGGAGTTTGCATCCAGCGGGCC-GGT-GGTAAAGCG
DEB. CM. 99. CM40CGGGAGTCGCGCCT-GCGAGCC-GGT-GGTA
DEB. CM. 99. CM5CGGGAGTCGCGCCTAGCGAGCC-GGT-GGTA
DEN. CD. x. CD1 CM0580407A-TG-T-CGT-TTCTC
DRL. DE. 11. 03
DRL. x. x. FA0
GRV. ET. x. GRI 677 gri_1
GSN. CM. 99. CN166
GSN. CM. 99. CN71
LST. CD. 88. SIVlhoest447
LST. CD. 88. SIVlhoest485
LST. CD. 88. SIVlhoest524
LST. KE. x. lho7
MAC. US. x. 251 1A11
MND-1. GA. x. MNDGB1
MND-2. CM. 98. CM16
MND-2. GA. x. M14
MND-2. x. x. 5440
MNE. US. x. MNE027
MON. CM. 99. L1 99CML1
MON. NG. x. NG1
MUS-1. CM. 01. CM1239
MUS-2. CM. 01. CM1246
MUS-2. CM. 01. CM2500
MUS-3. GA. 09. 09GaboI81
MUS-3. GA. 11. 11GaboP1502
OLC. CI. 97. 97C112
RCM. CM. 00. SIVagi_00CM312
RCM. CM. 02. SIVrcm_02CM8081
RCM. GA. x. SIVRCMGAB1
RCM. NG. x. NG411
SAB. SN. x. SAB1
SMM. CI. 79. SIVsmCI2
SMM. LR. 89. SIVsmLIB1
SMM. SL. 92. SIVsmSL92A
SMM. SL. 92. SIVsmSL92B
SMM. SL. 92. S192B
SMM. US. 04. G078
SMM. US. 05. D215
SMM. US. 06. FTQ
SMM. US. 06. CFU212
SMM. US. x. H9
SMM. US. x. PGM53
SMM. US. x. pE660. C67G
STM. US. 89. STM 37_16
SUN. GA. 98. L14
SYK. KE. x. KES1
SYK. KE. x. SYK173_COMGNM
TAL. CM. 00. 266
TAL. CM. 01. 8023
TAN. UG. x. SIVagMTAN1
VER. DE. x. AGM3
VER. KE. x. 9063
VER. KE. x. AGM155
VER. KE. x. TY01_patent
WRC. CI. 97. 97C114
WRC. CI. 98. 98C104
WRC. GM. 05. Pbt_05GM_X02

[illegible]

Extensive secondary structure

		5' LTR U5 end	Lys tRNA primer binding site	
H1B. FR. 83. HXB2	CTCAGACCT. TTATGTC. GTGTGG.	AAAA. TCTCTAGCAG.	TGGCGCCCGAACAGGG.	ACCTGA
H10. CM. 91. MVP5180	-----T-AC. --AGAC. T. -AAGCAG.	-----G-CT.	-----G-CT.	-----G-CT.
H1N. CM. 95. YBF30	-----A-. C-AGAC. T. A--A.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
H1P. CM. 86. U14788	-----G-AC. ---TAG- C. A----	-----C-CT.	-----C-CT.	-----C-CT.
CPZ. CD. 86. BF1167	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
CPZ. TZ. 89. TAN1	-----GTAA. AG-- CTGA- CAG.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con	-----GTAA. AG-- CTGA- CAG.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
MAC. US. x. 239	TAAG. .AAG. ACCCTGGT. C--TAGGACCCCTTTCTGCTTTGGGA. .AACCGAAGCAGG--	-----C-CT.	-----C-CT.	-----C-CT.
H2A. SN. 86. ST JSP4_27	AAGTA--AAG. ACCCTGGT. C--TAGGACCCCTTTCTGCTTTGGGA. .AACCAAGGCAGG--	-----C-CT.	-----C-CT.	-----C-CT.
H2B. CI. x. EHO	G.AA. ACCCTGGT. C--TAGGACCCCTTTCTGCTTTGGGA. .AACCAAGGCAGG--	-----C-CT.	-----C-CT.	-----C-CT.
H2G. CI. 92. Abt96	GC.AAG. ACCCTGGT. C--TAGGACCCCTTTCTGCTTTGGG. .AACCAAGGCAGG--	-----C-CT.	-----C-CT.	-----C-CT.
H2U. CI. 07. 071C TNP3	GCT-ACAA. G. ACCCTGGT. C--TAGGACCCCTTTCTGCTTTGGGA. .AACCGAAGCAGG--	-----C-CT.	-----C-CT.	-----C-CT.
H2U. FR. 96. 12834	TAT--. .A. ACCCTGGTAC--TAGGACCCCTTTCTGCTTTGGGA. .AACCAAGGCAGG--	-----C-CT.	-----C-CT.	-----C-CT.
ASC. UG. 10. RT03	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
ASC. UG. 10. RT08	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
ASC. UG. 10. RT11	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
COL. CM. x. CGU1	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
COL. UG. 10. BWC01	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
COL. UG. 10. BWC07	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
DEB. CM. 04. SIVdeb04CMPF3061	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
DEB. CM. 99. CM40	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
DEB. CM. 99. CM5	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
DEN. CD. x. CD1 CM0580407	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
DRL. DE. 11. 03	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
DRL. x. x. FA0	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
GRV. ET. x. GRI 677 gri_1	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
GSN. CM. 99. CN166	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
GSN. CM. 99. CN71	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
LST. CD. 88. SIVlhoest447	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
LST. CD. 88. SIVlhoest485	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
LST. CD. 88. SIVlhoest524	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
LST. KE. x. lno7	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
MAC. US. x. 251 1A11	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
MND-1. GA. x. MNDGB1	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
MND-2. CM. 98. CM16	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
MND-2. GA. x. M14	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
MND-2. x. x. 5440	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
MNE. US. x. MNE027	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
MON. CM. 99. L1 99CML1	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
MON. NG. x. NG1	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
MUS-1. CM. 01. CM1239	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
MUS-1. CM. 01. SIVmus_01CM1085	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
MUS-2. CM. 01. CM1246	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
MUS-2. CM. 01. CM2500	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
MUS-3. GA. 09. 09Gabo181	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
MUS-3. GA. 11. 11GaboPts02	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
OLC. CI. 97. 97C112	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
RCM. CM. 00. SIVagi_00CM312	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
RCM. CM. 02. SIVrcm_02CM8081	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
RCM. GA. x. SIVRCMGAB1	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
RCM. NG. x. NG411	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
SAB. SN. x. SAB1	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
SMM. CI. 79. SIVsmCI2	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
SMM. LR. 89. SIVsmLIB1	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
SMM. SL. 92. SIVsmSL92A	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
SMM. SL. 92. SIVsmSL92B	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
SMM. SL. 92. SIVsmSL92B	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
SMM. US. 04. G078	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
SMM. US. 05. D215	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
SMM. US. 06. FTq	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
SMM. US. 06. CFU212	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
SMM. US. x. H9	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
SMM. US. x. PGM53	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
SMM. US. x. pE660. C67G	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
STM. US. 89. STM 37_16	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
SUN. GA. 98. L14	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
SVK. KE. x. KE51	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
SVK. KE. x. SVK173_COMGM	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
TAL. CM. 00. 266	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
TAL. CM. 01. 8023	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
TAN. UG. x. SIVagmTAN1	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
VER. DE. x. AGM3	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
VER. KE. x. 9063	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
VER. KE. x. AGM155	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
VER. KE. x. TY01 patent	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
WRC. CI. 97. 97C114	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
WRC. CI. 98. 98C104	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.
WRC. GM. 05. Pbt_05GM_X02	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.	-----T-CT.

H10.FR.83.HXB2
H10.CM.91.MVP5180
H1N.CM.95.YBF30
HIP.CM.06.U14788
CPZ.CM.08.BF167
GR.07.70.TAN2
COR.GD.07.SivgorCP2135con

MAC.US.x.239
H2A.SN.EH0
H2B.CM.92
H2G.CI.27.Abt96
H2U.CI.07.07IC TNP3
H2U.FR.96.12034
ASC.UG.10.RT03
ASC.UG.10.RT08
ASC.UG.10.RT11
COL.CM.x.CGU1
COL.UG.10.BWC01
COL.UG.10.BWC07
COL.UG.04.CVdebe04CMPF3061
DEB.CM.99.M440
DEB.CM.99.CM5
DEB.CM.x.CD1 CM0580407
DRL.DE.11.03
DRL.CM.x.FA0
GRV.ET.x.GRI 677.gri1
GSN.CM.99.CN166
GSN.CM.99.CN71
LST.CD.88.Sivlhoest441
LST.CD.88.Sivlhoest485
LST.CD.88.Sivlhoest524
LST.KE.x.lho7
LST.CM.x.251 Ia11
MND-1.GA.x.MDGB81
MND-1.CM.98.CM16
MND-2.GA.x.M14
MND-2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
MON.CM.99.CM11939C1
MON.NM.x.NG1
MUS-1.CM.01.C1 29C2M1
MUS-1.CM.01.SivMvs 01CM108
MUS-2.CM.01.CM1246
MUS-2.CM.01.CM2500
MUS-3.GA.x.09.GadaboI81
MUS-3.GA.11.i1GadPts02
OLC.CI.97.97.C12
RCM.CM.09.Sivagi 00CM312
RCM.CM.02.Sivrcm 02CM0801
RCM.CM.02.SivMGAB1
RCM.NG.x.NG411
SAB.SN.x.SAB1
SMM.CI.79.SivSMCM2
SMM.LR.89.SivsmL81
SMM.SL.92.SivSM592A
SMM.SL.92.SivSM592B
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FT0
SMM.US.86.CF0212
SMM.US.x.HU2
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.p6660.CG7G
STM.US.89.STM 37 16
SYK.CM.95.14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173 COMGMN
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
TAL.CM.92.SivsgmTAN1
VER.DE.x.AGM5
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.AGM155
VER.KE.x.TY01 patent
WRC.CM.98.9714
WRC.CI.98.RC104
WRC.GM.05.PBT 05GM X02

```

. . . . . AAGGAAAGGGAA . 670
. . . . . T . . . . . T-G . 672
. . . . . A . . . . . TAG . 678
. . . . . T . . . . . T . 680
. . . . . G-AGC-GG . 688
. . . . . T . . . . . CCA . 690
. . . . . AGGAGAGTGAGAGA . . CTCTT.GAGTACG . . -TG-GT-A-G . 880
. . . . . AGAAGACTGAGAA . . . CTCTT.GAGTACG . . -TG-GT-A-G . 883
. . . . . GGAAGAGTGAGAG . . . CTCTT.GGACACG . . -TG-GT-A-G . 913
. . . . . GAAGGAGTGAGAG . T . CTTT . GAACACG . . -AG-GT-A-G . 285
. . . . . AGGAGAGTGAGAG . G . CTCTT . GAACACG . . -TG-GT-A-G . 389
. . . . . AGAGTGAGAG . T . CTTCTGAAACTCG . . -TG-GT-AGG . 408
. . . . . 0 . 0
. . . . . AAGAGGTCCTGAGGGTCGCGGAAG . AAGAAGAGGAGACTGATC . GCCTCTCA . . GAAGAGAGGTAAGTCGAAAAAGGGGACTTACG . GGTGGA . . GTCA . AGGAGGACTCTACGGCTCGCGAAAAAGTGAAGTAAA . GTGCGCGCTCGT . 430
. . . . . CTAGGACGGACACTAGGAGT . CGCGGGGCGACAAAGAGAG . AGAGAAAA . . GAGAAGAAGGAGCCTGATCAACTCTGAGGTAAGTGGG . TCTAG . GAGAGACTACGG . . . CTCTT . GAACACG . . -TG-GT-A-G . 430
. . . . . GCTAC . CCAGTGTTACG . . . CGAAGCGGTAGGAGCGAGGAG . TCT . TGGA . -CC . 358
. . . . . GCTAC . CCAGGCTC . GCCCG . . . . . CAGGCGGTGTGCGG . -TCTGGAACCC . 409
. . . . . AGCATC . CCAGTGTTGAGCCCG . . . . . AAGGCGGAGTGTGG . -TCTGGAACCC . 317
. . . . . AAGAGAGTCTGAAACAGG . GACTTGAGTACCAGAAAGGCTAGGCGCCGAAGCGGTTG . AACGTACC-C . 313
. . . . . . . . . . . GC . TAAGAAGCCCGAGCGCGAGACCCGC . TCGGTAA . 129
. . . . . AGACAGT . CGACCCAC . . CTGTGAGGGACGAAGCGCGACCATCCGGACCGACCCACCCGG . . AAAAGAGAGTGC . TAAGAG . CCGGACCGAGAGTGC . -TG-GT-A-G . 735
. . . . . . . . . . . GAAGAGGCATCGGCA . -CG-CC-CTG . 735
. . . . . AACAGCCAG . GACTTCAA . GCCCGAAGCGGGACCCAAAGATTGCCCTGGCCGAGTG . TCCGG . CTCCT . 287
. . . . . AGCATCCAGTGACTTCAA . GCTCGAGGCGGGACCCAAAGATTGCCCTGGCCGAGTG . TCC . G . CTCCT . 295
. . . . . 0 . 0
. . . . . 0 . 0
. . . . . AGGAGA . . AGAGCGCTGGCAAGAACCTCTGAGGGGAGGAAAGCGCGCAG . . . AAGAGGCCAGGAAGCTAGGACAGAGAAAGTCTGCTCGGG . CAGG . 906
. . . . . AGGAGAGTGAGAGA . . CTCTT.GAGTACG . . -TG-GT-A-G . 879
. . . . . 295 . 295
. . . . . CAAGGGTTC . GAGTCATTCCAACCTGTAAAGGACGAAGCGCGGACGACGCGGAC . CGACCCACCCGCGCAAGTGAGTTAAACAAAGGACCCCG . CGCG . . -ACT . 508
. . . . . CAAGGGTTCGAG . TCGCTCCGA . . CCTGTAAAGGACGAAGCGCGGCTGGACAGCCACCCG . ACGAAGAGAGTTAATCAAGGAGCCCCGACGCGCAGGACTC . A-GTTAAGC . 508
. . . . . CAAGGGTTCAGG . TCGACCCA . . CCTGTAAAGGACGAGCGCGGCGAGC . AGTCGGACGAGCCACCCG . GCG . AAAAGAGTTAATTGAAGAGCCCCGACGCGCAGGACTCAA . GTTAAGC . 136
. . . . . . . . . . . AGGAGAGTGAGAGA . . CTCTT.GAGTACG . . -TG-GT-A-G . 361
. . . . . . . . . . . GTAAAGGACCCAGCGACTCGAGCCGCGAG . -CG-ACAG . 280
. . . . . . . . . . . TTAGCCCGCGAGGGGGT . AGGCGGTGTGACAGAGAGAAGG . . . . . CCCC . AGCCG . AGTGCCT-CC . 288
. . . . . . . . . . . TTAAGCCCGCGAGGAGT . AGGCGGTGTGACGAGAGAAGG . . . . . CCCC . AGCCG . AGTGCCT-CC . 289
. . . . . CTACATATCAA . CCCGTTCCG . . AGGTTCCGCGCCGCGAGTCAACAGGCGGTGGAGCAGTCCCGAAG . GCTCCATCCGGAAGG . CGAGAGCGCTGAGGATCGCT . -CG-GT . .G . 359
. . . . . CGA . ACGTCAAGTAGGATCGGTGAGCAGGAGTAGAG . CTTCCAGGGA . CTCTGCGCTGAAGGCGACAGGCGCGAGAGAACGCC . -CG-GT . . 322
. . . . . 0 . 0
. . . . . 0 . 0
. . . . . 584 . 584
. . . . . 0 . 0
. . . . . 50 . 50
. . . . . 50 . 50
. . . . . CTAAAGACGTCCCGGCGCAGAGTAGACCAGCCTGAGG . CTCTTT . -ACT . 840
. . . . . 0 . 0
. . . . . 0 . 0
. . . . . 0 . 0
. . . . . A . GACG . . . . . GACT . CG . . -TG-GT-A-G . 343
. . . . . AGGAGAGTGAGAGA . . CTCTT . TGAGTACG . . -TG-GT-A-G . 147
. . . . . AGGAGAGTGAGAGA . . CTCTT . TGAGTACG . . -TG-GT-A-G . 141
. . . . . AGGAGAGTGAGAGA . . CTCTT . AAGGACTAG . . -TG-GT-A-G . 142
. . . . . AGGAGAGTGAGAGA . . CTCTT . TGAGTACG . . -TG-GT-A-G . 43
. . . . . AGGAGAGTGAGAG . . CTCTT . GAGTACG . . -TG-GT-A-G . 362
. . . . . AGGAGAGTGAGAG . . CTCTT . GAGTACG . . -TG-GT-A-G . 805
. . . . . AGGAGAGTGAGAG . . CTCTT . TGAGTACG . . -TG-GT-A-G . 878
. . . . . AGGAGAGTGAGAG . . CTCTT . GAGTACG . . -TG-GT-A-G . 844
. . . . . . . . . . . T . . . . . T . . . . . T . 901
. . . . . . . . . . . TT . . . . . CT-G . 670
. . . . . . . . . . . CT-G-CC-G . 233
. . . . . AACTCCGAGGGGCTGTGAGAGGACGACAGTTCCGGAGTCGAGCCCGGATCGCGGAAGACGACGCGCTCGCAAGTGAAGTAAGTAAGGAGCGATCGGTACCCCGGGCGAGTAGGCGCCGTGAGCGAGTGCGGGTCTAGGAAGAGTGGCAGAG . GCCTT . -CTT . 514
. . . . . . . . . . . GTCA . . . . . -ACTT . 741
. . . . . . . . . . . CTTGAGTGAAGGCACGT . -CAGCTG . -AAG . 271
. . . . . . . . . . . GGTCCGAGGA . CTTGAGTGAAGGCACGT . -CAGCTG . -AAG . 786
. . . . . . . . . . . GAGTGAAGGCACGT . -CAGCTG . -AAG . 772
. . . . . . . . . . . GTGA . GAGTGTAGGCACGT . -CAGCTG . -AAGG . 779
. . . . . . . . . . . GGGG . CGTCTAGAGTGAAGAAAGAC . GCGCGCGGAGGATTC . CT . . . . . -AAGT . 876
. . . . . . . . . . . GGGG . CGACTAGAGTGAAGAAAGACCGCCGCGGAGGGATTCT . -G . -A-GT . 879

```


CCGAGA	GGAC	TCCTTCACGAC	AGGAGCTCGCTTCGTA	CGCCGACG	GGCAAGAGCGGAGGGGGCGG	GACTGGTGAGTACGCC	AAAAATTTTG	ACTAGCGGAGGC		776							
G	A-AAACCT	TC	AAC-G	AGC-G	T-A-CT	A	AACCTACA-G	A	G-T-T	CC	AGACCTAGGG	778					
G	CTGGA			C-T	T-A-CT	A	AGT		G-T-T	CC		780					
GAAGCAGGG	TTTCAAGC	TC	CAGC-A	C-G	C-T	A	AACCTCAC-G		G-T-T	CC	GACCTTAGGG	780					
	ACCGCG	CCC	G	CTGCTCTTAA	CGCAG				G	C-TT-GCT	TTAGT	GTACAGCCTTAGGGGAAG	780				
G	TTCTGA	CTC	CGACGCAC	G	CAGC-G	T-A-CT	ACTG	A	TTT-G	C-T	GC	AACCTTAGG	322				
CGAGTAAGGGCGCGA	G-A	C-AAACA	GACG	GTGCTCTT-TAAA	CGCGCG	TC	G-TA-C	AG-C	G-CTGTA	AGC-GG		AGACAAAAAAGAAAT	1015				
CGAGTAAGGGCGCGA	G-A	C-AAACA	GACG	GTGCTCTT-GAAAAAGCAGG	CCGAG	T-A	C-A	AGC-G	CGTGT	AGC-GG		GTAGAAAA	1015				
CGAGTAAGGGCGCGA	G-A	C-AAACA	GACG	GTGCTCTT-GAAAAAGCAGG	CCG	G-TA-C		AGGC	CTGTA	AGC-GG		AGGA-AA	1015				
CGAGTAAGGGCGCGA	G-A	C-AAACA	GACG	GTGCTCTT-GAAAAAGCAGG	CCG	G-TA-C		AGC-G	CTGTA	AGC-GG		AGGA-AA	1015				
CGAGTAAGGGCGCGA	G-A	C-AAACA	GACG	GTGCTCTT-GAAAAAGCAGG	CCG	G-TA-C		AGGC	G-CTGTA	AGC-GG		AGGA-AA	1015				
CGAGTAAGGGCGCGA	G-A	C-AAACA	GACG	GTGCTCTT-GAAAAAGCAGG	CCG	G-TA-C		AGGC	G-CTGTA	AGC-GG		AGGA-AA	1015				
	G	CTCTAGCAAGT	G	AGGGTCTAGTGGTG	GTTTGAGA	AGG-GTA			CCCAACAGC			G-GAG-AA	TTAGT	GTGGGA	ACTC	ACGAGCTATC	119
	G	CTCTAGCAAGT	G	AGGGTCTAGTGGTG	GTTTGAGA	AGG-GTA			CCCAACAGC			G-GAG-AA	TTAGT	GTGGGA	ACTC	ACGAGCTATC	119
	G	CTCTAGCAAGT	G	AGGGTCTAGTGGTG	GTTTGAGA	AGG-GTA			CCCAACAGC			G-GAG-AA	TTAGT	GTGGGA	ACTC	ACGAGCTATC	119
	G	CTCTAGCAAGT	G	AGGGTCTAGTGGTG	GTTTGAGA	AGG-GTA			CCCAACAGC			G-GAG-AA	TTAGT	GTGGGA	ACTC	ACGAGCTATC	119
	G	CTCTAGCAAGT	G	AGGGTCTAGTGGTG	GTTTGAGA	AGG-GTA			CCCAACAGC			G-GAG-AA	TTAGT	GTGGGA	ACTC	ACGAGCTATC	119
	G	CTCTAGCAAGT	G	AGGGTCTAGTGGTG	GTTTGAGA	AGG-GTA			CCCAACAGC			G-GAG-AA	TTAGT	GTGGGA	ACTC	ACGAGCTATC	119
	G	CTCTAGCAAGT	G	AGGGTCTAGTGGTG	GTTTGAGA	AGG-GTA			CCCAACAGC			G-GAG-AA	TTAGT	GTGGGA	ACTC	ACGAGCTATC	119
	G	CTCTAGCAAGT	G	AGGGTCTAGTGGTG	GTTTGAGA	AGG-GTA			CCCAACAGC			G-GAG-AA	TTAGT	GTGGGA	ACTC	ACGAGCTATC	119
	G	CTCTAGCAAGT	G	AGGGTCTAGTGGTG	GTTTGAGA	AGG-GTA			CCCAACAGC			G-GAG-AA	TTAGT	GTGGGA	ACTC	ACGAGCTATC	119
	G	CTCTAGCAAGT	G	AGGGTCTAGTGGTG	GTTTGAGA	AGG-GTA			CCCAACAGC			G-GAG-AA	TTAGT	GTGGGA	ACTC	ACGAGCTATC	119
	G	CTCTAGCAAGT	G	AGGGTCTAGTGGTG	GTTTGAGA	AGG-GTA			CCCAACAGC			G-GAG-AA	TTAGT	GTGGGA	ACTC	ACGAGCTATC	119
	G	CTCTAGCAAGT	G	AGGGTCTAGTGGTG	GTTTGAGA	AGG-GTA			CCCAACAGC			G-GAG-AA	TTAGT	GTGGGA	ACTC	ACGAGCTATC	119
	G	CTCTAGCAAGT	G	AGGGTCTAGTGGTG	GTTTGAGA	AGG-GTA			CCCAACAGC			G-GAG-AA	TTAGT	GTGGGA	ACTC	ACGAGCTATC	119
	G	CTCTAGCAAGT	G	AGGGTCTAGTGGTG	GTTTGAGA	AGG-GTA			CCCAACAGC			G-GAG-AA	TTAGT	GTGGGA	ACTC	ACGAGCTATC	119
	G	CTCTAGCAAGT	G	AGGGTCTAGTGGTG	GTTTGAGA	AGG-GTA			CCCAACAGC			G-GAG-AA	TTAGT	GTGGGA	ACTC	ACGAGCTATC	119
	G	CTCTAGCAAGT	G	AGGGTCTAGTGGTG	GTTTGAGA	AGG-GTA			CCCAACAGC			G-GAG-AA	TTAGT	GTGGGA	ACTC	ACGAGCTATC	119
	G	CTCTAGCAAGT	G	AGGGTCTAGTGGTG	GTTTGAGA	AGG-GTA			CCCAACAGC			G-GAG-AA	TTAGT	GTGGGA	ACTC	ACGAGCTATC	119
	G	CTCTAGCAAGT	G	AGGGTCTAGTGGTG	GTTTGAGA	AGG-GTA			CCCAACAGC			G-GAG-AA	TTAGT	GTGGGA	ACTC	ACGAGCTATC	119
	G	CTCTAGCAAGT	G	AGGGTCTAGTGGTG	GTTTGAGA	AGG-GTA			CCCAACAGC			G-GAG-AA	TTAGT	GTGGGA	ACTC	ACGAGCTATC	119
	G	CTCTAGCAAGT	G	AGGGTCTAGTGGTG	GTTTGAGA	AGG-GTA			CCCAACAGC			G-GAG-AA	TTAGT	GTGGGA	ACTC	ACGAGCTATC	119
	G	CTCTAGCAAGT															

776
788
330
248
780
322
323
1015
510
1041
428
532
545
99
114
99
586
352
583
611
462
465
471
186
279
891
415
421
0
0
0
1062
1014
444
731
655
288
495
436
0
415
415
487
443
0
0
0
666
0
196
196
992
125
114
123
98
454
294
288
290
280
497
941
1026
671
1057
426
729
638
143
896
425
936
925
933
1013
1019
0

Packaging loops end		Gag and Gag-Pol start		
H18. FR. 83. HXB2TAGAAGGAGAG.....	ATGGGTGCGAGAGCGTCAGTA.....TTAAGCGGGGGAGAATTAGATCGATGGGAAAAAATTCGGTTAAGCGCAGGGGGAAGAAAAAATAAATTAACATATAGTAGTGGGCAAGCAGGGAGCTAGA	914	
Gag		M G A R A S V L S G G E L D R W E K I R L R P G G K K K Y K L K H I V W A S R E L E		
H10. CM. 91. MVP5180	GAAGGGCGAAGTCCC.....G.....GA.....	G-CA- A-TA- G- GC- A-.....ATCT- A- GGC-.....GGC-.....G-.....	940	
H1N. CM. 95. YBF30AGAAA.....GTAG- AGAGAG.....	G-CA- A- CG- G- GC- A-.....TC- TAT- G- A-.....C- G- A- G-.....T-.....G-.....	472	
H1P. CM. 06. U14788	GAAGAGGCGAAGTCTC.....G.....G.....	G-CA- A- CG- G- GC- A-.....C- T- A- A- T-.....G-.....G-.....	400	
CPZ. CD. 06. BF1167	AGCGAAGTCCCTAGG.....A.....G.....	G- G- G- A-AGA- G-.....TCGG- AA- C- TC- C- A- C-.....CTTA- G- C- G-.....CG- A- AT- AT- C-.....	929	
CPZ. TZ. 00. TAN1	GAAGG. GCGAAGTCTC.....G- TA- C- G- GAA.....	G- G- G- A-ATA- GC- G- AC-.....TCC- AA- C- T- AAT- CA- A- C- G-.....TT- A-.....G-.....CG- A- C- A- C-.....	477	
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con	AA. GG. GCGAAGTCTC.....G.....G.....	G-CA- A- CG- G- GCG-.....C- G- A- AA- T-.....G-.....TGC-.....G-.....T-.....G-.....	474	
Gag and Gag-Pol start				
MAC. US. x. 239	C. TTTTATCCGGAAGG. GGTAATAAG- T- GA- T- G-.....	C- T- A- A- C- C- C-.....GTCA- AAGA- GC- GA- TA-.....A- C- C- A- CAAC-.....G- C- TG- G- G- G-.....GCA- AT- AT-.....	1177	
Gag		M G V R N S V L S G 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		
H2A. SN. 86. ST J5P4_27	GTTATCTACTCTTTAGACG. GGTAGA- TT- T- G-.....	C- AAC- C- C-.....G- A- AA- A- GC- CGA- TA-.....G- A- C- C- C-.....GGC-.....T- G-.....GCG- AT- AT- G-.....	672	
H2B. CI. x. EHO	TTTCGTACTCTTAGGACAGG. GTACGG- AT- A- T- G-.....	C- GC- C- C-.....GTCA- AAGA- GAC- GA- TA-.....GG- A- C- C- C-.....G- C- TGC-.....G-.....GTG- AT- AT- G-.....	1204	
H2G. CI. 92. Abt196	GAAT. CCTACTCTGAATA. GT CAGGTAGA- GT- T- G-.....	C- AGC- C- C-.....GTCA- AA- A- GCT- GA- TA-.....G- A- C- C- C-.....C- TG-.....G- T- G-.....GCG- AC- AT- G-.....	590	
H2U. CI. 97. 071C TNP3	GTCTATCTTACCTTTAGACA. GGTAGA- TT- T- G-.....	C- CAC- C- C-.....GTCA- AAGA- ACT- GA- TA-.....G- A- C- C- C-.....C- TGC-.....G- T- R-.....GCG- AC- AT- G-.....	695	
H2U. FR. 96. 12034	C. TGCTCTTGAGAAAG. AGAGGTAG- TT- T- G-.....	C- AAC- C- C-.....GTCA- AAGA- G- GA- TA-.....G- A- C- C- C-.....G- C- TGC-.....G-.....GTG- G- GCG- AC- AT- G-.....	706	
ASC. UG. 10. RT03	ACTACAAGGACTCCACCC.....AGTGT- T- TA- G- CAC.....	G- GCAC- CGATGC- T- CT- AA- A- GC- T- AAG- AT- G- G- CA- C-.....GAAA- C- A- G- G- CC- GA- G-.....T- TC- AA- T- G-.....	263	
ASC. UG. 10. RT08	ACTGCAAGGACTCCACCC.....AGTGT- T- CA- G- CAC.....	G- GCAC- CGATGC- T- CT- AA- A- GC- T- AAG- AT- G- G- CA- C-.....GAAA- C- A- G- G- CC- GA- G-.....T- TC- AA- G-.....	278	
ASC. UG. 10. RT11	ACTGCAAGGACTCCACCC.....AGTGT- T- CA- G- CAC.....	G- GCAC- CGATGC- T- CT- AA- A- GC- T- AAG- AT- G- G- CA- C-.....GAAA- C- A- G- G- CC- GA- G-.....T- TC- AA- G-.....	263	
COL. CM. x. C0U1	GTAGAGGGAGGTCATTA.....	C- A- A- C- G- G- G- A- AA- AC- AGAC- TAC- G- C- C- G- A- AA- AAG- AGG- TGT- GA-.....G- TAG- ATGT- CA- G- AG-.....	176	
COL. CM. 99. CM091	CCGGATCGGTGGAGGGAGATCACATA.....	C- A- A- C- G- G- G- A- AA- AAGACT- GAAG- TAC- GG- A- AA- A- AAG- AAG- AGG- TGT- CA-.....G- G- G- G- G- AG-.....	503	
COL. UG. 10. BWC07	TTTCGGGCGGTGGAGGGAGGCCACTTAGA.....	C- A- A- C- G- G- G- A- AA- AAGACTG- GAAG- T- C- GG- AAA- A- AAG- AAG- AGG- TGT- CA-.....G- C- C- C- C- C- AGG- ATGT- CA- AG- G-.....	737	
DEB. CM. 04. SIVdeb04CMPF3061	CGAG. GACACGAGAC.....G- C.....	A- G- GCGA- C- CCG- CG- AA- CT- CAA- TT- GG- GA- A- AAA- T- A- G- G- TGA- G- CC- C- C- GCT- AT-.....	760	
DEB. CM. 99. CM40	CAAGTAGGCACGTCCAGGTAAG.....	G- G- GCG- G- C- CCA- C- CG- CT- CA- TT- GG- AA- A- G- A- AAA- C- A- G- G- TGA- G- CC- C- C- G- T- A- A-.....	612	
DEB. CM. 99. CM5	CAAGTAGGCACGTCCAGGTAAG.....	G- G- GCGA- C- CCG- CG- CT- CA- TT- GG- AA- A- G- A- AAA- C- A- G- G- TGA- G- CC- C- C- G- T- A- A-.....	615	
DEN. CD. x. CD1 CM0580407C- AGAG.....	GAGCG- GAGC- G- TCCCA- G- CA- T- CG- CCC- G- AA- TT- GG- AA- A- A- A- T- G- G- TGA- T- G- CC- GA- T- T- AG- A- A- G-.....	606	
DRL. DE. 11. D3GTAAGA- A-.....	A- A- C- G- C- T- G- A- AGA- GC- T- GCT- TT- GG- A- C- CTCC- A- G- G- G- C- G- C- T- C- T- GCG- A- A-.....	322	
DRL. x. x. FA0GTAAGA- A-.....	A- A- C- G- C- T- G- A- A- A- GC- T- GCT- TT- GG- A- C- CTCC- A- G- G- G- C- G- C- T- C- T- GCG- A- A-.....	415	
GRV. ET. x. GRI 677_gri_1	GAGCA.....	C- G- G- TCAC- C- C- GTCA- A- AGCC- C- CAGC- TC- G- G- A- C- C- T- GAAC- G- A- G- G- CC- A- T- T- A- G- A- AA- AA- G-.....	1021	
GSN. CM. 99. CN166	GAGTAACAGACTCCACCC.....AGAG- TA- G- CAGA.....	A- GCAC- G- CGATGC- G- CA- TACTA- G- G- A- G- AT- G- G- G- TC- C- A- AA- C- C- TGA- C- G- CT-.....	576	
GSN. CM. 99. CN171	AAGTAACAGACTCCACCC.....AGAG- TA- G- CAGA.....	A- GCAC- G- CGATGC- G- CA- TACTA- G- G- A- G- AT- G- G- G- TC- C- A- AA- C- C- TGA- C- G- CT-.....	576	
LST. CD. 88. SIVlhoest447AT- G- GAAC- T- C- C- TA- CA- ATTGAG- GAGA- TCTGT- GT- CA- C- A- T- ACA- T- A- G- CT- C- GAA- G-.....T- G- CA- A- AT-.....	125		
LST. CD. 88. SIVlhoest485AT- G- GAAC- T- C- C- TA- CA- ATTGAG- GAGA- TCTGT- GT- CA- C- A- T- CA- T- A- G- CT- C- GAA- G-.....T- G- CA- A- AT-.....	125		
LST. CD. 88. SIVlhoest524AT- G- GAAC- T- C- C- TA- CA- ATTGAG- GAGA- TCTGT- GT- CA- C- A- T- CA- T- A- G- CT- C- GAA- G-.....T- G- CA- A- AT-.....	125		
LST. KE. x. lho7	TTGTAGCTTCACT.....	AT- G- TAAC- T- C- C- TA- CA- ATTGAG- A- AGAT- TTGT- GTG- CA- C- A- T- A- T- A- G- CT- C- AA- G-.....G- CA- AT- AT-.....	1200	
MAC. US. x. 251_1A11	C. TTTTATCCGGAAGG. GATAATAAG- T- GA- T- G-.....	C- AAC- C- C- GTCA- AAGA- G- GA- TA-.....G- C- A- CAAC-.....G- C- T- G- G- G-.....G- CA- AT- AT-.....	1176	
MND. 1. GA. x. MNDGB1	GAGCA.....	A- A- T- G- GAAC- T- CC- GTTA- ACT- T- G- AA- TT- G- AA- A- A- AG- T- T- A- TGT- G- G- CC- CTGT- TGT- AAG- T- AT-.....	574	
MND. 2. CM. 98. CM16	AGAAA.....	C- C- GT- C- T- G- A- A- A- G- CGAGCT- G- A- C- CTCC- A- G- CC- GC- G- C- A- T- A- A-.....	861	
MND. 2. GA. x. M14	AGAAA.....	C- C- GT- C- T- G- A- A- A- G- CG- CT- C- A- C- CTCC- A- G- CC- GC- G- C- A- T- A- A-.....	785	
MND. 2. x. x. 5440	AGAAA.....	C- C- GT- C- T- G- A- A- A- G- CG- CT- C- A- C- CTCC- A- G- CC- GC- G- G- TA- T- A- A-.....	418	
MNE. US. x. MNE027	C. TTTTATCCGGAAGG. GATAATAAG- T- GA- T- G-.....	C- AAC- C- C- GTCA- AAGA- G- GA- TA-.....G- C- A- C- G-.....G- C- TGA- G- G-.....G- CA- AT- AT-.....	607	
MON. CM. 99. 1_99CML1	GACGC.....	G- GCAC- G- CGATGC- T- T- TACTA- C- CAAG- AT- G- GG- G- C- T- A- GC- C- T- G- G- C- TGA- G- G-.....TGC- A- A-.....T-.....	0	
MON. NG. x. NG1	0	
MUS. 1. CM. 01. CM1239	GGGAAGGGAGACTCCACACA.....GAGGAT- GCCA- A-.....	A- GCAC- G- CGATGC- G- CA- TACCA- G- G- A- G- AC- GG- GA- AC- A- AAA-.....G- GG- CCT- A- C- G- C-.....TTC- A-.....T-.....	576	
MUS. 1. CM. 01. SIVmus_01CM1085	GGAA. GAGACTCCACACA.....GAGGAC- GCCAGA.....	A- GCAC- G- CGATGC- G- CA- TAACA- G- G- A- G- AT- G- GG- GA- C- C- A- AAA-.....G- CCTGA- C- G- C- TA-.....TTC- A-.....T-.....	574	
MUS. 2. CM. 01. CM1246	AGAAAGCGGACTCCACCC.....AGAGA- G- C.....	G- GCAC- G- CGATGC- G- AA- TACTA- G- GA- AA- AT- G- GG- CA- A- TAAA-.....G- G- CCT- A- C-.....TTC- A-.....T-.....	645	
MUS. 2. CM. 01. CM2500	AGGAAGCGGACTCCACCC.....AG- G- TA- G- C.....	G- GCAC- G- CGATGC- G- CA- TAC- A- G- G- CAA- AT- G- GG- C- T- G- AAA-.....G- CCTGA- C- G- C-.....TTC- AA- A- T-.....	604	
MUS. 3. GA. 09. 09gab0181G- AGCAC- G- CGATGC- G- CT- TACTA- G- G- AAG- AT- G- G- GA- C- C- A- AAA-.....G- CCTGA- C- G- C-.....TTC- A-.....T- G-.....	128		
MUS. 3. GA. 11. 11gabPts02G- AGCAC- G- CGATGC- G- CA- TCTA- G- G- A- G- AT- G- G- GA- C- C- A- AAA-.....G- CCTGA- C- G- C-.....TTC- AA- T-.....	128		
OLC. CI. 97. 97C112	ATCGA. GCGCTCCATAGGGTTGGAGGCTCGG- TGA-.....G.....	G- C- A- AGTAAG- A- GA- CCT- AGTT- GA- GAAG- TA- G- GG- GA- C- A- C- G- TGA- AC- G- GTGT- G- GAGGGGCG- G- AA- GTACAA- T- GA-.....	830	
RCM. CM. 00. SIVag1_08CM312	A- T- G- CA- AA- A- GC- GCC- TG- G- C- C- T- C- A- T-.....T-.....G-.....	125	
RCM. CM. 02. SIVrcm_02CM0801AGAGA- G- GA- A-.....	G- T- GTCA- AAGA- GC- CGC- TC- G- A- C- TC- T- C- TA- C-.....G-.....TGC- G- C-.....T-.....	125	
RCM. GA. x. SIVRCMGAB1AGAGA- G- GA- A-.....	C- T- GTCA- AAGA- GC- CGC- TC- G- A- C- TC- T- C- TA- C-.....G-.....TGC- G- G- T- G-.....T- AAA- A- A-.....	336	
RCM. NG. x. NG411AGAGA- G- GA- A-.....	G- A- T- GTCA- AAGA- G- GCT- C- GG- A- C- C- C- G- A- G-.....G-.....TGC- G- G-.....T-.....	336	
SAB. SN. x. SAB1	GGCTAGGTCGA.....GC- GGAA- GA- A-.....	TAAC- C- T- TA- GA- C- GC- TC- TC- G- CA- C- CAAC-.....G- G- G-.....G-.....	1141	
SMM. CI. 79. SIVsmC12A.....GACGGGTAGAAGAGTGT- GGA-.....	C- GAAC- C- C- GTCA- AAGA- GC- GA- TA-.....G- A- C- C- C- A- G- G- C- TG-.....G- GCG- AC- AT- G-.....	273	
SMM. LR. 89. SIVsmL181GTTAGATAAGTTT- GGA-.....	C- AAC- C- C- GTCA- AAGA- GC- GA- TA-.....G- A- C- C- C- A- G- G- C- TG-.....G- GCG- AC- AT- G-.....	262	
SMM. SL. 92. SIVsmSL92A	ACAGG.....ATAGTAATTTGT- GGAA.....	C- GAAC- C- C- GTCA- AA- A- GC- GA- TA-.....G- A- C- C- C- G- G-.....G- TG- G- G-.....G- GA- T-.....GCG- AT- AT- G-.....	270	
SMM. SL. 92. SIVsmSL92B	GATAG.....GTAGAAGTAAGC- GGA-.....	C- GC- C- C- GTCA- AA- A- GC- GA- TA-.....G- A- C- C- C- G- G-.....G- TG- G- G-.....G- TA-.....GCG- A- AT-.....	246	
SMM. SL. 92. SL92B	ATATCCTTACCTAC. GGGATAGGTAGAAGT- A- C- G-.....	C- GC- C- C- GTCA- AA- A- GC- GA- TA-.....G- A- C- C- C- G- G-.....G- TG- G- G-.....G- TA-.....GCG- A- AT-.....	617	
SMM. US. 04. G078	GAGGAAA.....GAGA-.....T- G-.....	C- AGC- C- C- GTCA- AA- A- GC- CGA- TA-.....T- T- C- CAAC- A- G- G-.....G- TG- G- G-.....G- GCG- AT- AT- G-.....	443	
SMM. US. 05. D215	GAGGAAA.....GAGAGT- GA- T- G-.....	C- GTGC- C- C- GTCA- AA- A- GC- GA- TA-.....G- A- C- C- C- A- G-.....G- TG- G- G-.....G- GCG- AC- AT- G-.....	437	
SMM. US. 06. Fto	CGGAAGAGAAGAAGTGAG.....GAGAGTA- GA- T- G-.....	C- AGC- C- C- GTCA- AA- A- GAC- GA- TA-.....GG- A- C- C- C- CAAC-.....G- C- TG- G- G-.....G- GCG- AC- AT- G-.....	450	
SMM. US. 06. CFU212	TGAAGA.....AGGG- A- T- G- A-.....	C- AGC- C- C- GTCA- AA- A- GC- GA- TA-.....GG- A- C- C- C- G- G-.....G- TG- G- G-.....G- GCG- AC- AT- G-.....	429	
SMM. US. x. H9	GTTCCCTACTTTT. GAGA. AAAGAGTAG- GA- T- G-.....	T- AAC- C- C- GTCA- AAGA- GC- GA- TA-.....A- C- C- C-.....G- C- TGC- G- G-.....GCG- AT- AT- G-.....	659	
SMM. US. x. PGM53	GTTCCCTACTTTTGAGG. AAAGAGTAG- GA- T- G-.....	C- AAC- C- C- GTCA- AAGA- GC- GA- TA-.....A- C- C- C-.....G- C- TGC- G- G-.....GCG- AC- AT- G-.....	1103	
SMM. US. x. pE660_CG76	GAGGAAA.....GAGTAG- GA- T- G-.....	C- AAC- C- C- GTCA- AAGA- GC- GA- TA-.....A- C- C- C-.....G- TG- G- G-.....GCG- AT- AT- G-.....	1175	
STM. US. 89. STM_37_16	TTGTTCTACTCTT. GAGG. GAAGAGG- T- G-.....	C- AGC- C- C- GTCA- AA- A- GC- GA- TA-.....G- A- C- C- C- G- G-.....G- TG- G- G-.....G- GCG- AC- AT- G-.....	833	
SUN. GA. 98. L14	CAAAC.....	A- G- AAC- CAC- G- GGATA- A- ATTG- GAGGA- C- TT- G- G- AGCTC- G- AA- T- A- G- A- G- CC- CC- GGC- G- G-.....G- T- AA- AT-.....	1187	
SVK. KE. x. KE51	GGGTC.....	A- AG- G- GA- G- CGATCC- CA- TA- A- GC- T- AA- AT- G-.....C- TC- GAA- G- GCGC- CCT- G- TCG- T- T- G- A- A-.....G-.....	559	
SVK. KE. x. SYK173_COMGNM	GGACC.....	A- AGCG- G- G- C- ATA- CA- TA- GC- CA- AT- G-.....C- CC- A- GAAA- G- GCGC- CCT- G- TCG- T- T- AG- A-.....T- G-.....	922	
TAL. CM. 00. 266	TGTTAAGTGACACAC.....G- CA.....	G- AC- GCAC- G- CGATGC- C- TA- G- CC- AA- AT- G-.....G- GA- AC- G- GAAA- G- A- G- G- TGG- G- G-.....T-.....TTC- AA- A- G-.....	790	
TAL. CM. 01. 8023	CGAAG.....	G- AC- GCAC- G- CGATGC- C- TA- G- CC- AA- AT- G-.....G- GA- AC- G- GAAA- A- G- G- G- GG- G- G-.....G-.....TTC- AA- A- G-.....	676	
TAN. UG. x. SIVagmTAN1	GAGCA.....	A- G- CAC- G- C- GTCA- A- GA- T- G- CAC- TT- G-.....A- C- C- C- GAAC-.....G-.....CT- A-.....G-.....AAA- AA- G-.....	1026	
VER. DE. x. AGM3	ACGCA.....	G- GCTA- C- C- C- ATA- A- C- CAA- TT- GC- T- A- AC- TC- C- GACC-.....G- CC- A- T- T- A-.....G- A- A- G-.....	555	
VER. KE. x. 9063	ACGCA.....	G- GCTA- C- C- C- AA- A- C- C- A- TC- G- A- A- C- C- GAAC-.....G- C- A- T- G- T- A-.....G- T- AA- A- G-.....	1066	
VER. KE. x. AGM155	ACGTA.....	G- GCTA- C- C- C- G- ATA- A- C- G- A- TT- GC- T- A- AC- TC- C- GAAC-.....G- C- A- T- T- A-.....G- A- A- A- G-.....	1055	
VER. KE. x. TY01 patent	ACGCA.....	G- GCTA- C- C- C- A- ATA- A- C- G- A- TT- GC- T- A- AC- TC- C- GAAC-.....G- C- A- T- T- A-.....G- A- A- A- G-.....	1063	
WRC. CI. 97. 97C114TATAGAAGTCCCAAGCA- TTG- CT- CA- AG.....	AT- AG- GAATAGCA- CTCGC- GCACCCATAT- GC- GG- TCTCC- GGG- G- AT- C- CAA- ACTC-.....G- C- GAA- G- G- A- TT- GTG- A-.....T-.....	1172	
WRC. CI. 98. 98C104TATAGAAGACCCAGGCA- CTG- AT- CAGAG.....	T- AG- GAATAGT- CTCGC- GCACCCATAT- GC- GG- TCTCC- GGG- G- AT- GC- TAA- CTC-.....G- C- GAA- G- G- A- CT- GTG- A-.....T-.....	1178	
WRC. GM. 05. Pbt_05GM_X02	T- AG- GAATAGCA- CTCAC- GCACCA- A- AT- GT- GA- TCTCC- GGG- G- C- GC- AAA- ACTC-.....C-.....GAG-.....C-.....T-.....CT- GTA- AA-.....T-.....	329	

H18. FR.83. HXB2
Gag
H10. CM.91. MYP5180
H1N. CM.95. YBF38
H1P. CM.06. U14788
CPZ. CD.06. BF1167
CPZ. TZ.00. TAN1
GOR. CM.07. SIVgorCP2135con

MAC. US. x. 239
Gag
H2A. SN.86. ST JSP4_27
H2B. CI. x. EHO
H2G. CI.92. Abt196
H2U. CI.97.071C TNP3
H2U. FR.96. 12034
ASC. UG.10. RT03
ASC. UG.10. RT08
ASC. UG.10. RT11
COL. CM. x. C01
COL. UG.10. BWC01
COL. UG.10. BWC07
DEB. CM.04. SIVdeb04CMPF3061
DEB. CM.99. CM40
DEB. CM.99. CM5
DEN. CD. x. C01 CM050407
DRL. DE.11. D3
DRL. x. x. FA0
GRV. ET. x. GRI 677 gri_1
GSN. CM.99. CN166
GSN. CM.99. CN71
LST. CD.88. SIVhoest447
LST. CD.88. SIVhoest485
LST. CD.88. SIVhoest524
LST. KE. x. lho7
MAC. US. x. 251 1a11
MND. 1. GA. x. MNDGB1
MND. 2. CM.98. CM16
MND. 2. GA. x. M14
MND. 2. x. x. 5440
MNE. US. x. MNE027
MON. CM.99. L1 99CML1
MON. NG. x. NG1
MUS. 1. CM.01. CM1239
MUS. 1. CM.01. SIVmus 01CM1085
MUS. 2. CM.01. CM1246
MUS. 2. CM.01. CM2500
MUS. 3. GA.09.09gab0181
MUS. 3. GA.11.11gabPts02
OLC. CI.97.97C112
RCM. CM.00. SIVag1 00CM312
RCM. CM.02. SIVrcm 02CM0801
RCM. GA. x. SIVRCMGAB1
RCM. NG. x. NG411
SAB. SN. x. SAB1
SHM. CI.79. SIVsmC12
SHM. LR.89. SIVsmL181
SHM. SL.92. SIVsmSL92A
SHM. SL.92. SIVsmSL92B
SHM. SL.92. S192B
SHM. US.04. G078
SHM. US.05. D215
SHM. US.06. Fto
SHM. US.86. CFU212
SHM. US. x. H9
SHM. US. x. PGM53
SHM. US. x. pE600 CG76
STM. US.09. STM 37 16
SUN. GA.98. L14
SYK. KE. x. KE51
SYK. KE. x. SYK173 COMGNM
TAL. CM.00. 266
TAL. CM.01. 8023
TAN. UG. x. SIVgntAN1
VER. DE. x. AGM3
VER. KE. x. 9063
VER. KE. x. AGM155
VER. KE. x. TY01 patent
WRC. CI.97.97C114
WRC. CI.98. 98C104
WRC. GM.05. Pbt_05GM_X02

ACGATTGCGAGTAACTCTGGCTGTGTAAGAAATCATGAGAGGCTGTAGACAAATCTGGGACGCTACAAACCTCCCTTACAGAGGATCAGAAGAACTATGATCATTATATAATACAGTAGCAACCTCTATTGTGTGCATCAAGGATAGAGATAAAAAGACACCAAG 1084
R F A V N P G L L E T S E G C R O I L G O L O P S L O T G S E E L R Y T V A T L Y C V H O R I E I K D T K
-A-A--TTG--C-A-T-CA-G-C-G-G-C-GCA-GT-A-AAT-AT-G--G-T-CA-G--G-C-G-A--TC-C-GG--CG-A--GTA--GG--C-T-CA-C-AT-T-C--CCG--T-T-AC--C 1110
-A--TTG--C-A-T-CA-G-C-G-G-C-GCA-GT-A-AAT-AT-G--G-T-CA-G--G-C-G-A--TC-C-GG--CG-A--GTA--GG--C-T-CA-C-AT-T-C--CCG--T-T-AC--C 642
-A-T--TG--C-A-T-G-TA-G--G--G--T-T-C-A-G-T-A-TG--G--G-T-C-GA-G--Y-T-GC--GC-C-T-TC-T-GG--C-GC--T-GTY-A-GG--C-AGT--A--C--C-CA--AC--C 760
G-----TT-G--C--A-G--G--G--T-T-C-A-G-CA-TATG-A-CTC--AG-AG-A-T-G-CC--A-A-C-T--T-C-CA-T--GTGT-AC--CA-A--G-G-AGA-A-A-TC-G--TG-A 1099
-G-T--GA-G--C-T-CA-G-G-ACGT--CT-GA-C-CA-CTCT--G-G-T-GG-AG-C-TT-T-CC--A-A-C-TT-T-G-T-CA-CTGTGTA--C-C-A--CGC-G-AGA-AGAG-CC--T-T-GG-A 647
A-G-T-TG--AG-TA-G--G-Y-G--GA-A-T-T-A-G-A-G--G-T-CA-A--G--T-GCT-AC--TC-G-GG--C-TT-G-T-GTGT-G-GG--C-C-GG-C-T-T-TG--TC--T-T-TC--C 644
TA-----T-G-T-AGCAGAAA--G-G-ACAA--A--CA-A--TTCGGCT--GCT--TAG-G-CA--C--A-TT-A-A-AGCC-T--T-CTCGGT-A--GG-CA-T-CGC-GAAGGA-AG-G--C--TG-- 1347
R F G L A E S L L E N K E G C O 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 K V K H T E
CA-----G-T-GGCAGAGA--G-GT-AA--G-T-CCA-A--T-TAC-GTTT--G-T--TAG-A-C--G--A-TT-A-A-AGCC-T--T-CTCGGT-A-T-GG--A-A--CGC-GAAGAGA-AG-G--T-TG-A 842
GA-----T-G-T-GGCAGAGA--G-G-T-AA--A-CC-GA--T-G-AA-GTCT--GG--TAG-A-CA--T--A-TT-A-A-AGTC-T--C-CTCGGT-A-T-GG--T-CC--CGC-GAAGAGA-AG-G--T-TG-- 1374
CA-----G-T-AGCAGAGA--G-T-AA--T-CCA-A--T-TTC-GTAT--GCT--TAG-A-CA--T--A-TT-A-AGAGCC-T--T-CTCGGT-A-T-GG--T-CC--CGC-GAAGAGA-AG-G--C-T-TG-A 760
TA-----T-G-T-AGCAGAGA--G-G-CAA--A-CA-A--TT-ATCGGT-T-GCT--TAG--CA--T--A-TT-A-AGAGCC-T--T-CTCGGT-A-T-GG--T-CC--CGC-GAAGAGA-AG-G--C-T-TG-- 865
CA-----T-G-T-AGCAGAAA--G-G-CAA--A-CA-A--TT-ATCGGT-T-GCT--TAG--CA--T--A-TT-A-AGAGCC-T--T-CTCGGT-A-T-GG--T-CC--CGC-GAAGAGA-AG-G--C-T-TG-- 876
-----T-G-C-ATCAGACTC-T-A-G--ATAAG-G--CCA-A-G-CT-A-AGGTCA-TGTT--TGGAG-A--G-C-GTCT-A-A--CC-C-T-GGATT--TT-GTTT-G-GG--A-GC-GATG-TACAG-G--AG-- 433
-----T-G-C-ATCAGACTC-T-A-G--ATAAG-G--CCA-A-G-CT-A-AGGTCA-TATC--TGGAG-A--G-C-GTCT-A-A--CC-C-T-GGATT--TT-GT-T-A-GG--A-GC-GATG-TACAG-G--AG-- 448
-----T-G-C-ATCAGACTC-T-A-G--ATAAG-G--CCA-A-G-CT-A-AGGTCA-TGTT--TGGAG-A--G-C-GTCT-A-A--CC-C-T-GGATT--TT-GT-T-A-GG--A-GC-GATG-TACAG-G--AG-- 433
C-C-GT-TTT-A-TATT-AG--A-GT-G-AC--AGTGGCT--T-A-A-A-G-GAGG--T-GGAG-C--G-C-GTCT-A-A--CC-C-T-GGATT--TT-GT-T-A-GG--A-GC-GATG-TACAG-G--AG-- 895
C-C-GT-TTT-A-TATT-AG--A-GT-G-AC--AGTGGCT--T-A-A-A-G-GAGG--T-GGAG-A--G-C-GTCT-A-A--CC-C-T-GGATT--TT-GT-T-A-GG--A-GC-GATG-TACAG-G--AG-- 895
C-GC-TGGC-C-CATA-AGT--A-T--TC-G--AATAGC-GT--T-A-A-A-G-GAGG--T-GGAG-A--G-C-GTCT-A-A--CC-C-T-GGATT--TT-GT-T-A-GG--A-GC-GATG-TACAG-G--AG-- 673
GA-----GCA-C-A-CATC-AGT--C-A-T-T-G-C--AATAG-A-G-T-T-AG-AG-G-G--CTCTG-AGTT--T--TG-G-A--AGCC-T-GGGGA-TGC-CTCGGTATG-T-CT--AG-G-ATGG--CG-G-GC-T-TC-A 907
TA-----GCC-CTCAGAG-CAT--ACAAG-G--A-CAGG-G--T-AACAGC-T-AC--T-TGGAAGCA--CAGT-GA-TT-G-A--TC--GGC-T--CTGTGT-A-T-GG--A-A--CGC-GAAGAGA-AG-G--T-TG-A 930
CA-----T-GCC-GCAG-A-CAT-A--ATAAG--A-CAGG--TT-ACATG-T--G-T-TGGAAGCA--CAGT-GA-TT-G-A--TC--GGC-T--CTGTGT-A-T-GG--A-A--CGC-GAAGAGA-AG-G--T-TG-A 782
CA-----T-GCC-GCAG-A-CAT-A--ATAAG--A-CAGG--TT-ACATG-T--G-T-TGGAAGCA--CAGT-GA-TT-G-A--TC--GGC-T--CTGTGT-A-T-GG--A-A--CGC-GAAGAGA-AG-G--T-TG-A 785
G-T-GCT-AGGAGACAG-C--C-AT--A-CCA-CT-CA-A-AGACT-GCT--TAGAA-CACA--CAGT-GAGT-G-A--AGCC-T-TC-GA-T-GTGTGTG--GG--TGC--CAGG-AT-G--AGG-GC-T-A-G 776
T-----GCC-AC-GAGA-AT-A--GTACG--G-CCA-A--TT-A--GTA-CTTT--TCTAG--CT--G--GA-TT-A-TT-TC-C-T--CTGCTGCTAG-T-GG--C-T-CTG-AG-GA-AG--C--AG-- 492
T-----GCC-AC-GAGA-AT-A--GTACG--G-CCA-A--TT-A--GTA-CTTT--TCTAG--CT--G--GA-TT-A-TT-TC-C-T--CTGCTGCTAG-T-GG--C-T-CTG-AG-GA-AG--C--AG-- 585
T-GGT-AC-GAGAAA-T--AA--CA-A--CA-A-GT-TT-ACC--G-TGGAA-C--C-C-G-G--A-A-G-TC-G--TTGTGCTGCTG-T-A-T-GG--CA-T--CGC-GAAGAGA-AG-G--AG-- 1191
GA-----AT-G-GTCCAC-CT-TC-T--ATCA--G--G--G--T-A-ATTG-CTCT--CTAGAA-CA--G--CT-C-A--TC-C-T-GGA-TC--GT-GTG--A-C--GC-GAC--C-G-GG-G-T-A-G 746
GA-----G-ATCAGAA-T-TC-T--T-TAA--A-CA-A--G-TT-GTGTGCT-GCT--TAG-G-CA--AT-G-C--TCT-C-AGCC-C--GGA-TC--GT-GTG--A-C--GC-GAC--C-G-GG-G-T-A-G 1346
TA-----T-G-T-AGGAG-ACA-T-C--G--G--T-C-AGA--T-T--GTCTGTG--CTATCTCC--C-GA-GA-TT-A-A-G-C-TGTAGGA-T--TGTGTG-G-G--CTGC--TT-G--A-A-G-GC--A-C 295
TA-----T-G-T-AGGAG-ACA-T-C--G--G--T-C-AGA--T-T--GTCTGTG--CTATCTCC--C-GA-GA-TT-A-A-G-C-TGTAGGA-T--TGTGTG-G-G--CTGC--TT-G--A-A-G-GC--A-C 295
TA-----T-GCC-AGGAG-AAA--TC--G--G--G-AGA-G-TT--GTC-GTTGG--T-TATA-CT--C-TA-A-T-G-A-G-TC-GTAGGG--GTGTGT-A-G--CTGT--C-T-G-A-AGAG-C-T-T-AC-- 295
CA-----T-G-T-GGAT-ACAA-C--G--G--G--AGA-C--ATCTGCTGCTG--T-TATA-GCA-T-T-TA-GA-C-A-AGG-C--GTAGGG--TGTGT-A-GC--CTGT--C-T-G-A-AGAG-TC--TC-- 1370
CA-----T-G-T-GGAT-ACAA-C--G--G--G--AGA-C--ATCTGCTGCTG--T-TATA-GCA-T-T-TA-GA-C-A-AGG-C--GTAGGG--TGTGT-A-GC--CTGT--C-T-G-A-AGAG-TC--TC-- 1370
TA-----T-GCC-CTAG-AAA--CC-T--G-CAGC--A-GA-C--C-CT-GTATGTTG--TATA-G-CCA--TA-T-A-A-G-T-GGTAGGG--CTGTGTG-AGCC--CA-CGC-G-A-TT-GAG--AC-A 744
TA-----T-GCC-CTAG-AAA--CC-T--G-CAGC--A-GA-GA-T-TA-CGTA-CTTT--CTAG--CT--G--A-TT-C-GC-G-C-C-CTGCTGCTG-G-A-GG--C-A--GCG-AGAG-AG--C--AG-- 1031
T-----T-GCC-C-GAAAAA-A--TCAG--A-CGAGA--T-TA-CGTA-CTTT--CTAG--CT--G--A-TT-C-GC-G-C-C-CTGCTGCTG-G-A-GG--C-A--GCG-AGAG-AG--C--AG-- 955
CA-----T-GCC-AC-GAGAAAT--GTACG--A-CGA-A--T-TA-CGTA-CTTT--CTAG--CT--G--A-TT-A-TT-GC-G-C-C-CTGCTGCTG-A-T-GG--C-A--GCG-AGAG-AG--C--AG-- 588
TA-----T-G-T-AGCAGAAA--G-G-ACAT--A-CA-ACT--TTCGGCT--GCT--TAG-G-CA--C--A-TT-A-AGAGCC-T--T-CTCGGT-A-GG--C-T--CGC-GAAGAGA-AG-G--C--TG-- 877
TA-----T-G-T-AGCAGAAA--G-G-ACAT--A-CA-ACT--TTCGGCT--GCT--TAG-G-CA--C--A-TT-A-AGAGCC-T--T-CTCGGT-A-GG--C-T--CGC-GAAGAGA-AG-G--C--TG-- 877
-A-G-T-G-C-CTCGACTC--T-G-G--AA--G-A--CA-A-G-CT-A-A-GTT-CAT--TAGAA-CA--G-C--TCT-C-A--C-C-T-GGA-TCAGT-GTG--GG--A-C--GC-GA-G-G--G-GG--AG--C 746
TA-----T-G-C-CTC-GA-TC--T-G--T-AGG-T-G--CA-A-G-C-A-AGGTCA-C-TC--TAGAA-CAG--G-C-GTCC--C-A--C-C-T-GGA-TC--GT-GTG--GG--A-C--GC-GA-G-GC-TG-GG--AG-- 744
G-G--GTC-CTCAG-ACG--CC--G-GCAAG--C-A-CCA-GC--C-A-A-GTAA-CTGC--T-TGGAAG-A--T-GAGC--G-CG-C-A--C-C-T-GGA-TC--GT-GTA--GG--A-C--GC-GAGC--ACAG-G--AG-- 815
CA-----G-C-CTCAGACTC--T--TAAAG--G-CAG-GC--C-A-G-T-A--T--TGAG-C-C--G-C-GTCT--C-A--C-C-T-GGA-TC--GT-GTA--GG--A-C--GC-GA-G-GAGCG-GG--AG-- 774
TA-----T-G-C-ATCAGAC-CT-CC--G-GCAA--A-CA-AG-C--T-AGGTAA-CAT--TCTAGATCA--G-C-GA-C-A--C-C-T-GGA-TC--GT-GTG--GG--A-T--GCTGAG-GACAG-G--AG-- 298
GA-----T-GCC-TCAG-A-C-A-G--CAAG--G-CCA-A--CT-A-AGGT-A-AT--TCTGAA--CC-T-G-T--CT-C-A--C-C-T-GGA-TC--GT-GTG--GG--A-T--GCTGAG--CAG-GG--AG-- 298
-ATC-ATGCA-AG--A-ATGATC--G-TAAG--A-AG--TG-A-A-A-AT--TG--T-TGGAAG--G-A-TC-GA-GT-G-A-AGT-GCTG-C-TCTGTAT-GTTA-T-TG--T-AG--G-CC-TCCAG--G-A--TA-- 1000
GA-----T-GCT-A-G-GA-ACAT--TT-G--GG--A-GA-A--CT-A--GTC-TTTG--TCTGG--C--G--G-GG-A-AGCC-C-T--TTGTGCTGCG-A-T-GG--C-A--GGAAG-GA-AG-G--AG--A 295
GA-----T-GCC-A-G-GA-ACGT--TT-G--T--A-CAGA--TT-A--GTC-GTTG--TCTAG--C--G--G-GG-A-AGCC-C-T--TT-TGCTGCG-A-T-GG--C-A--TGGAG-GA-AG-G--AG-- 295
TAA-----T-GCT-G-G-GA-CATT--G--AC--A-GA-A--T-A-GC-TG-TG--TCTAG--C--G--G-GG-A-AGCC-C-T--TTGTGCTGCGTA--G-G--C-A--GGAAG-GA-AG-G--AG-- 506
GA-----T-GCT-G-G-GA-ACIT--GTG--AATCAGA--TA-A--GGTTA-T-TG--TCTAG--C--G-T-G-GCT-A-A--CC-C-T--TTGTGCTGCGTA-T-GG--C--CA-GGAAG-GA-AG-G--T-AG-- 506
T-----TAGCC-TCAG-AAAT--C--G--AAG--GGTGTGA--T-TA-TGTA-C-TT--CTAG--CT--G--GA-TT-TTG-T-C-T--TTGTGCTGCTG-AGC--A-T--CGC-GAA--A-A-G-G--T-AG-- 1311
TA-----T-G-T-AGCAGA-A--G-GT-AA--A-CACA--TT-TC-GTTT--GCT--TAG-A-C--T--A-TT-A-A-AGCC-T--T--GTGCGT-A-T-GG--CA-A--GC-GAAGAGA-AG-G--C--TG-- 443
CA-----T-G-T-AGCAGA-A--G-GTAA--T-CA-A--T-TTCGGTCT--GTG--TAG--CA--T--A-TT-A-AGAGCC-T--T--GTGCGT-A-T-GG--CA-A--GC-GAAGAGA-AG-G--C-T-TG-- 432
CA-----G-T-AGCAGAAA--G-T-CA--T-CA-AG--T-TC-GT-TT-GTT--TAG--CA--T--A-TT-A-AGAGCC-T--T--GTGCGT-A-T-GG--CA-A--GC-GAAGAGA-AG-G--A-T-TG-- 440
CA-----T-G-T-GGCAGAAA--G-GCAA--A-CA-AG--T-AAC-GTAT--GCC--TAA-G-CA--C-G--A-TT-A-AGC-G-T--T-CTGCTAG-T-GG--C--CGC-GAA--GA-AG-G--AG-- 416
CA-----T-G-T-GGCAGAAA--G-GCAA--A-CA-AG--T-A-C-GTA--GCT--TAA-G-CA--C-G--A-TT-A-AGC-G-T--T-CTGCTAG-T-GG--C--CGC-GAA--GA-AG-G--AG-- 787
TA-----T-G-T-AGCAGAAA--G-T-ACAA--A-CCA-A--T-CTCGGTCT--GCC--TAG-A-C--T--A-TT-A-AGAGC--G--T--CTGCGT-A-T-GG--CA-T--CGC-GAAGAGA-AG-G--C-T-TG-- 613
TA-----T-G-T-AGCAGAGA--G--ATAA--T-CA-AG--TA-TTCGGTCT--GCT--TAG-A-C--T--A-TT-A-AGAGCC-T--T--CTGCGT-A-T-GG--CA-T--CGC-GAAGAGA-AG-G--C-T-TG-- 607
TA-----T-G-T-GGCAGAAA--G-GACAA--T-CA-A--T-CTCGGTCT--GCT--TAG-A-C--T--A-TT-A-AGAGCC-T--T--CTGCGT-A-T-GG--CA-T--CGC-GAAGAGA-AG-G--C-T-TG-- 620
CA-----G-T-GGCAGAGA--G-RCAA--T-CA-A-R--T-TTC-GTTT--GCT--TAACA-CA--G--A-TT-A-AGAGCC-C-C--T--CTGCGT-A-Y-GG--CA-T--CGC-GAAGAGA-AG-G--C-T-YG-- 599
CA-----T-G-T-AGCAGAAA--G-GACAA--T-CA-A--T-TTC-GTTT--GCT--TAG--C--T--A-TT-A-AGAGCC-T--T--CTGCGT-A-T-GG--CA-T--CGC-GAAGAGA-AG-G--C-T-TG-- 829
CA-----T-G-T-AGCAGAAA--G-GCAA--T-CA-A--TA-TTC-GTTT--GCT--TAG--C-G-T--A-TT-A-AGAGCC-T--T--CTGCGT-A-T-GG--CA-T--CGC-GAAGAGA-AG-G--C-T-TG-- 1273
CA-----T-G-T-AGCAGAAA--G-T-ACAA--T-CA-A--T-TTCGGTCT--GCT--TAG--C--T--A-TT-A-AGAGCC-T--T--CTGCGT-A-T-GG--CA-T--CGC-GAAGAGA-AG-G--C-T-TG-- 1345
CA-----T-G-T-GGCAGAAA--G-GT-AA--G-CA-A--TA-ACGGTCT--G--TAG-G-CA--T--A-TT-A-AGAGCC-T--T--CTGCGT-A-T-GG--A-C--CGC-GAAGAGA-AG-G--C-T-TG-- 1003
TA-----T-G-C--CAAG-AA--AG--GTG--G-CAGA-G--T--TC-GTGTG--T-TGTA-GCAT-T--TA-GA-C-G-AGG-C--GTAGG--TGTGTG--TGC--TGT--G-C-TCAG--AC-- 1357
CA-----GCC-CTCAGACAG--TC-T--GTAA--T-GA--CA-AAA-ACCA-CTT--TAGAAA-ACAT--A-TT-A-A--T-GGC-T-AC--GTAG--GGGG--C-GC-GAA-A--CG-GG--T-T-GG-AC 729
CA-----GCC-TCGACACAA--CA-G-T-TAA--G-GA--T-CAC-GTC--TT--TAGAAGCT-AT--G--A-TT-A-A-AGCC-T-T-GGC-T-A-TT-GGT-G-A-GGGCC--T-GCC-AA--AG--AG--G--TG--C 1092
GA-----T-GCC-G-G-GAC-C--G-CAA--G-CGTA-G-CA-A-GCCA-TT-CATG-TAGAG-C-AT--G--GGA-AG-TC--T-GGA-TC--GTGTGT--A-C-CA--T-GCTG-T--C-TG-G-T-AG--C 960
A-G-T-GCC-G-G-GAC-C-T-G-G-CAA--G-CGTA-G-CA-A-GCCA-TTCT--G-TAGAA-CA-AT--C--G--A-G--TC-C-T-GGA-TC--GTGTGT--A-C-CA--T-GC-G-T--A--G-G-T-AG--AC 446
G-C-T-GCC-CC-CGAGAAA--G-AA--G--CA-A-G--CA-A-GTAT-GAGC--GCTAGAA-CA--G--A-A-AGTC-G-T--TTGTGCTGCGT-T-GG--A-T--CGC-GAAGAGA-AG-G--C-T-AG-- 1196
G-C--GCC-CC-GAGA-AT-AC--T-GA--A--AGA-G-CA-A-GTA-CT-C-GCTAGAA-CA--G-G-GCT-A-A-AGTC-G-TC--CTTT-GTGGTAT-G-T--C-A--GAT-AG--AG-G--AG--A 725
G-C--GCC-CC-GA-A-GT--G-A--T--A-A-G-CA-A-GTC-TTTT--T-TAGAA-CA--C-G-GCT-A-A-AGTC-G-TC--CTTT-GTGGTAT-G-T--C-A--C-GGAACAGA-AG-G--AG-- 1236
C-C--GCC-CC-GAGAAGT-A-G--GAG--T--A-A-G-CA-A-GT-CTT--CTTAGAA-CA--G-G--G-A-G-AG-AGTC-G--CTG--GTGGTAT-GCT--C-C--GAA-AGA-AG--AG-- 1225
G-C--GCC-CC-GAGA-GT--G-GAG--G--A-A-G-CA-A-GTC-CT-C-CTTAGAA-CA--G-G-GCT-A-A-AGTC-G-TC--CTTT-GTGGTAT-G-T--C-A--GGAACAGA-AG-G--AG-- 1233
GAG--GTGCT-G-T-CAT-ACAGT--G--GTTG-AGA-GC-TA-TC-T--GCT--T-TA-G-CTAG--CC-TA-G--G-A-AGCC-T-GGGGA-TGT-TGTGTG-AGCA--C--G-A-A-TCCATG-T--C-A 1342
GAA--GTGTT-AG-CT-ACAT-AA--C-G-AC--GAC--CA-GA--A-TT-GC--TAG--CAGAT--A--G-G-A-AGCC-T-GGGGA-TGA-TGTGTG-TGCA--T--GC-C-T-TTCTG-CCA-T--C 1348
GAAG--ATGTC-AG--GGGAAAT--A-TCT-GCCA--AGTG-AGA--C-CTGT-AG--TA-GCT--T-TGG-A-CAGA--G--A-AC-A-A--AGTA-T-GGGGA-TGA--AGTGTG--AGCA--CT-AT--A-T-AC--TC-AG--GT--T-TC-A 298

[illegible]

Gag p17 Matrix end_Gag p24 Capsid start		
H18. FR.83. HXB2	CAGGTCAGCCAAATACCTATAGTCAGCAACATCCAGGGGCAATGGTACATCAGGCCATATCACCTAGAACCTTTAAATGCATGGGTAAGTAGTGAAGAGAGAGGCTTTCAGCCGAGAAGTGATACCATCTGTTTTCAGCATTATCAGAAGGAGCCACCCCAAGA	1337
Gag	Q V S C O N Y P I V Q N I Q G Q M V H Q A I S P R T L N A W V K V V E E K A F S P E V I P M F S A L S E G A T P O D	
H10. CM.91. MYP5180	-----AACA-TGCA-----A-----C-----C-----G-----C-----T-----A-----T-----A-----T-----ATG-----G-----TGT-----CT-----	1357
H1N. CM.95. YBF38	A-TA-----TAGG-----T-----C-----C-----CTGCT-----A-----A-----ACC-----AT-----C-----GC-----GA-----G-----C-----T-----G-----GA-----G-----A-----A-----C-----A-----T-----A-----T-----A-----ATG-----C-----G-----G-----A-----G-----CTC-----	901
H1P. CM.96. U14788	GGACAA-----T-----C-----C-----T-----C-----T-----C-----T-----AT-----G-----C-----G-----C-----G-----C-----T-----G-----G-----A-----A-----C-----A-----C-----A-----T-----A-----T-----A-----T-----A-----ATG-----C-----G-----G-----A-----G-----CTC-----	802
CPZ. CD.86. BF1167	-----ACAG-GAG-----C-----T-----TTTTG-TGCTGC-CAA-----GCCAAGG-----C-----A-----T-----C-----T-----T-----AC-----G-----A-----AAA-----T-----AG-----A-----C-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----T-----T-----TT-----	1415
CPZ. TZ.00. TAN1	AGT-GG-----TAG-CTA-----AG-GA-AACTG-TGCA-----AGTTGCAAGG-----C-----T-----T-----C-----C-----C-----GG-----A-----A-----G-----T-----AT-----A-----C-----A-----C-----C-----G-----T-----G-----A-----TT-----	969
GOR. CM.07. SIVgorCP2135con	G-ACA-----T-----G-----C-----T-----AG-G-AGCA-TGCT-----A-----G-----C-----C-----GC-----G-----T-----A-----G-----C-----C-----G-----C-----A-----A-----C-----AT-----A-----C-----C-----T-----CATG-----GT-----T-----TT-----	870
Gag p17 Matrix end_Gag p24 Capsid start		
MAC. US. x.239	GGCAGAG-AGG-----AG-CAA-A-TAGGT-----TA-CTAT-----C-----C-----T-----C-----AT-----AGC-----G-----A-----C-----C-----T-----GA-----G-----A-----AAA-----TG-AG-----AG-G-AGGA-----CAG-----C-----G-----TTG-----CT-----T-----	1606
Gag	G R G G C N Y P V Q I G G N Y V H L P L S P R T L N A W V K L I E E K K F G A E V V P G F O A L S E G C T P Y D	
H2A. SN.86. ST J5P4_27	GG-AA-G-AGG-----C-----CG-CAA-AGTGGC-----GT-C-CTATACC-----GT-C-AC-AGT-----CC-----C-----T-----C-----G-----A-----AAG-----G-AG-----AG-G-AGGA-----CAG-----C-----CTG-----G-----CT-----	1101
H2B. CI.x.EHO	-----GCC-A-----GC-----T-----AG-GCA-A-TAGCT-----CA-TTATTC-----C-----T-----C-----AGC-----CC-----C-----C-----T-----G-----A-----AAG-----G-AG-----AG-G-AGGA-----CAG-----C-----CTG-----G-----CT-----	1618
H2G. CI.92. Abt196	GGCAGAG-AGG-----C-----AG-GCA-AGTAGG-----CA-CTAT-----T-----C-----AT-----AGT-----C-----G-----C-----T-----G-----T-----G-----A-----AAG-----G-AG-----AG-G-AGGA-----CAG-----C-----CTG-----CTA-----T-----	1019
H2U. CI.97.071C TNP3	GGCAGA-AGG-----AG-CA-AGTGGGA-----CA-TTAT-----C-----T-----CT-----GAGT-----C-----G-----C-----C-----T-----G-----T-----G-----A-----AAG-----G-AG-----AG-G-AGGA-----CAG-----C-----CTG-----CTA-----T-----	1124
H2U. FR.96. 12034	GGC-G-AGG-----GG-GCA-----TAGGT-----CA-TTAT-CC-----C-TAC-TC-AGT-----AC-----C-----C-----G-----G-----A-----AAG-----G-AG-----AG-G-AGGA-----CAG-----C-----G-----CTG-----G-----CT-----	1135
ASC.UG.10.RT03	GCCTCAG-A-----C-----T-----A-----T-----TAG-----TGCA-----A-GCATCAG-----TT-G-C-A-----TCC-C-GA-----A-C-ACCA-T-G-----AAAA-TTCAG-----AG-TG-C-A-----CCAG-----C-----G-----CTGT-----TA-----CT-----	674
ASC.UG.10.RT08	GCCTCAG-G-----T-----AG-T-----TAG-----TGCA-----A-GCATCAG-----TT-G-C-A-----TCC-C-GA-----A-C-ACCA-T-G-----AAAA-TTCAG-----AG-TG-T-A-----CCAG-----C-----C-----CTGT-----TA-----CT-----	689
ASC.UG.10.RT11	GCCTCAG-G-----T-----A-----T-----TAG-----TGCA-----A-GCATCAG-----TT-G-C-A-----TCC-C-GA-----A-C-ACCA-T-G-----AAAA-TTCAG-----AG-TG-TT-----CAG-----C-----C-----CTGT-----TA-----CT-----	674
COL. CM. x. C0U1	-----TTGG-C-TG-----A-----AACAGGCCCT-----CAAGGCCA-G-----TCAACCTCTGAGCCCC-GGACGTTA-G-GCCTGGGTAAAGTGT-TG-----GGA-GAA-TGCT-----TTCTCT-----GCT-----C-----T-----T-----AT-----TACG-----G-----A-----TAG-----TT-----	1145
COL.UG.10.BWC01	-----TTGG-T-TG-----A-----AA-T-C-CCA-----CAAGG-CCT-CC-----TCAACCT-T-AG-CC-GGACITTA-----GCATGGGT-AAAGTGT-TG-----GGA-GAA-AGCA-CTC-C-TGCC-----CTG-----T-----AT-----AC-----G-----T-----TAG-----TT-----	920
COL.UG.10.BWC07	-----G-----TG-----C-----AACA-----GGG-----CCA-----GG-CCATAG-----TAG-CCCT-AG-CC-GGACITTTG-----GGCATGGGTAAAGTGT-TT-----C-A-GGA-----CTG-CTCCC-TGCT-----A-----CT-----AC-----CAGC-----T-----TAG-----T-----	1163
DEB. CM.04. SIVdeb04CMPF3061	GT-A-A-GGGC-----C-----CC-CAGAC-AGGG-----A-----GTAT-G-----AT-C-TC-AGT-----A-----G-TAG-----AA-T-----A-----T-----C-----G-----A-----AAAG-----TC-----GA-AG-C-TC-T-----CCA-TTC-----G-----G-----CTGT-----T-----	1267
DEB. CM.99. CM40	ACACATCAGTT-----C-----CT-AGAC-GGGG-----CAA-GT-T-G-----AT-C-AT-AGC-----C-----G-TAG-----AA-C-----A-----T-----CT-----G-----A-----AAAG-----TTCT-----GA-AG-T-TC-T-----CA-TC-----GG-----C-----CTGT-----T-----	1107
DEB. CM.99. CM5	A-CAACACGACT-----TT-----A-----CC-AGAC-AGGA-----CA-----TAT-----AT-CT-AGT-----G-T-G-G-----AA-C-----A-----T-----C-----G-----G-----A-----AA-----TTC-----GA-AG-G-----C-----A-----C-----T-----GG-----C-----CTGT-----T-----	1098
DEN. CD. x. CD1 CM0580407	-----CAATCT-----T-----A-----T-----CAG-----CAGT-----A-----TATCAG-----A-----T-----AGTA-C-GGTG-----AA-----A-----T-----AG-----G-----C-----GAAAA-TTCG-----GA-AG-G-----AC-----A-----G-----TCCC-----CG-----C-----GCTG-----TA-----TT-----	1104
DRL. DE.11.D3	GGCAGGTCAG-----C-----TCA-GTGTGT-----AT-----CAA-GGCA-----C-----T-----T-----A-----G-----G-----G-----A-----T-----G-----G-----A-----AAG-----TG-----G-----G-----T-----TG-----CC-----G-----CTG-----T-----AGCT-----T-----	754
DRL. x.x.FAO	GGCAGGTCAG-----C-----TCA-GTGTGT-----AT-----CAA-GGCA-----C-----T-----T-----A-----G-----G-----G-----A-----T-----G-----G-----A-----AAG-----TG-----G-----G-----T-----TG-----CC-----G-----CTG-----T-----AGCT-----T-----	847
GRV.ET.x.GRI 677 gri_1	GGC-AATCAAG-----AG-----AA-TC-G-AT-----AATGCCCTG-----C-----CT-TT-G-----TC-----G-----C-----G-----C-----T-----G-----G-----A-----AAG-----GGG-----AG-----C-----CCA-----C-----C-----G-----TGCT-----T-----CT-----	1450
GSN. CM.99. CN166	GT-A-T-----T-----G-----GA-TAG-----TGC-----A-----GTATCA-----C-----CAATG-----T-----C-----GA-T-----GCA-----G-----G-----A-----AAG-----TGCT-----GACAG-----TG-----G-----C-----T-----G-----TA-----CT-----	1046
GSN. CM.99. CN71	GT-A-T-----T-----G-----C-----T-----TAGA-----TGCT-----A-----GT-TC-----C-----T-----C-----CAACAG-----GTCC-----T-----GA-T-----GCA-----G-----A-----AAG-----TGCT-----GACAG-----TG-----G-----C-----T-----G-----TA-----TT-----	1020
LST. CD.88. SIVhoest447	-----CTAAA-TGGC-----T-----AC-C-CAGAG-A-AT-----CA-AG-TG-----CACAC-AT-G-----AA-----C-----AA-T-----A-----T-----GA-GA-GG-AA-----ACAG-GG-A-----T-----CC-CA-----AA-----TTTG-----G-----T-----	509
LST. CD.88. SIVhoest485	-----AAA-TGGC-----T-----AC-C-CAGAG-A-AT-----CA-AG-TG-----CAC-AT-G-----AA-----C-----AA-T-----A-----T-----GA-GA-GG-AA-----ACAG-GG-A-----T-----CC-CA-----AA-----TTTG-----G-----T-----	509
LST. CD.88. SIVhoest524	-----CA-AA-TA-----TT-----T-----GA-TAGAG-A-AT-----CAAG-TG-----C-----ACCC-----TC-----C-----AA-----TC-----AA-----G-----A-----T-----GA-GA-GG-AA-----ACAG-GG-T-----TC-----CA-----AA-----TTTG-----G-----T-----	503
LST. KE.x.1ho7	-----ACAG-GGG-----T-----CC-GA-AGAG-A-AT-----CA-AG-TG-----ACAC-----TT-----G-----C-----AA-----C-----AA-----G-----A-----G-----T-----GA-GA-GG-AA-----ACAG-G-A-----C-----CA-----AA-----TTTG-----G-----T-----	1345
MAC. US. x.251 1A11	GGCAGAG-AGG-----AG-CAA-A-TAGCT-----TA-CTAT-----C-----C-----T-----AT-----AGC-----C-----T-----C-----T-----G-----A-----G-----A-----AAG-----G-AG-----AG-G-AGGA-----CAG-----C-----G-----TTG-----	1605
MND.1.GA.x.MNDGB1	-----TA-G-----T-----G-----CAAAG-G-TGCAGCA-----A-----GTATCAGT-----ACTC-A-A-AGT-----G-T-A-C-C-GA-----AC-----G-----A-----AAG-GG-AA-G-G-G-C-C-TC-A-C-----C-----GA-----A-----T-----AGT-----T-----	964
MND.2.CM.98.CM16	GGCCCG-TCAA-----T-----A-----CA-ATA-TA-AT-----CA-ACCCCA-----C-----GA-T-----GC-C-GC-G-----G-----TGCA-----AAG-----T-----A-----AG-G-----CAT-----C-----G-----T-----GTG-----CT-----CT-----	1293
MND.2.GA.x.M14	GGCCCG-TCAA-----T-----TCA-ATA-TA-AT-----CAAC-CCA-G-----A-----GA-T-----A-----C-----C-----C-----TGTA-T-G-----A-----AAAG-----T-----A-----AG-G-----T-----CAT-----C-----G-----TG-----CT-----T-----	1217
MND.2.x.x.5440	GTTCG-TCAA-----C-----TCA-GTA-TA-AT-----CAAC-CCA-----GA-T-----A-----C-----G-----C-----TGTA-----G-----AAAG-----T-----A-----AG-G-----T-----ATT-----C-----G-----TG-----T-----GT-----	850
MNE. US. x. MNE827	GGCAAA-AGG-----AG-----CAA-----TAGCT-----TA-CTATACC-----C-TAC-AT-AGC-----G-----A-----G-----A-----AAG-----TG-AG-----G-----G-----C-----C-----C-----CATG-----T-----CT-----	1086
MON. CM.99. L1 99CML1	GTACC-TGG-----C-----G-----AG-CACAGGG-----AGGCT-CCA-----AG-GGAG-----C-GCTCC-C-GA-----C-----G-----CA-T-----G-----A-----AAG-----TGC-----G-----G-----C-----C-----CATG-----TT-----CT-----	1001
MON. NG. x. NG1	-----AACT-TGCT-----C-----CA-AAG-----CCA-----A-----T-TC-----C-----T-----C-----TAATG-----TC-----GA-----GTC-----A-----G-----A-----AAA-TGCAG-----AG-GG-A-----CA-----C-----G-----A-----A-----TA-----CT-----	987
MUS.1.CM.01.CM1239	GCT-----TGCC-----C-----AG-CA-AAG-----GCA-----A-----GT-CCA-----C-----CAATG-----TA-----AA-----GTC-----A-----G-----G-----A-----AAA-TGCTG-----TG-GG-A-----CAG-----GG-----G-----G-----A-----TA-----CT-----	985
MUS.1.CM.01.SIVmus_01CM1085	ACCAAGT-----G-----AG-CA-AAG-CAGCA-----A-----GTATCAG-----T-TC-TAGC-----GCTA-----AA-C-----TC-AC-----G-----A-----AAA-TGC-----AG-GG-----C-----CCAG-----CC-----TG-----T-----CT-----	1068
MUS.2.CM.01.CM1246	GCAG-----C-----AG-GA-TAG-CAGCT-----A-----ACCTATCA-----T-----C-CAGC-----C-----T-----GA-C-----GTCAC-A-T-----AAA-TGC-----AG-GG-----TT-----CCA-----C-----TGT-----TT-----	1030
MUS.3.GA.09.09gab0I81	ACAACA-----T-----G-----A-----TA-TAGA-CA-CAA-T-----GT-TCAG-----C-----GA-----C-----TTA-----GAGT-----GCAC-----G-----AAA-TGC-----AG-GG-----T-----CAG-----C-----A-----G-----CT-----T-----TT-----	566
MUS.3.GA.11.11gabPts02	GCCAG-----TT-----C-----GG-CA-TAGAGCAGCTA-T-----TATCAG-----AC-C-CA-----GTGC-----AAGT-----T-CACCA-----AAAG-----GC-----GACAG-GG-TC-T-----CAG-----CC-----G-----TTA-TAG-----TT-----	578
OLC. CI.97.97C12	-----CAGTT-GCCATG-----A-----CAGCA-TGCT-----AATCT-T-AG-----GT-C-GC-GG-TA-----CC-GC-AAGT-----C-----T-----G-----C-----G-----G-----T-----AAT-----A-----AG-G-----TC-----A-----T-----G-----TG-----T-----TGCTG-----G-----	1205
RCM. CM.00. SIVag1_08CM312	GGTCAA-AGG-----C-----AACA-TT-AT-----CA-----GCCA-A-----C-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----C-----G-----G-----T-----G-----A-----AAG-----TG-----AG-----G-----C-----T-----G-----TG-----TA-----TT-----	554
RCM. CM.02. SIVrcm_02CM0881	GGCCAA-AGG-----A-----A-ACATCA-AT-----CA-----GCCA-AG-----C-----C-----T-----AC-G-AC-----T-----G-----G-----G-----A-----AAG-----TG-GG-T-----G-----G-----C-----T-----TG-----TA-----TT-----	554
RCM. GA. x. SIVrcmGAB1	GGACAA-AGG-----T-----A-TACT-TA-AT-----CA-----GCCT-AG-----A-----TC-T-----AC-G-----A-----G-----C-----C-----G-----G-----A-----AAA-TCAG-----AGCC-----C-----G-----CTG-----TA-----CT-----	765
RCM. NG. x. NG411	GGACAA-AGG-----A-----AACA-TT-AT-----CA-----GCCT-A-----C-----A-----T-----A-----G-----C-----G-----A-----AAA-TG-AG-----AG-G-T-----G-----C-----G-----CTG-----TA-----CT-----	765
SAB. SN. x. SAB1	GGT-G-TCG-G-----C-----T-----CAGTGT-----AT-----AAT-TG-----C-----C-----AT-G-C-----A-----G-----AC-----T-----T-----GA-T-----A-----AAG-----TG-----G-----AG-----AGC-----C-----G-----T-----T-----TT-----	1603
SHM. CI.79. SIVsmC12	GGCAAG-AGG-----AG-CA-AGTGGGA-----TA-TTACCC-----CTTAC-AT-AGT-----C-----C-----T-----A-----G-----A-----AAG-----G-AG-----AG-G-AGGA-----CA-----C-----CTG-----T-----CT-----	702
SHM. LR.89. SIVsmL181	G-CAGG-AGG-----AG-CA-A-TGGG-----CA-TTAT-----C-----CTT-C-GC-AGC-----C-----G-----AC-----C-----A-----G-----G-----A-----AAG-----TG-GG-----AG-----G-----AGGA-----CAG-----C-----CTG-----T-----GT-----	691
SHM. SL.92. SIVsmSL92A	GGCAG-AGG-----AG-TCAA-AGTAGGA-----CA-TTAT-----C-----C-TAC-TT-AGC-----CC-C-G-G-----A-----T-----G-----C-----G-----A-----AAA-TG-AG-----AG-C-AGGT-----CAG-----C-----TG-----G-----CT-----	699
SHM. SL.92. SIVsmSL92B	-----G-AGG-----C-----T-----AG-GCA-AGTAGGA-----AATA-TTAT-----G-CAGT-----AC-G-C-AC-G-AC-G-C-----C-----G-----A-----AAA-TG-AG-----AG-G-AGGA-----CAG-----C-----CTGT-----A-----CT-----	669
SHM. US.04.G078	GGA-GA-----C-----T-----AG-GCA-AGTAGGA-----AATA-TTAT-----G-CAGT-----AC-G-C-AC-G-AC-G-C-----C-----G-----A-----AAA-TG-AG-----AG-G-AGGA-----CAG-----C-----CTGT-----A-----CT-----	1040
SHM. US.05.D215	GGCAAG-AGG-----AG-CA-AGT-GGT-----CA-TTACCC-----CTT-C-GC-AGT-----A-----G-----G-----T-----GT-----T-----A-----AAA-TG-AG-----AG-G-AGGA-----CAG-----C-----CTG-----T-----T-----	872
SHM. US.06.Ft0	GGCA-G-AGG-----C-----AG-GCA-----GTAGGA-----TA-TTAT-----C-----AC-TC-AGC-----A-----G-----G-----T-----GT-----T-----A-----AAA-TG-GG-----AG-----G-----AGGA-----CAG-----C-----CTG-----GT-----	866
SHM. US.86.CFU212	GGCAAG-AGG-----G-GCA-A-TAGG-----CA-TTAT-----C-----TAC-TT-AGT-----A-----AC-G-----T-----GT-----T-----A-----AAA-TG-AG-----AG-G-AGGA-----CAG-----C-----CTG-----T-----T-----	879
SHM. US. x. H9	GGCA-G-AGG-----AG-GCA-AGTAGGT-----CA-TTAT-----C-----AC-TC-AGC-----A-----G-----G-----T-----GT-----T-----A-----AAA-TG-GG-----AG-----G-----AGGA-----CAG-----C-----CTG-----T-----T-----	858
SHM. US. x. PGM53	GGCAAG-AGG-----AG-GCA-A-TAGGT-----CA-TTACCC-----C-TAC-TT-AGT-----A-----A-----T-----T-----G-----G-----R-----A-----AAA-TG-GG-----G-----AG-G-AGGA-----CA-----GC-----CTG-----T-----CT-----	1088
SHM. US. x. pE680_C676	GGCAAG-AGG-----AG-GCA-A-TAGGT-----CA-TTAT-----C-----TAC-TT-AGT-----A-----A-----T-----T-----G-----G-----R-----A-----AAA-TG-GG-----G-----AG-G-AGGA-----CA-----GC-----CTG-----T-----CT-----	1532
STM. US.89. STM 37 16	GGCAGAG-AGG-----AG-CA-A-TAGGT-----CA-TTAT-----C-----TAC-TT-AGT-----A-----A-----T-----T-----G-----G-----R-----A-----AAA-TG-GG-----G-----AG-G-AGGA-----CA-----GC-----CTG-----T-----CT-----	1604
SUN. GA.98.L14	GGCAGAG-AGG-----TT-----AG-GCA-AGAG-GGGA-----CAAA-TTACA-T-----C-----CT-C-----G-----AG-GC-AA-----G-----GA-G-----G-----GA-GG-AA-----ACAG-GG-A-----G-----T-----ATGAC-----A-----TT-----	1262
SVK. KE. x. KE51	GGC-G-TCAG-----C-----A-TAGA-----CCCA-AAAT-----TG-A-T-----GTA-GGG-CAACA-C-----G-----AA-C-----G-----G-----C-----GA-CAGC-----AAAA-TGATG-CTC-----C-----G-----C-----AC-A-----CCA-ATT-----A-----TTTT-TA-----TT-----	1045
SVK. KE. x. SYK173 COMGNM	-----CACCT-AGG-----C-----T-----AC-GC-CAGA-----TCCT-AAAT-----GTG-A-T-----ACA-GAG-CC-GT-----G-----C-----AA-----GG-G-CT-----GA-CTCC-----AAAA-TGATG-TCGA-AG-----G-----AT-----A-----CAG-----TC-----A-----TTTT-TT-----TT-----	1417
TAL. CM.00.266	GGCCAA-CAGG-----C-----A-AAGA-TGCA-----CA-----GTATCA-----AC-----G-----GCTCG-----GA-----ATGCACTA-----G-----AAAA-TGC-----T-----ACAG-GG-GC-----C-----C-----G-----G-----GTG-----T-----CT-----	1225
TAL. CM.01.8023	GGCCAT-TGGG-----C-----TA-AAGA-TGCA-----CAAA-GTATCAG-----T-----G-----C-----CTCG-----GA-----A-----GCCACTA-----A-----AAAA-TGC-----T-----ACAG-GG-GC-----T-----C-----G-----TG-----T-----	723
TAN.UG.x.SIVgsmTAN1	AGA-----CATGTT-----G-----A-----AC-G-AT-----AAT-TG-----C-----CTC-TT-G-----AC-T-CC-----G-----A-----AAGG-----G-GG-----A-----A-----C-----CC-C-----G-----TG-----TTAAGTT-----	1473
VER. DE. x. AGM3	GGT-G-----T-----T-----AGC-CAA-AC-GGGA-----AATGC-TG-A-----GT-C-T-G-----AC-C-----C-----G-----C-----G-----A-----AAA-G-AG-----A-----AG-G-----CCAG-----T-----GTG-----A-----CT-----	1014
VER. KE. x. 9863	GGT-----T-----T-----T-----AGGCGAA-AC-AGGA-----AATGCCCTG-----GTTC-AC-----C-----C-----A-----G-----G-----A-----AAA-TG-AG-----GA-AG-G-----A-----CCA-----C-----GTGT-----CT-----T-----	1513
VER. KE. x. AGM155	GGC-----TT-----G-----CGC-CAA-C-AGGG-----AATGC-TG-----G-----GTAC-AC-----T-----C-----C-----G-----A-----AAA-TG-GG-----A-----AG-----C-----CA-----C-----CTG-----A-----CT-----	1502
VER. KE. x. TY01 patent	GGC-----T-----G-----ATT-AGGCGAA-AC-AGGA-----AATGCCCTG-----GTTC-AC-----T-----G-----GC-----C-----G-----A-----AAA-TG-GG-----A-----AG-----C-----CA-----C-----CTG-----A-----CT-----	1510
WRC. CI.97.97C14	-----TCT-----G-----ATT-----AG-GC-----AGA-CAGCA-----CAAGGCA-TGGG-----C-----T-----G-----AC-T-CC-----G-----AA-C-----A-----G-----CATA-T-----G-----T-----G-----G-----TG-AG-----ACTG-----T-----AT-----C-----T-----TA-----CA-----G-----ATTAT-----T-----	1541
WRC. CI.98.98C104	-----TCT-----CATG-----AG-T-----AG-CAGCT-----CAAGG-CCTCA-TGGG-----TC-G-T-----A-----CA-C-CA-T-----G-----CATA-----G-----T-----GA-GC-----TG-AG-----TGTT-----T-----AT-----C-----T-----T-----GA-----TA-----TTTTG-----T-----	1559
WRC. CM.05. Pbt_05GM_X02	-----TCAAGT-----ATG-----AG-CC-TAGAGAGACCA-----CAAGG-CCACA-TGGG-----C-----TC-----G-----G-----CA-TC-AA-----CATA-----T-----G-----GA-TG-AG-----TGTT-----T-----AT-----C-----T-----T-----GA-----TA-----ATTGA-----T-----	503

H1B.FR.83.HXB2
Gag
H10.CM.91.MVP5180
H1N.CM.95.YBF30
H1P.CM.06.U14788
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.TZ.00.TAN1
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con

MAC.US.x.239
Gag
H2A.SN.86.ST_JSP4_27
H2B.CI.x.EH0
H2G.CI.92.Abt96
H2U.CI.07.07IC TNP3
H2U.FR.96.12034
ASC.UG.10.RT03
ASC.UG.10.RT08
ASC.UG.10.RT11
COL.CM.x.CGU1

COL.UG.10.BWC01
COL.UG.10.BWC07
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF306
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
DEN.CD.x.CD1 CM0580407
DRL.DE.11.D3
DRL.x.x.FAO
CNY.ET.601.677 and 1

GRV.EF.x.GR1 677_gri_1
GNS.CM.99.CN166
GNS.CM.99.CN71
LST.CD.88.SIVlhoest447
LST.CD.88.SIVlhoest485
LST.CD.88.SIVlhoest524
LST.KE.x.lho7
MAC.US.x.251.a11
MND-1.GA.x.MNDGB1
MND-2.CM.98.CM16
MND-2.GA.x.M14
MND-2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
MON.CM.99.L1.99CML1
MON.WC.x.NC1

```
MUS.NG.x.NG1
MUS-1.CM.01.CM1239
MUS-1.CM.01.SIVmus_01CM108
MUS-2.CM.01.CM1246
MUS-2.CM.01.CM2500
MUS-3.GA.09.09GabOI81
MUS-3.GA.11.11GabPts02
OLC.CI.97.97CI12
RCM.CM.00.SIVagi_00CM312
RCM.CM.02.SIVrcm_02CM8081
RCM.GA.x.SIVrcmGAB1
RCM.NG.x.NG411
```

SAB.SN.x.SAB1
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SIVsmSL92B
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTq
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PGM53

SMM.US.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM 37_16
SUN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
TAN.UG.x.SiVagmTAN1
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.AGM155
VER.KE.x.TY01 patent
WRC.CI.97.97CI14
WRC.CI.98.98CI04
WRC.GM.05.Pbt 05GM X02

[illegible]

[illegible]

H1B.FR.83.HXB2
Gag
H10.CM.91.MVP5180
H1N.CM.95.YBF30
H1P.CM.06.U14788
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.TZ.00.TAN1
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con

MAC.US.x.239
Gag
H2A.SN.86.ST_JSP4_27
H2B.CI.x.EH0
H2C.CI.92.Abt96
H2D.CI.97.071C TNP3
H2E.CI.96.12654
ASC.UG.10.RT03
ASC.UG.10.RT08
ASC.UG.10.RT11
COL.CM.x.CG01
COL.UG.10.BWC01
COL.UG.10.BWC07
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
DEB.CM.x.CD1 C05M80407
DRL.DC.FD.11.D03
DRL.x.FA0
GRV.ET.x.GRI 677 gri_1
GSN.CM.99.CN166
GSN.CM.99.CN71
LST.CD.88.SIVrhoest447
LST.CD.88.SIVrhoest485
LST.CD.88.SIVrhoest524
LST.KE.x.lho7
MAC.US.x.251 JA11
MND.1.GA.x.MNDGB1
MND.2.CM.98.CM16
MND.2.GA.x.M14
MND.2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
MON.CM.99.L1 99CML1
MON.NG.x.NG1
MUS.1.CM.01.CM1239
MUS.2.CM.01.SIVmus 01CM108
MUS.2.CM.01.CM1246
MUS.2.CM.01.CM2500
MUS.3.GA.09.09gab0181
MUS.3.GA.11.11cBTPs02
RCM.CD.02.CI2
RCM.CM.00.SIVgri 00CM31
RCM.CD.02.SIVrc 02CM8081
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1
RCM.NG.x.NG411
SAB.SN.x.SAB1
SMM.79.SIVSMCI2
SMM.LR.89.SIVsmL1B1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SIVsmSL92B
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTq
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.PE660 C676
STM.01.STM 37_16
TAN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173_CONGMN
TAL.CM.00.266
TAN.CM.01.8023
TAN.UG.x.SIVgmiTAN1
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.AGM155
VER.KE.x.9701 patent
VER.KE.x.9701.4
WRC.CI.98.98C104
WRC.GM.05.Pbt 05GM X02

[illegible]

[illegible]

[illegible]

Gag-Pol -1 ribosomal slip site																										
Gag p8 Nucleocapsid end										Gag p1 Spacer start					Gag p1 spacer end					Gag p6 start						
-AATG-AC-TGTT- GCCA-A-CC-A-										-C- GGG- CCTTGTCCTATGGG-					AAAG-A- CC-C- CCAT-GCTCA-					-T 2407						
C	G	K	M	D	H	V	M	A	K	P	D	R	Q	A	G	F	L	G	F	R	G	P	W	S	M	
C	C	C	C	C	ATC	GC	A	C	C	A	A	G	G	G	TT	GG	CCAT	GGG	AAAG	A	CC	C	C	CGT	GC	CA
C	C	C	C	C	ATC	TC	A	A	C	C	A	A	G	G	TT	GG	CCAT	GGG	AAAG	A	CC	C	C	CGT	GC	CA
G	C	C	C	C	ATT	GCCA	A	C	A	A	G	G	G	G	TT	GG	CCAT	GGG	AAAG	A	CC	C	C	CGT	GC	CA
C	C	C	C	C	ATC	GCCA	A	C	A	A	G	G	G	G	TT	GG	CCAT	GGG	AAAG	A	CC	C	C	CGT	GC	CA
A	C	C	C	C	ATC	GCTAGC	C	C	A	A	G	G	G	G	TT	GG	CCAT	GGG	AAAG	A	CC	C	C	CGT	GC	CA
C	GA	G	C	TATGGCA	G	C	G	GA	GCTCTCTCA	C	C	A	G	G	TT	GG	CCAT	GGG	AAAG	A	CC	C	C	CGT	GC	CA
C	GA	G	C	TATGGCA	G	C	G	GA	GCTCTCTCT	C	C	A	G	G	TT	GG	CCAT	GGG	AAAG	A	CC	C	C	CGT	GC	CA
C	GA	G	C	TATGGCA	G	C	G	GA	GCTCTCTCT	C	C	A	G	G	TT	GG	CCAT	GGG	AAAG	A	CC	C	C	CGT	GC	CA
CAATC	C	C	C	ATGCAA	G	C	C	C	C	C	A	G	G	G	TT	GG	CCAT	GGG	AAAG	A	CC	C	C	CGT	GC	CA
CC	ACT	G	ATTTCAAGC	C	CAAA	C	C	C	C	C	A	G	G	G	TT	GG	CCAT	GGG	AAAG	A	CC	C	C	CGT	GC	CA
CA	C	ACT	ATTTCAAGC	ACC	C	C	C	C	C	C	A	G	G	G	TT	GG	CCAT	GGG	AAAG	A	CC	C	C	CGT	GC	CA
GC	C	ACT	ATTTCAAGC	ACC	C	C	C	C	C	C	A	G	G	G	TT	GG	CCAT	GGG	AAAG	A	CC	C	C	CGT	GC	CA
T	G	C	AT	GCA	GA	C	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	
CT	T	G	C	AT	GCA	GA	C	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	
GCTTT	AT	TATGT	A	G	A	C	C	C	C	C	A	G	G	G	TT	GG	CCAT	GGG	AAAG	A	CC	C	C	CGT	GC	CA
GCTTT	AT	TATGT	A	G	A	C	C	C	C	C	A	G	G	G	TT	GG	CCAT	GGG	AAAG	A	CC	C	C	CGT	GC	CA
C	C	AAIT	C	TATGGCA	C	C	AG	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	
C	C	A	G	TTT	GC	CCA	A	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	
C	C	C	C	TT	GCT	GCC	A	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	
T	GCA	G	A	TAGGT	TGCTC	A	C	AAAGCCT	C	C	A	G	G	G	TT	GG	CCAT	GGG	AAAG	A	CC	C	C	CGT		

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

H1B.FR.83.HXB2
Pol
H10.CM.91.MVP5180
H1N.CM.95.YBF30
H1P.CM.06.U14788
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.TZ.00.TAN1
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con

MAC.US.x.239
Pol
H2A.SN.86.S5 JS_P4 257
H2B.C1.x.EH0
H2C.C1.92.ABt96
H2D.C1.97.071C TNP3
H2E.C1.FR.96.12034
ASC.UG.10.RT03
ASC.UG.10.RT08
ASC.UG.10.RT11
COL.CM.x.CG01
COL.CM.10.BWC01
COL.CM.10.BWC07
DEB.CM.94.SIVdeb04CMFP3061
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
DRL.CM.C1.CD1 C0580407
DRL.DE.11.023
GRN.x.FA0
GRV.ET.x.GRI 677 gri_1
GSN.CM.99.CN166
GSN.CM.99.CN71
LST.CD.88.SIVthoest447
LST.CD.88.SIVthoest485
LST.CD.88.SIVthoest524
LST.KE.x.tho7
MAC.US.x.251 IA11
MND.-1.GA.x.MNDG81
MND.-2.CM.98.CM16
MND.-2.GA.x.M14
MND.-2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
MON.CM.99.L1 99CML1
MON.NG.x.NG1
MON.-1.UG.01.C1239
MON.-2.CM.9.SIVmus 01CM1081
MUS.-2.CM.01.CM1246
MUS.-2.CM.01.CM2500
MUS.-3.GA.09.9igab0181
MUS.-3.GA.11.01CagP2t502
OL.CM.97.CM12
RCM.CM.00.SIVagi 00CM312
RCM.CM.92.SIVrcm 02CM8081
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1
RCM.NG.x.NG411
SAB.SN.x.SAB1
SMM.-1.UG.97.SIVSM
SMM.LR.89.SIVsmL1B1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SIVsmSL92B
SMM.SL.94.6078
SMM.US.05.0215
SMM.US.06.FtQ
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.PE660.C676
STM.US.89.STM 37 16
SUN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
TAN.UG.x.SIVagTMN1
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.AGM155
VER.KE.x.TY01 patent
WRC.GA.98.97C
WRC.C1.98.98C10A
WRC.GM.05.Pbt 05GM X02

[illegible]

H18. FR. 83. HXB2	AAAAAGAAAAATCAGTAACAGCTAGTGGATGTGGGTGATGCATATTTTCAGTTCCCTTAGATGAAGACTTCAGGAAGTACTGCATTTACCATACCTAGTATAAAACATGAGACACAGGAGTTAGATATCAGTACAATGTGCTCCACAGGGATGAAAGGATCACCA	3020
Pol	K K K K S V T V L D V G D A Y F S V P L D E D F R K Y T A F T I P S I N N E T P G I R Y Q Y N V L P Q G W K G S P	
H10. CM. 91. MVP5180	-GC-A-GGC--T-T-CT-A-A-A-A-T-T-GTC-T-CC-T-A-A-C-C-C-T-T-T-G-G--C-AG-A-C-C-G-A-A-G--T--G--3049	
H1N. CM. 95. YBF38	-GC--T--G--TT--A-A-A-T--T--TG--G-CA-T-T-A-A-A-T-C-T--G-G--T--T--C--T--G--T--A-C--G--G--2614	
H1P. CM. 06. U14788	-C-A-GR--G-CA-T-A-A-C-CTGY-T--CC-T-T-A-A-A-T-C-T--G-G--T--C--AC-R-GT-Y-T-G-T-A-C--G--G--2621	
CPZ. CD. 06. BF1167	-G--G--GTCA-T-T-GT--T-G-T--A-C-A-CCC-A-TCAA--A--G-C-T-A-GG-T-T-AA--TGT--CA-A--G--G-T--G-G-T--3128	
CPZ. TZ. 00. TAN1	-G-A-G--TATG-G--A-G-C-C-CA-C-G-C--A--A-A-T-A--C-C-C-T-A-C--AA-T--T-C-T-A-A-T-A-T--G--T--2664	
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con	-G--G--T--T--G-C-T--TTG--CCC-T-T-A-A-A-T-C-A-T--G-G-T--G-A-G--T--T-C-A-T-A--G--T--2556	
MAC. US. x. 239	C--A-GG--AG-A-T--A-A--C-CA-A-TC--A-T-F-C--C--TT--ATCAG--T--CAGAG--A-AAC--CATT-T-G-T-G-T--G--G--3322	
Pol	L A K R K R I T V L D I G D A Y F S I P L D E E F R O 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	
H2A. SN. 86. ST J5P4_27	-C--G--CG-A-T-T-C-A-A-A-G--T-C-CA-A-AC-C-G-T-T-AC--TC--ATCA--CTGA--A-AA--CATA-T-A-CTCA--G--G--2850	
H2B. CI. x. EHO	C-TCA--G--AG-A--A--A-A--C-CACT-G-AC--CC--CA--A--TT-G-AGCAG--T--CAGA--A-AG--TT--A-C-A--G--G--C--3376	
H2G. CI. 92. Abt196	C-G-A--GGAG--A--A-A-G--C-CA-GCA--TC--T--C--CA-A-T-C--TT--ATCAG--CAGA--A-AA--CATC--G-C-A--G-A--G--G--2732	
H2U. CI. 07. 071C TNP3	-C-A--G-AG-A--C-A-A--C-CACT--A--C--CA-A-T-C--TT--ATCAG--CAGA--A-AG--CATC--A-T-A--G-A--G--G--2837	
H2U. FR. 96. 12034	CTG--GAGGA--T-A-A-A-G--C-CA-GCA-C-GC-GTG--C-A--C--T--TT--ATCC-T-T-CAGAG--A-AA--CATC--G-T-G-T-A-C--G--2887	
ASC. UG. 10. RT03	CC--GGC-CAG--TT-CA-G-A-CA-CAAA--C-A-G-A-C-GC-C-G--TCAA--A-C-A--C--TCAG-G--CAT-GG--AGAA--TT-G-A-G--G--G-C-T--2429	
ASC. UG. 10. RT08	CC--GGC-CAG--TT-CA-G-CA-TAAA--C-A-G-C-GC-C-G--TCAA--A-A--C--G--TCAG--CAT-GG--AGAA--TT-G--G--G--G-C-T--2453	
ASC. UG. 10. RT11	CC--GC-CAG--TT-CA-G-A-CA-CAAG--C-A-G-C-GC-C-G--CAAG--GA--C-A--C--CTCAG-G--CAT-GG--AGAA--TT-G--G--G--G-C-T--2438	
COL. CM. x. C0U1	T-G-A-G-CGATA--T-A-A-A-A--C--C--CCG-T-ATCAAC--C-A-T--A-C--ATCAG-G--TT-G--G--G--G-T--2795	
COL. UG. 10. BWC01	T-G--GAATA-T--T-A-A-T-G--C-CA-A-C--CCC-T-ATCAAC--C-A--A--TCGG-G--TTAT--C-C-G-ATA--A-A-G-C--G--C-2594	
COL. UG. 10. BWC07	-TG--GAACA-T--T-A-CA-A-G--C-C-T--AC-G-CC-A-ATCA--C-A--AG-C-ATCAG--T-CAT-T-T-ACAA--GT--G-C-G-G-A-C--G--2822	
DEB. CM. 04. SIVdeb04CMPF3061	-C--G--GGCAGA--TT--CA-A-CA--C-A--TA-A-A--CC-TC--TGCTC--G--T--ATCAG-T-T-CACAG-C-T-AGAG--G-G-T-GG--G-A--G--GT-C--3010	
DEB. CM. 99. CM40	C-C-A-TGG--CAGA-C-T-CT-A-C-T-CA--C-A--A-AG-AC--CCC-ACA--TGCA--A-C-A--C-AG--ATC-G-C-T-ATACA--AGAA--G-T-GA-A-G-T--GC-CT--2829	
DEB. CM. 99. CM5	C-C-A-TGG--CAGA-C-T-CT-A-CA--C-A--C-G-G-TGCACGT--A-C-A--C--G--TCGG-G--ACAGA--AGAG--G-T-GA-A-A-T-A-C--GT-C--2823	
DEN. CD. x. C01 CM050407	-C--GG--CACA-C-T-GT-A-CT--AAA--A-AGT-G-T-G--CC--T-TGCAC-A-C-A--AG-G--GTC--AGG--ACAA-G-CATT-T-A-CT-A--A--GT--G--2907	
DRL. DE. 11. D3	-GCATGCC--CAGA-C--C--A--C-C-C-TGC--TC-G-CCG--T-A-C--C--T-ATCGG-G-T-C-GGC--A-C-G--T--C--C--T--2494	
DRL. x. x. FA0	-GCATGCC--CAGA-C-T--A--C--C-C-TGC--TC-G-CCG--T-A-C--C--T-ATCGG-G-T-C-GGC--A-C-G--T--C--C--T--2587	
GRV. ET. x. GRI 677 gri_1	-G-A-G-GCA-A-C--A-A-CA-A-G--C-A--A-A--TGCA-G-A--A-A--A--C--CTCAG--T-ACAGGG--A-G--T--TGT-G-T--T--T--3193	
GSN. CM. 99. CN166	-GC-A--GG-GCAT--TA-A-A-A-AAA--T-A-AGTA-A-AG-GT--A--C--C-T-T-AG--TCAG--T-C-G--C--CTGAA--G--T-A-CT-A-G--T--CG-G--2748	
GSN. CM. 99. CN71	-C-A--G-GCA-A--TA-A-A-A-AAA--C-ACAGT-A-A-GT--A--C--T-AG--TCAG--T-C-G--C--CTGAG--G--T-A-TT-A-T--C--G-T--3321	
LST. CD. 88. SIVLhoest447	-G-ATGC--GCAG--GG-A-A-A-A--C-AGCA--C-G-CC--A-AC-C-A--C-AG--ATC-T-T-CC-GA--GA--T--A-A-C-A--G--GAGT--2288	
LST. CD. 88. SIVLhoest485	-G-ATGC--GCA-A--GG-A-A-A-A--C-AGTA--C-G-CC--AT-AC--C-A--C-AG--ATC-T-T-CC-GA--GA--T--A-A-C-A--G--GAGT--2288	
LST. CD. 88. SIVLhoest524	-G-ATGC--CA-A-T--G-A-A-A-A--C-CAGCA-A-T--CCT-T-A--A-C-A--G-C-T--GTCAC--C-GA--A-AA--T--T-G-A--G--GAGT--2285	
LST. KE. x. lho7	-G-ATGC--CAGA-T--G-A-CA-A-A--C-CAGTA-C-T--CC-A-T-A--A--A--T--TC-C-T--C-AGAG--A-AA--A-AA--T--T-G-A--G--GAGC--T--3372	
MAC. US. x. 251 1A11	C-A-GG-AGGT-T--C-A-A-A--C--C-CA-A-TC--C-CA-A-T-C--TT--ATCAG--T-CAGAG--A-AAC--CATT-T-G-T-G-T-A--G--G--G--3207	
MND. 1. GA. x. MNDGB1	-TGT--AG-A--C-A-A-A-G--C-AGTA-A-TC-G-CC--T-AT--ACCC--C--GG--ATCAG-T-T-C-AG--A-AA--CAT-T-T-T-A-G--G--AGT--2707	
MND. 2. CM. 98. CM16	-C-ATGTG-GCA-A-T--C-A-A-G--C-C-TG-T-G--G-T-A--C--C--T-ATCGG-G-T-C-GGC--A-C-G-C-T--C-A--G--G-C--C--3021	
MND. 2. GA. x. M14	-C-ATGTG--CA-A-C-A-T--T-A-A-A--C--TG-T-G--GAG-T-A--C--C--T-ATCGG-T-C-AGGC--A-C-G-C-T--T--T--G--C--T--2948	
MND. 2. x. x. 5440	-GC-ATGTG-GCA-A-T--T--CA-A-A--C--TG--G--TG--A--T--A--G--C--T-ATCGG-G--CC-GGC--A-C--C--T--C-A--G--C--T--2581	
MNE. US. x. MNE027	C-A-GG--GAGGA--C--C--C-CA-A-TC--C-CA-A-TC--GTGG--CCG--T-A-A-C-G-G-CT--TT--ATCAG--T--CAGA--A-AAC--CATT-T-G--G--G--2790	
MON. CM. 99. 199CML1	-G--TG--CCAT--G-A-G-A-CA--AAG--C-TC-ACAGCA-C-TC-G--G--G--T-A-A-C-G-G-CT--TT--ATCAG--T--CAGA--A-AAC--CATT-T-G--G--G--2726	
MON. NG. x. NG1	-G-C-TGGC-AATA--TA-G-A-CA--AAA--C-T-ACAGCA-C-TC-G--A-T--A--C--C-CT-GC-G-CCAGG--T-CC-GG--CA-GA--G--T-A--G--G--C--2700	
MUS. 1. CM. 01. CM1239	CGG-AC-TG-GCAT--C-A-G-A-A-CAAG--C-T-ACAGC--C-A--CC-CA--A-A-C-A-C-CT-GC-G-CCAGG--T-CC-GG--CA-GA--G--T-A--G--G--C--2710	
MUS. 1. CM. 01. SIVmus_01CM1085	T-G-C-TG-GCAC--T-A-G--A-CAAG--C-T-ACAGT--C-A--CC--T--C-A-C-T-GC-G-CAGG--T-CTT-GG--CA-GA--A-T-A--G--G--T--T--2710	
MUS. 2. CM. 01. CM1246	CCC-A--GGC-CAT--C-TA-G-A-A-CAG--C-T-A-AGT--C-A--CA--A--C-ACCC--C-G-CT-GG-G--CCAG-G--CAT-GG--CT-AA--TC-A-TT--G-T-G--G--C--2808	
MUS. 2. CM. 01. CM2500	CT-A--GGCTCAC--C-A-G-A-CA--CAA--C-T-ACAGTA-C-AC-CT--G-G-T--CCT--C-A-C-CT-AG-T--G--T-CTAGGG--C-A-G-G--A-T--G-C-G-A--G--G--C--2767	
MUS. 3. GA. 09. 09Gab0I81	C-GA--CG-CAT--G-A-G-A-A-AAA--C-A-AGT-A-A--CCC--C--C-T--T-AGCA-T-T-C--TG--CTGA--C-A-T-A-A--G--G--G--C-T--C--2276	
MUS. 3. GA. 11. 11GabPts02	C-G-C-TG--CAT--C-G-C-A-AAG--C-C-A-AGCA-C-T--C-G--A--C-A-C-T-A--ATCG--ACA--CA-AG-G-ATA--T--G-C-C-T-A-G--C--C--T--2297	
OLC. CI. 97. 97C112	-G-A-GGG--CAGA-T--T-A-A-A-A--T--C-TA-A-GC--CC--A-AT--AG-A--A--T-ATCAG--T-T-G--A-AG-G-ATA--T--A-T-A--G--G--2894	
RCM. CM. 00. SIVag1_00CM312	-G-ATGC--GCAGA-T-T-G--CA-A-G-C--CTGC--CT--GCC--A--A--T--T--AGCA--T-C-AGGG--T-C--A--T--T--G--C--C--2291	
RCM. CM. 02. SIVrcm_02CM0801	-ATGT--CAGA--TT--CA-A-G-T--TG--TC--CT--T-A--A--A--AGCA-C-T-C--GG--AG--G--A--T--T--G--T--G--T--G--C--2309	
RCM. GA. x. SIVRCMGAB1	-GC-ATGTG-GAG-A--G--T-A-C-G--T--TG--TTG-GT--GCCT--T-A--A--A--AGCAG--T-C-AGG--AG-G-G--A--T--G--T--G--T--C--2499	
RCM. NG. x. NG411	-C-ATGC--GCCA-T--CT-A-A-T-G--G--TGC--C-T--GCCA--T-A--C--T-C-G--TAGT--T-T-C-AGG--T-C--A--T--T-G-C--G--T--2514	
SAB. SN. x. SAB1	-GC-A-GGG-GCAGA--GT--CA-A-A--C--AGCTGC--T--CC--TCA--A--A--C--C-ATCAG-C-T-AG-GAG--C-A--T--G--C--A--G--C--C--3418	
SMM. CI. 79. SIVsmC12	C-G-A--G-G-AG-A--T-A-CA-A-A--C-AGTA--A--TGG--G-T-AC-A-A--C-GC-T-C--TCAG--C--CAGA--T-AA-G-ATT--G-C-A--A--G--T--2442	
SMM. LR. 89. SIVsmL181	C--GG-G-AG-A-T--GT-A--A--C--TA--A--G--CCG-A--T--C-A--A--C--TT-G--TC-G--T-G--CTGA--A-AA--GT--G-C-A--G--G--T--2401	
SMM. SL. 92. SIVsmSL92A	GC-A-GG-GAG-A-C--T-A--A--T--CA-C-A--G--CCG-A--T--C-A--A--C--TT-G--TC-G--T-G--CTGA--A-AA--GT--G-C-A--G--G--T--2403	
SMM. SL. 92. SIVsmSL92B	GG-A-TGG--AGGA--G-A-A-A-G--C--A--C--CCC-A-T-AC-A-C-A--C--T--ATCAG-G--CC-AGA--A-AG-G-ATT--G-C-G--A--G--T--T--2382	
SMM. SL. 92. SL92B	GG-A-TGG--AGGA--G-A-A-A-G--C--A--C--CCC-A-T-AC-A-C-A--C--T--ATCAG-G--CC-AGA--A-AG-G-ATT--G-C-G--A--G--T--T--2753	
SMM. US. 04. G078	C-A-G-G-AG-A-C--T-A--A--G--CA-A-A--G--G-A--AC--C--C--ATCAG-T--C-CAGA--A-AG-G-GT--A-T-A--A--G--G--2582	
SMM. US. 05. D215	C-A-G-G-AGGA-T--T-A--A--C--CA-A-A--G--GA--T--C--G--ATCAG--CAGA--A-AA--CATT--A-T-A--G--G--T--2576	
SMM. US. 06. FtQ	C-A-G-G-AG-A-T--A--A--G--CA-A-AC-G-CCC-A--AC--A--C--C--ATCAG-T--CAGAG--A-AG--CATC--G-A--G--G--T--2604	
SMM. US. 86. CFU212	C--G--AGGA-T--C--A--G--C-TA-A--G--G--C--C--T-C--C--ATCGG--T-CAGAG--A-AA--ATC--G-T-A--A--G--G--2568	
SMM. US. x. H9	C--G--G-AGGA-C-GT--A--A--C-CA-A-T--A--C-A-C--C--T--ATCGG--CAGA--A-AA--CATC--T-G-AT-A-T-A--G--G--2795	
SMM. US. x. PGM53	C--GG-G-AG-A-C--T--A--C-CA-A-TC--A--C-A-C--T--TT--ATCAG--CAGA--A-AA--CATC--T-G-AT-A-T-A--G--G--3239	
SMM. US. x. pE660_CG76	C--G--GGAGGA-C--T--A--G--C-CA-A-TC--A--C--C--C--TT--ATCAG--T-CAGA--A-AA--CATC--T-G-AT-A-T-A--G--G--3311	
STM. US. 09. STM 37_16	C--GG-G-AG-A-C--T--A--G--C-CA-A-C--G-G-T-AT-A--A--C--A--T--ATCAG--T-CAGA--A-AA--CATC--G-T-G--C--C--AGT--T--2969	
SUN. GA. 98. L14	G-TGT--CAGA-T--G-A--C--C-A-A-A-G-CC--T-AT-A--A--A--A--G--G--C--G--ATCAG--T-C-G--A-AA--GT--T--C-A--G--AGT--T--3377	
SYK. KE. x. KE51	GT-CA--G--A-G--T-A-CT--AAA--C-C-ACA--A-TC--G--AC--A--A--AG-G--C--TCTT-T-AGAG--C--T--G--T-G--A--G--G--G--C--2872	
SYK. KE. x. SYK173_COMGNM	-CG-C--C--A-TA-A--T-AAAA--AC--C--C-G-CA--G-T-CCA--C-G--AG-G--A--C--T--CCT-C-G-AGAA--A-TT-CA--T-A--G--G--C--3214	
TAL. CM. 00. 266	CTC--TG--GCA-A--G-C-A-CA--AAG--C-ACAGCA-C--CCC--TCAC--C-A--C--C--GTC-C-G--T-GG--A-GA--A-T--G--A--C-A--G--T--G--2989	
TAL. CM. 01. 8023	C-C--G--G--G--CTA--A--AAG--C-A-AGCA-C--A--G--C--G--G--G--G--GTC-C-G--T-C--G--GTC-C-G--T-GG--G-C--T--G-A-C-C-A--G--C--2487	
TAN. UG. x. SIVgntAN1	-GA--G--CAGA--C--A-A-A-A--C-A-AGTA-A--A--G--C--C--C--ACAAG--T--TAGGG--T-A--G--A--T--TGT--A-T-A--G--C--3332	
VER. DE. x. AGM3	-TG-CGGA--T--T-A-CA-A-G--C--A--A-A-A--CCC-G-T-A--C--T--T-ATCAG--T-C-AGGG--T-C--G--TGT--A--G--C--T--2745	
VER. KE. x. 9063	-G-A-TG--CAGA--T--T-A-A-A-G--T--A-CA-A-A--CC-G-T-A-A-C-A--A--C--TCAG--T-C-AGG--TG--G--A-T--TGC--A--C--G--T--3250	
VER. KE. x. AGM155	-G-A-TG--GCA-A--CA-TA-A--T--A-AGCA-A-AC-G-CCT--G-T-A-A-C-A--T-C--CGG--GG--C-A--A-TT--TGC-A--G--C--G--C--3242	
VER. KE. x. TY01 patent	G--TG-GAGA--TT-A--A--C--A-CA-A-A--G-C-A-T--T--A--T--T--C-CAG-G-T-C--GG--C--G--A--T--CTGT--C-G-A--G--T--3247	
WRC. CI. 97. 97C114	G--T--GACA--TT--G-A-A--G--C--CA-TA-A--G--CA-AT--C-A--A--T--AG--ATCAG--T--T--T--AG--GTA--T-A--G--T--T--3320	
WRC. CI. 98. 98C104	G--T--TAATA-TT--G-T-A-A-G--C--C-CA-C-AC--CCC--AT--C--A--T--TG--ATCAG--T--AT-T-T--AG--GTC--T-A--G--T-A--G--G--T--3335	
WRC. GM. 05. Pbt_05GM_X02	-T--G-AATA--T--T-A-A-A--A--TTA-C-A--CC--A-AT--AC--C-A--A--AG--TC--T--A--T-CC--GTA-T--A-C--T-A--G--T--T--2249	

H18. FR.83.HXB2
Pol
H10. CM.91.MVP5180
H1N. CM.95.YBF38
H1R. CM.96.U14788
CPZ. CD.86.BF1167
CPZ. TZ.00.TAN1
GOR. CM.97.SIVgorCP2135con

MAC. US. x. 239
Pol
H2A. SN.86.ST J5P4_27
H2B. CI. x. EHO
H2G. CI.92.Abt196
H2U. CI.97.071C TNP3
H2U. FR.96.12834
ASC.UG.10.RT03
ASC.UG.10.RT08
ASC.UG.10.RT11
COL. CM. x. C0U1
COL.UG.10.BWC01
COL.UG.10.BWC07
DEB. CM.04.SIVdeb04CMPF3061
DEB. CM.99.CM40
DEB. CM.99.CM5
DEN. CD. x. C01 CM0580407
DRL. DE.11.D3
DRL. x. x. FA0
GRV. ET. x. GRI 677 gri_1
GSN. CM.99. C1166
GSN. CM.99. C1171
LST. CD.88.SIVhoest447
LST. CD.88.SIVhoest485
LST. CD.88.SIVhoest524
LST. KE. x. l1h07
MAC. US. x. 251 1a11
MND. 1. GA. x. MNDGB1
MND. 2. CM.98. CM16
MND. 2. GA. x. M14
MND. 2. x. x. 5440
MNE. US. x. MNE027
MON. CM.99.11.99CML1
MON. NG. x. NG1
MUS. 1. CM.01. CM1239
MUS. 1. CM.01. SIVmus 01CM1085
MUS. 2. CM.01. CM1246
MUS. 2. CM.01. CM2500
MUS. 3. GA.99.09gab0181
MUS. 3. GA.11.11gabPts02
OLC. CI.97.97C112
RCM. CM.00. SIVag1 00CM312
RCM. CM.02. SIVrcm 02CM0801
RCM. GA. x. SIVRCMGAB1
RCM. NG. x. NG411
SAB. SN. x. SAB1
SHM. CI.79. SIVsmC12
SHM. LR.89. SIVsmL181
SHM. SL.92. SIVsmSL92A
SHM. SL.92. SIVsmSL92B
SHM. SL.92. SL92B
SHM. US.04.G078
SHM. US.05.D215
SHM. US.06.Ft0
SHM. US.86.CFU212
SHM. US. x. H9
SHM. US. x. PGM53
SHM. US. x. pE660 CG76
STM. US.09. STM 37 16
SUN. GA.98. L14
SYK. KE. x. KE51
SYK. KE. x. SYK173_COMGNM
TAL. CM.00.266
TAL. CM.01.8023
TAN.UG. x. SIVgntAN1
VER. DE. x. AGM3
VER. KE. x. 9063
VER. KE. x. AGM155
VER. KE. x. TY01 patent
WRC. CI.97.97C114
WRC. CI.98.98C104
WRC. GM.05. Pbt_05GM_X02

GCAATATTCCAAAGTAGCATGACAAAAATCTTAGAGCCTTTTAGAAAAACAAATCCAGACATAGTTATCTATCAATACATGGATGATTGTATGTAGGACTCTGACTTAGAAATAGGGCAGCATAGAAACAAATAGAGGAGCTGAGACAACTCTGTTGAGGTGGGGACT 3190
A I F Q S S M T K I L E P F R K Q N P D I L V I Y Q Y M D D L Y V G S D L E I G O H R T K I E E L R Q H L L R W G L
-C- -T- G- TCA- -G- TC- -T- A- -C- -G- -AGC- -C- -AG- -AA- -T- -C- -T- -CC- T- G- CAG- A- -AG- GGG- C- ATT- -T- GG- -T- A- ATCA- -GT- 3219
-T- -T- G- -CA- -G- TC- -A- A- C- -G- GA- -C- -G- -A- C- T- C- -G- -CC- C- -G- -A- TY- GCCTT- GTCTG- A- -AG- GGGC- G- -A- C- T- -G- -T- -T- -G- -T- -CT- 2784
-C- -T- Y- GCA- TCA- -T- G- -T- -A- C- -G- -GAT- -C- -G- -GAG- -T- -A- Y- G- R- C- C- ATGTA- -GT- 2902
-C- -TAC- T- -T- -T- A- C- -G- GA- GC- -T- A- -A- G- T- C- -CC- -T- -GAC- GCT- AAA- A- -GA- GTGG- TC- -T- A- -A- C- CT- -AAAGCA- -CT- 3298
-T- -T- G- C- -T- -C- -T- -C- -G- -C- -TG- G- AC- T- C- -T- -C- T- CA- -T- A- TC- TA- TGA- A- G- A- -GA- CTG- -A- A- -G- -G- -A- CA- -T- 2834
-T- -T- GCACTC- -AC- T- T- C- -GA- -C- -A- AA- -G- -C- -T- -G- -A- T- -CCC- ACAG- A- -GCAG- -G- -AA- A- C- GG- -T- A- ATGCA- -T- 2726
-C- -C- -TAC- CT- -G- C- TG- GC- -A- C- C- -G- -GGC- -TG- GACCT- AGTC- -G- -T- -C- A- TAA- -CTAG- -AGGAC- GACCT- G- A- -GAC- GGGT- G- TTTAC- -TCA- AGG- -TCT- -AAT- -CATA- -GT- 3492
P A I F O Y T M R H V L E P F R K A N P D V L T V O Y M D D I L I A S D R D T D L E S H D R V V L Q S K E L L N S I G
-T- -T- GTAC- CA- -GGC- GG- -A- A- C- -C- -GC- -C- -TG- CA- C- -AT- -G- -A- C- TGA- -CCAGC- -AGGAC- GATTATG- A- -GAC- G- GTGG- TCT- C- -A- AGG- -T- -AAATG- CCT- -T- 3020
-T- -T- GTAC- C- -G- -GG- AC- -C- -C- -GCC- -CAAT- -TG- CA- C- -AAT- -G- -A- C- TCTC- -G- C- AG- -AGGACGCACT- G- -GAC- GGGT- G- GTCTC- A- A- A- G- G- TAT- -AAAT- ACAT- -T- 3546
-T- -T- CA- C- -GG- GG- AC- -C- -C- -GCC- -GAG- -TR- A- -YATC- -G- -A- C- TCT- -G- C- AG- -AGCTGATTAG- A- -GATCA- GT- G- TTT- C- A- -AGG- -TCT- -AAAT- AAAR- -GT- 2902
-C- -T- GTA- CT- -G- -G- GC- -C- -G- -GCC- -CGAG- -TG- A- C- -AATC- -G- -T- -A- CCT- -CCAG- -TAG- AGTACGCTAG- -GAC- AGGTGG- CTTAC- -T- A- AGG- -T- -T- -AAATCA- CT- -GT- 3007
A- -T- -T- GTA- CA- -GG- CC- AC- G- -A- -GGC- -GA- -TGCT- C- -AAT- -G- -T- -CA- TCT- A- -CCAG- -TAG- A- TGATTAG- -GATCAGTT- G- TTTAC- -C- AGG- G- TA- -AAT- A- ACA- -T- 3057
A- T- -T- G- AC- CA- -AGG- G- CC- G- GC- A- AGA- C- G- A- T- C- C- -CC- -GAT- -G- -CC- CTTCA- -G- A- TGA- AC- G- ACAG- A- C- G- A- T- G- -C- AA- T- GA- CATC- TC- A- AACAA- -GT- 2599
A- T- -T- G- AC- CAG- AGG- G- CC- G- C- A- AGA- C- G- A- T- C- C- -A- CC- -C- GAT- -G- -CC- CTTCA- -G- A- TGACG- G- ACAG- A- A- T- G- -C- AA- T- GA- CATC- TC- A- AAC- A- -GT- 2623
A- C- -T- G- AC- CA- -AGG- G- CC- G- C- A- AGA- C- G- A- T- C- C- -A- CC- -C- GAT- -G- -CC- CTTCA- -G- A- -GAGAC- -ACAG- -C- G- A- T- G- -C- AA- T- GA- CATC- TC- A- AACAA- -GT- 2608
A- -C- -G- A- CAG- AG- -G- -T- -A- -G- -G- -GGA- A- TTG- -CAA- AGC- -G- -A- C- -T- -G- A- T- -GCC- A- -AAG- A- -G- -G- -C- -G- TGCA- C- -TAC- AT- -GT- 2962
A- -C- -T- GGCA- CAG- AG- -G- T- -A- -AA- -GA- GGGAA- TTG- -CAA- TGCA- -G- -T- -C- T- -G- A- T- -GCC- A- -AAG- A- -G- -G- -C- -T- A- -G- TGCA- AC- CTAT- AT- -GT- 2761
A- C- -T- G- A- CAG- AG- -G- T- -A- -G- -G- -GGG- GGAAGCTA- -CAC- AGCC- -G- -T- -C- A- A- -AG- T- -C- -AAAG- -GCA- G- G- C- AA- -G- T- GACT- TCT- -C- ACAT- AT- -GT- 2989
-T- -T- -CAC- CTG- TCATCGGG- A- -G- AGGA- -G- -G- -G- -T- -G- C- -AGTC- -G- -T- -CC- A- TG- -G- A- -AG- AC- GA- AA- -A- C- -CT- GT- G- CA- AACAA- -C- -T- -CC- AGA- A- -GT- 3180
-C- -T- -T- -GCTTCAG- AGGG- G- CAG- -C- -ATC- -AGG- A- -G- -GC- A- A- -AGTC- -G- -T- -ACTA- -G- A- T- -AGG- A- -AT- A- -CCT- -AG- GG- -CAC- AT- A- -GTTCC- CC- AGA- A- -T- 2999
A- C- -T- -GGCA- CAG- GGC- GGACAG- GA- A- T- -G- -G- -G- -T- -A- -AGTC- -T- -CC- A- TG- -AA- T- -T- AG- TCTCA- -TT- GA- C- GG- -A- AC- -T- GA- TT- -C- AGAAAA- -GT- 2937
A- C- -T- -GGCC- CAGCAGAT- -G- TAGC- AA- -G- GGCC- -T- -TG- GA- T- AATC- -G- -T- -C- C- TG- -C- A- TAG- TCCC- -AA- -C- G- A- TGG- TA- -A- -G- CTTCT- -GCAGTA- -GT- 3077
-C- -C- -GC- CAGCTGAC- -G- -C- -A- C- G- GA- G- -TG- GA- -A- -G- -C- T- -GAG- -TAG- CC- -AGCATTTA- -GAGCAG- TG- TA- -AT- A- -AC- -CT- AAA- TTC- -G- C- 2664
-C- -C- -GC- CAGCTGAC- -G- -C- -A- C- G- GA- G- -TG- GA- -A- -G- -C- T- -AG- -TAG- CC- A- CATTTA- -GAGCAG- TG- TA- A- -AT- A- -AC- -T- AAA- TTC- -G- C- 2757
A- -T- -T- G- A- CGGCAG- -C- T- -GAGA- C- A- GG- C- C- -T- GGT- -AA- -TGTC- -C- -GGT- G- CG- A- -CAT- -TGAGACTAGA- -ATCA- C- GG- -CATAG- A- -A- GATG- -C- AGAAAA- -T- 3363
A- C- C- -T- -AC- TTG- AG- TTTCT- GC- CGA- AGA- -G- T- GG- G- -TG- -AT- AATA- -G- -C- ACTGA- -A- TAGGA- C- G- -AG- A- C- -GCA- GT- GC- CA- AA- A- -A- TTTA- -AACATCC- ATAACA- -T- 2918
GSN. CM.99. C1166
GSN. CM.99. C1171
LST. CD.88.SIVhoest447
LST. CD.88.SIVhoest485
LST. CD.88.SIVhoest524
LST. KE. x. l1h07
MAC. US. x. 251 1a11
MND. 1. GA. x. MNDGB1
MND. 2. CM.98. CM16
MND. 2. GA. x. M14
MND. 2. x. x. 5440
MNE. US. x. MNE027
MON. CM.99.11.99CML1
MON. NG. x. NG1
MUS. 1. CM.01. CM1239
MUS. 1. CM.01. SIVmus 01CM1085
MUS. 2. CM.01. CM1246
MUS. 2. CM.01. CM2500
MUS. 3. GA.99.09gab0181
MUS. 3. GA.11.11gabPts02
OLC. CI.97.97C112
RCM. CM.00. SIVag1 00CM312
RCM. CM.02. SIVrcm 02CM0801
RCM. GA. x. SIVRCMGAB1
RCM. NG. x. NG411
SAB. SN. x. SAB1
SHM. CI.79. SIVsmC12
SHM. LR.89. SIVsmL181
SHM. SL.92. SIVsmSL92A
SHM. SL.92. SIVsmSL92B
SHM. SL.92. SL92B
SHM. US.04.G078
SHM. US.05.D215
SHM. US.06.Ft0
SHM. US.86.CFU212
SHM. US. x. H9
SHM. US. x. PGM53
SHM. US. x. pE660 CG76
STM. US.09. STM 37 16
SUN. GA.98. L14
SYK. KE. x. KE51
SYK. KE. x. SYK173_COMGNM
TAL. CM.00.266
TAL. CM.01.8023
TAN.UG. x. SIVgntAN1
VER. DE. x. AGM3
VER. KE. x. 9063
VER. KE. x. AGM155
VER. KE. x. TY01 patent
WRC. CI.97.97C114
WRC. CI.98.98C104
WRC. GM.05. Pbt_05GM_X02

[illegible]

[illegible]

[illegible]

H1B.FR.83.HXB2
Pol
H10.CM.91.MVP5180
H1N.CM.95.YBF30
H1P.CM.06.U14788
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.TZ.00.TAN1
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con

MAC.US.x.239
 Pol
 H2A.SN.86.ST.J5P4_27
 H2B.CI.x.EH0
 H2C.CI.92.Abt96
 H2D.CI.92.0711 TNP3
 HZU.FR.96.12834
 ASC.UG.10.RT03
 ASC.UG.10.RT08
 ASC.UG.10.RT11
 COL.CM.x.CG01
 COL.CM.10.BWC01
 COL.CM.10.BWC07
 DEB.CM.x.SIVdeb04CMPF3061
 DEB.CM.99.CM40
 DEB.CM.99.CM5
 DENL.CM.x.CD1 CM0580407
 DRL.UG.11.D3
 DR.x.x.FA0
 GRV.ET.x.GRI 677 gri_1
 GSN.CM.99.CN166
 GSN.CM.99.CN71
 LST.CD.88.SIVlthoest447
 LST.CD.88.SIVlthoest485
 LST.CD.88.SIVlthoest487
 LST.CD.88.SIVlthoest524
 LST.KE.x.lho7
 MAC.US.x.251 IA11
 MND.1.GA.x.MNDG61
 MND.2.CM.98.CM16
 MND.2.GA.x.M14
 MND.2.x.x.5440
 MNE.US.x.MNE027
 MON.CM.99.L1 99CML1
 MON.NG.x.NG1
 MON.NG.01.CM1239
 MUS.1.CM.01.SIVmus_01CM108
 MUS.2.CM.01.CM1246
 MUS.2.CM.01.CM2500
 MUS.3.GA.09.09gabD181
 MUS.3.GA.11.11gabPbT502
 Q12
 RCM.CM.00.SIVrmi 00CM312
 RCM.CM.02.SIVlvc 02CM8081
 RCM.GA.x.SIVRCMGAB1
 RCM.NG.x.NG411
 RCM.NG.x.SAB1
 SMM.79.SIVsmC12
 SMM.LR.89.SIVsmLB1
 SMM.SL.92.SIVsmSL92A
 SMM.SL.92.SIVsmSL92B
 SMM.US.04.6078
 SMM.US.05.D215
 SMM.US.06.FTq
 SMM.US.86.CFU212
 SMM.US.x.H9
 SMM.US.x.PGM53
 STM.UG.05.p5660 CG76
 STM.US.89.STM_37_16
 SUN.GA.98.L14
 SYK.KE.x.KE51
 SYK.KE.x.SYK173 CMGNM
 TAN.UG.08.066
 TAN.UG.01.8923
 TAN.UG.x.SIVagmTAN1
 VER.DE.x.AGM3
 VER.KE.x.9063
 VER.KE.x.AGM155
 VER.KE.x.TY7 patent
 WRC.UG.07.97C114
 WRC.UG.98.98IC04
 WRC.GM.05.Pbt 05GM X02

[illegible]

[illegible]

Pol p66 RT, Pol p15 RNase H end, Pol p31 Integrase start	
H18. FR. 83. HXB2	ATTAGTCAGTCTGGAATCAGG.....AAAGTACTATTTTATAGTGGAAATAGATAGCCCAAGATGAACATGAGAAATATCAGAGTAATTTGGAGCAATGGCTAGTATTTTAACTGCCACCTGTAGTAGCAAAAGAAATAGTAGCCAGCTGTGATAAATGTCACG 4362
Pol	L V S A G I R K V L F L D G I D K A Q D E H E K Y H S N W R A M A S D F N L P P V A K E I V A S C D K C Q
H10. CM. 91. MYP5180	---A---CAAA-AC-T-A---G---C---G---A---A---A---T---A---C---GGAT-A---AA---C---G---CA-T-T-T-T---C---C---TA 4391
H1N. CM. 95. YBF38	---T---CT-AA-T-A---G---GT---CC---A---A---T---A---C---G---T---A---C---CA---G---G---TA-YAA-AT---CCC---C---TG 3956
H1P. CM. 96. U14788	---G---YAA-AC-T-A---G---GT---CC---A---A---G---T---A---C---G---R---GG-T---A---G---G---G---TA-YAA-AT---CCC---C---TG 3956
CPZ. CD. 86. BF1167	---A---CAAAAC-T-A---G---T---CC---A---A---T---A---G---TC-T---A---ATGT-A---GA---A---TT-A---C---CA---T---G---CA---TCAA-CA---CA 4470
CPZ. TZ. 00. TAN1	---G---T---AAAAAT-T-A---A---T---CC---G---TA---G---A---G---A---C---T---A---G---TC-T---A---AT-A---GA---A---T---C---A---T---G---TA---TCAG-CCA---CA 4006
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con	---AAA-AT---A---G---CT---CC---A---C---CA---A---G---A---T---A---C---C---G---GGT---C---A---G---C---CA-CAAT---CCC---G---C---TG 3898
Pol RNase H end, Pol p31 Integrase start	
MAC. US. x. 239	CC---T---CAA-G-T-A---C---T---C---G---AAG---GCCA-A---A---T---C---T---GTA-A---A---T---TATTCA-A---GGAT-A---CAGAA---G---C---G---C---G---A---C---T---4661
Pol	H L V S Q G I R 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 L V F K F G L P R I V A R Q I V D T C D K C
H2A. SN. 86. ST J5P4_27	C---A---CAG-C---A---C---T---CC---GAA---ACCC-T-G-G---T---C---GTA-A---C---AT-CCA-A---GGA---T---G---G---CAAT---G---C---AA-CA-CACCC---4189
H2B. CI. x. EHO	CC---G---CCAA---T-A---C---A---C---A---A---ACCA-T-A---A---A---T---A---GTA-A---A---C---A---TCCA-A---GGGA-T---AAT---G---G---CAATTC---C---GT---C---A---4715
H2G. CI. 92. Abt196	TC---A---CAG---T-A---C---G---TT---CC---AAA---ACCT-T-A---A---A---R---T---A---GTA-A---AGT-AA-CCA-A---GG-A-T---AAT---G---C---AATTC-ACC-C-GT---C---A---4071
H2U. CI. 97. 071C TNP3	T---G---CAG---T---C---G---TT---CC---AAA---ACCA-T-G-A---A---C---T---GTA-A---AGC-A-TCCTCA-A---GG-A-T---AGAT---G---C---G---AT-CT---C---4176
H2U. FR. 96. 12034	T---G---CAG---T---C---G---TT---CC---AAA---ACCA-T-G-A---A---C---T---GTA-A---AGC-A-TCCTCA-A---GGTA-A---AAT---C---C---AAT-CT---C---GTT---C---4223
ASC. UG. 10. RT03	---C---A---CAAA---A---G---G---T---G---CC---G---ACA---CCAC-A---G---A---A---GG---T---AC---CA---ACC---TAGAGACAGG---CC-GA-A---G---AT---A---G---CT---AAAGCA-CCCC-G---AG 3768
ASC. UG. 10. RT08	---A---CAAA---A---G---G---T---G---CC---G---ACA---CCAC-A---G---A---A---GG---T---AC---CA---ACC---TAGAGACAGG---CCGAA-A---G---AT---A---G---TT---AAAGCA-CCCC-G---AG 3792
ASC. UG. 10. RT11	---A---CAAA---A---G---G---T---G---CC---G---ACA---CCAC-A---G---A---A---GG---T---AC---CA---ACC---TAGAGACAGG---CC-AA-A---G---AT---A---G---TT---AAAGCA-CCCC-G---AG 3777
COL. CM. x. C0U1	---AAG---A---G---A---G---GGA---AA---ACCA---AG---A---C---C---A---G---T---GT-CAGTATC-AAAGAAC-A---GGT-A---CA---G---TTGG-AA-A---TCAG-G---A 4125
COL. UG. 10. BWC01	---AAG---A---TG---A---C---A---G---GGA---G---AAG---AG---AG---CTA-T---C---GTTCA-TAC---CAAGAG-G---GGAA-A---T---AGT---G---T---G---TTGG-AG-G---CC-C---A 3924
COL. UG. 10. BWC07	---AAG---A---G---A---A---C---A---G---GGA---GAA---AG---AG---G---A---T---CAGC---TC---C---GTTACGATT---AAGGGAGCA-A---GGT-A---G---AA---T---TGG-A---A---CTCAC---A 4152
DEB. CM. 04. SIVdeb04CMPF3061	---T---AAG---T---A---G---A---C---T---C---AA-G---AG---T---G---A---T---C---T---C---CA-CAG-AAGGGAG-G---T---C---CA-CT---T---GC---A---TAATCAA---CCC---AA 4349
DEB. CM. 99. CM40	---T---AAA---A---GGA-C---C---G---AA-GG---GA---G---G---C---A---TG-G---A---CA-T---AAGGA-A---ACC-A---A---TA-ACAA-CCCC---C---A 4168
DEB. CM. 99. CM5	---G---A---AGA---A---G---G---A---G---AG---T---G---T---G---TG-G---A---CA-T---AGGA-A---C---GT-A---TA-CT-A---C---G---G---TA-T---GCA---CCA-G---C---A 4162
DEN. CD. x. CD1 CM0580407	GC---T---AAA-G-A-A---C---A---C---ACA---TCCAC-A---T---A---T---C---T---C---A---AG---CAGGA-A-G-A-GG---A---A---G---T---G---CA-TAATGT---CCA---A 4252
DRL. DE. 11. D3	---T---AGA---A---A---C---GT---C---AAT-G-A-A---G---A---T---T---T---C---T---A---T---CT-A---ACAA-A---GGT-A---GGGA-G---G---G---ACAA-CC---G---AA 3836
DRL. x. x. FA0	---C---T---AGA---A---A---C---GT---CC---AAC-G-A-A---G---A---T---T---T---C---T---A---T---CT-A---ACAA-A---GGTT-A---GGGA-G---G---G---ACAG-CC---C---AA 3929
GRV. ET. x. GRI 677 gri_1	---A---CAAA---A---A---C---GA-C---C---A---A---AG-A---A---A---C---CA-G---C---T---AC---AGT---TACAG-A---GGAT-A---TAA---A---G---G---GCA-CC---C---AA 4535
GSN. CM. 99. CN166	---CAG---C---C---G---T---C---G---AAG---GCCT---AGT-A---C---A---G---T---AGTACC-AGAGA-C-A-AC---AA-C---G---AC-T---G---T---GAA-AA---TCG-G---G---4090
GSN. CM. 99. CN71	---CAG---C---C---G---T---C---G---AAG---GCCT---AGT-A---C---A---G---T---AGTATT-AGGGA-C-A-AC---AA-C---G---AC-T---G---T---AA-AG-CTCC---A 4072
LST. CD. 88. SIVlhoest447	CC---AAA-T-T-ACAAAAAC---G---C---G---AAG---GCCA-A---G---A---GT---AGC---T---A---GCT-A---ATT-A---AAGAAA-A---C---A---A---C---A---G---T---GC---GAAT---T---A---A 3639
LST. CD. 88. SIVlhoest485	CC---AAA-T-T-ACAAAAAC---G---C---G---AAG---GCCA-A---G---A---GT---AGC---T---A---GCT-A---ATC-A---AAGAAA-A---C---A---A---C---A---G---T---GC---GAA---T---A---A 3639
LST. CD. 88. SIVlhoest524	CC---AAA-T-T-ACAAAAAC---G---C---G---AAG---GCCA-A---G---A---GT---AGC---T---A---GCT-A---ATC-A---AAGAAA-A---G---A---GGA-A---C---A---G---T---GC---AATGAG---C---G---A 3636
LST. KE. x. lho7	CC---A---AAA-T-A-ACAGAAAC-G-CA-G-C-G-GAAG-ACCA-TGT-A-G-GA-G-T-T-AC-GCA-AG-ATC-A-AAGAAA-A-G-GGA-A-CA-G-C-C-T-CAATGA---CA-C---AA 4722
MAC. US. x. 251 1A11	CC---T---CAG-G-T-A---C---C---C---G---G---AAG---GCCA-A---G---A---G---T---GTA-A---A---T---TATTCA-A---GGAT-A---CAGAA---G---C---G---C---G---A---C---4660
MND. 1. GA. x. MNDGB1	GC---A---T---A---A---CT---CC---CAAT---ACCA-A---G---A---T---C---GAAGC-A-G-T-AAGAGACA-CC-T-A-G-G-C---C---G---T---GCAA-T---CAG-G---CTGT-4049
MND. 2. CM. 98. CM16	---C---G---CAG-A-G-A---C---G---G---A---C---A---A---G---T---A---G---T---A---G---T---A---ACAA-CTGT-A---AAC-A---G---CAG-CCA-G---AA 4363
MND. 2. GA. x. M14	---A---CAAA---A---C---C---CC-G-A---A---T---G---G---C---C---T---A---T---AAG-CAG-A---G-A-A---C---A---G---T---ACAG-CCCA-G---G---4290
MND. 2. x. x. 5440	---C---A---AAG---A---A---C---G---C---G---AAG---GCCA-A---G---A---C---C---A---G---T---GT-T-CAG-C---A---C---CA-G---G---T---ACAA-CCA---A 3923
MNE. US. x. MNE027	CC---T---CAA-G-T-A---C---C---C---G---AAG---GCCA-A---A---A---T---C---GTA-A---A---T---TATTCA-A---GGAT-A---CAGAC---G---C---G---A---CA---A 4129
MON. CM. 99. 199CML1	CC---GG-CAG---A---C---C---G---A---AAG-T-G-ACCC-AGGG-T-A-G-T-T-A-TACT-AGAGAA-ACC-ACC-A-TA-C-GT-G-CAA-CAT-C---AA 4065
MON. NG. x. NG1	---A---YCAA-G---A---C---G---C---CA-G---GAAC-T-ACCR---G---G---T---A---C---A---TATC-CAGGGA-AC-A-GG-A-T---A-AC-CC---C---G---CAA-CAT-CCCC---CA 2658
MUS. 1. CM. 01. CM1239	---C---G---A---CCA---T---C---G---G---CA-G---GCA---GCCT-AA-G-C---A---G---C---T---AGTATC-CAGGGA-A-G-AC-A-C---G---T---C---G---AA-CTT---CCC---A 4042
MUS. 1. CM. 01. SIVmus_01CM1085	---A---A---AG---C---C---C---CA-G---ACAG---ACCT-AA-G-A---T---A---AGTACC-CAGGGA-A-A-ACC-AA-C---G---T---GT---C---AA-CAT---CCA---C---A 4052
MUS. 2. CM. 01. CM1246	CC---T---CAGG---C---C---G---A---AAG---GCCA-AGT-A-C---G---C---TTC---AGTATC-CAGGGA-A-A-AC---A---A---CA-CA-CT---C---G---AA-AA-CTCAGC---AA 4150
MUS. 2. CM. 01. CM2500	CC---T---AAA-G-C-C---C---G---T---G---A---G---AAG-T-GCCA-AT-A-C-T---TCC---A-TATT-AGGGACA-A-A-TA-A-CA-AC-CT---C---G---AA-AA-CTCAGC---AA 4109
MUS. 3. GA. 09. 09gab0181	---T---CCA-A---A---C---C---T---G---C---G---AAGT---ACCA-AA-G-G-T---C---T---A---TACT-AGGGA-T-ACC-GA-A---G-AC-T-G---AA-AA-CAGC---C-AA 3618
MUS. 3. GA. 11. 11gabPts02	G---T---CAG-G-A---C---GA---G---G---GAAC---GCCA-AGT-A-T---G---C---T---A---TACC-AAAGGACACA-ACC-GA-A-CA-AT-C-G-T---TAA-AA---G---G---AA 3639
OLC. CI. 97. 97C112	---T---AAA---A---ACTAAGG-GA-G-C-AC-GCCA-A-GAGC-CA-T-G-TCAA-GCACA-AGTT-CAGCAA-G-CC-AA-A-TAA-G---AGG---ATGAA---AG---A 4233
RCM. CM. 00. SIVag1_00CM312	---G---CAG-A---T---A---C---T---CC-T---C---A---A---A---T---T---C---T---AGAA---C---GAA-A---TAA---T---G---G---CAA---CC---G---C---G 3633
RCM. CM. 02. SIVrcm_02CM0801	---A---AAA---T---A---C---C---C---C---A---A---T---A---G---A---T---A---T---A---AGAA---C---GA-A---AA---C---CAA---CC---G---6 3651
RCM. GA. x. SIVRCMGAB1	---T---AAA---A---C---G---G---CC---G---A---A---A---A---G---A---G---T---A---T---A---AGAA---C---CAAT---AAA---G---ACAG-CCCA---AG 3841
RCM. NG. x. NG411	---G---CAG---T---A---C---G---C---C---C---G---GA-A---A---G---A---A---T---C---GAGT---AGAA-A-C-AA-A-T-AA-A---CAA-CCC-G---G 3856
SAB. SN. x. SAB1	---C---T---CAA-A---A---C---C---C---C---G---GA-A---A---G---A---A---G---T---C---TGCC---GAGT---CAACAA-A-GG-T-A-TG-A---GGCA-CC---C---A 4761
SMM. CI. 79. SIVsmC12	TC---G---CAA-G-A-A---C---G---C---G---C---T---ACA---ACCA-A-G-A-G---A---T---C---GTC-AGCAGT-A-TGCACA-A-GG-A-A-C-AAT-G-T---C---GAA-C-CAC-C-G---3781
SMM. LR. 89. SIVsmL181	TC---G---T---CAAA---T---A---C---T---C---GAA---ACCA-A---A---G---T---G---T---C---ATA-A-A-T-TGTT-A-A-GG-A-A-AGAT-G---C---G---A---C---C---T---3739
SMM. SL. 92. SIVsmSL92A	TC---T---CAA---A---C---C---C---C---G---AAG---GCCA-A---G---T---G---T---C---ATA-A-C-TCTA-A-A-GGTA-A-CA-AT---T---C---AAT---C---C---3741
SMM. SL. 92. SIVsmSL92B	T---T---CAA---A---C---C---C---G---CC-AA-T-GCCA-A-A-C-C---T---C---GTA-AG-AGT-A-CAGA-A-A---A---C---AAT---T---C---G---AATGCT---A-C---A 3721
SMM. SL. 92. SL92B	T---T---CAA---A---A---C---C---G---G---CC-AA-T-GCCA-A-A-C-C---T---C---GTA-AG-AGT-A-CAGA-A-A---A---C---AAT---T---C---G---AATGCT---A-C---A 4092
SMM. US. 04. G078	TC-G---CAA-G-T---C---CT-G-C---AAAG---GCCA-T-A-G-A---C---C---GTA-AG-A-T-TCTT-A-A-GGGA-A-AGAT-G---C---G---G---AT-C---C---3921
SMM. US. 05. D215	C---G---CAA---A---C---T---C---AAA---ACCA-T-G-G-T-A---C---T---GTA-AG-AGC---TGTT-A-A-GG-A-A---AGAC---GC---A---CA---C---C---3915
SMM. US. 06. Fto	TC---T---CAA---A---C---C---C---C---G---GAA---GCCA-A---A---G---A---G---T---GTA-A-A-C-TGTTC-A-A-GAA-A-CAGAT---C---G---A-T-AT-CT---C---3943
SMM. US. 86. CFU212	CC---T---CAG---A---A---C---T---G---C---AAG---ACCA-T-A-G-A---C---C---GTA-A-AGT-TATTCA-A-GG-A-A---AGAT-G---C---A-T-C---C---C---3907
SMM. US. x. H9	TC---T---CAA-A-T-A---C---C---C---C---AAA---ACCA-G-G-A-G---A---C---T---GTA-A-AA-T-TATTCA-A-RGTT-A-TAGGC---C---A---CA---C---C---4134
SMM. US. x. PGM53	CC-G---T---CAA-T-A---C---C---C---C---AAA---ACCA-A-G-A-G---A---G---C---T---GTA-A-A-T-TATTCA-A-GGTA-A-TAGGC---C---G---A---CA---C---C---4578
SMM. US. x. pE600_CG76	CC-G---T---CAG---T---A---C---C---C---C---AAA---ACCA-A-G-A-G---A---G---C---T---GTA-A-A-T-TATTCA-A-GTT-A-TAGGC---C---G---A---CA---C---C---4650
STM. US. 89. STM_37_16	T---G---A---CAG---T---A---C---C---C---C---AAA---ACCA-T-A-G-A---G---T---C---GT-A-A-AGC-A-TCITCA-G-GG-A-A---AGGC---GC---G---AT-CA---C---G---4308
SUN. GA. 98. L14	C---T---CAG---AAAGAGAC-G-A-G-A---AAG---ACCA-TGT-A---G---G---TC-AC-GCAGCT-TT-CAGGAGATG-G-A-A-C-TA-G---GC-G---CAATGAA---CAC---A 4722
SYK. KE. x. KE51	---A---AAG---T---A---G---C---G---AAG---CCCA-A-A-G-A---G---C---GTAGA-TAC---AAGGCAA-A-C-T-A---CAGACAG---C---CT---AA-TG---CCC---C---A 4217
SYK. KE. x. SYK173 COMGNM	---C---AAA---A---A---A---C---CC-AA---TCCCA-A-A-G-A---T---A---GG---C---TCA-AT-GAGTATC-TAGGCAG-G-C-T-A---CAGACAG---C---TA-CAACAA---CCA---A 4562
TAL. CM. 00. 266	G---A---CAAA---G---A---T---G---ACAG---CCCA-A-A---A---G---C---T---A---G-ATC-TAAGGCAAGA---GT-A-CA-CA---C---G---CT-TA---AAGCA-CCCC---AG 4328
TAL. CM. 01. 8023	GC-G---G---CAA---A---G---A---T---C---ACA---CCCA-A-A-G-A---G---A---GG---C---T---AC---AG-ACC-AAAGGCCAGG---A-A-CA-CA---C---CC-CA---AGGCA-CCCC---G 3826
TAN. UG. x. SIVagmTAN1	GC---A---CAG-G-T-A---C---G---C---CA-G-AG-A---G-ATC---T---C---CA-TTT-AMAGAA-A-C-CGTA-A---G-AC-G---TGCT---CAATGAA---CAC---A 4561
VER. DE. x. AGM3	---C---A---CAA-G-G---A---T---T---AAA---AG-A---G---G---A---GG---C---T---A---GAACT-A-AGACAC-A-GGG-A---AAA-T-G---TG---CCA---A 4084
VER. KE. x. 9063	---A---CAA---A---A---G---T---T---A---GAA---AG-A---T---A---C---G---T---A---AATT-A-AGACACA-GGAT-A---AGA---T---C---G---A-TG---TGCCA-AA 4589
VER. KE. x. AGM155	---A---CAAG-G-T-A---G---A---T---G---CA-T-GCA-G---AG-A---A---T---T---GG---T---C---A---AATC-A-AGACACA-GGAT---AAA---T---G---T---A-TG---CCA---AG 4581
VER. KE. x. TY01 patent	---G---AAA-C-T-A---G---T---T---C---AAA---AG-A---T---A---G---A---G---T---A---C---A-ACC-A-AGA-ACA-A-GGG-T---AAA---G---G---TG---CCA---A 4586
WRC. CI. 97. 97C114	---G---A---G---T---ATCA---A-TA-G-C---AAG---ACACCA-AAT---AAGT---ACT---C---TCAAGG---AG-CT-ACAGAT---A-C-T-T-TAAT-GA---AG-A---AGGAA---AG-CC---C---AG 4649
WRC. CI. 98. 98C104	---A---A---T---ATCA---A-A-G-C---AAAT---AC-CCA-GAT---AAGC---ACT---TCAGGGC---A---T-ACAGAA-A---C-TA-T---AAT---A-T---AG---AAGAA---AG-CC---AG 4674
WRC. GM. 05. Pbt_05GM_X02	---A---A---C-T-ATCT---G---A-G-C---AAAT---ACCCA-AAT---GAGT---ACA---TCAAGG---G-G-T-A-AGGAA-A---C-T---CA-CA-TC-T---AG---AAGAA---C---CC---G 3588

H1B.FR.83.HXB2
Pol
H10.CM.91.MVP5180
H1N.CM.95.YBF30
HIP.CM.06.U14788
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.TZ.00.TANI
GOR.CM.07.SIVqorCP2135con

MAC.US.x.239
 Pol
 H2A.SN.86.ST J5P4_27
 H2B.CI.x.EH0
 H2C.CI.92.ABt96
 H2U.CI.07.07IC TNP3
 H2U.R.96.1204.4
 ASC.UG.10.RT03
 ASC.UG.10.RT08
 COL.UG.10.RT11
 COL.CM.x.CG01
 COL.UG.10.BWC01
 COL.CM.10.BWC07
 DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061
 DEB.CM.99.CM40
 DEB.CM.99.CM5
 DRL.C.x.CD1 CM508407
 DRL.DE.1.D3
 DRL.x.FA0
 GRV.ET.x.GRI 677_gri_1
 GSN.CM.99.CN166
 GSN.CM.99.CN71
 LST.CI.88.SIVlhoest447
 LST.CI.88.SIVlhoest485
 LST.CI.88.SIVlhoest524
 LST.KE.x.lho7
 MAC.US.x.251 I1A11
 MND.1.GA.x.MNDGB1
 MND.2.CM.98.CM16
 MND.2.GA.x.M14
 MND.2.GA.x.S440
 MNE.US.x.MNE027
 MON.CM.99.L1 99CML1
 MON.NG.x.CG1
 MUS.N.CM.01.CM139
 MUS.N.CM.01.CM239 01CM108
 MUS.2.CM.01.CM1246
 MUS.2.CM.01.CM2500
 MUS.3.GA.09.09gab0181
 MUS.3.GA.11.11gabPst02
 Q.CI.07.CM12
 RCM.CM.00.SIVrmi 00CM312
 RCM.CM.02.SIVrmi 02CM8081
 RCM.GA.x.SIVRCMGAB1
 RCM.NG.x.NG411
 SAB.SN.x.SAB01
 SHM.M.78.SIVMLC12
 SHM.LR.89.SIVMLC18
 SHM.SL.92.SIVMSL92A
 SHM.SL.92.SIVMSL92B
 SHM.SL.92.SL92B
 SHM.US.04.G078
 SHM.US.05.0215
 SHM.US.06.FTq
 SHM.US.86.CFU212
 SHM.US.x.H9
 SHM.US.x.PGM53
 SHM.US.x.p6600 CG76
 SHM.US.07.9704
 SUN.GA.98.L14
 SYK.KE.x.KE51
 SYK.KE.x.SYK173_C0MGNM
 TAN.CI.00.066
 TAN.CI.01.0023
 TAN.UG.x.SIVagmTAN1
 VER.DE.x.AGM3
 VER.KE.x.9063
 VER.KE.x.AGM155
 VER.KE.x.TY01 patent
 VER.KE.97.9704
 WRC.CI.98.98IC04
 WRC.GM.05.PBt 05GM X02

[illegible]

[illegible]

H18. FR.83. HXB2
 Pol
 H10. CM.91. MYP5180
 H1N. CM.95. YBF38
 H1P. CM.06. U14788
 CPZ. CD.06. BF1167
 CPZ. TZ.00. TAN1
 GOR. CM.07. SIVgorCP2135con

MAC. US. x. 239
 Pol
 H2A. SN.86. ST JSP4_27
 H2B. CI. x. EHO
 H2G. CI.92. Abt196
 H2U. CI.07.071C TNP3
 H2U. FR.96. 12834
 ASC. UG.10. RT03
 ASC. UG.10. RT08
 ASC. UG.10. RT11
 COL. CM. x. C01
 COL. UG.10. BWC01
 COL. UG.10. BWC07
 DEB. CM.04. SIVdeb04CMPF3061
 DEB. CM.99. CM40
 DEB. CM.99. CM5
 DEN. CD. x. C01 CM050407
 DRL. DE.11. D3
 DRL. x. x. FA0
 GRV. ET. x. GRI 677 gri_1
 GSN. CM.99. CN166
 GSN. CM.99. CN171
 LST. CD.88. SIVhoest447
 LST. CD.88. SIVhoest485
 LST. CD.88. SIVhoest524
 LST. KE. x. lho7
 MAC. US. x. 251 1A11
 MND. 1. GA. x. MNDGB1
 MND. 2. GA. x. CM16
 MND. 2. GA. x. M14
 MND. 2. x. x. 5440
 MNE. US. x. MNE027
 MON. CM.99. 11 99CML1
 MON. NG. x. NG1
 MUS. 1. CM.01. CM1239
 MUS. 1. CM.01. SIVmus 01CM1085
 MUS. 2. CM.01. CM1246
 MUS. 2. CM.01. CM2500
 MUS. 3. GA.09.09gab0181
 MUS. 3. GA.11.11gabPts02
 OLC. CI.97.97C112
 RCM. CM.00. SIVag1 00CM312
 RCM. CM.02. SIVrcm 02CM0801
 RCM. GA. x. SIVRCMGAB1
 RCM. NG. x. NG411
 SAB. SN. x. SAB1
 SHM. CI.79. SIVsmC12
 SHM. LR.89. SIVsmL181
 SHM. SL.92. SIVsmSL92A
 SHM. SL.92. SIVsmSL92B
 SHM. SL.92. SL92B
 SHM. US.04. G078
 SHM. US.05. D215
 SHM. US.06. Fto
 SHM. US.86. CFU212
 SHM. US. x. H9
 SHM. US. x. PGM53
 SHM. US. x. pE660. CG76
 STM. US.09. STM 37 16
 SUN. GA.98. L14
 SYK. KE. x. KE51
 SYK. KE. x. SYK173_COMGNM
 TAL. CM.00. 266
 TAL. CM.01. 8023
 TAN. UG. x. SIVgntAN1
 VER. DE. x. AGM3
 VER. KE. x. 9063
 VER. KE. x. AGM155
 VER. KE. x. TY01 patent
 WRC. CI.97.97C114
 WRC. CI.98. 98C104
 WRC. GM.05. Pbt_05GM_X02

ATTAAGAAAAATTATAGGACAGGTAAAGATCAGGCTGAACATCTTAAAGACAGCAGTACAAATGGCAGTATTATCCACAAATTTTAAAGAAAAAGGGGGGATTGGGGGTCAGTGCAGGGGAAAGATAGACATAATAGCAACAGACATACAACTAAAGAAATTAC 4869
 L K K I I G Q V R D Q A E H L K T A V Q M A V F I H N F K R K G G I G G Y S A G E R I V D I I A T I Q T K E L
 ---ATCT---CAG---G---G---C---A---G---T---A---A---G---T---G---T---C---G---C---A---C---T---G---A---C---A---T---4898
 ---CAT---AA---C---A---A---G---C---T---A---G---T---G---T---C---T---A---C---G---C---T---T---C---G---T---C---R---G---A---C---A---T---4463
 ---A---TT---G---AG---AA---T---A---A---A---T---A---G---GCT---G---A---T---C---C---A---T---T---T---A---C---T---4977
 ---C---AG---A---C---G---C---A---A---G---A---G---G---ATC---G---AT---A---C---C---T---C---A---T---A---T---G---A---C---4513
 ---A---G---CA---A---G---A---A---T---A---G---G---G---TG---A---C---A---C---G---A---GT---C---C---A---A---C---4405
 CC-G-A--TCAA--ATAGAA-C-G-A-A-AA-TTCAG-AG-A-CAT--TT--TCATTG-ATG--GG-A-A-A-A-ATATG-C-C-CA--T-A-TA--G-CA-T--ACA-G-G-TAC--TTTCA--5168
 H L K N Q I D R I R E Q A N S V E T I V L M A V H C M N F K R R R G G I G D M T P A E R L I N M I T T E Q E I O F
 CC-A--TCAG--ACAGAA-T--G--AA-CACAG-AG-A-AT--T--TCATTG-ATG--GG-A-A-A-A-ATATG-C-C-CA--C-A-CA-T--GG-CA-TG--ACAGG--TAC--TTCC-C--4696
 TC-G-A--TCAG--ACAGAA-T--G--AA-TTCAA-AG-A-TT--GTT--ACTCA-TG-ATG--GG-A-A-A-A-ATATG-C-C-CA--C-A-CA-T--GG-CA-TG--ACAGG--TAC--TTCC-C--5222
 TC-G-A--CAA--ATAGAA-C--A--AA-CTCAA-AG-A-CAT--GTT--CATTG-ATG--GG-A-A-A-A-ATATG-C-C-CA--G-T-A-TA--G-A-TA--ACA-G--TAC--TTCA--4683
 TC--G--CAAA--AGAGAA-C--A--AA-TACAA-GG--CAT--C-T--CTCA-TG-ATG--GG-A-A-A-A-ATATG-C-C-CA--CA-TA--G-T-C--ACA-G--TAC--TTCC-C--4730
 ---G--CA--A-CA-AA-C--G-A-TAC-T-CT-AG--GC--C-CC-T-TT--G-A-GG-A-A-A-ATG-CAC-CA--GC-A-A-G-CAC--T-G-CTAC--C--4271
 ---AG--CA--A-CA-AA-C--G-A-TAC-T-CT-AG--GC--C-CC-T-TT--G-A-GG-A-A-A-ATG-CAC-CA--GC-A-A-G-CAT--T-G-CTAC--C--4295
 ---G--G--CA--A-CA-AA-C--G-A-TAC-T-CT-AG--GC--C-CC-T-TT--G-A-GG-A-A-A-ATG-CAC-CA--GC-A-A-G-CAC--AT-G-CTAC--C--4280
 TG-T-A-G-G-AG-TAAGA-AA-G-A--A--ACAT-AG-A-GCAA--GC--C-ATGGC-T--G-A-AT-A-A-A-G-C-T--CA--A-G-GC-AT--T-AT-G-T-AC-A-CC-A--4632
 GA--AG--GG--TAAGA-AA-GGA-A--A--ACCT-GG--GCAA--GC--T-ATGCT-T--G-A-AT-A-A-A-G-C-T--CA--A-G-GCTATT-T-AC--G--AC-A-TA-A--4431
 G-G-G--C--TA-GA-GA-G-A--A--AC-T-AG-A-GCAA--GGC--C-ATGCT-T--G-A-AT-A-A-A-G-C-T--G-CA--A-G-GC-AT--T-AT-G-C-AC-A-TA-A--4659
 ---G-T-CA--CAC-A-T-G-AG-T-AC--GAT-GG-A--GCT--TACTCA-T-TT--GG-A-A-A-A-ATATG-C-C-CA--G-CA-T-G-TAAT--AC-G-TA-T-CC--4856
 TC-AG-T-CC--CAA--AA-C--G-T-A--GAGAT-GG-A--GC--TACC-A--AATT--GG-A-A-A-A-ATATGTC-C-GATA--C-A-G-A--A-G--AC--ACT--4675
 CC--AG--C--CA--AA-T--AG-T-A--AGA-AG-A--GC--CACC--TATT--GG-A-A-A-A-ATATGGCA--ATA--G-C-A--G--AAT--T-GG--AC--ACC--4669
 DEN-CD-x-C01-C-TA-G-AG-T-A-AGAT-AG-A--C-GC--ACCC--T-TT--GG-A-AC-A--ATATG-CA--CA--TACA-TA--GC-AAT--C-TT-G-TAC-C-T--4753
 G--G--C--AA-T--A--A-A-AG--T--C-A-T--A--CA--CA--T--CT-T-CT-CTT--A-TA-C--4343
 GC--C--AA-T--A--A-A-AG--T--C-G-T--A--CA--CA--T--CT-T-CT-T--CA--CA--T--CTT-A-GCA-C--4436
 GC-C-G--C-CTCT-AA--G-TTG--GAGAT-GG--G--TACGCAT--G-A-A-A--TAT-TC-AGT-CA--T-G-TA-T--GC-A--C-G-CTA--TACTC--5042
 ---C-G--CA--CAGCA-AA-C--AG--TCAC-T-CT-AG-A--GC-CA--TGC-A--T-T--G-A-A-A--ATATGT-CC-TACA--G-T--G-TAC--AT-G--AC-C-C--A-4597
 GSN-CM-99-CN171-G-CA--CA-A-A-T--G--TCAC-T-CT-AG-A--GC-CAA--TGC-CA--T-T--G-A-A-A--ATATGT-CC-TACA--G-T--G-TAC--AT-G--AC-C-C--A-4579
 ---C-AC--C--A-AG-C--AG-T-C--AT-A--T-C-T--AC-CA--T-T--CA-GG-A-AC-A--CT-TCAC--CA--GT-TA-TA-T--G-TAATG--T-G--AC-T-T--4146
 GC--C--C--A-AG-T--AG-T-C--AT-A--T-C-T--CA--T-T--CA-GG-A-AC-A--CTTTCAC--CA--GT-TA-TA-T--G-TAATG--T-G--AC-T-T--4146
 T--C--C--A-AGA--AG-T-AC-G-G-A--A--GTT--CCA-T-T--CA-GG-A-AC-G--TATCAC--CA--GTACA-CA-T--G-CAATG--TT-G--C-T-CA--4143
 T--A-GTAA--ATAGA-AA-C-G-A--AA-TTCAA-AG-A-CAT--TT--CCA-T-T--CA-GG-A-AC-A--CTT-CAC--CA--GT-TA-TA-T--G-TAATG--AC--G--AC-T-TC--5230
 TC-G-A--TCAG--ATAGA-AA-C-G-A--AA-TTCAA-AG-A-CAT--TT--CCA-T-T--CA-GG-A-AC-A--ATATG-C-C-CA--T-A-TA--G-CAT--AT-G--AC-A--4616
 TC-C-AC--C--G-A-T--C-A-A-GA-A-AG-A--T--CAC--CAC--T-T--CA-GG-A-AC-A--ATG-CA--A-G--CAAT--AT-G-TA-C-T-TCA--4556
 TC-T-GT--G--AG-A-T-G--A--A-GAGA--G--T--C-T--A--A--C--A--G-T--T--T-T--CA--T-T-CA--4797
 TC-T--G--C--A--A-T-G--A--A--AGG-AG-A--G--GC-A-T--G-A-A--A--C--T-A--A--C--C-T--A-CCA--4430
 G--A--TCAA--ATAGA-AA-C-G-A--AA-TTCAA-AG-A-CAT--TT--G-CAAA--C-G--TTA--G-A-A-A--ATATG-C-C-CA--GT-C-TA--G-CA--ACA-G--TAC--TTCCA--4636
 TC-G-A--CC--TAAGA-AA-C-G--G-T-T-C-CCA--C-G--TTA--G-A-A-A--ATATGGCCCT-TA--C-TA--G-CA--AC--AT-G-CTAC--ACCC-C-A--4572
 ---A-C-AC-CAT--GA-AA-C-G--G-A-T-C-GTTC-CTCT--C-GGC-CAAA-GC-C-A-TA--RG-A-A-A-A-ATAT--C-ATA-G-GT--CA--G-TCAT--TT-G-CTAC--CC-C-A--3165
 G--AG--C--CAGA-AA-C--AG-A-TCACTT-T-AG-A--GC-CA--C--ATG--AG-G-A-A-A-ACCTAGCA-T-CT-G--A-TA-T-GT-CAT--AC-G-CTAC--C-C--4549
 AG--GCC--CACA-AA-C-G--AG--TCACCT-T-GG-A--GC-CAA--C--TTTA--AG-G-A-AG-G-ACCTATCAAAAT-CT-G-G--A-CA--GC-CAC--AC-G-CTAC--C-C--4559
 G--G--CC--TCACA-A--G--AG-A-TAAT-T-AG-A--GC-CAA--C--TTTA--AA--G-A-A-A--ATATG-C-C-CA--GT--TA-T-GC-TAC--AC--G-TAC--C-C--4657
 ---G-G-CC--TAACA-A-C--AG-A-TCC-GT-C-AG--GC-CAA--C--TTTA--AA--G-A-A-A--ATATG-C-C-CA--GT--TA-T-GC-TAT--A-G--AC-A--4616
 GC--C-CAA--CAAGA-A-T--G-A-TAC-GT--GG-A--GC-CAA--CACC-A--TTTG--GG-A-A-G-ACCTATC-C-A--CA-TA-T-G-CAC--AC-G-TAC-T-C-A--4125
 GC-G--T-CA--CTC-A-AA-C--AG-A-TG-T-CT-GG--GC-CAA--C-CT--TTTG--G-A-A-A-ACCTATC-C-TATA--CA-TA-T-GT-CAT--AT-G-TTAC--C-CAC--4146
 G--G-G-AT--GAGAA-C--A--AAC-T-GG-A--T-GGCT--TA-C-T-T--AC-G-A-ACAA--AGGT-CA-TG-CA--GGA-T--A-CA--TAC--T-C--CAA-T--ACA-4737
 G--C--A--G-AA-T--C-A-A-GA-AT-AG-A--T--GC-T--G-C-T--A--A--T--T--GT--A-TA--4140
 GC--A-CT-A-AC-AA--A--A-A-GA-AG--T--GC--G--T--A--A--T--T--T--A-CTA--4158
 ---A-T-C--AC-AA--A--A-A-AT-AG-A--C--GC--T--GG-T--A--A--T--T--T--GC-C-TA--4348
 ---G-T-A--G-AA-T--A--A-A-GT-AG--T--GC--T--G--A--G-A--T--T--T--A-CCA--4363
 G--AG--C--AA-T--G-T-A--AGAT-GG-A--CAT--GCA--T--TC--CA--C-A-CA-T--CAT--AC-G--C--AC-C-T--5267
 TC-G--CCAA--ACAGAA-T--G-A-AA-TTCAA-AG-A-CAT--TG--TGTCATG-ATG--GG-A-A-A-A-ATATG-C-C-CA--TA--G-T-C--ACA-G--TAC--TTCC-C--4288
 TC-G--CCAA--ACA-AA-T-AG-A--AA-TTCAA-AG-A-CAT--TG--ACTCATG-ATG--GG-A-A-A-A-ATATG-C-C-CA--T-G-CA-T-G-CA-C--ACA-G--TAC--TTCA--4346
 TC-C-A--TCAG--ACAGAA-T--G-A-A-TTC--AG--T--TG--TACTCATG-ATG--GG-A-A-A-A-ATATG-C-C-CA--T-A-CA--G-A-G--ACA-G--TAC--TCAT--4248
 TC-T--AC--ATA-AA--G-A-A--GTCAG-AG--CCT--T--C-CATTG-ATG--GG-A-A-A-A-ATATG-C-C-CA--A-T-G-CA-C--AC-G--CC-T-C--A-4228
 TC-T--AC--ATA-AA--G-A-A--GTCAG-AG--CCT--T--C-CATTG-ATG--GG-A-A-A-A-ATATG-C-C-CA--A-T-G-CA-C--AC-G--CC-T-C--A-4599
 ---A--TCAG--AGAGAA-T--G--AA-CTCAG-AG-A--AT--G-TC--TCATTG-ATG--GG-A-A-A-A-ATATG-C-C-CA--T-CA-T-G-TA-C--ACA-G-G-TAC--TTTCA--4428
 CC--CCCAC--ATAG-A-C--A--AA-TTCAA-AG-A-T--TC--ACTCATG-ATG--GG-A-A-A-A-ATATG-C-C-CA--G-C-G-CA--G-A-C--ACA-G--TAC--TTCCA--4422
 C--A-CTCAA--ACAGAA-C--A--AA-CTCAG-AG-A--AT--TC--TCATTG-ATG--GG-A-A-A-A-ATATG-C-C-CA--T-CA-T-G-TA-C--ACA-G--TAC--TTCA--4450
 C-G-A-C-CAA--ACAGAA-T--G-A-AA-TTCAG-AG-A-CAT--T--TCATTG-ATG--GG-A-A-A-A-ATATG-C-C-CA--C-A-TA-T-G-TA-C--ACA-G--TAC--TTCCAG--4414
 SHM-US-x-H9--A-CCAA--ATAGAA-T--A--AA-TTCAA-AG-A-TAT--T--A-TCATG-AT--GG-A-A-A-A-ATATG-C-C-CA--T-CA-T-G-TA-C--ACA-G--TAC--TTCCA--4641
 TC--A-CCAG--ATAGAA-T--A--AA-TTCAA-AG-A-TAT--T--TCATTG-ATG--GG-A-A-A-A-ATATG-C-C-CA--T-CA-T-G-CA-C--ACA-G--TAC--TTCCA--5085
 SHM-US-x-pE660.CG76--A-CCAG--ACAGAA-T--A--AA-CTCAA-AG--TAT--T--TCATTG-ATG--GG-A-A-A-A-ATATG-C-C-CA--T-CA-T-G-CA-C--ACA-G--TAC--TTCCA--5157
 T--CCCAG--ACAGAA-T--A--AA-CACAG-AG-A-T--TC--TCA-TG-ATG--G-A-GG-A-AC-A--ATATG-C-C-CA--T-TA-T-G-CA-C--ACA-G--TAC--TTCA--4815
 ---AG--C--A-CAAGAA-T--AG-T-AC-GG-AT-G-A-T--TC--TC-GCA--T-T--CA-GG-A-AC-A--ATATG-CA--G-GT-TA-TA--G-TAATG--TC-G--AC-T-C--5229
 ---AG--CC-CAAT-AA-T-G-AG-A-TA--AGAT-AG--G--GGC--CACG--TTTA--G-A-A-A--ACT-CAC-CA--T-GTATA-TA--GC-TAT--AC--CTAC--A-TAC--4724
 T--AG-GC--CTC--AA-T--CG-C-TCAC--T-GC-A--GGC--ACC--TTA--G-A-A-A--ATATCAC--A--GTACA-TA-T-GC-TAT--AC--TTAC--C-AATA-5069
 GC-C-G-CA--CAC-AA-T-G--G-A-TAC-T-C-GTCC--GGC-CA--GACT--TTTG--A--G--AT-A-ATATGT-CC--CA--GC-A-TA--G-CTAC--AC--C-C-C--4835
 G-G--G-CA--TCA--AA-T-G--G-A-TGC-GT-C-GTCC--GGC-CA--TACC--T-TT--G--AT-A-ATATGT-C-CA--GC-C-CA--A--G-CTAC--AC--C-ACCC--4333
 ---AG--C--A-A-AA-T--AG-CTG-C-TT-T-GG-A--G--C-T--CTGCA--T-T--G-A-A-A--TATG-C-C-CA--G-GT-TA-TA--G-TAATG--TC-G--AC-T-C--5068
 G--AG--A-T-GA-AA--G-CTG-C-TT-T-GG-A--G--C-T--CTGCA--T-T--G-A-A-A--TA-CAC-G-CA--G-C-A-TA-T-G-TA-T-CAT-G-TTAC--C-CC--4591
 ---C-AG--A-T-A-AA--G-TTG-C-GT--ACAG-A--TT--TGCCA--T--G-A-A-A--TA-CAC-CA--C-A-TA-T-G-A--C-AT-G-CTAC--AC--5096
 ---G-AG--A-T-A-AA--G-CTG-C-TT-T-GG-A--TT--CTGCA--T--G-A-A-A--CTA-CA-T-CA--G-C-A-T-G-A--C-AT-G-TC--CACTC--5088
 ---AG--A-T-GA-AA--G-TTGCC--T-ACAG--TT--TTGCCAT--T--G-A-A-A--AC-G-C-T-CA--G-C-A-TA-T-G--C-AT-G-TAC--C-T--5093
 G--AG--C--ACAGTA-T--AG-T-A-A-AT-AG-A--T--TG--T--T--TCCC-T-CA--T-A-T-G-CA-CT--TC-G--AC--C-ACT--5166
 GC--AG--C--CACAGAA-TC--AG-C-A--A-GT-AG-A--T--GC--C--T--T--G-A--AT-G-A--TCCC--CA--T--A-T-G-CA-G--AC--G--C-TC-AC--5181
 ---AC--A--CA-AGAA--AG-T-A--A-AT-GG-A--T--GCT--A-C-A--T--G-A--AT-G--A--TCCC--CA--T--A-T-G-CA-T--T--G--TC-AC--4095

[illegible]

H1B.FR.83.HXB2
Vif
Pol
H10.CM.91.MVP5180
H1N.CM.95.YBF30
H1P.CM.06.U14788
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.TZ.00.TAN1
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con

ACAC.US.x.239
 Pol
 Vif
 H2A.SN.86.ST.JSP4.27
 H2B.C1.x.EHO
 H2B.C1.x.E20t96
 H2B.C1.x.E20t96 TNP3
 H2C.UG.96.12034
 ASU.FR.96.LR.T03
 ASU.UG.LR.T08
 ASU.UG.LR.RT10
 COL.M.x.CG01
 COL.UG.LR.BWC01
 DEF.CM.04.SV1deb04CMPF3061
 DEF.CM.99.CM40
 DEF.CM.99.CM5
 DRL.CM.CD1.CM0580407
 DRL.DE.11.D3
 DRL.x.x.FA0
 GRV.ET.x.GRI.677 grr_1
 GSN.CM.99.CN166
 GSN.CM.99.CN171
 LST.CD.88.SV1thoest447
 LST.CD.88.SV1thoest485
 LST.CD.88.SV1thoest524
 ST.KE.x.h07
 MAC
 MND.1.GA.x.251.IA11
 MND.2.GA.x.MNDG81
 MND.2.CM.98.CM16
 MND.2.GA.x.M14
 MND.2.x.x.5440
 MNE.US.x.MNE827
 MNC.CM.99.L1.99CM11
 MON.NG.x.NG1
 MUS.1.CM.01.CM1239
 MUS.1.CM.01.SV1mus 01CM1085
 MUS.2.CM.01.CM1246
 MUS.2.CM.01.SV12500
 MUS.3.GA.89.09GABOI181
 MUS.3.GA.11.11GABP2502
 OLC.CI.97.97C112
 RCM.CM.99.SV1agi 00CM312
 RCM.UG.02.SV1wm 02CB0081
 RCM.UG.02.VRCM0281
 RCM.NG.x.NG411
 SAB.SN.x.SAB1
 SHM.CI.79.SV1smCI2
 SHM.LR.89.SV1smT81
 SHM.LR.92.SV1smSL92A
 SHM.LR.92.SV1smSL92B
 SHM.SL.92.SL92B
 SHM.US.04.G078
 SHM.US.05.D215
 SHM.US.06.F11
 SHM.US.86.CUF212
 SHM.US.x.H9
 SHM.US.x.PGM53
 SHM.US.x.PE660.CG7G
 STM.US.98.STM.37.16
 SUN.GA.98.L4
 SYK.KE.x.KE51
 SYK.KE.x.SYK173.COMGNM
 TAL.CM.00.266
 TAL.CM.01.8023
 TAN.UG.02.SV1vgnTAN1
 VER.DE.x.AGM3
 VER.KE.x.9063
 VER.KE.x.AGM155
 VER.KE.x.TY01 patent
 WRC.CM.98.97C114
 WRC.CM.98.98C104
 WRC.GM.05.Pbt.05GM.X02

[illegible]

[illegible]

H1B.FR.83.HXB2	TATTGGGGTCTGCATACA.....GGAGAAAGAGACTGGCAT.....	TT	5282
Vif	Y W G L H T	G E R D W H	L
H10.CM.91.MVP5180	-----AT-AATGC-----G-----GGAA--C-----		5311
H1N.CM.95.YBF38	-----G--AAACA-----G--CAAGTCT-----		4876
H1P.CM.06.U14788	-----G--CATGC-T-----G-----AGAA--A-----		5097
CPZ.CD.06.BF1167	-----C-A-CTGT-----G--A-CT-----		5393
CPZ.TZ.00.TAN1	-----AGCCTGT-----G--CCA-----CTAGGTCATGGC-----		4939
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	-----A-CATGC-----G--AGAA--A-----		4818
MAC.US.x.239	-----CA-T--ACAC-----A--GG--TCAGTACTTATGCA-----		5597
Vif	Y W H L T P	E K G W L S T Y A	
H2A.SN.86.ST JSP4_27	-----C--AAC--AACAC-----A--GA--TCTCTCTCTATTCA-----		5125
H2B.CI.x.EH0	-----C--AAC--ACCC-----G--GA--TCTTGAGTTCTCATGCT-----		5651
H2G.CI.92.Abt96	-----AACT--ACCC-T-----AG--GA--TTAAGCCAGTATGCA-----		5007
H2U.CI.07.071C TNP3	-----AA-T--ACAC-----G--AG--T--TCACCATATGCA-----		5112
H2U.FR.96.12034	-----AA-T--ACAC-----G--AG--TATCTCTTATGCA-----		5158
ASC.UG.10.RT03	ACAGCCATAGAAGTACA-ATA..TTGT-G..TCTGTCAA-TTG-AGAAGTAGGGATCCACCTGGAAACAGAGACACACAAGCCCTTACTATTAGT..TGGACTTACACC..		AG 4769
ASC.UG.10.RT08	ACAGCCATAGAAGTACA-ATA..TTGT-G..CTGTCAA-TTG-AGAAGTAGGAATCCACCTGGAGTAAGAGACACACAAGCTCTTACTATTAGT..TGGACTTACACC..		AG 4793
ASC.UG.10.RT11	ACAGCCATAGAAGTACA-ATA..TTGT-G..CT-TCAA-TTG-AGAAGTAGGGATCCACCTGGAGTAAGAGACACACAAGCCCTCACTATTAGT..TGGACTTACACC..		AG 4778
COL.CM.x.C0U1	-----TGG-CAC-T-AACCC-----T--T--TCATAGGGAAACAGCA-----		5046
COL.UG.10.BWC01	CTG--CA-T-AGGA-----T--T--TCATAGGGAAACAGCA-----		4845
COL.UG.10.BWC07	CTA--CA-T-AAGC-----T--GTTTCATAGGGGAGTGCA-----		5079
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061	-----TC--T-C--AGCG-----A--GA--TTGCCAGGAATGGCA-----		5285
DEB.CM.99.CM40	CTA--T-CT--ACCC-----G--A--GA--TACCACATATGGCA-----		5104
DEB.CM.99.CM5	-----TC--A-C--GC-C-----A--GG--ATGCCCTCTTATGGG-----		5098
DEN.CD.x.CD1 CM0580407	-----CA-T--ACCC-----A--GA--AT-TGTCACAAATGACA-----		A- 5208
DRL.DE.11.D3	CTG--AAC-C-ACCC-----C--A--GG--TTAAGTAAATATGCCATA-----		4772
DRL.x.x.FA0	CTG--AAC-C-ACCC-----C--A--GG--TTAAGTAAATATGCCATA-----		4865
GRV.ET.x.GRI 677 gri_1	-----CACAAC--CACCC-----G--A--TCTCAAGTCATGGA-----		5468
GSN.CM.99.CN166	G-AGCAACATATATAGAGATAAATCTCTAT-G..C-AC-A-T--GGACACAGCTAGCTTATCCCGTCCACCTATTACCAACAGGAGTCAATAGTAATGGGTATACAC..		AG 5180
GSN.CM.99.CN71	G-AGCCACATATAT-GAGATAACCATCTAT-G..C-ACTA-T--GGACACAGCTTATCCCGATCCACCTATCCCAACAGGAGTCAATAGTAATGGGTATACAC..		AG 5082
LST.CD.88.SIVlhoest447	-----GCACACT--GCAG-----G--GA--ATCTCTCAGTGGGCA-----		4563
LST.CD.88.SIVlhoest485	-----GCACACT--GCAG-----G--GA--ATCTCTCAGTGGGCA-----		4563
LST.CD.88.SIVlhoest524	-----GCTCA--GCAG-----G--GA--AT-TCAAGTGGGCA-----		4560
LST.KE.x.lho7	-----GCACA-T--GCAG-----G--GA--ATCTCAATGGGCA-----		5647
MAC.US.x.251 1A11	-----A--CA-T--A-T-----A--GG--TCAGTACTTATGCA-----		5065
MND-1.GA.x.MNDGB1	-----CA-T--A-T-----G--GA--CTTAAGTACTTATGAGTAAGCATA-----		5003
MND-2.CM.98.CM16	CTG--AACT-AACCC-----A--GA--TTATCAACTTATGCC-----		5296
MND-2.GA.x.M14	CTA--AACT-AACCC-----A--GA--TTATCTCAATATGCC-----		5223
MND-2.x.x.5440	-----TG--AACT--ACCC-----A--GG--TGCTCAATAGCC-----		4859
MNE.US.x.MNE027	-----G--AA-T--AACAC-----G--GA--AGTACTTATGCA-----		5108
MON.CM.99.L1 99CML1	G-GATAACAA-TT-TGG-----CTT-ACAAAGCTGTACAGTCTCTCACCAACAGTGTACAACAAAGCCCTACACAATAGAATGGGTTTATGGATGCAAAAGGTGGAACGGGTCCCTTTAGATCCCGTG..		G 5108
MON.NG.x.NG1	G-GATCACA-T-T-TGG-----C-YTAC-AATGTAGGCGCCGCGTCACTATCTCCATCAGTCAAATGGAAGCAAGCATAACATCATAGAATGGGTATATGGAGGACGCCAGGGGTGCCACAGCAAGAGGGAGTAGTAGATCGAGTGTGGTTTCCCTAG		3719
MUS-1.CM.01.CM1239	G-GATAACAG-C-TATGG-----TGTCATTAATGTAGGACAGCAAGCCTTCCAAAGTACCTATTGGAAGCAAGTATACATCTTGGAAATGGGTATACATG..		AG 5049
MUS-1.CM.01.SIVmus 01CM1085	G-ACT-ACAG-C-TGTGG-----TGTCAC-AATGTGGGACAGCAAGTTGTCTTAAAGCACATGGTGGGAAGCAATCCTTTATCTAGAGTGGGTATATCTA..		AG 5059
MUS-2.CM.01.CM1246	G-GATAACCA-ATTGTT-----TGTCACAAAGCTAGGGGACAGCAAGTTTATCAAGGTCCACCTATTGGCAGCAATCCTATATCTTGAAGTGGAGATACATC..		AG 5157
MUS-2.CM.01.CM2500	C-AATAACAA-T-TATGG-----TGTTAC-AATGTAGGCGCTGCAGCCTCTCAAGCTTACTTACTGGCAGCAGTATATATATTTGAGTGGGTTTATGTT..		AG 5110
MUS-3.GA.09.09gab0181	G-GGCCACC-ATATAGA-ATAACAGTACTTT-G..TGTGAC-AATGTAGGATATGCCAGCCTGTCTAGAAGTACACAATGGAGGCAGACATATATATTTGGAGTTTGTCTATCAG..		AG 4634
MUS-3.GA.11.11gabPts02	G-GATAACCA-A-TGTGG-----TGT-ACTAATGTAGGCCAGCAGCCTCTCCAAAGTACATATTATGAACAATCCTATATCTTGAATGGGTATACAG..		AG 4643
OLC.CI.97.97CI12	-----C--CA-A-TAGACAT-----GG-A--GA-TA--AAATTCAAGTGGGGTG-----		5151
RCM.CM.00.SIVag1 00CM312	-----AA--CACAG-----AG--GA--TTAAGTACTTATGGA-----		G- 4574
RCM.CM.02.SIVrcm 02CM0801	-----AA--AACA-----AG--GG--TTGGGAACCTATGGG-----		GC 4592
RCM.GA.x.SIVRCMGB1	-----AA-T--ACAGT-----AG--GA--TAGGACATATGGG-----		4783
RCM.NG.x.NG411	-----A--CACA-T-----AG--GA--TTAGGAACCTATGGA-----		G- 4797
SAB.SN.x.SAB1	-----CA-T-AACCC-----G--A--GA--TTAGAAACCTATGCA-----		5693
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-----C--AA--AACAC-----G--A--GA--TCTCTCTTATGCA-----		4717
SMM.LR.89.SIVsmL181	-----C--AA-T-AACAC-----G--A--GA--T-AGCACCTATGCT-----		4675
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-----AA--ACAC-----A--GA--TGCTCTGTATGCA-----		4677
SMM.SL.92.SIVsmSL92B	-----C--AA--ACCC-----A--GA--TTATCAAGCTATGCA-----		4660
SMM.SL.92.SL92B	-----C--AA--ACCC-----A--GA--TTATCAAGCTATGCA-----		5031
SMM.US.04.G078	-----AAC--ACAC-----A--GA--TCAGTACTTATGCA-----		4857
SMM.US.05.D215	-----AACT--ACAC-----A--GA--TCAGTACTTATGCT-----		4851
SMM.US.06.FtQ	-----C--AACT--ACAC-----G--AG--GA--TCAGTACTTATGCA-----		4879
SMM.US.86.CFU212	-----C--AACT--AACAC-----G--A--GA--TCAGTACTTATGCT-----		4843
SMM.US.x.H9	-----AA-T-ACAC-----GRA--GG--TCAGTACTTATGCA-----		5070
SMM.US.x.PGM53	-----AA-T-GCAC-----A--GA--TCAGTACTTATGCA-----		5514
SMM.US.x.pE660 CG76	-----AA-T-GCAC-----A--GA--TCAGTACTTATGCA-----		5586
STM.US.09.STM 37 16	-----G-ACAC--CACAC-----C--A--GG-T-AT--AACAGTGGGGA-----		5244
SUN.GA.98.L14	-----CATAA-T-ACAC-----G--A--CT--TTAAGAACAGAGGGA-----		5697
SYK.KE.x.KE51	-----CACAA-T-GCCC-----G--A--TTACATATGCAGGGA-----		5141
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM	-----T-T-AGCAC-----CCAT-GA-ATACGTCGATTGGGACACAATATCCATT..		5489
TAL.CM.00.266	-----T-CT-AGCAC-----C-AG-GA-ACACATCAGATGGGATACAATATCCATT..		GA 5290
TAL.CM.01.8023	-----C--CAC--AACGC-----AG--GA--TATCAACATATGCT-----		GA 4788
TAN.UG.x.SIVagmTAN1	-----VER.DE.x.AGM3-----CA-T-AACAC-----G--G--TCTCTACTTACGCC-----		5017
VER.DE.x.AGM3	-----CA-T-AAGC-C-----A--CA--GA--TCTCAACTTATGCA-----		5522
VER.KE.x.9063	-----CA-T-AACAC-----GCA--GA--TATTCACATATGCA-----		5514
VER.KE.x.AGM155	-----CA-T-AAGC-C-----A--CA--GA--TATTCACATATGCA-----		5519
VER.KE.x.TY01 patent	-----WRC.CI.97.97CI14-----AA-T-TCAC-----AG--GA--TGGACACCATGGGATTT-----		5589
WRC.CI.97.97CI14	-----AA--AGCAC-T-----AG--GA--TTAGACACCATGGGGTTT-----		5604
WRC.CI.98.98CI04	-----AA-T-AGC-C-----T--GA--ATAGATACTTTGGGATTC-----		4521
WRC.GM.05.Pbt_05GM_X02	-----AA-T-AGC-C-----T--GA--ATAGATACTTTGGGATTC-----		4521

[illegible]

H1B.FR.83.HXB2	AAGCAGGACATAACAAGGTAGGATCTCTACAATACTTGGCACTAGCAGCATTAATA.....ACACCAAAAAAGATA.....	AAGCCACCTTTGCCTAGTGTGTACGAACTGACAGAGGATAG.....	5558
Vif	O A G H N K	V G S L Q Y L A L A L I	T P K K I	K P P L P S V T K L T E D R#	
H10.CM.91.MVP5180	-----GTC-----	-----GA-A-----T-A-CT-GAA-----G-G-G-----	-----A-GT-----GA-AT-----T-CC-A-----CCA-G-T-A-----	-----G-T-A-----	5587
H1N.CM.95.YBF38	-----G-C-AC-----	-----CA-C-----TC-A-----A-----GGG-G-----	-----GG-G-----G-----C-A-----G-T-G-A-----	-----A-----	5152
H1P.CM.06.U14788	-----GTC-----	-----G-T-A-----CT-AA-TGG-----	-----GGGAAGGT-----R-GG-----	-----CCA-T-T-----C-A-C-T-----	5029
CPZ.CD.06.BF1167	-----TCT-----	-----GAGC-----G-TTC-A-----CT-TAA-AA-G-GC-----	-----GA-AG-----C-CAG-----	-----T-A-AGA-----CCAT-AC-CTC-G-A-----T-TCCTGGCAGAGGA-----	5675
CPZ.TZ.00.TAN1	-----T-----C-GAC-----	-----GA-G-----T-A-TT-CAG-AAGG-----G-TGAGAGCCAA-----	-----GAT-A-AGCC-----GG-CCA-G-AGG-----C-----ATC-----A-----A-----C-----	-----C-----	5220
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	-----GAT-----	-----CAG-----GA-AT-G-----A-----AG-----T-G-----	-----GGGAA-GTC-G-G-----GA-----T-A-----CA-----T-AG-----CA-----C-----	-----	5094
				Vpx start	
MALC.US.x.239	CGAG--CT-----GT-CCAG	-----CC-AGC-----G-----A-----GAA--T-G-----GCG	AT-TCAGAT	-----CCAGGGAGAGAAATC	5835
Vpx			M S D	P R E R I	
Vif	P R A H K Y Q	V P S L Q Y L A L K V V S	#D V R	S O G E N	
H2A.SN.86.ST JSP4 27	CCCA--CC-----GT-CCAG	-----CCG-A-C-----G-TTC-CT-----TG-T-G-GCA-CAAA-----	-----AT-CA-G-C-----	-----CCAGAGAGACAATA	5366
H2B.CI.x.EH01	-----CT-----CAGGCCAG	-----C-AG-T-----G-TTC-A-----C-AG-TTG-----CA-GAAGGAAAAG	-----AT-----GAT-----	-----CCAGGGAGAGAGTA	5895
H2G.CI.92.Abt96	-----A-G-CAG-----	-----GCCTAGCT-G-----TTC-A-----CT-CA-T-G-GCA-AAAGGAAAC	-----AT-----GAT-----	-----CCAAGGGAGAGAGTM	5248
H2U.CI.07.07IC TNP3	C-T-G-CT-----AGG-CAA	-----CC-AGCT-----T-C-----T-AAGAT-G-G-CAGG-----	-----AT-TCAGAC-----	-----CCAGAGAAAGAAAT	5350
H2U.FR.96.12034	C-T-G-CT-----GAC-CAG	-----CC-T-----TTC-A-----CAG-----GCA-G-----	-----AT-GAGAT-----	-----CCAAGAGAGAGAAATC	5396
ASC.UG.10.RT03	C-CATTAT-----TTAGGCAAA	-----GAGA-----CCCA-AT-G-----C-A-----AGG-A-CA-G-----			4993
ASC.UG.10.RT08	C-CATTAT-----TTAGGCAAA	-----GAGA-----CCCA-AT-G-----C-A-----AGG-A-CA-G-----			5017
ASC.UG.10.RT11	C-CATTAT-----TTAGGTAAG	-----GAG-----CCCA-AT-----A-----AGG-A-CA-G-----			5002
COL.CM.x.CGU1	G-T-----CCTAGGA	-----GTTGAAGT-G-----G-AC-ATGT-TCTG-CC-----G-G-----			5257
COL.UG.10.BWC01	-G-TG-G-CTAGGA	-----A-----G-GC-ATGT-GAGCAAGC-CCA-A-----			5056
COL.UG.10.BWC07	-G-T-----CCTTGG	-----CT-A-CT-G-----G-GC-ATGT-CAAC-CA-GAGC-----			5290
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061	-TCATA-GGGAGCAGAGGTT	-----AAGCGACC-----CCT-AT-----G-A-TTGCT-AGG-T-GCC-----AAAT-----			5508
DEB.CM.09.CGGACAG-AGGT	-CCATA-GGGACAG-AGGT	-----AAGGACCC-----CTT-A-----G-A-----TAG-T-GC-G-AAAC-----			5327
DEB.CM.09.CM5	-CCATA-GGGACAG-AGGT	-----AAGGACCC-----CTT-A-----G-A-----TAG-T-GC-G-AAAC-----			5321
DEN.CD.x.CD1 CM0580407	-GAAG-C-----T-C-TCGA	-----AGGACAGGTC-----TAGGGA-GGCCA-CATT-AGTATAT-G-T-----	-----CAAGCAGCC-TTAG-T-TGGA-AGGTT-CCA-CATCACA-C-CCAGC-TT-GTT-C-AGA-----		5495
DRL.DE.11.D3	CTAG--G-C-G-----	-----GGCCAG-----GAG--T-G-TC-T-CT-GCA-----CAC-----AAGTACCTTAGGC-----	-----AT-----	-----CAGAAGGACAGCCAGCGGAGAGAGCT	5022
DRL.x.x.FA0	CTAG--G-C-G-----	-----GGTCAG-----GAG--T-G-TC-T-CT-GCA-----CCAC-----AAGTACCTTAGGC-----	-----AT-----	-----CAGAAGACAGTCAGTGGAGAGAGCT	5115
GRV.ET.x.GRI 677 gri 1	-G-A-----	-----GGTCAG-----CA-A-G-----CTT-----AT-----C-----			5682
GSN.CM.99.CM16	-G-A-----	-----GGTCAG-----CA-A-G-----CTT-----AT-----C-----			5336
GSN.CM.99.CN71	CG-A-CT-CCCA	-----CAG-----A-A-CT-CACGC-T-A-AGGCT-C-CT-TGCATATGTCAGGCACT			5318
LST.CD.88.SIVlhoest447	CCA-T-----A-----	-----GGTTGT-----TCTC-AT-G-G-T-C-CTGCT-GAG-CA-C-CA-C-----			4777
LST.CD.88.SIVlhoest485	CCA-T-----A-----	-----GGTTGT-----TCTC-AT-G-G-TTC-CTGCT-GAG-CA-C-CA-C-----			4777
LST.CD.88.SIVlhoest524	CTA-T-----A-----	-----GGTTGT-----TCTC-AT-G-G-CTGCT-GAG-CA-C-CA-C-----			4774
LST.KE.x.lho7	CTTT-----	-----GGTTGT-----TCTC-AT-G-G-TTA-CTGCT-GAG-CA-C-CA-C-----			5888
MAC.US.x.251 JA11	CGAG-CT-----GT-CCAG	-----C-AGC-----G-----A-----GAA-T-G-----GCG-----	AT-TCAGAT	-----CCAGGGAGAGAAATC	5834
MND-1.GA.x.MNDGB1	C-----T-C-----AGCACAA	-----GTT-----TCTC-T-G-G-TTC-CTGCT-GAG-TCA-CT-----			5226
MND-2.CM.98.CM16	-CTGG-----A-----	-----GGGAAG-----GAGC-G-----G-----T-GCT-AGT-AT-C-GCCTACTGTAACA-----	AT-CAGAA	-----GGGGCCCCAGAGATC	5543
MND-2.GA.x.M14	-CTGG-----A-----	-----GGTCAG-----GA-----CT-----TT-----G-AC-AC-CAAGTTTTCAGAA-----	AT-CAGAA	-----AGAGCA	5461
MND-2.x.x.5440	-CTGG-----GA-----	-----GGTCAG-----GA-----CT-----TT-----G-AC-AC-CAAGTTTTCAGAA-----	AT-CAGAG	-----AGGGCA	5097
MNE.US.x.MNE027	CGAG-CT-----G-CCAG	-----CC-AG-----G-----A-----GAG-T-G-----GTT-----	AT-TCAGAT	-----CCAGAGAGAGAAATC	5303
MON.CM.99.L1 99CML1	T-----AC-CT-CC-AAG	-----GA-C-CTGTAC-A-AGAA-TT-----C-CC-TGCCCTAGTGCGATATGG-G-----CCCC-C-AAGTCAT-CG-CCATTGGACC-CC-G-----			5389
MON.NG.x.NG1	T-CAGAC-CT-----TAAG	-----C-CT-C-AC-C-A-AGAA-TT-----C-CC-TGCTTGTCTCAAGTATGG-AA-TGC-CC-CCGAGCCAT-CT-CACATTGGACC-CC-C-----			4000
MUS-1.CM.01.CM1239	-C-G-C-----CA-----AAG	-----C-CT-CACTC-ACAGG-TT-----C-T-----ACATTAAAGAAACATGG-AAG-GT-CC-CCAGCCA-AGA-C-CC-----			5314
MUS-1.CM.01.SIVmus 01CM1085	-C-AC-C-----CA-----	-----C-CT-CT-CT-ACA-G-ECT-----T-----GCATTAAAGAAAG-----			5292
MUS-2.CM.01.CM1246	TCAGAG-CT-----CC-AAG	-----A-CT-CT-CT-ACA-G-ECT-----CT-TGCATACATCAAGCAT-----AATGG-GCA-GCGCTTCAAGT-ACCCT-CTC-----			5431
MUS-2.CM.01.CM2500	-GA-----C-CT-CCAAAG	-----A-C-CT-CT-C-A-AGAA-TT-----C-CT-GCATATATCAAAACAGGG-GATGG-GCA-C-CCCTCCAAGT-ACCCT-CCC-----			5384
MUS-3.GA.09.09gab0181	C-AA-CG-CTTTCCAAG	-----A-A-C-CT-CA-ACA-A-CT-----C-CT-CCAGT-----			4861
MUS-3.GA.11.11gabPts02	-GCA-C-CTT-GTAAG	-----CA-CC-TCACAC-A-AGAAGTT-----T-CC-TGCATACATAAAGCACT-----			4882
OLC.CI.97.97C112	-GA-----T-----CTTGG	-----CCTG-GT-----G-TGC-TT-GAG-----G-C-G-A-----			5359
RCM.CM.00.SIVag1 00CM312	-GCG-----C-GAG-TCAG	-----GA-----T-----G-T-TT-CA-----T-GGG-TAAATCCCAAGTTA-----CAGAA-----	AT-CAGAA	-----AGAGCT	4828
RCM.CM.02.SIVrcm 02CM8081	-GAGG-----GAG-TCAG	-----GA-A-C-----C-A-CA-----T-GGGCTAGAGAGCAAGTA-----AGAA-C-----	AT-CAGAA	-----AGAGCG	4846
RCM.GA.x.SIVrcmGAB1	-GG-----GAG-TCAG	-----GA-G-----TT-----A-CA-----G-GGGCTAAAGTCAGTTA-----GATAGGT-----	AT-CAGAA	-----AGAGCC	5027
RCM.NG.x.NG411	-GAA-----GAG-TCAG	-----GAGC-----TC-----A-AA-----T-GGGCTAGGAGCAGCTA-----AGG-----	AT-CAGAG	-----GGCAGAGAAAGAGTG	5057
SAB.SN.x.SAB1	-G-TG-----C-GCCAACA	-----GGGCAA-----CC-AT-----G-T-A-----TAGG-T-AT-C-A-----			5910
SMM.CI.79.SIVsmCI2	C-T-G-CC-----G-G-CAG	-----CC-AGCT-G-----TTC-----T-CAGGATTC-CCACAACAGA-----	AT-GA-T	-----GCAAGAGAGAGAAATC	4961
SMM.LR.09.SIVsmLIB1	CGAA-CT-----AT-TCAG	-----CC-AG-T-G-----G-T-A-----T-AA-T-G-GAGC-----	AT-TCAGAT	-----CCAGAGAGAGAAATC	4913
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	C-T-T-CT-----C-AT-TAAG	-----TC-AG-T-----T-----TT-AG-----C-GCA-G-----	AT-GAT	-----CCAAGAGAGAGAGATC	4912
SMM.SL.92.SIVsmSL92B	CG-T-CC-----C-TCTAGT	-----CCA-AGC-----GCTG-----C-AAG-T-G-----T-CAAA-----	AT-ACAGAC	-----CCAAGGAAAGAAATC	4901
SMM.SL.92.SL92B	CG-T-CC-----C-TCTAGT	-----CCA-AGC-----GCTG-----C-AAG-T-G-----T-CAAA-----	AT-ACAGAC	-----CCAAGGAAAGAAATC	5272
SMM.US.04.G078	CGAA-CT-----C-A-CCAG	-----CC-AGCT-G-----G-TC-A-----T-AA-T-G-G-GTT-----	AT-TCAGAT	-----CCAGAGAGAGAGATC	5095
SMM.US.05.0215	CGAA-CT-----C-G-CCAG	-----CC-AG-T-G-----G-T-A-----A-T-G-GGA-C-----	AT-TCA-AT	-----CCAGAGAGAGAGATC	5089
SMM.US.06.F10	C-AG-CT-----GA-TCAG	-----CC-AG-G-----TC-A-----GAGT-T-G-----GTC-----	AT-TCAGAT	-----CCAGAGAGAGAGATC	5117
SMM.US.x.H9	CGAA-CT-----G-TCAG	-----CC-AGC-----G-TC-A-----A-T-G-GTC-----	AT-CAGAT	-----CCAGGGAGAGAGATC	5081
SMM.US.x.PGM53	CGAA-CT-----A-TCAG	-----CC-AGC-----G-TC-A-----A-T-G-GTC-----	AT-TCAGAT	-----CCAGAGAGAGAGATC	5752
SMM.US.x.PE660 CG76	CGAA-CT-----G-CCAG	-----CC-AGC-----G-TC-A-----A-T-G-GTC-----	AT-TCAGAT	-----CCAGGGAGAGAGATC	5824
STM.US.89.STM 37_16	CGAA-CT-----G-CCAG	-----CC-AGCT-G-----G-A-----TT-AA-T-G-GGA-C-----	AT-TCAGAT	-----CCAGAGAGAGAAAT	5482
SUN.GA.98.L14	-----T-CT-C-A-----	-----GGCCTG-----TCTC-T-G-G-TTC-CTGCT-GAG-TTC-CC-----			5908
SYK.KE.x.KE51	TCATATAA-G-AC-G	-----CTT-AT-G-----T-----TT-CA-AAG-ATT-AGCAAG-.G-----			5358
SYK.KE.x.SYK173 COMGNM	C-CATACTG-CC-G	-----CCC-A-T-G-----T-A-----T-CA-TG-ACC-AAAG-----			5700
TAL.CM.00.266	G-CACAA-GG-GG	-----GACTCGCC-----CC-CT-----G-T-C-A-----T-GA-----GC-G-TAGAT-----			5617
TAL.CM.01.8023	G-CATAA-GG-GG	-----GACTCGCC-----CC-CT-----G-T-C-A-----T-AAG-T-GC-G-TAGG-----			5015
TAN.UG.x.SIVagmTAN1	-G-A-----CGTAGCAGAAAACATTGGGGTCAG	-----C-G-C-G-G-TT-A-C-GA-----T-AT-C-GACTTCCTAAGAA-----			5738
VER.DE.x.AGM3	-CC-AG-----C-G-AAACA	-----GGACAG-----CCC-T-G-----A-T-CTTT-CACCA-A-----			5243
VER.KE.x.9063	-CC-AG-----A-CCACA	-----GGAAAG-----CCC-A-G-G-----A-C-TCTG-CCATCAGA-----			5745
VER.KE.x.AGM155	-CC-AG-----A-CCACA	-----GGACAG-----CCC-CT-G-----T-A-----T-CT-CCATCA-A-----			5740
VER.KE.x.TY01 patent	-CC-AG-----A-CCACA	-----GGACAG-----CCC-CT-G-----T-A-----T-CT-CCATCA-A-----			5745
WRC.CI.97.97C114	-CAA-----GCAGGA	-----GCTTA-CT-G-GAC-----TGCT-CAG-TC-GCA-CATGAGCAACTCCAG-G-G-----			5826
WRC.CI.98.98C104	-CAA-----GCAGGA	-----GCTTA-CT-G-GAC-----TGCT-CAG-TC-GCA-CATGAGCAACTCCAGG-A-----			5841
WRC.GM.05.Pbt 05GM X02	-TCA-----CTAGGA	-----GCTTA-CT-G-GGC-----ATGTT-GCAG-CC-GCA-CATGAGCAACTCAGG-AGAG-----			4758

H1B.FR.83.HXB2	5558
Vif	-----	5587
H10.CM.91.MVP5180	5152
H1N.CM.95.YBF38	5029
H1P.CM.06.U14788	5675
CPZ.CD.06.BF1167	5220
CPZ.TZ.00.TAN1	5220
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	5094
	Vif end	
MAC.US.x.239	CCA.....CCTGGAAACAGTGGAGAAGAGACAATAGGAGAGGCCCTTCGAATGGCTAAACAGAACAGTAGAGGAGATAAACAGAGAGGCGGTAACACACCTACCAAGGGAGCTAAATTTCCAGGTTTGGCAAAGGCTCTTGGGAATCTGGCATGATGAACAAGGATGTC	5999
Vpx	P-----P G N S G E E T I G E A 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	
Vif	P-----T W K Q W R R D N R R G L R M A K O 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 *-----	
H2A.SN.86.ST JSP4 27	CCA.....CCAGGAAACAGTGGCGAAGAAACTATCGGAGAGGCCCTTCGATGGCTAGACAGGACGGTAGAAGCCATTAACAGAGAGGCGAGTGAACCACTGCCCCGAGAGCTTAATTTCCAGGTGTGGCAAAGGCTCTGGAGATAGTGGCATGATGAACAAGGAATGTC	5530
H2B.CI.x.Abt96	CCA.....CCAGGAAACAGCGGGGAGAGAAGCAATCGGAGAGGCCATTCGAATGGCTAGAGAGCAACATTAGAACAATCTTAACAGAGTAGCAGTCAATCTACCTGGCCAGGAGCACTTAATTTCCAGGCTTGGCAGAAGTCTTGGGCATATTGGCTGAGGAACAGGGCATGTC	6059
H2G.CI.92.Abt96	CCA.....CCAGAAACAGCGGAGAGAGACAATCGGAGAGGCCATTCGAATGGCTAGAGAGCAACAGTACAGAGATCAACAGGTCAGTCAATCATTTACCCAGGAGCTTAATTTCCAGGTTTGGCGAAGGTCCTGGGAATATTGGCATGATGAACAAGGGCATGTC	5412
H2U.CI.07.07IC TNP3	CCA.....CCTGGAACTCAGGAGACGAAACAGTGGGAAGAGCCCTTCGAATGGCTAGAGTCAACAGTCAACAGCCATTAACCAAGAGGCGAGTAATCATCTGCCAGGGAACCTTAATTTCCAGGTGTGGCAAAGGCTCTGGGATAGTGGCATGATGAGCAAGGGATGAC	5514
H2U.FR.96.12034	CCA.....CCAGGAAATTCAGAAGAAGAACTGTAGGAGAGCCTTCAGTTGGCTAGAAAAGAACTGTGAGAGATATCAACAGGGCAGCAGTGCAACATCTTCCAGGGAACTTAATTTCCAGGTCTGGCAAAGGCTCTGGCAATCTGGCGTATGAACAGGGCATGTC	5560
ASC.UG.10.RT03	4993
ASC.UG.10.RT08	5017
ASC.UG.10.RT11	5002
COL.CM.x.CGU1	5257
COL.UG.10.BWC01	5056
COL.UG.10.BWC07	5290
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061	5508
DEB.CM.99.CM40	5327
DEB.CM.99.CM5	5321
DEN.CD.x.CD1 CM0580407	5495
DRL.DE.11.D3	CCAGCGGAGCCAGTGGGAGCAGGAGAG.....GTAGAGTTAGAAGAGTGGCTGCAGAGGAGTCTCTTAAGAATCAACCAGGAGGCTCGATTACACTTCCACCAGAGTTCTCTTCCGCTTTTGGAAACCTTGCATGGAGCACTACCATGATGCTCTTCAGTTATC	5183
DRL.x.x.FA0	CCAGCGGAGCCAATGGGAGCAGGAGAG.....GTAGAGTTAGAAGAATGGCTACAGAGGAGTCTCTTAAGAATCAACCAGGAGGCTCGATTACACTTCCACCAGAGTTCTCTTCCGCTTTTGGAAACCTTGCATGGAGCACTACCATGATGCTCTTCAGTTATC	5276
GRV.ET.x.GRI 677 gri 1	5682
GSN.CM.99.CM166	5336
GSN.CM.99.CN71	5318
LST.CD.88.SIVlhoest447	4777
LST.CD.88.SIVlhoest485	4777
LST.CD.88.SIVlhoest524	4774
LST.KE.x.lho7	5888
MAC.US.x.251 1A11	CCA.....CCTGGAAACAGTGGAGAAGAGACAATAGGAGAGGCCCTTCGAATGGCTAAACAGAACAGTAGAGGAGATAAACAGAGAGGCGGTAACACACCTACCAAGGGAGCTAAATTTCCAGGTTTGGCAAAGGCTCTTGGGAATCTGGCATGATGAACAAGGATGTC	5998
MND-1.GA.x.MNDGB1	5226
MND-2.CM.98.CM16	CCAGAA.....GGAGCAGGAGAG.....GTGGATCTAAATACCTGGTTGGAAAGATCTCTGGAGAAAATCAATCAGGAGGCAAGATTACACTTCCACCAGAGTTCTCTTTCCGCTCTTGGAAAGCATGCTAGAAACACTGGCATGACAGACATCAGAGAAG	5695
MND-2.GA.x.M14	CCAGAGGCACACAGAGGGGCGAGGAGAA.....GTGGACTAGAACAGTGGCTGGAAAGATCATTTGGAAACAAGTGAACAGAGAGGCTCAATTAACACTTCCACCAGAGTTCTCTTTCCGCTCTTGGAAACACTGTGTAGAACACTGGCATGATAGACTTAGAAGAAC	5622
MND-2.x.x.5440	CCAGAGGCGCCAGAGAGGAGCAGGAGAG.....GTAGAGCTGGAGCACTGGCTGGAAAGCTCACTGGAGAGAATCAACCGGAGGCGCGGTTAACACTTCCACCAGAGTTCTCTTTCCGCTCTTGGAAACACTGTGTAGAACACTGGCATGATAGACTCAGAGATC	5258
MNE.US.x.MNE027	CCA.....CCTGGAAACAGTGGAGAAGAGACAATAGGAGAGGCCCTTCGAATGGCTAAACAGAACAGTAGAGGAGATTAACAGAGAGGCGAGTAAACCACTACCAAGGGAGCTGAATTTCCAGGTTTGGCAAAGGCTCTTGGGAATCTGGCATGATGAACAAGGGATGTC	5467
MON.CM.99.L1 99CML1	5389
MON.NG.x.NG1	4000
MUS-1.CM.01.CM1239	5314
MUS-1.CM.01.SIVmus 01CM1085	5292
MUS-2.CM.01.CM1246	5431
MUS-2.CM.01.CM2500	5384
MUS-3.GA.09.09Gab0181	4861
MUS-3.GA.11.11GabPts02	4882
OLC.CI.97.97C112	5359
RCM.CM.00.SIVa01 09CM312	CCC.....GAGGGCCCACTGGGCGGAGAAAGTAGAGTTTCAACCATGGTTGGCAGAAATGTTGTACAGATCAACCAAGAAGCC...AGATTACACTTCCCCTGGAGAGTTCAATTTCCACTCTGTGGCTACTCTGTGTGGAATATTGGCATGATGAACAAGGAAGAC	4989
RCM.CM.02.SIVrcm 02CM8081	CCA.....GAGGTCCCACTGGGCTGGAGAAGTAGAGTTTCAGCCTTGGTTGGCAGAAATGCTGTACGAAATAAATCAGGAAGCC...AGGTTACACTTTCATCCAGAGTTCAATTTCCGCTCTTGGCTACTCTGTGTGGAACACTGGCATGATGAGTTAGGAAGATC	5007
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1	CCAGAGGTCCCCACTGGGGCTGGAGAA.....GCAGAGTTCCAGCTTTGGCTACGGGACATGCTAGAAAAGGTCACCTTGGAAAGCAGGTTACACTTTTCCATCCAGAGTTCAATTTCCGCTCTGTGGCGCACTTGTGTGGAACACTGGCATGACGATACATCAGAGAAG	5188
RCM.NG.x.NG411	CCA.....GAGGCCCCCACTGGGCTGGAGATGTAGAGTTTGCCCTTGCCTTACAGAAATGCTAACAGAGTCAACTTAGAAGCC...AGGTTGCACTTTCATCCAGAGTTCAATTTCCGCTCTGTGGCTACTCTGTGTGGAACACTGGCATGATAGGCTTGGAGAAG	5218
SAB.SN.x.SAB1	5910
SMM.CI.79.SIVsmCI2	CCA.....CCAGGAACAGTGGGGAAGAAACAATAGGAGAGGCCCTTCGATGGCTATACAGCACAGTGGAGCAAGTAAACAGGGGAGCAGTAAACATCTGCCAGGGAGCTGAATTTCCAGGTCTGGCGAAGGCTCTGGGAATTTTGGCATGATGAACAGGGCATGTC	5125
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	CCA.....CCTGGAAACAGTGGAGAAGAACTATAGGAGAGGCCCTTCGATGGCTAGAAAAGAACAGTGAAGAAATAAACAGAGCAGGCAAGTGAACCATCTACCAAGGGAATTTGAATTTCCAGGCTCTGGCGAAGGCTCTGGGAATCTTGGCATGATGAGCAGGGAATGTC	5077
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	CCT.....CCAGGGAACAGTGGGACGAGACAATAGGAGAGGCCCTTCGATGGCTAGAAAAGAACAGTGAAGAAAGTCAACAGAGCAGTGAACCAATTTGCCAAGGAGCTCAATTTCCAGGCTCTGGCGAAGGCTCTGGGAATATTGGCATGATGAGCAAGGAATGTC	5076
SMM.SL.92.SIVsmSL92B	CCA.....CCAGGAAACAGTGGAGAAGAAACAATAGGAGAGGCCCTTCGAATGGTTACACAATACAGTGGAGGCCCTTGAATCAAAACAGCAGTACAACACCTACCAAGAGAGTTAATTTCCAGGCTCTGGAGAAGGTTGTGGGAATCTGGGTAGATGAGCAAGGATACTC	5065
SMM.SL.92.SL92B	CCA.....CCAGGAAACAGTGGAGAAGAAACAATAGGAGAGGCCCTTCGAATGGTTACACAATACAGTGGAGGCCCTTGAATCAAAACAGCAGTACAACACCTACCAAGAGAGTTAATTTCCAGGCTCTGGAGAAGGTTGTGGGAATATTGGCATGATGAGCAAGGATACTC	5436
SMM.US.04.G078	CCA.....CCTGGAAACAGTGGAGAAGAGACAATAGGAGAGGCCCTTCGATGGCTGCACAGAAGCGTAGAGAGATTAACAGGGAGGCTGTAAACCATCTACCAAGGGAACCTGAATTTCCAGGTTTGGCGAAGGCTCTGGGAATATTGGTATGATGAACAAGGAAGGTC	5259
SMM.US.05.0215	CCA.....CCAGGAAACAGTGGAGAAGAGACAATTGGGAAGCCTTCGAATGGCTAGAAAAGAACAGTGGAGAGCATAAACAGAGTAGCAGTAATCATCTACCAAGAGAGCTGAATTTCCAGGTTTGGCGAAGGCTCTGGGAATACTGGCATGATGAGCAGGGCATGTC	5253
SMM.US.06.F10	CCG.....CCTGGAAACAGTGGAGAAGAAACAATAGGAGAGGCCCTTCGAATGGCTAGAGAGGACAGTCGAAGATATAAACAGGGCAGCAGTAACCACTACCAAGGGAACCTGAATTTCCAGGCTCTGGCGAAGGCTCTGGGAATCTGGCATGATGAGCAAGGATGTC	5281
SMM.US.06.CFU212	CCA.....CCAGGAAACAGTGGAGAAGAAACAATAGGAGAGGCCCTTCGATGGCTGAACAGAACGGTGGAGAAGCAATAACAGGGTAGCAGTAATCACTGCCAAGAGAGCTAATTTCCAGGTTTGGCGAAGGTTGTGGGAATCTTGGCATGATGAACAAGGGATGTC	5245
SMM.US.x.H9	CCA.....CCTGGAAACAGTGGAGAAGAAACRTATAGGCGAGGCTTCGACTGGCTACACAGAACAGTGAAGAAATAAACAGGGCAGCAGTGAATCACTTGGCRAAGGAGCTAATTTCCAGGCTCTGGCGAAGGKCTGGGAATCTGGCATGATGAATGGGATGTC	5472
SMM.US.x.PGM53	CCA.....CCTGGAAACAGTGGAGAAGAAACAATAGGAGAGGCATTCGAATGGCTAAACAGAACAGTAGAAGAAATAAACAGGGCAGCAGTGAATCACTTGGCAGGGAGCTAATTTCCAGGTTTGGCGAAGGCTCTGGGAATCTGGCATGATGAATGGGATGTC	5916
SMM.US.x.PE660 C676	CCA.....CCTGGAAACAGTGGAGAAGAAACAATAGGAGAGGCCCTTCGAATGGCTAAACAGAACAGTAGAAGAAATAAACAGGGCAGCAGTGAATCACTTGGCAGGGAGCTAATTTCCAGGTTTGGCGAAGGCTCTGGGAATCTGGCATGATGAATGGGATGTC	5988
STM.US.89.STM 37_16	CCG.....CCGGAACAGTGGAGAAGAGGCAATAGAGGAAGCATTCGATGGCTACACAGAACGGTAGAGGACATAAACCAGAGGCGAGTAAACCATCTACCGAGGAACTGATTTCCAGGCTCTGGCGAAGGCTCTGGGAATCTGGCATGATGAGCAAGGGATGCC	5646
SUN.GA.98.L14	5908
SYK.KE.x.KE51	5358
SYK.KE.x.SYK173 COMGNM	5700
TAL.CM.00.266	5617
TAL.CM.01.8023	5015
TAN.UG.x.SIVagmTAN1	5738
VER.DE.x.AGM3	5243
VER.KE.x.9063	5745
VER.KE.x.AGM155	5740
VER.KE.x.TY01 patent	5745
WRC.CI.97.97CI14	5826
WRC.CI.98.98CI04	5841
WRC.GM.05.Pbt 05GM X02	4758

[illegible]

H1B.FR.83.HXB2
 V1T
 Vpr
 H10.CM.91.MVP5180
 H1N.CM.95.YBF30
 H1P.CM.06.U14788
 CPZ.CO.06.BF1167
 CPZ.TZ.06.TAN1
 COR.CM.07.SIVgorCP2135con
 CM.US.x.239
 Vpr
 H2A.SN.86.ST.JSP4_27
 H2B.CI.x.EHO
 H2G.CI.92.Abt96
 H2U.CI.07.0717.TMP3
 H2U.FR.96.12834
 ASC.UG.10.RT83
 ASC.UG.10.RT88
 ASC.UG.10.RT11
 COL.CM.x.CJUI
 COL.UG.10.BWC01
 COL.UG.10.BWC07
 DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061
 DEB.CM.99.CM40
 DEB.CM.99.CM5
 DEB.CO.x.CD1.CM0580407
 DRL.DE.11.D3
 DRL.x.x.FAO
 GRV.ET.x.GRI.677.gri_1
 GSN.CM.99.CN166
 GSN.CM.99.CN7
 LST.CD.88.SIVlhoest447
 LST.CD.88.SIVlhoest448
 LST.CD.88.SIVlhoest524
 LST.KE.x.lho7
 MAC.US.x.251.1a11
 MND.1.GA.x.MNDGB1
 MND.2.CM.98.CM16
 MND.2.GA.x.M14
 MND.2.x.x.5440
 MNE.US.x.MNE827
 MON.CM.99.L1.99CML1
 MON.NG.x.NG1
 MUS.1.CM.01.CM1239
 MUS.1.CM.01.SIVmus_01CM1085
 MUS.2.CM.01.CM1246
 MUS.2.CM.01.CM2500
 MUS.3.GA.99.09gabD181
 MUS.3.GA.11.11gabPst02
 OLC.CI.97.97C12
 RCM.CM.08.SIVaqi_00CM312
 RCM.CM.02.SIVrhm_02CMH081
 RCM.GA.SIVrCMGAB1
 RCM.NG.x.NG411
 SAB.SN.x.SAB1
 SAM.SL.97.SIVsmC12
 SMM.LR.99.SIVsmL191
 SMM.SL.92.SIVsmSL92A
 SMM.SL.92.SIVsmSL92B
 SMM.SL.92.SL92B
 SMM.US.04.G078
 SMM.US.05.D215
 SMM.US.06.FT0
 SMM.US.06.CFU212
 SMM.US.x.H9
 SMM.US.x.PGM53
 SMM.US.x.PE660.C676
 STM.US.99.STM.37.16
 SUN.GA.98.L14
 SYK.KE.x.KE51
 SYK.KE.x.SYK173_COMGMN
 TAL.CM.00.266
 TAL.CM.01.8023
 TAN.UG.x.SIVgmnTAN1
 VER.DE.x.AGM3
 VER.KE.x.9063
 VER.KE.x.AGM155
 VER.KE.x.TY01.patent
 WRC.CI.97.97C11
 WRC.CI.98.98C104
 WRC.GM.05.Pbt_05GM.X02

H1B.FR.83.HXB2
Vpr (frameshifted)
Vpr
H10.CM.91.MVP5180
H1N.CM.95.YBF30
H1P.CM.06.U14788
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.TZ.00.TAN1
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con

MAC.US.x.239
 Vpr
 Tat exon 1
 H2A.SN.86.ST JSP4 27
 H2B.CI.x.EHO
 H2B.CI.92.Abt96
 H2B.CI.07.07IC TNP3
 H2U.FR.96.12034
 ASC.UG.10.RT03
 COL.UG.10.RT08
 COL.UG.10.RT11
 COL.CM.x.CGU1
 COL.UG.10.BWC01
 COL.UG.10.BWC07
 DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF306
 DEB.CM.08.CM40
 DEB.99.CM5
 DEN.CD.x.CD1 CM050842
 DRD.DE.11.033
 DRV.x.C.FA0
 GRUL.ET.x.GRI 677 gri_1
 NSN.CM.1616
 GSN.CM.99.CN71
 LST.CD.88.SIVlhoest447
 LST.CD.88.SIVlhoest445
 LST.CD.88.SIVlhoest485
 LST.CD.88.SIVlhoest524
 ST
 MAC.US.x.251 1A11
 MND-1.GA.x.MNDG01
 MND-2.CM.98.CM16
 MND-2.GA.x.M14
 MND-2.x.x.5440
 MNE.US.x.MNEF7
 MON.CM.99.11.99CM11
 MON.NG.x.NG1
 MUS-1.CM.01.CM1239
 MUS-1.CM.01.SIVmus 01CM10
 MUS-1.CM.01.CM1246
 MUS-2.CM.01.CM2500
 MUS-3.GA.09.09GabOI81
 MUS-3.GA.11.11GaboP20
 OLC.CI.97.97CI12
 RCM.CM.09.SIVagi 09CM311
 RCM.CM.09.SIVagi 02CM8082
 RCM.GA.x.SIVRCMGAB1
 RCM.NG.x.NG411
 SAB.SN.x.SAB1
 SBB.CI.79.SIVsmCI2
 SMM.CI.92.SIVsmCI161
 SMM.SL.92.SIVsmSL92A
 SMM.SL.92.SIVsmSL92B
 SMM.SL.92.SL92B
 SMM.US.04.G078
 SMM.US.05.D215
 SMM.US.06.FT10
 SMM.US.86.CFU212
 SMM.US.x.H9
 SMM.US.x.PGM53
 SMM.US.x.p6600.C676
 SMM.US.92.SIV92 37 16
 SUN.GA.98.114
 SYK.KE.x.KE51
 SYK.KE.x.SYK173 COMGNM
 TAL.CM.00.266
 TAL.CM.01.00223
 TAN.UG.x.SivagmTAN1
 VER.DE.x.AGM3
 VER.KE.x.9063
 VER.KE.x.AGM155
 VER.KE.x.TV01 patient
 WRC.CM.98.97CI14
 WRC.CI.98.98CI04
 WRC.GM.05.PBt 05GM X02

[illegible]

[illegible]

H1B.FR.83.HXB2
Tat exon 1
Rev exon 1
H10.CM.91.MVP5180
H1N.CM.95.YBF30
H1P.CM.06.U14788
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.TZ.00.TAN1
GOR.CM.07.SIVoorCP2135con

MAC.US.x.239
Tat exon 1
Rev exon 1

H2A.SI.86.ST.J5P4_27
 H2B.SI.CI.EH0
 H2G.CI.92.Abt96
 H2U.CI.07.07IC TNP3
 H2U.FR.96.12834
 ASCU.LG.18.RT0
 ASCU.LG.18.RT08
 ASCU.LG.18.RT11
 COL.CM.x.CGU1
 COL.UG.18.BW01
 COL.UG.18.BW07
 COL.UG.04.SI.Lvob04CMPF3061
 DEB.CM.99.CM40
 DEB.CM.99.CM5
 DEN.CD.x.CD1.CM508407
 DRL.DE.11.D3
 DRL.x.x.FAO
 GRI.CM.x.GRI 677_gri_1
 GSN.CM.99.CN166
 GSN.CM.99.CN71
 LST.CD.88.SI.Lvhoest447
 LST.CD.88.SI.Lvhoest485
 LST.CD.88.SI.Lvhoest524
 LST.KE.x.lho7
 MAC.U.S.251.1A11
 MND.1.GA.x.MNDBG1
 MND-2.CM.98.CM16
 MND-2.GA.x.M14
 MND.x.CM.x.54M246
 MNE.U.S.x.MNE627
 MON.CM.99.L1.99CML1
 MON.NG.x.NG1
 MUS-1.CM.01.CM1239
 MUS-1.CM.01.SIVMUS 01CM108
 MUS-1.CM.01.CM246
 MUS-2.CM.01.CM2500
 MUS-3.GA.09.09gab0181
 MUS-3.GA.11.11gabP102
 OLC.CI.97.97C1C
 RCM.CM.02.SIVRCM 00CM312
 RCM.CM.02.SIVRCM 02CM8081
 RCM.GA.x.SIVRCMGAB1
 RCM.NG.x.NG411
 SAB.SI.x.SAB1
 SMM.CI.70.SIVSMC12
 SMM.CI.89.SIVSMCLB1
 SMM.SL.92.SIVSM5L92A
 SMM.SL.92.SIVSM5L92B
 SMM.SL.92.SIVS1028
 SMM.US.04.G078
 SMM.US.05.D215
 SMM.US.06.FT0
 SMM.US.06.CFU212
 SMM.US.x.H9
 SMM.US.x.PGM53
 SMM.US.x.PE600.CG76
 SUN.GA.98.14.4
 SUN.GA.98.14.1
 SYK.KE.x.KE51
 SYK.KE.x.SYK173_COMGAM
 TAL.CM.00.266
 TAL.CM.01.8023
 TAL.CM.01.SIVsgmTAN1
 VER.DE.x.AGM3
 VER.KE.x.9063
 VER.KE.x.AGM155
 VER.KE.x.TY01 patent
 WRC.CI.97.97C14
 WRC.CI.98.98C104
 WRC.GM.05.Pbt.05GM X02

[illegible]

	Tat Rev exon 1 end_intron start		Vpu start (ACG in HXB2)	
	TTCTCTATCAAAG...CAGTAA...GTA.....GTACATGTA.....		Vpu transmembrane domain start	
H1B. FR.83. HXB2	5_L_S_K_Q_0		ACGCAACCT.....ATACCAATAGTAGCAATAGTAGCAT 6095	
Tat exon 1			T_Q_P.....I_P_I_V_A_I_V_A	
Vpu				
Rev exon 1	L_L_Y_Q_S			
H1O. CM.91. MVP5180	C-G-C-C-G-.....	ACGCTG.....	T---T-AAGAGAACCTGC--G-CT--A----TT---.AGTG 6135	
H1N. CM.95. YBF30	CT-A-C-G-.....	AAACCTGTATA.....	T---TG...TCATTGGG-TTC---CGTT-.....G-G 5685	
H1P. CM.96. U14788	C-G-.....T-----	GAAATA..ATAAGYTGTGTTA.....	T---T---AGGGATGAGGC-GT-T-A--AT-GCT-...GGG 5587	
CPZ. CD.96. BF1167	C-G-C-G-G-.....	TTA.....	T---TGTGGCAATTTTACAGTGGT-GCA-TATT---GCTGGG 6199	
CPZ. TZ.98. TAN1	C-G-C-G-C-.....	CCC.....	T-AT-AAA.....ATAG--GTGGG-AGT-TGTC-ACAAATG 5724	
GOR. CM.97. SIVgorCP2135con	C-G-.....	GAAGCTTTTAC-GT-A.....	T---T--AAGAGATATA--GTT--A-TAT-.....G-A 5646	
	Tat Rev exon 1 end_Tat Rev intron start			
MAC. US. x.239	---GC-----C..A-----			6603
Tat exon 1	S_A_S_N_K			
Rev exon 1	L_L_H_Q_T			
H2A. SN.86. ST JSP4_27	---GC---G-C-..A--G-----	AG.....		6148
H2B. CI. x.EHO	---GC-C--C..G-G-----			6668
H2G. CI.92. Abt96	---GC-----C..G-----			6016
H2U. CI.97.071C TNP3	---GC-----C..A-----			6112
H2U. FR.96. 12834	G-G-C-C-G-C-..A-----			6157
ASC.UG.10.RT03	C-G-C-G-C-..A-----			5625
ASC.UG.10.RT08	C-G-C-G-C-..A-----			5646
ASC.UG.10.RT11	--T-G-C-G-C-..A-----			5634
COL. CM. x. CGU1CA-CA-----			5637
COL.UG.10.BWC01CGTGC-----			5442
COL.UG.10.BWC07CA-GC-..A-----			5667
DEB. CM.94. SIVdeb04CMPF3061	A-AAAACA.....G-----	CAT..TGGTTGTA-AT.....		6109
DEB. CM.99. CM40	--T-G-C-G-..A-----	C-AATCTGCATGTA-ATGC--AAGGGAACATT.....		5946
DEB. CM.99. CM5	G-T-A-C-G-..A-----	AAGCTGCATATGTATATAGTATCACA.....		5927
DEN. CD. x. CD1 CM0580407	AG-G-.....	TATATGTATTATT-CAGTGATAGTCTTGACCCATAGG-T--TTAAGATCAAGTTAGG-----A-TAGC-TTGCTTGG 6134		5918
DRL. DE.11.P3	CA-G-CTGTGGCA..AG-----	GAAAAG.....		6201
DRL. x. x.FA0	CA-G-CTGTGGCA..AG-----	GAAAAG.....		6002
GRV. ET. x. GRI 677 gri_1	CC-A-CGGC-----	AGGC.....	T---T-----GC-C-TTTGGTGGTGGG 5990	
GSN. CM.99. CN166	C--GC--AGGTC-----	AGGC.....	T-AGTG-----GC-CTCTCTGGTGGTGGG 5287	
GSN. CM.99. CN71	CC-A-CA-TC-----	AGGC.....		5287
LST. CD.88. SIVlhoest447	AGA-CTGTGG-C..GG-----			5284
LST. CD.88. SIVlhoest485	AGA-CTGTGG-C..GG-----			6368
LST. CD.88. SIVlhoest524	GGA-CTGTGG-C..AG-----			6602
LST. KE. x. lho7	GGA-CTGTGG-C..AG-----			5736
MAC. US. x.251 IA11	---GC-----C..A-----			6203
MND-1.GA.x.MNDGB1	AGAAGCTAT-CGA..AG-----			5858
MND-2.CM.98.CM16	AG-G-CTGTGGGA..AG-----			6071
MND-2.GA.x.M14	AG-AGCTGTGGGA..AG-----			6016
MND-2.x.x.5440	AG-AGCT-TGGGA..AG-----			4635
MNE. US. x. MNE027	---GC-----C..A-----			5960
MON. CM.99. L1 99CML1	-C-GC-AG-----G-----			6067
MON. NG. x. NG1	-AA-CGGG-GTC..A-----			6020
MUS-1.CM.91.CM1239	-C-G-C--TC..A-----			5537
MUS-1.CM.91.SIVmus_01CM1085	-C-G-CA-TC..A-----			5791
MUS-2.CM.91.CM1246	-C-G-CG-TTC..A-----			5616
MUS-2.CM.91.CM2500	-C-A-CA-CTC..A-----			5631
MUS-3.GA.99.09GaboI0181	-C-G-C-TTC..A-----			5810
MUS-3.GA.11.11GaboPts02	---G-CAGCTC..A-----			5854
OLC. CI.97.97CI12	AGA-TCTAGGG-C..AC-----			5726
RCM. CM.99. SIVagi_00CM312	ACT-GCTA-CCTGACA--G-----			5668
RCM. CM.92. SIVrcm_02CM8081	ACT--TG-T-CAGAG-----			5682
RCM. GA. x. SIVRCMGAB1	-C-G-C-T-T-----			5659
RCM. NG. x. NG411	-GA-AC--TG-----			5863
SAB. SN. x. SAB1	AGT-TCTCT-C-C..A-C-G-----			5857
SMM. CI.79. SIVsmCI2	---GC-----C..A-----			5882
SMM. LR.89. SIVsmLIB1	-T-AC-----C-----			5846
SMM. SL.92. SIVsmSL92A	-C-TC-----C..T-----			6522
SMM. SL.92. SIVsmSL92B	-GA-AC--G-C-----			6587
SMM. SL.92. SIVsmSL92B	A-T-GATA-TCAAAC-----			6245
SMM. US.94.G078	GT-GC--G-C..T-----			6416
SMM. US.95.D215	---TC-GCG-C..A-----			5894
SMM. US.96.FTq	---GC-C--C..A-----			6218
SMM. US.96.CFU212	-T-AC--G-C..A-----			6019
SMM. US. x. H9	A-T-TCTG-TCAGACA-----			5514
SMM. US. x. PGM53	---GC-C--C..G-----			6266
SMM. US. x. pE660. CG7G	-C-GC--C-C..A-----			5777
STM. US.99. STM 37_16	AAT-TCTG-TCAAACA-----			6274
SUN. GA.98.L14	AGAGGCTGT-CGA..AG-----			6277
SVK. KE. x. KE51	-AGCTC-A-CT..G-----			6289
SVK. KE. x. SYK173_COMGMM	-AGCGC-C-T-CA..GG-----			6304
TAL. CM.98.266	-C-G-----C-----			5224
TAL. CM.91.8023	-C-G-----C-----			
TAN.UG. x. SIVagmTAN1	-CT-G--C-----			
VER. DE. x. AGM3	-C-GA-CA--A-----G-----			
VER. KE. x. 9063	A---A-CAGG-C-----			
VER. KE. x. AGM155	-C-G-C-GC-----			
VER. KE. x. TY01 patent	-C-T-CAGC-C-----			
WRC. CI.97.97CI14	...GCTG-TTCA..AG-----			
WRC. CI.98.98CI04	...GCTA--CA..AG-----			
WRC. GM.95. Pbt_05GM_X02	...GCT--CA..AG-----			

PLV Complete Genomes

MAC.US.x.239
Env
H2A.SN.86.ST.J5P4.27
H2B.CI.x.EH0
H2Z.CI.92.AB01
H2Z.CI.97.0716.TNP3
H2U.FR.96.12034
ASC.UG.10.RT03
ASC.UG.10.RT08
ASC.UG.10.RT11
COL.CM.x.CG01
COL.UG.10.BWC01
COL.UG.10.BWC07
DEB.CM.84.SIVdeb04CMPF3061
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
DEN.CM.x.CD1.CM0580407
DRL.DE.133712
DRL.x.x.FA0
GRV.ET.x.GRI.677_gri_1
GSN.CM.99.CN166
GSN.CM.99.CN71
H2A.SN.86.SIVthoest447
LST.CD.88.SIVthoest445
LST.CD.88.SIVthoest448
LST.CD.88.SIVthoest524
LST.KE.x.lho7
MAC.US.x.251.IA11
MND-1.GA.x.MNDGB1
MND-1.CM.98.CM16
MND-2.GA.x.M14
MND-2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
MON.CM.99.L1.99CML1
MON.NG.x.NG1
SAB.SN.86.S1239
MUS-1.CM.01.SIVmus_01CM1085
MUS-2.CM.01.CM1246
MUS-2.CM.01.CM2500
MUS-3.GA.09.11gag0A0181
MUS-3.GA.11.11gagPts02
OLC
RCM.CM.00.SIVraci_00CM312
RCM.CM.02.SIVrcm_02CM8081
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1
RCNG.NG.x.NG411
SAB.SN.86.SAB1
SMM.SL.79.SIVsmlC12
SMM.LR.89.SIVsmlIB1
SMM.SL.92.SIVsmlS92A
SMM.SL.92.SIVsmlS92B
SMM.SL.92.SIV92B
SMM.US.04.6078
SMM.US.05.0215
SMM.US.06.FTq
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.PE660.CG76
STM.US.89.5TM.37_16
SUN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173.COMGNM
TAN.CM.00.066
TAN.CM.01.8023
TAN.UG.x.SIVagmTAN1
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.AGM155
VER.KE.x.TY01.patent
VER.KE.01.9C7C14
WRC.CI.98.98C104
WRC.GM.05.Pbt_05GM.X02

[illegible]

[illegible]

FR.03.XHB2
 Env
 H10.CM.91.MVP5180
 H10.CM.95.YBF30
 H10.CM.96.U14788
 CPZ.CM.96.CG167
 CPZ.TZ.08.TAN1
 GOR.CM.97.SIVgorCP2135con
 MAC.US.x.239
 H2A.SN.86.ST.JSP4.27
 H2B.CI.x.EH0
 H2C.CI.x.92
 H2D.CI.x.92
 H2E.CI.x.92
 H2F.CI.x.92
 H2G.CI.x.92
 H2H.CI.x.92
 H2I.CI.x.92
 H2J.CI.x.92
 H2K.CI.x.92
 H2L.CI.x.92
 H2M.CI.x.92
 H2N.CI.x.92
 H2O.CI.x.92
 H2P.CI.x.92
 H2Q.CI.x.92
 H2R.CI.x.92
 H2S.CI.x.92
 H2T.CI.x.92
 H2U.CI.x.92
 H2V.CI.x.92
 H2W.CI.x.92
 H2X.CI.x.92
 H2Y.CI.x.92
 H2Z.CI.x.92
 H3A.CI.x.92
 H3B.CI.x.92
 H3C.CI.x.92
 H3D.CI.x.92
 H3E.CI.x.92
 H3F.CI.x.92
 H3G.CI.x.92
 H3H.CI.x.92
 H3I.CI.x.92
 H3J.CI.x.92
 H3K.CI.x.92
 H3L.CI.x.92
 H3M.CI.x.92
 H3N.CI.x.92
 H3O.CI.x.92
 H3P.CI.x.92
 H3Q.CI.x.92
 H3R.CI.x.92
 H3S.CI.x.92
 H3T.CI.x.92
 H3U.CI.x.92
 H3V.CI.x.92
 H3W.CI.x.92
 H3X.CI.x.92
 H3Y.CI.x.92
 H3Z.CI.x.92
 H4A.CI.x.92
 H4B.CI.x.92
 H4C.CI.x.92
 H4D.CI.x.92
 H4E.CI.x.92
 H4F.CI.x.92
 H4G.CI.x.92
 H4H.CI.x.92
 H4I.CI.x.92
 H4J.CI.x.92
 H4K.CI.x.92
 H4L.CI.x.92
 H4M.CI.x.92
 H4N.CI.x.92
 H4O.CI.x.92
 H4P.CI.x.92
 H4Q.CI.x.92
 H4R.CI.x.92
 H4S.CI.x.92
 H4T.CI.x.92
 H4U.CI.x.92
 H4V.CI.x.92
 H4W.CI.x.92
 H4X.CI.x.92
 H4Y.CI.x.92
 H4Z.CI.x.92
 H5A.CI.x.92
 H5B.CI.x.92
 H5C.CI.x.92
 H5D.CI.x.92
 H5E.CI.x.92
 H5F.CI.x.92
 H5G.CI.x.92
 H5H.CI.x.92
 H5I.CI.x.92
 H5J.CI.x.92
 H5K.CI.x.92
 H5L.CI.x.92
 H5M.CI.x.92
 H5N.CI.x.92
 H5O.CI.x.92
 H5P.CI.x.92
 H5Q.CI.x.92
 H5R.CI.x.92
 H5S.CI.x.92
 H5T.CI.x.92
 H5U.CI.x.92
 H5V.CI.x.92
 H5W.CI.x.92
 H5X.CI.x.92
 H5Y.CI.x.92
 H5Z.CI.x.92
 H6A.CI.x.92
 H6B.CI.x.92
 H6C.CI.x.92
 H6D.CI.x.92
 H6E.CI.x.92
 H6F.CI.x.92
 H6G.CI.x.92
 H6H.CI.x.92
 H6I.CI.x.92
 H6J.CI.x.92
 H6K.CI.x.92
 H6L.CI.x.92
 H6M.CI.x.92
 H6N.CI.x.92
 H6O.CI.x.92
 H6P.CI.x.92
 H6Q.CI.x.92
 H6R.CI.x.92
 H6S.CI.x.92
 H6T.CI.x.92
 H6U.CI.x.92
 H6V.CI.x.92
 H6W.CI.x.92
 H6X.CI.x.92
 H6Y.CI.x.92
 H6Z.CI.x.92
 H7A.CI.x.92
 H7B.CI.x.92
 H7C.CI.x.92
 H7D.CI.x.92
 H7E.CI.x.92
 H7F.CI.x.92
 H7G.CI.x.92
 H7H.CI.x.92
 H7I.CI.x.92
 H7J.CI.x.92
 H7K.CI.x.92
 H7L.CI.x.92
 H7M.CI.x.92
 H7N.CI.x.92
 H7O.CI.x.92
 H7P.CI.x.92
 H7Q.CI.x.92
 H7R.CI.x.92
 H7S.CI.x.92
 H7T.CI.x.92
 H7U.CI.x.92
 H7V.CI.x.92
 H7W.CI.x.92
 H7X.CI.x.92
 H7Y.CI.x.92
 H7Z.CI.x.92
 H8A.CI.x.92
 H8B.CI.x.92
 H8C.CI.x.92
 H8D.CI.x.92
 H8E.CI.x.92
 H8F.CI.x.92
 H8G.CI.x.92
 H8H.CI.x.92
 H8I.CI.x.92
 H8J.CI.x.92
 H8K.CI.x.92
 H8L.CI.x.92
 H8M.CI.x.92
 H8N.CI.x.92
 H8O.CI.x.92
 H8P.CI.x.92
 H8Q.CI.x.92
 H8R.CI.x.92
 H8S.CI.x.92
 H8T.CI.x.92
 H8U.CI.x.92
 H8V.CI.x.92
 H8W.CI.x.92
 H8X.CI.x.92
 H8Y.CI.x.92
 H8Z.CI.x.92
 H9A.CI.x.92
 H9B.CI.x.92
 H9C.CI.x.92
 H9D.CI.x.92
 H9E.CI.x.92
 H9F.CI.x.92
 H9G.CI.x.92
 H9H.CI.x.92
 H9I.CI.x.92
 H9J.CI.x.92
 H9K.CI.x.92
 H9L.CI.x.92
 H9M.CI.x.92
 H9N.CI.x.92
 H9O.CI.x.92
 H9P.CI.x.92
 H9Q.CI.x.92
 H9R.CI.x.92
 H9S.CI.x.92
 H9T.CI.x.92
 H9U.CI.x.92
 H9V.CI.x.92
 H9W.CI.x.92
 H9X.CI.x.92
 H9Y.CI.x.92
 H9Z.CI.x.92
 H10A.CI.x.92
 H10B.CI.x.92
 H10C.CI.x.92
 H10D.CI.x.92
 H10E.CI.x.92
 H10F.CI.x.92
 H10G.CI.x.92
 H10H.CI.x.92
 H10I.CI.x.92
 H10J.CI.x.92
 H10K.CI.x.92
 H10L.CI.x.92
 H10M.CI.x.92
 H10N.CI.x.92
 H10O.CI.x.92
 H10P.CI.x.92
 H10Q.CI.x.92
 H10R.CI.x.92
 H10S.CI.x.92
 H10T.CI.x.92
 H10U.CI.x.92
 H10V.CI.x.92
 H10W.CI.x.92
 H10X.CI.x.92
 H10Y.CI.x.92
 H10Z.CI.x.92
 H11A.CI.x.92
 H11B.CI.x.92
 H11C.CI.x.92
 H11D.CI.x.92
 H11E.CI.x.92
 H11F.CI.x.92
 H11G.CI.x.92
 H11H.CI.x.92
 H11I.CI.x.92
 H11J.CI.x.92
 H11K.CI.x.92
 H11L.CI.x.92
 H11M.CI.x.92
 H11N.CI.x.92
 H11O.CI.x.92
 H11P.CI.x.92
 H11Q.CI.x.92
 H11R.CI.x.92
 H11S.CI.x.92
 H11T.CI.x.92
 H11U.CI.x.92
 H11V.CI.x.92
 H11W.CI.x.92
 H11X.CI.x.92
 H11Y.CI.x.92
 H11Z.CI.x.92
 H12A.CI.x.92
 H12B.CI.x.92
 H12C.CI.x.92
 H12D.CI.x.92
 H12E.CI.x.92
 H12F.CI.x.92
 H12G.CI.x.92
 H12H.CI.x.92
 H12I.CI.x.92
 H12J.CI.x.92
 H12K.CI.x.92
 H12L.CI.x.92
 H12M.CI.x.92
 H12N.CI.x.92
 H12O.CI.x.92
 H12P.CI.x.92
 H12Q.CI.x.92
 H12R.CI.x.92
 H12S.CI.x.92
 H12T.CI.x.92
 H12U.CI.x.92
 H12V.CI.x.92
 H12W.CI.x.92
 H12X.CI.x.92
 H12Y.CI.x.92
 H12Z.CI.x.92
 H13A.CI.x.92
 H13B.CI.x.92
 H13C.CI.x.92
 H13D.CI.x.92
 H13E.CI.x.92
 H13F.CI.x.92
 H13G.CI.x.92
 H13H.CI.x.92
 H13I.CI.x.92
 H13J.CI.x.

[illegible]

[illegible]

H18. FR.83. HXB2
Env
H10. CM.91. MYP5180
H1N. CM.95. YBF38
H1P. CM.96. U14788
CPZ. CD.86. BF1167
CPZ. TZ.00. TAN1
GOR. CM.07. SIVgorCP2135con

MAC. US. x. 239

Env
H2A. SN.86. ST JSP4_27
H2B. CI. x. EHO
H2G. CI.92. Abt196
H2I. CI.97.0711 TNP3
H2U. FR.96. 12834
ASC.UG.10. RT03
ASC.UG.10. RT08
ASC.UG.10. RT11
COL. CM. x. C01
COL.UG.10. BMC01
COL.UG.10. BMC07
DEB. CM.04. SIVdeb04CMPF3061
DEB. CM.99. CM40
DEB. CM.99. CM5
DEN. CD. x. C01 CM0580407
DRL. DE.11. D3
DRL. x. x. FA0
GRV. ET. x. GRI 677_gri_1
GSN. CM.99. CNI66
GSN. CM.99. CNI71
LST. CD.88. SIVhoest447
LST. CD.88. SIVhoest485
LST. CD.88. SIVhoest524
LST. KE. x. lho7
MAC. US. x. 251_1a11
MND.1. GA. x. MNDGB1
MND.2. CM.98. CM16
MND.2. GA. x. M14
MND.2. x. x. 5440
MNE. US. x. MNE827
MON. CM.99. l1_99CML1
MON. NG. x. NG1
MUS.1. CM.01. CM1239
MUS.1. CM.01. SIVmus_01CM1085
MUS.2. CM.01. CM1246
MUS.2. CM.01. CM2500
MUS.3. GA.99.09gab0181
MUS.3. GA.11.11gabPts02
OLC. CI.97.97C12
RCM. CM.00. SIVag1_00CM312
RCM. CM.02. SIVrcm_02CM0881
RCM. GA. x. SIVrcmGAB1
RCM. NG. x. NG411
SAB. SN. x. SAB1
SHM. CI.79. SIVsmC12
SHM. LR.89. SIVsmL181
SHM. SL.92. SIVsmSL92A
SHM. SL.92. SIVsmSL92B
SHM. SL.92. SL92B
SHM. US.04. G078
SHM. US.05. D215
SHM. US.06. Fto
SHM. US.86. CFU212
SHM. US. x. H9
SHM. US. x. PGM53
SHM. US. x. pE660_CG76
STM. US.09. STM 37_16
SUN. GA.98. L14
SYK. KE. x. KE51
SYK. KE. x. SYK173_COMGNM
TAL. CM.00. 266
TAL. CM.01. 8023
TAN. UG. x. SIVtanTAN1
VER. DE. x. AGM3
VER. KE. x. 9063
VER. KE. x. AGM155
VER. KE. x. TY01 patent
WRC. CI.97.97C114
WRC. CI.98.98C104
WRC. GM.05. Pbt_05GM_X02

CACAGTACAATGTACACATGGAATAGGCCAGTAGTATCAACTCAACTGCTGTAAATGGCAGCTAGCAGAAGAAGAGGTAGTAATTAGA.....TCTGTCAATTTCACG...GACAATGCTAAACCATAATAGTACAGCTGAACACAT 7095
T V O C T H G I R P V V S T O L L N G S L A E E E V V I R S V N F T D N A K T I I V O L N T
AGTG-TACT--C-A-A--AGT--AGT--AA-AC-G--G-CA-CT-TAG--T-GA--T--A--ATTATGGGAAAA--A-T-T-A--ATCA-A-G-AT-C--ACC-A--TC 7129
T-T-AC--C--A-A--GA--G--GT-AA-CC--A-CT-AATAC--T-GA--T--A--T-G-CAC-GT-ATC-GT-G--G--ATG--TGAGA 6676
G-TT--T--A-TT--A-GA-G-T-AGCTT-A-AT--GTC-G--A--G--AAC-AAGGCATAC--A--AG-AGC--AACATA-TGCAC-ATT-TTA--A-T-CA-TAAGCA--GG 7226
AGT--T-C--G--TAT-TA-GA--G-C-AGC-T-A-AC--GTCC-G-A--A--AAC-AA-GC-TAC--T-TGT-AAT--C--TCAGT-AA--C-C-T-T--A-AT-T-TGT--6736
A-T--T-T--C--G--AC--C-C-A--GT-A-AC-C--A-CT--A--GC-T-CCAC--A-TT--AGCAAA--AGT--T--T-G-GA--GAT--T--CA-A-AGC--G--6652
GGTCTCTTC--C--AGGATG--GGA-A--CAGACT--T--TGGT-TGGC--T--A-C-AG--A--TAGAATTAT--TAC--TGGC--GGT-G--T--AGG-CT-TA--T-GTT--A-TAA-T-TTATA 7519
V S S C T R M M E T O 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 S L N K Y Y
AG-T-CTAC--AGGATG--GGAAA-GCA-ACC--T--TGGT-TGGC--T--C-AGG--A--TAGAAC--TAT--CTAT--TGGC--GGT-G--T--AGA-CT-T--T-GCT--A-CAA-TTTTATA 7028
AGT-TCT-TG--TACAGAATG--GGAAA-CAGACC--T--ATGGT-TGGC--C--T-CAAGG--A-AG-AC--TAT--CTAT--TGGC--GGT-AA--AGG-CT-T--T-GCT--A-TTCAT-TATA 7560
GGTCTCTAC--AGAATG--GGAAA-CA-ACC--T--ATGGT-CGG--T--A-CAAGG--A--TAGAAC--TAT--CTAT--TGGC--GGG-GA--AGG-CT-TA--GTT--A-TAA-T-TTATA 6932
AGTCTCTAC--AGGATG--GAAA-CA-ACC--T--TGGT-TGAT--T--A-CAAG--A--TAGAAC--TAT--CTAT--TGGC--GGG-GA--AGA-CT-TA--GTT--A-TAA-T-TTATA 7037
AGTCTCTAC--AGAATG--GGA-CA-ACC--T--TGGT-TGGA--T--A-C-AG-T--A--TAGAATTAT--ATAC--T-AG-AG--A--TAGA-CT-TAT--T-GCT--A-TAA-T-TTATA 7061
AG--T--C--ATA-T-G-CTAGT--ATGG--C-A--CATAT-A-A-GA-TACA-AT-AGG-CGAGGT--ATGAGA--G-AT-ATTCCA--TT-CAG-GT-G-TT--CT-CTCAGA--G-CA-A 6535
AG--T--C--ATA-T-G-CTAGC--ATGG--T-A-C--CATAT-A-A-GA-CACA-ATAAGG-CGAGGT--ATGAGA--G-AT-ATTCCA--TT-CAG-GT-G-TT--CT-CTCAGA--G-CA-A 6565
AG--T--C--ATA-T-G-CTAGT--ATGG--C-A--CATAT-A-A-GA-CACA-AT-AGG-CGAGGT--ATGAGA--G-AT-ATTCCA--TT-CAG-GT-G-TT--CT-CTCAGA--G-CA-A 6523
AG--GTCC--C--AGT--ATAT--CA--CATGT--TG--AT-AG--C--CTCAGA--AGTGTCT--TTGG--CG-AGAT--AGAGAGGA--TTGGAG-AT--TCA-GG-C-TTGAT--TTTCA-G-A-G 6508
AG--CTCC--C--AGT--ATGTGAC--ATGT--TG--T-G--CTCAGA--ATTTGA--ATGGT--AGGAT--AGAGAGGA--TTGGAG-AT--TCA-GG-C-TTGAT--TTTCA-G-A-G 6534
TG-CAC-TCC--C--AGT--ATTT--CA-A-C-CT-G--TA-AG-AG--C--TTC-AA-A-TTT--TG--CTAT-C-AA-C--AGAGAGGA--TTGGG--AT--A-G-G--C-TAGA-TATTACTG-T-TCCA-A-G 6535
TG--GGC--A-CTT--ACACA-A-G-C--CTGGT-AA-A-C--GTCAGAT-AG--AG--CA-A-A--CATGTC--ATAAGAA--GG--C-TGAA--A-T-GA-A-T--T-GGA--T-CT-CG-GTACA 6971
TG--GGC--A-CTC--ACACA-CA-G-C--ATGGG-AA-A-T--GTC-GAT-AG--GAGG-CA-A-A--AGC--CATATA--ATAAGAAAAGAGGTAAAA--GTG--GG-GCA--A-TGGAAGC--TT--T--G--G--CCGCT--ATACA 6853
TG--GGC--A-CTC--ACATA-CA-G-C--ATGGA-AA-C--TTGATG--A--AGG-CA-A-AC--ACATATC--ATAAGGAAG--GGC-GGAA--A-T-GA-C-TT--TG-C-G-A--CA-CA-GA--GTATA 6792
AG--AG-GTG--G--AG--ACACA-CA-G-CGAGC--CTGGT-A-CA-G-CA-T-CAG--A-CTTCT--TAATCAT--CACA-ATT--ATAAGAAACACA--CAAGAAGT--A-TC-GA-A-T-G--TT--T-CAGAAA--GTT-TG 7155
AG--G-G--TAGACAC--GCCTG-CAC-A-C-T-G-ATGT-TGGC--C--CAAGAGT-TC--T-AGT--AGA-ACA--AGAGGAAGCAG--A-TGT--TC--AAAT-TGTTG-T-GG--TA-TAA--ATGGA 6774
AG--G-G--TAGACAT--GCCTG-CAC-A-C-T-GC--TT-TGGC--C--CAAGCAT-GTC-G-T-AGT--AGA-ACA--AGGGAAGAACCCAG--C-TCT--A-TC--AAAT-TGTTG-T-GG--TA-TAA--ATGGA 6864
AGT--G-T--TAGATT--CA-TA-TACTA--A-T--AGGGA-AGGA--T--AG-T--A--TAGAAC--AG--AT-G--CAGAAA--GAGGAATGAT--A-TG-A-AGTT-TA--AGT-GA-TAA-TTTTACA 7084
AG--ACC-C--C--CAA--CT--G--ATGG--C-AT--G-CTATCAGC--GGA-CATATG--GAGT-ATG--T-AGTATGG-A-G-A--A-TG-AT--T-GTT--GGCT-TGGAGAAG--TTATC 7032
AG--ACC-C--C--CAA--CT--G--ATGG--C-AT--G-CTATCAGC--GGA-CATATG--GAGT-ATG--T-AGTATGG-A-G-A--A-TG-AT--T-GTT--GGCT-TGGAGAAG--TTATC 7032
AG--ACC-CT-C--G-CTAT--G-TTAGTTC--GAGT-G-TTCT-TGGC--T--A-CCAATCATAC--C-T-A-T--CC-CTA--ACTCCAAAAAGATG-GA--C-CTA--AGCAAGT-TTGTATAT-A--GCAGGA--ATGGG 6224
AG--ACC-CT-C--G-CTAT--G-TTAGTTC--GAGT-G-TTCT-TGGC--T--A-CCAATCATAC--C-T-A-T--CC-CTA--ACTCCAAAAAGATG-GA--C-CTA--AGCAAGT-TTGTATAT-A--GCAGGA--ATGGG 6221
AG--TAC-C--C--G-TAC--G-TAAGTTC--TAGT-GTCTT-TGGC--T--A-CCAATCATAC--C-T-A-T--CC-CTA--ACTCCAAAAAGATG-GAG--C-A-T--GAGC-AAATTTGTITAC-AG--GCAGGA--ATGGG 6227
AG--TAC-C--C--TGATAT--GCTTAGTAT--AGT-G-TTCT-TGGC--T--A-AATCATACAGG--T-AGC-T--CC-CTA--ACTCCAAAAAGATG-AAG--C-A-T--GTGCAAGT-TTGTATAT-A--GCAGGA--ATGGG 7293
GGTCTCTTC--AGGATG--GGA-A-CAGACT--T--TGGT-TGGC--T--A-AG--A--TAGAATTAT--TAC--TGGC--GGT-G--T--AGA-CT-TA--T-GTT--A-TAA-T-TTATA 7515
TG--G-G--T--GCACT-AGTAG-CAC-A--AGT-GCTTT-TGGC--T--A-C-GTATA-G--A-G-A-T-G-T-CCCATAGATGATAAATATAGGGGCC--A-AGG-A--TCAT--C-A-GGAAGTTTGT-TAT-AG--G-CAGGA--ATATG 6627
AG--G-G--GCC-T-GCCAG-CACACC--ATGTTGTGA-CT-G--G-CAAA-CAT--TT-TA-T-A-T--ACAGACA--AATACAAAGAAAGGCCAAA--AGG-G-TCAT--C--AAGT-TGTGTAT-G--G-TGA--GTACA 7203
AG--G-G--TG-CCC--GCTG-TACTA--ATGT-TGGC--T--A-CAAA-CATA-TT--T-T-AGT--TTGGT--AAACCTCAA--AAGG-G-TCAT--C--AAAT-TGTTAT-GG--GA-CAAA--ATGGG 7120
TG--G-G--G--GCACCCG--GCTAG-CAC-A-C-T--AATGT-TGGC--C--A-AAGCAT--TT-T-T-AGC-T--CAGACA--AACCCAGCAAAAGGAAAA--ATG-G-TCAT--C--AAAT-TGTATAT-G--GG-TAA--ATGGG 6830
GGTCTCTTC--AGGAATG--GGA-A-CAGACT--T--TGGT-TGGC--T--A-AG--A--TAGAATTAT--TAC--TGGC--GGT-G--T--AGA-CT-TA--T-GTT--GA-TAA-T-T-ATA 6990
TG--G-G--T--CT--CAA-TA--G--T--TGGT-G-A-G-CA-T-CGGGTAAT-CTCCA-TAC-CA-G-A-TGAT--AAT--GCAG--TA--TG-GT--T-GTAG-T-G-T-GGCTAAC--CT-C 7040
AG--AC-C-G--T-A-T--A--T--TGGT-T-A-C-T--CTCTCT--CAC-A-TR--ACCAG-C--TGATG--AATGGGAAA-GA--A-TG-AT-C-T-GTA--GGC-TGM-AA--C-CTC 5656
AG-TAGC-T-C-G--C-ATTA-CT-G-TG-T--CTGGT-A-A-C-T--CATATT--G-A-TAATAC--CGAGT-ATG--ATGAATGGGGA-AA--A-TG-AT--T-GGA--AGT-TGG-GAA--TTTA 6968
TG-TAGG-T-C-G--C-ATTA-CT-G-TG-T--TGG-A-A-C-T--A-C-TATT--G-G-A-TAATAC--GCAGT-ATG--ATGAATGGGAT-AA--A-TG-AT-A-T-GGA--A-T-TGG-GAA--TTTA 6996
G-TAGG-C-C-T--AC-ATTA-C-G-A-TG-T--TGG-A-A-G--T-CTACTCT--CCA-T-ACAC--GC-GT-ATG--ATGAATGG-GAT-AA--A-TG-AT--TGT--A-T-TGGAGAA--TTTA 7103
G-TAGC-T-C-G--C-ATT--C--TG-T--TGG-A-A-C--T-CTACTCT--CCA-T-ACAC--GCAGT-ATG--ATGAATGGGAG-AA--A-TG-GT--T-G-T--CA-T-TGGAGAA--TTTA 7032
AG--G-T--C--CTT--C-G--G--ATGGT-C-A--G--GCT-GCA-CC--GGA-T-ACACTGCAGTGGTA--GCT-GCA-CC--GCA-TAACAC--CGAGT-ATG--ATGAATGGGAAA-AA--A-TG-GAG--T-GTAG-C-T-GGGAGAA--CTATA 6595
AG--TACT--C--C-GGCC-GTCAG--AC--GAGT-G-TTCT-TGGC--T--T-C-AG-CATA-G--C-AGGAC-G--CCTATA--ACAGGGGATTGTAATCATAAACCA--GAGAGGGA--ACAGGA-TAT-TGTT--GGC-A-GCTGAT--GTATA 6689
AG--TACTTC--G-CATG--A-ACA-ACC--G-T--AGTT-TGGA--ATCAA--AGT--A-TAGAACTTGG--CTAT--CAAGAAAACA--AGT--CAGA-C-T--GGGT-GA-TAGTTT-TATA 6593
AG--CACTTC--G--G-ATG--A-ATA-ACC--CTC-T-TGGAC--ATCAA-TAGT--A-CAGAACTTGG--TAT--CAG-GAAGCAA--TCG--CGG-C-GTA--GGGT-A-TAGAG-GTATA 6671
TG-CACTTC--C--ATG--A-TA-TACT--GG-CT-AGGGT-TGGA--ATCAA-TAAT-T-A-T--ACTTGG--ATAT--CAG-GAAGCAA--AGT--AGG-C-GTT--GGGT-GA-TAGTTT-TATA 6809
AG--ACGTC--C--CATG--A-ATA-ACC--C-ATC-T-TGGA--ATC-A-TAGT-GA-TAGAAC--TGG-CTAT--CAAGAAAACA--AGT--AGG-C-GTT--GGGT-A-TAGAC-TTTTA 6853
AGT-TG-GCT--TAGGTT--C-ATA-TACT--AGC--AGG-A-AGGAA--T--TAT-T-C-A-TAGAAC--A-CT-G--CAGAAAATGGCAATT-C-A-TG-T--GTT-TT--T-GGC-CA-TAGAT-TTTA 7384
GGTCTCTAC--TAGAATG--GGAAA-CA-ACC--T--ATGGT-TGGA--T--A-CAAG--T--A-TAGAAC--TAT--ATAT--TGGC--GGT-GA--AGA-CT-TA--T-GTC-TA-TAA-T-TATA 6666
GGTCTCTGTC--AGGAATG--GGAAA-CA-ACC--T--ATGGT-TGGC--T--C-AGG--A--TAGAAC--TAT--CTAT--TGGC--GG-G--T--AGA-CT-TA--T-GCT-A-TAA-T-TATA 6575
AGTTTCTTC--TAGAATG--GGAAA-CA-ACC--T--ATGGT-TGGT--T--A-C-AG--A-TAG-ACCTAC--TAC--TGGC--GGT-GA--AGT--AGA-CT-TA--T-GCT-A-TAA-T-TTATA 6604
AGT-TC-TC--AGGATG--GGAAA-CAGACT--T--ATGGT-TGGC--T--T-C-AG--GA-TAGAAC--TAT--ATAT--TGGC--GG-GA--AGT--AGA-C-TA--T-GCT-A-TAA-T-TTATA 6575
AGT-TC-TC--AGGATG--GGAAA-CAGACT--T--ATGGT-TGGC--T--T-C-AG--GA-TAGAAC--TAT--ATAT--TGGC--GG-GA--AGT--AGA-C-TA--T-GCT-A-TAA-T-TTATA 6575
GGTTTCTTC--AGAATG--GGA-A-GCA-ACC--T--TGGT-TGGC--T--A-C-AG--A-TAG-ACCTAT--ATAT--TGGC--GGT-GA--AGA-CT-TA--T-GCT-A-TAA-TTTTACA 6800
AGTTTCTTC--AGAATG--GGA-A-GCA-ACC--T--ATGGT-TGGT--T--A-C-AG--A-TAG-ACCTAT--ATAT--TGGC--GGT-GA--AGA-CT-TA--T-GCT-A-TAA-T-TTATA 6776
GGTCTCTTC--AGGATG--GGAAA-TCA-ACC--T--ATGGT-TGGA--T--C-AG--A-TAGAAC--TAC--ATAT--TGGC--GGG-GA--AGT--AGA-CT-TA--T-GCT-A-TAA-T-TTATA 6801
AGTCTCTTC--AGGATG--GGAAA-CA-ACC--T--ATGGT-TGGT--T--C-AGG--A--TAGAATTAT--TAT--TGGC--GGT-CAT--AGG--AG-CT-TA--T-GTT--A-TAGCT-TTACA 6771
AGTTTCTTC--AGAATG--GGA-A-CA-ACC--T--TGGT-TGGT--C--T-C-AG--A-TAGAAC--TAC--TAT--TGGC--RG-GA--AG--AGA-CC-TA--T-GCT-A-TAA-T-TTATA 6996
GGTTTCTTC--AGAATG--GGA-A-GCA-ACC--T--TGGT-TGGT--C--T-C-AGG--A-TAGAAC--TAC--TAT--TGGC--AGT-GA--AGT--AGA-CC-TA--T-GCT-A-TAA-T-TTATA 7453
GGTTTCTTC--AGAATG--GGA-A-CA-ACC--T--TGGT-TGGC--T--A-C-AGG--A-TAGAAC--TAC--TAT--TGGC--GG-AA--AGT--AGA-CC-TA--T-GCT-A-TAA-T-TTATA 7509
AGTCTCTCTG--TAGAATG--GGA-A-CA-ACC--T--TGGT-TGGC--T--A-C-AG--A-TAGAAC--TAT--CTAT--TGGC--GG-G--T--AGG-CT-TT--T-GCT-GA-CAA-T-TTACA 7158
TG-TACC-CT--TA-TAT--G-CAAGT--CTAGT-GTTTT-TGGC--T--A-C-AG-CATA-G--T-AGT--ACC-ATC--AATAACAGGTA-GAC-AGGGG--T--GGGA-AAT-TGTATG--A--GCAGCT-GTGG 7352
AG--TTT-C--CCTT--C-ACA-TT-G-TAGT--ATGGT-T-A--CCTATA--C-A--CAA--T-GTTTAT--G--G-CAGAA--ATT-G 6776
TG--TC-C--G-A-T-A-CTA-T-G-CTAGC--ATGGT-C-AAC-G--CCTACAA--C-A--TAA--T-GATTATC--AAACAA--GGAT-AA--A-TG-GT-AGT--TT--T--T-CAGAAGCACTTA 7080
AG--C--G-CCCT--C-CA-A--C-G-T-GTGGT-AA-TC--G-CAAG--A--TC-CA-CAGG-C--A--A-TG-AAG-GCT-TA--CC--CG-GGAA--G-ACACA 6883
AG--C--G-CCC--C-CA-CA--C-G--ATGGT-G-TC--T-CAAG--A--TC-CA-CAGG-C--A--A-TG-AT-AGG-C-TA--CC-CT--GG-AA--G-ACACA 6427
AG--TAGT--TGAATG--G-ATA-TAC--GAGCT-AGC-T-TGGCA--AG--A-CAGAAC--A-AT-G--CAAGAACAT-GAG-A-GC--A-TG-T-GT-TA--A-C-A-TAAC--TTATA 7173
AGTG-G-T--TA-CTTG-A-ATA-AC-GA-T--GG--T--G--G-CTACT--GA-TGCAAGCCAG--AT-G--CAGAAACAT-GAG-A-GC--A-TG-CT-AGTGTAG--T-TA-TAAGC-TTACA 6711
AGT--G-T--TGACCT--G-ATA-AC--T--AGG--A--G--A-CTATT--GA-TGCAAC--A-AT-G--CAGAAACAT-GAG-A-GC--A-TG-T-GT-TA--A-C-A-TAAC--TTATA 7213
AGT--G-T--TGACCT--G-ATA-AC--T--AGG--T--A--G--A-CTATT--GA-TGCAAGCCAG--AT-G--CAAGAACAT-GAG-A-GC--A-TG-CT-AGTGTAG--CT-GC-CA-TAA-C-TTATA 7193
AGT--G-T--TGACCT--G-ATA-AC--T--AGG--T--A--G--A-CTATT--GA-TGCAAGCCAG--AT-G--CAGAAACAT-GGG-A-AT--A-T--CA-AGT-TTG--CT-GT-CA-CAA-C--TATA 7192
AG--ATG--G-ATG--G-AG-ACCA-TAGT-GTCTT-TGGA--T--A-C-AG-CATA-G--G-A-T--G-AGAGATA--ATAGGAAATATAAATCATAGGCTC--GAAGGT-ACAGGA-ATTGTGTAT--A-T-CTAGT-GGTATA 7244
AG--T--C--G-CATG--G-CAG-TACTA-TAGT-G-TCT-TGGA--T--T-CCAG-TATA-GA--G-A-T--G-AGAGATA--ATAGGAAATATAAACCATAAACCA--AGATGGA--ACAGGA--ATTGTTTAT--A--CAGCT--ATATA 6140
TG--TACT--TG--TT--G-CAG-ACCTA-TAGT-GCTTTT-TGG--T--A-C-AGTAT--TA--G-A-T-G--AGA-GTA--ATAGGAAATATAAACCATAAACCA--AGATGGA--ACAGGA--ATTGTTTAT--A--CAGCT--ATATA 6140

[illegible]

H18. FR.83.HXB2
Env
H10. CM.91.MVP5180
H1N. CM.95.YBF38
H1P. CM.06.U14788
CPZ. CD.86.BF1167
CPZ. TZ.00.TAN1
GOR. CM.07.SIVgorCP2135con

MAC. US. x.239
Env
H2A. SN.86.ST JSP4_27
H2B. CI. x. EHO
H2G. CI.92.Abt196
H2U. CI.97.071C TNP3
H2Z. FR.96.12834
ASC.UG.10.RT03
ASC.UG.10.RT08
ASC.UG.10.RT11
COL. CM. x. C0U1
COL.UG.10.BWC01
COL.UG.10.BWC07
DEB. CM.04.SIVdeb04CMPF3061
DEB. CM.99.CM40
DEB. CM.99.CM5
DEN. CD. x. C01 CM0508407
DRL. DE.11.D3
DRL. x. x. FA0
GRV. ET. x. GRI 677_gri_1
GSN. CM.99.CN166
GSN. CM.99.CN171
LST. CD.88.SIVLhoest447
LST. CD.88.SIVLhoest485
LST. CD.88.SIVLhoest524
LST. KE. x. lho7
MAC. US. x.251.1a11
MND. 1. GA. x. MNDGB1
MND. 2. CM. x. CM16
MND. 2. GA. x. M14
MND. 2. x. x. 5440
MNE. US. x. MNE027
MON. CM.99.1.1 99CML1
MON. NG. x. NG1
MUS. 1. CM.01.CM1239
MUS. 1. CM.01.SIVmus 01CM1085
MUS. 2. CM.01.CM1246
MUS. 2. CM.01.CM2500
MUS. 3. GA.09.09gab0181
MUS. 3. GA.11.11gabPts02
OLC. CI.97.97C112
RCM. CM.00.SIVag1 09CM312
RCM. CM.02.SIVrcm 02CM0801
RCM. GA. x. SIVRCMGAB1
RCM. NG. x. NG411
SAB. SN. x. SAB1
SHM. CI.79.SIVsmC12
SHM. LR.89.SIVsmL181
SHM. SL.92.SIVsmSL92A
SHM. SL.92.SIVsmSL92B
SHM. SL.92.SL92B
SHM. US.04.G078
SHM. US.05.D215
SHM. US.06.FtQ
SHM. US.86.CFU212
SHM. US. x. H9
SHM. US. x. PGM53
SHM. US. x. pE660. CG76
STM. US.09.STM 37_16
SUN. GA.98.L14
SYK. KE. x. KE51
SYK. KE. x. SYK173_COMGNM
TAL. CM.00.266
TAL. CM.01.8023
TAN.UG. x. SIVgntAN1
VER. DE. x. AGM3
VER. KE. x. 9063
VER. KE. x. AGM155
VER. KE. x. TY01 patent
WRC. CI.97.97C114
WRC. CI.98.98C184
WRC. GM.05.Pbt_05GM_X02

TAAACAGATAGCTAGCAAAATTAAGAGAACAATTTGAAATAATAAAACAATAATC...TTTAAGCAATCCTCAGG 7321
L K Q I A S K L R E Q F G N N K T I I...F K Q S S G
C - C - - - A - C - - - TA...AGGTATT...AATCT-GTA-CCA-C...GAGAATGTTACCAATAATTC...AGCAGAACT...AGT- 7370
-GG- TAGA-C-AGAGAGG-A-AGA-ATCC-G-G-A-C-C-ACCAT-CATCCAAA...ATAACCTTCAGGGC-CGAG-GAGGAAT-A 6902
-G-G-G-CAG-GAGGCA-C-GA-GACT-A-CCT-AC-TCC-ACCAT-CATCCAAA...CACACCATACATCTT-AA-GAGTA- 6902
ACTG-GGCAGC-AAAGTAGC-A--AC--ACTC-AA--C-CC-GTTC-A-A--ACCACCTATACATTTAGGACAGATGGGATC-A--TGAT- 7479
--G-TTG-GCTATGGCTGCCA--ACAC-ACCA-GA-GGCC-GA-TGA-CGG-A...CAACAAACG--CC-ATGGCAGAGG-A 6968
-G--G-T-C--TAC-GGCTC-C-A-CGA-TCAGATCGGCTTCC-G--A-T-T-- 6857

A - - - - G - G - GAAGCAG -CCA -TGTC- - - - -TCCCA -GT- - - - -CTGGAACATAACAATACT...GATAAAATCAATTTGACGGCTCCTGGAGGA... 7752
I K E V K O T I V K H P R Y...T G T N N T D K I N L T A P G G
A - G - GG - G - GAAGCTA -CCC -TGC -A - - -TCCCA -GT- - - - -GGAACCAACGACACA...GAAAAAATTCGTTTATAGCGCCAGGAGAAGCG... 7264
A - C - GG - G - GAAAGAG -CCA -T-A-A-T- -TCCCA -T-TCAGG- - - - -C-ATATC...A-GGAACAATGACACAAAGAAATAACCTTTTAAACACCCAGGAGAAGGT... 7795
A - CC - GG - G - AAGGAA -GG -GGTCA -G -CCCC -CT- - - - -C-GG-TC-ATGACAAAAAGAGTTAATTGACACAC...TCACAGATAAGGTTAGCAG--CG-GAG-A- 7108
A - CC - GG - G - AAGGAG -CCA -TGCCA -C -TCCCA -GT- - - - -CATGGTACCAAGAAATATT...AGTCAGATAAATCTGGCAGAACCAGCAGGA... 7269
-----TGCT-CTTA--GGCCA--AGA-GG-G-A-AATCT--CACGGGATCA-CAATCACCCTGGAGATCTCAACCAAGG...C-AGG- 7294
-----TGCT-CTTA--GGCTA--CAGA-GG-G-A-AATCT--CAG-G-ACCA-TCAATCACCCTGGAGATCTCAACCAAGG... 7675
-----TGCT-CTTA--GGCTA--AGA-GG-G-A-AATCT--CAC-G-ACCA-CCAATCACCCTGGAGATCTCAACCAAGG... 7675
AAG--A-C-A-A-ACAATTCCG--T--ATCAAAAG--TTA-C-G-TTGG-AGAAGCATTTCAAGCAAAATATA...ACTATCACTCAAGG--TGG-AATAG-AC 6764
A-G-C-A--A--...GAGTTTCG-G-GA-ATTG-C-A--CTG-C-ATTGGC-ACAGAATATACAGAGTATGGAAAT...ATTACCATTAAGCTCAGTA--TGTA--AA-AC 6590
ACT-C-TTAGC-CAGGAA-T-AAG-A-A-TTT-AC-TATTGGTTG-G-AC-T-CAAGTTATGATAATATTACCATTAA...CCTAGGAATGGTAATAAAACCTCAGA-CCAG--G-A-TTA 6803
G-TTCTG-C--AAACAAGT--AG-GCAT-A--TGTT-CT-A--ATAACA-T--T-A-C-- 7185
AC--GG-A-GCGACAA-GA-TTG--AT--GGCA-T-GG-C-ATAAT...CTGACA-TA--C-A-C--AA 7079
G-T-G-T--AGG--G--AG-GAT-A--TGTC--G--AA...ATAACAGTA-C-ATC- 7276
AGGC-GG-A--AA-AAGC-G-T-A--T-GG-A-G-TC-G-ATGAT-C-ACC--GA-GTA-C-EGGGT- 7381
--G-AGCT--C-AAG--A-C-GT-AA-CTCTC-T-GG-G-AT-CTACTTTAAAGGGAAGAAATGTAAACGTCTCAAGGAACCAAGAGC...ACAAAAACAGTTGGGACAGGGTGATGTTGAAGCAGCTTAAAGTTGA--TT-CA-A-CAA 7084
--GG-AGCT--C-AAG--A-TC-GT-AG--TCC-T-TGG-G-AT-CTACT...AATAGCACATGCATAAGTCTCAAGGACAAAAAGATC...CAGGACAGAAACGTGACAGGGTGATGTTAAAGCAGTTAAAGTTGA--TT-CA-A-CAA 7168
--GG--G-AG-CAGAGAAG-G-AGA-GTGAAAAATCT--CAG-GT-GC-AGAA...AATATACATCTGAGA-G-CT--GG- 7311
A--G-G-AGCTATG-AAGC-A-G-AT--T-GG-A--G-TC-C-ATGAT-C-ACC...AGAAATGATCACTAAAGA-GG-CCTC-GAGC-TAA 7270
G-T-GG-AGCATG-AGCCA-G-AGA-C-T-GG-A-G-TC-C-ATGAT-C-ACC...CTAATAGACTCAATAGG-GG-CCTCCGAC-TAA 7270
-TC-TA-TT--GA-A-TGC-TCA-A-G-TTAA--C-CAGCG-TG-ATTAT-C-CATGGAACTGTATAGATAACACA...AAGCCTTGTGGTAGACAATAAGGGATTACCTATAGCAAA--T-AC-AGAAG-- 6507
-T-TA-TT--GG-AA-TGC-TCA-A-G-TTAA--C-CAGCA-TG-ATTAT-CAATGGACAATGCTTCAAGCGAAT...CAGCCTTGTGGTAGACATCTAAAGGGATTACCTATAGCAAA--T-AC-AGAAG-- 6504
-T-TA-TT--GA-G-TG--AGA-G-TTAA--AG-C-GC-TG-ATTAT-AAGAAGGAAATTTGTCACACACAGGA...AAACCATGTGGTAGACATTAAGGGTCTACCATAGCAAA--T-ACGAGAAG-- 6510
-T-TA-TT--GC-AA-TGC--AG--GTGAA--C-G-AGCC-TG-ATTAT-CAGAAGGGACAGGACATGTGATTCTAAGAAA...ACACATGTGGACGGAAATTAAGGGTCTACCAATAGCTAA--T-ACTAGCAT-- 7582
A--G-G-G-GAAGCAG-CCA-TGTA--TCCCA-GT--CTGG-CTG-GGCTCTGGAGGA...CTGAGTACATCTCAACATCTGAGGCA--T-CTG- 7223
C-TTGGATC--AAG--C-ATA-TT-AA-ATCTC-TC--GTG-ACAGACCTGTAAAAATTTTACTGACATGGAGAGGAGAAACAAACACCGGACAAGCAAAAGGAGTTTGGCAAAATGCATAAGACTCTTAAGATAGATA--T-TACTA-A- 6941
A-GC-TG-TC--A-TAG--A-AT-GACA-CTCC-TATGG-G-ATG-AACA...AAGGGCTATTGCAAGGGGTAAAGAGGAAG--C-G-CT-CA--A-GAA 7495
--G-CGCAT--T-TAG--AGA-GT-AA-C-G-T-T-T-G-GGTT-TAATGCAAGTGCCCTTGCAGGGGATAAACAATAGA...GGAGTGGTAAACAAACAGGGGTGTGCTTGAACAAATAAGAGTAAG--CT-CA--A-CAT 7421
A--G-G-G-GAAGCAG-CCA-TGTC--TCCCA-GT--CTGG-CTG-GGCTCTGGAGGA...AAGAACCAACAGGGGTGATCTTTAAAGTATAAGTATAAG--TCCA--GTAA- 7122
C--C-GGAG-TCAGAGG-G-A-CTG-G-GG-A-G-A-C-ATTGG--C-AAT...GTGACCAACATCT--GG-GATTTCAC-CCA 7281
C--C-TGCAGCCA--TRGCTA-C-RGR-GG--GA-GC-A-T-AT-ATG-ACA...GTGCCAACATACT-GG-GAT-CCAGC-AA 5897
--GG-AGCTATGTTAGC-A-G--A-G-T-GGCATGGCCGCTTGGAG-A-CAAGGAGAA...AAGATAAAAAATCAGG-GG-CCTCCGAGC-CAA 7227
--G-G--AGCTATGCTAGCCA-G-A--T-GGCATGG--GATTGCA-A-CAGAACACAGCTCGATAAACGAGCT...AAAATAAAGATAAGA-GG-GATC-GAGC-AA 7258
--G-G--GCTATG-TAGCTA-G--C-T-GGCAC--GACTCCA-A-GCTAATAAG...GAAATAAAAAATAGG-GG-CCTC-GAGC-AA 7362
--G--AGCTATG-AAG-A-G--C-T-GG-C-A-TGGAG...GATATAAAGATCAGG-GG-CCTCGAGC-AA 7276
--G-TGCAGCCA--TRGCTA-C-RGR-GG--GA-GC-A-T-AT-ATG-ACA...GAAAACATAAACAATCAGA-GG-TCTCGAGC-AA 6856
A-T-GG-AG-A-TTAGC-G--G-T-T-GG-T--G-T-AT-ATGGACTAATGCA...GAAAAGATAAACAATGAGG-GG-CAAGCCAGC-CA 6842
C-T-TGTCAC--GA-AAGG-C-GAGA-G-AA-AAC-C-TGGGC-ATCTA-CAGGGGTTAACAATAACAGGCATAGGGAGG...TTCAAGTTTGTATGAG--A-TTAAAG-- 6981
--GG--G-G-AAAGAG-GG-C-T-C-AC-AAG--T-GGG--ATGA-ACA...ACTAAAAATAACA-A-G-TC-GTT-AT-- 6822
--GGG-G-AG-TAAA-AGG-GG-T-A-ACGAG--T-AGGG--ATGATCT...AAGAAATATACA-A-GATC-CAT-AT-- 6900
--GG--G-AG-AAAGAG-G-G-G-A-AC-ACA-AAG--GT-CGAGGT-T-GT-A-ACA...GACAAATAAAGA-A-GAAC-GTA-AT-- 7038
--GG--G-G-AAAGAGG-C-A-TACA-GAC-AAA--T-AGGT--CG-CAGCT...GAGAATATAACTA-A-GATC-GT-AT-- 7082
--GG--GG-AG-CAAGAA-C-A-GTGAG--T-CCACC--A-GT-T-GTGGC-CAAT...GACACAAACAAGTT--CTA--AGACA-T- 7619
C--GG--G-GAAGGAA-CCC-TGTCA--CCCCA-GT--AGGG-GGAACCAATGATACT...AGGAAGATCAATTTTACAGAGCCAGGAAGAAG... 6905
A--C--G--G-CAAGGAA-CC-GTCA--TCCCA-GT--CTGGAACCAATGATACA...AACCAAGATTAACTTGAAGCTCAGAGGGA... 6837
A--G--G--G-AAAGAA-CCA-TGTCC--TCCCA-GT--CTGGAACCAATGAGACA...GAAAGATTAACTTAAAGCCCGGAGGGA... 6808
A-GC-GG--G-TAAG-AA-CCA-GTCA--CCCCA-GT--CTGGAACCAATGATACT...AGGAAAAATTAATCTAAAGCCCGGAGGGA... 7188
A-GC-GG--G-TAAG-AA-CCA-GTCA--CCCCA-GT--CTGGAACCAATGATACT...AGGAAAAATTAATCTAAAGCCCGGAGGGA... 7033
A-CC-GG--G-AAAGAG-CCA-TGTCA--TCCCA-GT--C-GGAACCAATGATACT...GAGAAAAATCAATTTGACAGCTCCAGGAGGA... 7009
A--GG--G-CAAGGAA-CC-GGTCA--TCCCA-GT--C-GGAACCAATGATACA...AGCAAGATTAAAGCTGACAAAGCAGGAGGA... 7037
A--GG--G-CAAGGAA-CC-GGTCA--TCCCA-GT--C-GGAACCAATGATACA...AGCAAGATTAAAGCTGACAAAGCAGGAGGA... 7004
A--GG--G-CAAGGAA-CC-GGTCA--TCCCA-GT--C-GGAACCAATGATACA...AGCAAGATTAAAGCTGACAAAGCAGGAGGA... 7229
A-CC-GG--G-GAAGGAA-CCA-TGTCA--TCCCA-GT--CGGGAACCAATGAGACT...AAGAAAAATTAATCTGACAGCTCCAGGAGGA... 7686
A-CC-GG--G-GAAGGAA-CCA-TGTCA--TCCCA-GT--CGGGAACCAATGAGACT...AAGAAAAATTAATCTGACAGCTCCAGGAGGA... 7742
A--G--G-TAAGGAA-CC-GGTCA--TCCCA-GT--C-GGAACCAATGAGACT...GCAAAAAATAGGATAGTGGCTCTGGGGGA... 7391
-TGCCACT--GG-AGCT--G-G-GGTGGAACCTTTAGC--C-TG-GT-ATGGC...TGACATTTGATAATTAACAAAGACA...TGCAGATTACCAATGGTACAGATTTTAAAAAGATGATTAAAGTTAAACCA-T-G-GAAGCAT- 7650
-TG-G--G-CCA--ATG-GAGT-T-A-GGTG-GAAA--GATGACCTCAACATCA-GG-G-TCCGAAC--CA 7005
-T-G--G-CA-GAAC-GGCC-CGA--ACC-GAAA--GTAACCAACACACA-GG-G-TCCGAGC-- 7309
A-GG--TC-GCCA-GAAG-A-GC-A-AGG-ACAAGG-GC--TC-AC-AC-CAGAT...AAAGTGAACATCACA-GG-C-GT-AGGA- 7121
A-GG--G-G-GA-GAG--GA-TGC-A-GCC-ACAAGG--C-C-T-AC-GTATG...GGAACGACACAAATAAGG-GGC-AGG-GT-AG-AA 6968
--GG-GG-AG-GAGA-AG-C-A-GTG--G-CCAAA-G-G--GAT-CCA-GG--GAT-CCA-GG--C-AAT...GATACTGAAGAGATT-A-CT--GAGACT-TT 6946
--GG--G-G-TAAAGAG--A--TCA--TT-CCAAA-G--GGT-TGGGG--C-AAT...GATACAGAGAAATA-A-CT--GAGACGTT 7448
--GG--GG-AG-CAAGGAG--A-GT-A--TT-CCAAA-G-ACGGT-CCA-GGC--C-AAT...GATACAAACAAATC--TT--AGACA-TT 7428
--GGGGG-AG-AAACAA--A-GT--GTT-CCAAA-G-CGGT-T-A-GG--C-AAT...AATACAGAACACATA-ACCT--AGACA-T- 7427
C-T-TG-TT--GG-AG-T-GAGA-T-TAA-A-TTC-TGGGT-ATCTA-CAGGGGGAGCTGCAATAGCAAGAAAT...TT-CAGATAGAACTTTC-AGACA-T- 7485
-T-TG-TT--GA-AG--TC-GCAG--T-TAA-AAT-CATGGGT-ATTAC-CTGA--GATTGCAATCAGAAAATC...TCCAAATAAGAAACTTTCAC-AGAAA-- 7530
--T-TGG-C--G--AAG--CA--CTT-TAA-A-CTC-TGGGT-ATCTA-CAGAG...GAGTGTAAATAAGAAAGG...AATAGCAGTGCACTTTGCAACTGTATTAAACAG...TTTCAATAAGAAACTTTCAC-AAACA-- 6426

H1B.FR.83.HXB2
Env
H10.CM.91.MVP5180
H1N.CM.95.YBF30
H1P.CM.06.U14788
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.TZ.00.TANI
GOR.CM.07.SIVorCP2135con

MAC.US.x.239
Env
H2A.SB.86.St JSP4 27
H2B.C1.x.EH0
H2B.C1.x.Abt96 92
H2U.C1.07.07IC TNP3
H2D.FR.96.12034
ASC.UG.10.RT03
ASC.UG.10.RT08
ASC.UG.10.RT11
COL.CM.x.CGU1
COL.UG.10.BWC01
COL.UG.10.BWC02
DEB.CM.84.SIVdeb04CMPF3061
DEB.CM.89.CM40
DEB.CM.89.CM5
DEN.CD.x.CD1 CM0580407
DRL.x.12.03
DRL.x.x.FA0
GRV.CM.84.GRI 677 gri_1
GSN.CM.99.CN166
GSM.CM.99.CN71
LST.CD.88.SIVLhoest447
LST.CD.88.SIVLhoest485
LST.CD.88.SIVLhoest524
LK.KE.x.ln07
MAC.US.x.251 1A11
MND-1.GA.x.MNDG61
MND-2.CM.98.CM16
MND-2.GA.x.M14
MND-2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
MON.CM.99.L1 99CM11
MON.NG.x.NG1
MUS-1.CM.01.CM1239
MUS-2.CM.01.SIVmus 01CM108
MUS-2.CM.01.CM1246
MUS-2.CM.01.CM2500
MUS-3.GA.09.09gab0181
MUS-3.GA.11.11gabP5t02
RCM.CM.02.SIVrci 00CM312
RCM.CM.02.SIVrcm 02CM8081
RCM.GA.x.SIVRCMGA81
RCM.NG.x.NG411
SAB.CM.99.SAB1
SCM.C1.79.SIVsmC12
SMM.LR.89.SIVsmLB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SIVsmSL92B
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FtQ
SMM.US.06.CF0212
SMM.US.x.H0
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.pE660 C376
STM.US.89.STM 3716
SYN.GA.98.L13
SYN.KE.x.KE51
SUN.KE.x.SYK173_COMGNM
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
TAN.UG.x.SIVagmTAN1
VER.DE.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.AGM155
VER.KE.x.TY01 patent
WTC.C1.07.97C14
WTC.C1.98.98C10
WRC.GM.95.Pbt 05GM X02

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

[illegible]

[illegible]

H1B.FR.83.HXB2
Rev exon 2
Env
H10.CM.91.MVP5180
H1N.CM.95.YBF30
H1P.CM.06.U14788
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.TZ.00.TAN1
GOR.CM.07.SIVoorCP2135con

MAC.US.x.239
Env
Nef
Rev exon 2
H2A.SN.86.ST.J5P4_27
H2B.SN.86.ST.EH40
H2G.CI.92.Abt96
H2U.CI.97.071C.TNP3
H2U.FR.96.12034
ASC.UG.10.RT13
ASC.UG.10.RT08
ASC.UG.10.RT81
COL.CM.x.CGU1
COL.UG.10.BWC01
COL.UG.10.BWC07
COL.UG.04.SVideb04CMPF3061
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
DEN.CD.x.CD1.CM0580407
DRL.DE.11.D3
DRL.CM.x.FAO
GRV.ET.x.GRI.677.gri-1
GSN.CM.99.CN166
GSN.CM.99.CN71
LST.CD.88.SIVhoest447
LST.CD.88.SIVhoest485
LST.CD.88.SIVhoest524
LST.KE.x.lho7
MAC.US.x.251.IA11
MND-1.GA.x.MNDG61
MND-2.CM.98.CM16
MND-3.GA.x.M11
MND-2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
MON.NG.99.L1.99CML1
MON.NG.x.NG1
MUS-1.CM.01.CM1239
MUS-1.CM.01.SIVmus.01CM108
MUS-2.CM.01.CM1246
MUS-2.CM.01.CM2500
MUS-3.GA.09.09G6AB102
MUS-4.CM.01.1G6ABP1502
OLC.CM.97.97C112
RCM.CM.00.SIVagi.00C312
RCM.CM.02.SIVrcm.02CM08081
RCM.GA.x.SIVrcmGAB1
RCM.CM.x.NG41
SAB.SN.x.SAB1
SMMN.CI.79.SIVsmC12
SMMN.LR.89.SIVsmLB12
SMMN.SL.92.SIVsmSL92A
SMMN.SL.92.SIVsmSL92B
SMMN.SL.92.SL92B
SMMN.US.04.G078
SMMN.US.05.D215
SMMN.US.06.FT0
SMMN.US.06.CFU212
SMMN.US.x.H9
SMMN.US.x.PGM55
SMMN.US.x.PE660.CG76
STH.US.89.STH.37.16
STH.US.89.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173.COMGNM
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
TAL.CM.01.SIVagmTAN1
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.AGM155
VER.KE.x.TY01.patent
VER.KE.x.97.071C.TNP3
VER.KE.x.98.IC014
WRC.GM.05.Pbt.05GM.X02

[illegible]

[illegible]

Env gp41, gp160 end	Nef start	
H18. FR. 83. HXB2	AAG.....	ATGGGTGGCAAGTGGTCAAAAGTAGTGTGATGGATGGCCCTACTGTAAGGGAAAGAAATGAGACGA.....GCTGAGCCAGCAGCAGATAGGGTGGGAGCAGCATCTCGAGACCTGGAAAAACATGG 8918
Nef		M G G K W S K S S V I G W P T V R E R M R R.....A E P A A D R V G A A S R D L E K H G
Env	*	
H10. CM. 91. MYP5180	..C.....	GAATGCA--AGC---C-AAT-TGCA---T-AGAA---A-T---..AGA.....CGATCCTCTCTGATCCTCAA.....C-A---TGT---CC-G-A-A---T-TC--CA-G--GT-A-C--CTAGA-- 9027
H1M. CM. 95. YBF30	..A.....	AAAG-TT---AAG-C--CC-AG-A---AGAAA-C-A---A---AAGCAGACTACCCGACTACCCCTGACCCG...ACTACCC-A-TAA-C-T---CCCG---T-G-A-ATT--CAA---AT-A-C-C--GGAAA 8505
H1P. CM. 96. U14788	..A.....	GAATGCA--AAG---CT-AG-G-C---AG-A-C---A---A---AAGCAGACTACCCGACTACCCCTGACCCG...ACTACCC-A-TAA-C-T---CCCG---T-G-A-ATT--CAA---AT-A-C-C--GGAAA 8521
CPZ. CD. 96. BF1167	..CA.....	A-CTGTACTAGG--CC--ATTCCCAGGGAT-GACAAC-TGT-G-ACAG--TT.....AGA.....AACACA---GCACCA--GT--CA-GA---T-C-T--CAGA-- 9116
CPZ. TZ. 98. TAN1	..A.....	AAA--TA-TTGGT-G-T-GCC---GGCC-GG-AA-CC-TC--GATC-T.....CA-A-CA-CT--AGT--GCCT--A--CAG--C-A-A---CC-G--TA-A-- 8604
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con	..A.....	AAA--CA--AA--G---CT-C-A--AG-A---A-ACC.....AGCCCT-AGCCAAAGC-G-TCCGG---T-A-TG--A--TGT-A-C-C--AGG-- 8499
Env gp41, gp160 end		
MAC. US. x. 239	G-	GGGACAGAAAT-CAATCAG-G-C-GTATA--AATA-TC---GGA--A--CA-CTG--G-GA- 9306
Env	*	
Nef	E	
H2B. SN. 86. ST JSP4_27	G-	G O K Y N O G Q Y M N T P W R N P A E E R
H2B. CI. x. EHO	G-	GGGACGGCGGT-T-A-CAG-G---TTTA--AATA-CC---GGA---C-CA-C--G-A-C 9239
H2G. CI. 92. Abt96	G-	AGGGCAACAAT-CA-GCAG-GTC-ATTTA--AATA-CC---GGA--A--CA-C--C-G-AA- 8734
H2U. CI. 07. 071C_TNP3	G-	G-GACA--CATATAGT-A-GGG-AGTT-A-A-T-CC-CGT-- 8800
H2U. FR. 96. 12034	G-	AGCTCAGGGCCAA-GCT-TAGT-A-G---GTTCA--AATA--C-T-GGA--AC--CA-C--C-GGGAA 8830
ASC. UG. 10. RT08	-G-	G-GAAC 8295
ASC. UG. 10. RT08	-G-	GG-G-A-C 8328
ASC. UG. 10. RT11	-G-	G-G-A-C 8289
COL. CM. x. CGU1	-G-	T-GC-CTTG--C-CTTTGCT--A- 8175
COL. UG. 10. BWC01	-G-	T-G-C-TGT-CTTTGCT--C- 7995
COL. UG. 10. BWC07	-G-	T-G-CGTGT-C-CTTTGCT--C- 8196
DEB. CM. 04. SIVdeb04CMPF3061	-G-	G--AACCTTT-T-GGAA 8668
DEB. CM. 99. CM40	G-	TTCTGGGGAA- 8571
DEB. CM. 99. CM5	G-	G--A-CACCT-TGCA-A 8498
DEN. CD. x. CD1 CM0580407	-G-	GTTACTG-AGC-TGAT-AG-AC--AGAAACCTTT-T-ATG-AGA--GAAATC-TC-ATC 8915
DRL. DE. 11. D3	-G-	CAGC-TAGATACTACTCT-T--A-C 8549
DRL. x. x. FA0	-G-	CAGC-TAGATACTACTC-T-TG--A-C 8633
GRV. ET. x. GRI 677_gri_1	-G-	AG-TAAATGA-TC--G-C 8787
GSN. CM. 99. CN166	G-	8771
GSN. CM. 99. CN71	G-	8771
LST. CD. 88. SIVlhoest447	-G-	8035
LST. CD. 88. SIVlhoest485	-G-	8035
LST. CD. 88. SIVlhoest524	-G-	8035
LST. KE. x. lho7	-G-	9110
MAC. US. x. 251 1A11	G-	GGGACAGAAAT-CAATCAG-A-C-GTACA--AATA-TC---GGA--A--CA-CTG--G-GA- 9302
MND. 1. GA. x. MNDGB1	G-	8378
MND. 2. CM. 98. CM16	G-	8909
MND. 2. GA. x. M14	G-	8838
MND. 2. x. x. 5440	G-	CGGG-T-TAA- 8557
MNE. US. x. MNE027	G-	GGGACAGAAAT-CAATCAG-G-C-GTTTA--AATA-TC---GGAA--A--CA-CTGG-G-GA- 8783
MON. CM. 99. L1 99CML1	G-	8788
MON. NG. x. NG1	G-	7413
MUS. 1. CM. 01. CM1239	G-	8749
MUS. 1. CM. 01. SIVmus 01CM1085	G-	8780
MUS. 2. CM. 01. CM1246	G-	8845
MUS. 2. CM. 01. CM2500	G-	8801
MUS. 3. GA. 09. 09Gab0181	G-	8378
MUS. 3. GA. 11. 11GABpts02	G-	8361
OLC. CI. 97. 97C112	G-	G-ACCAGCA.....AAAC--T-TG-C 8347
RCM. CM. 00. SIVagi 00CM312	-G-	8281
RCM. CM. 02. SIVrcm 02CM8081	-G-	8353
RCM. GA. x. SIVRCMGAB1	-G-	A-G-GGCAT-AC 8464
RCM. NG. x. NG411	-G-	8535
SAB. SN. x. SAB1	-G-	GCA--G--CTCCTCTA--A--A.....G-A- 9117
SMM. CI. 79. SIVsmCI2	G-	GGCAAACTTATT--AGGGG-A-TTTA--A-T-CT-C-T- 8429
SMM. LR. 89. SIVsmLIB1	G-	GCCACAAAGATACAATCAGGGAGACTT-G--A-T-CT-C-T- 8347
SMM. SL. 92. SIVsmSL92A	G-	GCA-AAATACAGCC--GGGGA-T-A--A-T-CC-CAT- 8379
SMM. SL. 92. SIVsmSL92B	G-	GGATGGATATAAAT-CAAT-T-GG--ATTTA--AACA-CC--GGA--A--CT-CT-C-G-AA- 8757
SMM. SL. 92. SL92B	G-	8578
SMM. US. 04. 0078	G-	GCAA--TTACAGT-AGGGAGATT-TA--A-T-CC-C-T- 8551
SMM. US. 05. D215	G-	G-GAGA-AGTTACAGTCAGGG--AGTTTA--A-T-CC-CCT- 8570
SMM. US. 06. FTQ	G-	GCC-CA-A--TATAAT-A-GGC-AGT--A--A-T-CC-CCT- 8552
SMM. US. 06. CFU212	G-	GCCTCAGAAAT-TTGT-AG-GTC-ATTCA--AATA-CC-T-GGA-GA--CA-C--C-G-A- 8795
SMM. US. x. H9	G-	GGGACAG-GAT-CAGT-AG-G-C-ATTCA--AACA-CC--GGA--A-T-CA-CT-G-G-GA- 9243
SMM. US. x. P0M53	G-	GCC-CA-AAATATAGT-AGGGA-A-T-TA--A-T-CC-CCT- 9290
SMM. US. x. PE660 CG7G	G-	GCCTCAGAGAT-TAAT-A--GTC-ATTTA--AATA-CC-T-GGAA-A--C--C-GC-G-AA- 8957
STM. US. 89. STM 37_16	G-	9181
SUN. GA. 98. L14	G-	C-CATCTTGGATCCCA-AG--AC.....T-T-CTCTGGG- 8461
SYK. KE. x. KE51	G-	CCCATTT-ACC--C-CG--CC-ACAG--AC-GG.....GGAC-TTCGGGA- 8771
SYK. KE. x. SYK173 COMGNM	G-	T-AA--ATGGCA--ACAG-A-C--ACTACATG 8691
TAL. CM. 00. 266	G-	T-A-GATGGCA---TCCGAC-CAAAATGGATG 8241
TAL. CM. 01. 8023	-G-	GAGGG-AAA-A-CA-CC-T.....G-A- 8930
TAN. UG. x. SIVagmTAN1	-G-	GAAGAG-A--G-TAAATGA-TC.....G-A- 8441
VER. DE. x. AGM3	-G-	GAAGAGGA--G-CAACATGA-TC.....G-A- 8943
VER. KE. x. 9063	-G-	GAAGAG-A--G-CAACATGA-TC.....G-A- 8943
VER. KE. x. AGM155	-G-	GAA-CA-A--G-CAACATGA-G-A.....G-G- 8904
VER. KE. x. TY01 patent	-G-	8923
WRC. CI. 97. 97C114	-G-	AGAAGACAG..... 8959
WRC. CI. 98. 98CI04	-G-	8923
WRC. GM. 05. Pbt 05GM_X02	-G-	7855

[illegible]

H1B.FR.83.HXB2
Nef
H10.CM.91.MVP5180
H1N.CM.95.YBF30
H1P.CM.06.U14788
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.TZ.00.TAN1
GOR.CM.07.SIVqorCP2135con

MAC.US.x.239
Nef
H2A.SN.86.ST_JSP4_27
H2B.CI.x.EH0
H2C.CI.92.AB26
H2D.CI.97.071C TNP3
H2E.CI.98.1264
ASC.UG.10.RT03
ASC.UG.10.RT08
ASC.UG.10.RT11
COL.CM.x.CG01
COL.UG.10.BWC01
COL.UG.10.BWC07
DEB.CM.94.SIVdeb04CMPF3061
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
DEN.CD.x.CD1.CM5080407
DRL.CE.11.DP3
DRL.x.x.FA0
GRV.ET.x.GRI 677 gri_1
GSN.CM.99.CN166
GSN.CM.99.CN71
LST.CD.88.SIVhoest447
LST.CD.88.SIVhoest485
LST.CD.88.SIVhoest524
LST.KE.x.lho7
MAC.US.x.251.IA11
MND.1.GA.x.MNDGB1
MND.2.CM.98.CM16
MND.2.GA.x.M14
MND.2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
MON.CM.99.L1.99CML1
MON.NG.x.NG1
MUS.1.CM.01.CM1239
MUS.1.CM.01.CM1235 01CM108
MUS.2.CM.01.CM1246
MUS.2.CM.01.CM2508
MUS.3.GA.09.096B0181
MUS.3.GA.11.11cGpT82
O1.CI.92.CM12
RCM.CM.00.SIVrnc 00CM31
RCM.CD.82.SIVrc 02CM8082
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1
RCM.NG.x.NG411
SAB.SN.x.SAB1
SAB.UG.10.SIVm8
SMM.LR.89.SIVmCL12
SMM.SL.92.SIVmSL7B1
SMM.SL.92.SIVmSL92A
SMM.SL.92.SIVmSL92B
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.05.0215
SMM.US.06.F1q
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.PE660.CG76
STM.CI.92.37.16
SUN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM
TAL.CM.00.266
TAL.CI.01.8023
TAN.UG.10.SIVmGTAN1
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.AGM155
VER.KE.x.AGM101 patent
VER.KE.x.AGM144
WRC.CI.98.98C104
WRC.GM.05.Pbt 05GM X02

[illegible]

[illegible]

	TCF-1 alpha binding	Nef end	
H1B.FR.83.HXB2	AGAGCTGCATCCGGAGTACTTCAAG		9417
Nef	L H P E F	AACTGCTGA	
H10.CM.91.MVP5180	GC-AAA-C-A-CT-CCCAAG.	N C A	
H1N.CM.95.YBF30	TT-A	A	9526
H1P.CM.06.U14788	-C-AAA-C-CTG-T-TTAA.	GA-A	9010
CPZ.CD.06.BF1167	-AGA-	-A-	9041
CPZ.TZ.09.TAN1	-AAGAT-	-A-	9640
GOR.CM.07.SIVgcrCP2135con	-C-AA-C-A-CTG-AGAGAA.	-A-	9130
		-A-	9037
	TCF-1 alpha binding	Nef end	
MAC.US.x.239	T-TTATAGT-C-A-A-AG-G-TGGAAGCAAGTCAGGCTGTGACAGGAAGAGGTTAGAAGAAAGCTAACCGAAGAGGC	CTC	9868
NeZ	V R Y P E E F G S K S G S E E E V R R R T A R G	L N M A D K K E T R	
H2A.SN.86.ST.JSP4.27	TATT-GAT-C-A-G-G-TGG-TACAAGTCAGGCTGTGACAGGTAAGTGAAGGCAAGACTGAAGACGAAGAGG	ATACGTTTAGC	
H2B.CM.x.EH0	CAGAG-TTC-A-G-TGG-TATCACTCAGATGCCCAAGAGGCTGGAAGCTAACTGAGAGCAAGAGGA	ATACCCTACA	
H2C.CI.92.07b1c	TATAT-T-G-G-G-TGGAAGTCAGGCTACCAAGACAGTATGTAAGAAAGAAACTAAACACAGAGAGA	CTGCTTATAGAA	
H2U.CI.07.ATTC TNP3	CATA-T-A-AG-G-TGGTAGTAAGTCAGGACTGCAGAGAAAGAGCTGAGCGCAAGAGGC	CTTTTGAACCTGGCTGACAAGAAAGAA-CTA	
H2U.FR.96.12034	TATTAA-TGC-A-AG-G-TGG-AGTAAGTCAGGCTGTGACAGGAAGAGTTAAGAGGAAGCTAACCGCAAGAGGC	CTCCAGTAAAG	
ASU.CU.10.RT83	G-CTGACA-GTT-GAC-GAAGCTCTTGGCTGGGCAAAAGACTCTTTCAACAGGAAGAGAC	AG	8866
COL.CM.06.RT08	G-CTGACA-GTT-GAC-GAAGCTCTTGGCTGGGCAAAAGACTCTTTCAACAGGAAGAGAC	AG	8866
COL.CM.10.RT11	G-CTGACA-GTT-GCC-GAAGCTCTTGGCTGGGCAAAAGACTCTTTCAACAGGAAGAGAC	AG	8857
COL.US.x.CGU1	G-CTTGAAGTCTTGTGAGGCTGTCAAGCAGGAAGAAAGAAACACAAACAG	GTGCGCATAGAGATGGTGGG	
COL.UG.10.BWC01	G-GATGCTCTCTGCGCATATAACAAACAGGAAGAAAGAAACCGCAGCAGCAGC	GTGCGCTGGACCGGCTTGCTATGAAACACCAAC	
COL.UG.10.BWC07	G-CCGAGCTTTGCTTTTAAAGCCTGGTGTCTAAGAAAGAAACAGGATGCGCAACCGCAGCAGCGTGGCATGGAGATGAGACCTGGG	A	8443
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061	CC-TGAAGC-ATACTA-AGAG-CACATACATAGAGATGATGTATCTTAAAGGAAG	AG	8644
DEB.CM.99.CM69	CT-GCAAC-CATACATAGAGATGATGTATCTTAAAGGAAG	AG	9197
DEB.CM.94.CMS	C-TGAAGCC-ATA-ACCA-G-C-TAACAACAGAGATGATGTATCTTAAAGGAAG	AG	9094
DEN.CD.x.CD1.CM0580407	-GC-ATA-GAA-CTTC-AACCTTACAGCATATAAACAATCTGCCAGAGAGCTAAGCCCGAAG	AG	9024
DRL.DE.11.D3	TATT-AC-A-G-G-GGACATGTTTACAAGTATAAAGCATGATAAGAAAGAAAGCAGATGTTTGAAGAGGAAGTGGTGGCAG	AGCCTAACCGCAAAACCATCT	
DRL.x.x.FA1	TATT-AC-A-G-G-TGGACATGTATAAAGTATAAAGTCA-GTA-GAAGAGCAGGTTGTTGCAAGAGGAAGTGGTGGCAGTCAAGCAACGACAAGGTTGTGATG	GACAAC	
GRV.ET.x.GRI.677.gri.1	CAT-TA-GGACAT-GAAG-TGCAAGC	AG	9270
GSN.CM.99.CN166	C-A-TG-A-C-G-GGAGCG-GAAGCGCCCTAACCGCAAAACCGTCTCTTA	AG	9284
GSN.CM.99.CN71	GA-C-A-TG-A-C-G-GGAGCG-GAAGAGCGCTTAACCGCAAAACCGTCTCTTA	AG	9280
LST.CD.88.SIVh0est447	CAGAAAA-A-TA-AAG-A-AC-AGCATCAGTATTTGGTCT-GCAGAGGAAG	AG	8468
LST.CD.88.SIVh0est485	CAGAAAA-A-TA-A-AC-AGCATCATCTCTTATGCTGAAGTGTGAAGGAAG	AG	8493
LST.CD.88.SIVh0est524	GAGAAA--A-A-CAAGTG-T-AGCAAGCTGCTAGAGATTTAAGCTCGAGAGGAAG	AG	8496
M.CM.10.L11	GA-AAA-CT-C-A-GC-AAATAGTCTGCTTTGACAGAGGAAG	AG	9346
MND.US.x.251.1A11	T-TTATAGT-C-A-AG-G-TGGAAGCAAGTCAGGCTGTGACAGGAAGAGGTTAGAAGAAAGGCTAACCGCAAGAGGCCTCTTAAACATGGCTGACAAGAAAGAAACATAGA	A-CATATCACCCTGAGTGTTCAATAAGGCTAAGAGTATGAACATCTGCC	
MND.1.GA.x.MND6B1	CATAAA-AGA-A-GTG-A--CATGTG--CAAAGCATCAGCCATCTGCTTATGTCTAAG--GAGCATACCGAGGAGTCTGCAAGAGGAAGTGGTGGCAGT	AG	8863
MND.2.CM.98.CM16	CATAAAATGC-AA-G-A-A-G-CATGTT--ACAAGCTCTCTTAT--ACTGCTTACAGGAAGAAATCAGACGCTGCAAGAGGAAGTGGTGGC-G-T	AG	9350
MND.2.x.x.M14	TATAA-TAGG-TAAGTGTGATAGCTTGAAGTATGAGCTTACAGAGCTGGAAGAAAGCTGCTACTGTGCAAGAGGAAGTGGTGGCAGT	AG	9495
MND.2.x.x.M14	TAAGTGTGAT-C-A-AG-TGGAAGCAAGTCAGGCTGTGACAGGAAGAGCTTGAAGAGAGGCTTAACCGCAAGGC-CTCTTAAATAGGCTGACAGAAGGA-CTA	AG	9306
MON.CM.99.L1.99CM11	--CA-A-T-T-A-C-AG-GGAGCG-GAAGAGCGCTTAGCCGCAAAACCGCATCTCTA	AG	9130
MON.NG.x.NG1	--TGA-TTA-A-C-AG-GAAGCG-AAGAGGCGCTTAACCGCAAAACCGCATCTCTA	AG	7943
MUS.1.CM.01.CM1239	--T-AAATA-A-C-AG-GAAGCG-AAGAGGCGCTTAACCGCAAAACCGCATCTCTA	AG	9246
MUS.1.CM.01.SIVmus.01CM1085	-C-AAATG-A-C-G-GGAGCG-AAGAGGCGCTTAGCCCAAAACCATCTCTA	AG	9277
MUS.1.CM.01.CM1239	TA-C-ATG-C-AG-GAAGCG-AAGAGGCGCTTAGCCCAAAACCGCATCTCTA	AG	9277
MUS.2.CM.01.CM2500	-A-C-A-ATG-A-C-G-GGAGCG-AAGAGGCGCTTAGCCCAAAACCGCATCTCTA	AG	9346
MUS.3.GA.09.096b0D181	T-T-A-T-A-T-A-C-AG-GGAGCG-AAGAGGCGCTTAACCGCAAAACCGCATCTCTA	AG	9315
MUS.3.GA.11.116b0Pts02	--C-A-T-A-C-AG-GAAGCG-AAGAGGCGCTTAACCGCAAAACCGCATCTCTA	AG	8875
OLC.CI.97.97CI12		AG	8858
RCM.CM.09.SIVag1.90CM312	TAGA-C-T-T-TGGAGAGAGA-AAGAACAAGACCCAG	A	8678
RCM.CM.09.SIVag1.90CM312	TAGA-C-A-G-TGGAGAGAGA-AAGAACAAGACCCAG	A	8902
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1	TAGA--A-A-T-TGG-GAAAGG-AAGAACAAGACCCAG	A	9000
RCM.NG.x.NG411	TAGA--T-T-TGGAGAGAGA-AAGAACAAGACCCAG	A	9084
SAB.CN.x.SAB1	GAG--C-A-C-GG-CC-TCAGCA-CAAGGC	A-CCACAAAACCATCTCTAGGATTTGTATGGTATGACATTA	
SMH.SI.79.SIVsmC12	CATAAGAT-C-T-AG-G-TGGTTCAGTCAAGTCAGGCTGTGACAGGATGAGGTTAAGAAAGAGCTTAACCGCAAGAGGCCTTTTGAATAGGCTGACAAGAAAGAAATAGC	AG	9017
SMH.LR.99.SIVsm1.B1	T-TTATAGT-C-A-AG-G-TGGTGTAGTCAAGTCTTGAAGTATGAGTGAAGAGAGGCTTGAAGAGAGGCTTAAATAGAGTCTGACAGAGAAAGTGAAGAGAGG	AG	9149

		NF-κ-B-II	NF-κ-B-I
H1B.FR.83.HXB2CATCGAGCTTGCTACAA.....GGGACTTTTCGCTG.....GGGAC 9453
H10.CM.91.MVP5180CT--CAC--AG.....TGGC-- 9568
H1N.CM.95.YBF38AAGCTGCTG-CACTGCA.....A-TGCTGACAA.....CTTGGGACTTTCCGCCA 9563
H1P.CM.06.U14788AAGCTG-CACTGCA.....A-GG-A.....CGGAAGTCCCGAGGCGGAACAAAGGGAGG..... 9521
CPZ.CD.06.BF1167TC.....AGA.....ACGAGGGGA-TGG 9432
CPZ.TZ.00.TAN1TGACACTGC.....AA.....AT-G 9423
GOR.CM.07.SIVgorCP2135conAT..... 9145
		NF-κ-B-II	NF-κ-B-I
MAC.US.x.239-A-AGCA.....-A-AAG.....-A 9894
H2A.SN.86.ST JSP4_27	AGTAACCTAACAGAAAACAGCTG.....AGAA.....-G 9411
H2B.CI.x.EH0	GCATAGAGAAGGAACCTAGC.....TGATACTGC-.....AGAA..... 9863
H2G.CI.92.Abt96AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AG-A..... T-G 9432
H2U.CI.07.071C TNP3AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....A-CAG..... A-GA 9423
H2U.FR.96.12034AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AG-TG..... 8881
ASC.UG.10.RT03AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AG-TG..... 8905
ASC.UG.10.RT08AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AG-TGCC..... 8874
ASC.UG.10.RT11AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....T-C..... 8639
COL.CM.x.C0U1AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....G..... 8479
COL.UG.10.BWC01AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....C-GCTGTTA..... 8680
COL.UG.10.BWC07AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....T..... 9228
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061	CACATCCTATGCAAGGTCTA.....A.....A..... 125
DEB.CM.99.CM40	ACATCCTACAGCAGCGCCCG.....A.....A..... 9056
DEB.CM.99.CM5	GCATCCTCTTGAGAGAGCC.....A.....A..... CA- 9506
DEN.CD.x.CD1 CM0580407AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....A..... 9101
DRL.DE.11.D3AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....A..... 9270
DRL.x.x.FA0AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....A..... 9308
GRV.ET.x.GRI 677_gri_1	CGGTT.....A.....A..... TT 9282
GSN.CM.99.CN166AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....A..... 8533
LST.CD.88.SIVlhoest447	AC.....A.....A..... 8536
LST.CD.88.SIVlhoest485	AC.....A.....A..... 8539
LST.CD.88.SIVlhoest524	ACC.....A.....A..... 8535
LST.KE.x.lho7	ACCGGGCTAGCGCATGCGCAATG.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 8635
MAC.US.x.251_1A11AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 8894
MND-1.GA.x.MNDGB1	ATTTTGGAGAGGAAGTAG.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 8974
MND-2.CM.98.CM16AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 9505
MND-2.GA.x.M14AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 9440
MND-2.x.x.5440AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 9189
MNE.US.x.MNE027AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... GA 9371
MON.CM.99.L1_99CML1AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 9320
MON.NG.x.NG1AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... TT 7957
MUS-1.CM.01.CM1239AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... T- 9260
MUS-1.CM.01.SIVmus_01CM1085AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... T- 9291
MUS-2.CM.01.CM1246AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... T- 9356
MUS-2.CM.01.CM2500AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 9315
MUS-3.GA.09.09gab0181AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... T- 8889
MUS-3.GA.11.11gabPts02AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... TT 8872
OLC.CI.97.97C112AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 8678
RCM.CM.00.SIVag1_00CM312	GA-GAA-CTGTAAACAC-GAA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 8889
RCM.CM.02.SIVrcm_02CM0801	T-AGA-CTGTGAGAC-GAA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 8962
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 9053
RCM.NG.x.NG411AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 9144
SAB.SN.x.SAB1AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... AG 9673
SMM.CI.79.SIVsmCI2AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 9029
SMM.LR.89.SIVsmLI81AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... A 8942
SMM.SL.92.SIVsmSL92AAAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 8969
SMM.SL.92.SIVsmSL92BAAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 7460
SMM.SL.92.SL92BAAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... -G 9352
SMM.US.04.G078AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 9157
SMM.US.05.D215AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 9128
SMM.US.06.Ft0AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 9149
SMM.US.06.CFU212AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 9130
SMM.US.x.H9AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... -GA 9378
SMM.US.x.PGM53AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... -GA 9832
SMM.US.x.pE660_CG76AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 9891
STM.US.89.STM_37_16AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... -G 9548
SUN.GA.98.L14AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 9667
SVK.KE.x.KE51AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 9068
SVK.KE.x.SYK173_COMGNMAAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... CCCT 9340
TAL.CM.00.266AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 9229
TAL.CM.01.8023AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 8780
TAN.UG.x.SIVagmTAN1AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 9493
VER.DE.x.AGM3AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 9013
VER.KE.x.9063AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 9513
VER.KE.x.AGM155AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 9494
VER.KE.x.TY01_patentAAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 9477
WRC.CI.97.97C114AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 9461
WRC.CI.98.98CI04AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA..... 8387
WRC.GM.05.Pbt_05GM_X02AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....AAGCTG-CACTGCA.....

NF-κB-I										SpI-III										SpI-II										SpI-I										TATA box										3' LTR U3 end										TAR element start										3' LTR repeat start									
H1B.FR.83.HXB2	TTTCCAGGGAGGGCGTG																				GCTCGGCGGGACT.GGGG.AGTGGC.GAGCCCTCAG.ATCCT.										GCATATAAGCAG..CTGC										TTTTTGC.CTGT..ACTGGG..TCTCTC..TGGTTAGA.CCAGAT.CTGA										9565																												
H1N.CM.93.MVPS180	T.GT										AGCGTGGAGGGGATAAGG..C..GG..TC..G..A..TT..A..G..										A..C..										C..T..C..										TAG..TAG..C..G..G..TA..										9164																												
H1N.CM.95.YBF30																															A..C..										C..T..C..										C..T..C..										9195																		
H1P.CM.06.U14788	A..																														A..C..										C..T..C..										C..T..C..										9195																		
CPZ.CD.06.BF1167	TATGGAGTGGTTAGGGGGTGGCTT																														A..										G..T..G..A..										G..T..G..A..										9760																		
CPZ.T2.00.TAN1	G..AAA..T..										TGTGGTGGTTA.TG..C..GGACA..G..TTTT..G..GCTAG..										G..T..G..A..										G..T..G..A..										G..T..G..A..										9252																												
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	G..AAA..T..										CCCCGAGGGG.GAAGT.G..A..GAGCA..G..TTTT..A..CTC..G..AG..										G..T..G..A..										G..T..G..A..										G..T..G..A..										9176																												
NF-κB-I																														TATA box										3' LTR U3 end										TAR element start										3' LTR repeat start																			
MAC.US.x.239	G..TA..										CGGGGAG.TACT..G..A..G..AGCC..TC..G..AAC..CC..A..TTC..T..G..										ATG..AT..TCA..										A..CGCTC..ATTCA..TC..G..GC..GGA..AGGCTGG..										TGAGI0010																																						
H2A.SN.86.S2.JSP4.27	G..TACC..										AGGGGAG.GACAT..G..A..G..AGCC..TG..G..AAC..CC..T..AT..CTT..T..										T..A..T..T..C..C..TAC..CGCAT..ATTCA..TC..G..GC..GGA..AGGCTGG..										TGAGI0010																																																
H2B.CI.01.EHO	G..AACA..										GTGGGAG..GACAT..G..A..G..AGCA..G..AG..AACA..CC..ATCA..AC..T..										T..A..T..T..C..C..TAC..CGCAT..ATTCA..TC..G..GC..GGA..AGGCTGG..										TGAGI0010																																																
H2C.CI.92.Abt96	G..AACA..G..AG..										GTA..AT..G..AGACT..TT..G..AAGC..G..CAA..T..CT..T..A..TAT..										A..A..CGCTC..ATTCA..TC..G..GC..GGA..AGGCTGG..										TGAGI0010																																																
H2U.CI.07.07IC.TNP3	G..AACA..G..A..										G..TACAT..G..T..G..A..CT..G..A..AAGC..TAA..A..T..CT..T..A..TA..A..C..TC..GCAT..ATTCA..TC..G..GC..GGA..AGGCTGG..										TGAGI0010																																																										
H2U.FR.96.12034	GG..AACA..G..AG..										AGCAA..G..A..GAGCCA..TG..G..AAGC..TCAA..GA..CT..T..A..T..T..C..C..TC..GCAT..ATTCA..TC..G..GC..GGA..AGGCTGG..										TGAGI0010																																																										
ASC.UG.10.RT03																																																																															
ASC.UG.10.RT08																																																																															
ASC.UG.10.RT11																																																																															
COL.CM.x.CGU1	A..TT..GAG..										A..CT..G..C..GAGG..AA..GGCGT..GCTA..A..GCIT..T..A..TCAG..AGC..CGAGAGCT..CGAGG..																																																																				
COL.UG.10.BWC01	A..TT..GAG..										G..CT..G..C..GAGG..A..AGGCGT..CTGCT..AAATGC..TT..T..A..C..A..G..GCCTTGAAGAGCCTTCGA..GCTGGA..TTAGAAGCTCTTGCT..GCT..CA..T..GC..CTG..																																																																				
COL.UG.10.BWC07	CA..T..GCG..										AGG..AAG..C..T..CC..GCTTCTCG..A..GT..T..A..C..A..G..GCCTTGAAGAGCCTTCGA..GCTGGA..TTAGAAGCTCTTGCT..GCT..CA..T..GC..CTG..																																																																				
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061	GTTGCTAAGGAGACATCGGCAACTGAGGAG..										G..CT..G..C..GAGG..AA..GGCGT..GCTA..A..GCIT..T..A..TCAG..AGC..CGAGAGCT..CGAGG..																																																																				
DEB.CM.99.CM5	GTTGCTAAGGAGACATCGGCAACTGAGGAG..										G..CT..G..C..GAGG..AA..GGCGT..GCTA..A..GCIT..T..A..TCAG..AGC..CGAGAGCT..CGAGG..																																																																				
DEN.CD.x.CD1.CM0580407	CC..GGGC..C..										GTAGTCAAGGAGACTCATGGT..TACAGGGGAG..GACT..GC..TAC..G..TTTG..GCTGT..A..										A..T..A..										A..T..A..																																																
DRL.DE.11.D3											AGGTCAT..T..G..TTGGG..A..TCTG..CT..G..A..										A..T..G..										A..T..G..																																																
GRV.X.x.GRI.677.gri_1	CA..T..G..										TGAGTCGGAGGCG.TACA..G..G..GTAT..T..G..TTTC..AG..G..TG..										A..A..										A..A..																																																
GSN.CM.99.CN166	ACCATGACT..C..G..GCCCGTTGCTGAGGCAACCGGGGCGGACTCGTGGGAGGAGCTG..AGG..C..G..TCTA..CGCTAT..A..										A..A..AC..C..AG..GACTCT..GGAGTC..T..AC..A..GACTA..C..A..A..																																																																				
GSN.CM.99.CN71	ACCATGACT..C..G..GCCCGTTGCTGAGGCAACCGGGGCGGACTCGTGGGTTGGAGCTG..AGG..C..G..TCTA..CGCTAT..A..										A..A..AC..C..AG..GACTCT..GGAGTC..T..AC..A..GACTA..C..A..A..																																																																				
LST.CD.88.SIVlhoest447											A..CGGG..A..G..T..T..A..T..G..										A..A..										A..A..																																																
LST.CD.88.SIVlhoest485											A..CGGG..A..G..T..T..A..T..G..										A..A..										A..A..																																																
LST.CD.88.SIVlhoest524											A..CGGG..A..G..T..T..A..T..G..										A..A..										A..A..																																																
LST.KE.x.lho7	G..TG..										A..CGGG..A..G..T..T..A..T..G..										A..A..										A..A..																																																
MAC.US.x.251.IA11	G..TA..										CGGGGAGGTAAGTGG..A..G..AGCC..TC..G..AACCC..A..TTC..T..G..										ATG..AT..TCA..										A..GCTA..AGTCA..TC..G..GC..GGA..AGGCTGG..										TGAGI0005																																						
MMD.1.GA.x.MNDGB1	T..CA..ACT..A..										AAA..CAGG..A..GG..A..TCG..CA..TG..TG..										CT..A..										A..CGCT..T..G..AG..ACTACA..AGGCTAA..										9063																																						
MMD.2.CM.98.CM16	T..CA..ACT..A..										AAA..CAGG..A..GG..A..TCG..CA..TG..TG..										CT..A..										A..CGCT..T..G..AG..ACTACA..AGGCTAA..										9063																																						
MMD.2.CM.98.CM16	T..CA..ACT..A..										AAA..CAGG..A..GG..A..TCG..CA..TG..TG..										CT..A..										A..CGCT..T..G..AG..ACTACA..AGGCTAA..										9063																																						
MMD.2.x.x.5440	T..CA..ACT..A..										AAA..CAGG..A..GG..A..TCG..CA..TG..TG..										CT..A..										A..CGCT..T..G..AG..ACTACA..AGGCTAA..										9063																																						
MNE.US.x.MNE0271	G..										ATGGGGG..TACT..G..A..G..AGCT..TC..G..AACCC..A..TTC..T..G..										ATG..AT..TCA..										A..CGCTC..ATTCA..TC..G..GC..GGA..AGGCTGG..										TGAGI0010																																						
MON.CM.99.L1.99CML1	ACCATGACT..C..G..GCCCGTTGCTGCGGCAAC..GGGCGGTCCAAAGGACTTG..T..T..GACCC..G..										T..G..TCTG..T..T..G..										CA..A..AC..C..AG..ATCTCT..GGAGTC..T..TCT..CACA..GC..G..										9448																																																
MON.NG.x.NG1	GCC.TGACT..C..G..GCCCGTTGCTGCGGCAAC..GGGCGGTCCAAAGGACTTG..T..T..GACCC..G..										T..G..TCTG..T..T..G..										CA..A..AC..C..AG..ATCTCT..GGAGTC..T..TCT..CACA..GC..G..										9448																																																
MUS.1.CM.01.SIVmus01CM1239	ACCATGACT..C..G..GCCCGTTGCTGCGGCAAC..GGGCGGTCCAAAGGACTTG..T..T..GACCC..G..										T..G..TCTG..T..T..G..										CA..A..AC..C..AG..ATCTCT..GGAGTC..T..TCT..CACA..GC..G..										9448																																																
MUS.1.CM.01.SIVmus01CM1085	ACCATGACT..C..G..GCCCGTTGCTGCGGCAAC..GGGCGGTCCAAAGGACTTG..T..T..GACCC..G..										T..G..TCTG..T..T..G..										CA..A..AC..C..AG..ATCTCT..GGAGTC..T..TCT..CACA..GC..G..										9448																																																
MUS.2.CM.01.CM1246	ACCATGACT..C..G..GCCCGTTGCTGCGGCAAC..GGGCGGTCCAAAGGACTTG..T..T..GACCC..G..										T..G..TCTG..T..T..G..										CA..A..AC..C..AG..ATCTCT..GGAGTC..T..TCT..CACA..GC..G..										9448																																																
MUS.2.CM.01.CM2500	ACCATGACT..C..G..GCCCGTTGCTGCGGCAAC..GGGCGGTCCAAAGGACTTG..T..T..GACCC..G..										T..G..TCTG..T..T..G..										CA..A..AC..C..AG..ATCTCT..GGAGTC..T..TCT..CACA..GC..G..										9448																																																
MUS.2.GA.09.99GAB0I81	AC..ATGACT..C..G..CTGTTGCTGAGGCAACCGGGGCGGACTCGTGGGTTGGAGCTG..AGGAGC..G..										T..G..TCTG..T..T..G..										CA..A..AC..C..AG..ATCTCT..GGAGTC..T..TCT..CACA..GC..G..										9448																																																
MUS.2.GA.09.99GAB0I81	ACCATGACT..C..G..CTGTTGCTGAGGCAACCGGGGCGGACTCGTGGGTTGGAGCTG..AGGAGC..G..										T..G..TCTG..T..T..G..										CA..A..AC..C..AG..ATCTCT..GGAGTC..T..TCT..CACA..GC..G..										9448																																																
OLC.CI.97.97CI12	A..										ACGT..GAG..GT..TTG..TCCT..G..										GC..T..A..TCA..CTTG..AG..CTG..M..										8678																																																
RCM.CM.00.SIVagi00CM312	A..										ACGT..GAG..GT..TTG..TCCT..G..										GC..T..A..TCA..CTTG..AG..CTG..M..										8678																																																
RCM.CM.02.SIVrcm02CM80881	A..										ACGT..GAG..GT..TTG..TCCT..G..										GC..T..A..TCA..CTTG..AG..CTG..M..										8678																																																
RCM.GA.x.SIVrcmGAB1	G..GA..AC..TGGGA..G..TCAG..TCCT..G..										A..A..G..C..CT..A..AAG..G..										A..A..G..C..CT..A..AAG..G..										9160																																																
RCM.NG.x.NG411	G..GA..AC..TGGGA..G..TCAG..TCCT..G..										A..A..G..C..CT..A..AAG..G..										A..A..G..C..CT..A..AAG..G..										9160																																																
SAB.SN.x.SAB1	GGTGGA..TG..C..GTAT..T..G..TTG..CGT..CT..G..CA..										T..A..TAA..CTG..CT..GACTC..AT..TCTA..TC..G..GC..GGA..AGGCTGG..										TGAGI0010																																																										
SHM.CI.79.SIVsmC12	CGGGGAGGTAAGCACTGGGA..GA..CAAG..AGGGGCT..TG..G..AAC..GC..A..ATAATCT..T..A..TAA..CTG..CT..GACTC..AT..TCTA..TC..G..GC..GGA..AGGCTGG..										TGAGI0010																																																																				
SHM.LR.89.SIVsmL1B1	CAAGGGGCTGTAA..ATGGGA..GTACTG..AGGGCT..TG..G..AAC..GC..A..ATAATCT..T..A..TAA..CTG..CT..GACTC..AT..TCTA..TC..G..GC..GGA..AGGCTGG..										TGAGI0010																																																																				
SHM.SL.92.SIVsmSL92A	AAAGGGGCTGTAA..ATGGGA..GTACTG..AGGGCT..TG..G..AAC..GC..A..ATAATCT..T..A..TAA..CTG..CT..GACTC..AT..TCTA..TC..G..GC..GGA..AGGCTGG..										TGAGI0010																																																																				
SHM.SL.92.SIVsmSL92B	G..A..A..G..										AGGAGTCT..GC..GGGAA..C..G..AACG..CT..AAC..TG..TAG..AT..TAC..T..T..GCGCTG..ATTCA..TC..G..AC..GGA..AGGCTG..										AGAGI0010																																																										
SHM.US.04.G078											AGGAGTCT..GC..GGGAA..C..G..AACG..CT..AAC..TG..TAG..AT..TAC..T..T..GCGCTG..ATTCA..TC..G..AC..GGA..AGGCTG..										AGAGI0010																																																										
SHM.US.05.D215											AGGAGTCT..GC..GGGAA..C..G..AACG..CT..AAC..TG..TAG..AT..TAC..T..T..GCGCTG..ATTCA..TC..G..AC..GGA..AGGCTG..										AGAGI0010																																																										
SHM.US.06.FT0											AGGAGTCT..GC..GGGAA..C..G..AACG..CT..AAC..TG..TAG..AT..TAC..T..T..GCGCTG..ATTCA..TC..G..AC..GGA..AGGCTG..										AGAGI0010																																																										
SHM.US.06.CF1212											AGGAGTCT..GC..GGGAA..C..G..AACG..CT..AAC..TG..TAG..AT..TAC..T..T..GCGCTG..ATTCA..TC..G..AC..GGA..AGGCTG..										AGAGI0010																																																										
SHM.US.x.H9	G..TA..										GGGGAG..TTCT..G..A..G..AGCT..C..TG..AAC..CC..A..T..TTC..T..										T..A..TA..A..A..CGCTC..ATTCA..TC..G..GC..GGA..AGGCTGG..										TGAGI0010																																																
SHM.US.x.PGM53	G..TAC..										CGGGGAG..TACT..G..A..G..AGCT..C..TG..AAC..CC..A..T..TTC..T..										T..A..TA..A..A..CGCTC..ATTCA..TC..G..GC..GGA..AGGCTGG..										TGAGI0010																																																
SHM.US.x.PE660.CG7G	G..AACA..										C..AAGGGGCTGTCA..TGGGGAG..TACT..G..A..G..AGCT..CT..G..AAC..CC..T..T..TTC..T..										T..A..TA..A..A..CGCTC..ATTCA..TC..G..GC..GGA..AGGCTGG..										TGAGI0010																																																
STM.US.89.STM.37.16											GGGGAGTA..TG..G..A..AAGT..TG..G..AAC..CC..T..T..TTC..T..										T..A..TA..A..A..CGCTC..ATTCA..TC..G..GC..GGA..AGGCTGG..										TGAGI0010																																																
SUN.GA.98.114.3											GGGGAGTA..TG..G..A..AAGT..TG..G..AAC..CC..T..T..TTC..T..										T..A..TA..A..A..CGCTC..ATTCA..TC..G..GC..GGA..AGGCTGG..										TGAGI0010																																																
SYK.KE.x.KE51	ACT..										CATAAAAGCCG..ATGC..TC..TGTAAGTATCC..CG..A..TTCGAATCA..										GCT..TCTCC..G..CCT..GGG..AGCCCTGAGA..ACTGA..A..AGGCGC..C..GGGA..CTATC..T..GCTC..										9438																																																
SYK.KE.x.SYK173.COMNGM	ACT..										CATAAAAGCCG..ATGC..TC..TGTAAGTATCC..CG..A..TTCGAATCA..										GCT..TCTCC..G..CCT..GGG..AGCCCTGAGA..ACTGA..A..AGGCGC..C..GGGA..CTATC..T..GCTC..										9438																																																
TAL.CM.00.266	CGTTGCTAAGGCAACCGGGGAGGACTGGGGCG..GGA..C..G..GAGTT..G..TTG..A..										A..A..										C..G..AG..										9338																																																
TAL.CM.01.8023	CGTTGCTAAGGCAACCGGGGAGGACTGGGGCG..GGA..C..G..GAGTT..G..TTG..A..										A..A..										C..G..AG..										9338																																																
TAN.CI.97.SIVgmnTAN1	CGTTGCTAAGGCAACCGGGGAGGACTGGGGCG..GGA..C..G..GAGTT..G..TTG..A..										A..A..										C..G..AG..										9338																																																
VER.DE.x.AGM3	GGGGGAGTA..TG..G..A..AAGT..TG..G..AAC..CC..T..T..TTC..T..										T..A..TA..A..A..CGCTC..ATTCA..TC..G..GC..GGA..AGGCTGG..										TGAGI0010																																																										
VER.KE.x.9063	GGGGGAGTA..TG..G..A..AAGT..TG..G..AAC..CC..T..T..TTC..T..										T..A..TA..A..A..CGCTC..ATTCA..TC..G..GC..GGA..AGGCTGG..										TGAGI0010																																																										
VER.KE.x.AGM155	GGGGGAGTA..TG..G..A..AAGT..TG..G..AAC..CC..T..T..TTC..T..										T..A..TA..A..A..CGCTC..ATTCA..TC..G..GC..GGA..AGGCTGG..										TGAGI0010																																																										
VER.KE.x.TY01.patent	A..C..										GACATC..G..GTAC..G..TTTA..G..TTTA..G..										A..A..										A..A..										9604																																						
WRC.CI.97.97CI12	A..C..										GACATC..G..GTAC..G..TTTA..G..TTTA..G..										A..A..										A..A..										9604																																						
WRC.CI.98.98CI04	A..C..										GACATC..G..GTAC..G..TTTA..G..TTTA..G..										A..A..										A..A..										9604																																						
WRC.GM.05.PBT.05GM.X02	TCCGCTAGCTGTGTACCAACGGGACTTA..										ACAT..G..C..GTCC..G..TTTA..G..TTTA..G..										A..A..										A..A..										9484																																						
WRC.GM.05.PBT.05GM.X02	TCCGCTAGCTGTGTACCAACGGGACTTA..										ACAT..G..C..GTCC..G..TTTA..G..TTTA..G..										A..A..										A..A..										9484																																						
WRC.GM.05.PBT.05GM.X02	TCCGCTAGCTGTGTACCAACGGGACTTA..										ACAT..G..C..GTCC..G..TTTA..G..TTTA..G..										A..A..										A..A..										9484																																						

H1B.FR.83.HXB2	GCCTGGGAG. CTCTCTGGC...TAA...CTAG	TAR element end	
H10.CM.91.MVP5180C.....C.....CTGGAACCC.....ACTGCTTAA	9606
H1N.CM.95.YBF30	-T-----ATAT---GCT-----G-----	9722
H1P.CM.86.U14788CTAAGCA-----G-----AAA	9182
CPG.CO.06.BF1167ATCT-AACCTGGG.AGTTCTCTGGTAGTCAGGGCATGAGACCACTGCTT.AACGCTC	9238
CPZ.TZ.08.TAN1G-----G-CTGGCTA-AG-----G-----	9815
GOR.CM.07.SIVgorCP2135conCTTAGCA-----G-----	9297
MAC.US.x.239	C-----GT-----TGCA-----G-----	9216
H2A.SN.86.ST.JSP4_27	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	10098
H2B.CI.x.EH0	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9616
H2G.CI.92.Abt96	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	10067
H2U.CI.07.071C.TNP3	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9526
H2U.FR.96.12034	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9540
ASC.UG.10.RT03	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9607
ASC.UG.10.RT08	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	8881
ASC.UG.10.RT11	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	8905
COL.CM.x.CGU1	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	8874
COL.UG.10.BWC01	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	8728
COL.UG.10.BWC07	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	8688
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	8733
DEB.CM.99.CM40	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9265
DEB.CM.99.CM5	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9227
DEN.CO.x.CD1.CM0580407	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9158
DRL.DE.11.P3	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9656
DRL.x.x.FA0	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9101
GRV.ET.x.GRI.677.gri_1	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9537
GSN.CM.99.CN166	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9500
GSN.CM.99.CN71	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9414
LST.CO.88.SIVlhoest447	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9410
LST.CO.88.SIVlhoest485	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	8588
LST.CO.88.SIVlhoest524	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	8589
LST.KE.x.lho7	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	8594
MAC.US.x.251.IA11	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9800
MND-1.GA.x.MNDGB1	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9118
MND-2.CM.98.M16	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9152
MND-2.GA.x.M14	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9518
MND-2.x.x.5440	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9529
MNE.US.x.MNE027	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9431
MON.CM.99.L1.99CML1	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9575
MON.NG.x.NG1	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9448
MUS-1.CM.01.CM1239	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	8221
MUS-1.CM.01.SIVmus_01CM1085	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9508
MUS-2.CM.01.CM1246	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9420
MUS-2.CM.01.CM2500	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9484
MUS-3.GA.09.09gab0181	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9430
MUS-3.GA.11.11gabPts02	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9196
OLC.CI.97.97CI12	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9182
RCM.CM.00.SIVagi_00CM312	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	8678
RCM.CM.02.SIVrcm_02CM8081	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9108
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9184
RCM.NG.x.NG411	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9184
SAB.SN.x.SAB1	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9273
SMM.CI.79.SIVsmCI2	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9365
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9880
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9147
SMM.SL.92.SIVsmSL92B	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9155
SMM.SL.92.SI92B	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9086
SMM.US.04.G078	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	7460
SMM.US.05.D215	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9558
SMM.US.06.FTq	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9157
SMM.US.06.CFU212	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9128
SMM.US.x.H9	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9149
SMM.US.x.PGM53	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9130
SMM.US.x.pE660.CG7G	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9581
STM.US.89.STM_37_16	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	10035
SUN.GA.98.L14	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	10102
SVK.KE.x.KE51	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9752
SVK.KE.x.SVK173_COMGNM	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9847
TAL.CM.00.266	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9068
TAL.CM.01.8023	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9523
TAN.UG.x.SIVagmTAN1	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9338
VER.DE.x.AGM3	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	8845
VER.KE.x.9063	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9664
VER.KE.x.AGM155	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9189
VER.KE.x.TY01.patent	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9899
WRC.CI.97.97CI14	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9670
WRC.CI.98.98CI04	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9653
WRC.GM.05.Pbt_05GM_X02	C-----GT-----CCAGC-CTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTG	9484
	CA--T--CCTAG--CTTGGTGCTGAGTGGTGGTCCCACCTTGGCCAAGAGACT-AG-TAGGAG	CTGACCACGCTT-CTTGTAGGGTGT-TGCA-G-T	8636

		Poly-A signal	3' LTR R repeat end	3' LTR U5 start	
H1B.FR.83.HXB2	GCCTC.....AATAAAG.....CTTGCC.....	TTGAG..TG.CTTCAA.GTAGTG..	TGTGCCCCGTC.TG.TT..GTG.TGACTCT...GGT...AA.	9672
H10.CM.91.MVP5180	CG.....	AGAAAG-GTGT--	CTCATCTGTTCAACCTGGTGTCTAGAGA--	9792
H1N.CM.95.YBF30	9182
H1P.CM.86.U14788	9238
CPZ.CD.86.BF1167	9892
CPZ.TZ.88.TAN1	CG..TC.....	9326
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	CG.....	9246
		TAR element end	Poly-A signal	3' LTR R repeat end	3' LTR U5 start
MAC.US.x.239	90202
H2A.SN.86.ST JSP4_27	9672
H2B.CI.x.EH0	9169
H2G.CI.92.Abt96	9599
H2U.CI.07.071C TNP3	9540
H2U.FR.96.12034	9607
ASC.UG.10.RT03	8905
ASC.UG.10.RT08	8874
ASC.UG.10.RT11	8728
COL.CM.x.CGU1	8688
COL.UG.10.BWC01	8733
COL.UG.10.BWC07	9265
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061	9227
DEB.CM.99.CM40	9158
DEB.CM.99.CM5	9679
DEN.CD.x.CD1 CM0580407	9101
DRL.DE.11.03	9664
DRL.x.x.FA0	9414
GRV.ET.x.GRI 677_gri_1	9410
GSN.CM.99.CN166	8588
GSN.CM.99.CN71	8589
LST.CD.88.SIVhoest447	8594
LST.CD.88.SIVhoest485	8904
LST.CD.88.SIVhoest524	9904
LST.KE.x.lh07	9215
MAC.US.x.251 IA11	9529
MND-1.GA.x.MNDGB1	9587
MND-2.CM.98.CM16	9664
MND-2.GA.x.M14	9448
MND-2.x.x.5440	9221
MNE.US.x.MNE027	9508
MON.CM.99.L1 99CML1	9484
MON.NG.x.NG1	9430
MUS-1.CM.01.CM1239	9366
MUS-1.CM.01.SIVmus_01CM1085	9349
MUS-2.CM.01.CM1246	8678
MUS-2.CM.01.CM2500	9242
MUS-3.GA.09.09gab0181	9320
MUS-3.GA.11.11gabPts02	9346
OLC.CI.97.97C112	9497
RCM.CM.00.SIVag1_00CM312	9990
RCM.CM.02.SIVrcm_02CM8081	9147
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1	9224
RCM.NG.x.NG411	9086
SAB.SN.x.SAB1	7460
SMM.CI.79.SIVsmCI2	9613
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	9157
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	9128
SMM.SL.92.SIVsmSL92B	9130
SMM.SL.92.SL92B	9149
SMM.US.04.G078	9128
SMM.US.05.D215	9130
SMM.US.06.FTq	9149
SMM.US.06.CFU212	9128
SMM.US.x.H9	9130
SMM.US.x.PGM53	9149
SMM.US.x.pE660.C67G	9128
STM.US.89.STM_37_16	9130
SUN.GA.98.L14	9149
SVK.KE.x.KE51	9128
SVK.KE.x.SVK173_COMGM	9130
TAL.CM.00.266	9149
TAL.CM.01.8023	9128
TAN.UG.x.SIVagmTAN1	9130
VER.DE.x.AGM3	9149
VER.KE.x.9063	9128
VER.KE.x.AGM155	9130
VER.KE.x.TY01_patent	9149
WRC.CI.97.97C114	9128
WRC.CI.98.98CI04	9130
WRC.GM.05.Pbt_05GM_X02	9149

	3' LTR U5 end	
H1B.FR.83.HXB2	CTAGAGA.....TCCCT..CAGA.....CCCTTTTAGTCAGTGTGAAAAATCTCTAGCA	9719
H10.CM.91.MVP5180		9792
H1N.CM.95.YBF30		9182
H1P.CM.06.U14788		9238
CPZ.CO.06.BF1167	TCTCT..AGGCTAAGCAAAAATCT..TAC..C..GGCCC	9977
CPZ.TZ.08.TAN1		9326
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con		9246
	3' LTR U5 end	
MAC.US.x.239	G...CTCAATA...ATAAGAAGA-CCTGGTCTGTTAGGACCTTTCTGCTT..TGGGAA-CCG-AGCA-----C-----	10279
H2A.SN.86.ST.JSP4_27		9672
H2B.CI.x.EH0	G...GCTCCAC.....TA..GAAA-CCTGGTCTGTTAGGACCCCTTCTGCTT..TGGGAA-CCA--GCA-----C-----	10242
H2G.CI.92.Abt96		9599
H2U.CI.07.071C.TNP3		9540
H2U.FR.96.L2034		9607
ASC.UG.10.RT03		8881
ASC.UG.10.RT08		8905
ASC.UG.10.RT11		8874
COL.CM.x.CGU1		8728
COL.UG.10.BWC01		8688
COL.UG.10.BWC07		8733
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061		9265
DEB.CM.99.CM40		9227
DEB.CM.99.CM5		9158
DEN.CO.x.CD1.CM0580407		9679
DRL.DE.11.D3		9101
DRL.x.x.FA0	TGGAGA.....TC..TCAGACT..GGTGAGAGCTATCTGAGCTTTAG..GAGAGTAAA-A-----C-----	9731
GRV.ET.x.GRI.677.gri_1	..CTCTCTTACTGGGTTCTCTCG-A..CAGGT.....G-G..G-A--C-----	9623
GSN.CM.99.CN166		9414
GSN.CM.99.CN71		9410
LST.CO.88.SIVlhoest447		8588
LST.CO.88.SIVlhoest485		8589
LST.CO.88.SIVlhoest524		8594
LST.KE.x.lho7	G-GATC.....T-CA-TAGAGAGATTGGAGCCTTTGAT--GGGAC--GGCT-CCA-	9957
MAC.US.x.251.1A11	G...CTCGGTA...ATAAGAAGA-CCTGGTCTGTTAGGACCTTTCTGCTT..TGGGAA-CCG-AGCA-----C-----	10274
MND-1.GA.x.MNDGB1		9215
MND-2.CM.98.CM16		9518
MND-2.GA.x.M14		9529
MND-2.x.x.5440		9647
MNE.US.x.MNE027		9664
MON.CM.99.L1.99CML1		9448
MON.NG.x.NG1		9221
MUS-1.CM.01.CM1239		9508
MUS-1.CM.01.SIVmus_01CM1085		9420
MUS-2.CM.01.CM1246		9484
MUS-2.CM.01.CM2500		9430
MUS-3.GA.09.09gab0181	..GG-CCTATAGAGGGTGGCAGACT-A-AGGTCGGTAGGGTCGGGGAGATCCTA-AGAG..TTAG-AGCG--G--AGCT-CA--GAGGAAAGGGCCAATGGGGGGAAGCACTCGGCGATGCTGACTGGTACTAAGTTGGATAAGTATGAAAAAGTGAGGCTCAAAACCA	9536
MUS-3.GA.11.11gabPts02	GAC-G-TCTAGGAAGGGTGGCAGA-TCTTAGACCGAGGACAGAGTGGGACTCTGT-AAAA--G--A-GA-T--GAGGACT-CCAGTGGATAGGGCAAG	9449
OLC.CI.97.97CI12		8678
RCM.CM.00.SIVagi_00CM312	TAGAGA.....TC-TCAG.....ATACTTGTGGCAGAAGT.G-C--G-AGGCTAAGAA-----C--GTTGGCGCCGAACAGGGGACTTTGA..GAGTGACTGAGGAACCTCCGACCGGGTCCGGACCGCAGGCGTTGTAAACGGGACCCAG	9384
RCM.CM.02.SIVrcm_02CM081	TAGAGA.....TC-TCAG.....ATATTGGTGGCAGAAGT..AC-G-AGGCTAAGAA-----C--GTTGGCGCCGAACAGGGGACTTTGAAGTGAGTGACTGAGGAACCTCTGACCGGGTCTGGACCGCAGGCGT..GGAACGCAGACCCAG	9463
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1	TAGTTT-C.TGTAAGC.AAGTG-GTGCCTGTTTTA.....CCTCTCAGCAGTTAA-GAC-CT-GGGTA-G-A-----TCCCTCAG.....ATTCTTGTGCAGAAAGAGCCTTG..GGCTAAGAAAA.TTCCCTACCAGT	9465
RCM.NG.x.NG411	T-G-GA.....TC-TCAG.....ATATTGTGGCAGAAGT..AC--G-AGGCTAAGAA-----C-A-C--G-----	9557
SAB.SN.x.SAB1	GACAA-CCTGGTTACTAAGGATCC..TGA.....AGAA-----CT-----	10036
SMM.CI.79.SIVsmCI2		9147
SMM.LR.89.SIVsmLIB1		9224
SMM.SL.92.SIVsmSL92A		9086
SMM.SL.92.SIVsmSL92B		7460
SMM.SL.92.SL92B		9613
SMM.US.04.G078		9157
SMM.US.05.D215		9128
SMM.US.06.FTq		9149
SMM.US.06.CFU212		9130
SMM.US.x.H9		9638
SMM.US.x.PGM53	G...CTCGAAT..CAT.AAGAAGA-CCTGGTCTGTTAGGACCTTTCTGC	10184
SMM.US.x.pE660.C67G	G...CTCGACA..CAT.AAGAAGA-CCTGGTCTGTTAGGACCTTTCTGCTT..TGGGAA-CCG--GCA-----C-----	10283
STM.US.89.STM.37.16	G...CTCAA.....GA-CCTGGTCTGTTAGGACCTTTCTGC	9892
SUN.GA.98.L14	AA-CCCTGTTTCGACTGCTCTCAG-TAGGGAGC-A.....TTACTGG--GCC-AGTGATCC-G-CTG-CGG	10006
SYK.KE.x.KE51		9068
SYK.KE.x.SYK173_COMGM		9597
TAL.CM.00.266		9338
TAL.CM.01.8023		8845
TAN.UG.x.SIVagmTAN1GAACCTCGTTACTGGG.....TTTCTTATC-AGG-G-----C-----	9784
VER.DE.x.AGM3TGAGGGAAGACCTGATGGAAAT--ACCAATGGAGAAGTCTTGGTCTGGAAG.....T-ATCCCATGT-	9325
VER.KE.x.9063	..GTTCCCTTACTGGGTTCTCTCTGTGACCCAG.....GCG--G-A-C-----	9815
VER.KE.x.AGM155	AGTTCCCTTACTGGGTTCTCTCTCAAAACCCAG.....GCGA--G-A-C-----	9794
VER.KE.x.TY01.patent	TCTTCCCTTACTGGGTTCTCTCTCT.....GACCCAGGCGAG--A--C-----	9778
WRC.CI.97.97CI14		9484
WRC.CI.98.98CI04		9461
WRC.GM.05.Pbt_05GM_X02		8709

9719
9792
9182
9238
9927
9326
9246

10279
9672
10242
9599
9540
9607
8881
8905
8874
8728
8688
8733
9265
9227
9158
9679
9101
9731
9623
9414
9410
8588
8589
8594
9957
10274
9215
9518
9529
9647
9664
9448
8221
9508
9420
9484
9430
9549
9449
8678
9511
9592
9465
9557
10036
9147
9224
9086
7460
9613
9157
9128
9149
9130
9638
10184
10283
9892
10006
9068
9597
9338
8845
9784
9325
9815
9794
9778
9484
9461
8709

H1B.FR.83.HXB2
H10.CM.91.MVP5180
H1N.CM.95.YBF30
H1P.CM.06.U14788
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.TZ.00.TAN1
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con
MAC.US.x.239
H2A.SN.86.ST JSP4_27
H2B.CI.x.EHO
H2G.CI.92.Abt96
H2U.CI.07.071C TNP3
H2U.FR.96.12034
ASC.UG.10.RT03
ASC.UG.10.RT08
ASC.UG.10.RT11
COL.CM.x.CG01
COL.UG.10.BWC01
COL.UG.10.BWC07
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
DEN.CD.x.CD1 CM0580407
DRL.DE.11.D3
DRL.x.x.FA0
GRV.ET.x.GRI 677_gri_1
GSN.CM.99.CN166
GSN.CM.99.CN71
LST.CD.88.SIVlhoest447
LST.CD.88.SIVlhoest485
LST.CD.88.SIVlhoest524
LST.KE.x.lho7
MAC.US.x.251 1A11
MND-1.GA.x.MNDGB1
MND-2.CM.98.CM16
MND-2.GA.x.M14
MND-2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
MON.CM.99.L1 99CML1
MON.NG.x.NG1
MUS-1.CM.01.CM1239
MUS-1.CM.01.SIVmus 01CM1085
MUS-2.CM.01.CM1246
MUS-2.CM.01.CM2500
MUS-3.GA.09.09GaboI081
MUS-3.GA.11.11gabPts02
OLC.CI.97.97CI12
RCM.CM.00.SIVagi 00CM312
RCM.CM.02.SIVrcm 02CM8081
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1
RCM.NG.x.NG411
SAB.SN.x.SAB1
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SIVsmSL92B
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTq
SMM.US.06.CFU212
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM_37_16
SUN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173_COMGMM
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
TAN.UG.x.SIVagmTAN1
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.AGM155
VER.KE.x.TY01_patent
WRC.CI.97.97CI14
WRC.CI.98.98CI04
WRC.GM.05.Pbt_05GM_X02

AAGGAAAGAAAAA.....

TCCAGGTA.AGAGTAAG.CCTGGTGGCTTCATAAGTCTAGCAGAAAAAGGTTGCTAGGAAGGAAGCAAGGCAACCCGGTCAGGTACTGGGCCTCTAGGGAAGGGTCGAAGTCCTAGAGAAGGGAGGAAAA
TCCAGGTAAGGAGTAACACCTGGTGGCTTCACAAGTCTAGCAGAAAAAGGTTGCTAGGAAGGAAGCAGGGCAACCCGGTCAGGTACTGGGCCTCTAGGGAAGAGCGAAAGCCTAGAGAAGGGAGGAAAA

V

HIV-1/SIVcpz Proteins

Contents

V-1	Introduction	307
V-2	Annotated features	308
V-3	Sequences	310
V-4	Alignments	318
V-4.1	Gag	318
V-4.2	Pol	326
V-4.3	Vif	340
V-4.4	Vpr	344
V-4.5	Tat	346
V-4.6	Rev	348
V-4.7	Vpu	350
V-4.8	Env	352
V-4.9	Nef	366

V-1 Introduction

The HIV-1/SIVcpz protein alignments are based on the complete genome nucleotide alignment, but in some cases a few sequences were removed because they were too short to be informative (especially in Nef), had many stop codons or a problematic segment of amino acids. As with the other alignments in this compendium, they are intended to display the genetic variation of the world-wide HIV epidemic in a compact form. They are annotated in more detail than the complete genome nucleotide alignment.

V-2 Annotated features

Features of HIV-1 annotated in the alignment that follows.

Feature	Protein	Location	Page
Gag start, p17 start	Gag	1	318
membrane binding	Gag	1-30	318
phosphorylation site	Gag	112	318
p17 end	Gag	132	318
p24 start	Gag	133	318
CyPA binding	Gag	205-241	320
major homology region	Gag	285-304	320
p24 end	Gag	364	322
p2 start	Gag	365	322
p2 end	Gag	377	322
p7 start	Gag	378	322
Zn motif	Gag	392-404	322
Zn motif	Gag	413-425	322
p7 end	Gag	432	322
p1 start	Gag	433	322
p1 end	Gag	448	324
p6 start	Gag	449	324
Vpr binding	Gag	455-460	324
Vpr binding	Gag	489-494	324
p6 end, Gag end	Gag	501	324
Pol start	Pol	1	326
Gag-Pol TF start	Pol	1	326
Gag-Pol TF end	Pol	56	326
protease start	Pol	57	326
protease end	Pol	155	328
p66, p51 RT start	Pol	156	328
M41L	Pol	196	328
D67N	Pol	222	328
K70R	Pol	225	328
D110 catalytic site	Pol	265	328
polymerase motif	Pol	337-342	330
T215Y	Pol	370	330
K219Q	Pol	374	330
p51 RT end	Pol	595	332
p15 RNase H start	Pol	596	332
p66 RT, p15 RNase H end	Pol	715	334
p31 Integrase start	Pol	716	334
p31 Integrase end	Pol	1004	338
Pol end	Pol	1004	338
Vif start	Vif	1	340
Vif end	Vif	193	342
Vpr start	Vpr	1	344
oligomerization	Vpr	1-41	344
amphipathic α -helix	Vpr	17-33	344
H(S/N)RIG motifs	Vpr	71-83	344
frameshift in HXB2	Vpr	72	344
Vpr end in HXB2	Vpr	79	344
Vpr end	Vpr	98	344

Feature	Protein	Location	Page
Tat start	Tat	1	346
C-rich region	Tat	22-37	346
nuclear localization	Tat	49-57	346
exon 1 end	Tat	72	346
exon 2 start	Tat	73	346
Tat end	Tat	102	346
Rev start	Rev	1	348
exon 1 end	Rev	25	348
exon 2 start	Rev	26	348
NLS	Rev	34-49	348
Leu-rich effector domain	Rev	75-83	348
Rev end	Rev	117	348
Vpu start	Vpu	1	350
transmembrane domain	Vpu	1-27	350
cytoplasmic domain	Vpu	28-82	350
α -helix	Vpu	43-51	350
phos	Vpu	53	350
phos	Vpu	57	350
α -helix	Vpu	58-70	350
Vpu end	Vpu	83	350
Env start	Env	1	352
signal peptide end	Env	30	352
gp120 start	Env	31	352
glycosylation NVT	Env	88-90	352
CD4 binding	Env	124	352
V1	Env	131-156	352
glycosylation NDT	Env	136-138	352
glycosylation NSS	Env	141-143	354
glycosylation NCS	Env	156-158	354
V2	Env	158-196	354
glycosylation NIS	Env	160-162	354
glycosylation NDT	Env	186-188	354
glycosylation NTS	Env	197-199	354
CD4 binding	Env	196	354
glycosylation NKT	Env	230-232	354
glycosylation NGT	Env	234-236	354
glycosylation NVS	Env	241-243	354
glycosylation NGS	Env	262-264	356
glycosylation NFT	Env	276-278	356
CD4 binding	Env	279	356
glycosylation NTS	Env	289-291	356
glycosylation NCT	Env	295-297	356
V3	Env	296-331	356
glycosylation NNT	Env	301-303	356
V3 tip	Env	312-315	356
glycosylation NNT	Env	339-341	356
glycosylation NKT	Env	356-358	356
CD4 binding	Env	365	356
V4	Env	385-418	356
glycosylation NST	Env	386-388	356
glycosylation NST	Env	392-394	358
glycosylation NST	Env	397-399	358
glycosylation NNT	Env	406-408	358

Feature	Protein	Location	Page
CD4 binding	Env	425	358
glycosylation NIT	Env	448-450	358
CD4 binding	Env	455	358
V5	Env	460-471	358
glycosylation NES	Env	463-465	358
CD4 binding	Env	469	358
fusion peptide	Env	512-527	360
gp120 end	Env	511	360
gp41 start	Env	512	360
immunodominant region	Env	588-607	360
glycosylation NAS	Env	611-613	360
glycosylation NKS	Env	616-618	360
glycosylation NHT	Env	624-626	360
glycosylation NYT	Env	637-639	360
transmembrane domain	Env	685-704	362
gp41 cytoplasmic tail start	Env	705	362
glycosylation NGS	Env	750-752	362
glycosylation NAT	Env	816-818	364
cytoplasmic tail end	Env	857	364
gp41 end	Env	857	364
Env end	Env	857	364
Nef start	Nef	1	366
myristoylation	Nef	2-7	366
acidic cluster	Nef	62-65	366
poly-P helix	Nef	69-78	366
phosphorylation	Nef	77-81	366
HXB2 premature Nef end	Nef	124	366
normal Nef end	Nef	207	368

V-3 Sequences

Sequences included in the HIV-1 protein alignments.

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
B.FR.83.HXB2	K03455	All	Wong-Staal, F.	<i>Nature</i> 313 (6000):277-284 (1985)
A1.AU.03.PS1044_Day0	DQ676872	All	Li, B.	<i>J Virol</i> 81 (1):193-201 (2007)
A1.CH.03.HIV_CH_BID_V3538	JQ403028	All	Henn, M.R.	<i>PLoS Pathog</i> 8 (3):E1002529 (2012)
A1.CY.08.CY236	JF683783	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env	Kousiappa, I.	<i>ARHR</i> 27 (11); 1183-99 (2011)
A1.ES.05.X1608_8	FJ670519	All	Cuevas, M.T.	<i>ARHR</i> 26 (9); 1019-25 (2010)
A1.KE.11.DEMA11KE001	KF716475	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
A1.RU.11.11RU6950	JX500694	All	Baryshev, P.B.	<i>ARHR</i> 30 (6); 592-7 (2014)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
A1.RW.11.DEMA111RW002	KF716472	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
A1.SN.01.DDI579	AY521629	All	Meloni, S.T.	<i>J Virol</i> 78 (22):12438-12445 (2004)
A1.UG.11.DEMA110UG001	KF859745	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
A1.ZA.04.04ZASK162B1	DQ396400	All	Rousseau, C.M.	<i>J Virol Methods</i> 136 (1-2):118-125 (2006)
A2.CM.01.01CM_1445MV	GU201516	All	Carr, J.K.	<i>Retrovirology</i> 2010 Apr 28;7:39 doi: 101186/1742-4690-7-39
A2.CY.94.94CY017_41	AF286237	All	Gao, F.	<i>ARHR</i> 17 (8):675-688 (2001)
B.BR.10.10BR_MG029	KJ849799	All	Pessoa, R.	<i>Transfusion</i> 55 (5); 980-90 (2015)
B.CA.07.502_1191_03	JF320424	All	Rolland, M.	<i>Nat Med</i> 17 (3); 366-71 (2011)
B.CH.08.M2_0803101_NFLG8	KC797225	All	Castro, E.	<i>AIDS</i> 28 (12); 1840-4 (2014)
B.CN.10.DEMB10CN002	JX140658	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
B.ES.10.DEMB10ES002	KC473842	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
B.FR.11.DEMB11FR001	KF716496	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
B.GB.05.MM45d213_GN1	HM586212	All	Turnbull, E.L.	<i>J Immunol</i> 182 (11):7131-7145 (2009)
B.HK.06.HK003	FJ460500	All	Tsui, S.K.W.	<i>ARHR</i> 26 (1); 117-22 (2010)
B.HT.05.05HT_129389	EU839602	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env	Nadai, Y.	<i>PLoS ONE</i> 4 (3):E4814 (2009)
B.JP.12.DEMB12JP001	KF716498	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
B.KR.07.HP_18_07JHS10_3909	KJ140263	All	Kim, B.-R.	<i>Haemophilia</i> 21 (1); e1-11 (2015)
B.PE.07.502_0525_wg5	JF320191	All	Rolland, M.	<i>Nat Med</i> 17 (3); 366-71 (2011)
B.RU.11.11RU21n	JX500708	All	Baryshev	Unpublished
B.TH.08.MERLBDTRC10	JN860769	All	Rutvisuttinunt, W.	<i>ARHR</i> 28 (12); 1703-11 (2012)
B.US.11.ES38	JN397362	All	Buckheit, R.W.3.	<i>Nat Commun</i> 3 , 716 (2012)
C.AR.01.ARG4006	AY563170	All	Carrion, G.	<i>ARHR</i> 20 (9):1022-1025 (2004)
C.BR.07.DEMC07BR003	JX140663	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
C.BW.00.00BW5031_1	AF443115	All	Novitsky, V.	<i>J Virol</i> 76 (11):5435-5451 (2002)
C.CN.10.YNFL19	KC870038	All	Wei	Unpublished

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
C.CY.09.CY260	JF683803	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env	Kousiappa, I.	<i>ARHR</i> 27 (11); 1183-99 (2011)
C.ES.08.X2363_2	EU786681	All	Fernandez-Garcia, A.	<i>ARHR</i> 25 (1); 93-102 (2009)
C.ET.02.02ET_288	AY713417	All	Brown, B.K.	<i>J Virol</i> 79 (10):6089-6101 (2005)
C.IN.09.T125_2139	KC156210	All	Parrish, N.F.	<i>PNAS USA</i> 110 (17); 6626-33 (2013)
C.KE.00.KER2010	AF457054	All	Dowling, W.E.	<i>AIDS</i> 16 (13):1809-1820 (2002)
C.MW.09.703010256_CH256.w96	KC156214	All	Parrish, N.F.	<i>PNAS USA</i> 110 (17); 6626-33 (2013)
C.TZ.08.707010457_CH457.w8	KC156220	All	Parrish, N.F.	<i>PNAS USA</i> 110 (17); 6626-33 (2013)
C.YE.02.02YE511	AY795906	All	Saad, M.D.	<i>ARHR</i> 21 (7):644-648 (2005)
C.ZA.08.705010534_CH534.w12	KC156221	All	Parrish, N.F.	<i>PNAS USA</i> 110 (17); 6626-33 (2013)
C.ZA.10.DEMC10ZA001	JX140669	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
C.ZM.11.DEMC11ZM006	KF716467	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
D.CM.10.DEMD10CM009	JX140670	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
D.CY.06.CY163	FJ388945	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env	Kousiappa, I.	<i>ARHR</i> 25 (8); 727-40 (2009)
D.KE.11.DEMD11KE003	KF716476	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
D.KR.04.04KBH8	DQ054367	All	Cho, Y.-K.	<i>ARHR</i> 29 (4); 738-43 (2013)
D.SN.90.SE365	AB485648	All	Takekawa	Unpublished
D.TZ.01.A280	AY253311	All	Arroyo, M.A.	<i>ARHR</i> 20 (8):895-901 (2004)
D.UG.10.DEMD10UG004	KF716479	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
D.UG.11.DEMD11UG003	KF716480	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
D.YE.02.02YE516	AY795907	All	Saad, M.D.	<i>ARHR</i> 21 (7):644-648 (2005)
D.ZA.90.R1	EF633445	All	Jacobs, G.B.	<i>ARHR</i> 23 (12):1575-8 (2007)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
F1.AO.06.AO_06_ANG32	FJ900266	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env	Guimaraes, M.L.	<i>Retrovirology</i> 6 , 39 (2009)
F1.AR.02.ARE933	DQ189088	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env	Aulicino, P.C.	<i>ARHR</i> 21 (2):158-164 (2005)
F1.BR.10.10BR_RJ015	KJ849791	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env	Pessoa, R.	<i>Transfusion</i> 55 (5); 980-90 (2015)
F1.CY.08.CY222	JF683771	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env	Kousiappa, I.	<i>ARHR</i> 27 (11); 1183-99 (2011)
F1.ES.02.ES_X845_4	FJ670516	All	Fernandez-Garcia, A.	<i>ARHR</i> 25 (11):1187-1191 (2009)
F1.RO.96.BCI_R07	AB485658	All	Takekawa	Unpublished
F1.RU.08.D88_845	GQ290462	All	Fernandez-Garcia, A.	<i>ARHR</i> 25 (11):1187-1191 (2009)
F2.CM.02.02CM_0016BBY	AY371158	All	Kijak, G.H.	<i>ARHR</i> 20 (5):521-530 (2004)
F2.CM.10.DEMF210CM001	JX140672	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
F2.CM.10.DEMF210CM007	JX140673	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
G.BE.96.DRCBL	AF084936	All	Oelrichs, R.B.	<i>ARHR</i> 15 (6):585-589 (1999)
G.CM.10.DEMG10CM008	JX140676	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
G.CN.08.GX_2084_08	JN106043	All	Liu, W.	<i>Zhonghua Liu Xing Bing Xue Za Zhi</i> 34 (1); 53-6 (2013)
G.CU.99.Cu74	AY586547	All	Sierra, M.	<i>JAIDS</i> 45 (2):151-160 (2007)
G.ES.09.X2634_2	GU362882	All	Cuevas, M.T.	<i>ARHR</i> 26 (9); 1019-25 (2010)
G.GH.03.03GH175G	AB287004	All	Takekawa	Unpublished
G.KE.09.DEMG09KE001	KF716477	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
G.NG.09.09NG_SC62	JN248593	All	Charurat, M.	<i>J Infect Dis</i> 205 (8); 1239-47 (2012)
G.ZA.01.TV546	KJ948662	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env	Wilkinson, E.	<i>ARHR</i> 31 (4); 412-20 (2015)
H.BE.93.VI991	AF190127	All	Janssens, W.	<i>AIDS</i> 14 (11):1533-1543 (2000)
H.CF.90.056	AF005496	All	Gao, F.	<i>J Virol</i> 72 (7):5680-5698 (1998)
H.GB.00.00GBAC4001	FJ711703	All	Holzmayer, V.	<i>ARHR</i> 25 (7):721-726 (2009)
J.CM.04.04CMU11421	GU237072	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 26 (6); 693-7 (2010)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
J.SE.93.SE9280_7887	AF082394	All	Laukkanen, T.	<i>ARHR</i> 15 (3):293-297 (1999)
J.SE.94.SE9173_7022	AF082395	All	Laukkanen, T.	<i>ARHR</i> 15 (3):293-297 (1999)
K.CD.97.97ZR_EQTB11	AJ249235	All	Triques, K.	<i>ARHR</i> 16 (2):139-151 (2000)
K.CM.96.96CM_MP535	AJ249239	All	Triques, K.	<i>ARHR</i> 16 (2):139-151 (2000)
U.CA.01.TV749	HM215251	All	Quesnel-Vallieres, M.	<i>Emerging Infect Dis</i> 17 (2):271-274 (2011)
U.CA.99.TV721	HM215249	All	Quesnel-Vallieres, M.	<i>Emerging Infect Dis</i> 17 (2):271-274 (2011)
U.CD.83.83CD003_Z3	AF286236	All	Gao, F.	<i>ARHR</i> 17 (12):1217-1222 (2001)
U.CD.90.90CD121E12	AF457101	All	Mokili, J.L.	<i>ARHR</i> 18 (11):817-823 (2002)
U.CY.05.CY090	FJ388921	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env	Kousiappa, I.	<i>ARHR</i> 25 (8); 727-40 (2009)
U.CY.08.CY223	JF683772	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env	Kousiappa, I.	<i>ARHR</i> 27 (11); 1183-99 (2011)
U.ES.10.DEURF10DZ001	JX140679	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
U.GR.99.99GR303	AY046058	All	Paraskevis, D.	<i>J Gen Virol</i> 82 (Pt 10):2509-2514 (2001)
U.NL.95.U_NL_95_H10986_D1	EF029066	All	van der Hoek, L.	<i>ARHR</i> 23 (3):466-470 (2007)
01_AE.AF.07.569M	GQ477441	All	Sanders-Buell, E.	<i>ARHR</i> 26 (5):605-608 (2010)
01_AE.CF.90.90CF11697	AF197340	All	Anderson, J.P.	<i>J Virol</i> 74 (22):10752-10765 (2000)
01_AE.CN.10.YNFL03	KC870029	All	Wei	Unpublished
01_AE.HK.04.HK001	DQ234790	All	Tsui	Unpublished
01_AE.IR.10.10IR.THR48F	AB703616	All	Jahanbakhsh, F.	<i>ARHR</i> 29 (1); 198-203 (2013)
01_AE.JP.x.JRC77AE	AB565504	All	Umeki-Sakamoto	Unpublished
01_AE.TH.09.AA090a_WG11	JX447727	All	Rolland, M.	<i>Nature</i> 490 (7420); 417-20 (2012)
01_AE.TH.90.CM240	U54771	All	Carr, J.K.	<i>J Virol</i> 70 (9):5935-5943 (1996)
01_AE.US.05.306163_FL	JX863920	All	Heipertz, R.A. Jr.	<i>ARHR</i> 29 (10):1310-1320 (2013)
01_AE.VN.98.98VNND15	FJ185235	All	Liao, H.	<i>Virology</i> 391 (1):51-56 (2009)
02_AG.CM.10.DE00210CM013	KF859739	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
02_AG.CY.09.CY256	JF683799	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env	Kousiappa, I.	<i>ARHR</i> 27 (11); 1183-99 (2011)
02_AG.ES.06.P1423	EU884501	All	Fernandez-Garcia, A.	<i>ARHR</i> 25 (1); 93-102 (2009)
02_AG.GW.05.CC_0048	FJ694792	All	Vinner, L.	<i>APMIS</i> 119 (8); 487-97 (2011)
02_AG.KR.12.12MHR9	KF561435	All	Cho	Unpublished
02_AG.LR.x.POC44951	AB485636	All	Takekawa	Unpublished
02_AG.NG.09.09NG_SC61	JN248592	All	Charurat, M.	<i>J Infect Dis</i> 205 (8); 1239-47 (2012)
02_AG.NG.x.IBNG	L39106	All	Howard, T.M.	<i>ARHR</i> 10 (12):1755-1757 (1994)
02_AG.SE.94.SE7812	AF107770	All	Carr, J.K.	<i>AIDS</i> 13 (14); 1819-26 (1999)
02_AG.SN.98.98SE_MP1211	AJ251056	All	Toure-Kane, C.	<i>ARHR</i> 16 (6):603-609 (2000)
03_AB.RU.97.KAL153_2	AF193276	All	Liitsola, K.	<i>ARHR</i> 16 (11):1047-1053 (2000)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
04_cpx.CY.94.94CY032_3	AF049337	All	Gao, F.	<i>J Virol</i> 72 (12):10234-10241 (1998)
05_DF.BE.x.VI1310	AF193253	All	Laukkanen, T.	<i>Virology</i> 269 (1):95-104 (2000)
06_cpx.AU.96.BFP90	AF064699	All	Oelrichs, R.B.	<i>ARHR</i> 14 (16):1495-1500 (1998)
07_BC.CN.98.98CN009	AF286230	All	Rodenburg, C.M.	<i>ARHR</i> 17 (2):161-168 (2001)
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	AY008715	All	Piyasirisilp, S.	<i>J Virol</i> 74 (23):11286-11295 (2000)
09_cpx.GH.96.96GH2911	AY093605	All	McCutchan, F.E.	<i>ARHR</i> 20 (8):819-826 (2004)
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	AF289548	All	Koulinska, I.N.	<i>ARHR</i> 17 (5):423-431 (2001)
11_cpx.CM.95.95CM_1816	AF492624	All	Wilbe, K.	<i>ARHR</i> 18 (12):849-56 (2002)
12_BF.AR.99.ARMA159	AF385936	All	Carr, J.K.	<i>AIDS</i> 15 (15):F41-F47 (2001)
13_cpx.CM.96.96CM_1849	AF460972	All	Wilbe, K.	<i>ARHR</i> 18 (12):849-56 (2002)
14_BG.ES.05.X1870	FJ670522	All	Cuevas, M.T.	<i>ARHR</i> 26 (9): 1019-25 (2010)
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	AF516184	All	Viputtijul, K.	<i>ARHR</i> 18 (16):1235-1237 (2002)
16_A2D.KR.97.97KR004	AF286239	All	Gao, F.	<i>ARHR</i> 17 (8):675-688 (2001)
17_BF.AR.99.ARMA038	AY037281	All	Carr, J.K.	<i>AIDS</i> 15 (15):F41-F47 (2001)
18_cpx.CU.99.CU76	AY586540	All	Thomson, M.M.	<i>AIDS</i> 19 (11):1155-63 (2005)
19_cpx.CU.99.CU7	AY894994	All	Casado, G.	<i>JAIDS</i> 40 (5):532-537 (2005)
20_BG.CU.99.Cu103	AY586545	All	Sierra, M.	<i>JAIDS</i> 45 (2):151-160 (2007)
21_A2D.KE.99.KER2003	AF457051	All	Dowling, W.E.	<i>AIDS</i> 16 (13):1809-1820 (2002)
22_01A1.CM.01.01CM_0001BBY	AY371159	All	Kijak, G.H.	<i>ARHR</i> 20 (5):521-530 (2004)
23_BG.CU.03.CB118	AY900571	All	Sierra, M.	<i>JAIDS</i> 45 (2):151-160 (2007)
24_BG.ES.08.X2456_2	FJ670526	All	Cuevas, M.T.	<i>ARHR</i> 26 (9): 1019-25 (2010)
25_cpx.CM.02.1918LE	AY371169	All	Kijak, G.H.	<i>ARHR</i> 20 (5):521-530 (2004)
26_AU.CD.02.02CD_MBTB047	FM877782	All	Vidal, N.	<i>ARHR</i> 25 (8):823-832 (2009)
27_cpx.FR.04.04CD_FR_KZS	AM851091	All	Vidal, N.	<i>ARHR</i> 24 (2):315-321 (2008)
28_BF.BR.99.BREPM12609	DQ085873	All	Sa Filho, D.J.	<i>ARHR</i> 22 (1):1-13 (2006)
29_BF.BR.01.BREPM16704	DQ085876	All	Sa Filho, D.J.	<i>ARHR</i> 22 (1):1-13 (2006)
31_BC.BR.04.04BR142	AY727527	All	Sanabani, S.	<i>ARHR</i> 22 (2):171-176 (2006)
32_06A1.EE.01.EE0369	AY535660	All	Adojaan, M.	<i>JAIDS</i> 39 (5):598-605 (2005)
33_01B.ID.07.JKT189_C	AB547463	All	SahBandar, I.N.	<i>ARHR</i> 27 (1): 97-102 (2011)
34_01B.TH.99.OUR2478P	EF165541	All	Tovanabutra, S.	<i>ARHR</i> 23 (6):829-833 (2007)
35_AD.AF.07.169H	GQ477446	All	Sanders-Buell, E.	<i>ARHR</i> 26 (5):605-608 (2010)
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	EF087994	All	Powell, R.L.	<i>ARHR</i> 23 (8):1008-1019 (2007)
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	EF116594	All	Powell, R.L.	<i>ARHR</i> 23 (7):923-933 (2007)
38_BF1.UY.03.UY03_3389	FJ213783	All	Ruchansky, D.	<i>ARHR</i> 25 (3): 351-6 (2009)
39_BF.BR.04.04BRRJ179	EU735535	All	Guimaraes, M.L.	<i>AIDS</i> 22 (3):433-435 (2008)
40_BF.BR.05.05BRRJ055	EU735537	All	Guimaraes, M.L.	<i>AIDS</i> 22 (3):433-435 (2008)
42_BF.LU.06.luBF_18_06	EU170139	All	Struck, D.	<i>ARHR</i> 31 (5): 554-8 (2015)
43_02G.SA.03.J11223	EU697904	All	Badreddine, S.	<i>ARHR</i> 23 (5):667-674 (2007)
44_BF.CL.00.CH80	FJ358521	All	Delgado, E.	<i>ARHR</i> 26 (7): 821-6 (2010)
45_cpx.FR.04.04FR_AUK	EU448295	All	Frangé, P.	<i>Retrovirology</i> 2008 Aug 1;5:69 doi: 101186/1742-4690-5-69
46_BF.BR.07.07BR_FPS625	HM026456	All	Sanabani, S.S.	<i>Virol J</i> 2010 Apr 16;7:74 doi: 101186/1743-422X-7-74
47_BF.ES.08.P1942	GQ372987	All	Fernandez-Garcia, A.	<i>ARHR</i> 26 (7): 827-32 (2010)
48_01B.MY.07.07MYKT021	GQ175883	All	Li, Y.	<i>JAIDS</i> 54 (2):129-136 (2010)
49_cpx.GM.03.N26677	HQ385479	All	de Silva, T.I.	<i>Retrovirology</i> 7 (1):82 (2010)
50_A1D.GB.10.12792	JN417240	All	Foster, G.M.	<i>PLoS One</i> 9 (1): e83337 (2014)
51_01B.SG.11.11SG_HM021	JN029801	All	Ng, O.T.	<i>ARHR</i> 28 (5): 527-30 (2012)
52_01B.MY.03.03MYKL018_1	DQ366664	All	Tee, K.K.	<i>JAIDS</i> 43 (5):523-529 (2006)
53_01B.MY.11.11FIR164	JX390610	All	Chow, W.Z.	<i>J Virol</i> 86 (20):11398-11399 (2012)
54_01B.MY.09.09MYSB023	JX390976	All	Ng, K.T.	<i>J Virol</i> 86 (20):11405-11406 (2012)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
55_01B.CN.10.HNCS102056	JX574661	All	Han, X.	<i>Genome Announc</i> 1 (1):E00050-12 (2013)
56_cpx.FR.10.URF5_patient_A	JN882655	All	Leoz, M.	<i>AIDS</i> 25 (11):1371-1377 (2011)
57_BC.CN.09.09YNLX19sg	KC899008	All	Han, X.	<i>PLoS ONE</i> 8 (5):E65337 (2013)
58_01B.MY.09.09MYPR37	KC522031	All	Chow, W.Z.	<i>PLoS ONE</i> 9 (1):E85250 (2014)
59_01B.CN.09.09LNA423	JX960635	All	An, M.	<i>J Virol</i> 86 (22): 12402-6 (2012)
60_BC.IT.11.BAV499	KC899079	All	Simonetti, F.R.	<i>Infect Genet Evol</i> 2014 Apr;23:176-81 doi: 101016/j.meegid201402007 Epub 2014 Mar 3
61_BC.CN.10.JL100010	KC990124	All	Li, X.	<i>Genome Announc</i> 2013 Jun 27;1(3) pii: e00326-13 doi: 101128/genomeA00326-13
62_BC.CN.10.YNFL13	KC870034	All	Wei, H.	<i>ARHR</i> 30 (4):380-383 (2014)
63_02A1.RU.10.10RU6637	JN230353	All	Baryshev, P.B.	<i>Arch Virol</i> 157 (12): 2335-41 (2012)
64_BC.CN.09.YNFL31	KC870042	All	Hsi, J.	<i>ARHR</i> 30 (4): 389-93 (2014)
65_cpx.CN.10.YNFL01	KC870027	All	Feng, Y.	<i>ARHR</i> 30 (6): 598-602 (2014)
67_01B.CN.11.2011.ANHUI.HF115	KC183779	All	Wu, J.	<i>PLoS ONE</i> 8 (1):E54322 (2013)
68_01B.CN.11.2011.ANHUI.WH73	KC183782	All	Wu, J.	<i>PLoS ONE</i> 8 (1):E54322 (2013)
70_BF1.BR.10.10BR_PE004	KJ849758	All	Pessoa, R.	<i>PLoS One</i> 9 (11): e112674 (2014)
71_BF1.BR.10.10BR_PE008	KJ849759	All	Pessoa, R.	<i>PLoS One</i> 9 (11): e112674 (2014)
72_BF1.BR.10.10BR_MG002	KJ671534	All	Pessoa, R.	<i>Genome Announc</i> 2 (3):e00386-14 (2014)
O.BE.87.ANT70	L20587	All	Vanden Haesevelde, M.	<i>J Virol</i> 68 (3):1586-1596 (1994)
O.CM.98.98CMA104	AY169802	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
O.CM.98.98CMABB141	AY169807	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
O.CM.98.98CMABB212	AY169804	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
O.CM.98.98CMU5337	AY169808	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
O.CM.99.99CMU4122	AY169815	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
O.FR.92.VAU	AF407418	All	Vartanian, J.P.	<i>J Gen Virol</i> 83 (Pt 4):801-805 (2002)
O.GA.11.11Gab6352	JX245015	All	Liegeois, F.	<i>ARHR</i> 29 (7): 1085-90 (2013)
O.SN.99.99SE_MP1299	AJ302646	All	Toure-Kane, C.	<i>ARHR</i> 17 (12):1211-1216 (2001)
O.US.10.LTNP	JN571034	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env	Buckheit, R.W.3.	<i>ARHR</i> 30 (6): 511-513 (2014)
N.CM.02.DJO0131	AY532635	All	Bodelle, P.	<i>ARHR</i> 20 (8):902-908 (2004)
N.CM.02.SJGddd	GQ324959	All	Vallari, A.	<i>ARHR</i> 26 (1):109-115 (2010)
N.CM.04.04CM_1015_04	DQ017382	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 22 (1):83-92 (2006)
N.CM.06.U14296	GQ324962	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env	Vallari, A.	<i>ARHR</i> 26 (1):109-115 (2010)
N.CM.06.U14842	GQ324958	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env	Vallari, A.	<i>ARHR</i> 26 (1):109-115 (2010)
N.FR.11.N1_FR_2011	JN572926	All	Delaugerre, C.	<i>Lancet</i> 378 (9806): 1894 (2011)
P.CM.06.U14788	HQ179987	All	Vallari, A.	<i>J Virol</i> 85 (3): 1403-7 (2011)
P.FR.09.RBF168	GU111555	All	Plantier, J.-C.	<i>Nat Med</i> 15 (8): 871-2 (2009)
CPZ.CD.06.BF1167	JQ866001	All	Li, Y.	<i>J Virol</i> 86 (19):10776-10791 (2012)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	DQ373066	All	Keele, B.F.	<i>Science</i> 313 (5786):523-526 (2006)
CPZ.GA.88.GAB1	X52154	All	Huet, T.	<i>Nature</i> 345 (6273):356-359 (1990)
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	JQ768416	All	Takehisa	Unpublished
CPZ.US.85.US_Marilyn	AF103818	All	Gao, F.	<i>Nature</i> 397 (6718):436-441 (1999)
GOR.CM.07.SIVgor2139_287	FJ424866	All	Takehisa, J.	<i>J Virol</i> 83 (4):1635-1648 (2009)
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	FJ424863	All	Takehisa, J.	<i>J Virol</i> 83 (4):1635-1648 (2009)

	membrane binding										phosphorylation site										p17 end p24 start									
	Gag start, p17 start																													
B. FR. 83. HBX2	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
A1. AU. 03. PS1044 Day0	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
A1. CH. 03. HIV CH BID_V3538	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
A1. CY. 08. CY236	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
A1. ES. 05. X1608 8	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
A1. KE. 11. DEM11KE001	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
A1. RU. 11. 11RU6950	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
A1. RW. 11. DEM11RW002	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
A1. SN. 01. DDI579	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
A1. UG. 11. DEM110UG001	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
A1. ZA. 04. 04ZASK162B1	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
A2. CM. 01. 01CM 1445MV	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
A2. CY. 94. 94CY017 41	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
B. BR. 10. 10BR MG029	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
B. CA. 07. 502 1191 03	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
B. CH. 08. M2 0803101 NFLG8	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
B. CN. 10. DEMB10CN002	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
B. ES. 10. DEMB10ES002	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
B. FR. 11. DEMB11FR001	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
B. GB. 05. MM450213 GN1	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
B. HK. 06. HK003	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
B. HT. 05. 05HT 129389	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
B. JP. 12. DEMB12JP001	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
B. KR. 07. HP 18 07JHS10 3909	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
B. PE. 07. 502 0525 wq5	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
B. RU. 11. 11RU21n	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
B. TH. 08. MERLBDTRC10	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
B. US. 11. ES38	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
C. AR. 01. ARG4006	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
C. BR. 07. DEMC07BR003	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
C. BW. 00. 00BW003 1	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
C. CN. 10. YNFI19	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
C. CY. 09. CY260	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
C. ES. 08. X2363 2	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
C. ET. 02. 02ET 288	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
C. IN. 09. 1125 2139	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
C. KE. 00. KER2010	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
C. MW. 09. 703010256 CH256.w96	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
C. TZ. 08. 707010457 CH457.w8	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
C. YE. 02. 02YE511	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
C. ZA. 08. 705010534 CH534.w12	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
C. ZA. 10. DEMC10ZA001	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
C. ZM. 11. DEMC11ZM006	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
D. CM. 10. DEMD10CM009	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
D. CY. 06. CY163	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
D. KE. 11. DEMD11KE003	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
D. KR. 04. 04KRBH8	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
D. SN. 90. SE365	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
D. TZ. 01. A280	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
D. UG. 10. DEMD10UG004	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
D. UG. 11. DEMD11UG003	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
D. YE. 02. 02YE516	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
D. ZA. 90. R1	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
F1. A0. 06. A0 06 ANG32	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
F1. AR. 02. ARE933	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
F1. BR. 10. 10BR RJ015	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
F1. CY. 08. CY222	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
F1. ES. 02. ES X845 4	I	R	A	R	L	L	X	SA	Q	ME	A	K	X	IK	F	DV	IK	QRT	
F1. RO. 96. BCI R07	I	R	A	R	L	L																								

membrane binding

Gag start, p17 start

phosphorylation site

p17 end p24 start

B. FR. 83. HXB2

MGARASVLSGGLDRWEIKRLPGGKKYKLIKHIWVASRELERFAVNPGLLETSEGRQILGQLQPSLTQSGEELRSLNTVATLYCVHQRIEIKDKTEALDKI

EEENQKS KKKAQO AAAD TG HSN QVSONYP

133

02 AG. CM. 10. DE00210CM013

I K Q R L A Q ME SA G T K F I W D V V RQKTO

Q T A S F

135

02 AG. CY. 09. CY256

K K A Q R L A Q LIE ST K K F I W S T T A Q

Q T A S F

130

02 AG. ES. 05. P142

K K A R R L L SA Q LME ST R K F I W D R V V KQKAO

Q T A A

135

02 AG. KR. 12. 12MHR9

K A R R L L SA Q LIE I SA R FK I W D L V V

Q T A A

130

02 AG. LR. x. POC44951

K A R R L L I A Q ME ST S K F I W R LD T M K

Q T A A

130

02 AG. NG. 09. 09NG SC61

K A R Q R L A Q LME ST K K F I W D R V M K

Q T A A

128

02 AG. NG. x. IBNG

K A R R L L A Q LME ST R K K F I W D V V K

Q T A A

130

02 AG. SE. 04. SE7812

K A R R L L A Q LME ST R K K F I W D V V K

Q T A A

130

02 AG. SN. 98. 98SE MP1211

K A R R R L L A Q IE ST K K F I W V L I E

Q T A F

129

03 AB. RU. 97. KAL153 2

K A R E RI L L S A Q E T K K IT W DVQ

Q T A A

133

04 cpx. CY. 94. 94CY032 3

K A R R R L L A Q LME ST K K F I W E DVQ

Q T A A

133

05 DF. BE. x. V13131

K K A R R L L A Q TS AT K K F I W E KVT

Q T A A

134

06 cpx. AU. 96. BFP090

K K A R R L L A Q TS AT K K F I W E KVT

Q T A A

134

07 BC. CN. 98. 98CN009

I R K H M L L A Q IE ST K K F I W E DVQ

Q T A E

130

08 BC. CN. 97. 97CNG 6F

I R K K H M L L L A Q IE ST K K F I W E DVQ

Q T A E

128

09 cpx. GH. 96. 96GH2911

K A K R R M L L D S TG Q E K K F I W E DVQ

Q T A N

133

10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061

K E E R R L L D S TG Q E K K F I W E DVQ

Q T A N

133

11 BF. BR. 09. 09BR1816

K K R Q R L L L S A Q IE ST K K F I W E DVQ

Q T A N

133

12 BF. AR. 99. ARMA159

K K R Q R L L L S A Q IE ST K K F I W E DVQ

Q T A N

133

13 cpx. CM. 96. 96CM 1849

K K R R R M L L L D S TG Q E K K F I W E DVQ

Q T A N

133

14 BG. ES. 05. X1870

K S R R L L L D S TG Q E K K F I W E DVQ

Q T A N

132

15 01B. TH. 99. 99TH MU2079

K A R R L L L S A Q IE ST K K F I W E DVQ

Q T A N

131

16 A2D. KR. 97. 97KR084

K A R R L L L S A Q IE ST K K F I W E DVQ

Q T A N

131

17 BF. AR. 99. ARMA159

K A R R R L L L S A Q IE ST K K F I W E DVQ

Q T A N

131

18 cpx. CU. 99. CU76

L K K S Q R M L L L S A Q IE ST K K F I W E DVQ

Q T A N

133

20 BG. CU. 99. CU103

K E R R M L L L V Q IE ST K K F I W E DVQ

Q T A N

131

21 A2D. KE. 99. KER2003

R K A Q R R L L L D S TG Q E K K F I W E DVQ

Q T A N

131

22 01AI. CM. 01. 01CM 0001BBY

R K A Q R R L L L D S TG Q E K K F I W E DVQ

Q T A N

131

23 01B. CU. 03. CB113

K K R R M L L L D S TG Q E K K F I W E DVQ

Q T A N

133

24 BG. ES. 08. X2456 2

I R K R R R L L L S NG Q SA K K V DV

Q K ET S

133

25 cpx. CM. 02. 1918LE

I Q R R R L L K SI A Q E AVK K F L V DV

Q T A N

130

26 AU. CD. 02. 02CD MBT0847

K A R R R M L L L AAD LD R A K F L V DV

Q T A N

130

27 cpx. FR. 04. 04CD FR KZ5

K A R R R M L L L AAD LD R A K F L V DV

Q T A N

130

28 BF. BR. 09. 09BR1816

K A R R R M L L L AAD LD R A K F L V DV

Q T A N

130

29 BF. BR. 09. 09BR1816

K A R R R M L L L AAD LD R A K F L V DV

Q T A N

130

31 BC. BR. 04. 04BR142

I R EK T R N Q M M L LD G K Q I A K TK V EK VR

Q T A A

132

32 06AI. EE. 01. EE0369

K E R R R L L A Q VE V A R K F I W E DVQ

Q T A A

130

33 01B. ID. 07. JKT189 C

K A R R R L L L A Q IE ST K K F I W E DVQ

Q T A N

132

34 01B. TH. 99. 09UR2478 P

I R K T R S Q M L L L S TG Q E K K F I W E DVQ

Q T A N

131

35 AD. AF. 07. 07AF169H

K A R R R L L L S TG Q E K K F I W E DVQ

Q T A N

131

36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830

T K A R R L L L S TG Q E K K F I W E DVQ

Q T A N

131

37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926

T K A R R L L L S TG Q E K K F I W E DVQ

Q T A N

129

38 BF1. UY. 03. 03UY3 3389

K A R R R L L L S TG Q E K K F I W E DVQ

Q T A N

129

39 BF. BR. 04. 04BRR179

K A R R R L L L S TG Q E K K F I W E DVQ

Q T A N

133

40 BF. BR. 05. 05BRK055

K A R R R L L L S TG Q E K K F I W E DVQ

Q T A N

134

41 LU. 06. 06LU18 06

K A R R R L L L S TG Q E K K F I W E DVQ

Q T A A

132

43 02G. SA. 03. J11223

I K A R M L L I SA Q ME X ST R K F I W D V

Q T A A

130

44 BF. CL. 00. CH80

I K A R M L L I SA Q ME X ST R K F I W D V

Q T A A

135

45 cpx. FR. 04. 04FR AUK

K M R L L I D S P K I A S F V V F V V

Q T A A

133

46 BF. BR. 07. 07BR FPS625

K A R R L L L D S P K I A S F V V F V V

Q T A A

133

47 BF. ES. 08. P1942

K A R R L L L D S P K I A S F V V F V V

Q T A A

133

48 01B. MY. 07. 07MYKT021

I K A R R L L L A Q LIE ST K K F I W D V

Q T A E

129

49 cpx. GM. 03. N26677

I K K R R R L L L A Q LIE ST K K F I W D V

Q T A A

133

50 A1D. GB. 10. 12792

I K T R R R L L L D A Q LIE ST K K F I W D V

Q T A A

133

51 01B. SG. 11. 11SG HM021

K K R R R L L L A Q LIE ST K K F I W D V

Q T A A

131

52 01B. MY. 03. 03MYKT018 1

X K A R R L L L A Q LIE ST K K F I W D V

Q T A A

133

53 01B. MY. 11. 11FR164

T K A R R L L L A Q LIE ST K K F I W D V

Q T A A

133

54 01B. MY. 09. 09MYSB023

I Q A R R R L L L A Q LIE ST K K F I W D V

Q T A A

133

55 01B. CN. 10. 10HNC5102056

K A R R R L L L A Q LIE ST K K F I W D V

Q T A A

133

56 cpx. FR. 10. UR5F5 patient A

I R K K R R M L L L E A Q LIE ST K K F I W D V

Q T A E

130

57 BC. CN. 09. 09NYLX1959

I R K K R R M L L L E A Q LIE ST K K F I W D V

Q T A E

130

58 01B. MY. 09. 09MYSB023

I R K K R R M L L L E A Q LIE ST K K F I W D V

Q T A E

130

59 01B. CN. 09. 09LNA423

I T K A R R L L L D K Q IE ST K K F I W D V

Q T A A

129

60 BC. IT. 11. 11BAV499

I R EK T R K K H M L L LD G K MN A K V H A EK VR

Q T A A

129

61 BC. CN. 10. 10JL00010

I R K K R R M L L L D K TK A T F L V SE DVQ

Q T A E

130

62 BC. CN. 10. 10YNF13

I R K K R R M L L L D K LMK A T F L V SE DVQ

Q T A E

126

63 02AI. RU. 10. 10RU6637

K A R R R L L L A Q LME ST K K F I W D V

Q T A A

133

64 BC. CN. 09. 09YNF131

I R K A R R M L L L I A Q LIE ST K K F I W D V

Q T A A

130

65 cpx. CM. 10. 10YNF101

T K A R R M L L L I A Q LIE ST K K F I W D V

Q T A A

133

67 01B. CN. 11. 2011. ANHUI. HF115

K A R R M L L L I A Q LIE ST K K F I W D V

Q T A A

133

68 01B. CN. 11. 2011. ANHUI. WH73

K A R R M L L L I A Q LIE ST K K F I W D V

Q T A A

133

70 BF1. BR. 10. 10BR PE004

I I K K R R V Q R L L L A R F DV

Q T A A

136

71 BF1. BR. 10. 10BR PE008

I I K K R R V Q R L L L A R F DV

Q T A A

136

72 BF1. BR. 10. 10BR MG002

I I K K R R V Q R L L L A R F DV

Q T A A

136

0. BE. 87. AN770

S T SK A Q K S R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

T SK A Q K K C R L L C E A NEKL Q E A K DS Q W AIV W N YK G QO IO L K VMGSRK

S D AKEDT SAR AG

131

0. CM. 98. 98CMA104

<

Gas

[illegible]

	major homology region				p24 end p2 start				p2 end p7 start				Zn motif				Zn motif				p7 end p1 start				
B.FR.83.HXB2	F	Y	K	T	L	R	A	E	A	S	Q	E	V	K	N	M	M	T	T	L	L	V	Q	N	A
A1.AU.03.PS1044 Day0	-	F	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
A1.CH.03.HIV.CH.BID_V358	-	F	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
A1.CY.08.CY236	-	F	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
A1.ES.05.X1608.8	-	F	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
A1.KE.11.DEMA11KE001	-	F	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
A1.RU.11.11RU6950	-	F	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
A1.RW.11.DEMA111RW002	-	F	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
A1.SN.01.DDI579	-	F	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
A1.UG.11.DEMA110UG001	-	F	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
A1.ZA.04.04ZASK162B1	-	F	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
A2.CM.01.01CM.1445RV	-	F	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
A2.CY.94.94CY017.41	-	F	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
B.BR.10.10BR.MG029	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
B.CA.07.502.1191.03	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
B.CH.08.M2.0803101.NFLG8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
B.CN.10.DEMB10CN002	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
B.ES.10.DEMB10ES002	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
B.FR.11.DEMB11FR001	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
B.GB.05.MM450213.GN1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
B.HK.06.HK003	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
B.HT.05.05HT.129389	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
B.JP.12.DEMB12JP001	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
B.KR.07.HP.18.07JHS10.3909	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
B.PE.07.502.0525.wq5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
B.RU.11.11RU21n	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
B.TH.08.MERLBDTRC10	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
B.US.11.ES38	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
C.AR.01.ARG4006	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
C.BR.07.DEMC07BR003	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
C.BW.00.00BW031.1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
C.CN.10.YNFL19	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
C.CY.09.CY260	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
C.ES.08.X2363.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
C.ET.02.02ET.288	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
C.IN.09.T125.2139	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
C.KE.00.KER2010	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
C.MW.09.703010256.CH256.w96	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
C.TZ.08.707010457.CH457.w8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
C.YE.02.02YE511	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
C.ZA.08.705010534.CH534.w12	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
C.ZA.10.DEMC10ZA001	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
C.ZM.11.DEMC11ZM006	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
D.CM.10.DEMD10CM009	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
D.CY.06.CY163	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
D.KE.11.DEMD11KE003	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
D.KR.04.04KR08	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
D.SN.90.SE365	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
D.TZ.01.A280	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
D.UG.10.DEMD10UG004	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
D.UG.11.DEMD11UG003	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
D.YE.02.02YE516	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
D.ZA.90.R1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
F1.A0.06.A0.06.ANG32	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
F1.AR.02.ARE93	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
F1.BR.10.10BR.RJ015	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
F1.CY.08.CY222	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
F1.ES.02.ES.X845.4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
F1.R0.96.BC1.R07	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
F1.RU.08.08R.845	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
F2.CM.02.02CM.0016BBY	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
F2.CM.10.DEMF210CM001	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
F2.CM.10.DEMF210CM007	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
G.BE.96.DRCBL	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
G.CM.10.DEMG10CM008	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
G.CN.08.GX.2084.08	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
G.CU.99.CU74	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
G.ES.09.X2634.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
G.GH.03.03GH175G	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
G.KE.09.DEMG09KE001	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
G.NG.09.09NG.SC62	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
G.ZA.01.TV546	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
H.BE.93.VI991	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
H.CF.90.056	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
H.GB.00.00GBAC4001	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
J.CM.04.04CMU11421	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
J.SE.93.SE9280.7887	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
J.SE.94.SE9173.7022	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
K.CD.97.97ZR.EQTB11	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
K.CM.96.96CM.MP535	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
U.CA.01.TV749	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
U.CA.99.TV721	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
U.CD.83.83CD003.Z3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
U.CD.90.90CD121E12	-	-																							

[illegible]

	p1 end	p6 start	Vpr binding										Vpr binding	
			GRPGNF	QSRP	EPT	APPEESFRS	GVETTT	PP	Q	KQEPIT	D	KE	LY	PLTSLRSLFGNDPSSQ*
B.FR.83.HXB2														
A1.AU.03.P51044 Day0	P					A-L-GM	E-I	SS	P	OK		R	OPP	V-K
A1.CH.03.HIV_CH_BID_V3538	P	N-L				A-GV	RE-I	SS	M	OR				L
A1.CY.08.CY236	P		S			A-I-GM	E-I	SS	P	OK		S	P-V	K-S
A1.ES.05.X1608 8	P		S			A-X-GM	E-M	SS	P	OKQEQGN		R	OAP	I-K
A1.KE.11.DEM11KE001	P	N-L				A-IGM	DGI-A	F	P	OK		R	OGP	SI-K
A1.RU.11.1RU6950	P		S			A-N-GM	E-I	SS	P	OK		R	OGP	SI-K
A1.RW.11.DEM11RW002	P		S			V-LGM	E-I	A	S	P	R	OR	OGP	V-K
A1.SN.01.DDI579	P					ADLLGM	E-I	SS	P	OK		R	P-P	V-L
A1.UG.11.DEM11UG001	P					A-L-GM	E-I	SS	P	N-OK		R	OAP	FA-K
A1.ZA.04.04ZASK162B1	P	N-L				AG-YGM	E-I	SS	P	K-OT		R	O-P	A-L
A2.CM.01.01CM 1445MV	P	T				A-NWGM	E-I	A	SS	S	LE	N	QHT	TT
A2.CY.94.94CY017 41	P	T				A-NLM	E-I	SS	L	LE	T	R	P-N	AI-K
B.BR.10.10BR MG029														A-K
B.CA.07.502 1191 03	N		S			KF	F			T			M	FS-K
B.CH.08.M2 0803101 NFLG8	F					F	F		S	OKOE	OK	T	E	K
B.CN.10.DEMB10CN002	N-T		S			F	F		A		T			S-K
B.ES.10.DEMB10ES002						F	F							L
B.FR.11.DEMB11FR001						F	F	K-A			0			
B.GB.05.MM450213 GN1						F	F		S		OT			
B.HK.06.HK003						Y	F			P		G	K	A
B.HT.05.05HT 129389	N-T		S							KOG	L-G	D		
B.JP.12.DEMB12JP001			APP			F	EK-E			SR			Q	A-K
B.KR.07.HP 18 07JHS10 3909			S			F								A-K
B.PE.07.502 0525 wq5		TQSRP				F								A-K
B.RU.11.11RU21n						F					OK	RDRD		A
B.TH.08.MERLBDTRC10	N					F								A
B.US.11.ES38	ESRP		S			F	EG-A	S				D		A
C.AR.01.ARG4006						A	F	EE	I	SS	P		K	K
C.BR.07.DEMC07BR003	P	L			APP	A	F	EE	I	SS	P		K	S-L
C.BW.00.00BW031 1					MPT	A	F	EE	I	SS	P		K	S-L
C.CN.10.YNFI19	N-T					A	F	EE	I	SS	P	S	MK	E
C.CY.09.CY260	N		APPTV	VPT	A	KF	EER	A	P					I-K
C.ES.08.X2363 2			APPA	EPT	A	F	EEG	A	A	P			RD	T-K
C.ET.02.02ET 288	N		A-APL	EPT	A	F	EE	A	P					LK
C.IN.09.T125 2139						A	F	EE	A	P				LK
C.KE.00.KER2010	N					A	F	EE	A	P				LK
C.MW.09.703010256 CH256.w96	N		APPL	EPT	A	ST		A	L	OK	E	R		SI-K
C.TZ.08.707010457 CH457.w8	N-T					A	EF		H	P				OK
C.YE.02.02YE511						L	F	EE		A	P			AK
C.ZA.08.705010534 CH534.w12			APPA	EPT	A	F	EE	A	P					SK
C.ZA.10.DEMC10ZA001						A	F	EE	A	P				SK
C.ZM.11.DEMC11ZM006			APL	QPT	A	F	EE	A	P					R
D.CM.10.DEMD10CM009			EPTAPL			A	GF	E-I	LS				OR	N
D.CY.06.CY163	N					A	GF	E-I	SS				OR	
D.KE.11.DEMD11KE003	G					A	LGf	E-I	SS			G	QC	K
D.KR.04.04KRBH8	P-T					A	GF	E-I	SS					D-K
D.SN.90.SE365	P					A	GF	E-I	M					OKQEQA
D.TZ.01.A280						A	I-GF	E-I	K	S				OKDK
D.UG.10.DEMD10UG004						A	C-GF	E-I	N	S			Q	OK
D.UG.11.DEMD11UG003	R					A	GF	E-I	SS					OK
D.YE.02.02YE516						A	GF	E-I	SS				EK.DE	D
D.ZA.90.R1						A	GF	E-I	SS					OKDK
F1.A0.06.A0 06 ANG32						A	GF	E-I	SS					OK
F1.AR.02.ARE933						A	GF	RE-M	P				E	EGOGOG
F1.BR.10.10BR RJ015	I-N		S			A	GF	RE-I	P				E	EG
F1.CY.08.CY222			S			A	GF	KE-I	A	S			E	OK
F1.ES.02.ES X845 4						A	GF	RE-I	P				E	EGOG
F1.R0.96.BC1 R07	N					A	GF	RE-I	P					OK
F1.RU.08.088 845	P-L		S			A	GF	RE-I	P					OK
F2.CM.02.02CM 0016BBY	I					A	G-GF	E-I	P				R	OK
F2.CM.10.DEMF210CM001			QSRP	EPS		A	GF	E-I	SS	L				OK
F2.CM.10.DEMF210CM007	N					A	GF	E-I	SS	P				OK
G.BE.96.DRCBL	N					A	N-GF	E-I	A	S				OK
G.CM.10.DEMG10CM008	N					A	GF	E-I	A	N				OK
G.CN.08.GX 2084 08	N-L					A	GF	EGGI					EOEPRE	G
G.CU.99.CU74	N		S			A	GF	Q-I	A	S			P	R
G.ES.09.X2634 2						A	GF	RE-I	A	S			P	R
G.GH.03.03GH175G	N		S			A	GF	R	A	S				OK
G.KE.09.DEMG09KE001	N					A	GL	E-I	A	S				DOK
G.NG.09.09NG SC62	P-K-L					A	GF	E-I	A	S				R
G.ZA.01.TV546						A	GF	E-I	A	S				R
H.BE.93.VI991	P-K-L					A	GF	E-I	SS	P			R	LK
H.CF.90.056						A	GF	E-I	SS	P				OK
H.GB.00.00GBAC4001						A	C-GF	E-M		P			MK	E
J.CM.04.04CMU11421						A	GF	E	XX	P			AK	
J.SE.93.SE9280 7887						A	LGL	E-I	SS	P				K
J.SE.94.SE9173 7022						A	LGF	E-I	SS	P				K
K.CD.97.97ZR EQTB11	E	N				A	GF	EKI	SS	L			R	MK
K.CM.96.96CM MP535						A	GF	E-I	SS	P			R	TK
U.CA.01.TV749	P		EPTAPPFPQSSL			A	LGK	AEGI	SS	P			L	D
U.CA.99.TV721	P				A		LO	RP-P	A				PAENLW-G	E
U.CD.83.83CD003 Z3	N					A	GF	E-I	SS	P				OK
U.CD.90.90CD121E12	N-T					A	GF	E-V	T	S				LR
U.CY.05.CY090			S			A	GF	E-I	SL	P			R	OK
U.CY.08.CY223	P					A	LGF	E-I	AA	SS	P		P	OK
U.ES.10.DEURF10DZ001	P					M	LGM	E-I	SS	L			OG	V
U.GR.99.99GR303	P					A	GF	E-I	V	SS	P		G	
U.NL.95.U NL 95 H10986.D1						A	GF	E-I	SS	P			G	K
01 AE.AF.07 569M	P					AD	WGM	E-I	SL	L				OK
01 AE.CF.90.90CF11697	P-L					A	LGM	E-I	SS	L				OK
01 AE.CN.10.YNFI03	P					A	NWGM	E-I	P	SL	L			OK
01 AE.HK.04.HK001	P		S			A	NW	E	I	SL	L			OK
01 AE.IR.10.10IR THR48F	P					A	NWGM	E-I	A	SS				OK
01 AE.JP.X JRC77AE	P		S			A	NWGM	E-M						OK
01 AE.TH.09.AA0905A WG11	P					A	NWGM	E-I	V	SS	L		R	OK
01 AE.TH.90.CM240	P					A	NWGMGEEIT	E-I	SL	P				OK
01 AE.US.05.306163 FL	P					A	NWGM	E-I	SL	L				OK
01 AE.VN.98.98VNND15	P-T					A	NWGM	E-I	SL	L				OK

500
500
499
501
501
499
495
500
496
496
504
497
497
500
503
504
503
499
509
504
496
503
501
506
510
508
504
492
491
499
496
505
500
498
493
491
494
492
489
497
493
499
504
500
501
500
507
497
501
501
501
501
500
495
502
493
498
495
501
493
503
494
493
499
501
501
501
501
500
497
498
498
496
496
500
499
500
497
497
502
499
497
493
497
501
501
500
497
498
498
496
496
500
499
500
497
497
502
495
495
497
499
499
498
496
492
494
497
504
494
498

[illegible]

[illegible]

		protease end	p66, p51 RT start	M41L	K70R D67N	D110 catalytic site	
B. FR. 83. HXB2	GGFIKVRQYDQILIEICGHKAIGTVLGPTVNIIGRNLLTGIGCTLNFPISP	ETVPVKLPGMDGPKVKQWPLTEEEKIKALVEICTEMEKEGKISKIGPENPYNTPVFAIKK	DSTKWRKLVDFRELNKR	QDFWEVLGIPHPAGLKKKSVTVLVDVGDAYFSVPLD		276	
A1. AU. 03. PS1044 Day0	K - S - KR	- MX	-	-	-	276	
A1. CH. 03. HIV CH BID V3538	K - P - K	- T	-	-	-	276	
A1. CY. 08. CY236	K - P - KR	-	-	-	-	273	
A1. ES. 05. X1608 8	K - E - V - K	-	-	-	-	280	
A1. KE. 11. DEMAL1KE001	-	-	-	-	-	276	
A1. RU. 11. 11RU6950	-	-	-	-	-	276	
A1. RW. 11. DEMAL11RW002	K -	-	-	-	-	276	
A1. SN. 01. DD1570	-	-	-	-	-	275	
A1. UG. 11. DEMAL10UG001	K - V - K	-	-	-	-	276	
A1. ZA. 04. 04ZASK162B1	-	-	-	-	-	275	
A2. CM. 01. 01CM 1445MV	-	-	-	-	-	276	
A2. CY. 94. 94CY017 41	-	-	-	-	-	276	
B. BR. 10. 10BR MG029	-	-	-	-	-	276	
B. CA. P. 502 1191 03	-	-	-	-	-	280	
B. CH. 06. M2 0803101 NFLG8	-	-	-	-	-	276	
B. CN. 10. DEMB10CN002	-	-	-	-	-	276	
B. ES. 10. DEMB10ES002	-	-	-	-	-	276	
B. FR. 11. DEMB11FR001	-	-	-	-	-	276	
B. GB. 05. MM450213 GN1	-	-	-	-	-	275	
B. HK. 06. HK003	-	-	-	-	-	280	
B. HT. 05. 05HT 129389	-	-	-	-	-	275	
B. JP. 12. DEMB12JP001	-	-	-	-	-	279	
B. KR. 07. HP 18 07JHS10 3909	-	-	-	-	-	276	
B. PE. 07. 502 0525 wg5	-	-	-	-	-	280	
B. RU. 11. 11RU210	-	-	-	-	-	276	
B. TH. 08. MERLB0TRC10	-	-	-	-	-	276	
B. US. 11. ES38	-	-	-	-	-	280	
C. AR. 01. ARG4006	-	-	-	-	-	272	
C. BR. 07. DEMC07BR003	-	-	-	-	-	272	
C. BW. 00. 00BW5031 1	-	-	-	-	-	278	
C. CN. 10. YNFI19	-	-	-	-	-	276	
C. CY. 09. CY760	-	-	-	-	-	279	
C. ES. 08. X2363 2	-	-	-	-	-	279	
C. ET. 02. 02ET 288	-	-	-	-	-	278	
C. IN. 09. T125 2139	-	-	-	-	-	273	
C. KE. 00. KER2010	-	-	-	-	-	274	
C. MW. 09. 703010256 CH256.w96	-	-	-	-	-	272	
C. TZ. 08. 707010457 CH457.w8	-	-	-	-	-	272	
C. YE. 02. 02YE511	-	-	-	-	-	270	
C. ZA. 08. 705010534 CH534.w12	-	-	-	-	-	279	
C. ZA. 10. DEMC10ZA001	-	-	-	-	-	272	
C. ZM. 11. DEMC11ZM006	-	-	-	-	-	277	
D. CM. 10. DEMD10CM009	-	-	-	-	-	275	
D. CY. 06. CY163	-	-	-	-	-	281	
D. KE. 11. DEMD11KE003	-	-	-	-	-	275	
D. KR. 04. 04KBH8	-	-	-	-	-	275	
D. SN. 90. SE365	-	-	-	-	-	281	
D. TZ. 01. A280	-	-	-	-	-	277	
D. UG. 10. DEMD10UG004	-	-	-	-	-	277	
D. UG. 11. DEMD11UG003	-	-	-	-	-	277	
D. YE. 02. 02YE516	-	-	-	-	-	277	
D. ZA. 90. R1	-	-	-	-	-	275	
F1. AO. 06. AO 06 ANG32	-	-	-	-	-	280	
F1. AR. 02. ARE933	-	-	-	-	-	276	
F1. BR. 10. 10BR RJ015	-	-	-	-	-	279	
F1. CY. 08. CY222	-	-	-	-	-	276	
F1. ES. 02. ES X845 4	-	-	-	-	-	278	
F1. RO. 96. BCI R07	-	-	-	-	-	276	
F1. RU. 08. D88 845	-	-	-	-	-	276	
F2. CM. 02. 02CM 0016BBY	-	-	-	-	-	276	
F2. CM. 10. DEMF210CM001	-	-	-	-	-	281	
F2. CM. 10. DEMF210CM007	-	-	-	-	-	275	
G. BE. 96. DRCBL	-	-	-	-	-	275	
G. CM. 10. DEMG10CM008	-	-	-	-	-	275	
G. CN. 08. GX 2084 08	-	-	-	-	-	280	
G. CU. 99. Cu74	-	-	-	-	-	274	
G. ES. 09. X2634 2	-	-	-	-	-	280	
G. GH. 03. 0303GH175G	-	-	-	-	-	276	
G. KE. 09. DEMG09KE001	-	-	-	-	-	274	
G. NG. 09. 09NG SC62	-	-	-	-	-	275	
G. ZA. 01. TV546	-	-	-	-	-	275	
H. BE. 93. VI991	-	-	-	-	-	274	
H. CF. 98. 056	-	-	-	-	-	275	
H. GB. 08. 00GBAC4001	-	-	-	-	-	275	
J. CM. 04. 04CMU11421	-	-	-	-	-	272	
J. SE. 93. SE92173 7022	-	-	-	-	-	274	
J. SE. 94. SE9173 7022	-	-	-	-	-	274	
K. CD. 97. 97ZR E0TB11	-	-	-	-	-	276	
K. CM. 96. 96CM MP535	-	-	-	-	-	276	
U. CA. 01. TV749	-	-	-	-	-	281	
U. CA. 99. TV721	-	-	-	-	-	280	
U. CD. 83. 83CD003 23	-	-	-	-	-	277	
U. CD. 98. 90CD121E12	-	-	-	-	-	276	
U. CY. 05. CY090	-	-	-	-	-	277	
U. CY. 08. CY223	-	-	-	-	-	277	
U. ES. 10. DEURF10DZ001	-	-	-	-	-	276	
U. GR. 99. 99GR303	-	-	-	-	-	275	
U. NL. 95. U NL 95 H10986 D1	-	-	-	-	-	276	
01. AE. AF. 07. 569M	-	-	-	-	-	276	
01. AE. CF. 98. 90CF11697	-	-	-	-	-	274	
01. AE. CM. 10. YNFI03	-	-	-	-	-	273	
01. AE. HK. 04. HK001	-	-	-	-	-	268	
01. AE. IR. 10. 10IR.THR48F	-	-	-	-	-	271	
01. AE. JP. x. JRC77AE	-	-	-	-	-	276	
01. AE. TH. 09. AA090a WG11	-	-	-	-	-	276	
01. AE. TH. 98. CM240	-	-	-	-	-	281	
01. AE. US. 05. 906163 FL	-	-	-	-	-	274	
01. AE. VN. 98. 98VNND15	-	-	-	-	-	276	

	protease end_p66, p51 RT start	M41L	K70R D67N	D110 catalytic site
B. FR. 83. HXB2	GGFIKVRQYDQILIEICGHKAIGTVLGPTVNIIGRNLLTQIGCTLNFPISPETIETVPVKLKPGMDGPKVKQWPLTEEEKIKALVEICTEMEKEGKISKIGPENPYNTVPVFAIKKKDSTKWRKLVDFRELNKRTQDFWEVLQIGHPAGLKKKSVTVLVDVGDAYFSVPLD			
02 AG. CM. 10. DE00210CM013	-M- K	-M-		R
02 AG. CY. 09. CY256	-X- K	-X-		
02 AG. ES. 05. P1423	-K- K	-X- X	R	
02 AG. GW. 05. CC_0048	-K- K	-M- S	X	
02 AG. KR. 12. 12MHR9	-K- K	-M- L		
02 AG. LR. x. POC44951	-P- K	-M- K		
02 AG. NG. 09. 09NG_SC61	-S- K	-M- R		
02 AG. NG. x. IBNG	-K- K	-M-		
02 AG. SE. 94. SE7812	-K- K	-M-		
02 AG. SN. 98. 98SE_MP1211	-L- K	-M- S	L	
03 AB. RU. 97. KAL153_2	-K- K	-M- L	L	
04 cpx. CY. 94. 94CY032_3	-P- K	-M- L		
05 DF. BE. x. VI1310	-V- Q	-M- L		
06 cpx. AU. 96. BFP90	-K- V	-M- I		
07 BC. CN. 98. 98CN009	-E- P	-M- L		
08 BC. CN. 97. 97CNGX_6F	-E- P	-M- L		
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	-P- Q	-M-		
10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF061	-E- Y	-M- VD		
11 cpx. CM. 95. 95CM_1816	-EE- E	-M-		
12 BF. AR. 99. ARMA159	-NV- E	-M- I		
13 cpx. CM. 96. 96CM_1849	-NMS- E	-M- I		
14 BG. ES. 05. X1870	-K- K	-M-		
15 01B. TH. 99. 99TH_MU2079	-P- K	-M- L		
16 A2D. KR. 97. 97KR004	-T- EKR	-M- V		
17 BF. AU. 99. ARMA038	-K- D	-M- L		
18 cpx. CU. 99. CU76	-P- Q	-M-		
19 cpx. CU. 99. CU7	-P- Q	-M-		
20 BG. CU. 99. CU103	-P- K	-M-		
21 A2D. KE. 99. KER2003	-PL- K	-M-		
22 A1A1. CM. 01. 01CM_0001BBY	-P- K	-M-		
23 BG. CU. 03. CB1118	-P- K	-M-		
24 BG. ES. 08. X2456_2	-M- K	-M-		
25 cpx. CM. 02. 1918LE	-E- VL- S	-M- I		
26 AU. CD. 02. 02CD_MBT047	-VT- D	-M- V		
27 cpx. FR. 04. 04CD_FR_KZ5	-EEVTVD- K	-M-		
28 BF. BR. 09. BREPM12609	-K- D	-M- T		
29 BF. BR. 01. BREPM16704	-K- D	-M-		
31 BC. BR. 04. 04BR142	-H- K	-M- L		
32 06A1. EE. 01. EE0369	-H- K	-M- L		
33 01B. ID. 07. JKT189_C	-P- K	-M-		
34 01B. TH. 99. 09UR2478P	-P- K	-M- I		
35 AD. A. 07. 169H	-K- V	-M- D		
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830	-P- K	-M- A		
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926	-P- K	-M- N		
38 BF1. UY. 03. UY03_3389	-K- C	-M- D		
39 BF. BR. 04. 04BRR179	-EN- P	-M- A		
40 BF. BR. 05. 05BRRJ055	-R- K	-M- ED		
41 BF. LU. 06. 1uBF_18_06	-K- Y	-M- S		
43 02G. SA. 03. J11223	-P- E	-M- K		
44 BF. CL. 00. CH80	-ND- T	-M-		
45 cpx. FR. 04. 04FR_AUK	-V- K	-M- A		
46 BF. BR. 07. 07BR_FPS625	-D- K	-M-		
47 BF. ES. 08. P1942	-I- K	-M-		
48 01B. MY. 07. 07MYKT021	-P- K	-M-		
49 cpx. GM. 03. N26677	-ND- E	-M- V		
50 A1D. GB. 10. 12792	-P- K	-M-		
51 01B. SG. 11. 11SG_HM021	-VSVD	-M-		
52 01B. MY. 03. 03MYK1018_1	-E- L	-M- K		
53 01B. MY. 11. 11FR164	-P- K	-M- L		
54 01B. MY. 09. 09MYSB023	-P- K	-M- L		
55 01B. CN. 10. HNC5102056	-P- K	-M- L		
56 cpx. FR. 10. URF5_patient A	-SV- K	-M- H		
57 BC. CN. 09. 09NYLX195g	-P- K	-M- L		
58 01B. MY. 09. 09MYPR37	-C- K	-M- X		
59 01B. CM. 09. 09LNA423	-S- A	-M- K		
60 BC. IT. 11. BAV499	-P- K	-M- L		
61 BC. CN. 10. JL100010	-P- K	-M- L		
62 BC. CN. 10. YNFI13	-M- Y	-M- K		
63 02A1. RU. 10. 10RU6637	-K- A	-M- I		
64 BC. CN. 09. YNFI31	-A- K	-M- L		
65 cpx. CN. 10. YNFI01	-A- K	-M- L		
67 01B. CN. 11. 2011. ANHUI. HF115	-K- K	-M- C		
68 01B. CN. 11. 2011. ANHUI. WH73	-N- K	-M- D		
70 BF1. BR. 10. 10BR_PE004	-K- ENM	-M- X		
71 BF1. BR. 10. 10BR_PE008	-K- ENM	-M- X		
72 BF1. BR. 10. 10BR_MG002	-K- ENM	-M- X		
0. BE. 87. ANT70	-KE- NVTV- E	-I- GL	AP	
0. CM. 98. 98CMA104	-C- R- KEFNNVTV- E	-I- GL	S- AP	R
0. CM. 98. 98CMA8B141	-KE- TNVT- VE- R	-I- GL	H- AP	I
0. CM. 98. 98CMA8B212	-KE- MNVTV- Q	-I- GL	AP	
0. CM. 98. 98CMA5337	-K- NKVAV- E	-I- GL	AP	
0. CM. 99. 99CMU4122	-KE- YXVKV- E	-I- GL	AP	I
0. FR. 92. VAU	-KE- YNVAV- LE	-I- GL	TP	
0. GA. 11. 11GAB6352	-KE- MNVTV- E	-I- GL	P	
0. SN. 99. 99SE_MP1299	-KE- N- VPV- E	-I- GL	AP	I
0. US. 10. 10TNP	-KE- NVAV- E	-I- GL	AP	I
N. CM. 02. DJ00131	-NVT- D	-R- A	EQ	A
N. CM. 02. S36646	-NVTV- E	-R- A	R	
N. CM. 04. 04CM_1015_04	-N- T	-F	K	
N. CM. 06. U14296	-NVTVD- Q	-R- A	R	
N. CM. 06. U14842	-NXT- D	-F	R	
N. FR. 11. N1 FR_2011	-N- SVD	-R- A	R	
P. CM. 06. U14788	-KEFEFVKX- E	-I- L	S	I
P. FR. 09. RBF168	-T- XKFEXVKV- E	-I- L	S	I
CP2. CD. 06. BF1167	-VP- QE- YNPV- T	-V- R	L	I
CP2. CM. 05. SIVcpzMT145	-K- FERVN- E	-V- KL	ITV- I	K
CP2. GA. 08. SIVcpzTAN13	-K- F- NVN- E	-I- L	V	S
CP2. TZ. 06. SIVcpzTAN13	-P- SE- YN- PVQ- G	-I- Q	L	K
CP2. US. 85. US_Marilyn	-K- HVN- E	-I- Q	L	K
GOR. CM. 07. SIVgor2139_287	-KE- EDVE- E	-I- K	S	DV
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con	-KE- EDVE- E	-I- K	S	DV

		polymerase motif	K219Q T215Y ¹⁴	
B. FR. 83. HXB2	EDFRKYTAFTIPSINNETPGIRYQYNNVLPQGWKGSIPAIFQSSMTKILEPFRKQNPDIYIQYMDLTVGSDLEIQHRTKIEELRQHLRWGLTTPDKKHQKEPPFLWMGYELHPDKMTVQPIVLPEKDSWTVNDIQKLVGKLNWASIQIPGKIKVRQLCKLLRGTKALTE	-N-----T-----	-Y-AK--I-----	-A-----A-----S-F-----N-E-----A-K-----A-D 446
A1.AU.03.P51044 Day0	-S-----T-----	-T-----E-----	-W-E-----A-----A-----S-F-----N-E-----A-K-----A-D 446	
A1.CH.03.HIV_CH_BID_V3538	-S-----T-----	-C-----A-----SK-E-I-----	-A-----A-----K-F-----F-----E-----A-K-----A-D 443	
A1.CY.08.CY236	-S-----T-----	-T-----A-----SK-E-I-----	-A-----A-----K-F-----F-----E-----A-K-----A-D 450	
A1.ES.05.X1608 8	-S-----T-----	-T-----A-----SK-E-I-----	-A-----A-----K-F-----F-----E-----A-K-----A-D 446	
A1.KE.11.DEMA11KE001	-S-----K-----A-----	-L-----L-----L-----	-V-----A-----S-F-----M-D-----A-K-----A-D 446	
A1.RU.11.11RU6950	-S-----K-----V-----	-L-----L-----L-----	-V-----A-----S-F-----M-D-----A-K-----A-D 446	
A1.RW.11.DEMA11RW002	-G-----T-----V-----	-Y-----S-----E-I-----	-N-----A-----A-----K-F-----Q-D-----A-Q-K-----A-D 445	
A1.SN.01.DDI579	-S-----T-----V-----	-Y-----S-----E-I-----	-N-----A-----A-----K-F-----Q-D-----A-Q-K-----A-D 445	
A1.UG.11.DEMA11UG001	-S-----T-----V-----	-Y-----S-----E-I-----	-N-----A-----A-----K-F-----Q-D-----A-Q-K-----A-D 446	
A1.ZA.04.04ZASK162B1	-T-----T-----V-----	-I-----T-----E-I-----	-S-----V-----A-----K-FY-----K-----A-K-----A-D 446	
A2.CM.01.01CM.1445RV	-T-----T-----V-----	-I-----T-----E-I-----	-S-----V-----A-----K-FY-----K-----A-K-----A-D 446	
A2.CY.94.94CY017 41	-K-----K-----	-H-----I-----	-E-----I-----E-----E-----A-----K-----A-D 446	
B.BR.10.10BR.MG029	-A-----Y-----	-E-----V-----	-E-----A-----K-FY-----L-----I-----N-----E-----S-K-----A-D 450	
B.CA.07.502.1191 03	-T-----T-----	-A-----E-----V-----	-E-----A-----K-FY-----L-----I-----N-----E-----S-K-----A-D 446	
B.CH.08.M2.0803101 NFLG8	-K-----T-----	-C-----C-----M-----	-I-----Q-----F-----F-----A-----K-----A-D 445	
B.CN.10.DEMB10CN002	-K-----T-----	-C-----C-----M-----	-I-----Q-----F-----F-----A-----K-----A-D 445	
B.ES.10.DEMB10ES002	-K-----T-----	-C-----C-----M-----	-I-----Q-----F-----F-----A-----K-----A-D 445	
B.FR.11.DEMB11FR001	-K-----T-----	-C-----C-----M-----	-I-----Q-----F-----F-----A-----K-----A-D 445	
B.GB.05.MM450213 GN1	-K-----T-----	-C-----C-----M-----	-I-----Q-----F-----F-----A-----K-----A-D 445	
B.HK.06.HK003	-K-----T-----	-C-----C-----M-----	-I-----Q-----F-----F-----A-----K-----A-D 445	
B.HT.05.05HT.129389	-K-----L-----	-C-----C-----M-----	-I-----Q-----F-----F-----A-----K-----A-D 445	
B.JP.12.DEMB12JP001	-K-----L-----	-C-----C-----M-----	-I-----Q-----F-----F-----A-----K-----A-D 445	
B.KR.07.HP.18.07JHS10_3909	-KN-----	-E-----E-----	-I-----V-----R-----G-----F-----Y-----Q-----M-----A-K-----A-G-----A-D 449	
B.PE.07.502.0525.wg5	-KE-----	-E-----E-----	-I-----V-----R-----G-----F-----Y-----Q-----M-----A-K-----A-G-----A-D 449	
B.RU.11.11RU21n	-P-----T-----	-D-----E-----	-E-----E-----K-----K-----F-----F-----A-----K-----A-D 450	
B.TH.08.MERLBDTRC10	-KE-----V-----	-R-----D-----E-----	-E-----E-----K-----K-----F-----F-----A-----K-----A-D 450	
B.US.11.ES38	-S-----	-E-----E-----	-A-----A-----K-F-----M-D-E-----KH-----A-----A-D 450	
C.AR.01.ARG4006	-S-----	-A-----A-----	-A-----K-----E-----K-----S-----R-----K-----A-----D 442	
C.BR.07.DEMC07BR003	-N-----V-----	-A-----A-----	-A-----V-----K-----F-----F-----A-----K-----A-----D 442	
C.BW.00.00BW031 1	-E-----R-----	-I-----A-----E-----	-A-----A-----K-F-----F-----A-----K-----A-----D 446	
C.CN.10.YNFL19	-X-----A-----	-C-----C-----	-X-----X-----K-F-----F-----A-----K-----A-----D 449	
C.CY.09.CY260	-N-----	-S-----A-----D-----	-A-----A-----K-F-----F-----A-----K-----A-----D 449	
C.ES.08.X2363 2	-S-----T-----	-R-----R-----	-A-----A-----K-F-----F-----A-----K-----A-----D 448	
C.ET.02.02ET.288	-S-----T-----	-R-----R-----	-A-----A-----K-F-----F-----A-----K-----A-----D 448	
C.IN.09.T125.2139	-K-----R-----	-R-----R-----	-A-----A-----K-F-----F-----A-----K-----A-----D 442	
C.KE.00.KER2010	-K-----R-----	-R-----R-----	-A-----A-----K-F-----F-----A-----K-----A-----D 442	
C.MW.09.703010256.CH256.w96	-K-----	-VR-----	-S-----Q-----K-----N-----S-----K-M-----A-----D 444	
C.TZ.08.707010457.CH457.w8	-KE-----	-R-----R-----	-A-----A-----K-F-----F-----A-----K-----A-----D 442	
C.YE.02.02YE511	-N-----	-R-----R-----	-A-----A-----K-F-----F-----A-----K-----A-----D 442	
C.ZA.08.705010534.CH534.w12	-S-----	-A-----A-----	-E-----K-----E-----K-----F-----A-----Q-----E-----A-----K-----A-----D 447	
C.ZM.11.DEMC11ZM006	-S-----	-A-----A-----	-E-----K-----E-----K-----F-----A-----Q-----E-----A-----K-----A-----D 447	
D.CM.10.DEMD10CM009	-KE-----T-----	-C-----K-----EL-----	-A-----K-----E-----K-----F-----T-----EN-----A-----Q-KH-----A-----A-D 451	
D.CY.06.CY163	-T-----T-----	-C-----K-----EL-----	-A-----K-----E-----K-----F-----T-----EN-----A-----Q-KH-----A-----A-D 451	
D.KE.11.DEMD11KE003	-T-----T-----	-C-----K-----EL-----	-A-----K-----E-----K-----F-----T-----EN-----A-----Q-KH-----A-----A-D 451	
D.KR.04.04KR08	-T-----T-----	-C-----K-----EL-----	-A-----K-----E-----K-----F-----T-----EN-----A-----Q-KH-----A-----A-D 451	
D.SN.90.SE365	-T-----T-----	-C-----K-----EL-----	-A-----K-----E-----K-----F-----T-----EN-----A-----Q-KH-----A-----A-D 451	
D.TZ.01.A280	-K-----T-----	-NK-----	-E-----E-----D-----K-----F-----F-----VE-----E-----A-----K-----A-----D 447	
D.UG.10.DEMD10UG004	-G-----A-----	-EM-----	-I-----G-----K-----F-----F-----T-----CI-----A-----A-----D 445	
D.UG.11.DEMD11UG003	-N-----	-EM-----	-I-----G-----K-----F-----F-----T-----CI-----A-----A-----D 445	
D.YE.02.02YE516	-S-----T-----	-C-----EL-----	-A-----K-----E-----F-----T-----Q-EN-----K-----R-----A-----D 447	
D.ZA.90.R1	-S-----T-----	-C-----EL-----	-A-----K-----E-----F-----T-----Q-EN-----K-----R-----A-----D 447	
F1.A0.06.A0.06.ANG32	-KE-----V-----	-C-----TR-----M-----	-A-----A-----K-F-----F-----Q-D-----K-----Q-----A-G-----D 450	
F1.AR.02.ARE933	-KE-----V-----	-C-----TR-----M-----	-A-----A-----K-F-----F-----Q-D-----K-----Q-----A-G-----D 450	
F1.BR.10.10BR.RJ015	-KE-----T-----	-C-----D-----T-----	-A-----V-----K-----S-----F-----F-----K-----K-----A-----D 449	
F1.CY.08.CY222	-KE-----L-----	-VK-----	-I-----A-----K-F-----F-----Q-D-----I-----A-----D 446	
F1.ES.02.ES.X845 4	-KE-----L-----K-----	-IK-----	-I-----A-----K-F-----F-----Q-D-----I-----A-----D 446	
F1.R0.96.BC1.R07	-KE-----L-----	-Y-----TR-----I-----	-L-----A-----V-----T-----K-F-----F-----Q-D-----K-----V-----D 446	
F1.RU.08.08R.845	-KE-----L-----	-Y-----TR-----I-----	-L-----A-----V-----T-----K-F-----F-----Q-D-----K-----V-----D 446	
F2.CM.02.02CM.0016BBY	-KE-----	-K-----AR-----E-----V-----	-K-----A-----V-----E-----K-----F-----A-----Q-----N-S-----R-KH-----A-----D 446	
F2.CM.10.DEMF210CM001	-KE-----	-H-----TK-SE-----	-L-----A-----V-----E-----K-----F-----T-----Q-D-S-----RIK-----I-----A-----D 451	
F2.CM.10.DEMF210CM007	-KE-----	-H-----AK-----E-----	-L-----A-----V-----E-----K-----F-----T-----Q-D-S-----RIK-----I-----A-----D 451	
G.BE.96.DRCBL	-N-----T-----	-#-----T-----E-----	-A-----A-----E-----K-----F-----Q-D-----N-EN-----K-----I-----A-----D 442	
G.CM.10.DEMG10CM008	-S-----V-----	-C-----R-----K-----EM-----	-T-----A-----D-----S-----F-----F-----Q-D-----E-----K-----I-----A-----D 445	
G.CN.08.GX.2084 08	-N-----T-----	-X-----IK-----EM-----	-T-----A-----D-----S-----F-----F-----Q-D-----E-----K-----I-----A-----D 450	
G.CU.99.CU74	-K-----T-----	-A-----C-----K-----IK-----E-----	-K-----A-----K-----S-----F-----F-----Q-D-----K-----R-----A-----D 442	
G.ES.09.X2634 2	-S-----	-I-----TK-----	-A-----V-----E-----K-----F-----F-----Q-D-----KH-----R-----A-----D 446	
G.GH.03.03GH175G	-S-----	-I-----TK-----	-A-----V-----E-----K-----F-----F-----Q-D-----KH-----R-----A-----D 446	
G.KE.09.DEMG09KE001	-S-----V-----K-----	-IK-----M-----	-E-----K-----S-----F-----F-----Q-D-----E-----K-----I-----A-----D 444	
G.NG.09.09NG.SC62	-N-----	-TK-----EL-----	-E-----A-----G-----K-----F-----F-----I-----K-----D-ED-----S-----K-----A-----D 445	
G.ZA.01.TV546	-K-----T-----	-TK-----EM-----	-E-----A-----G-----K-----F-----F-----Q-D-----E-----K-----I-----A-----D 445	
H.BE.93.VI991	-H-----T-----	-A-----E-----EVI-----	-E-----A-----K-----F-----F-----Q-----VK-----N-----K-----X-----A-----D 444	
H.CF.90.056	-KE-----T-----	-N-----A-----E-----EM-----	-E-----A-----K-----F-----F-----Q-----TVK-----N-----K-----X-----A-----D 445	
H.GB.00.00GBAC4001	-N-----	-N-----A-----E-----EM-----	-E-----A-----K-----F-----F-----Q-----TVK-----N-----K-----X-----A-----D 445	
J.CM.04.04CMU11421	-X-----X-----	-C-----TK-XL-----	-E-----A-----X-----E-----K-----F-----Q-----EX-----X-----R-K-M-----A-S-----D 442	
J.SE.93.SE9280.7887	-S-----	-C-----K-----ER-----	-E-----R-----K-----E-----K-----F-----Q-----ED-----K-----K-----A-----D 444	
J.SE.94.SE9173.7022	-S-----	-C-----K-----ER-----	-E-----R-----K-----E-----K-----F-----Q-----ED-----K-----K-----A-----D 444	
K.CD.97.97ZR.EQTB11	-K-----	-C-----RK-M-L-----	-P-----E-----K-----F-----F-----Q-D-----F-----K-----V-----D 446	
K.CM.96.96CM.MP535	-K-----V-----	-H-----IK-----EM-----	-P-----E-----K-----F-----F-----Q-D-----F-----K-----V-----D 446	
U.CA.01.TV749	-N-----	-C-----R-----EL-----	-V-----E-----K-----F-----F-----T-----K-----VR-KH-----R-----A-----D 451	
U.CA.99.TV721	-N-----	-C-----R-----EL-----	-V-----E-----K-----F-----F-----T-----K-----VR-KH-----R-----A-----D 451	
U.CD.83.83CD003.23	-N-----	-S-----T-----A-----	-C-----D-----TK-----E-----N-----N-K-----A-----K-----T-----K-----F-----Q-D-----N-----D-----Q-----D-----D-----Q-----D-----N-----RIKH-----R-----A-----D 446	
U.CD.90.90CD121E12	-N-----	-S-----T-----A-----	-C-----D-----TK-----E-----N-----N-K-----A-----K-----T-----K-----F-----Q-D-----N-----D-----Q-----D-----D-----Q-----D-----N-----RIKH-----R-----A-----D 446	
U.CY.05.CY090	-KE-----T-----T-----A-----	-C-----D-----TK-----E-----N-----N-K-----A-----K-----T-----K-----F-----Q-D-----N-----D-----Q-----D-----D-----Q-----D-----N-----RIKH-----R-----A-----D 446		
U.CY.08.CY223	-S-----T-----V-----	-A-----TK-----E-----	-C-----D-----TK-----E-----N-----N-K-----A-----K-----T-----K-----F-----Q-D-----N-----D-----Q-----D-----D-----Q-----D-----N-----RIKH-----R-----A-----D 446	
U.ES.10.DEURF10D2001	-K-----	-V-----	-A-----TK-----E-----	-C-----D-----TK-----E-----N-----N-K-----A-----K-----T-----K-----F-----Q-D-----N-----D-----Q-----D-----D-----Q-----D-----N-----RIKH-----R-----A-----D 446
U.GR.99.99GR5304	-PG-----	-A-----Y-----AK-----E-----	-E-----A-----G-----D-----K-----F-----F-----Q-D-----E-----K-----I-----A-----D 446	
U.NL.95.U.NL.95.H10986.D1	-S-----T-----	-KIK-----E-----	-A-----S-----F-----F-----R-----E-----A-----X-----A-----D 446	
01.AE.AF.07.569M	-G-----	-Y-AK-----E-----	-D-----K-----F-----F-----R-----E-----A-----X-----A-----D 444	
01.AE.CF.90.90CF11697	-S-----	-I-----IK-----EM-----	-V-----A-----S-----F-----F-----T-----A-----K-----A-----D 445	
01.AE.CN.10.YNFL03	-S-----	-I-----IK-----EM-----	-V-----A-----S-----F-----F-----T-----A-----K-----A-----D 445	
01.AE.HK.04.HK001	-KX-----	-I-----AN-----E-----I-----H-----	-I-----A-----S-----F-----F-----R-----E-----A-----IK-----R-----A-----D 443	
01.AE.IR.10.10IR.THR48F	-S-----	-T-----K-----	-KIK-----EMI-----H-----	-A-----N-----K-----F-----F-----K-----H-----A-----K-----A-----D 438
01.AE.JP.X.JRC774	-S-----	-T-----K-----	-KIK-----EMI-----H-----	-A-----N-----K-----F-----F-----K-----H-----A-----K-----A-----D 438
01.AE.JP.X.JRC774	-S-----	-T-----K-----	-KIK-----EMI-----H-----	-A-----N-----K-----F-----F-----K-----H-----A-----K-----A-----D 438
01.AE.TH.09.AA0905.WG11	-S-----	-T-----K-----	-KIK-----EMI-----H-----	-A-----N-----K-----F-----F-----K-----H-----A-----K-----A-----D 438
01.AE.TH.90.CM240	-S-----	-T-----K-----	-KIK-----EMI-----H-----	-A-----N-----K-----F-----F-----K-----H-----A-----K-----A-----D 438
01.AE.US.05.306163.FL	-S-----	-T-----K-----	-KIK-----EMI-----H-----	-A-----N-----K-----F-----F-----K-----H-----A-----K-----A-----D 438
01.AE.VN.98.98VND15	-S-----	-T-----K-----	-KIK-----EMI-----H-----	-A-----N-----K-----F-----F-----K-----H-----A-----K-----A-----D 438

[illegible]

		p51 RT end_p15 RNase H start	
B. FR. 83. HXB2	VIPLTEEALELAENREILKEPVHGYYDPSKDLIAEIKQGQGWYQIYQEPF. KNLKTGKYARMGAHTNDVKQLTEAVQKITTESIVIGWTKPKFLPIQKETWETWWEYQWATWIPWEFVNTPLVKLWYQLEKEPIVGAETFFYVDGAANRETKLGAGYVTN		615
02 AG. CM. 10. DE00210CM013	IV. T. V. V. D. F.	KK. S. V. VA. R. R. A. M. D. A.	615
02 AG. CY. 09. CY256	IVT. S. V. V. D.	KK. S. V. VAL. R. R. A. M. D. P.	615
02 AG. ES. 06. P1423	IV. V. V. D.	KK. S. V. VV. R. R. A. M. S.	614
02 AG. GW. 05. CC 0048	IVT. T. V. D.	KKKS. V. VM. R. DA. M. D.	613
02 AG. KR. 12. 12MR9	IV. V. V. D.	KK. S. V. VA. R. A. M. D.	619
02 AG. LR. X. POC44951	IVT. K. T. V. D.	KK. S. I. V. VA. R. R. DA. M. D.	615
02 AG. NG. 09. 09NG SC61	IV. T. V. D.	KK. S. V. VSM. R. DA. M. D.	615
02 AG. NG. X. IBNG	IVA. T. V. L. D.	KK. S. V. VAM. R. R. M. D.	615
02 AG. SE. 94. SE7812	IVT. T. V. D.	KK. S. V. VA. R. R. A. M. D.	615
02 AG. SN. 98. 98SE MP1211	IV. T. V. D.	KK. S. V. VA. V. R. R. A. M. D.	615
03 AB. RU. 97. KAL153 2	IV. A. V. D.	KK. S. V. VA. A. R. R. A. M. D.	615
04 cpx. CY. 94. 94CY032_3	IV. T. S. R. A. AM. C. R. D.	KK. S. V. VA. A. R. R. A. M. D.	614
05 DF. BE. X. V11310	IV. A. V. L. D.	KK. S. V. VA. A. R. R. A. M. D.	615
06 cpx. AU. 96. BFP90	IV. A. V. Y. D.	KK. S. V. VA. A. R. R. A. M. D.	617
07 BC. CN. 98. 98CN009	IV. I. V. D.	KK. S. V. VA. A. R. R. A. M. D.	615
08 BC. CN. 97. 97CN06 6F	IV. A. E. V. D.	KK. S. V. VA. A. R. R. A. M. D.	611
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	IVT. A. V. D.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	614
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061	IV. A. S. S. V. LD.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	614
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816	IV. A. S. S. V. LD.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	614
12 BF. AR. 99. ARMA159	IVS. T. V. V. E. F. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	615
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849	IV. V. E. E. V. PD.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	614
14 BG. ES. 05. X1870	IV. V. E. E. V. PD.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	614
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	IV. K. E. A. A. V. V. PD.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	614
16 AZD. KR. 97. 97KR004	IV. K. E. A. A. V. V. PD.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	615
17 BF. AR. 99. ARMA038	IV. K. E. A. A. V. V. PD.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	615
18 cpx. CU. 99. CU76	IV. V. V. V. D.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	613
19 cpx. CU. 99. CU7	IV. V. V. V. D.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	611
20 BG. CU. 99. CU103	IV. V. T. V. D.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	611
21 AZD. KE. 99. KER2003	IV. V. T. V. D.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	614
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY	IV. V. T. V. D.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	615
23 BG. CU. 03. CB118 2	IV. V. T. V. D.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	611
24 BG. ES. 08. X2456 2	IV. V. T. V. D.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	611
25 cpx. CM. 02. 1918LE	IV. V. T. V. D.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	614
26 AU. CD. 02. 02CD MBT047	IVT. V. T. V. D.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	613
27 cpx. FR. 04. 04CD FR KZ5	IVS. V. T. V. D.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	613
28 BF. BR. 99. BREPM12609	IV. V. T. V. D.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	615
29 BF. BR. 01. BREPM16704	IV. V. T. V. D.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	611
31 BC. BR. 04. 04BR142	IV. V. T. V. D.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	611
32 06A1. EE. 01. EE0369	IV. V. T. V. D.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	615
33 01B. ID. 07. JKT189 C	IV. V. T. V. D.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	615
34 01B. TH. 99. 09UR2478P	IVS. V. T. V. D.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	615
35 AD. AF. 07. 169H	IV. V. T. V. D.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	614
36 cpx. CM. 00. 00CMYU830	IV. V. T. V. D.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	612
37 cpx. CM. 00. 00CMYU926	IV. V. T. V. D.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	612
38 BF1. UY. 03. UY03 3389	IV. V. T. V. D.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	619
39 BF. BR. 04. 04BRRJ179	IV. V. T. V. D.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	618
40 BF. BR. 05. 05BRJ055	IV. V. T. V. D.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	615
42 BF. LU. 06. LU0F 18 06	IV. V. T. V. D.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	615
43 02G. SA. 03. 11223	IV. V. T. V. D.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	614
44 BF. CL. 00. CH80	IV. V. T. V. D.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	615
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK	IVL. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	613
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625	IVS. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	615
47 BF. ES. 08. P1942	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	614
48 01B. MY. 07. 07MYKT021	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	613
49 cpx. GM. 03. N26677	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	612
50 A1D. GB. 10. 12792	IVT. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	613
51 01B. SG. 11. 11SG HM021	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	615
52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	615
53 01B. MY. 11. 11FIR164	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	615
54 01B. MY. 09. 09MYSB023	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	615
55 01B. CN. 10. HNC5102056	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	615
56 cpx. FR. 10. URF5 patient A	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	617
57 BC. CN. 09. 09NLYX139g	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	611
58 01B. MY. 09. 09MYPR3	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	615
59 01B. CN. 09. 09LNA423	IVT. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	612
60 BC. IT. 11. BAV499	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	610
61 BC. CN. 10. JL100010	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	611
62 BC. CN. 10. YNFI13	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	611
63 02A1. RU. 10. 10RU6637	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	615
64 BC. CN. 09. YNFI31	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	611
65 cpx. CN. 10. YNFI01	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	611
67 01B. CN. 11. 2011. ANHUI. HF119	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	613
68 01B. CN. 11. 2011. ANHUI. WH73-V	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	613
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004	IVT. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	617
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	617
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	616
0. BE. 87. ANT70	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	611
0. CM. 98. 98CM104	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	611
0. CM. 98. 98CMAB141	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	611
0. CM. 98. 98CMAB212	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	611
0. CM. 98. 98CMAB212	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	611
0. CM. 98. 98CMAB537	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	611
0. CM. 99. 99CMU4122	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	611
0. FR. 92. VAV	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	612
0. GA. 11. 11GAB6352	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	611
0. SN. 99. 99SE MP1299	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	611
0. US. 18. LTNF	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	611
N. CM. 02. DJ00131	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	620
N. CM. 02. SJGdd	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	617
N. CM. 04. 04CM 1015_04	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	622
N. CM. 06. U14296	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	622
N. CM. 06. U14842	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	623
N. FR. 11. N1 FR 2011	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	622
P. CM. 06. U14788	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	612
P. FR. 09. RBF168	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	612
CPZ. CD. 06. BF1167	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	618
CPZ. CM. 05. SIVcpzMT145	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	614
CPZ. GA. 88. GAB1	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	613
CPZ. TZ. 06. SIVcpzTAN13	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	610
CPZ. US. 85. US Marilyn	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	617
GOR. CM. 07. SIVgor2139 287	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	607
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con	IV. A. E. RR. T. S. Y.	KK. S. R. V. V. A. R. A. M. D.	607

p66 RT, p15 Rnase H end p31 Integrase start

[illegible]

1003
1004
1004
1001
1008
1004
1004
1004
1003
1003
1004
1004
1004
1004
1008
1000
1000
1006
1004
1011
1007
1006
1001
1000
1002
998
1007
1000
1009
1009
1003
1003
1003
1009
1005
1003
1005
1005
1003
1008
1004
1007
1003
1006
1004
1004
1004
1009
1003
1000
1003
1008
1000
1004
1002
1003
1003
1002
1000
1002
1002
1002
1004
1009
1008
1005
1004
1005
1004
1002
1004
1004
1001
1003
1001
996
999
1004
1009
1002
1002

HIV-1 Proteins

1003
1004
1004
1003
1002
1008
1004
1004
1004
1004
1003
1006
1004
1004
1003
1007
1004
1003
1002
1004
1004
1003
1000
1003
1002
1002
1004
1014
1004
1004
1004
1001
1008
1007
1008
1003
1004
1002
1004
1003
1004
1001
1002
1004
1004
1004
1004
1000
1004
1001
999
1000
1000
1004
1004
1002
1006
1005
1010
1010
1010
1010
1010
1010
1010
1010
1013
1010
1010
1015
1016
1015
1008
1004
1007
1003
1003
999
1006
1003
1003

[illegible]

B. FR.	XXB2	Yif start	MENRWQVMIWQVDRMRIRTWKSLVKHHMYVSGKARGFYRHHYSEPHRISSEVHIPL. GD. AR.LVITTYWGLHTGERDWHLGGGVSTEWKRRYSTQVDPPELADQLIHLHYDFCFSDSAIRKALLGHIVSPRCEYQAGH. NKVGSQYLALALAIT.PKK	158
02 AG. CM. 19. D000210CM013			L - K - H - I - R - K - D - S - F - R - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
02 AG. CY. 09. CY256			R - H - I - Y - H - R - K - D - C - F - R - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
02 AG. ES. 06. P1423			N - K - N - K - G - K - R - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
02 AG. GW. 05. CC 0048			A - N - R - K - T - K - D - TR - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
02 AG. KR. 12. 12MH9			N - I - I - K - K - V - N - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
02 AG. LR. x. POC4431			N - I - I - K - K - V - N - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
02 AG. NG. 09. 09NG SC61			N - I - I - K - K - V - N - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
02 AG. NG. x. IBNG			N - I - I - K - K - V - N - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
02 AG. SE. 94. SE7812			N - Y - K - R - K - D - S - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
02 AG. SN. 98. 98SE MP2111			N - Y - K - R - K - D - S - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
03 AB. RU. 97. KALC63			N - I - I - K - K - V - N - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
03 CPX. CY. 94. 94CY332 3			N - I - I - K - K - V - N - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
05 DF. BE. x. V11310			N - Y - H - K - N - R - C - F - R - N - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
06 cpx. AU. 96. BFP90			N - Y - H - K - N - R - C - F - R - N - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
07 BC. CN. 98. 98CN009			N - Y - H - K - N - R - C - F - R - N - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
08 BC. CN. 97. 97CN063 6F			N - Y - H - K - N - R - C - F - R - N - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
09 cpx. CM. 96. 96CMB211			N - Y - H - K - N - R - C - F - R - N - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061			N - Y - H - K - N - R - C - F - R - N - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816			N - Y - H - K - N - R - C - F - R - N - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
12 BF. AR. 99. ARMA159			N - Y - H - K - N - R - C - F - R - N - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849			N - Y - H - K - N - R - C - F - R - N - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
14 BE. ES. 05. X01070			N - Y - H - K - N - R - C - F - R - N - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079			N - Y - H - K - N - R - C - F - R - N - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
16 AZD. KR. 97. 97KR004			N - Y - H - K - N - R - C - F - R - N - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
17 BF. AR. 99. ARMA038			N - Y - H - K - N - R - C - F - R - N - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
18 cpx. CU. 99. CU76			N - Y - H - K - N - R - C - F - R - N - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
19 cpx. CU. 99. CU7			N - Y - H - K - N - R - C - F - R - N - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
20 BF. CU. 99. CU103			N - Y - H - K - N - R - C - F - R - N - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
21 AZD. KE. 99. KER2003			N - Y - H - K - N - R - C - F - R - N - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY			N - Y - H - K - N - R - C - F - R - N - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
23 BG. CU. 03. CB118			N - Y - H - K - N - R - C - F - R - N - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
24 AU. ES. 08. X2456 2			N - Y - H - K - N - R - C - F - R - N - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
25 cpx. CM. 02. 021016			N - Y - H - K - N - R - C - F - R - N - K - V -	I - V - R - Q - H - K - O - E - I - D - M - H - G - I - Q - V - K - V - I -	158
26 AU. CD. 0					

Vif end
 VGH... *
 C
 C
 C
 C
 C
 C
 C
 C
 S
 Q
 I
 S
 L
 S
 WSF
 S
 WNW
 S
 T
 T
 S
 S
 Q
 I
 C

[illegible]

B. FR.83.HXB2
02 AG. CM.10.DE00210CM013
02 AG. CY.09.CY256
02 AG. ES.06.P1423
02 AG. GW.05.CC.0048
02 AG. KR.12.12MHR9
02 AG. LR.x.P0C44951
02 AG. NG.09.09NG.5C61
02 AG. NG.x.IBNG
02 AG. SE.94.SE7812
02 AG. SN.98.98SE.MP1211
03 AB. RU.97.KAL153_2
04 cpx. CY.94.94CY032_3
05 DF. BE.x.V11310
06 cpx. AU.96.BFP90
07 BC. CN.98.98CN009
08 BC. CN.97.97CNG.6F
09 cpx. GH.96.96GH2911
10 CD. TZ.96.96TZ.BF061
11 cpx. CM.95.95CM.1816
12 BF. AR.99.ARMA159
13 cpx. CM.96.96CM.1849
14 BG. ES.05.x1870
15 01B. TH.99.99TH.MU2079
16 A2D. KR.97.97KR004
17 BF. AR.99.ARMA038
18 cpx. CU.99.CU76
19 cpx. CU.99.CU7
20 BG. CU.99.CU103
21 A2D. KE.99.KER2003
22 01A1. CM.01.01CM.0001BBY
23 BG. CU.03.CB118
24 BG. ES.08.X2456_2
25 cpx. CM.02.1918LE
26 AU. CD.02.02CD.MBT047
27 cpx. FR.04.04CD.FR.KZ5
28 BF. BR.99.BREPML2609
29 BF. BR.01.BREPML16704
31 BC. BR.04.04BR142
32 06A1.EE.01.EE0369
33 01B. ID.07.JKT189_C
34 01B. TH.99.09UR2478P
35 AD. AF.07.169H
36 cpx. CM.00.00CMNYU830
37 cpx. CM.00.00CMNYU926
38 BF1.UY.03.UY03_3389
39 BF. BR.04.04BRRJ179
40 BF. BR.05.05BRRJ055
42 BF. LU.06.LU6F.18_06
43 02G. SA.03.J11223
44 BF. CL.00.CH80
45 cpx. FR.04.04FR.AUK
46 BF. BR.07.07BR.FPS625
47 BF. ES.08.P1942
48 01B. MY.07.07MYKT021
49 cpx. GM.03.N26677
50 A1D. GB.10.12792
51 01B. SG.11.11SG.HM021
52 01B. MY.03.03MYKL018_1
53 01B. MY.11.11FIR164
54 01B. MY.09.09MYSB023
55 01B. CN.10.HNCS102056
56 cpx. FR.10.URFS.patient.A
57 BC. CN.09.09NXLX195g
58 01B. MY.09.09MYPR3
59 01B. CN.09.09LNA423
60 BC. IT.11.BAV499
61 BC. CN.10.JL100010
62 BC. CN.10.YNFL13
63 02A1. RU.10.10RU6637
64 BC. CN.09.YNFL31
65 cpx. CN.10.YNFL01
67 01B. CN.11.2011.ANHUI.HF115R
68 01B. CN.11.2011.ANHUI.WH73-R
70 BF1. BR.10.10BR.PE004
71 BF1. BR.10.10BR.PE008
72 BF1. BR.10.10BR.MG002
0. BE.87.ANT70
0. CM.98.98CMA104
0. CM.98.98CMA8B141
0. CM.98.98CMA8B212
0. CM.98.98CMU537
0. CM.99.99CMU4122
0. FR.92.VAU
0. GA.11.11GAb6352
0. SN.99.99SE.MP1299
0. US.10.LTNP
N. CM.02.DJ00131
N. CM.02.SJGddd
N. CM.04.04CM.1015_04
N. CM.06.U14296
N. CM.06.U14842
N. FR.11.N1.FR.2011
P. CM.06.U14788
P. FR.09.RBF168
CPZ. CD.06.BF1167
CPZ. CM.05.SIVcpzMT145
CPZ. GA.88.GAB1
CPZ. TZ.06.SIVcpzTAN13
CPZ. US.85.US.Marilyn
GOR. CM.07.SIVgor2139.287
GOR. CM.07.SIVgorCP2135con

Vif end
IKPPLPSVTKLTEDRWKPKQTKGHRGSHTMNGH...
T-----R-----KE-----S-----
TR-----K-A-----R-----RS-----
TR-----K-----R-----S-----
K-----K-----E-----RS-----
R-----K-A-----E-----RD-----S-----
T-----K-A-N-----IR-----RS-----
R-----K-----S-----R-----S-----
T-----R-A-----KE-----R-----RP-----
T-----K-A-----E-----R-----RS-----
R-----K-A-----E-----R-----NRS-----
-----R-----D-----S-----
T-----K-V-----R-R-ENOI-----
T-----R-----R-----N-----Y-----
R-----Q-V-----R-----E-----
-----IK-V-----N-----IR-R-----N-----
-----IK-V-----N-----IR-R-----N-----
T-----K-V-----R-R-ENO-----
T-----R-----R-----
V-----K-----R-----EN-----CWNC-----
T-----K-V-----N-----R-----
T-----K-V-----RD-ENO-----
T-----K-----R-R-NP-----
-R--R-K-----D-----IR-ENP-D-----
T-----R-----
T-----K-V-----E-R-----
SR-----R-A-----R-----NQ-----
-----R-----R-R-ENP-----
T-----R-----I-----E-M-----
-----R-----R-EYP-----WKC-----
-----R-----R-R-DN-----
-----R-----R-----EN-----
-----R-----E-----ENO-----
T-----K-----E-----
-S--R-----R-----ENO-----Q-----
T-----R-----I-----N-----
-----R-----R-----
-----R-V-----R-----RDR-NQ-----
R-----Q-V-----E-----R-----E-----R-----
-R--K-----IR-ENP-S-----
-R--K-----QIR-ENP-T-----
TR-----IR-A-----R-P-E-----C-----
R-----K-----R-----RST-----
KR-----K-----R-ENP-----
T-----K-V-----R-----
-----LK-----T-----
-----LK-----NK-----R-----
K-----A-----S-----R-----RX-----
T-----Q-V-----E-----E-----
T-----K-A-----RD-----C-----
T-----K-V-----E-----R-----
A-----Q-VX-----E-----
-----K-----IR-ENP-S-----
-----TR-----R-R-N-----
R-----R-A-----E-----R-P-----I-----
-R--K-----I-----ENPI-H-----
-R--K-----I-D-----EH-----
-R--K-----I-----R-ENPI-----
-R--K-----IR-ENL-S-----
-R--K-----M-----EN-----
A-----A-----I-----R-----RP-----
-----IKQ-V-----N-----R-R-N-----
-R--K-----IR-ENP-S-----
-R--K-----IM-----E-P-----
R-----R-V-----RDR-N-H-----
-R--K-V-----IR-R-N-----
-----K-V-----N-----R-R-N-X-----
ER-----K-----R-----RS-----
-----IK-V-----D-----IM-R-N-----
-----IK-V-----N-----I-R-D-D-----
-R--K-----I-----ENP-----
-R--K-----I-----ENP-----
-----XK-----I-----K-----
R-----Q-----E-----K-N-----
R-----Q-----HLRIRDOLK-PS-----
N-----Q-----RHL-IRDOLE-S-----
N-----Q-----YLRIRDOLPE-S-----
N-----Q-----H-----RDOL-----S-----
N-----Q-----Q-KGHLRITTOLE-S-Y-----
N-----Q-----HLRIMDOL-N-S-----
NR-----Q-----RHLRI-DOP-QL-H-----
N-----Q-----K-S-HLMIRD-LE-S-----
N-----Q-----SRHLRIRDOLE-S-----
S-----Q-----RHLR-RDOPE-S-----
R-----H-----Q-----NPI-----
R-----RH-----Q-----NPI-----
R-----A-----RH-----Q-----NPI-----
R-----A-----SER-----Q-R-NPI-----
R-----EH-----Q-----N-I-----
R-----EH-----Q-----NP-----
R-----QI-----Q-I-SN-----R-----XOE-----S-----S-----CYKP-----
R-----Q-----I-----SX-----R-----X-----ROE-----S-----S-----CYKP-----
HR-----V-A-----RI-A-QENRGI-Y-----
NR-----A-A-----R-RD-QE-PMSS-C-----
HR-----A-----H-R-V-QENL-R-----
PGR-----A-V-----H-IR-----N-II-Y-----
RR-----C-----QPEN-----S-----
VR-----F-----Q-AA-T-RS-QMR-KEN-S-----
VR-----F-----Q-AA-T-SRS-QMR-KEN-ST-----

[illegible]

	amphipathic α -helix oligomerization				H(S/N)RIG motifs Vpr end in HXB2				Vpr end																			
	Vpr start				frameshift in HXB2				Vpr end																			
B. FR. 83. HXB2	MEQAPEDQGPQREPHNEWTLELLEELKNEAVRHFPRIW. LHGLGQHIYETGYDGTWAGVEAIIRILQQLFIH#FRIGCRHSRIGVTR. . . QRRA. . RENGASRS. . *																											
02 AG. CM. 10. DE00210CM013	-R-	F	-	H	-	P	E	E	Q	Q	-	V	-	Q	-	IIP	-	G	-	G	-	-						
02 AG. CY. 09. CY256	-R-	F	-	A	-	P	E	N	-	R	-	L	-	S	-	V	-	Q	-	II	-	G	-	G	-	-		
02 AG. ES. 06. P1423	-R-	F	-	I	-	Q	-	P	E	N	-	V	-	-	-	Q	-	IIP	-	R	XGT	-	GK	-	G	-	-	
02 AG. GW. 05. CC 0048	-R-	F	-	-	-	H	-	P	E	N	-	G	-	L	-	V	-	Q	-	II	-	G	-	G	-	-		
02 AG. KR. 12. 12MHR	-R-	F	-	V	-	Q	-	P	E	N	-	G	-	T	-	H	-	V	-	Q	-	II	-	G	-	G	-	-
02 AG. LR. x. POC44951	-R-	F	-	-	-	H	-	P	E	N	-	G	-	T	-	H	-	V	-	Q	-	II	-	G	-	G	-	-
02 AG. NG. 09. 09NG SC61	-V-	F	-	A	-	H	-	P	E	N	-	G	-	T	-	V	-	Q	-	II	-	G	-	G	-	G	-	-
02 AG. NG. x. IBNG	-R-	S	-	-	-	H	-	P	E	N	-	K	-	-	-	V	-	Q	-	IIQ	-	G	-	G	-	G	-	-
02 AG. SE. 94. SE7812	-R-	F	-	-	-	H	-	T	-	P	E	G	-	-	-	V	-	Q	-	II	-	G	-	G	-	G	-	-
02 AG. SN. 98. 98SE MP1211	-R-	F	-	-	-	H	-	-	-	P	E	G	-	-	-	V	-	Q	-	IIP	-	G	-	G	-	G	-	-
03 AB. RU. 97. KAL153 2	-R-	Y	-	-	-	H	-	-	-	V	-	S	-	Y	-	-	-	Q	-	IIQ	-	R	-	G	-	G	-	-
04 cpx. CY. 94. 94CY032_3	-N-	-	-	-	-	S	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	I-P	-	R#AGD	-	-	-	-	-	-
05 DF. BE. x. V11310	-Y-	I	-	-	-	H	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	I	-	I	-	S	-	-	-	-
06 cpx. AU. 96. BFP90	-Y-	-	-	-	-	S	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
07 BC. CN. 98. 98CN009	-S-	Y	-	-	-	Q	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
08 BC. CN. 97. 97CNG 6F	-P-	-	-	-	-	Q	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	-P-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061	-Y-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816	-P-	Y	-	M	-	H	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	G	-	G	-	-	-	-
12 BF. AR. 99. ARMA159	-P-	Y	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849	-Y-	-	-	-	-	H	-	K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
14 BG. ES. 05. x1870	-Y-	G	-	P	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	I-P	-	-	-	-	-	-	-	-
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	-G-	Y	-	G	-	P	-	K	-	S	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
16 A2D. KR. 97. 97KR004	-Y-	-	-	-	-	D	-	R	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IM	-	P	-	G	-	-	-	-
17 BF. AR. 99. ARMA038	-G-	Y	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	II	-	-	-	-	-	-	-	-
18 cpx. CU. 99. CU76	-N-	Y	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
19 cpx. CU. 99. CU7	-N-	Y	-	A	-	D	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	I-P	-	R	-	G	-	-	-	-
20 BG. CU. 99. Cu103	-N-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	ISL	-	R	-	V	-	-	-	-
21 A2D. KE. 99. KER2003	-D-	-	-	-	-	S	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	I	-	-	-	-	-	-	-	-
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY	-V-	Y	-	-	-	V	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	II	-	G	-	G	-	-	-	-
23 BG. CU. 03. CB118	-Q-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	ISP	-	R	-	G	-	-	-	-
24 BG. ES. 08. x2456 2	-P-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	ISP	-	R	-	G	-	-	-	-
25 cpx. CM. 02. 1918LE	-RT-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
26 AU. CD. 02. 02CD MBT047	-Y-	-	-	-	-	Q	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IF	-	S	-	G	-	-	-	-
27 cpx. FR. 04. 04CD FR KZ5	-Y-	-	-	-	-	I	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
28 BF. BR. 99. BREPM12609	-Y-	-	-	-	-	S	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IN	-	-	-	-	-	-	-	-
29 BF. BR. 01. BREPM16704	-Y-	-	-	-	-	S	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	INP	-	-	-	-	-	-	-	-
31 BC. BR. 04. 04BR142	-R-	-	-	-	-	Q	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	II	-	-	-	-	-	-	-	-
32 06A1. EE. 01. EE0369	-R-	-	-	-	-	S	-	K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
33 01B. ID. 07. JKT189 C	-A-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	I-P	-	G	-	G	-	-	-	-
34 01B. TH. 99. OUR2478P	-A-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
35 AD. AF. 07. 169H	-Y-	-	-	-	-	M	-	D	-	H	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
36 cpx. CM. 00. 00CMNU830	-Y-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
37 cpx. CM. 00. 00CMNU926	-Y-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
38 BF1. UY. 03. UY03 3389	-H-	Y	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
39 BF. BR. 04. 04BRR179	-H-	Y	-	-	-	T	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
40 BF. BR. 05. 05BRR1055	-Y-	-	-	-	-	S	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
42 BF. LU. 06. LU0F 18 06	-Y-	-	-	-	-	S	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
43 02G. SA. 03. J11223	-V-	X	-	-	-	H	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	II	-	-	-	-	-	-	-	-
44 BF. CL. 00. CH80	-G-	Y	-	-	-	S	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	II	-	-	-	-	-	-	-	-
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK	-G-	Y	-	-	-	M	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625	-G-	Y	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	II	-	-	-	-	-	-	-	-
47 BF. ES. 08. P1942	-Y-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	II	-	-	-	-	-	-	-	-
48 01B. MY. 07. 07MYKT021	-Y-	-	-	-	-	I	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	II	-	-	-	-	-	-	-	-
49 cpx. GM. 03. N26677	-Y-	-	-	-	-	Q	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	II	-	-	-	-	-	-	-	-
50 A1D. GB. 10. 12792	-R-	Y	-	Q	-	DM	-	D	-	H	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	II	-	-	-	-	-	-	-	-
51 01B. SG. 11. 11SG HM021	-Y-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1	-A-	Y	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
53 01B. MY. 11. 11FIR164	-N-	-	-	-	-	H	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
54 01B. MY. 09. 09MYS023	-H-	Y	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
55 01B. CN. 10. HNC5102056	-H-	Y	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
56 cpx. FR. 10. URF5 patient A	-P-	-	-	-	-	S	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg	-P-	-	-	-	-	Q	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
58 01B. MY. 09. 09MYPR37	-H-	Y	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
59 01B. CN. 09. 09LNA423	-H-	Y	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
60 BC. IT. 11. BAV499	-P-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	II	-	-	-	-	-	-	-	-
61 BC. CN. 10. JL100010	-P-	-	-	-	-	Q	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
62 BC. CN. 10. YNFI13	-P-	Y	-	X	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IL	-	-	-	-	-	-	-	-
63 02A1. RU. 10. 10RU6637	-RP-	H	-	-	-	H	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IM	-	-	-	-	-	-	-	-
64 BC. CN. 09. YNFI31	-S-	-	-	-	-	R	-	G	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Q	-	IIP	-	-	-	-	-	-	-	-
65 cpx. CN. 10. YNFI01	-N-	-	-																									

	Tat start	C-rich region	nuclear localization	exon 1 end	exon 2 start	Tat end	
B.FR.83.HXB2	MEPVDPLRPWKHPGSPQKTA	CTCYKCCFHCQVCFIT	KALGISYGRKKRRQ	.RRRAHONSQTHQASLSKQ	PTSGPKE+KKKVERETETDPFD*	100
A1.AU.03.P51044 Day0	-D--N--N--T-NK--Y-PS-	LN-G--	-GPP-GKNKY-XPVP-	IP-TQ	.R-S-E-P--	SKA--R--	102
A1.CH.03.HIV_CH_BID_V358	-D--N--N--T-P-S--W-	LK-G--	-GT-PS-KD-NP--	IP-TQ	.R-S-QE-S-	SKA-A-R--	102
A1.CY.08.CY236	-D--N--N--T-SK--Y-D-	LK-G--	-PP-S-ED-NPIPE-	IP-TQ	.V-S-E-S-	SK--A-R--	102
A1.ES.05.X1608 8	-D--N--N--T-P-SK--Y-	LN-G--	-GTP-S-KD-NPIP-	L-AQ	.I-S-E-S-	SK--A-R-A	102
A1.KE.11.DEMA11KE001	-D--N--N--T-P-NK--Y-PA-	LN-G--	-TPHS-KD-NPVP-	TQ	.S-E-S-	SKA-A-R--	102
A1.RU.11.11RU6950	-D--N--N--T-P-NK--Y-L-	LK-G--	-H-GTPHS-KD-NPI-	LPHTQ	.R-Q-E-SA-	SKA--R-A	102
A1.RW.11.DEMA11RW002	-D--N--N--A-S--Y-P-	LS-G-V-	-GTP-SNKD-NPVP-	STP-TK	.N-E-S-E-	SKA--R-A	102
A1.SN.01.DDI579	-D--N--N--S-A-W-	LN-G--	-K-GTP-SNKD-NPVP-	LP-TP	.S-E-S-	SK--R-A--	102
A1.UG.11.DEMA11UG001	-D--N--N--A-SP--Y-	LN-G--	-TSHS-KD-DLVP-	SIP-TQ	.V-T-S-	SK--RL-Q--	107
A1.ZA.04.04ZASK162B1	-N-D--N--S-P--V-	LN-G--	-R-GSPPS-KD-NPIQ-	TQ	.S-E-S-	SKA--R-A	102
A2.CM.01.01CM_1445RV	-K--N--R--N-V-W-	LN-G--	-P-PS-S-KD-NPV-E	SLPHAO	.RV-S-Q-E-	SK--HQ--	102
A2.CY.94.94CY017 41	-K--N--K--R-Y-L-N-G-		-P-KPSPSNKD-NPIP-	SLP-AQ	.RV-E-P-E-	SKA--R--	102
B.BR.10.10BR MG029	---I-S--Q--R-T--Y-A-L-G-		-TP-G-K-D-P-A-Q-	E-E-S-	K--GY-		102
B.CA.07.502 1191 03	---I-S--Q--R-T--Y-A-L-G-		-SP-S-KID-P-A-H-		P-E--	HOVG--	102
B.CH.08.M2 0803101 NFLG8	---I-S--Q--R-T--Y-A-L-G-		-S-PD--		P-E--	IH-S--	102
B.CN.10.DEMB10CN002	---I-S--Q--R-T--Y-A-L-G-		-PP-D-K-NP-P-A-		S--	VH--	102
B.ES.10.DEMB10ES002	---I-S--Q--R-T--Y-A-L-G-		-P-D--		S--	DP--	102
B.FR.11.DEMB11FR001	---I-S--Q--R-T--Y-A-L-G-		-TP-D-P--		S--	KA-H-D--	102
B.GB.05.MM450213 GN1	---I-S--Q--R-T--Y-A-L-G-		-PSEG--D--P--		Q-E--	G-W--	107
B.HK.06.HK003	---I-S--Q--R-T--Y-A-L-G-		-PPE--N-V-P--		C-E--	T-A--VP--	102
B.HT.05.05HT 129389	---I-S--Q--R-T--Y-A-L-G-		-XS-X--A--A--		K-Q--	O-W--	103
B.JP.12.DEMB12JP001	---I-S--Q--R-T--Y-A-L-G-		-PP-G--VP-P-A--		L-Q--	OV--	102
B.KR.07.HP 18 07JHS10_3909	---I-S--Q--R-T--Y-A-L-G-		-P-DNKN--V--		Q-E--	K-M--VH--	102
B.PE.07.502 0525 wg5	---I-S--Q--R-T--Y-A-L-G-		-PKD--PI--		A-S--	T-H-H--	102
B.RU.11.11RU21n	---I-S--Q--R-T--Y-A-L-G-		-SP-N-D--P-A--		S-E--	T-H--	102
B.TH.08.MERLBDTRC10	---I-S--Q--R-T--Y-A-L-G-		-GPP-D--		E-S--	GH--	102
B.US.11.ES38	---I-S--Q--R-T--Y-A-L-G-		-P-G-PNN-VP-E-A-S-		P-E--	K-H--	102
C.AR.01.ARG4006	-D-I-HN--N--P-K--SY-I-L-G-		-S-PPSGED-NLI-E-	L-T	.QA-SE-S-	SK-K--	102
C.BR.07.DEMC07BR003	-D-I-HN--N--P-K--SY-I-L-G-		-S-PPSGED-NLI-E-	L-T	.QA-SE-S-	SK-K--	102
C.BW.00.00BW003 1	-D-I-HN--N--P-K--SY-I-L-G-		-S-PPSGED-NLI-E-	L-T	.QA-SE-S-	SK-K--	102
C.CN.10.YNFI19	-D-I-HN--N--P-K--SY-I-L-G-		-S-PPSGED-NLI-E-	L-T	.QA-SE-S-	SK-K--	102
C.CY.09.CY260	-D-I-HN--N--P-K--SY-I-L-G-		-S-PPSGED-NLI-E-	L-T	.QA-SE-S-	SK-K--	102
C.ES.08.X2363 2	-D-I-HN--N--P-K--SY-I-L-G-		-S-PPSGED-NLI-E-	L-T	.QA-SE-S-	SK-K--	102
C.ET.02.02ET 280	-D-I-HN--N--P-K--SY-I-L-G-		-S-PPSGED-NLI-E-	L-T	.QA-SE-S-	SK-K--	102
C.IN.09.T125 2139	-D-I-HN--N--P-K--SY-I-L-G-		-S-PPSGED-NLI-E-	L-T	.QA-SE-S-	SK-K--	102
C.KE.00.KER2010	-D-I-HN--N--P-K--SY-I-L-G-		-S-PPSGED-NLI-E-	L-T	.QA-SE-S-	SK-K--	102
C.MW.09.703010256 CH256.w96	-D-I-HN--N--P-K--SY-I-L-G-		-S-PPSGED-NLI-E-	L-T	.QA-SE-S-	SK-K--	102
C.TZ.08.707010457 CH457.w8	-D-I-HN--N--P-K--SY-I-L-G-		-S-PPSGED-NLI-E-	L-T	.QA-SE-S-	SK-K--	102
C.YE.02.02YE511	-D-I-HN--N--P-K--SY-I-L-G-		-S-PPSGED-NLI-E-	L-T	.QA-SE-S-	SK-K--	102
C.ZA.08.705010534 CH534.w12	-D-I-HN--N--P-K--SY-I-L-G-		-S-PPSGED-NLI-E-	L-T	.QA-SE-S-	SK-K--	102
C.ZA.10.DEMC10ZA001	-D-I-HN--N--P-K--SY-I-L-G-		-S-PPSGED-NLI-E-	L-T	.QA-SE-S-	SK-K--	102
C.ZM.11.DEMC11ZM006	-D-I-HN--N--P-K--SY-I-L-G-		-S-PPSGED-NLI-E-	L-T	.QA-SE-S-	SK-K--	102
D.CM.10.DEMD10CM009	-D-I-HN--N--P-K--SY-I-L-G-		-S-PPSGED-NLI-E-	L-T	.QA-SE-S-	SK-K--	102
D.CY.06.CY163	-D-I-HN--N--P-K--SY-I-L-G-		-S-PPSGED-NLI-E-	L-T	.QA-SE-S-	SK-K--	102
D.KE.11.DEMD11KE003	-D-I-HN--N--P-K--SY-I-L-G-		-S-PPSGED-NLI-E-	L-T	.QA-SE-S-	SK-K--	102
D.KR.04.04KR08	-D-I-HN--N--P-K--SY-I-L-G-		-S-PPSGED-NLI-E-	L-T	.QA-SE-S-	SK-K--	102
D.SN.90.5E365	-D-I-HN--N--P-K--SY-I-L-G-		-S-PPSGED-NLI-E-	L-T	.QA-SE-S-	SK-K--	102
D.TZ.01.A280	-D-I-HN--N--P-K--SY-I-L-G-		-S-PPSGED-NLI-E-	L-T	.QA-SE-S-	SK-K--	102
D.UG.10.DEMD10UG004	-D-I-HN--N--P-K--SY-I-L-G-		-S-PPSGED-NLI-E-	L-T	.QA-SE-S-	SK-K--	102
D.UG.11.DEMD11UG003	-D-I-HN--N--P-K--SY-I-L-G-		-S-PPSGED-NLI-E-	L-T	.QA-SE-S-	SK-K--	102
D.YE.02.02YE516	-D-I-HN--N--P-K--SY-I-L-G-		-S-PPSGED-NLI-E-	L-T	.QA-SE-S-	SK-K--	102
D.ZA.90.R1	-D-I-HN--N--P-K--SY-I-L-G-		-S-PPSGED-NLI-E-	L-T	.QA-SE-S-	SK-K--	102
F1.A0.06.A0 06 ANG32	-I--N-D--N--T-P-K-A--YY-C-G-		-TP-G-KN-NPVPE-	L-A	.N-Q-S-	EM-SK--S--	101
F1.AR.02.ARE933	-I--N-D--N--T-P-K-A--YY-C-G-		-TP-G-KN-NPVPE-	L-A	.N-Q-S-	EM-SK--S--	101
F1.BR.10.10BR RJ015	-I--N-D--N--T-P-K-A--YY-C-G-		-TP-G-KN-NPVPE-	L-A	.N-Q-S-	EM-SK--S--	101
F1.CY.08.CY222	-I--N-D--N--T-P-K-A--YY-C-G-		-TP-G-KN-NPVPE-	L-A	.N-Q-S-	EM-SK--S--	101
F1.ES.02.ES X845 4	-I--N-D--N--T-P-K-A--YY-C-G-		-TP-G-KN-NPVPE-	L-A	.N-Q-S-	EM-SK--S--	101
F1.F0.96.BC1 R07	-I--N-D--N--T-P-K-A--YY-C-G-		-TP-G-KN-NPVPE-	L-A	.N-Q-S-	EM-SK--S--	101
F1.RU.08.088 845	-I--N-D--N--T-P-K-A--YY-C-G-		-TP-G-KN-NPVPE-	L-A	.N-Q-S-	EM-SK--S--	101
F2.CM.02.02CM 0016BBY	-I--N-D--N--T-P-K-A--YY-C-G-		-TP-G-KN-NPVPE-	L-A	.N-Q-S-	EM-SK--S--	101
F2.CM.10.DEMF210CM001	-I--N-D--N--T-P-K-A--YY-C-G-		-TP-G-KN-NPVPE-	L-A	.N-Q-S-	EM-SK--S--	101
F2.CM.10.DEMF210CM007	-I--N-D--N--T-P-K-A--YY-C-G-		-TP-G-KN-NPVPE-	L-A	.N-Q-S-	EM-SK--S--	101
G.BE.96.DRCBL	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
G.CM.10.DEMG10CM008	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
G.CN.08.GX 2084 08	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
G.CU.99.CU74	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
G.ES.09.X2634 2	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
G.GH.03.03GH175G	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
G.KE.09.DEMG09KE001	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
G.NG.09.09NG SC62	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
G.ZA.01.TV546	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
H.BE.93.VT951	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
H.CF.90.056	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
H.GB.00.00GBAC4001	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
J.CM.04.04CMU11421	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
J.SE.93.5E9280 7887	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
J.SE.94.5E9173 7022	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
K.CD.97.97ZR EQTB11	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
K.CM.96.96CM MP535	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
U.CA.01.TV749	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
U.CA.99.TV721	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
U.CD.83.83CD003 23	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
U.CD.90.90CD121E12	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
U.CY.05.CY090	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
U.CY.08.CY223	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
U.ES.10.DEURF10D2001	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
U.GR.99.99GR5374	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
U.NL.95.U NL 95 H10986.D1	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
01 AE.AF.07 569M	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
01 AE.CF.90.90CF11697	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
01 AE.CN.10.YNFI03	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
01 AE.HK.04.HK001	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
01 AE.IR.10.10IR_THR48F	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
01 AE.JP.X.JRC77A	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
01 AE.TH.09.AA0905 WG11	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
01 AE.TH.90.CM240	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
01 AE.US.05.306163 FL	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
01 AE.VN.98.98VNND15	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101
01 AE.VN.98.98VNND15	-D--K--N--P-N--SVAAL--LN-G--		-KH-GTPHS-KD-TPVP-	F-TT	.N-Q-S-	E-SK--	101

	Tat start	C-rich region	nuclear localization	exon 1 end exon 2 start	Tat end
B. FR. 83. HXB2	MEPVDPLRPWKHPGSPQKTA	CTNCYCKCFCQVCFITKALGISYGRKKRRQ	.RRRAHQMSQTHQASLSKQPTSQPR	.GD. PTGPKE+KKKVERETETDPFD*
02 AG. CM. 10. DE00210CM013	-----S-----N-----A-----S-----W-----W-----L-----LN-----G-----H-----	-----G-----TP-----RRD-----NPVP-----LPTT-----N-----E-----P-----E-----SK-----Y-----			100
02 AG. CY. 09. CY256	---L---K---N---T---NT---W---L---LN---G---Q---GR---	---TP---SR---D---NPVP-----LPTTS---N---Q---S---E---SK---A---CA---			102
02 AG. ES. 06. P1423	K-----S-----N-----S-----W-----Y-----LN-----G-----P-----	---TP---SR---D---NPVP-----LPTT-----N-----E-----P-----E-----SK-----Q*-----			100
02 AG. GW. 05. CC 0048	---L---S-----N-----T---SK---I---W-----L-----LN---G---Q---GTPS---D---NPVP-----FTTL---	---I---A-----S---E---E---ASKA---RC-----			103
12 AG. KR. 12. 120HR	---L---S-----N-----T---SK---W-----L-----LN---G---R---GTPS---D---NPVP-----LN---D---	---E---E---ASKA---NOC-----			102
02 AG. LR. x. POC44951	---D---SI---N-----T---SK---A---W-----L-----LN---G---KR---GSPRSH---DR---NPVP-----LPTA---	---N-----S---E---E---ASKA---NLC---Y-----			103
02 AG. NG. 09. 09NG SC61	---L---S-----N-----T---N-----W-----L-----LN---G---R---GTPSRD---D---NPVP-----LPAT---	---N-----S---E---E---SK---C-----			102
02 AG. NG. x. IBNG	---L---S-----N-----T---SK---M---#-----L-----LN---G---R---GTPSRD---D---NPVP-----LPTT---	---N---D-----S---E---E---SK---K---C-----			101
02 AG. SE. 04. SE7812	---L---S-----N-----T---SK---I---W-----L-----LN---G---KR---GTPSRD---NPVP-----LPTT---	---N---A-----S---E---E---AGK---C-----			102
02 AG. SN. 98. 98SE MP1211	---L---K---N-----T---SK---L---W-----L-----LN---G---R---GTPSRD---NPVP-----LPTT---	---E---Q-----S---E---E---ASK---G---C-----			102
03 AB. RU. 97. KAL153	-----D-----N-----T---D---NK---F-----W-----L-----LN---G---KH---GSL---G---KG---NLIP---	---L---OPN-----S---E---Q-----ASKA---A---A-----			103
04 cpx. CY. 94. 94CY032_3	---D---N-----N-----R---NQ---M---Y-----N-----G---P---	---PP---G---A---DPVPE---P---			103
05 DF. BE. x. V11310	---D---N-----N-----R---NQ---M---Y-----N-----G---P---	---PP---G---A---DPVPE---P---			103
06 cpx. AU. 96. BFP90	---KI---NQ---R---K-----K-----Y---P-----LN---G---Q---PPG---KN---DPV---	---L---TO---RE---Q---EKS---E---SKA---P---R-----			102
07 BC. CN. 98. 98CN009	---K---S-----N-----E---N-----R---SY---L-----MK---G---F---	---S---P---ED---NLI---LPRTQ---			102
08 BC. CN. 97. 97CN06_6F	---D---N-----N-----E---N-----R---SY---L-----MK---G---F---	---S---P---ED---NLI---LPRTQ---			102
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	---L---N-----N-----A---NK---R---Y---H-----LN---G---A---SCG---KSN---DPIP---	---LP---T---N-----S---E---E---SK---KS---Q-----			102
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061	---H---N-----N-----NK---H---A---SY---L-----Q---S---S---PPS---ED---NLI---	---S-----S-----A---A---W-----WTDS-----			107
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816	---NI---NQ-----N-----S---P---K---R---Y---H-----LN---G---P---SHS---KN---DHIPE---	---L---AT---RK---V---E---S---E---SKA---P---R-----			102
12 BF. AR. 99. ARMA159	---L---N-----N-----K---S---P---K---R---Y---H-----LN---G---P---SHS---KN---DHIPE---	---L---AT---RK---V---E---S---E---SKA---P---R-----			102
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849	---D---KI---NQ-----N-----P-----K-----R---W-----LN---G---KH---GPP---SXKD---TPVP---	---LPTT---N---Q---E---E---SK---K---W-----SADS-----			107
14 BG. ES. 05. X1870	---D---N-----N-----R---T---N-----I---W-----I-----LN---G---KH---GTP---S---KD---NPAP---	---L---IS---K---D---KS---E---ASKA---*-----			101
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	---D---N-----N-----R---NK---R---Y---P-----LN---G---P---	---PP---GGTG---NPPIE---SLPR---Q---RI---TE---TE---SKA---C-----			102
16 A2D. KR. 97. 97KR004	---I---N---D---N-----T---P---R---F---E---YW---T---G---N---	---PP---GNPP---V---P---AP---A---N-----S---E---E---SKAK---O*---W-----			102
17 BF. AR. 99. ARMA038	---NI---NQ-----N-----R---Y---L-----TK---G---KH---GTP---S---KD---NPAP---	---LPTT---N---Q---E---E---SKA---K---A---OC-----			102
18 cpx. CU. 99. CU76	---D---N-----N-----N-----R---Y---L-----TK---G---KH---GTP---S---KD---NPAP---	---LPTT---N---Q---E---E---SKA---K---A---OC-----			102
19 cpx. CU. 99. CU7	---D---N-----N-----N-----R---Y---L-----TK---G---KH---GTP---S---KD---NPAP---	---LPTT---N---Q---E---E---SKA---K---A---OC-----			101
20 BG. CU. 99. CU103	---D---N-----N-----N-----R---Y---L-----TK---G---KH---GTP---S---KD---NPAP---	---LPTT---N---Q---E---E---SKA---K---A---OC-----			102
21 A2D. KE. 99. KER2003	---D---N-----N-----R---NK---H---R---Y---IK---L---G---R---	---S---S---E---E---SKA---C-----			103
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY	---L---S-----N-----T---N---F---V-----W-----LN---G---KH---GTP---G---KD---NPAP---	---LP---TK---R---S---E---E---SK---NR---A-----			102
23 BG. CU. 03. CB118	---D---N---D---N-----NK---M---W-----LN---G---KH---GTP---G---KD---NPAP---	---LP---TK---R---S---E---E---SK---NR---A-----			102
24 BG. ES. 08. X2456_2	---D---N---D---N-----NK---M---W-----LN---G---KH---GTP---G---KD---NPAP---	---LP---TK---R---S---E---E---SK---NR---A-----			102
25 cpx. CM. 02. 1918LE	---D---NI---N-----G---P---N-----R-----K---G---S---	---GTPS---KD---NPVP---IPTT---			102
26 AU. CD. 02. 02CD MBT047	---RNID---N-----P---NK---Q---Y---L-----G---G---	---P---GTSRSD---NP---P---S---AQ---RE---SE---S---SK---Q---R-----			102
27 cpx. FR. 04. 04CD FR KZ5	---D---N-----N-----NQ---R---Y---H-----LN---G---F---	---T---PYGNKN---DPIQE---SIP---TO---R---S---SE---S---SKARA---R-----			102
28 BF. BR. 99. BREPM12609	---D---N-----N-----NQ---R---Y---H-----LN---G---F---	---T---PYGNKN---DPIQE---SIP---TO---R---S---SE---S---SKARA---R-----			102
29 BF. BR. 01. BREPM15704	---D---N-----N-----NQ---R---Y---H-----LN---G---F---	---T---PYGNKN---DPIQE---SIP---TO---R---S---SE---S---SKARA---R-----			102
31 BC. BR. 04. 04BR142	---D---K---N-----N-----R---NK---L-----MK---G---F---	---T---PYGNKN---DPIQE---SIP---TO---R---S---SE---S---SKARA---R-----			102
32 06A1. EE. 01. EE0369	---D---K---N-----N-----R---NK---L-----MK---G---F---	---T---PYGNKN---DPIQE---SIP---TO---R---S---SE---S---SKARA---R-----			102
33 01B. ID. 07. JKT189_C	---D---K---N-----N-----R---NK---L-----MK---G---F---	---T---PYGNKN---DPIQE---SIP---TO---R---S---SE---S---SKARA---R-----			102
34 01B. TH. 99. OUR2478P	---D---N-----N-----N-----T---SK---N---W-----L-----LN---G---KH---GTP---S---KD---NPAP---	---LPTT---N---Q---E---E---SKA---K---A---OC-----			101
35 AD. AF. 07. 169H	---D---N---D---N-----P---S---I---SY---L-----LN---G---R---	---GTPS---KD---NPVP---IPTT---			102
36 cpx. CM. 00. 00CMYU830	---L---N-----N-----R---N---F-----V-----W-----LN---G---R---	---GTPS---KD---NPVP---IPTT---			102
37 cpx. CM. 00. 00CMYU926	---D---N-----N-----R---N---F-----V-----W-----LN---G---R---	---GTPS---KD---NPVP---IPTT---			102
38 BF1. UY. 03. UY03_3389	---I---K---N-----T---P---NK---R-----Y---W---T---G---H---	---TP---SN---I---DPVP---V---A---N-----S---E---E---SK---K---CA-----			102
39 BF. BR. 04. 04BR1719	---D---N-----N-----K---R-----Y---W---T---G---H---	---TP---SN---I---DPVP---V---A---N-----S---E---E---SK---K---CA-----			101
40 BF. BR. 05. 05BR13055	---D---N-----N-----K---R-----Y---W---T---G---H---	---TP---SN---I---DPVP---V---A---N-----S---E---E---SK---K---CA-----			102
42 BF. LU. 06. LU0F_18_06	---D---N-----N-----K---R-----Y---W---T---G---H---	---TP---SN---I---DPVP---V---A---N-----S---E---E---SK---K---CA-----			101
43 02G. SA. 03. J11223	---L---HK---E-----N-----T---SK---W-----L-----LN---G---R---	---GTPS---KD---NPVP---IPTT---			102
44 BF. CL. 00. CH80	---LI---N---D---N-----T---P---R---R-----Y---W---V---G---KH---GTP---S---KD---NPAP---	---LPTT---N---Q---E---E---SKA---K---A---OC-----			102
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK	---D---N-----N-----T---NK---H---Y---YS---LN---G---KH---GTPS---KD---NPAP---	---LPTT---N---Q---E---E---SKA---K---A---OC-----			102
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625	---L---N---D---N-----T---P---K---R-----Y---W---V---G---KH---GTPS---KD---NPAP---	---LPTT---N---Q---E---E---SKA---K---A---OC-----			102
47 BF. ES. 08. P1942	---D---N-----N-----T---P---K---R-----Y---W---V---G---KH---GTPS---KD---NPAP---	---LPTT---N---Q---E---E---SKA---K---A---OC-----			102
48 01B. MY. 07. 07MYKT021	---N-----N-----K---T---SK---R-----Y---W---L-----LN---G---KH---GTPS---KD---NPAP---	---LPTT---N---Q---E---E---SKA---K---A---OC-----			102
49 cpx. GM. 03. N26677	---KI---N-----N-----Q---Y---I---LN---G---C---	---T---PPG---KN---DLVQ---			102
50 A1D. GB. 10. 12792	---D---N-----N-----T---P---K---R-----Y---W---L-----LN---G---KH---GTPS---KD---NPAP---	---LPTT---N---Q---E---E---SKA---K---A---OC-----			103
51 01B. SG. 11. 11SG HM021	---N-----N-----G---P---A---R---S---A---K---K---	---T---D---E---E---E---E---HSSRO-----			102
52 01B. MY. 03. 03MYKL018_1	---N-----N-----T---SS---I---W---L-----LN---G---H---	---KH---GTP---S---KD---NPVP---IPTT---			102
53 01B. MY. 11. 11TR181	---N-----N-----G---P---A---R---S---A---K---K---	---T---D---E---E---E---E---HSSRO-----			102
54 01B. MY. 09. 09MYSB023	---N-----N-----T---SK---R-----Y---W---L-----LN---G---KH---GTPS---KD---NPAP---	---LPTT---N---Q---E---E---SKA---K---A---OC-----			101
55 01B. CN. 10. HNC5102056	---D---N-----N-----K---T---SK---W-----L-----LN---G---KH---GTPS---KD---NPAP---	---LPTT---N---Q---E---E---SKA---K---A---OC-----			102
56 cpx. FR. 10. URF5 patient A	---D---I---N-----N-----NK---A---W-----L-----LN---G---X---	---SH---TPPG---KD---NPVP---LPTN---			102
57 BC. CN. 09. 09YNLX139g	---N-----N-----N-----T---D---SK---I---W-----L-----LN---G---KH---GTPS---KD---NPAP---	---LPTT---N---Q---E---E---SKA---K---A---OC-----			102
58 01B. MY. 09. 09MYPR17	---N-----N-----N-----T---D---SK---I---W-----L-----LN---G---KH---GTPS---KD---NPAP---	---LPTT---N---Q---E---E---SKA---K---A---OC-----			102
59 01B. CN. 09. 09LNA423	---N-----N-----N-----T---D---SK---I---W-----L-----LN---G---KH---GTPS---KD---NPAP---	---LPTT---N---Q---E---E---SKA---K---A---OC-----			102
60 BC. IT. 11. BAV499	---LETN---NQ---E---P---N-----R---SY---L-----G---Y---	---S---PSSNKD---NPV---L---A---Q---DLEKS---KSK---K-----			102
61 BC. CN. 10. J1100010	---N-----N-----E---N---F---R---SY---L-----Q---G---	---P---S---ED---SLI---LPRTQ---			102
62 BC. CN. 10. YNFI13	---D---N-----N-----E---N---F---R---SY---L-----Q---G---	---P---S---ED---SLI---LPRTQ---			102
63 02A1. RU. 10. 10RU6637	---D---N-----N-----E---N---F---R---SY---L-----Q---G---	---P---S---ED---SLI---LPRTQ---			102
64 BC. CN. 09. YNFI31	---N-----N-----E---N---F---R---SY---L-----Q---G---	---P---S---ED---SLI---LPRTQ---			102
65 cpx. CN. 10. YNFI01	---N-----N-----E---N---F---R---SY---L-----Q---G---	---P---S---ED---SLI---LPRTQ---			103
67 01B. CN. 11. 2011. ANHUI. HF115	---N-----N-----T---D---SP---VW---L-----LN---G---H---	---KH---SPRS---KD---NPAP---LPTT---			102
68 01B. CN. 11. 2011. ANHUI. WH73	---N-----N-----T---D---SP---VW---L-----LN---G---H---	---KH---SPRS---KD---NPAP---LPTT---			102
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004	---L---K---Q-----R---K---Y---Y---AS---G---W---	---SHS---N---V---P---A---L---			102
71 BF1. BR. 10. 10BR PE004	---L---K---Q-----R---K---Y---Y---AS---G---W---	---SHS---N---V---P---A---L---			102
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002	---K-----K-----R---N---F---Y---A---G---	---KPP---D---P---T---L---			102
0. BE. 87. ANT70	---D---EVP---H-----QTP---N-----R---Y---Y---VR---G---	---GR---P---AASHPD---KDPVP---SPTITK---			115
0. CM. 98. 98CM104	---D---EMP---H-----QTP---N-----R---Y---Y---VR---G---	---GR---P---AASHPD---KDPVP---SPTITK---			100
0. CM. 98. 98CMAB141	---D---EMP---H-----QTP---N-----R---Y---Y---VR---G---	---GR---P---AASHPD---KDPVP---SPTITK---			102
0. CM. 98. 98CMAB212	---D---EMP---H-----QTP---N-----R---Y---Y---VR---G---	---GR---P---AASHPD---KDPVP---SPTITK---			116
0. CM. 98. 98CMAB212	---D---EMP---H-----QTP---N-----R---Y---Y---VR---G---	---GR---P---AASHPD---KDPVP---SPTITK---			101
0. CM. 99. 99CMU4122	---D---EMP---H-----QTP---N-----R---Y---Y---VR---G---	---GR---P---AASHPD---KDPVP---SPTITK---			101
0. FR. 92. VAU	---D---I---EMP---H-----QTP---N-----R---Y---Y---VR---G---	---GR---P---AASHPD---KDPVP---SPTITK---			102
0. GA. 11. 11GAB6352	---D---EMP---H-----QTP---N-----R---Y---Y---VR---G---	---GR---P---AASHPD---KDPVP---SPTITK---			103
0. SN. 99. 99SE MP1299	---D---EMP---H-----QTP---N-----R---Y---Y---VR---G---	---GR---P---AASHPD---KDPVP---SPTITK---			103
0. US. 18. LTRP	---D---EMP---H-----QTP---N-----R---Y---Y---VR---G---	---GR---P---AASHPD---KDPVP---SPTITK---			103
N. CM. 02. DJ00131	---N-----N-----N-----NG---Y---Y---MC---TK---G---	---S---TPKS---KN---DPIPE---L---OOP---			103
N. CM. 02. SJGddd	---N-----N-----N-----NG---Y---Y---MC---TK---G---	---S---TPKS---KN---DPIPE---L---OOP---			102
N. CM. 04. 04CM 1015_04	---N-----N-----N-----NG---Y---Y---MC---TK---G---	---S---TPKS---KN---DPIPE---L---OOP---			102
N. CM. 06. U14296	---N-----N-----N-----NG---Y---Y---MC---TK---G---	---S---TPKS---KN---DPIPE---L---OOP---			102
N. CM. 06. U14842	---N-----N-----N-----NG---Y---Y---MC---TK---G---	---S---TPKS---KN---DPIPE---L---OOP---			102
N. FR. 11. N1 FR 2011	---Y-----N-----N-----R---Y---Y---MC---TK---G---	---S---TPKS---KN---DPIPE---L---OOP---			102
P. CM. 06. U14788	---D---D---P---Q-----SSP---N-----A---Y---Y---TK---G---	---R---PA---DN---N---N---DPV---*---FACTG---			102
P. FR. 09. RBF168	---D---D---P---Q-----SSP---N-----A---Y---Y---TK---G---	---R---PA---DN---N---N---DPV---*---FACTG---			111
CPZ. CD. 06. BF1167	---D---D---L---S---T---SP---NS---V---Y---L---TK---G---	---R---G---KPASSNKN---NPVRE---SL---KQ---			101
CPZ. CM. 05. SIVcpzMT145	---D---IE---D---N-----K---R---E---NK---F---Y---IL---TK---G---	---R---G---KPASSNKN---NPVRE---SL---KQ---			102
CPZ. GA. 88. GAB1	---D---I---D---N-----R---V---N-----A---Y---IY---TK---G---	---TTR---T---PAG---KN---D---IP---L---S---			102
CPZ. TZ. 06. SIVcpzTAN13	---D---N---I---QVA---M---AA---E---P-----V---PL---TK---G---	---R---G---KPASSNKN---NPVRE---SL---KQ---			115
CPZ. US. 85. US Marilyn	---D---NI---Q---Q-----N-----V---Y---Y---TK---G---	---R---G---KPASSNKN---NPVRE---SL---KQ---			103
GOR. CM. 07. SIVgor2139_287	---D---T---E---P---Q-----P---P---NT---Y---Y---TK---G---	---R---PA---TADKD---NN---PV---SLAGT---			103
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con	---D---T---E---P---Q-----P---P---NT---Y---Y---TK---G---	---R---PA---TADKD---NN---PV---SLAGT---			103

Rev start

exon 1 end

exon 2 start

NLS

Leu-rich effector domain

Rev end

B. FR. 83. HXB2

MAGRSGDS

DEELIRTVRLKIL

YQSYNNP

.P.NP

.EG

TRQARRRRRRWRERQRQIHISERILGTYLGRSAEPVPLQLPLPLRLRLDLCNDCGTS

.GTQ

.....

GVGSPQILVESPTV

LESGTKE*

A1. AU. 03. PS1044 Day0

D-LKAI

I-Y

Y

K

R

K

A

D

S

C

P

A

I

R

H

C

S

OSQ

GTET

R-VS

GI

N

A1. CH. 03. HTV CH BID V3538

ST

D-LQA

I-I

Y

K

R

K

A

D

S

C

P

A

I

R

H

C

S

OSQ

GAET

R-VSG

SVI

G

A1. CY. 08. CY236

D-LA

I-I

Y

K

R

K

A

K

D

V

SAC

E

I

H

C

S

OSQ

GTET

R-VSG

P

G

A1. ES. 05. X1608 8

D-LA

I-I

Y

K

R

S

O

A

D

L

S

C

P

H

G

H

S

OSQ

GVET

R-VX

G

ET

A1. KE. 11. DEMA11KE001

A-LTA

I-I

Y

K

R

K

A

D

S

C

T

H

H

S

OSQ

GVET

R-VP

A

G

N

A1. RU. 11. 11RU6950

T-A

LTA

I-I

Y

T

R

K

Q

A

D

L

S

SSC

S

SF

H

S

OSQ

GTET

G-SG

PSGI

G

A1. RW. 11. DEMA111RW002

SG

N-A

AI

I-I

Y

K

R

Q

A

D

L

Q

S

H

G

E

HF

H

N

S

OSQ

GAAT

RS

VSG

D

J

EN

A1. SN. 01. D01579

N-A

AI

I-I

Y

K

R

Q

A

D

L

S

H

G

E

H

S

OSQ

GAAT

RS

VSG

D

J

EN

A1. UC. 11. DEMA110UG001

V-LTA

I-I

Y

K

K

S

K

A

K

D

S

C

P

H

S

G

OSQ

GTET

G-VS

SII

G

K

A1. ZA. 04. 04ZASK162B1

D-V

D-LQA

I-I

K

Y

K

G

K

A

D

S

C

P

H

S

OSQ

GTET

EGHS

A

P

A2. CM. 01. 81CM 1445MV

P-D

LKA

T-I

Y

T

R

S

K

Q

A

H

S

D

V

R

C

PT

OSQ

GTET

GH

S

SVI

G

E

A2. CY. 94. 94CY017 41

T

D-P

S

LQAI

T-I

Y

K

R

S

Q

A

D

V

R

C

PT

OSQ

GTET

RS

ES

SVI

G

E

B. BR. 10. 10BR MG029

R-D

LTA

I-R

L

S

K

N

R

QD

GW

CNL

D

PT

D

P

H

I

SS

E

XAI

A

B. CA. 07. 502 1191 03

R-D

D-O

T

S

Y

Q

G

L

S

P

Rev start	exon 1 end	exon 2 start	NLS	Leu-rich effector domain	Rev end
B. FR. 83. HXB2					
02 AG. CM. 10. DE00210CM013					
02 AG. CY. 09. CY256					
02 AG. ES. 06. P1423					
02 AG. GW. 05. CC 0048					
02 AG. KR. 12. 12MH9					
02 AG. LR. X. POC44951					
02 AG. NG. 09. 09NG SC61					
02 AG. NG. X. IBNG					
02 AG. SE. 94. SE7812					
02 AG. SN. 98. 98SE MP1211					
03 AB. RU. 97. KAL153 2					
04 cpx. CY. 94. 94CY032 3					
05 DF. BE. X. V11310					
06 cpx. AU. 96. BFP90					
07 BC. CN. 98. 98CN009					
08 BC. CN. 97. 97CN06 6F					
09 cpx. GH. 96. 96GH2911					
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061					
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816					
12 BF. AR. 99. ARMA159					
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849					
14 BG. ES. 05. X1870					
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079					
16 AZD. KR. 97. 97KR004					
17 BF. AR. 99. ARMA038					
18 cpx. CU. 99. CU76					
19 cpx. CU. 99. CU7					
20 BG. CU. 99. CU103					
21 AZD. KE. 99. KER2003					
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY					
23 BG. CU. 03. CB118					
24 BG. ES. 08. X2456 2					
25 cpx. CM. 02. 02CM 1918LE					
26 AU. CD. 02. 02CD MBT047					
27 cpx. FR. 04. 04CD FR KZ5					
28 BF. BR. 99. BREPM12609					
29 BF. BR. 01. BREPM16704					
31 BC. BR. 04. 04BR142					
32 06A1. EE. 01. EE0369					
33 01B. ID. 07. JKT189 C					
34 01B. TH. 99. 09UR2478P					
35 AD. AF. 07. 169H					
36 cpx. CM. 00. 00CMYU830					
37 cpx. CM. 00. 00CMYU926					
38 BF1. UY. 03. UY03 3389					
39 BF. BR. 04. 04BR1179					
40 BF. BR. 05. 05BR1055					
42 BF. LU. 06. LU06 18 06					
43 02G. SA. 03. 11223					
44 BF. CL. 08. CH80					
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK					
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625					
47 BF. ES. 08. P1942					
48 01B. MY. 07. 07MYKT021					
49 cpx. GM. 03. N26677					
50 A1D. GB. 10. 12792					
51 01B. SG. 11. 11SG HM021					
52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1					
53 01B. MY. 11. 11BR164					
54 01B. MY. 09. 09MYSB023					
55 01B. CN. 10. HNC5102056					
56 cpx. FR. 10. URF5 patient A					
57 BC. CN. 09. 09YNLX195g					
58 01B. MY. 09. 09MY017					
59 01B. CN. 09. 09LNA423					
60 BC. IT. 11. BAV499					
61 BC. CN. 10. JL100010					
62 BC. CN. 10. YNFI13					
63 02A1. RU. 10. 10RU6637					
64 BC. CN. 09. YNFI31					
65 cpx. CN. 10. YNFI01					
67 01B. CN. 11. 2011. ANHUI. HF115					
68 01B. CN. 11. 2011. ANHUI. WH73					
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004					
71 BF1. BR. 10. 10BR PE004					
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002					
0. BE. 87. ANT70					
0. CM. 98. 98CM1804					
0. CM. 98. 98CMAB141					
0. CM. 98. 98CMAB212					
0. CM. 98. 98CMU537					
0. CM. 99. 99CMU4122					
0. FR. 92. VAU					
0. GA. 11. 11GAB6352					
0. SN. 99. 99SE MP1299					
0. JS. 18. 18JMP					
N. CM. 02. DJ00131					
N. CM. 02. SJGdd					
N. CM. 04. 04CM 1015_04					
N. CM. 06. U14296					
N. CM. 06. U14842					
N. FR. 11. N1 FR 2011					
P. CM. 06. U14788					
P. DR. 09. R06168					
CPZ. CD. 06. BF1167					
CPZ. CM. 05. SIVcpzMT145					
CPZ. GA. 88. GAB1					
CPZ. TZ. 06. SIVcpzTAN13					
CPZ. US. 05. US Marilyn					
GOR. CM. 07. SIVgor2139 287					
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con					

B.FR.83.HXB2	Vpu start	transmembrane domain	phos cytoplasmic domain		Vpu end
			α-helix	α-helix	
02 AG.CM.10.DE00210CM013	02	M-LE.....IVAIVLVAIIIAIVVWSI.....	VIIIEYR.....	KILRQRKIDRLIDRLIERAEDSGNEISAL.VEM.....	GV.EMGHH.....APWD.VDDL.*
02 AG.CM.10.DE00210CM013	02	M-LE.....S-G-F-A-T.....	Y.....	KK-K-L-IR.....	D-DEEE-ST.LM-I-YD.....NLL-VNN
02 AG.CY.09.CY256	02	M-LE.....S-G-F-A-T.....	Y.....	KK-K-L-IR.....	D-DEEE-ST.LM-I-YD.....NLL-VNN
02 AG.ES.06.P1423	02	M-TL.....A-G-F-A-T.....	Y.....	RK-K-K-L-IR.....	D-DEEE-ST.LI-V-DY.....N-L-NNI
02 AG.GW.05.CC.0048	02	M-SLA.....A-G-F-A-T.....	Y.....	RKE-SM-L-IR.....	D-DEEE-AL.LM-DY.....NLL-NNN
02 AG.KR.12.12MHR9	02	M-LE.....S-G-I-F-A-T.....	Y.....	RKE-SK-L-IR.....	D-DEEE-ST.LM-DY.....NLL-NNN
02 AG.LR.x.P0C44951	02	M-LE.....A-G-F-A-V-T.....	F.....	RK-K-H-L-IR.....	D-DEEE-ST.LM-I-YD.....N-L-NNN
02 AG.NG.09.09NG.SC61	02	M-VLG.....AS-G-I-S-A-T.....	F.....	RK-K-S-L-IR.....	D-DEEE-AT.LM-R-AD.....NVL-N-N
02 AG.06.x.IBNG	02	M-LE.....S-G-F-A-T.....	Y.....	RK-K-L-IR.....	D-DEEE-ST.LM-YD.....NLL-N-N
02 AG.SE.94.SE7812	02	MNSLD.....T-G-F-A-T.....	F.....	RK-K-L-IR.....	D-DEEE-ST.LL-YD.....N-AL-I-N
02 AG.SN.98.98SE.MP1211	02	M-LA.....VA-G-F-L-T.....	F.....	RK-G-K-L-IR.....	D-DEEE-ST.LL-YD.....N-AL-I-N
02 AB.RU.97.KAL153.2	02	M-SLA.....A-G-VG-F-G.....	F.....	DOE-A-LM-L-V-A.....	D-DEEE-ST.LM-L-V-A.....
04 cpx.CY.94.94CY032.3	04	MLWF.....TI-V-G-L-V-TL.....	F.....	LR-R-S-VN-IR.....	D-DAEE-ST.L-G-NF.....D-V-G-N
05 DF.BE.x.V11310	05	MSDL.....TI-V-G-L-V-TL.....	F.....	LR-R-S-VN-IR.....	D-DAEE-ST.L-G-NF.....D-V-G-N
06 cpx.AU.96.BFP90	06	M-ALE.....A-G-FLA-T.....	F-Q.....	E-RK-K-EK-L-IR.....	DDTE-AT.LM-DF.....D-V-G-N
07 BC.CN.98.98CN009	07	M-TLT.....L-G-F-L-T.....	Y.....	RK-K-L-IR.....	D-DEEE-SA.FM.....D-V-G-N
08 BC.CN.97.97CNXG.6F	08	M-LDE.....L-VG-I-L-T.....	Y.....	RLVK-W-K-IR.....	DDTE-ST.M-D-RL.....RLL-N
09 cpx.GH.96.96GH2911	09	M-SLO.....AS-GIT-F-A-T.....	F-V.....	RM-KR-K-IR.....	DDTE-AK.L-P.....DS-N
10 CT.96.96T2.BF061	10	MTSLARVYKLVG.....I-L-F-VV-T.....	GL.....	LVEFT-W-K-IR.....	R-HD-DTE-ST.M-D-L.....RLL-N
11 cpx.CM.95.95CM.1816	11	MTSLQ.....AS-I-L-F-VV-T.....	GL.....	LVEFT-W-K-IR.....	R-HD-DTE-AQ.L-P.....DL-N
12 BF.AR.99.ARMA159	12	M-SLV.....TL-A-L-A-T.....	L.....	LVEFT-W-K-IR.....	DAEE-AA.FG-L-LF.....I-G-N-I
13 cpx.CM.96.96CM.1849	13	MNAL.....IS-I-F-LV-T.....	AY.....	LKH-K-EK-L-IR.....	DDTD-AK.L-NF.....D-V-G-N
14 BG.ES.05.X1870	14	M-SLE.....A-G-I-G-A-X-T.....	F-Q.....	E-RK-K-QGIL-IR.....	DDTE-AV.LM-GF.....D-V-G-N
15 01B.99.9901B1.MU2079	15	MS-LQ.....LS-G-I-F-LV-T.....	D.....	KK-N-VK-IR.....	DDTE-AK.L-D.....D-V-G-N
16 A2D.KR.97.97KR004	16	MNSLD.....LS-G-I-F-LV-T.....	F-K.....	KK-N-VK-IR.....	DDTE-ST.LM-LDFG-AN.....
17 BF.AR.99.ARMA038	17	M-ALE.....L-G-I-F-VC-T.....	Y.....	K-K-G-FE-IR.....	DAEE-SA.LM.....IN
18 cpx.CU.99.CU76	18	MXFE.....G-I-I-F-VC-T.....	Y.....	K-K-G-FE-IR.....	DDTE-SK.LM-N-N-GY-A-V
19 cpx.CU.99.CU7	19	M-SLO.....A-G-I-F-A-T.....	Y.....	RKE-EK-L-IR.....	D-DEEE-ST.LM-LDF.....D-V-G-NV
20 BG.CU.99.CU103	20	M-ALO.....VA-G-I-G-A-T.....	F-L-K.....	E-RK-K-ILE-IR.....	DDTE-AV.L-D-DF.....DH-V-G-N
21 A2D.KR.99.99K2R003	21	M-ALO.....VA-G-I-G-A-T.....	F-L-K.....	E-RK-K-ILE-IR.....	DDTE-AV.L-D-DF.....DH-V-G-N
22 01A1.CM.01.01CM.0001BBY	22	M-LE.....CT-G-I-L-L-T.....	A-IK.....	VR-K-L-IR.....	DDTD-AK.L-NF.....D-V-GNN
23 BG.CU.03.CB118	23	MHSLE.....A-V-G-I-G-A-T.....	F-L-K.....	OR-K-K-ILE-IR.....	DDTE-AA.L-D-DF.....DH-V-G-N
24 BG.ES.08.X2456.2	24	M-SLE.....A-G-I-C-A-T.....	W-Q-K.....	E-RK-K-ILE-IR.....	DDTE-AT.L-D-DF.....DH-V-G-N
25 cpx.CM.92.1918E	25	MDL.....F-G-I-F-VI-T.....	Y.....	RK-K-O-LE-IR.....	DDTE-ST.LM-DF.....DA-V-G-N
26 AU.CO.02.02CD.MEB047	26	MT-LQ.....TIS-A-I-FLV-T.....	LV-K.....	L-KR-LE-IR.....	D-DEEE-AR.L-P.....DLGN-INN
27 cpx.FR.04.04CD.FR.KZ5	27	M-SLO.....TIS-A-I-FLV-T.....	LV-K.....	L-KR-LE-IR.....	D-DEEE-AR.L-P.....DLGN-INN
28 BF.BR.99.BREPM12609	28	M-ALI.....A-VA-T.....	F.....	R-I-N-IR.....	DDTE-AR.L-P.....DLGN-INN
29 BF.BR.01.BREPM16704	29	M-SLO.....I-VA-T.....	F.....	R-I-N-IR.....	DDTE-AR.L-P.....DLGN-INN
31 BC.BR.04.04BR142	31	MFTL-ERIDYR.....G-G-LT-I-T.....	L-Q.....	LV-R-W-VK-IR.....	DDTE-ET.M-D-NL.....RLL-P
32 06A1.EE.01.EE0369	32	M-ALE.....S-G-II-SLA-T.....	L-Q.....	E-RK-EK-L-IR.....	DDTE-ET.LM-NF.....D-V-G-N
33 01B.ID.07.KT189.C	33	MS-LQ.....S-G-I-L-L-T.....	G-CQ.....	E-VK-IR.....	DDTE-LK.L-NF.....D-V-G-N
34 01B.TH.99.09UR2478P	34	MS-LE.....S-G-I-L-L-T.....	A.....	E-VK-IR.....	DDTE-AK.L-NF.....D-I-G-N
35 AD.AF.07.169H	35	MTSLY.....W-IG-L-L-T.....	G-I.....	RV-K-IR.....	DDTE-AK.L-NY.....DLG-DNN
36 cpx.CM.00.00CMNYU830	36	M-SLO.....A-AG-F-A-T.....	L-K.....	I-K-LE-IR.....	DDTE-ST.LM-LDF.....D-V-G-N
37 cpx.CM.00.00CMNYU926	37	M-LE.....VVS-G-F-A-T.....	L-K.....	I-K-LE-IR.....	DDTE-ST.LM-LDF.....D-V-G-N
38 01B.99.9901B1.MU2079	38	MS-LQ.....LS-A-IVS-T.....	F.....	R-N-Y-IR.....	DDTE-AA.LG-V-PF.....ILG-INN
39 BF.BR.04.04BR1179	39	MSDL.....AIG-T-I-L-T.....	AVL.....	RV-R-N-YE-IR.....	DAEE-AA.LG-V-PF.....ILG-INN
40 BF.BR.05.05BR19055	40	M-SLO.....A-G-VA-T.....	LL.....	L-K-E-IA.....	DDTE-ST.LM.....
42 BF.LU.06.LuBF.18.06	42	M-SSV.....L-G-AL-T.....	L.....	K-K-IR.....	D-DEEE-SA.L.....I-Q
43 02G.SA.03.J11223	43	M-XLE.....A-G-I-FLA-T.....	F.....	R-KX-LX-IR.....	DAEE-AI.L-DNVXX.....D-V-G-N
44 BF.LV.00.CH80	44	MTDL.....AAS-A-A-V-T.....	F.....	R-KX-LX-IR.....	DAEE-AA.LG-V-PF.....I-GN-I-N
45 cpx.FR.04.04FR.AUK	45	MNYLI.....G-A-I-ALL-I-T.....	I.....	VKK-ER-NW-YN-IR.....	DDTE-AA.LG-V-PF.....I-GN-INN
46 BF.BR.07.07BR.FPS625	46	MSDL.....AISLA-I-L-L-T.....	AVL-K.....	LV-N-YK-IR.....	DAEE-AA.LG-V-PF.....I-GN-INN
47 BF.ES.08.P1942	47	M-SLE.....L-G-ALL-I-T.....	L.....	E-VYK-IR.....	DDTE-AA.M-R-L.....IN
48 01B.MY.07.07MYKT021	48	MT-LQ.....VS-G-L-L-T.....	G-F.....	K-K-IR.....	DDTE-AA.M-R-L.....IN
49 cpx.GM.03.N26677	49	M-SLO.....A-I-FLV-I-T.....	Y-A.....	QLV-E-IR.....	D-DMDD-AK.L-R-DF.....DFRN-AN
50 AID.GB.10.12792	50	M-LV.....LS-A-IVS-T.....	F.....	R-N-Y-IR.....	DDTE-SA.ML-R-L.....M
51 01B.SG.11.11SG.HM021	51	MSSL.....LS-A-IVS-T.....	F.....	L-K-K-IA.....	DDTE-AA.L-R-L.....V-G-I
52 01B.MY.03.03MYK1018.1	52	M-LE.....S-AG-L-L-T.....	A-FK.....	R-VK-IR.....	DDTE-AT.L-DF.....D-V-G-N
53 01B.MY.11.11FR164	53	MT-LQ.....S-AG-L-L-T.....	VL.....	VN-IR.....	DDTE-AK.L-NF.....D-V-G-N
54 01B.MY.09.09MYSB023	54	MT-LQ.....S-AG-L-L-T.....	A-K.....	K-IR.....	DDTD-AK.L-D-DF.....DD-V-GNN
55 01B.W.08.HMCS102056	55	MT-LQ.....S-AG-L-L-T.....	A-K.....	CKE-EK-LE-IR.....	DDTD-AQ.L-DF.....DH-V-V-NV
56 cpx.FR.10.URF5 patient_A	56	M-LE.....A-G-I-F-A-T.....	Y-K.....	RK-OR-L-KIR.....	DKEE-AT.LM-DVDF.....DS-V-G-N
57 BC.CN.09.09YNLX19sq	57	MLN.....INYLGVG-I-L-T.....	Y-K.....	LV-C-KKIR.....	D-DEE-ST.M-D-E-L.....RLL-NE
58 01B.MY.09.09MYPR37	58	MS-LE.....S-G-I-L-L-T.....	A-LL.....	RK-K-VE-IR.....	DDTE-AK.L-NF.....D-V-GNN
59 01B.CN.09.09LNA423	59	MLSL.....T-GV-I-FIVG-T.....	Y-L.....	K-IR.....	D-DEEE-SA.LM-R-N.....
60 01B.IT.11.BA1499	60	MLG.....LESIALV-G-I-T.....	I.....	LVK-R-W-VK-IR.....	DDTE-AA.LG-V-PF.....I-GN-I-N
61 BC.CN.10.10L00010	61	M-LV.....LS-A-IVS-T.....	F.....	R-N-Y-IR.....	DDTE-SA.ML-R-L.....M
62 BC.CN.10.YNFL13	62	M-SLT.....LS-A-IVS-T.....	F.....	R-N-Y-IR.....	DDTE-SA.ML-R-L.....M
63 02A1.RU.10.10RU6637	63	M-TLE.....A-G-F-A-T.....	Y.....	RK-K-K-L-IR.....	D-DEEE-ST.LM-V-NY.....LL-DNNV
64 BC.CN.09.YNFL31	64	M-LD.....LNYITVGF-I-L-T.....	Y.....	RLKK-W-K-IR.....	D-DEEE-ST.M-DL-NL.....RLL-ANN
65 cpx.CN.10.YNFL01	65	M-LV.....S-G-I-L-L-T.....	G-F.....	VK-I-K-IR.....	DDTE-AK.L-DF.....D-V-G-N
67 01B.CN.11.2011.ANHUI.HF130T	67	M-TL.....S-G-I-L-L-T.....	G-F.....	VK-I-K-IR.....	DDTE-AK.L-DF.....D-V-G-N
68 01B.CN.11.2011.ANHUI.HF73T	68	M-TL.....S-G-I-L-L-T.....	G-F.....	VK-I-K-IR.....	DDTE-AK.L-DF.....D-V-G-N
70 BF1.BR.10.10BR.PE004	70	M-SLL.....YS-VA-T.....	L.....	R-N-IR.....	DAEE-AA.LG-D-ELL.....I-G-IGN
71 BF1.BR.10.10BR.PE008	71	MP-LY.....L-I-G-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DAEE-AAA.LG-D-ELL.....VLE-IIN
72 BF1.BR.10.10BR.MG002	72	MT-LY.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DAEE-AAA.LG-D-ELL.....VLE-IIN
0.BE.87.AN170	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0	MHRH.....S-G-L-T.....	L.....	R-N-IR.....	D-DEEE-SA.L-R-L.....I-Q
0.CM.98.98CM1A04	0				

	Env start	signal peptide end	gp120 start	glycosylation NVT	CD4 binding	
B.FR.83.HXB2	MRVKEKYQH.L.WRW...	GW.RWGTM...	LLGM.LMIC.SA...	T.EKLWVTYYGV	PVKEATTTFLFASDAKAYDEVHNVWATHACVPTDPNPOEVL.VNVTFENFMWKNMVEQMHEDI.ISLWDQSLKPKVKLT.PLCVSLKCT.DL...	KNDTNT.....
A1.AU.03.P51044 Day0	-A-GIOMN..HC...	LL.K...	I..IL...	A..QR...	D..E...	IN..X..E..N..Q..
A1.CH.03.HIV.CH.BID.V358	---MGIMRN.Y.PH...	W..K..IV...	FWL..I..N...	---	D..V..N...	H..IP..A..E..N..T..
A1.CY.08.CY236	---RGIMRN.S.HC...	LL..I...	I..II..V..T...	---	D..E...	T..A..I...
A1.ES.05.X1608.8	---GIOMN.S.Q...	LL..I...	I..II..A..N...	---	D..E...	---
A1.KE.11.DEMA11KE001	---MGTLMN.W.R...	FV..I...	I..II..K..TN...	---	D..D..I...	---
A1.RU.11.1IRU6950	---KARGMKRN.Y.OH...	L..W..FW...	IIM..K..A..H...	---	RD..E...	---
A1.RW.11.DEMA11RW002	---K-MGIORN.Y.GO...	L..MI..SC...	II..K..N...	---	D..E...	---
A1.SN.01.DDI579	---MGIMRN.Y.LP...	L..MI..SC...	II..K..N...	---	D..E...	---
A1.UG.11.DEMA11UG001	---MGIMOI.W.LP...	L..MI..SC...	II..K..N...	---	D..E...	---
A1.ZA.04.04ZASK162B1	---M-TORN.Y.P...	W..I..I...	II..G..R..S..DN...	---	D..D..D...	SK...
A2.CM.01.01CM.1445MV	---K-MGTORN.C.OH...	L..IL..IF...	IM..K..D...	---	D..D..I...	---
A2.CY.94.94CY017.41	---MGTORN.Y.OH...	L..G..IL...	I..IM..K..D...	---	D..D..I...	---
B.BR.10.10BR.MG029	---IRKN.Y.OX...	Y..IL...	---	DR...	I...	---
B.CA.07.502.1191.03	---GIRRN.Y.OHSWRGGI...	I..I...	---	AE.DOG...	K...	G..A..A...
B.CH.08.M2.0803101.NFLG8	---K-GTRKN.Y.OH...	L..M..S...	---	A..DQ...	---	---
B.CN.10.DEMB10CN002	---A-VIRKS.Y.OP...	W..I..I...	---	K..N...	I..P...	A..A...
B.ES.10.DEMB10ES002	---GIRKN.Y.ONL...	W..I..L...	---	T..A..N..Q...	H...	---
B.FR.11.DEMB11FR001	---K-KTR..KH...	L..I..IL...	---	I..I...	---	---
B.GB.05.MM450213.GN1	---IMKS.W.OH...	W..KG..IL...	---	I..N..A..N...	---	---
B.HK.06.HK003	---K-GIRKT.C.O...	F..K..I...	---	T..K..N...	---	---
B.HT.05.05HT.129389	---GIRKN.Y.OH...	W..T..L...	---	A..M...	---	---
B.JP.12.DEMB12IP001	---K-GTRKN.C.OH...	W..K..I...	---	VEK.DN...	A...	---
B.KR.07.HP.18.07JHS10.3909	---GIRKN.Y.OH...	W..I..I...	---	W..DEM...	---	---
B.PE.07.502.0525.wq5	---ARGIMRN.Y.OH...	L..I..I...	---	N..A..N...	TA...	P...
B.RU.11.11RU21n	---M-IR..KH...	L..W...	---	QN...	SK..A..Y...	S..IP..K..G..N..D...
B.TH.08.MERLBDTRC10	---KA-GIRKN.Y.OHL...	W..K..I...	---	KQ...	D..S...	---
B.US.11.ES58	---MGIRKN.Y.OH...	W..I..IL...	---	GFC..X..NV..R..GN...	K...	G..KK..A..I...
C.AR.01.ARG4006	---A-GIORN.W.KH...	W..I..IL...	---	GFV..F..LV..M..GN...	D..K...	---
C.BR.07.DEMC07BR003	---MGIMRN.C.O...	W..I..VL...	---	GFV..F..LV..M..GN...	D..K...	---
C.BW.08.08BW05031.1	---C-BW.08.08BW05031.1	W..I..VL...	---	GFV..F..LV..M..GN...	D..K...	---
C.CN.10.YNFI19	---MGIMRN.C.O...	W..I..VL...	---	GFV..F..LV..M..GN...	D..K...	---
C.CY.09.CY260	---RGILRN.W.OH...	W..I..IL...	---	GFV..F..LV..M..GN...	D..K...	---
C.ES.08.X2363.2	---RGILRN.W.OH...	W..I..IL...	---	GFV..F..LV..M..GN...	D..K...	---
C.ET.02.02ET.288	---RGIMRN.C.OQ...	W..I..LL...	---	GFV..F..LV..M..GN...	D..K...	---
C.IN.09.11ZN.2159	---C-IN.09.11ZN.2159	W..I..LL...	---	GFV..F..LV..M..GN...	D..K...	---
C.KE.08.KER2010	---RGIMRN.W.OQ...	W..I..IL...	---	GSW..T..V..E..GN...	KAP...	---
C.MW.09.703010256.CH256.w96	---RGIMRN.Y.OQ...	W..I..SIL...	---	AFW..V..V..R..GN...	K...	---
C.TZ.08.707010457.CH457.w8	---K-M-ILRK.W.KH...	W..I..IL...	---	GSW..T..V..E..GN...	KAP...	---
C.YE.82.02YE511	---TGILRN.Y.OH...	W..I..IL...	---	GFV..F..LV..M..GN...	D..K...	---
C.ZA.08.705010534.CH534.w12	---K-M-ILRK.W.KH...	W..I..IL...	---	GSW..T..V..E..GN...	KAP...	---
C.ZA.10.DEMC10ZA001	---K-M-ILRK.W.KH...	W..I..IL...	---	GSW..T..V..E..GN...	KAP...	---
C.ZM.11.DEMC11ZM006	---RGILRN.Y.OQ...	W..I..IL...	---	GFV..F..LV..M..GN...	D..K...	---
D.CM.10.DEMD10CM009	---ARGIKRN.Y.OH...	L..T..I...	---	LL..TY..V..A..Q...	---	---
D.CY.06.CY163	---RGIKRN.Y.HN...	L..K..I...	---	TY..V..A..Q...	---	---
D.KE.11.DEMD11KE003	---A-GMKRN.Y.OH...	L..G..I...	---	TY..V..A..Q...	---	---
D.KR.04.04KH08	---RGIMRN.Y.OH...	L..K..I...	---	TY..V..A..Q...	---	---
D.SN.90.SE369	---AR-MKRN.Y.OH...	L..K..I...	---	TY..V..A..Q...	---	---
D.TZ.01.A280	---M-TORN.Y.OH...	L..I..I...	---	TY..V..A..Q...	---	---
D.UG.10.DEMD10UG004	---R-MKRN.Y.ON...	S..I..I...	---	TY..V..A..Q...	---	---
D.UG.11.DEMD11UG003	---RGIEKN.Y.RH...	L..G..L...	---	TY..V..A..Q...	---	---
D.YE.82.02YE516	---RGIMRN.Y.OH...	L..K..L...	---	TY..V..A..Q...	---	---
D.ZA.90.R1	---ARGIMRN.C.OH...	L..K..M...	---	TY..V..A..Q...	---	---
F1.A0.06.A0.06.ANG32	---MGIMRN.W.ON...	LG..K..LL...	F..V..I..N..A..N...	---	G..ER...	---
F1.AR.02.ARE933	---MGIMRN.W.ON...	LG..K..LL...	F..V..I..N..A..N...	---	G..ER...	---
F1.BR.10.10BR.RJ015	---K-RGMORN.W.OH...	LG..K..LL...	F..V..I..N..A..N...	---	G..ER...	---
F1.CY.08.CY222	---RVTORN.W.OH...	LG..K..LL...	F..V..I..N..A..N...	---	G..ER...	---
F1.ES.02.ES.X845.4	---RGMORN.W.OH...	LG..K..LL...	F..V..I..N..A..N...	---	G..ER...	---
F1.F0.96.BC1.R07	---OKN.W.OH...	WG..K..LL...	F..V..I..N..A..N...	---	G..ER...	---
F1.RU.08.D08.84P01	---RGMORN.W.OH...	LG..K..LL...	F..V..I..N..A..N...	---	G..ER...	---
F2.CM.02.02CM.0016BBY	---RGMORN.W.OH...	LG..K..LL...	F..V..I..N..A..N...	---	G..ER...	---
F2.CM.10.DEMF210CM001	---MR-MORN.W.OH...	LG..K..LL...	F..V..I..N..A..N...	---	G..ER...	---
F2.CM.10.DEMF210CM007	---RGMORN.W.OH...	LG..K..LL...	F..V..I..N..A..N...	---	G..ER...	---
G.BE.96.DRCBL	---GIORN.W.OH...	L..N..IL...	I..L..VI...	---	ED..NAP...	HS..S..I...
G.CM.10.DEMG10CM008	---GIORN.W.OH...	L..T..L...	IF..L..VI...	---	ED..NAP...	HS..S..I...
G.CN.08.GX.2084.08	---RGIMRN.C.OH...	L..I..WML...	I..L..VI...	---	ED..NAP...	HS..S..I...
G.CU.99.CU74	---RGIMRN.C.OH...	L..K..L...	II..I..VI...	---	ED..NAP...	HS..S..I...
G.ES.09.X2634.2	---K-GTQKS.W.ON...	L..K..L...	I..L..VI...	---	ED..NAP...	HS..S..I...
G.GH.03.03GH175G	---GIQTN.W.OH...	L..K..L...	I..L..VI...	---	ED..NAP...	HS..S..I...
G.KE.09.DEMG09KE001	---A-MKRN.W.O...	L..EG..LL...	I..L..VI...	---	ED..NAP...	HS..S..I...
G.NG.09.09NG.SC62	---K-GIQKN.W.PP...	L..T..W..L...	I..L..VI...	---	ED..NAP...	HS..S..I...
G.ZA.01.TV546	---RGIMRN.W.OH...	L..K..L...	I..L..VI...	---	ED..NAP...	HS..S..I...
H.BE.93.VI991	---TORN.Y.PS...	L..L..I...	L..V..V..GN...	---	K...	---
H.F.90.056	---TORN.Y.PS...	L..L..I...	L..V..V..GN...	---	K...	---
H.GB.08.08GBAC4001	---TORN.Y.PH...	LL..SG..IL...	I..LM..T..G..N...	---	S..K...	---
J.CM.04.04CMU11421	---T-M-TORS.W.ON...	L..K..L...	IF..F..K..A..D..M...	---	S..S..S...	---
J.SE.93.5E9280.7887	---TOKN.W.OT...	L..G..L...	IF..F..K..A..D..M...	---	S..S..S...	---
J.SE.94.5E9173.7022	---TQTS.W.LS...	L..L..I...	IF..F..K..A..D..M...	---	S..S..S...	---
K.CO.97.97ZR.EQT811	---AR-IORN.W.OH...	LG..KR..IL...	F..I..I..N..A..N...	---	E...	---
K.CM.96.96CM.MP535	---RGMORN.W.OT...	LG..N..IL...	F..I..I..N..A..N...	---	E...	---
U.CA.01.TV749	---MGIMRN.Y.QS...	L..L..I...	IF..F..K..A..D..M...	---	S..S..S...	---
U.CA.99.TV721	---M-TKRN.Y.O...	L..L..I...	IF..F..K..A..D..M...	---	S..S..S...	---
U.CO.83.83CDY.03	---A-TORN.Y.OH...	L..K..SLT...	I..II..K..E..Q...	---	D..E...	---
U.CO.90.DC0121E12	---A-TORN.Y.HV...	L..K..SLT...	I..II..K..E..Q...	---	D..E...	---
U.CY.05.CY090	---A-TOKN.W.OH...	LG..K..IL...	F..I..FI..TAEKA..N...	---	K...	---
U.CY.08.CY223	---MGIMRN.C.LL...	SL..CIFWL..M..V..N...	---	---	D..K...	N..Q..N..K...
U.ES.10.DEURF10DZ001	---ARGIOTN.W.ON...	L..K..L...	I..L..VI...	---	RD..E...	---
U.GR.99.99GR303	---L-GIORN.C.OH...	L..L..AL...	IF..F..K..A..D..M...	---	D..E...	---
U.NL.95.U.NL.95.H10986.D1	---RGMORN.W.RH...	LG..L..I...	IF..F..K..A..D..M...	---	D..E...	---
01.AE.AF.07.569M	---GTORN.G.PN...	L..K..L...	I..L..VI...	---	S..DN...	RD..D...
01.AE.CF.90.90CF11697	---G-GTORN.W.PH...	L..K..L...	I..L..VI...	---	S..DN...	RD..D...
01.AE.CN.10.YNFI03	---TOMN.W.PN...	W..K..L...	I..L..VI...	---	S..DN...	RD..D...
01.AE.HK.04.HK001	---TOMN.W.PN...	L..L..I...	I..L..VI...	---	S..DN...	RD..D...
01.AE.IR.10.10IR.THR48F	---K-TORN.W.LN...	W..K..L...	I..L..VI...	---	S..DN...	RD..D...
01.AE.JP.X.JRC77AE	---GIOMN.W.PN...	L..L..I...	I..L..VI...	---	S..DN...	RD..D...
01.AE.TH.09.AA9908A.WG11	---RGIMRN.W.PN...	L..L..I...	I..L..VI...	---	S..DN...	RD..D...
01.AE.TH.98.CM240	---TOMN.W.PN...	L..K..L...	I..L..VI...	---	S..DN...	RD..D...
01.AE.US.05.306163.FL	---GTOMN.W.PN...	L..K..L...	I..L..VI...	---	S..DN...	RD..D...
01.AE.VN.98.98VNN15	---TOMN.W.PN...	L..K..L...	I..L..VI...	---	S..DN...	RD..D...

glycosylation NDT

		glycosylation NDT											
		VI											
		CD4 binding											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											
		NVT											

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NGT

glycosylation NKT

glycosylation NVS

glycosylation NIS

glycosylation NCS

V1

glycosylation NTS

glycosylation NCS

V2

glycosylation NDT

glycosylation NTS

glycosylation NTS

glycosylation NG

	glycosylation NSS		glycosylation NCS		glycosylation NDT		glycosylation NTS		glycosylation NGT		glycosylation NVS		
	V1		V1		V2		CD4 binding		glycosylation NGT		glycosylation NVS		
	glycosylation NSS		glycosylation NCS		glycosylation NDT		glycosylation NTS		glycosylation NGT		glycosylation NVS		
B. FR. 83. HBX2	TSSTPT	..NSS..S	GR	..MIMEGEIKNCFSNITSIRGK	VOKEYAFFYKLDIIPIDND	..TTSYKLTSCNSVITQACPKVSEFPIPIH*	CHAPAGFAILKCNKTFNGTGPCTNVSTVQ*	CHGIRPVVSTQLL	260				
02 AG. CM. 10. DE00210CM013	TSSTPT	..TTI..	NYTRDG	..OQEM-R-MR	..AT-ML-D-EKR-F-L	..RT-VQ-NETKSNRR	..CSTNSC-R-IN-S-T	..KD-K	Y	K	K	280	
02 AG. CY. 09. CY256	TSSTPT	..N	T	..STKNGI-M	..MT-EL-D-KQO-L	..RQ-VVO-M	..T	..D-E	K	K	T	257	
02 AG. ES. 06. P1423	TSSTPT	..I	EGDMGK	..YKVT-EL-D-E-NMSTL	..RA-LVEVNE	..KSE-T	..IN-A-A-I	..F	..D-E	N	K	253	
02 AG. GW. 05. CC 0048	TSSTPT	..FIN	G	..ENSTLH	..KT-ELID-KK-VS-L	..VS-VVQM-ENSSSNNSH	..EDSSSIS-R-IN-A-A-A	..T	..DEK	K	S	269	
02 AG. KR. 12. 120HR	TSSTPT	..G	SI	..SSDMRE-R	..MT-EL-D-K-VS-L	..RY-VQ-NEMK	..SSSR-R-IN-A	..T	..KDEE	K	K	268	
02 AG. LR. X. POC44951	TSSTPT	..G	SI	..LNDTQE	..R-VT-EL-D-K-V-L	..R-VVO-N-SKG	..SKNDSO-R-VN-A	..T	..SDED	K	Q-K	253	
02 AG. NG. 09. 09NG SC61	TSSTPT	..N	NS	..ISDGM	..MT-VL-D-R-IA-L	..RQ-V-M-GN	..SSSSO-R-IN-A	..T	..DEK	K	A	257	
02 AG. NG. X. IBNG	TSSTPT	..G	NL	..TSDMN	..T-EV-D-KK-MH-L	..R-VVO-NEN	..NGSO-R-IN-A	..T	..KD-G	K	K	257	
02 AG. SE. 94. SE7812	TSSTPT	..G	NL	..SENMO	..MT-EL-D-K-V-L	..RY-VQ-NETG	..DNIO-R-IN-A	..T	..DEK	K	K	255	
02 AG. SN. 98. 98S MP1211	TSSTPT	..G	NL	..K-H-VQ-M	..MT-VLKD-KK-MA-L	..I-V-KN	..A-Y-R-IN-A	..T	..E-D-S	S	K	254	
03 AB. RU. 97. KAL153	TSSTPT	..TNT	S	..TKMM-M	..D-T-E-D-KK-L	..RI-V-NARVPINGSN	..RNNS-EE-M-IN-A-T-K	..I	..E-N-T-L	S	R-K	265	
04 cpx. CY. 94. 94CY032_3	TSSTPT	..TTN	TT	..GTVI-EG	..D-T-E-D-KK-L	..RI-V-NARVPINGSN	..RNNS-EE-M-IN-A-T-K	..I	..E-N-T-L	S	R-K	265	
05 DF. BE. X. V11310	TSSTPT	..TTN	TT	..LKE-T-AVQ	..MT-EVND-KL-VH-L	..R-V-S-SS-DS	..SNS-R-IN-T-K	..WD	..Y	E-K-S	K	264	
06 cpx. AU. 96. BFP90	TSSTPT	..GNN	TL	..VDDISK	..T-E-D-TK-L	..RP-V-GD	..SNNSD-R-IN-V-T-K	..T	..RD-D	K	K	271	
07 BC. CN. 98. 98CN009	TSSTPT	..N	ET	..CRESMK-M	..AT-VV-D-K-TV-L	..R-V-FTKKNSS	..GNSSEH-R-IN-A	..T-D	..T	Y	DRR	264	
08 BC. CN. 97. 97CNG 6F	TSSTPT	..N	ET	..YNESVK	..AT-LL-DR-KKTV-L	..R-V-LDENSQ	..ENSEY-R-IN-A	..T-D	..T	Y	D-I	264	
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	TSSTPT	..N	ET	..SDGSEVRMQ	..T-EL-D-H-V-SL	..RS-VS-NAS	..NNE-R-IN-A	..T	..RD-E	I-K-S	K	255	
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061	TSSTPT	..CT	NS	..VGDPRT	..T-EVKD-KKQ-L	..VVO-GDS	..N-R-IN-A	..T	..I	DRK	K-I	251	
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816	TSSTPT	..GTO	N	..TVEGQA-M	..T-E-D-QKO-L	..VV-LNDN	..DN-R-IN-XV-TVK	..T	..Y	D-K	K	271	
12 BF. AR. 99. ARMA159	TSSTPT	..GTO	N	..LEE-P-A-Q	..MT-E-D-QL-VH-L	..R-V-G-G	..SET-R-IN-T	..WD	..T	Y-L	D-E	262	
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849	TSSTPT	..TNN	D	..IT	..T-QGTO-R	..Y-MT-GVQR-R-V-L	..RV-T-GSNS	..GNSSSSE-R	..K	K	S	263	
14 BG. ES. 05. 1870	TSSTPT	..TNN	D	..IT	..TG-R	..IK-L	..R	..K	..K	K	K	265	
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	TSSTPT	..STO	N	..RTI-G	..T-T-V-D-L	..S-VEA	..R-RK-I	..T	..T	V	K	251	
16 A2D. KR. 97. 97KR004	TSSTPT	..STO	N	..PDNNMT	..ETT-EL-D-K-VQ-L	..E-VQNSSDSN	..DTLNRO-R-TH-D	..T	..KDPE	K	S	260	
17 BF. AR. 99. ARMA038	TSSTPT	..STO	N	..LKE-A-A-Q	..MT-EV-D-QL-VH-L	..R-V-NGSN	..GSGGE-R-IN-T	..WD	..Y	N	V	262	
18 cpx. CU. 99. CU76	TSSTPT	..STO	N	..VA-ATE-M	..F-EV-X-QKO-L	..X-VS-GSX	..#NSNYSD-R-IN-V-T-K	..D	..OP	N	K	260	
19 cpx. CU. 99. CU7	TSSTPT	..STO	N	..VA-ATE-M	..F-EV-X-QKO-L	..X-VS-GSX	..#NSNYSD-R-IN-V-T-K	..D	..OP	N	K	260	
20 BG. CU. 99. CU103	TSSTPT	..STO	N	..TSSED-NI	..Y-T-E-KDR-KKQ-L	..R-VV-NDKNIN	..NSMNYSD-R-IN-V-A-K	..D	..RD-E	K	K	258	
21 A2D. KE. 99. KER2003	TSSTPT	..STO	N	..TO	..N-MOTVM	..T-VV-D-RKQV-L	..V-N-DN	..T	..RD-R	K	K	259	
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY	TSSTPT	..STO	N	..SS	..VEEL-T-VT	..MT-EL-D-RREVL-SL	..R-V-NGN	..N	..FR	R	K	253	
23 BG. CU. 03. CB118	TSSTPT	..AG	DGT	T	..TVNNSAB	..T-EV-D-SK-L	..M-DKNNG	..SNKQYSD-R-IN-V-T-K	..D	..KE-E	N	S	253
24 BG. ES. 08. 08ES 2	TSSTPT	..AG	DGT	T	..DSNVDTGX	..XMT-EL-D-K-XL	..X-LDENSQ	..NNTSN-LX-VT-X-X-T-D-X	..P	..KDEE	X	H	270
25 cpx. CM. 02. 1918LE	TSSTPT	..AG	TTN	N	..TVNRE	..VT-EL-D-KK-L	..V-L-D	..NS-R-L	..T-K	..T	..KD-N	A	260
26 AU. CD. 02. 02CD MBT047	TSSTPT	..AG	TTN	N	..RN	..HTDIR-MR	..MT-VL-D-QE-VH-L	..R-VLMNGDS	..KNSGE-R-IN-A	..T	..RD-D	L	260
27 cpx. FR. 04. 04CD FR KZ5	TSSTPT	..AG	TTN	N	..NT	..S-HTTE-L	..VT-A-KQ-L	..ES-VV-MNKS	..SNT-R-IN-K	..T	..F	..K	258
28 BF. BR. 99. BREPM12609	TSSTPT	..AG	TTN	N	..SS	..VEAME-M	..VT-GD-M	..VA-A	..NA-T	..IN	..K	..T	263
29 BF. BR. 01. BREPM16704	TSSTPT	..AG	TTN	N	..SS	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266
31 BC. BR. 04. 04BR142	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
32 06A1. EE. 01. EE0369	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
33 01B. ID. 07. JKT189 C	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
34 01B. TH. 99. OUR2478P	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
35 AD. AF. 07. 169H	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
36 cpx. CM. 00. 00CMYU030	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
37 cpx. CM. 00. 00CMYU026	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
38 BF1. UY. 03. UY03 3389	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
39 BF. BR. 04. 04BRR179	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
40 BF. BR. 05. 05BRR1055	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
42 BF. LU. 06. 106F 18 06	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
43 02G. SA. 03. 11223	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
44 BF. CL. 00. CH80	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
47 BF. ES. 08. P1942	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
48 01B. MY. 07. 07MYKT021	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
49 cpx. CM. 03. N26677	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
50 A1D. GB. 10. 12792	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
51 01B. SG. 11. 11SG HM021	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
52 01B. MY. 03. 03MYK108 1	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
53 01B. MY. 11. 11B2	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
54 01B. MY. 09. 09MYSB023	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
55 01B. CN. 10. HNC5102056	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
56 cpx. FR. 10. URF5 patient A	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
57 BC. CN. 09. 09YNLX195g	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
58 01B. MY. 09. 09MYP2	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
59 01B. CN. 09. 09LNA423	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
60 BC. IT. 11. BAV499	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
61 BC. CN. 10. JL100010	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
62 BC. CN. 10. YNF113	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
63 02A1. RU. 10. 10RU6637	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
64 BC. CN. 09. YNF131	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
65 cpx. CN. 10. YNF101	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
67 01B. CN. 11. 2011. ANHUI. HF115	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
68 01B. CN. 11. 2011. ANHUI. WH73	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
0. BE. 87. ANT70	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
0. CM. 98. 98CM104	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
0. CM. 98. 98CMAB141	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
0. CM. 98. 98CMAB212	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
0. CM. 98. 98CMAB213	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
0. CM. 98. 98CMAB214	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
0. CM. 99. 99CMU4122	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
0. FR. 92. VAU	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
0. GA. 11. 11GAB6352	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
0. SN. 99. 99SE MP1299	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
0. US. 18. LTNK	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
N. CM. 02. D2J00131	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
N. CM. 02. S2Gdd	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
N. CM. 04. 04CM 1015_04	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
N. CM. 06. U14296	TSSTPT	..AG	TTN	N	..MGITV-M	..T-T-RKD-M	..HT-VSTGEGD	..KTS-R-I	..T	..I	..D	266	
N. CM. 06. U14842	TSSTPT	..AG	TTN	N</									

	CD4 binding	glycosylation NNT	glycosylation NCT	V3 tip	glycosylation NNT	glycosylation NKT	CD4 binding	V4
	glycosylation NGS	glycosylation NNT	glycosylation NNT	V3	glycosylation NNT	glycosylation NKT	glycosylation NNT	glycosylation NNT
B. FR. 83. HXB2	LNGLSLAE. EEEVIRSVNFTDNTAKTIIVQLNTSV. . EINCTR. . PNNN. TRKRIRIQ. RGPGRVFTIGK. IGMNRQAHNCNISRAKWNNTLQGIASKLR. . EQFG. N. N. K. T. IIFKQ. . SS. . GGDEPEIVTHSFCG. GEFFYCNS	387						
A1. AU. 03. PS1044 Day0	NRMT. K. I. KEN. TEP. N. T. I. SV. . I. . OT. YAT. EI. DI. K. VVNKTE. KN. KVVVO. TY. K. S. TN. H. VT. T. 393							
A1. CH. 03. HIV CH BID V358	GKIM. E. L. I. S. SWH. I. Q. YAMD. DIL. DI. K. Q. VN. TA. E. QK. TO. IMYN. E. N. L. T. T. 390							
A1. CY. 08. CY236	NRMT. E. I. N. N. F. ST. Y. KRGL. I. TLYAAD. KI. I. V. TO. K. MQEVGEO. E. TY. S. A. ND. L. T. T. 391							
A1. ES. 05. X1608 8	IG. R. E. I. N. N. F. ST. Y. KRGL. I. TLYAAD. KI. I. V. TO. K. MQEVGEO. E. TY. S. V. NS. L. T. T. 397							
A1. KE. 11. DEMB11KE001	GKQ. I. E. I. T. ASP. Q. Y. YARN. AI. DI. K. V. KS. D. R. V. E. Q. KY. K. V. N. L. T. T. 394							
A1. RU. 11. 11RU6950	K. M. E. I. G. I. TE. S. T. G. TS. I. OT. YAT. DVX. DI. R. Y. V. TE. S. QK. STO. RY. H. RN. V. VT. T. 391							
A1. RW. 11. DEMA11RW002	K. I. E. I. N. VKPI. G. S. S. SV. I. OT. YAT. EI. DI. V. ED. FEA. N. SKO. G. KH. VYDK. L. VT. T. 388							
A1. SN. 01. DD1579	M. E. L. N. VNP. Q. S. S. TSV. I. OT. YAT. DI. DI. V. EN. TE. Q. V. KO. K. RH. N. TG. L. T. T. 386							
A1. UG. 11. DEMA11UG001	RK. M. E. I. N. N. F. K. S. SV. I. OT. YAT. DI. DI. V. K. D. REV. E. K. KY. T. L. T. T. 386							
A1. ZA. 04. 04ZASK162B1	DM. E. I. T. N. F. E. G. S. I. OT. FAT. DI. DI. V. KFE. HKV. Q. VVR. KE. E. V. DN. P. L. TM. K. T. 388							
A2. CM. 01. 01CM 14450V	M. E. I. N. F. EP. Q. S. K. Y. N. KI. DI. K. D. V. K. Q. VV. E. Q. SH. P. AT. L. T. F. T. 385							
A2. CY. 94. 94CY017 41	GGKIM. E. I. N. N. FTKP. L. T. I. S. F. Q. Y. TN. EI. DI. NKTLL. D. QKV. EQ. K. P. K. TN. L. T. A. T. 390							
B. BR. 10. 10BR MG029	G. L. E. E. T. A. P. K. R. H. GHI. YGT. EI. DI. R. D. X. XXXVX. KXYX. X. X. M. T. 397							
B. CA. 07. 502 1191 03	T. I. KYK. SSN. N. H. E. Q. G. S. S. L. IYAT. DX. DI. G. O. R. RKV. I. N. D. P. HT. MKV. ST. 396							
B. CH. 08. M2 0803101 NFLG8	S. E. N. ETI. Q. G. H. I. T. FAT. DI. DI. T. NG. O. A. Q. VA. R. G. K. EP. P. P. MM. T. 409							
B. CN. 10. DEMB10CN002	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
B. ES. 10. DEMB10ES002	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
B. FR. 11. DEMB11FR001	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
B. GB. 05. MM450213 GN1	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
B. HK. 06. HK003	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
B. HT. 05. 05HT 129389	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
B. JP. 12. DEMB12JP001	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
B. KR. 07. HP 12 07JHS10 3909	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
B. PE. 07. 502 0525 wq5	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
B. RU. 11. 11RU21n	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
B. TH. 08. MERLBDTRC1	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
B. US. 11. ES58	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
C. AR. 01. ARG4006	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
C. BR. 07. DEMC07BR003	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
C. BW. 00. 00BW003 1	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
C. CN. 10. YNFI19	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
C. CY. 09. CY260	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
C. ES. 08. X2363 2	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
C. ET. 02. 02ET 288	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
C. IN. 09. T125 2139	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
C. KE. 00. KER2010	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
C. MW. 09. 703010256 CH256.w96	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
C. TZ. 08. 707010457 CH457.w8	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
C. YE. 02. 02YE511	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
C. ZA. 08. 705010534 CH534.w12	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
D. CA. 10. DEMC10ZA001	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
D. ZM. 11. DEMC11ZM006	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
D. CM. 10. DEMD10CM009	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
D. CY. 06. CY163	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
D. KE. 11. DEMD11KE003	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
D. KR. 04. 04KRB8	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
D. SN. 00. SE365	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
D. TZ. 01. A280	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
D. UG. 10. DEMD10UG004	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
D. UG. 11. DEMD11UG003	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
D. YE. 02. 02YE516	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
D. ZA. 90. R1	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
F1. A0. 06. A0 06 ANG32	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
F1. AR. 02. ARE9	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
F1. BR. 10. 10BR RJ015	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
F1. CY. 08. CY222	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
F1. ES. 02. ES X845 4	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
F1. R0. 96. BCI R07	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
F1. RU. 08. 08B 2450	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
F2. CM. 02. 02CM 0016BBY	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
F2. CM. 10. DEMF210CM001	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
F2. CM. 10. DEMF210CM007	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
G. BE. 96. DRCLB	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
G. CM. 10. DEMG10CM008	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
G. CN. 08. GX 2084 08	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
G. GU. 99. CU74	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
G. ES. 09. X2634 2	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
G. GH. 03. 03GH175G	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
G. KE. 09. DEMG09KE001	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
G. NG. 09. 09NG SC62	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
G. ZA. 01. TV546	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
H. BE. 93. VT991	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
H. CF. 90. 056	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. A. T. 391							
H. GB. 00. 00GBAC4001	S. I. LS. N. I. KT. P. T. S. G. S. L. Q. GV. Y. T. DI. I. VN. TS. HD. T. KWP. N. .							

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

	gp120 end	gp41 start	fusion peptide	immunodominant region	glycosylation NAS	glycosylation NKS	glycosylation NHT	glycosylation NYT																
B. FR. 83. HBX2	..QREKR.	A. VG. IGALFLGLFLG. AAGSTMGAASMTLTQVQRQLLSGVISQQNLLRAIEAQHLLQLTVWGKIQQLARILAVERYLKDQQLGIWGSGLKLTCTTAVPMNASWS. NK.	SLEQI. WHHTTWMDREINNYTSLTHSLEESQNKQEK						655															
02 AG. CM. 10. DE00210CM013	.G.	.L. V. F.	I	S	K	R	V	L	R	T	S	YKY.	DNM	LQ	E	D	GI	YD			676			
02 AG. CY. 09. CY256	.E.	.L. V. F.	I	T	S	K	Q	R	V	L	R	M	S	NYTD.	DNM	LQ	K	S	DT	YR	660			
02 AG. ES. 06. P1423	.E.	.L. V. F.	X	V	S	K	K	V	L	R	N	S	R	TYD.	DNM	LQ	E	D	NI	YD	654			
02 AG. GW. 05. CC 0048	.G.	.L. V. F.	X	V	S	K	M	K	V	L	R	T	S	TYDD.	DNM	LQ	K	S	Q	YD	D	I	659	
02 AG. KR. 12. 120HR9	.G.	.L. V. F.	X	V	S	K	K	V	L	R	N	T	S	TYD.	DNM	LQ	K	S	NI	YD			661	
02 AG. LR. X. POC44951	.EK	.L. V. I	I	S	K	R	V	L	R	N	T	S	TYHD.	DNM	LQ	K	S	NK	YE			644		
02 AG. NG. 09. 09NG SC61	.G.	.L. V. F.	V	S	K	Q	K	V	L	R	R	N	Y	YND.	DNM	LQ	K	S	AI	YN			646	
02 AG. NG. X. IBNG	.F	.L. V. F.	R	I	S	K	K	V	L	R	T	S	TFND.	DNM	LQ	E	D	DI	YN			R	647	
02 AG. SE. 94. SE7812	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	TYDH.	DNM	LQ	K	S	HI	YD				658	
02 AG. SN. 98. 98SE MP1211	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	TFKD.	DNM	LQ	K	S	EK	YT			A	653	
03 AB. RU. 97. KAL153 2	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	P. DE	DNM	LQ	E	D	Q	YN				638	
04 CPX. CY. 94. 94CY032 3	.K	.M. M. A.	IA	S	Q	R	V	L	S	N	S	YND.	DNM	LQ	K	S	Q	YD					601	
05 DF. BE. X. V11310	.K	.M. M. A.	IA	S	Q	R	V	L	S	N	S	EGE.	DNM	LQ	E	D	S	YR					601	
06 CPX. AU. 96. BFP90	.G	.L. M. T.	I	V	S	K	V	L	S	N	S	TYDE.	DNM	LQ	E	D	Q	YR					658	
07 BC. CN. 98. 98CN009	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QGE.	DNM	LQ	K	S	NT	YR			L	R	658
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QGE.	DNM	LQ	K	S	NT	YR			L	R	656
09 CPX. GH. 96. 96GH2911	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					646
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					639
11 CPX. CM. 95. 95CM 1816	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					640
12 BF. AR. 99. ARMA159	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					641
13 CPX. CM. 96. 96CM 1849	.A	.V. L. V. LF.	V. AV	M	K	V	L	S	N	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR						659	
14 BG. ES. 05. X1870	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					657
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					646
16 A2D. KR. 97. 97KR004	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					647
17 BF. AR. 99. ARMA038	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					647
18 CPX. CU. 99. CU76	.G	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					655
19 CPX. CU. 99. CU7	.G	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					655
20 BG. CU. 99. CU103	.D	.I. L. V.	V	M	K	V	L	S	N	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR						641	
21 A2D. KE. 99. KER2003	.D	.I. L. V.	V	M	K	V	L	S	N	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR						651	
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					640
23 BG. CU. 03. CB118	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					647
24 BG. ES. 08. X2456 2	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					652
25 CPX. CM. 02. 1918LE	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					649
26 AU. CD. 02. 02CD MBT047	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					650
27 CPX. FR. 04. 04CD FR KZ5	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					655
28 BF. BR. 99. BREPM12609	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					667
29 BF. BR. 01. BREPM16704	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					669
31 BC. BR. 04. 04BR142	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					641
32 06A1. EE. 01. EE0369	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					649
33 01B. ID. 07. JKT189 C	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					651
34 01B. TH. 99. OUR2478P	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					642
35 AD. AF. 07. 169H	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					648
36 CPX. CM. 00. 00CMYU830	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					644
37 CPX. CM. 00. 00CMYU926	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					648
38 BF1. UY. 03. UY03 3389	.K	.A. L. VV. A.	I	S	K	D	V	L	R	N	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					643	
39 BF. BR. 04. 04BRJ179	.K	.A. L. VV. A.	I	S	K	D	V	L	R	N	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					643	
40 BF. BR. 05. 05BRJ055	.K	.A. L. VV. A.	I	S	K	D	V	L	R	N	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					643	
42 BF. LU. 06. 10BF 18 06	.K	.A. L. VV. A.	I	S	K	D	V	L	R	N	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					639	
43 02G. SA. 03. J11223	.K	.A. L. VV. A.	I	S	K	D	V	L	R	N	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					644	
44 BF. CL. 00. CH80	.T. R.	.T. M.	I	S	M	M	V	L	R	N	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					643	
45 CPX. FR. 04. 04FR AUK	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					643
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					643
47 BF. ES. 08. P1942	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					643
48 01B. MY. 07. 07MYKT021	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					643
49 CPX. GM. 03. N26677	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					643
50 A1D. GB. 10. 12792	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					643
51 01B. SG. 11. 11SG HM021	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					643
52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					643
53 01B. MY. 11. 11F164	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					643
54 01B. MY. 09. 09MYSB023	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					643
55 01B. CN. 10. HNC5102056	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					643
56 CPX. FR. 10. URF5 patient A	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					644
57 BC. CN. 09. 09VNLX1959	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					644
58 01B. MY. 09. 09MYP3	.F	.L. V. F.	I	S	K	R	K	V	L	R	T	S	QHE.	DNM	LQ	K	S	Q	YR					644
59 01B. CN.																								

	transmembrane domain	gp41 cytoplasmic tail start	glycosylation NGS	
B. FR. 83. HXB2	NEQEELLEDKWASLWNWFWNITNWLWYIKLFIMIVGGLVGLRIVFAVLSTIVNVRVQGYSPLSFQTHLPTP	.RG.PDRPEGIEEGGERDRSRILVNGSLALWDDLRSLCLFSYHRLRLLLIVTRIVELL	.GRR.....GWEALKYWNMLLOY.WSQE	806
A1.AU.03.P51044 Day0	-D-A-N-D-SQ-I-I-I-IS-T-N-E-L-GRT-OG-S-F-A-S-T-HSSLK..GLRL-G-L-V-			820
A1.CH.03.HIV CH BID V358	-D-A-N-D-SQ-I-I-I-T-I-T-N-E-L-GR-OG-G-S-F-A-L-FA-AA-T-HSSLK..GLRL-G-LG-L-GR			804
A1.CY.08.CY236	-D-A-N-D-SH-I-I-I-IR-T-N-E-L-GR-G-Q-S-F-A-N-FI-AA-T-HSSLK..GLRL-G-LE-V-R			812
A1.E5.05.X1608 8	-KD-A-N-D-SK-I-I-I-T-F-I-T-N-E-L-GR-G-Q-S-F-A-FI-AA-T-HSSLK..GLRL-G-L-V-GR			823
A1.KE.11.DEMA11KE001	-D-A-N-D-SH-I-I-I-T-F-I-T-N-E-L-GR-G-Q-S-F-A-FI-AA-T-HSSLK..GLRL-G-L-V-GR			826
A1.RU.11.1IRU6950	-D-A-T-D-S-I-I-I-I-T-I-K-A-L-LT-H-E-GR-S-OG-S-F-A-FI-AA-T-HSSLK..GLRLV-G-LG-G			813
A1.RW.11.DEMA11RW002	-D-A-T-D-S-I-I-I-I-T-I-T-N-Q-GE-R-G-OG-AS-F-E-N-I-AA-T-HSSLK..GLRL-G-LG-T-I			821
A1.SN.01.DDI579	-D-A-N-D-SK-I-I-I-I-T-N-E-L-GR-G-Q-S-F-A-FI-AA-T-HSSLK..GLRL-G-L-V-L-GR			806
A1.UG.11.DEMA11UG001	-D-A-N-D-S-I-I-I-IC-A-I-T-N-E-L-H-R-Q-N-T-SAS-F-A-F-L-FI-AA-T-HSSLK..GLRL-G-L-GR			800
A1.ZA.04.04ZASK162B1	-D-A-N-D-SR-I-I-I-I-T-N-E-L-GR-OG-S-F-A-N-FI-AA-T-HSSLK..GLRL-KGIO-L			809
A2.CM.01.01CM 1445NV	-DV-A-N-S-I-I-I-K-IVIF-VL-L-IPT-R-E-N-G-L-R-K-G-OG-T-V-S-F-CIS-AA-T-HSSLK..GLRL-GI-L-GR			812
A2.CY.94.94CY017 41	-D-A-D-S-SH-RI-I-I-IITV-V-IPT-S-E-R-T-G-OG-FF-A-CI-AA-T-HSSLK..GLRL-G-NL-L-GR			815
B.BR.10.10BR MG029	-D-A-N-D-H-I-X-I-T-I-T-N-E-L-RF-A-T-G-G-RI-D-FF-IF-V-I-LA-T-F-H			818
B.CA.07.502 1191 03	-D-A-N-D-S-I-I-I-T-I-S-E-R-AQ-T-G-T-GW-AT-F-E-I-N-WI-LA-T-G-R-V-I-G			812
B.CH.08.M2 0803101 NFLG8	-D-A-N-D-S-I-I-I-IV-I-R-V-T-T-G-T-D-FFI-WN-Q-A-T-T-G-L-I-T			835
B.CN.10.DEMB10CN002	-L-K-Q-D-R-I-I-I-K-I-T-R-AQ-L-G-KS-T-GC-D-FI-V-N-R-S-AA-T			808
B.E5.10.DEMB10E5002	-D-A-N-D-S-I-I-I-CT-L-AQ-L-G-KS-T-GC-D-FI-V-N-R-S-AA-T			814
B.FR.11.DEMB11FR001	-D-A-N-D-S-I-I-I-CT-L-AQ-L-G-KS-T-GC-D-FI-V-N-R-S-AA-T			790
B.G8.05.MM450213 GN1	-D-A-N-D-S-I-I-I-CT-L-AQ-L-G-KS-T-GC-D-FI-V-N-R-S-AA-T			812
B.HK.06.HK003	-D-A-N-D-S-I-I-I-CT-L-AQ-L-G-KS-T-GC-D-FI-V-N-R-S-AA-T			803
B.HT.05.05HT 129389	-D-A-N-D-S-I-I-I-CT-L-AQ-L-G-KS-T-GC-D-FI-V-N-R-S-AA-T			812
B.JP.12.DEMB12JP001	-D-A-N-D-S-I-I-I-CT-L-AQ-L-G-KS-T-GC-D-FI-V-N-R-S-AA-T			814
B.KR.07.HP 15 07JHS10 3909	-D-A-N-D-S-I-I-I-CT-L-AQ-L-G-KS-T-GC-D-FI-V-N-R-S-AA-T			817
B.PE.07.502 0525 wq5	-D-A-N-D-S-I-I-I-CT-L-AQ-L-G-KS-T-GC-D-FI-V-N-R-S-AA-T			792
B.RU.11.11RU21n	-D-A-N-D-S-I-I-I-CT-L-AQ-L-G-KS-T-GC-D-FI-V-N-R-S-AA-T			792
B.TH.08.MERLBDTRC10	-L-A-N-D-K-I-I-I-I-T-T-L-RF-A-QG-T-GT-F-T-IL-V-ON-R-V-H			813
B.US.11.E538	-D-A-N-D-S-I-I-I-I-T-T-L-RF-A-QG-T-GT-F-T-IL-V-ON-R-V-H			812
C.AR.01.ARG4006	-KD-A-ON-G-S-I-I-I-I-LI-N-GGLG-Q-K-S-F-S-A-RQ-I-AA-AA-R-S			806
C.BR.07.DEMC07BR003	-KD-A-ON-G-S-I-I-I-I-LI-N-GGLG-Q-K-S-F-S-A-RQ-I-AA-AA-R-S			806
C.BW.00.00BW003 1	-KD-A-S-KN-T-D-S-RI-I-I-I-LI-S-E-L-LGR-Q-K-S-F-S-A-RH-FI-V-A-SSLR..GLOR-I-LG-V-GL			798
C.CN.10.YNFI19	-KD-A-S-KN-T-D-S-RI-I-I-I-LI-S-E-L-LGR-Q-K-S-F-S-A-RH-FI-V-A-SSLR..GLOR-I-LG-V-GL			818
C.CY.09.CY260	-D-A-S-N-K-I-I-I-I-LI-N-G-L-G-V-E-QQ-RD-S-I-VVAV-S-FC-SYF-LIA-T-V-HILLG..GLRR-GVMYFVS-VVL			810
C.E5.08.X2363 2	-KD-A-NN-T-D-Q-I-I-I-I-LI-N-G-L-G-V-E-QQ-RD-S-I-VVAV-S-FC-SYF-LIA-T-V-HILLG..GLRR-GVMYFVS-VVL			818
C.ET.02.02ET 280	-D-A-KD-S-Q-I-I-I-I-LI-N-G-L-G-V-E-QQ-RD-S-I-VVAV-S-FC-SYF-LIA-T-V-HILLG..GLRR-GVMYFVS-VVL			818
C.IN.09.1125 2130	-KD-A-NN-T-D-Q-I-I-I-I-LI-N-G-L-G-V-E-QQ-RD-S-I-VVAV-S-FC-SYF-LIA-T-V-HILLG..GLRR-GVMYFVS-VVL			807
C.KE.00.KER2010	-KD-A-S-KN-T-D-S-RI-I-I-I-LI-S-E-L-LGR-Q-K-S-F-S-A-RH-FI-V-A-SSLR..GLOR-I-LG-V-GL			812
C.MW.09.703010256 CH256.w96	-KD-A-S-KN-T-D-S-RI-I-I-I-LI-S-E-L-LGR-Q-K-S-F-S-A-RH-FI-V-A-SSLR..GLOR-I-LG-V-GL			803
C.TZ.08.707010457 CH457.w8	-KD-A-S-KN-T-D-S-RI-I-I-I-LI-S-E-L-LGR-Q-K-S-F-S-A-RH-FI-V-A-SSLR..GLOR-I-LG-V-GL			795
C.YE.02.02YE511	-KD-A-S-KN-T-D-S-RI-I-I-I-LI-S-E-L-LGR-Q-K-S-F-S-A-RH-FI-V-A-SSLR..GLOR-I-LG-V-GL			812
ZA.08.705010534 CH534.w12	-KD-A-S-KN-T-D-S-RI-I-I-I-LI-S-E-L-LGR-Q-K-S-F-S-A-RH-FI-V-A-SSLR..GLOR-I-LG-V-GL			803
ZA.10.DEMC10ZA001	-KD-A-S-KN-T-D-S-RI-I-I-I-LI-S-E-L-LGR-Q-K-S-F-S-A-RH-FI-V-A-SSLR..GLOR-I-LG-V-GL			803
ZM.11.DEMC11ZM006	-RD-A-N-T-D-S-I-I-I-I-LI-S-E-L-LGR-Q-K-S-F-S-A-RH-FI-V-A-SSLR..GLOR-I-LG-V-GL			813
D.CM.10.DEMD10CM009	-K-A-N-D-S-Q-I-I-I-I-V-I-K-R-P-H-L-AS-P-A-P-G-OG-G-FS-N-I-AA-T-N			794
D.CY.06.CY163	-KD-A-N-D-S-Q-I-I-I-I-V-I-K-R-P-H-L-AS-P-A-P-G-OG-G-FS-N-I-AA-T-N			808
D.KE.11.DEMD11KE003	-K-K-Q-S-K-I-I-I-I-V-K-L-AS-P-A-P-G-OG-G-FS-N-I-AA-T-N			800
D.KR.04.04KBH8	-KD-A-N-D-S-Q-I-I-I-I-V-I-K-L-AS-P-A-P-G-OG-G-FS-N-I-AA-T-N			792
D.SN.90.SE365	-D-A-N-D-S-Q-I-I-I-I-V-I-K-L-AS-P-A-P-G-OG-G-FS-N-I-AA-T-N			800
D.TZ.01.A280	-D-A-N-D-S-Q-I-I-I-I-V-I-K-L-AS-P-A-P-G-OG-G-FS-N-I-AA-T-N			802
D.UG.10.DEMD10UG004	-D-A-N-D-S-Q-I-I-I-I-V-I-K-L-AS-P-A-P-G-OG-G-FS-N-I-AA-T-N			797
D.UG.11.DEMD11UG003	-D-A-N-D-S-Q-I-I-I-I-V-I-K-L-AS-P-A-P-G-OG-G-FS-N-I-AA-T-N			807
D.YE.02.02YE516	-K-A-N-D-S-Q-I-I-I-I-V-I-K-L-AS-P-A-P-G-OG-G-FS-N-I-AA-T-N			796
D.ZA.90.R1	-K-A-N-D-S-Q-I-I-I-I-V-I-K-L-AS-P-A-P-G-OG-G-FS-N-I-AA-T-N			808
F1.A0.06.A0 06 ANG32	-D-A-N-D-S-Q-I-I-I-I-V-I-K-L-AS-P-A-P-G-OG-G-FS-N-I-AA-T-N			790
F1.A0.02.ARE93	-D-A-N-D-S-Q-I-I-I-I-V-I-K-L-AS-P-A-P-G-OG-G-FS-N-I-AA-T-N			795
F1.BR.10.10BR RJ015	-L-A-N-D-H-I-I-I-I-T-K-L-L-S-E-GD-Q-K-V-S-F-P-V-N-RH-FI-AA-T-NRG-L-S			797
F1.CY.08.CY222	-K-A-N-D-S-Q-I-I-I-I-V-I-K-L-L-S-E-GD-Q-K-V-S-F-P-V-N-RH-FI-AA-T-NRG-L-S			794
F1.E5.02.E5 X845 4	-K-A-N-D-S-Q-I-I-I-I-V-I-K-L-L-S-E-GD-Q-K-V-S-F-P-V-N-RH-FI-AA-T-NRG-L-S			792
F1.R0.96.BC1 R07	-K-A-N-D-S-Q-I-I-I-I-V-I-K-L-L-S-E-GD-Q-K-V-S-F-P-V-N-RH-FI-AA-T-NRG-L-S			808
F1.RU.08.08R 24P01	-K-A-N-D-S-Q-I-I-I-I-V-I-K-L-L-S-E-GD-Q-K-V-S-F-P-V-N-RH-FI-AA-T-NRG-L-S			812
F2.CM.02.02CM 0016BBY	-D-A-D-S-T-RI-I-I-I-V-I-K-L-L-S-E-GD-Q-K-V-S-F-P-V-N-RH-FI-AA-T-NRG-L-S			805
F2.CM.10.DEMF210CM001	-D-S-SQ-D-S-Q-I-I-I-I-V-I-K-L-L-S-E-GD-Q-K-V-S-F-P-V-N-RH-FI-AA-T-NRG-L-S			797
F2.CM.10.DEMF210CM007	-D-A-D-A-H-I-I-I-I-V-I-K-L-L-S-E-GD-Q-K-V-S-F-P-V-N-RH-FI-AA-T-NRG-L-S			804
G.BE.96.DRCBL	-D-A-Q-S-S-S-RI-V-I-I-I-I-LHQ-E-A-G-Q-S-F-A-FI-AA-T-NSLK..GLRL-L-L-AR			797
G.CM.10.DEMG10CM008	-D-A-Q-S-S-S-RI-V-I-I-I-I-LHQ-E-A-G-Q-S-F-A-FI-AA-T-NSLK..GLRL-L-L-AR			809
G.CN.08.GX 2084 08	-D-A-Q-S-S-S-RI-V-I-I-I-I-LHQ-E-A-G-Q-S-F-A-FI-AA-T-NSLK..GLRL-L-L-AR			813
G.CU.99.CU74	-D-A-T-S-Q-I-I-I-I-T-LI-K-PHQ-E-R-G-Q-K-V-S-F-A-FI-AA-T-NSLK..GLRL-L-L-AR			808
G.E5.09.X2634 2	-D-A-T-S-Q-I-I-I-I-T-LI-K-PHQ-E-R-G-Q-K-V-S-F-A-FI-AA-T-NSLK..GLRL-L-L-AR			812
G.GH.03.03GH175G	-D-A-S-S-S-RI-I-I-I-I-T-LI-K-PHQ-E-R-G-Q-K-V-S-F-A-FI-AA-T-NSLK..GLRL-L-L-AR			802
G.KE.09.DEMG09KE001	-D-A-S-S-S-RI-I-I-I-I-T-LI-K-PHQ-E-R-G-Q-K-V-S-F-A-FI-AA-T-NSLK..GLRL-L-L-AR			806
G.NG.09.09NG SC62	-D-A-S-S-S-RI-I-I-I-I-T-LI-K-PHQ-E-R-G-Q-K-V-S-F-A-FI-AA-T-NSLK..GLRL-L-L-AR			809
G.ZA.01.TV546	-HD-A-NN-S-D-K-RI-V-I-I-I-I-T-LI-K-PHQ-E-R-G-Q-K-V-S-F-A-FI-AA-T-NSLK..GLRL-L-L-AR			795
H.BE.93.VT991	-D-A-N-S-T-D-SH-RI-I-I-I-I-T-LI-K-PHQ-E-R-G-Q-K-V-S-F-A-FI-AA-T-NSLK..GLRL-L-L-AR			802
H.CF.90.56	-D-S-S-S-D-SX-I-VI-I-I-T-I-S-LT-NA-R-OG-TP-SFFI-V-Q-WN-R-A-T			810
H.GB.00.00GBAC4001	-D-S-S-S-D-SX-I-VI-I-I-T-I-S-LT-NA-R-OG-TP-SFFI-V-Q-WN-R-A-T			798
J.CM.04.04CMU11421	-A-Q-GN-D-SK-RI-I-I-I-I-FA-LT-HL-AE-A-T-G-OG-TX-FF-A-E-N-FI-AA-T-T			800
J.SE.93.SE9280 7887	-KD-A-TN-S-I-I-I-I-I-A-LI-N-TE-A-G-OG-T-F-A-N-FV-AA-T-GT-L			810
J.SE.94.SE9173 7022	-KD-A-TN-S-I-I-I-I-I-A-LI-N-TE-A-G-OG-T-F-A-N-FV-AA-T-GT-L			801
K.CD.97.97ZR EQTB11	-D-A-N-D-S-I-I-I-I-T-V-LT-S-A-G-Q-K-V-S-F-A-N-RH-V-A-LDRG.LKG			792
K.CM.96.96CM MP535	-D-A-N-D-S-I-I-I-I-T-V-LT-S-A-G-Q-K-V-S-F-A-N-RH-V-A-LDRG.LKG			818
U.CA.01.TV749	-D-A-Q-S-D-RI-I-I-I-I-T-I-M-LI-P-N-E-L-L-R-AG-P-T-F-A-N-F-V-AG-T-HSSLK..GLRL-G-LG-L-G			821
U.CA.99.TV721	-D-A-T-D-K-I-I-V-XI-I-T-I-LI-P-N-E-L-L-R-AG-P-T-F-A-N-F-V-AG-T-HSSLK..GLRL-G-LG-L-G			797
U.CD.03.03CD003 23	-S-KD-N-D-S-I-I-I-I-T-I-LI-P-N-E-L-L-R-AG-P-T-F-A-N-F-V-AG-T-HSSLK..GLRL-G-LG-L-G			795
U.CD.90.90CD121E12	-D-A-N-D-S-I-I-I-I-T-I-LI-P-N-E-L-L-R-AG-P-T-F-A-N-F-V-AG-T-HSSLK..GLRL-G-LG-L-G			795
U.CY.05.CY090	-KD-SN-D-S-RI-I-I-I-I-S-K-LI-R-E-EGG-Q-V-F-A-N-L-H-T-V-A-T-N-K-GLQGS-I-LG-AL-G			830
U.CY.08.CY223	-KD-N-E-L-T-SK-RI-I-I-I-I-FNLT-IPT-N-E-L-LGR-G-Q-T-G-F-IA-N-Q-FI-V-T-HSSLK..GLRL-L-I-S-G			803
U.E5.10.DEUR10D2001	-D-A-S-S-S-RI-I-I-I-I-FNLT-IPT-N-E-L-LGR-G-Q-T-G-F-IA-N-Q-FI-V-T-HSSLK..GLRL-L-I-S-G			806
U.GR.90.90GR534	-D-A-TX-K-S-RI-I-I-I-I-FNLT-IPT-N-E-L-LGR-G-Q-T-G-F-IA-N-Q-FI-V-T-HSSLK..GLRL-L-I-S-G			811
U.NL.95.U.NL 95 H10986.D1	-D-A-TX-K-S-RI-I-I-I-I-FNLT-IPT-N-E-L-LGR-G-Q-T-G-F-IA-N-Q-FI-V-T-HSSLK..GLRL-L-I-S-G			808
01 AE.AF.07 569M	-MD-K-Q-D-I-I-I-I-I-PSHHO-E-G-G-OG-V-S-F-A-FI-AA-T-HSSLK..GLRR-G-LG-L-G			813
01 AE.CF.90.90CF11697	-D-A-N-S-I-V-I-I-I-I-LTHO-E-R-G-EGK-Q-S-F-A-FI-AA-T-HSSLK..GLRR-G-LG-L-G			810
01 AE.CN.10.YNFI03	-KD-A-N-S-I-V-I-I-I-I-LTHO-E-R-G-EGK-Q-S-F-A-FI-AA-T-HSSLK..GLRR-G-LG-L-G			809
01 AE.HK.04.HK001	-KD-A-N-S-I-V-I-I-I-I-LTHO-E-R-G-EGK-Q-S-F-A-FI-AA-T-HSSLK..GLRR-G-LG-L-G			817
01 AE.IR.10.10IR THR48F	-KD-A-N-S-I-V-I-I-I-I-LTHO-E-R-G-EGK-Q-S-F-A-FI-AA-T-HSSLK..GLRR-G-LG-L-G			807
01 AE.JP.X.JR7474	-KD-A-N-S-I-V-I-I-I-I-LTHO-E-R-G-EGK-Q-S-F-A-FI-AA-T-HSSLK..GLRR-G-LG-L-G			807
01 AE.TH.09.AA0905 WG11	-KD-A-N-S-I-V-I-I-I-I-LTHO-E-R-G-EGK-Q-S-F-A-FI-AA-T-HSSLK..GLRR-G-LG-L-G			807
01 AE.TH.90.CM240	-KD-A-N-S-I-V-I-I-I-I-LTHO-E-R-G-EGK-Q-S-F-A-FI-AA-T-HSSLK..GLRR-G-LG-L-G			786
01 AE.US.05.306163 FL	-KD-A-N-S-I-V-I-I-I-I-LTHO-E-R-G-EGK-Q-S-F-A-FI-AA-T-HSSLK..GLRR-G-LG-L-G			807
01 AE.VN.98.98VNN15	-KD-A-N-S-I-V-I-I-I-I-LTHO-E-R-G-EGK-Q-S-F-A-FI-AA-T-HSSLK..GLRR-G-LG-L-G			807

		transmembrane domain	gp41 cytoplasmic tail start	glycosylation NGS	
B. FR. 83. HXB2	NEQEELLEDKWASLWNWFINITNLWYIKLFIMIVGGLVGLRIVFAVLISVNRVRQGYSPLSFQTHLPTT				806
02 AG. CM. 10. DE00210CM013	-D-A--D--S--I--I--I--FA-I--LTHHO-GE--GRT-G-Q-N-V--S-F--F--N-I--FV--T--HNSLK--GLRL-G--L--S--G--				834
02 AG. CY. 09. CY256	-D-A--N--D--R--I--I--I--T-FALT-A--LTHHO--R-G-Q-S-V--S-F--T-V--FA-AA-T--SSLK--GLRL--L--S--G--				807
02 AG. ES. 06. P1423	-D-A--N--D--R--I--I--I--N-I--LTHHO--R-G-Q-S-V--S-F--T-V--FA-AA-T--SSLK--GLRL--L--S--G--				817
02 AG. GW. 05. CC 0048	-D-A--S--D--K--IV-I--I--I--T-I--LTHHO--D-G-R-G-Q-V--S-F--F-A--F-A--T--HNSLK--GLRL--L--S--G--				817
02 AG. KR. 12. 120HR	-D-A--R--D--K--I--I--I--T-I--LTHHO--R-G-Q-S-V--S-F--F-A--F-A--T--HNSLK--GLRL--L--S--G--				817
02 AG. LR. X. POC44951	-D-A--S--D--K--I--I--I--T-I--LTHHO--R-G-Q-S-V--S-F--F-A--F-A--T--HNSLK--GLRL--L--S--G--				817
02 AG. NG. 09. 09NG 5C61	-D-A--S--D--K--RT--I--I--I--AL-I--LARHO--R-G-Q-S-V--S-F--F-A--F-A--T--HNSLK--GLRL--L--S--G--				811
02 AG. NG. X. IBNG	-D-A--S--D--K--RT--I--I--I--T-I--LTHHO--R-G-Q-S-V--S-F--F-A--F-A--T--HNSLK--GLRL--L--S--G--				811
02 AG. SE. 04. SE7812	-D-A--D--S--SS--RT--I--I--I--A-I--LTHHO--E-G-R-G-Q-S-V--S-F--F-A--F-A--T--HNSLK--GLRL--L--S--G--				804
02 AG. SN. 08. 08SN MP1211	-D-A--D--S--SS--RT--I--I--I--A-I--LTHHO--E-G-R-G-Q-S-V--S-F--F-A--F-A--T--HNSLK--GLRL--L--S--G--				809
03 AB. RU. 97. KAL153 2	-I-A--D--S--SK--LI--L--V--I--I--I--G--LTHHO--A--G--Q--V--S-F--F-A--F-A--T--HNSLK--GLRL--L--S--G--				811
04 cpx. CY. 94. 94CY032 3	-D-A--S--D--K--I--I--I--I--I--G--LTHHO--A--G--Q--V--S-F--F-A--F-A--T--HNSLK--GLRL--L--S--G--				809
05 DF. BE. X. V11310	-S-Q--D--D--K--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				805
06 cpx. AU. 96. BFP90	-D-A--N--S--D--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				811
07 BC. CN. 98. 98CN009	-KD-A--S--KN--S--D--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				809
08 BC. CN. 97. 97CNG 6F	-KD-A--S--KN--S--D--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				809
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	-D-A--S--D--K--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				809
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061	-D-A--S--D--K--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				809
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816	-D-A--S--D--K--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				809
12 BF. AR. 99. ARMA159	-D-A--D--S--SK--RT--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				809
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849	-D-A--Q--S--SK--RT--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				809
14 BG. ES. 05. 1870	-D-A--S--D--K--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				809
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	-D-A--S--D--K--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				809
16 A2D. KR. 97. 97KR004	-KD-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				804
17 BF. AR. 99. ARMA038	-D-A--ET--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				812
18 cpx. CU. 99. CU76	-D-A--GK--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				798
19 cpx. CU. 99. CU7	-D-A--GK--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				798
20 BG. CU. 99. CU103	-D-A--GK--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				798
21 A2D. KE. 99. KER2003	-K-A--Q--S--SK--RT--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				802
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY	-D-A--SN--T--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				798
23 BG. CU. 03. CB118	-RD-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				805
24 BG. ES. 08. 2456 2	-D-A--S--D--K--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				799
25 cpx. CM. 02. 1918LE	-D-A--S--D--K--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				807
26 AU. CD. 02. 02CD MBT047	-D-A--E--S--SK--RT--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				808
27 cpx. FR. 04. 04CD FR KZ5	-KD-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				813
28 BF. BR. 99. BREPM12609	-D-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				818
29 BF. BR. 01. BREPM15704	-D-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				818
31 BC. BR. 04. 04BR142	-D-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				800
32 06A1. EE. 01. EE0369	-D-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				799
33 01B. ID. 07. JKT189 C	-KD-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				800
34 01B. TH. 99. 09UR2478P	-RD-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				793
35 AD. AF. 07. 169H	-D-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				804
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830	-D-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				807
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926	-D-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				802
38 BF1. UY. 03. UY03 3389	-K-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				794
39 BF. BR. 04. 04BRJ179	-D-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				794
40 BF. BR. 05. 05BRJ055	-D-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				801
42 BF. LU. 06. 06BF 18 06	-D-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				790
43 02G. SA. 03. 11223	-D-A--X--D--S--RT--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				794
44 BF. CL. 08. CH80	-D-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				795
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK	-D-A--TN--D--SH--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				785
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625	-D-AF--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				814
47 BF. ES. 08. P1942	-D-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				805
48 01B. MY. 07. 07MYKT021	-KD-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				805
49 cpx. GM. 03. N26677	-D-S--TN--S--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				806
50 A1D. GB. 10. 12792	-K-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				801
51 01B. SG. 11. 11SG HM021	-D-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				810
52 01B. MY. 03. 03MYK1018 1	-K-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				806
53 01B. MY. 11. 11F12	-KD-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				814
54 01B. MY. 09. 09MYSB023	-D-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				812
55 01B. CN. 10. 10HNC5102056	-D-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				802
56 cpx. FR. 10. URFS patient A	-D-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				820
57 BC. CN. 09. 09YCN139sg	-KD-A--S--Q--D--K--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				804
58 01B. MY. 09. 09MYB1	-L-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				804
59 01B. CN. 09. 09LNA423	-D-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				809
60 BC. IT. 11. BAV499	-D-A--ON--X--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				809
61 BC. CN. 10. 10JL100010	-KD-A--S--KN--S--D--R--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				798
62 BC. CN. 10. YNF113	-KD-A--S--KN--S--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				808
63 02A1. RU. 10. 10RU6637	-D-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				805
64 BC. CN. 09. YNF131	-KD-A--S--KN--S--D--K--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				809
65 cpx. CN. 10. YNF101	-LD-M--R--D--K--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				820
67 01B. CN. 11. 2011. ANHUI. HF115-KD	-KD-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				797
68 01B. CN. 11. 2011. ANHUI. WH73-KD	-KD-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				797
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004	-D-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				800
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008	-D-A--D--S--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				806
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002	-K-A--E--S--D--S--RT--I--I--I--I--I--T--K--PF-A--L--LI--TQ--L--G-T--Q--S--F--P--N--RH--N--A--T--I--F--L--G--				797
0. BE. 87. ANT70	-KK-E--I--LD-K--IA-I--A--V--VIMI--N--KNI--O--L--IPNHQ--EE--AGT--GRGTGG--EG--P--L--P--P--P--LYT--TII--WT--L--SN--ASGIQKIVSY--RLGLWI--LGOKIINVCRIAAV--L--				809
0. CM. 98. 98CMA104	-KK-SE--I--LD-K--IA-I--A--V--MI--NL--RNI--O--L--IPNHQ--EE--AGT--GRGTGG--EG--P--L--P--P--P--LYT--TII--WT--L--SN--ASGT0-VISH--IGLWI--LGOKIIDG--LCAV--L--				830
0. CM. 98. 98CMA104	-KK-SE--I--LD-K--IA-I--A--V--MI--NL--RNI--O--L--IPNHQ--EE--AGT--GRGTGG--EG--P--L--P--P--P--LYT--TII--WT--L--SN--ASGT0-VISH--IGLWI--LGOKIIDG--LCAV--L--				833
0. CM. 98. 98CMA104	-KK-SE--I--LD-K--IA-I--A--V--MI--NL--RNI--O--L--IPNHQ--EE--AGT--GRGTGG--EG--P--L--P--P--P--LYT--TII--WT--L--SN--ASGT0-VISH--IGLWI--LGOKIIDG--LCAV--L--				836
0. CM. 98. 98CMA104	-KK-SE--I--LD-K--IA-I--A--V--MI--NL--RNI--O--L--IPNHQ--EE--AGT--GRGTGG--EG--P--L--P--P--P--LYT--TII--WT--L--SN--ASGT0-VISH--IGLWI--LGOKIIDG--LCAV--L--				816
0. CM. 98. 98CMA104	-KK-SE--I--LD-K--IA-I--A--V--MI--NL--RNI--O--L--IPNHQ--EE--AGT--GRGTGG--EG--P--L--P--P--P--LYT--TII--WT--L--SN--ASGT0-VISH--IGLWI--LGOKIIDG--LCAV--L--				821
0. FR. 92. VAV	-K-K-E--I--LD-K--IA-I--A--V--MI--NL--RNI--O--L--IPNHQ--EE--AGT--GRGTGG--EG--P--L--P--P--P--LYT--TII--WT--L--SN--ASGT0-VISH--IGLWI--LGOKIIDG--LCAV--L--				823
0. GA. 11. 11GAB6352	-KK-E--I--LD-K--IA-I--A--V--MI--NL--RNI--O--L--IPNHQ--EE--AGT--GRGTGG--EG--P--L--P--P--P--LYT--TII--WT--L--SN--ASGT0-VISH--IGLWI--LGOKIIDG--LCAV--L--				831
0. SN. 99. 99SE MP1299	-KK-E--I--LD-K--IA-I--A--V--MI--NL--RNI--O--L--IPNHQ--EE--AGT--GRGTGG--EG--P--L--P--P--P--LYT--TII--WT--L--SN--ASGT0-VISH--IGLWI--LGOKIIDG--LCAV--L--				812
0. US. 18. 18TNP	-KS-Q--V-I--LD-K--IA-I--A--V--MI--NL--RNI--O--L--IPNHQ--EE--AGT--GRGTGG--EG--P--L--P--P--P--LYT--TII--WT--L--SN--ASGT0-VISH--IGLWI--LGOKIIDG--LCAV--L--				787
N. CM. 02. 02J00131	-KS-Q--V-I--LD-K--IA-I--A--V--MI--NL--RNI--O--L--IPNHQ--EE--AGT--GRGTGG--EG--P--L--P--P--P--LYT--TII--WT--L--SN--ASGT0-VISH--IGLWI--LGOKIIDG--LCAV--L--				786
N. CM. 02. 02J00131	-KS-Q--V-I--LD-K--IA-I--A--V--MI--NL--RNI--O--L--IPNHQ--EE--AGT--GRGTGG--EG--P--L--P--P--P--LYT--TII--WT--L--SN--ASGT0-VISH--IGLWI--LGOKIIDG--LCAV--L--				783
N. CM. 04. 04CM 1015_04	-KS-Q--V-I--LD-K--IA-I--A--V--MI--NL--RNI--O--L--IPNHQ--EE--AGT--GRGTGG--EG--P--L--P--P--P--LYT--TII--WT--L--SN--ASGT0-VISH--IGLWI--LGOKIIDG--LCAV--L--				808
N. CM. 06. 06U14296	-KS-Q--V-I--LD-K--IA-I--A--V--MI--NL--RNI--O--L--IPNHQ--EE--AGT--GRGTGG--EG--P--L--P--P--P--LYT--TII--WT--L--SN--ASGT0-VISH--IGLWI--LGOKIIDG--LCAV--L--				805
N. CM. 06. 06U14842	-KS-Q--V-I--LD-K--IA-I--A--V--MI--NL--RNI--O--L--IPNHQ--EE--AGT--GRGTGG--EG--P--L--P--P--P--LYT--TII--WT--L--SN--ASGT0-VISH--IGLWI--LGOKIIDG--LCAV--L--				797
N. FR. 11. 11F12	-KS-Q--V-I--LD-K--IA-I--A--V--MI--NL--RNI--O--L--IPNHQ--EE--AGT--GRGTGG--EG--P--L--P--P--P--LYT--TII--WT--L--SN--ASGT0-VISH--IGLWI--LGOKIIDG--LCAV--L--				804
P. CM. 06. 06U14788	-RK-Q--S--MD-K--IA-I--A--V--MI--NL--RNI--O--L--IPNHQ--EE--AGT--GRGTGG--EG--P--L--P--P--P--LYT--TII--WT--L--SN--ASGT0-VISH--IGLWI--LGOKIIDG--LCAV--L--				835
P. FR. 09. 09R1608	-RK-Q--S--MD-K--IA-I--A--V--MI--NL--RNI--O--L--IPNHQ--EE--AGT--GRGTGG--EG--P--L--P--P--P--LYT--TII--WT--L--SN--ASGT0-VISH--IGLWI--LGOKIIDG--LCAV--L--				829
CPZ. CD. 06. BF1167	-HKQ--S--D--D--IA-I--AS--MTFNL--GKL--L--P--IPTQ--A--GO--T--G--SG--WRGYPV--Q--E--C--Q--L--WT--QTSVN--WHLWTILK--I--HWSLLWETVRLRL--L--TOFL--ET--GIL--				804
CPZ. CM. 05. SIVcpzMT145	-RD-Q--S--D--D--IA-I--AS--MTFNL--GKL--L--P--IPTQ--A--GO--T--G--SG--WRGYPV--Q--E--C--Q--L--WT--QTSVN--WHLWTILK--I--HWSLLWETVRLRL--L--TOFL--ET--GIL--				805
CPZ. GA. 88. GAB1	-KK--ST--D--D--D--IA-I--IA--I--LIVVLRQ--M--FS--LPTQAE--OD--EQ--G--A--D--G--I--WTSPR--FFSIV--E--N--L--L--WT--QTSVN--WHLWTILK--I--HWSLLWETVRLRL--L--TOFL--ET--GIL--				820
CPZ. TZ. 06. SIVcpzTAN13	-KS-Q--S--D--D--IA-I--IA--I--LIVVLRQ--M--FS--LPTQAE--OD--EQ--G--A--D--G--I--WTSPR--FFSIV--E--N--L--L--WT--QTSVN--WHLWTILK--I--HWSLLWETVRLRL--L--TOFL--ET--GIL--				804
CPZ. US. 85. US Marilynn	-KA--D--S--LD--Q--IA-I--IA--I--LIVVLRQ--M--FS--LPTQAE--OD--EQ--G--A--D--G--I--WTSPR--FFSIV--E--N--L--L--WT--QTSVN--WHLWTILK--I--HWSLLWETVRLRL--L--TOFL--ET--GIL--				819
GOR. CM. 07. SIVgor2139 287	-KA--D--S--LD--Q--IA-I--IA--I--LIVVLRQ--M--FS--LPTQAE--OD--EQ--G--A--D--G--I--WTSPR--FFSIV--E--N--L--L--WT--QTSVN--WHLWTILK--I--HWSLLWETVRLRL--L--TOFL--ET--GIL--				814
G					

	glycosylation NAT	cytoplasmic tail end	Env end gp41 end
	LKNSAVSLLNATAIAVAEGTDRVIEVVQGA [*] CAIRAHIPRRIRQGL [*] ERILL [*]		
A1.AU.03.P51044 Day0	--I--N-YDTI--GW--IG--I--LN-----A--		856
A1.CH.03.HIV_CH_BID_V3538	--RV--IT--D--T--GW--IG-RF--L-----A-I-		871
A1.CY.08.CY236	--I--IN-FDTI--GW--I--IG--IN-----A--		855
A1.ES.05.X1608 8	--L--N-YDTI--GW--IG-RL--LN-----A--		863
A1.KR.11.DEMA11KE001	--I--T--DTV--GW--IG-RIG--L-----F-A--		874
A1.RU.11.RU06950	--I--IN-VDTI--V-GW--IG--CN-----A-A-Q-		877
A1.RW.11.DEMA11RW002	--I--I--FDTI--T-GW--I-RI--LN-T--F--A--		864
A1.SN.01.DDI579	--S--I-----V--W--IG-R-G--LL-----V--A--		872
A1.UG.11.DEMA11UG001	--IN--DTI--GW--I--IG-SIG--L-----A-A--		851
A1.ZA.04.04ZASK162B1	--R--I--DTI--T-GW-G--IG-RIV--L-----A-Q-		857
A2.CM.01.01CM_1445RV	--I--N-VD-I-VT--I-RI--LN-T--F--A--		866
A2.CY.94.94CY017_41	--I--FDTI-V--W--IG-R-F--LN-----A--		863
B.BR.10.10BR MG029	-----F-----RI#--LN-T-MG--#--A--		868
B.CA.07.502_1191_03	-----F-----L-R-G-VL-V--F--S--		863
B.CH.08.M2_0803101_NFLG8	-----TN--TI-----I-LA-RGF-FL--A-Q-		886
B.CN.10.DEMB10CN002	--OK--L-----I--A-RIG--I-----A-V-		859
B.ES.10.DEMB10ES002	-----N--T--V-----I-A-R-W-FL--A--		865
B.FR.11.DEMB11FR001	-----I-----I-RI--I--V--A--		841
B.GB.05.MM45d213_GN1	--K--I-----A-DII-RXF--L--S-V-		863
B.HK.06.HK003	--K--FI-----I-A-RGV--L--A-V-		854
B.HT.05.05HT_129389	--K--D--V--G--I--I-RRVV--L-V-T--A--		863
B.JP.12.DEMB12JP001	--K--I-----I--I-RL--L-V--A--		865
B.KR.07.HP_18_07JHS10_3909	--K--H--R-I--I--I-RL--L-V--F-A--		858
B.PE.07.502_0525_wq5	-----I--GLNIF-FI--A--L--		843
B.RU.11.11RU21n	-----F--G--RTF-VL--F-A--		843
B.TH.08.MERLBDTRC10	-----V-----R-Y--I--T-V-		864
B.US.11.ES38	--S--I-F-I-----GL-R-W-FI--		863
C.AR.01.ARG4006	--K--I--DTI-----I--I-RIWEI-CN--F-AA-Q-		857
C.BR.07.DEMC07BR003	--KR--I--FDTV-----I--II--IW--F-AA-Q-		887
C.BW.06.00BW031_1	--K--I--DTI-----I--RLY--LN--F-AA-Q-		849
C.CN.10.YNFL19	--K--I--DT-----I-AIX-R-W--T--G-DP--VA-Q-		865
C.CY.09.CY260	--K-VS--DDT-TT-A-GAA--IV-LLRRISGI-CS-R--RC--AAA-Q-		861
C.ES.08.X2363_2	--K--I--DTI-----I-FI-RI--SNL--F-AA--		869
C.ET.02.02ET_288	--K--I--T-----I--R-FW--CNA--F-AA--		858
C.IN.09.T125_2139	--K--I--FDTI-----I-FL-RL--Y-AA-Q-		884
C.KE.00.KER2010	--R--I--DTI-----I-LT-RI--LN-T--AA--		863
C.MW.09.703010256_CH256.w96	--K--I--DT-----I-FL-RI--Y--F-AA-Q-		854
C.TZ.08.707010457_CH457.w8	--K--I--DTI--T-----I-L-RI--CNV-T--AA-Q-		846
C.YE.02.02YE511	--K--I--VDTI-----I--RS--LCN--F-AA-Q-		863
C.ZA.08.705010534_CH534.w12	--K--I--T-----I--RG--CN--F-TA--		855
C.ZA.10.DEMC10ZA001	--K--I--DTI-----IF-A-LRF--N-T--F-AA--		854
C.ZM.11.DEMC11ZM006	--K--I--DTI--RT-----I-L-LNI--LS--F-AA-Q-		864
D.CM.10.DEMD10CM009	-----I--FD-----A-LR-F--L--A--		845
D.CY.06.CY163	-----IN--D-----T--RT--VLR--F--A--		859
D.KE.11.DEMD11KE003	-----DTI--VI-----L-IGLRIG--IN--A--		851
D.KR.04.04KRBH8	-----IR-FDTI-----RR-F-VL--F-A-I-		843
D.SN.90.SE365	-----I--DTI-----I--D--R--J-L-T--GA--		851
D.TZ.01.A280	-----I--V-----I-II-R-F-VL--V--A--		853
D.UG.10.DEMD10UG004	V--I--FGT--V-----I-L-RIG--LN-T--A-AF-		848
D.UG.11.DEMD11UG003	-----I--F-T--V-----L-R-G-VLN--F-A--		858
D.YE.02.02YE516	-----I--I--F-----I--R-G--LN--A--		847
D.ZA.90.R1	-----I--DTI--T-----R--VLNV-V--L--		859
F1.A0.06.A0_06_ANG32	-----IN--DT-----V--L-R-G-VL--		841
F1.AR.02.ARE933	RI--I--F-T--V-----A-R-V-VCN--F-AF-		848
F1.BR.10.10BR RJ015	-----I--F-T--V--G--I--AL-RFG--LN--F-A-I-		845
F1.CY.08.CY222	-----I--DTI--V-----AL-R-G-VLNV--K--		843
F1.ES.02.ES_X845_4	-----I--DT--V-----I--AL-RTG--L--V--A--		859
F1.R0.96.BC1_R07	-----I--TI--V-----AL-VLT--LN--A--		863
F1.RU.08.088_845	-----I--T--V--W--L-AL-R-G-VL--F-A--		846
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----I--I--T--V-----L-L-R-G--L--F-A--		856
F2.CM.10.DEMF210CM001	--K--I--FDT--V-----I--L-R-G--L--A-A--		848
F2.CM.10.DEMF210CM007	-----I--DT--V-----I--D-L-RIG-VL--F-A--		855
G.BE.96.DRCBL	-----IN--DTI--NW-----A-R-G-VLN--A--		848
G.CM.10.DEMG10CM008	-----IN--DT--DW-----A-RVG-FLN--A-V-		860
G.CN.08.GX_2084_08	-----IN--DTI--NW-----AHR--CN--A-V-		859
G.CU.99.CU74	-----IN-VDTV--NW-----I-RT--FLN--F-A-Q-		863
G.ES.09.X2634_2	--S--IN--DTV--NW-----I-RVG--LN--A--		853
G.GH.03.03GH175G	-----I--DTV--NW-----I-R-G--LN-T--F-A--		863
G.KE.09.DEMG09KE001	-----IN--DTV--N-----I-R--VL--F-SA--		853
G.NG.09.09NG_SC62	-----I--VDTL--V-GNW-----A-R-G-FL--V--A--		857
G.ZA.01.TV546	-----IN--DTX-V--NW-----IA-RTG--CN--A--		856
H.BE.93.VI991	-----I--T-----I--R-W--L--F-S--		860
H.CF.90.056	-----ID--T-----GI-VI--R-W--L--F-A--		846
H.GB.00.00GBAC4001	-----N--T--V-----I--L-R-G--I--F-A--		853
J.CM.04.04CMU11421	-----I--DT--VX-----I-IXRR-F-VL--F-A--		861
J.SE.93.SE9280_7887	-----I--T-----I--IA-R-F--L--A--		849
J.SE.94.SE9173_7022	-----I--T-----I--IA-R-F--L--A--		851
K.CD.97.97ZR_EQT811	I--IN--T-----I--YR-F-LL--F-L--		852
K.CM.96.96CM_MP535	-----I--T--G--I--IG-R-F-LL--A--		843
U.CA.01.TV749	--T--IN--TV-----G-RI--N--F-A--		869
U.CA.99.TV721	--T--IN--TV--V-----I--G-RI--CN--F-A--		872
U.CD.83.83CD003_Z3	-----I--V-----I--G-RI--LN--F-A--		848
U.CD.90.90CD121E12	-----I--V-----I--L-RVG--L--F-A--		846
U.CY.05.CY090	-----I--DT--V-----I--IG-RIF--FIN--A--		846
U.CY.08.CY223	-----I--TI-----I--IG--I--LN--A--		881
U.ES.10.DEURF10DZ001	-----I--DTI--T-NWI--A--GI-RIG-LLN--A--		854
U.GR.99.99GR503	--OK--T--DTI--V--GW-----TG-RIG--L--F-A--		857
U.NL.95.U_NL_95_H10986_D1	-----IN--T-----I--IG-R-F-VL--A--		862
01_AE.AF.07_569M	RI--I--D-I--GW-----I--W-FI--		859
01_AE.CF.90.90CF11697	--T--IT-FD-I-V--GW-----R-W-LI--A--		864
01_AE.CN.10.YNFL03	--T--I--FD-----G--R-W-LL--F-A--		861
01_AE.HK.04.HK001	--I--I--T-----W--A-R-W-L--T-V-		860
01_AE.IR.10.10IR_THR48F	--I--S--D-----GW--A-R-W-LL--A--		868
01_AE.JP.X_JRC77AF	--I--I--D--W-----L-R--L--T--		857
01_AE.TH.09.A0906_WG11	--I--I--DTI--A--GW-----A-R-W-IQ--A-V-		858
01_AE.TH.90.CM240	--I--I--D-----A-GW--A-W--L--T--		858
01_AE.US.05.306163_FL	--T--I--D-----T-W--A-RTG-LN--A-I-		837
01_AE.VN.98.98VNND15	--I--I--IDTA--GW-----A-R-W-FL--A-Q-		868

	glycosylation NAT	cytoplasmic tail end	Env end gp41 end
B. FR. 83. HXB2	LKNSAVSLNATAIAVAEGTDRVIEVVQGA	RAIRHIPRRIRQLR. ERILL*	
02 AG. CM. 10. DE00210CM013	-----TN-DTI-----NW-----I-R-----YN-----A--		856
02 AG. CY. 09. CY256	-----IN-DTI-V-GNW-G-----G-R-----CN-T-----A-Q		885
02 AG. ES. 06. P1423	-----IN-DTI-----NW-----IA-R-G-FL-----F-A--		858
02 AG. GW. 05. CC 0048	-----IN-DTI-V-NW-----IG-S-----CN-T-----F-A--		863
02 AG. KR. 12. 12MHR9	-----L-FDTI-----NW-----IG-R-G-LN-----F-A--		868
02 AG. LR. x. POC44951	-----IN-DTI-----NW-----IG-R-G-----N-T-----KT--		870
02 AG. NG. 09. 09NG SC61	-----I-----NW-----I-IG-R-G-----N-----F-A--		853
02 AG. NG. x. IBNG	-----IN-TI-V-NW-A-IG-RVG-----N-----F-A--		844
02 AG. SE. 94. SE7812	-----I-DTI-V-NW-----L-R-G-LN-----F-A--		855
02 AG. SN. 98. 98SE MP1211	-----IN-DTI-V-NW-----I-RGT-----CN-----F-A-Q		860
03 AB. RU. 97. KAL153_2	-S-I-IGTI-----GW-----IG-RF-M-N-----A-KA-Q		862
04 cpx. CY. 94. 94CY032_3	-----IN-F-I-----GW-----I-A-R-----CN-----F-A--		840
05 DF. BE. x. V11310	-----I-T-VV-----AL-R-G-LN-----F-A--		856
06 cpx. AU. 96. BFP90	-Q-I-FD-A-----NW-----A-RIF-FLNV-----F-A--		862
07 BC. CN. 98. 98CN009	-K-TI-VDTI-----I-L-L-YN-----F-AA-Q		860
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F	-K-TI-VDI-----I-NR-----I-HNV-----F-AA-Q		865
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	-----I-T-V-----L-R-G-L-----F-A--		843
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061	-----I-DTI-E-GW-----I-R-V-LN-T-----F-A--		841
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816	-----I-T-V-----I-IHRXL-VL-----F-A--		866
12 BF. AR. 99. ARMA159	-----I-T-V-G-----IL-AL-RIG-VLNA-V-----F-A--		843
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849	-I-T-DI-----W-I-TG-RIG-G-L-----F-A-Q		866
14 BG. ES. 05. X1870	-----I-DTI-----NW-A-X-----VG-LNV-V-----F-A--		855
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	-I-I-DT-----GW-----A-R-W-LR-----F-A--		863
16 A2D. KR. 97. 97KR004	-I-F-----W-----I-R-----IN-----F-A--		849
17 BF. AR. 99. ARMA038	-----I-T-V-----AL-R-G-VLN-----F-A--		864
18 cpx. CU. 99. CU76	I-S-IN-DTV-----T-NW-----I-RGT-LN-----A-A-Q		802
19 cpx. CU. 99. CU7	-I-T-V-----I-R-W-VL-----F-A--		850
20 BG. CU. 99. CU103	-----IN-DTV-----NW-I-I-RGF-FL-----F-A--		853
21 A2D. KE. 99. KER2003	-R-N-Y-----I-RR-----LN-----F-A--		849
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY	-----IT-D-----T-GW-----IT-R-W-FL-T-----F-A--		856
23 BG. CU. 03. CB118	-----IN-DTV-----N-I-I-RGF-FL-----F-A--		858
24 BG. ES. 08. X2456_2	-----I-T-DI-----W-I-I-RGF-FL-----F-A--		858
25 cpx. CM. 02. 1918LE	-----IN-DTI-----T-DW-----IA-R-G-LNV-V-----F-A--		859
26 AU. CD. 02. 02CD MBT047	-----IN-TI-V-----C-IA-RGG-L-----A-Q		864
27 cpx. FR. 04. 04CD FR KZ5	-----IN-DTV-----T-NW-----A-R-G-IN-----A-A-Q		869
28 BF. BR. 99. BREPM12609	-----IL-RI-----N-T-----F-A--		871
29 BF. BR. 01. BREPM16704	-----I-----RW-----V-T-----F-A--		870
31 BC. BR. 04. 04BR142	-K-I-DTI-----I-I-IG-YN-----F-AA-Q		851
32 06A1. EE. 01. EE0369	-----IN-IDTI-----DW-----G-RVF-FLN-----F-AA-Q		860
33 01B. ID. 07. JKT189_C	-I-I-----GW-----I-IVM-L-----F-S--		844
34 01B. TH. 99. 09UR2478P	-----T-TN-IDTI-----GW-----DTG-RFG-L-----GA--		855
35 AD. AF. 07. 169H	-T-T-D-----A-RTG-LNV-T-----F#-A-Q		853
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830	-I-IN-DT-V-GW-----IA-R-----L-----F-A-Q		845
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926	-----I-F-T-V-----I-AL-R-G-VLN-----S-I-		845
38 BF. BR. 04. 04BRRJ179	-----I-T-V-----IL-AL-TIG-G-L-----S--		852
40 BF. BR. 05. 05BRRJ055	-----I-TL-----I-A-RIG-G-L-----S--		841
42 BF. LU. 06. LU0F 18_06	-----IN-VDIT-----GW-----I-A-R-----IN-----F-A--		847
43 02G. SA. 03. J11223	-----I-T-V-GW-----L-R-G-VL-----F-A--		845
44 BF. CL. 00. CH80	-----D-----GW-----T-SL-FLN-----F-A--		846
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK	-----I-T-V-----I-AL-R-G-VLN-----F-A--		836
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625	-I-T-V-----I-AL-S-G-VL-----F-A--		849
47 BF. ES. 08. P1942	-I-I-----I-ARR-W-I-----F-A--		865
48 01B. MY. 07. 07MYKT021	-----I-FD-I-----I-ARR-F-LLN-----T-----F-A--		856
49 cpx. GM. 03. N26677	-----I-FDTI-V-SW-A-G-RIG-L-----A-A--		857
50 A1D. GB. 10. 12792	-----F-----V-----I-RVM-FL-----S--		852
51 01B. SG. 11. 11SG HM021	-----T-I-DT-----I-----R-Y-L-T-----F-A--		861
52 01B. MY. 03. 03MYKL018_1	-T-I-D-A-----GW-----R-W-L-----A-Q		851
53 01B. MY. 11. 11FIR164	-I-I-DT-V-GW-----R-W-L-----A-Q		865
54 01B. MY. 09. 09MYSB023	-I-IA-TI-V-GW-----AA-G-L-----S--		863
55 01B. CN. 10. HNC5102056	-K-I-DTI-I-NW-----LG-A-G-VL-V-----F-A--		853
56 cpx. FR. 10. URF5 patient A	-----K-TI-YDSI-----I-FI-RI-S-LN-K-----F.KAA-Q		871
57 BC. CN. 09. 09YNLX195g	-----I-SIW-----D-----F-A--		868
58 01B. MY. 09. 09MYPR3	-T-I-DTL-----GW-----LA-R-W-LL-V-----A-Q		860
59 01B. CN. 09. 09LNA423	-----I-T-----R-KI-IL-RF-K-L-----AK-D--		860
60 BC. IT. 11. BAV499	-K-TI-YDTI-----I-L-RLY-----NV-T-----F-A--		849
61 BC. CN. 10. JL100010	-K-IN-DTI-----I-TI-R-Y-CN-----F-AA-Q		859
62 BC. CN. 10. YNFI13	-----IN-FDTI-----NW-----G-RVG-LL-----F-AA-Q		856
63 02A1. RU. 10. 10RU6637	-K-I-DTV-----I-R-----L-----F-AA-Q		860
64 BC. CN. 09. YNFI31	-I-I-D-VT-GW-----A-W-L-V-----F-A--		871
65 cpx. CN. 10. YNFI01	-I-I-D-XI-GW-----AA-R-W-FL-----F-A-V		848
67 01B. CN. 11. 2011. ANHUI. HF115-I	-I-I-D-V-T-GW-----AA-R-W-L-----F-A--		849
68 01B. CN. 11. 2011. ANHUI. WH73	-----T-V-----V-AL-R-G-VLN-----F-A--		851
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004	-----T-V-----V-AL-R-G-VLN-----F-A--		857
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008	-----GAL-SIG-FL-----F-A--		848
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002	-R-----TI-V-----L-AL-TLG-----I-----F-A--		860
0. BE. 87. ANT770	-Q-T-DTL-V-NW-GI-AGI-RIGTG-N-----S--		881
0. CM. 98. 98CMA104	-Q-T-DTI-V-GKW-DI-LGI-RIG-G-LN-----S--		884
0. CM. 98. 98CMA104	-Q-VI-VDTI-V-NW-NI-LGI-RIG-G-WN-T-----F-S--		887
0. CM. 98. 98CMA104	-Q-I-FDTI-V-A-NW-NI-LGI-RIG-G-LN-----A-X-X-		867
0. CM. 98. 98CMA104	-Q-I-DTI-V-A-NW-NI-LGI-RIG-G-LN-----A-X-X-		872
0. CM. 99. 99CMU4122	-Q-TN-DTL-V-NR-SIFLGI-RIG-G-LN-----QA-V-		874
0. FR. 92. VAV	-QT-TN-DTV-V-NW-SI-LGI-SIG-G-LN-----L--		882
0. GA. 11. 11GAB6352	-Q-TN-VTL-V-NW-GI-LGI-RIG-G-LN-T-----S--		879
0. SN. 99. 99SE MP1299	-Q-T-DTI-V-NW-VTI-LGI-RIG-G-LN-----S--		863
0. US. 10. LTNP	-Q-T-DTI-V-NW-GI-SGI-RIG-G-LN-----S--		838
N. CM. 02. DJ00131	-D-I-TI-V-----LA-RIG-G-L-----A--		837
N. CM. 02. SJGdd	-RD-I-T-V-----L-LA-RIG-G-L-----A-V-		834
N. CM. 04. 04CM 1015_04	-D-I-T-----G-----L-LA-RIG-G-L-----T--		859
N. CM. 06. U14296	-D-I-T-V-----L-LA-IG-G-L-----F-A--		856
N. CM. 06. U14842	-XD-I-T-V-----L-LA-RIG-G-L-----F-A--		845
N. FR. 11. N1 FR 2011	-D-I-T-V-----L-LA-RVG-G-L-----F-A--		886
P. CM. 06. U14788	-Q-T-TV-S-NW-Q-A-G-IG-GLN-----L-----S--		880
P. FR. 09. RBF168	-Q-T-DTV-S-GW-Q-I-G-IG-GLN-----I-S-X		885
CPZ. CD. 06. BF1167	IRQHCIVCIIDL-EFTGW-G-ALRV-VDTI-----T-----IA-N-		856
CPZ. CM. 05. SIVcpzMT145	I-I-DI-----G-IL-AITRLG-G-L-----F-A--		855
CPZ. GA. 88. GAB1	-I-I-D-----I-AF-VTL-I-N-----F-A--		871
CPZ. TZ. 06. SIVcpzTAN13	V-T-FIRN-DRL-NFT-WW-IL-GAVNIF-G-N-T-----IA-N-		837
CPZ. US. 85. US_Marilyn	-V-T-DT-----I-LTRRLFLG-I-----S-X		870
GOR. CM. 07. SIVgor2139 287	-Q-I-DCV-VWT-NW-Q-AIA-RIG-G-LN-----S--		865
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con	-Q-I-DCV-VWT-DW-Q-AIA-RIG-G-LN-----S--		

	myristoylation Nef start			acidic cluster	phosphorylation poly-P helix	HXB2 premature Nef end																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																									
B. FR.83.HXB2	MGGKWSKSSVIGWPTVRMRMR	AE	PAADRVAASRDLEKHGAITSNTAATNAACAWLEA	QEE	E	EVGFPTVPQVPLRPMYTKAAVLDLSHFLKEKGGLLEIHSQ	RRQDILDLWIYHTQGYFPDQNYTPGPGVRYPL	136																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																							
A1.AU.03.P51044 Day0	R-SK-SEI-KT-Q	TP	T-EG-V-K-D-V-V-NHPS-T	E.G	R	F-G-F-F	D-Y-X-K-E-V-N-W	I-F	135																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																						
A1.CH.03.HIV CH BID V3538	IV-EI-D-I	XP.PA	S-EG-V-Q-D-R-V-I-NHPS-N	X.G	D	R	D-Y-R-K-E-V-N-W	T-F	137																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																						
A1.KE.11.DEMA11KE001	IV-E	P	PG-V-Q-A-V-I-NHPS	D	R	G-F	D-Y-R-K-EL-V	WH	135																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																						
A1.RU.11.11RU6950	IV-Q-I	P.AP	A-SG-PV-Q-DR-V	D	R	G-F	D-Y-K-E-V	F-W	I	140																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					
A1.RW.11.DEMA11RW002	S-IV-E-Q	R.RAT	PP-AG-V-Q-S-V-T-V-NHPS	D	R	G-F-F	D-Y-K-E-V	F-W	T	140																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					
A1.SN.01.DDI579	ROE-HK-D-Q	TP.PT	EG-V-Q-S-V-T-V-L-NHPSNT		R	G-F	D-Y-Q-V	F-W	T	137																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					
A1.UG.11.DEMA11UG001	IV-E-I-N	TP	AP-KG-V-Q-D-L-NHPSNT		R	T	D-Y-R-K-E-V	F-W	I-F	137																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					
A1.ZA.04.04ZASK162B1	IV-QI-I-Q	TP.TA	A-EG-V-Q-R-E-N-ESL-VR	E	R	G-F	D-W-R-K-E-V	N-F	W	140																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					
A2.CM.01.01CM 1445MV	S-L	TP	EG-V-Q-GTR-V-IR	SD	S.D	R	D-Y-K-E-V	W	F	134																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					
A2.CY.94.94CY017 41	R-IP-AI	TP.PTAQRTE	AVS-PG-V-Q-AT-V	PD	V	E.S	R	D-Y-K-E-M-V	W	I	148																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
B.BR.10.10BR MG029	R-GK	TP	EG-V-TR	E-D	R	R	D-Y-K-E-V	W	I	T	137																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
B.CA.07.502 1191 03	GGMG-NA-D	T	EG-V-R-N-PD	N	R	R	D-TW-K-V	N-W	T	144																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					
B.CH.08.M2 0803101 NFLG8	S-L-C-PV-S-I	T.PRNE	ONEQ-VG-R-D		R	G-L	D	D-Y-K-E-V	W	T	144																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
B.CN.10.DEMB10CN002	PRLG-SAI	T	VE-EG-ER-L-T-N	D	D	R	G-L	D-Y-K-E-V	WH	T-F	140																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
B.ES.10.DEMB10ES002	IV-AI-D	T.PA	AE-AG-DR-L-T-N-DY	DD.G	K	G-L	D-Y-Q-V	N-W	Q-I	142																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					
B.FR.11.DEMB11FR001	IF-R-GG-A	TC	TEPKAERLKGKERVRRTE	EG	R	G-L	R	D-Y-K-E-V	W	I	154																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
B.GB.05.MM450213 GN1	IV-X	TP	AE-EG-V-Q-GR-N-V	T.G	R	G-F	D-Y-Q-V	N-F	W	T-F	140																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
B.HK.06.HK003	RGRD-DAI-I	TP	AE-AG-V-AOR-Q-N-DRV	EE	R	D-F	D-VY-K-K-E	V	W-C	I	141																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
B.JP.12.DEMB12JP001	IV-A-I	TP	PR-AG-V-I-N-D-V		R	F-E-F	D-Y-K-K-N-V	I	W-E	T-F	139																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
B.KR.07.HP 18 07JHS10 3909	R-P-DAI	T	EG-V-OR-T-SN		R	G-F	D-VY-K-E	V	W	T-F	137																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
B.PE.07.502 0525 w95	C-PV-I-D	T	EG-V-D-L-A-N		R	G-F	D-VW-#K-V	W	T-F	137																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					
B.RU.11.11RU210	LV-AI-Q	T	EG-V		R		D-Y-K-E-V	W	T	137																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																					
B.TH.08.MERLBDTRC10	I-AD-SR	G.T	AE-EG-V-R-NN-P-N-D	E	K	G-L	R	D-VY-K-E	F-W	T-F	138																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
B.US.11.ES38	I-AD-SR	G.T	AE-EG-V-R-VTN-VA	DD	R	F-L-N	N	D-VW-K-E	V-N	W	P	142																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			
C.AR.01.ARG4006	N-L-A	P.PGVGDXR	RQDA-EG-P-Q-DRY-L	P-N-D	Q.E	R	F-G-F-F	D-Y-Q-K-E	V-N	W	I	146																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			
C.BR.07.DEMC07BR003	N-C-PV-SAI	TD	EG-P-Q-DRY-L-PGN		R	RX	F-G-F-F	D-Y-K-K-E-I	V-N	W	I	138																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			
C.BW.00.00BW5031 1	LV-E-D-I	TD	EG-Q-D-L-N-KD		E.G	R	G-F-GW	D-Y-K-K-E-V	N-F	W	136																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
C.CN.10.YNFI19	IV-AI	T	EG-V-R-I-N-D-T-Q	A	E.E	R	V	G-F-F	D-Y-K-K-E-V	N-F	WS	136																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			
C.ES.08.X2363 2	SA-RRV-TE	TK.PAAEP	AVE-VG-P-Q-D-Y-L-PSN-D-A	DE	R	G-F	D	D-Y-K-K-E-V	N-F	W	I	147																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			
C.ET.02.02ET 288	S-C-PR-S-I-Q	TP	EG-Q-D-Y-L-T-PEN-Q		E	R	G-F	D-Y-K-KE-E	V-N	F-W	138																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
C.IN.09.T125 2139	S-C-IV-A-D	T	EG-Q-D-Y-GT-DV-T	Q	A.G	R	G-F-F	D-Y-K-K-E	V	WH	138																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
C.KE.00.KER2010	IV-A	TP	EG-Q-D-Y-L-GN-D-Q		E	R	R-G-I-F	D-Y-K-K-E	V-N	F-W	138																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
C.MW.09.703010256 CH256.w96	IV-N-I	TD	EG-Q-D-Y-L-VSN		E.K	R	G-F	D-Y-K-K-E	V-N	F-W	138																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
C.TZ.08.707010457 CH457.w8	C-MV-E-I	TP	EG-V-TA		R	G-F		D-Y-K-K-E	V-N	F-W	138																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
C.YE.02.02YE511	IV-V-D-I	TN.PAAAGVG	A.ASODS-AG-Q-A-L-PTN	OD	R	G-W		D-Y-K-K-E	M-N	W	T	150																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			
C.ZA.08.705010534 CH534.w12	IV-E-I	TR.PAAEGE	KT-EG-T-Q-D-L-T-RN-D	D.G	D	F-F-F		D-Y-R-K-E	VHN-F	W	145																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
C.ZA.10.DEMC10ZA001	N-IV-A	TR.PTAKRER	RAK-VG-Q-D-D-L-Q		D.D	R	G-F	D-W-K-E	V	W	146																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
C.ZM.11.DEMC11ZM006	N-AI-I	TP	EG-Q-D-F-L-T-KN-DV-Q	Q	EDGG	R	G-F-GF	D-Y-K-K-K-E	V	F-W	136																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
D.CM.10.DEMD10CM009	IV-AI	TQ.PT	E-AG-V-Q-D	Q-D	D.G	R		D-VY-K-E	V	W	T	141																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			
D.KE.11.DEMD11KE003	IV-AI-I	T	AG-V-R-SQ-D	D	D	R		D-VW-R-K-E	V	F-W	137																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
D.KR.04.04KR048	IV-AI-I	T	AG-V-R	R	D	R	T	L	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D

[illegible]

B.FR.83.HXB2		TFGWCYKLVPEPKI.EE.ANKGENTS.LLHPVSLHGMDD..PEREVLEWRFDOSRLAFHHVARE.LHPEYF.K.NC																								
A1.AU.03.P51844 Day0		-	F	D	E	V	K	T	E	A	N	I	C	O	D	D	T	M	K	K	L	K	F	Y	D	
A1.SI.01.0101 CH BID V3538		-	F	D	O	T	E	V	K	T	E	A	N	I	C	O	D	D	T	M	K	K	L	K	F	Y
A1.ES.05.X1698 8		-	F	D	E	V	K	T	E	D	N	C	M	Q	V	E	E	T	M	K	L	K	R	I	Y	
A1.AE.11.DEMAL1KE001		C	-	F	D	E	E	V	K	T	E	N	M	C	O	D	D	T	M	K	L	K	R	I	Y	
A1.RU.11.11RU6950		-	F	D	A	D	V	T	E	N	I	C	O	D	D	T	M	K	K	L	K	R	I	Y		
A1.RW.11.DEMAL1RW002		-	F	D	N	E	E	V	R	T	E	N	I	C	O	D	D	T	M	K	K	L	K	R	I	
A1.AU.01.DD1575		-	F	D	A	D	V	T	E	N	I	C	O	D	D	T	M	K	K	L	K	R	I	Y		
A1.UG.11.DEMAL1UG0001		-	F	D	E	E	V	K	T	E	N	M	C	O	D	D	T	M	K	K	L	K	R	I		
A1.ZA.04.04ZASK162B1		-	F	D	O	A	E	V	Q	D	T	O	N	I	C	O	D	D	T	M	K	K	L	K	R	
A2.CM.01.01CM 1445MV		-	F	D	N	E	S	E	V	T	E	N	I	C	O	D	D	T	M	K	K	L	K	R	I	
A2.CY.94.94CY017 41		-	F	D	S	E	V	T	O	N	I	C	O	D	D	T	M	K	K	L	K	R	I	Y		
B.BR.10.10BR MG029		-	F	D	E	V	T	O	N	I	C	O	D	D	T	M	K	K	L	K	R	I	Y			
B.CA.07.02.07CA191 03		-	F	D	E	Q	V	T	T	N	G	E	F	E	E	K	V	K	K	M	K	F	Y	R		
B.CN.10.DEMB10CN002		C	-	F	D	E	E	V	T	I	N	M	Q	E	A	V	K	K	M	F	Y	R	D			
B.ES.10.DEMB10ES002		C	-	F	D	E	E	V	T	E	D	C	E	F	A	V	K	K	M	F	Y	R	D			
B.FR.11.DEMB11FR001		C	-	F	D	R	E	Q	V	T	E	N	M	Q	E	A	V	K	K	M	F	Y	R			
B.GB.05.MMA50213 GN1		-	F	D	E	E	V	T	E	A	Q	N	C	I	Q	V	K	L	V	R	M	K	F	Y		
B.HK.06.HK003		-	F	D	E	E	V	K	T	E	N	M	C	O	D	D	T	M	K	K	L	K	R	I		
B.JP.12.DEMB12JP001		-	F	D	O	V	K	D	E	T	E	N	M	Q	E	A	V	K	K	L	K	R	I	Y		
B.KR.07.HP 18 07JHS10 3909		-	F	D	E	V	T	E	N	M	C	O	D	D	T	M	K	K	L	K	R	I	Y			
B.PE.07.502 0525 wq5		C	-	F	D	O	E	Q	V	K	D	E	R	D	K	C	K	I	K	S	K	M	F	Y		
B.RU.11.11RU21n		-	F	D	E	E	K	T	T	N	C	A	N	M	Q	E	A	V	K	K	L	K	R	I		
B.TH.08.MERG BDTRC10		-	F	D	E	E	V	K	T	E	N	M	C	O	D	D	T	M	K	K	L	K	R	I		
B.US.11.ES38		-	F	D	E	V	T	E	N	M	C	O	D	D	T	M	K	K	L	K	R	I	Y			
C.AR.01.ARC4006		-	F	D	R	E	V	T	E	N	M	Q	E	A	V	K	K	L	K	R	I	Y	D			
C.BR.07.DEMC07BR003		-	F	D	R	E	V	T	E	N	M	Q	E	A	V	K	K	L	K	R	I	Y	D			
C.BW.00.00BW5031 1		-	F	D	R	E	V	T	E	N	M	Q	E	A	V	K	K	L	K	R	I	Y	D			
C.CN.10.YNFI19		-	F	D	R	E	V	T	E	N	M	Q	E	A	V	K	K	L	K	R</						

205
204
208
207
205
210
210
204
207
210
204
218
217
207
214
210
212
224
209
211
208
207
206
207
208
212
216
208
208
206
217
208
208
208
208
220
215
216
206
211
207
203
208
208
207
208
205
208
206
212
215
212
206
208
213
207
208
209
208
219
203
208
207
208
210
204
205
207
216
210
207
208
208
212
214
214
225
205
201
207
205
208
208
205
199
207

HIV-1/SIVcpz Proteins

VI

HIV-2/SIV Proteins

Contents

VI-1	Introduction	371
VI-2	Annotated features	372
VI-3	Sequences	373
VI-4	Alignments	378
VI-4.1	Gag	378
VI-4.2	Pol	382
VI-4.3	Vif	389
VI-4.4	Vpx	391
VI-4.5	Vpr	392
VI-4.6	Tat	393
VI-4.7	Rev	394
VI-4.8	Env	396
VI-4.9	Nef	402

VI-1 Introduction

The number of HIV-2 and SIV sequences is growing much more slowly than for HIV-1, particularly for complete or near-complete genomes. In selecting the set of sequences to present here, we eliminated some sequences derived from the same sample, patient, or isolate. We further omitted a few that were very closely related.

The selection of the HIV-2 protein alignments was slightly different than in previous years. In addition to the proteins from the full genome alignment, we have included all of the gene-length fragments available for each protein. There are many additional gene-length sequences included for Nef, and a few for the other genes. The differing numbers of sequences in each protein alignment represent the differing availability of gene-length HIV-2 sequences.

In these alignments, as in the database, we label sequences according to their native host. Thus, transfers of SIVsmm into humans have produced HIV-2 groups A through G. Unintentional transfers of SIVsmm into captive macaques are named according to the receptive host (Rhesus macaques = mac, Stump-tailed macaques = stm, and Pig-tailed macaques = mne). However, intentional, experimental cross-species transfers of virus remain labeled as being from the original host (e.g., HIV-1 injected into a chimpanzee is labeled HIV-1, not SIVcpz; and SIVsmm injected into a Rhesus macaque is labeled SIVsmm, not SIVmac).

VI-2 Annotated features

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

Feature	Protein	Location	Page
Gag p15 start	Gag	1	378
p15 end	Gag	135	378
p27 start	Gag	136	378
p27 end	Gag	364	380
p2 start	Gag	365	380
p2 end	Gag	381	380
p8 start	Gag	382	380
p8 end	Gag	433	380
p1 start	Gag	434	380
p1 end	Gag	447	380
p6 start	Gag	448	380
PTAP motif	Gag	458-461	380
PSAP in HIV-2 B, U	Gag	476-479	380
p6 end	Gag	511	381
Gag end	Gag	511	381
Pol p15 start	Pol	1	382
p15 end	Pol	67	382
protease start	Pol	68	382
protease end	Pol	166	383
p51 RT start	Pol	167	383
D catalytic site	Pol	276	383
DD catalytic site	Pol	351	384
p51 RT end	Pol	605	385
p15 RNase H start	Pol	606	385
p15 RNase H end	Pol	725	386
p31 Integrase start	Pol	726	386
p31 Integrase end	Pol	1020	388
Pol end	Pol	1020	388
Vif start	Vif	1	389
Vif end	Vif	215	390
Vpx start	Vpx	1	391
Vpx end	Vpx	113	391
Vpr start	Vpr	1	392
Vpr end	Vpr	102	392
Tat start	Tat	1	393
exon 1 end	Tat	99	393
exon 2 start	Tat	100	393
Tat end	Tat	131	393
Rev start	Rev	1	394
exon 1 end	Rev	24	394
exon 2 start	Rev	25	394
Rev end	Rev	108	395
Env start	Env	1	396
signal peptide end	Env	22	396
gp120 start	Env	23	396
V1	Env	113-167	396
V2	Env	169-211	397
V3	Env	311-344	398

Feature	Protein	Location	Page
V3 tip	Env	328-334	398
V4	Env	402-432	398
V5	Env	472-477	399
gp120 end	Env	525	399
gp41 start	Env	526	399
Env end	Env	880	401
gp41 end	Env	880	401
Nef start	Nef	1	402
R17Y mutation	Nef	17	402
max HIV-1 similarity	Nef	153-182	402
premature stop in Mac239	Nef	93	402
normal Nef end	Nef	264	403

VI-3 Sequences

Sequences included in the HIV-2/SIV protein alignments.

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
MAC.US.x.239	M33262	All	Kestler, H.	<i>Science</i> 248 (4959):1109-1112 (1990)
A.CI.88.UC2	U38293	All	Barnett, S.W.	<i>Virology</i> 222 (1): 257-61 (1996)
A.DE.x.BEN	M30502	All	Kirchhoff, F.	<i>Virology</i> 177 (1):305-311 (1990)
A.DE.x.PEI2_KR_KRCG	U22047	All	Kraus, G.	<i>ARHR</i> 14 (1): 65-77 (1998)
A.GH.x.GH1	M30895	All	Hasegawa, A.	<i>ARHR</i> 5 (6):593-604 (1989)
A.GM.87.D194	J04542	All	Kuehnel, H.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> 86 (7):2383-2387 (1989)
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	J04498	All	Franchini, G.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> 86 (7):2433-2437 (1989)
A.GM.x.MCN13	AY509259	All	Schmitz, C.	<i>J Virol</i> 78 (4):2006-2016 (2004)
A.GM.x.MCR35	AY509260	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Schmitz, C.	<i>J Virol</i> 78 (4):2006-2016 (2004)
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	J03654	All	Zagury, J.F.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> 85 (16):5941-5945 (1988)
A.GW.87.CAM2CG	D00835	All	Tristem, M.	<i>J Gen Virol</i> 72 (PT 3):721-724 (1991)
A.GW.x.MDS	Z48731	All	Becker	Unpublished
A.IN.07.NNVA	EU980602	All	Gurjar, S.R.	<i>JAIDS</i> 52 (3): 329-35 (2009)
A.IN.95.CRIK_147	DQ307022	All	Santhosh, C.V.	<i>ARHR</i> 24 (10): 1315-7 (2008)
A.IN.x.NIM_8	DQ973520	Gag	Gurjar, R.S.	<i>ARHR</i> 25 (3): 363-72 (2009)
A.JP.08.NMC786_clone_41	AB731742	All	Umeki-Sakamoto	Unpublished
A.PT.x.ALI	AF082339	All	Reeves, J.D.	<i>J Virol</i> 73 (9): 7795-804 (1999)
A.SN.85.ROD	M15390	All	Clavel, F.	<i>Nature</i> 324 (6098):691-695 (1986)
A.SN.86.ST_JSP4_27	M31113	All	Kumar, P.	<i>J Virol</i> 64 (2):890-901 (1990)
B.CI.88.UC1	L07625	All	Barnett, S.W.	<i>J Virol</i> 67 (2):1006-1014 (1993)
B.CI.x.20_56	AB485670	All	Takekawa	Unpublished
B.CI.x.EHO	U27200	All	Rey-Cuille, M.A.	<i>Virology</i> 202 (1):471-476 (1994)
B.GH.86.D205_ALT	X61240	All	Dietrich, U.	<i>Nature</i> 342 (6252):948-950 (1989)
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	AB100245	All	Kusagawa, S.	<i>ARHR</i> 19 (11):1045-1049 (2003)
G.CI.92.Abt96	AF208027	All	Brennan, C.A.	<i>ARHR</i> 13 (5):401-404 (1997)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
AB.CM.03.03CM_510_03	EU028345	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 24 (1):86-91 (2008)
H2_01_AB.CI.90.7312A	L36874	All	Gao	Unpublished
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	AB731738	All	Umeki-Sakamoto	Unpublished
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	AB731740	All	Umeki-Sakamoto	Unpublished
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	AB731744	All	Umeki-Sakamoto	Unpublished
U.CI.07.07IC_TNP3	KC693505	All	Ayoubu, A.	<i>AIDS</i> 27 (15):2488-2491 (2013)
U.FR.96.12034	AY530889	All	Damond, F.	<i>ARHR</i> 20 (6):666-672 (2004)
MAC.US.x.17EC1	AY033233	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Anderson, M.G.	<i>Virology</i> 195 (2):616-626 (1993)
MAC.US.x.251_1A11	M76764	All	Marthas, M.L.	<i>J Med Primatol</i> 18 (3-4):311-9 (1989)
MAC.US.x.251_32H_PJ5	D01065	All	Rud, E.W.	(in) Brown, F, Chanock, RM and Ginsberg, HS(Eds); <i>VACCINES 92: MODERN APPROACHES TO NEW VACCINES INCLUDING PREVENTION OF AIDS: 229-235</i> ; Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York (1992)
MAC.US.x.251_BK28	M19499	All	Hirsch, V.	<i>Cell</i> 49 (3):307-319 (1987)
MAC.US.x.MM142_IVMXX	Y00277	All	Chakrabarti, L.	<i>Nature</i> 328 (6130):543-547 (1987)
MNE.US.82.MNE_8	M32741	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Kimata, J.T.	<i>J Virol</i> 72 (1):245-256 (1998)
MNE.US.x.MNE027	U79412	All	Kimata, J.T.	<i>J Virol</i> 72 (1):245-256 (1998)
SMM.CI.79.SIVsmCI2	JX860430	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	JX860431	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	JX860432	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SL92B	AF334679	All	Chen, Z.	<i>J Virol</i> 70 (6):3617-3627 (1996)
SMM.US.04.G078	JX860415	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.G932	JX860416	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M919	JX860417	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M922	JX860418	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M923	JX860419	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M926	JX860420	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M934	JX860421	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M935	JX860422	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M940	JX860423	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M946	JX860424	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M947	JX860425	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M949	JX860426	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M950	JX860427	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M951	JX860428	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M952	JX860429	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.05.D215	JX860413	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.06.FTq	JX860414	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	JQ864084	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Wu, F.	<i>J Virol</i> 86 (16): 8835-47 (2012)
SMM.US.86.CFU212	JX860407	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
SMM.US.x.F236_H4	X14307	All	Hirsch, V.M.	<i>Nature</i> 339 (6223); 389-92 (1989)
SMM.US.x.H9	M80194	Gag, Pol, Vif, Tat, Rev	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> 66 (1):414-419 (1992)
SMM.US.x.PBJA	M31325	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Dewhurst, S.	<i>Nature</i> 345 (6276):636-640 (1990)
SMM.US.x.PGM53	AF077017	All	Novembre, F.J.	<i>J Virol</i> 72 (11):8841-8851 (1998)
SMM.US.x.SME543	U72748	All	Hirsch, V.	<i>J Virol</i> 71 (2):1608-1620 (1997)
SMM.x.x.pE660.CG7G	JX648292	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Lopker	Unpublished
STM.US.89.STM_37_16	M83293	All	Novembre, F.J.	<i>Virology</i> 186 (2):783-787 (1992)
A.PT.93.JAU1	L28935	Vif	Ribeiro, A.C.	<i>ARHR</i> 14 (5):465-469 (1998)
A.SN.x.A2057	U81849	Vpx	Stivahtis, G.L.	<i>J Virol</i> 71 (6):4331-4338 (1997)
A.SN.x.A640	U81845	Vpx	Stivahtis, G.L.	<i>J Virol</i> 71 (6):4331-4338 (1997)
A.SN.x.A640	U81837	Vpr	Stivahtis, G.L.	<i>J Virol</i> 71 (6):4331-4338 (1997)
A.US.93.7924A	U81835	Vpr	Stivahtis, G.L.	<i>J Virol</i> 71 (6):4331-4338 (1997)
A.GM.90.CBL24	AJ238995	Env	Vella, C.	<i>ARHR</i> 15 (15); 1399-402 (1999)
A.GM.x.CBL21	U05350	Env	Breuer, J.	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
A.GM.x.CBL22	U05351	Env	Breuer, J.	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
A.GM.x.CBL23	U05352	Env	Breuer, J.	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
A.GW.06.CA65316_9	JN863892	Env	de Silva, T.I.	<i>J Virol</i> 86 (2); 930-46 (2012)
A.GW.06.CA65319_7	JN863893	Env	de Silva, T.I.	<i>J Virol</i> 86 (2); 930-46 (2012)
A.GW.06.CA65330_5	JN863894	Env	de Silva, T.I.	<i>J Virol</i> 86 (2); 930-46 (2012)
A.GW.06.CA65409_14	JN863896	Env	de Silva, T.I.	<i>J Virol</i> 86 (2); 930-46 (2012)
A.GW.87.CAM2env	U05354	Env	Breuer, J.	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
A.GW.x.CA7205_8	JN863897	Env	de Silva, T.I.	<i>J Virol</i> 86 (2); 930-46 (2012)
A.GW.x.CA7253	JN863898	Env	de Silva, T.I.	<i>J Virol</i> 86 (2); 930-46 (2012)
A.GW.x.CAM1	U05359	Env	Breuer, J.	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
A.GW.x.CAM3	U05355	Env	Breuer, J.	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
A.GW.x.CAM4	U05356	Env	Breuer, J.	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
A.GW.x.CAM5	U05357	Env	Breuer, J.	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
A.GW.x.CAM6	U05358	Env	Breuer, J.	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
A.PT.00.00PTHCC20_1	GU983949	Env	Rocha, C.	<i>Retrovirology</i> 2013 Oct 24;10:110 doi: 101186/1742-4690-10-110
A.PT.03.ABG	JF683340	Env	Dias-Rito	Unpublished
A.PT.92.93PTHDESC_13	JX219596	Env	Rocha, C.	<i>Retrovirology</i> 2013 Oct 24;10:110 doi: 101186/1742-4690-10-110
A.PT.98.98PTHDECT_13	GU983928	Env	Rocha, C.	<i>Retrovirology</i> 2013 Oct 24;10:110 doi: 101186/1742-4690-10-110
B.x.06.8704A_06_01	JX235884	Env	Kong, R.	<i>J Virol</i> 86 (2); 947-60 (2012)
MAC.US.x.750.p4i3	KJ201187	Env	Sandler, N.G.	<i>Nature</i> 511 (7511); 601-5 (2014)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
SMM.US.07.FBr_365wpi	KF478030	Env	Schmokel, J.	<i>Cell Rep</i> 5 (4):997-1009 (2013)
SMM.US.07.FFr_365wpi	KF478067	Env	Schmokel, J.	<i>Cell Rep</i> 5 (4):997-1009 (2013)
SMM.US.08.FTv_32wpi	KF478169	Env	Schmokel, J.	<i>Cell Rep</i> 5 (4):997-1009 (2013)
SMM.US.10.FJV_154wpi	KF478191	Env	Schmokel, J.	<i>Cell Rep</i> 5 (4):997-1009 (2013)
SMM.US.10.FPY_154wpi	KF478124	Env	Schmokel, J.	<i>Cell Rep</i> 5 (4):997-1009 (2013)
A.Cl.x.IC763124	U76641	Nef	Switzer, W.M.	<i>J Infect Dis</i> 177 (1):65-71 (1998)
A.ES.x.S1084	U76642	Nef	Switzer, W.M.	<i>J Infect Dis</i> 177 (1):65-71 (1998)
A.PT.x.1096	AJ344398	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1139	AJ344392	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1147	AJ344390	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1148	AJ344377	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1215	AJ344393	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1227	AJ344391	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1268a	AJ344395	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1320	AJ344394	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1378	AJ344414	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.138	AJ344378	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1395	AJ344397	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1428	AJ344408	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1543	AJ344405	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1544	AJ344407	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1567	AJ344409	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.268	AJ344410	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.293a	AJ344399	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.293b	AJ344400	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.427d	AJ344415	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.483	AJ344401	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.511	AJ344402	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.546	AJ344403	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.741	AJ344384	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
A.PT.x.794	AJ344388	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.956	AJ344369	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.B1_1	AJ344406	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.EP	AJ344387	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.LF3	AJ344383	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.MP2	AJ344386	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.P1	AJ344381	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
B.Cl.x.IC762993	U76639	Nef	Switzer, W.M.	<i>J Infect Dis</i> 177 (1):65-71 (1998)

[illegible]

MAC.US.x.239
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCG
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY SBL_6669_85
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.FG c1one NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CR1K 147
A.IN.x.NIM 8
A.JP.08.NMC786 c1one 41
A.PT.x.ALI
A.SN.85.RDD
A.SN.86.ST JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20 56
B.CI.x.EH0
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ_KR020_1
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM_510_03
H2_01 AB.CI.90.7312A
H2_01 AB.JP.04.NMC307_20
H2_01 AB.JP.07.NMC716_01
H2_01 AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251_1A11
MAC.US.x.251_32H PJ5
MAC.US.x.251_BK28
MAC.US.x.MN142_IVMXX
MNE.US.82.MNE 8
MNE.US.x.MNE827
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.6078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.F236_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
SMM.x.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM_37_16

VVPGFQALSEGCTPYDINQMLNCVGDHQAAMQIIRDIINEEAADWDLQHPQ..PAP.QQGQLREPSGSDIAGTTSSVDEQIQWYRQONPIPVGNIRYRWIQLGKQKVRMYNPTNILDVKQGPKEPFQSYVDRFYKSLRAEQTDAAVKNMNTQTLLIQNANPDCKLVLK 336
-----Q-----E-----A-----I-----G-LPA-----D-R-----T-----V-----I-----V-----S-----A-P-----V----- 337
-----S-----I-----G-LPA-----D-R-----T-----P-----V-----I-----K-----I-----P----- 337
-----V-----I-----G-LPA-----R-----T-----F-A-----I-----P-----V----- 337
-----D-----A-----I-----G-LPA-----D-R-----T-----P-----V-----I-----S----- 338
-----V-----I-----G-LPA-----D-R-----T-----E-----E-----V-----I-----S----- 337
-----V-----I-----G-LPA-----R-----T-----F-P-----V-----I-----I-----S----- 336
-----V-----I-----G-LPA-----R-----T-----F-P-----V-----I-----I-----PT-----V----- 337
-----VA-----I-----G-LPA-----R-----T-----F-P-----V-----I-----IN-----P----- 335
-----AN-----I-----G-LPA-----D-R-----T-----F-A-----V-----I-----S-----P-----V----- 337
-----V-----I-----G-LPA-----R-----T-----E-----F-A-----V-----I-----P----- 337
-----R-----A-----I-----G-LPA-----R-----T-----E-----F-A-----V-----I-----P-----V-----II----- 337
-----V-----I-----G-LPA-----R-----T-----E-----F-A-----V-----I-----P-----S----- 337
-----E-----A-----I-----G-LPA-----D-R-----T-----L-----P-----V-----I-----P----- 337
-----VA-----I-----G-LPA-----R-----T-----F-PR-----V-----I-----P-----V----- 337
-----E-----V-----I-----G-LPA-----R-----T-----F-P-----V-----I-----P-----V----- 337
-----E-----A-----I-----G-LPA-----R-----T-----F-P-----V-----S-----I-----P-----V----- 337
-----O-----I-----G-LPA-----D-R-----T-----A-----V-----I-----I-----P----- 332
-----O-----I-----G-LPA-----D-R-----T-----A-----V-----I-----S-----P----- 332
-----O-----S-----G-MPA-----R-----T-----P-----V-----I-----P----- 332
-----O-----S-----G-MPA-----R-----T-----P-----V-----I-----P----- 332
-----D-----O-----S-----G-MPA-----R-----T-----P-----V-----I-----P-----V----- 332
-----L-----E-----X-----QG-PPA-----X-----T-----TIE-----TH-----P----- 337
-----E-----D-----Q-----S-----G-LPA-----D-R-----T-----G-----I-----I-----P-----S-----V----- 331
-----V-----E-----O-----V-----G-LPA-----D-R-----T-----G-S-----A-T-----RA-----E-----V----- 332
-----V-----E-----O-----V-----G-LPA-----D-R-----T-----G-SV-----A-T-----RA-----E----- 332
-----V-----E-----O-----I-----G-LPA-----D-R-----T-----G-SV-----A-T-----RA-----E-----V----- 334
-----E-----I-----N-----G-LPA-----R-----T-----E-----S-----P----- 337
-----E-----D-----T-----N-----QG-PPA-----R-----T-----P-----I-----S-----P----- 336
-----S-----L-----Q-----T-----E-----P----- 336
-----I-----E-----E-----Q-----T-----K-----S-----IR-----P----- 336
-----KE-----N-----VG-LPA-----T-----V-----R-----P----- 337
-----S-----I-----S-IPA-----R-----T-----AA-----R-----V-----I-----P----- 335
-----G-LPA-----R-----T-----AA-----V-----D-----M-----C-----P----- 337
-----RGQQPAQPA-G-----TPS-----E-----A-----V-----D-----M-----C-----P----- 337
-----G-LPA-----D-R-----T-----M-----C-----P----- 337
-----G-IPA-----D-R-----T-----V-----I-----P----- 337
-----V-----G-LPA-----R-----T-----V-----I-----S-----P----- 337
-----G-LPA-----R-----T-----V-----I-----T-----G-----P----- 337
-----V-----G-LPA-----R-----T-----E-----I-----T-----G-----P----- 336
-----V-----G-IPA-----D-R-----T-----E-----I-----T-----C-----P----- 337
-----QG-LPA-----R-----T-----V-----I-----T-----C-----P----- 337
-----V-----G-LPA-----R-----T-----E-----I-----T-----G-----P----- 337
-----V-----G-LPA-----D-R-----T-----T-----P----- 337
-----V-----G-LPA-----R-----T-----E-----V-----M-----I-----C-----P----- 337
-----VG-LPA-----R-----T-----V-----M-----I-----N-----C-----P----- 337
-----G-LPA-----R-----T-----E-----V-----I-----K-----A-----P----- 337
-----P-----MG-IPA-----D-R-----T-----E-----V-----I-----K-----A-----VI----- 338
-----G-IPA-----D-R-----T-----E-----P----- 337
-----G-LPA-----R-----T-----TX-----S-----P-----X----- 337
-----G-IPA-----R-----T-----P----- 337
-----G-LPA-----D-R-----T-----E-----P----- 337
-----G-LPA-----R-----T-----E-----P----- 337
-----G-LPV-----R-----T-----P----- 337
-----L-----E-----KE-----M-----P-----G-LPA-----PE-----V-----T-----A-PS-----R----- 338

	p2_end_p2_start	p2_end_p8_start	p8_end_p1_start	p1_end_p6_start	PTAP_motif	PSAP_in_HIV-2_B_U														
MAC.US.x.239	GLGVNPTLEEMLTACQGVGGPGQKARLMAEALKEALAPVLPFAAAQQR.....GPRK.PIKWCNCKEGHSARQCRAPRRQGCWKCGKMDHVMKACPDQAGFLGLGPWGKKPRNFPMAQVHOGMLPTAPPE.....DPAVDLLKNYMLGKQORE	482																
A.CI.88.UC2	-M-----	-T-P-----	-R-T-R-----	-K-----	PG-I-N-E-----	M-SR-----	V-AP-I-----	A-----	A-----	EK-L-Q-R-----	476									
A.DE.x.BEN	-M-----	-MG-S-----	-A-RY-----	-K-----	PG-I-N-E-----	R-----	VT-AP-I-----	A-----	AE-----	ER-Q-R-----	476									
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	-M-----	-I-----	-R-T-----	-D-----	SG-N-E-----	I-----	VTR-P-T-----	A-----	A-----	EK-L-Q-R-----	476									
A.GH.x.GH1	-M-----	-T-P-----	-R-V-R-----	-K-----	TG-I-N-E-----	M-R-Q-----	V-APP-I-----	A-----	ER-Q-R-----	477										
A.GM.87.D194	-M-----	-I-S-----	-R-A-R-----	-K-----	SG-I-N-E-----	M-R-Q-----	A-AP-----	I-----	EK-Q-R-----	476										
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	-M-----	-I-----	-MR-A-----	-K-----	SG-I-N-E-----	M-R-Q-----	VVPSS-T-----	M-----	EK-Q-R-----	475										
A.GM.x.MCN13	-M-----	-T-A-----	-K-R-T-----	-K-----	PG-I-N-----	V-M-R-----	V-P-T-----	V-----	E-Q-----	476										
A.GM.x.MCR35	-M-----	-T-A-----	-K-R-T-----	-K-----	PG-I-N-----	V-M-R-----	V-P-T-----	V-----	E-Q-----	476										
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	-M-----	-T-----	-VM-A-----	-TF-----	WS-----	SG-N-E-----	I-H-A-----	A-P-T-----	L-----	EK-Q-----	474									
A.GW.87_CAM2CG	-M-----	-MG-P-----	-R-T-----	-K-----	PG-I-TN-----	I-----	V-P-T-----	L-----	EK-Q-----	476										
A.GW.x.MDS	-M-----	-MT-A-----	-R-T-----	-K-----	PG-I-TN-----	I-----	V-P-T-----	L-----	EK-Q-----	476										
A.IN.07.NNVA	-M-----	-G-----	-MG-T-----	-V-----	T-R-----	K-----	PG-I-N-E-----	M-R-----	V-IP-T-----	M-----	EK-Q-R-----	476								
A.IN.95.CRIK_147	-M-----	-P-----	-T-R-----	-K-----	TG-N-E-----	IS-R-----	V-P-T-----	M-----	EK-Q-R-----	476										
A.IN.x.NIM_8	-M-----	-I-----	-S-P-----	-D-----	K-----	TG-N-E-----	V-P-T-----	M-----	EK-Q-R-----	476										
A.JP.08.NMC786_clone_41	-MG-----	-T-A-----	-AF-----	-K-----	QG-I-SN-E-----	IS-R-----	V-AP-I-----	A-----	M-----	EK-Q-R-----	476									
A.PT.x.ALI1	-M-----	-MT-A-----	-R-T-----	-K-----	PG-I-N-E-----	VTR-P-T-----	V-----	A-----	E-Q-----	EK-Q-R-----	476									
A.SN.85.RDD	-M-----	-VIG-A-----	-P-AF-----	-K-----	PG-I-TN-----	I-----	V-P-T-----	V-----	E-Q-----	EK-Q-R-----	476									
A.SN.86.ST_JSP4_27	-I-----	-M-A-----	-R-T-----	-K-----	AG-I-E-----	V-IP-T-----	I-----	VE-----	EK-Q-----	476										
B.CI.88.UC1	-M-----	-I-----	-T-A-----	-K-----	A-----	KRGIVT-----	V-T-K-----	T-P-VT-S-----	MDPAEGMTPRGATPSAPPA-----	EM-S-KM-R-----	493									
B.CI.x.20_56	-I-----	-T-A-----	-K-----	A-----	KR-T-T-----	G-T-K-----	P-RVT-S-----	MDPTQDMTPQGATPSAPPA-----	EM-----	492										
B.CI.x.EH0	-M-----	-I-----	-T-STN-----	-P-----	A-----	KR-TVT-----	A-T-K-----	QOG-I-S-E-----	F-----	V-AP-IV-S-----	MNPAFGMTPOGATPSAPPA-----	EEM-----	491							
B.GH.86.D205_ALT	-M-----	-I-----	-T-A-----	-V-----	K-----	A-----	KRGIVT-----	Q-T-----	T-----	P-VT-S-----	MNPAEGMTPRGATPSAPPA-----	EM-S-M-R-----	493							
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	-M-----	-I-----	-T-A-----	-V-----	K-----	A-----	KRGIVT-----	Q-T-----	T-----	P-VT-S-----	MNPAEGMTPRGATPSAPPA-----	EM-S-M-R-----	493							
G.CI.92.Abt96	-M-----	-X-----	-N-TAL-----	-K-----	T-----	GKRST-----	TV-----	PG-I-E-----	F-----	T-P-T-S-M-----	-----	R-----	481							
AB.CH.03.03CM_510_03	-M-----	-I-----	-K-----	-T-A-----	-F-----	K-----	T-----	GKRST-----	TV-----	PG-I-S-E-----	V-----	T-P-VT-S-----	MNPAEXMTPOGVTSPAPPA-----	EM-S-M-----	492					
H2_01_AB.CI.90.7312A	-PH-----	-I-----	-T-A-----	-K-----	A-----	RGTVT-----	G-T-K-----	PG-N-E-----	-----	P-EIV-S-----	MNTAEGKTHQGAIPSA-----	EM-S-----	493							
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	-PH-----	-I-----	-T-A-----	-K-----	A-----	RGTVT-----	G-T-K-----	PG-N-E-----	-----	P-EIV-S-----	MNTAEGKTHQGAIPSA-----	EM-S-----	493							
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	-PH-----	-I-----	-T-A-----	-K-----	A-----	KRGILT-----	G-TX-----	TG-N-N-----	X-----	F-----	A-----	P-EVV-S-----	MDTAESKTYORVTPSA-----	EM-T-R-----	493					
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	-PH-----	-I-----	-T-A-----	-K-----	A-----	KRGILT-----	V-T-K-----	TG-N-N-----	-----	A-----	P-EVV-S-----	MDTAESKTHRRMTPSAPPA-----	EM-----	R-----	495					
U.CI.07.07IC_TNP3	-M-----	-I-----	-G-L-----	-V-----	T-----	GK-SM-----	-----	PG-I-E-----	F-----	T-IP-T-----	A-----	M-R-----	481							
U.FR.96.12034	-M-----	-I-----	-Q-M-----	-V-----	G-----	R-VR-----	T-----	K-----	E-PG-N-S-----	ETKV-----	E-----	P-T-----	AEPAVDLL.....TPTAPPA-----	S-Q-----	493					
MAC.US.x.17EC1																482				
MAC.US.x.251_1A11																482				
MAC.US.x.251_32H_PJ5																482				
MAC.US.x.251_BK28																482				
MAC.US.x.MN142_IVMXX	-T-----	-A-----	-K-----	-N-----	-T-----	-T-----	-T-----	-T-----	-T-----	-T-----	-T-----	-T-----	-T-----	-T-----	-T-----	478				
MNE.US.82.MNE_8	-M-----	-G-L-----	-K-----	-T-----	-Q-G-----	-F-----	-M-----	-T-----	-M-----	-T-----	-M-----	-T-----	-M-----	-T-----	-M-----	478				
MNE.US.x.MNE027	-M-----	-G-L-----	-K-----	-T-----	-Q-G-----	-F-----	-M-----	-T-----	-M-----	-T-----	-M-----	-T-----	-M-----	-T-----	-M-----	478				
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-M-----	-I-----	-R-FQ-G-L-----	-V-----	G-----	V-R-----	-K-----	SG-----	E-----	F-----	T-LQ-T-----	MDPA-----	VAAPPM-----	M-R-LK-Q-----	490					
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-M-----	-I-----	-FQ-ASL-----	-V-----	G-----	TKR.TVR-----	-R-----	K-----	TG-I-----	E-----	F-----	M-T-----	A-----	-----	D-K-R-----	478				
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-M-----	-I-----	-G-TQL-----	-K-----	S-----	VR-----	-K-----	K-----	G-I-----	E-----	F-----	MP-T-----	A-----	-----	ARIV-E-----	LEKAQ-----	479			
SMM.SL.92.SL92B	-M-----	-I-----	-M-D-TG-----	-SLV-----	F-----	GAAGGQGN-----	PI-R-F-----	T-----	K-----	EEGRIO-N-----	NQK-----	T-TS-T-S-----	-----	-----	-----	479				
SMM.US.04.6078	-M-----	-I-----	-G-L-----	-V-----	K-----	-----	-T-----	T-----	TG-----	E-----	F-----	M-T-----	A-----	-----	-----	480				
SMM.US.04.G932	-M-----	-I-----	-G-L-----	-V-----	K-----	-----	-T-----	T-----	TG-----	E-----	F-----	M-T-----	A-----	-----	-----	479				
SMM.US.04.M919	-M-----	-I-----	-T-GOL-----	-V-----	K-----	-----	-T-----	T-----	PG-----	TE-----	F-----	MP-T-----	-----	-----	KM-----	479				
SMM.US.04.M922	-M-----	-I-----	-T-GOL-----	-V-----	K-----	-----	-T-----	T-----	TG-----	-----	F-----	MP-T-----	-----	-----	KI-R-----	479				
SMM.US.04.M923	-M-----	-I-----	-D-TQG-L-----	-V-----	K-----	-----	-T-----	T-----	TG-----	-----	F-----	MP-T-----	-----	-----	KI-R-----	479				
SMM.US.04.M926	-M-----	-I-----	-R-G-ASL-----	-V-----	K-----	-----	-T-----	T-----	TG-----	-----	F-----	MP-T-----	-----	-----	KI-R-----	479				
SMM.US.04.M934	-M-----	-I-----	-R-G-ASL-----	-V-----	K-----	-----	-T-----	T-----	TG-----	-----	F-----	MP-T-----	-----	-----	KI-R-----	479				
SMM.US.04.M935	-M-----	-I-----	-R-G-ASL-----	-V-----	K-----	-----	-T-----	T-----	TG-----	-----	F-----	MP-T-----	-----	-----	KI-R-----	479				
SMM.US.04.M940	-M-----	-I-----	-T-V-----	-G-L-----	-V-----	G-----	R-TV-----	-D-----	T-----	K-----	TG-----	E-----	F-----	M-T-----	A-----	-----	480			
SMM.US.04.M946	-M-----	-I-----	-T-V-----	-G-L-----	-V-----	G-----	R-TV-----	-D-----	T-----	K-----	TG-----	E-----	F-----	M-T-----	A-----	-----	480			
SMM.US.04.M947	-M-----	-I-----	-T-V-----	-G-L-----	-V-----	G-----	R-TV-----	-D-----	T-----	K-----	TG-----	E-----	F-----	M-T-----	A-----	-----	480			
SMM.US.04.M949	-M-----	-I-----	-T-V-----	-G-L-----	-V-----	G-----	R-TV-----	-D-----	T-----	K-----	TG-----	E-----	F-----	M-T-----	A-----	-----	480			
SMM.US.04.M950	-M-----	-I-----	-T-V-----	-G-L-----	-V-----	G-----	R-TV-----	-D-----	T-----	K-----	TG-----	E-----	F-----	M-T-----	A-----	-----	480			
SMM.US.04.M951	-M-----	-I-----	-T-V-----	-G-L-----	-V-----	G-----	R-TV-----	-D-----	T-----	K-----	TG-----	E-----	F-----	M-T-----	A-----	-----	480			
SMM.US.04.M952	-M-----	-I-----	-T-V-----	-G-L-----	-V-----	G-----	R-TV-----	-D-----	T-----	K-----	TG-----	E-----	F-----	M-T-----	A-----	-----	480			
SMM.US.05.D215	-M-----	-I-----	-D-Q-----	-G-L-----	-V-----	K-----	-----	-T-----	T-----	K-----	TG-----	E-----	F-----	M-T-----	A-----	-----	480			
SMM.US.06.FTQ	-M-----	-I-----	-S-----	-GVL-----	-K-----	G-L-H-----	TV-----	-K-----	G-----	I-----	E-----	V-----	T-----	MP-----	I-----	DLAR-----	E-----	R-----	Q-----	485
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-M-----	-I-----	-R-DOL-----	-V-----	K-----	-----	-T-----	T-----	K-----	G-----	TG-----	E-----	F-----	M-T-----	A-----	-----	E-----	R-----	Q-----	485
SMM.US.86.CFU212	-M-----	-I-----	-R-DOL-----	-V-----	K-----	-----	-T-----	T-----	K-----	G-----	TG-----	E-----	F-----	M-T-----	A-----	-----	E-----	R-----	Q-----	485
SMM.US.x.F236_H4	-M-----	-I-----	-R-DOL-----	-V-----	K-----	-----	-T-----	T-----	K-----	G-----	TG-----	E-----	F-----	M-T-----	A-----	-----	E-----	R-----	Q-----	485
SMM.US.x.H9	-M-----	-I-----	-D-Q-----	-GVL-----	-K-----	G-L-H-----	TV-----	-K-----	G-----	I-----	E-----	V-----	T-----	MP-----	I-----	DLAR-----	E-----	R-----	Q-----	485
SMM.US.x.PBJA	-M-----	-I-----	-D-Q-----	-GVL-----	-K-----	G-L-H-----	TV-----	-K-----	G-----	I-----	E-----	V-----	T-----	MP-----	I-----	DLAR-----	E-----	R-----	Q-----	485
SMM.US.x.PGM53	-M-----	-I-----	-D-Q-----	-GVL-----	-K-----	G-L-H-----	TV-----	-K-----	G-----	I-----	E-----	V-----	T-----	MP-----	I-----	DLAR-----	E-----	R-----	Q-----	485
SMM.US.x.SME543	-M-----	-I-----	-D-Q-----	-GVL-----	-K-----	G-L-H-----	TV-----	-K-----	G-----	I-----	E-----	V-----	T-----	MP-----	I-----	DLAR-----	E-----	R-----	Q-----	485
SMM.x.x.pE660.CG7G	-M-----	-I-----	-D-Q-----	-GVL-----	-K-----	G-L-H-----	TV-----	-K-----	G-----	I-----	E-----	V-----	T-----	MP-----	I-----	DLAR-----	E-----	R-----	Q-----	485
STM.US.89.STM_37_16	-M-----	-I-----	-D-Q-----	-GVL-----	-K-----	G-L-H-----	TV-----	-K-----	G-----	I-----	E-----	V-----	T-----	MP-----	I-----	DLAR-----	E-----	R-----	Q-----	485

	MAC.US.x.239	Pol p15 start	FFRPwSMGKEAPQFPHGSSASGADANCSP	RGPSGCSAKELHAVGQAAERKAERKOREALQG	p15 end protease start	GDRGFAAPQFSLWRRPVVTAHIEGQPEVLLDTGADDSIVTGIELGPHYTPKIVGGIGGFINTKEYKNVEIV										
A.CI.88.UC2			---DGLT---	L-R-P-S---	T-ST---	SRSGS-PVR-IF---	GE--GAEG-TI--	GGGRLTAPRAGRDTISQR---	L---	K---	Y-D---	A---	DN---	V---	K---	147
A.DE.x.BEN			---VGPT---	S-L-RDP-P---	T-ST---	GRS-S-TVG-IY---	RE--GAEG-TI--	RGGGLAAPRAEDTSQR---	L---	K---	Y-D---	A---	DN---	V---	K---	147
A.DE.x.PE12_KR_KRCG			---D-P---	S-L-RDP-PA---	T-ST---	SR-SRP-R-VL---	REE--AEN-TI--	GGGRLTAPRTRRDTTQR---	L---	K---	YV---	A---	SN-S---	V---	K---	147
A.GH.x.GH1			---DG---	L-R-P-S---	T-ST---	SRS-S-TGKIY---	GER--GAEG-TI--	RGGRLTAPRAGKSTISQR---	L---	K---	Y-V---	A-Q---	DN-V---	I---	I-K---	147
A.GM.87.D194			---DGPT---	A-L-R-P-S---	T-ST---	NRS-S-PVG-IY---	RE--AEG-TI--	GGGGLTAPRAGRDAPOR---	L-T---	K---	F-D---	A---	DN---	V---	K---	147
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85			---A-T---	L-R-PKFA-NT-	ST-	N-S-S-PTG-V---	RE-T-AETKIT-	RSRGLAASRRRDTTQR-D-	L---	K---	Y-D---	A---	SN-S---	D-R---	K---	147
A.GM.x.MCN13			---DGPP---	L-R-P-PA-NT-	ST-	SRS-S-PTG-Y---	RE-TK-TE-TI-	RSRGLTAPRAGRGTMR-D-	L---	LK---	YV---	A---	SN-S---	V---	K---	147
A.GM.x.MCR35			---DGPP---	L-R-P-PA-NT-	ST-	SRS-S-PTG-IY---	RE-TK-TE-TI-	RSRGLTAPRAGRSTIOR-D-	L---	LK---	YV---	A---	SN-S---	V---	K---	147
A.GW.86.FG_clone_NIHZ			---D-PL---	G-L-R-P-S---	T-ST---	I-S-S-PTG-IY---	RE--KGAE-TV--	SDRGLTAPRAGRDTMQR-D-	L---	K---	Y-D---	R-N---	SN-S---	V---	K---	147
A.GW.87_CAM2CG			---D-PL---	L-R-P-S---	NT-ST-	I-S-S-TG-IY---	RE--GAET-TI--	RGDRLGTAPRTRRGMQR-D-	L---	K---	Y-D---	A---	SN-S---	V---	K---	147
A.GW.x.MDS			---D-PL---	L-R-PGSA-NT-	ST-	SRS-S-PTG-IY---	RE--GAET-TI--	RGGGLAAPRAGKDTMQR-D-	L---	K---	Y-D---	A---	SN-S---	V---	K---	147
A.IN.07.NNVA			---DGPP---	L-R-PNPA-NT-	ST-	N-S-S-PTG-IY---	RE--GAET-TI--	GGGRLTAPRAGRSTLRG-N-	L-R---	K---	Y---	A---	SD-N---	V---	K---	147
A.IN.95.CRIK_147			---DKPP---	L-R-P-ST-NT-	ST-	N-S-S-PTG-IY---	RE--GAET-TI--	GGGRLTAPRAGRGTLRG-N-	L---	K---	Y---	A---	SN-S---	V---	N---	147
A.JP.08.NMC786_clone_41			---DK-T---	L-R-P-S---	T-ST---	SRS-N-PTG-VY---	RE--GAEG-TI--	RGGRLTAPRARRDTISQR-K-	L---	K---	Y-D---	A---	SN-S---	V---	N---	147
A.PT.x.ALI			---A-P---	S-L-RNP-SA-INT-	ST-	SRA-S-P-GAVY---	GE-K-AE-TI-	RGGGLTAPRAGRDTIOR---	L---	K---	Y---	A---	SN---	V---	ED-K---	147
A.SN.85.ROD			---TGPL---	L-R-P-SA---	T-ST---	S-S-S-TG-IY---	RE-T-AE-TI-	SDRGLTAPRAGDTIIGATN-	L---	K---	Y---	A---	NN-S---	V---	148	
A.SN.86.ST_JSP4_27			---VGP---	L-C-PNPA-T-	T-ST---	DR-R-PTR-V---	RE--AE--I-	RSRGLTAPARETRDTMQR-D-	L---	K---	V---	A-V---	SN-S---	V---	R---	147
B.CI.88.UC1			---VRTL---	S-L-DP---	S-TI-T-DGPRSGHDTSGGDTICAPCRS-S-D-EK---	EDGET--EP-T---	XGEE-KGAETQT---	XX--L---	R-C---	Y-S---	A---	SN-S---	V---	D---	K---	148
B.CI.x.20_56			---IRTL---	S-L-P---	EG-TI-T-DGPNTHGDTSGGDTICAPCRS-S-D-EK---	EDGET--EP-T---	XGEE-KGAETQT---	XX--L---	R-C---	Y-S---	A---	SN-S---	V---	D---	K---	148
B.CI.x.EHO			---VRPL---	S-L-R-PGTP-DS-I-A-DEPSIRHDTSGGDTICAPCRS-S-D-EK---	EDGETT--EP-T---	REEA--EP-T---	REEA--EP-T---	L---	K-S---	Y-S---	A---	SN-S---	V---	N---	D---	147
B.CI.86.D205_ALT			---VRTL---	S-L-DP---	S-TI-T-DGPRSGHDTSGGDTICAPCRS-S-D-EK---	EDGETT--EP-T---	REEA--EP-T---	L---	K-S---	Y-S---	A---	SN-S---	V---	N---	D---	148
B.JP.01.IMCJ_KR020_1			---I-PL---	S-L-CSP-TP-DT-I-TTNEPSREHDTSGGDTICAPCRS-S-D-EK---	EDGETT--EP-T---	REEA--EP-T---	REEA--EP-T---	L---	K-S---	Y-S---	A---	SN-S---	V---	N---	D---	148
G.CI.92.Abt96			---V-TL---	S-L-DP-P-S-SISTT---	D-SRPT---	XGEE-KGAETQT---	XX--L---	R-C---	Y-S---	A---	SN-S---	V---	D---	K---	130	
AB.CM.03.03CM_510_03			---VRTL---	S-L-DPG---	S-TI-T-DEPSRXHDTSGGDTICAPCRS-S-D-EK---	EDGETT--EP-T---	REEA--EP-T---	L---	K-S---	Y-S---	A---	SN-S---	V---	N---	D---	148
H2_01.AB.CI.90.7312A			---A-TL---	S-L-P---	DS-I-A-DEHSRGHDTSGGDTICAPCRSGS-S-D-EK---	TREA--EAG---	TREA--EAG---	L---	R-C---	Y-S---	A---	SN-S---	V---	I---	D---	148
H2_01.AB.JP.04.NMC307_20			---A-TL---	S-L-R-P---	GG-I-A-DGHSREHDTSGGDTICAPCRS-S-D-K---	TGEA--EA-T---	TGEA--EA-T---	G-L---	R-C---	Y-S---	A---	SN-S---	V---	DI---	D---	148
H2_01.AB.JP.07.NMC716_01			---V-TL---	S-L-R-P---	GG-I-T-DGHSREHDTSGGDTICAPCRS-S-D-K---	TGEA--EA-T---	TGEA--EA-T---	G-L---	R-C---	Y-S---	A---	SN-S---	V---	DI---	D---	148
H2_01.AB.JP.08.NMC842_10			---A-TL---	S-L-R-P---	GG-I-A-DGHSREHDTSGGDTICAPCRS-S-D-K---	TGEA--EA-T---	TGEA--EA-T---	G-L---	R-C---	Y-S---	A---	SN-S---	V---	DI---	D---	148
U.CI.07.07IC_TNP3			---V-P---	S-L-DPDP-V-T-SA---	SR-S--E---	DGOETKGE-GKTI---	DGOETKGE-GKTI---	G---	R-C---	Y-S---	A---	VN-H---	T---	E---	T---	130
U.FR.96.12034			---A-PL---	K-S-L---	P-PA-T-P-SPS---	SRTSSGSADPSPSS---	TGOETKGE--TI---	TGOETKGE--TI---	G---	K-I---	Y---	K-N---	A-K-E-Y---	T-E-E---	KFH-N-K---	144
MAC.US.x.17EC1																134
MAC.US.x.251_1A11																134
MAC.US.x.251_32H_PJ5																134
MAC.US.x.251_BK28																130
MAC.US.x.MM142_IVMXX																130
MNE.US.02.MNE_8																130
MNE.US.x.MNE827																130
SMM.CI.79.SIVsmCI2			---I-P---	S-L-DPTPA-T-GA---	NGSSCGGAPN-S--HVE-SETRS-T---	EE-K--R---	NGRL---	Y---	A---	LG---	R-T-N---	139				
SMM.LR.89.SIVsmLIB1			---L-L---	SK-PN-T---	SR--E--I-E-G---	E-KT---	E-KT---	A---	N---	E-T---	130					
SMM.SL.92.SIVsmSL92A			---I-L---	S-L-PN-P-TDSP---	S-S-EG-E-KET---	E-TI---	E-TI---	A---	LN-K---	OK-K-Q---	130					
SMM.SL.92.SL92B			---P---	S-L-ADNI#_#TVST---	RS-SPDSOGVSRESTEGKD---	EEQ---	EEQ---	R---	R-L---	L---	A-G---	R---	QD-K---	130		
SMM.US.04.G078			---V-P---	S-L-PN-T-E-G-G---	SGS---	AREE-G---	E-T---	G---	Y---	A---	QD-K---	130				
SMM.US.04.G932			---L-P---	L-PN-T---	S---	AR-T-G---	E-EDT---	L---	Y-E---	A---	D---	Y---	130			
SMM.US.04.M919			---A-P---	L-PN-T---	S---	TE-ED-K-G---	E-T---	G---	Y-E---	A---	N---	D-K-K---	130			
SMM.US.04.M922			---A-P---	PD-T---	S-T-EDR-ET-G---	E-T---	E-T---	G---	Y-E---	A---	N---	D-K-K---	130			
SMM.US.04.M923			---A-PV---	PD-T---	S-T-ED-K-G---	E-T---	E-T---	G---	Y-E---	A---	N---	D-K-K---	130			
SMM.US.04.M926			---V-P---	PN-S---	S-GR-E-ED-S-T---	E-T---	E-T---	N---	Y-E---	A---	N---	130				
SMM.US.04.M934			---V-PL---	PN-S---	S-GR-E-ED-S-T---	E-T---	E-T---	N---	Y-E---	A---	N---	130				
SMM.US.04.M935			---A-P---	PDT-T---	S-T-EDR-ET-G---	E-T---	E-T---	N---	Y-E---	A---	N---	130				
SMM.US.04.M940			---V-P---	K-S---	P-T-E-T---	SGS---	A-EE---	E-T---	Y---	A---	QD-K---	130				
SMM.US.04.M946			---V-PL---	PN-S---	YS---	SR-G-E-LED-SST---	E-T---	L---	Y-E---	A---	N---	D-K-K---	130			
SMM.US.04.M947			---A-P---	PD-T---	S-TEK-ED-K-G---	E-T---	E-T---	G---	Y-E---	A---	N---	D-K-K---	130			
SMM.US.04.M949			---V-P---	S---	P-T-E---	S-E-A-KETKG---	E-T---	G---	YV---	A---	N---	QD-K---	130			
SMM.US.04.M950			---I-PL---	PN-S---	S-GR-E-ED-S-T---	E-T---	E-T---	A---	Y---	A---	N---	D-K-K---	130			
SMM.US.04.M951			---V-P---	S---	PGT-E---	SGS---	EE-G---	E-T---	G---	Y---	A---	QD-K---	130			
SMM.US.04.M952			---V-PL---	PN-S---	S-G-E-ED-SGT---	E-T---	E-T---	L---	Y---	A---	N---	TE-K---	130			
SMM.US.05.D215			---I-PL---	P-T---	D-PS---	G-S-GRP-E-AR-E-G---	E-T---	I---	Y---	A---	N---	TE-K---	130			
SMM.US.06.FT0			---A-P---	S-L-DP---	Y-GPS---	RRPSK-SGG-LE-V-A-E-G---	E-T---	EG---	Y-E---	A---	LN-V---	A---	134			
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10			---A-P---	L-PN-T---	S---	TE-ED-K-G---	E-T---	A---	N---	V---	D-K-K---	130				
SMM.US.86_CFU212			---X-P---	P-T---	ST---	SRS-RXV-GI-ET-ET---	E-T---	G---	QV---	A-V-TN---	130					
SMM.US.x.F236_H4			---A-P---	PD-T---	T---	S-TE-ED-K-G---	E-T---	G---	Y-E---	A---	N---	D-K-K---	130			
SMM.US.x.H9			---A-P---	PD-T---	X---	S-TE-EG-K-G---	E-T---	NG---	Y-E---	I---	A---	N---	D-K-K---	130		
SMM.US.x.PBJA			---A-P---	PD-T---	T---	S-TE-ED-K-G---	E-T---	NG---	Y-E---	I---	A---	N---	D-K-K---	130		
SMM.US.x.PGMS3			---A-P---	PD-T---	T---	S-TE-ED-K-G---	E-T---	G---	Y-E---	A---	N---	D-K-K---	130			
SMM.US.x.SME543			---V-P---	PD-T---	T---	S-TE-ED-K-G---	E-T---	G---	Y-E---	A---	N---	D-K-K---	130			
SMM.x.x.pE660.CG7G			---A-P---	L-PN-T---	T---	S-TE-ED-K-G---	E-T---	G---	Y-E---	A---	N---	V---	D-K-K---	130		
STM.US.89.STM_37_16			---L-P---	L-PN-T---	PS---	R---	EK---	A-E---	E-EDT---	A---	LQ-V---	F-N---	130			

	protease end_p51 RT start										D catalytic site										
MAC.US.x.239	LGKRIKGTIMTGDTPINIFGRNLLTALGMSLNFPJAKVEPKYKALKPGKDGPKLKQWPLSKEKIVALREIC.EKMEKDGQLEEAPPTNPYNTPTFAIKKKDKNKWRMLIDFRELNVRTQDFTEVQLGIPHPAGLAKKRITVLIDIGDAYFSIPLDEEFQRQYTAFTLPSVN																				303
A.CI.88.UC2	-N-VRA-----I-----L-V-RI-I-IT-----R-----T--VE-K-----E-----I-----K-----V-----Y-D--P-----																				316
A.DE.x.BEN	-N-VRA-----I-----L-V-I-I-T-----R-----T--E-K-----E-----I-----K-----SI--V-----H-D-----A-----																				316
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	-N-KV-A-----I-----L-V--D-I-I-----VR--T--E-K-----RE-----I-----K-----E-----I-----K-----V-----H-D-----T-----																				316
A.GH.x.GH1	-N-VRA-----I-----L-V-I-I-T-----R-----T--E-K-----E-----I-----K-----V-----H-D-----																				316
A.GM.87.0194	-N-VRA-----I-AT-----L-V-LD-I-T-----R-----T--E-K-----RE-----I-----K-----V-----H-D-----																				316
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	-N-KVRA-----I-----L-V-I-I-T-----QR--TR--E-K-----RE-----I-----K-----V-----Y-D-----																				316
A.GM.x.MCN13	-KVRA-----I-----L-V-I-I-IM-----R-----T--E-K-----RE-----I-----K-----I-----K-----H-D-----I-----																				316
A.GM.x.MCR35	-KVRA-----I-----L-V-I-I-IM-----R-----T--E-K-----RE-----I-----K-----I-----K-----H-D-----I-----																				316
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	-V-A-----V-----L-V-I-I-IM-----R-----T--E-K-----E-----I-----K-----V-----H-D-----																				316
A.GW.87_CAM2CG	-VRA-----I-----L-V-I-I-IM-----R-----T--E-K-----E-----I-----K-----V-----H-D-----																				316
A.GW.x.MDS	-VRA-----I-----L-V-I-I-IM-----R-----T--E-K-----E-----I-----K-----V-----H-D-----																				316
A.IN.07.NNVA	-KVRA-----I-V-----L-V-I-I-K-----R-----T--E-K-----RE-----I-----K-----E-----I-----K-----V-----H-D-----																				316
A.IN.95.CRIK_147	-KVRA-----I-V-----L-V-I-I-IM-----R-----T--E-K-----E-----I-----K-----E-----I-----K-----V-----H-D-----																				316
A.JP.08.NMC786_clone_41	-N-VRA-----I-A-----L-V-I-I-T-----R-----T--E-K-----E-----I-----K-----V-----Y-D-----T-----																				316
A.SN.85.ROD	-N-V-A-----I-----L-V-I--E-R-----R-----T--E-K-----T-RE-----I-----K-----V-----H-S-----																				316
A.SN.86.ST_JSP4_27	-N-KVRA-----I-----L-V--I-IM-----R-----T--E-K-----RE-----I-----K-----I-----K-----V-----H-D-P-----																				317
B.CI.88.UC1	V--VRA-----I-NT--T--V-I--K-----IR-----L-K-----E-----I-----R-----EKR--V-----PN-----I-----																				317
B.CI.x.20_56	V--VRA-----I-NT--T--V-I--K-----IR-----L-K-----E-----I-----EKR--V-----V--PD-----P-----																				317
B.CI.x.EH0	V--VRA-V-----I-NS--T--V-RI--Q--E-----IR-----L-K-----E-----I-----S-----SK--V-----V--PD-----A-----																				316
B.GH.86.D205_ALT	V--VRA-----I-NT--T--V--E-----IR-----R-L-K-----E-----I-----R-----EKR--I-V-----PN-----																				314
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	V--K-RA-----I-NT--T--V-I--K-----IR-----L-K-----#K--E-----I-----R-----EKR--I-V-----PD-----																				317
G.CI.92.Abt96	V--QA-V-----I-VK-----V--T--M-----IR-----Q--D--OE-----T-----EKR--V-----VD-----																				299
AB.CM.03.03CM_510_03	V--TVRA-----I-NT--T--V-XX--E-----IR-----R-L-K-----D--OE-----T-----EKR--I-V-----PX-----T-----																				317
H2_01_AB.CI.90.7312A	V--KVRS-----I-NT--T--V-I--Q-----IR-----L-K-----E-----I-----S-----EKR--I-V-----V--PD-----I-----																				317
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	V--VRA-----I-S-----M-L--Q-----IR-----L-----E-----I-----VR--R-----K-----E-----EKR--S-V-----V--PD-----I-----																				317
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	V--VRA-----I-S-----M-L--Q-----IR-----L-----E-----I-----R-----EKR--S-V-----V--PD-----I-----																				317
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	V--VRA-----I-S-----M-L--Q-----IR-----L-----E-----I-----R-----EKR--S-V-----V--PD-----I-----																				317
U.CI.07.07IC_TNP3	-KVRA-----I-VK-----V--T--T--M-----IR-----E-K-----OE-----R-----EKR--V-----Q--P-----																				299
U.FR.96.12034	-T-R-----E-----G-EAL-IGG-----R-----LE-K-----E-----S-----EK--V-----C-D-----I-----																				313
MAC.US.x.17EC1																					303
MAC.US.x.251_1A11																					303
MAC.US.x.251_32H_PJ5																					303
MAC.US.x.251_BK28																					299
MAC.US.x.MM142_IVMXX																					299
MNE.US.02.MNE_8																					299
MNE.US.x.MNE027																					299
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-V-----I-----C-L-----T--E-----E-----E-----S-----K-----N-----EKR--V-----W-----A-----																				308
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-R-----E-----C-V-----T--K-----R-----E-K-----E-----K-----I-----R-----V-----																				299
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-EVRA-L-----I-----I-Y-V--Q--T-----QR-----E-K-----E-----K-----I-----QO-R--V-----PD-----																				299
SMM.SL.92.SL92B	-V-RE-L-----I-A-V-----Y-V--YT--K-E-M--R-----Q-T-----E--R-----N-D-----KM-E-----I-----KEME--V-----V--P-----I-----																				295
SMM.US.04.G078	-K-----M-----L-V-----K-E-----E-----E-K-----E-----I-----S-----I-----K-----V-----H-----																				299
SMM.US.04.G932	-K-----T-----T-----T-----R-----I-----E-----																				299
SMM.US.04.M919	-V-----M-----L-V--T-----R-----I-----K-----R-----V-----H-----																				299
SMM.US.04.M922	-V-----M-----L-V--T-----R-----I-----K-----R-----V-----H-----																				299
SMM.US.04.M923	-V-----M-----L--I--T-----R-----I-----K-----R-----V-----H-----																				299
SMM.US.04.M926	-K-----TM-----C-V--T-----R-----I-----G--E-----E-----R-----V-----D-----																				299
SMM.US.04.M934	-V-----TM-----C-V--T-----R-----I-----K-----R-----V-----D-----																				299
SMM.US.04.M935	-V-----M-----L--I--T-----R-----I-----K-----R-----V-----D-----																				299
SMM.US.04.M940	-K-R-----H-----L-V-R--K--E-----E-K--D--E-----I-----R-----V-----D-----																				299
SMM.US.04.M946	-K-R-----TM-----C-----T-----R-----I-----E-----E-----K-----R-----V-----D-----																				299
SMM.US.04.M947	-V-----A-M-----L-V--I--T-----R-----I-----E-----E-----K-----R-----V-----D-----																				299
SMM.US.04.M949	-K-----TM-----C-----T-----R-----I-----E-----D--E-----E-----K-----R-----V-----D-----																				299
SMM.US.04.M950	-K-----TM-----C-----T-----R-----I-----E-----D--E-----E-----K-----R-----V-----E-----																				299
SMM.US.04.M951	-K-----N-----TM-----C-----T-----R-----I-----E-----D--E-----E-----K-----R-----V-----N-----																				299
SMM.US.04.M952	-K-----N-----TM-----C-----T-----R-----I-----E-----D--E-----E-----K-----R-----V-----N-----																				299
SMM.US.05.D215	-K-----N-----TM-----C-----T-----R-----I-----E-----D--E-----E-----K-----R-----V-----N-----																				299
SMM.US.06.FT0	-T-R-V-----R-----V-R--I--T--Q-----R-----E-K-----E-----K-----R-----V-----P-----																				303
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-V-----M-----L-M-Q-----I--T--E-----R-----I-----K-----V-----V-----D-----																				299
SMM.US.86.CFU212	-R-L-----M-----L-M-Q-----I--T--E-----VR--Q-K--Q-----K-----V-----D-----																				299
SMM.US.x.F236_H4	-V-----M-----L--I--T--E-----R-----I-----X-----XX-G-----K-----R-----V-----																				299
SMM.US.x.H9	-V-----M-----L--I--T--E-----R-----I-----X-----XX-G-----K-----R-----V-----																				299
SMM.US.x.PBJA	-V-----M-----L--I--T--E-----R-----I-----X-----XX-G-----K-----R-----V-----																				299
SMM.US.x.PGMS3	-V-----M-----L-V--I--T-----R-----I-----K-----R-----V-----																				299
SMM.US.x.SME543	-V-----M-----L--I--T--E-----R-----I-----K-----R-----V-----																				299
SMM.x.x.pE660.CG7G	-V-----M-----L--I--T--E-----R-----I-----K-----R-----V-----																				299
STM.US.89.STM_37_16	-K-----V-----T-----I-----E-K-----K-----I-----R-----V-----G-----																				299

[illegible]

MAC.US.x.239
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCC
A.GM.x.GH1
A.GH.87.D194
A.GH.x.SBL 6669.85
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.F3 clone NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.87.NNVA
A.IN.95.CRIK 147
A.JP.08.NMC786_clone.41
A.PT.x.ALT
A.SM.85.ROD
A.SM.86.ST JSP4 27
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EHO
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.1MCJ KR020_1
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 510 03
H21 AB.CI.90.7312A
H21 AB.JP.04.NMC307 20
H21 AB.JP.07.NMC176 01
H21 AB.JP.08.NMC842 10
U.CI.87.07IC TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251 1A11
MAC.US.x.251 12P PJ5
MAC.US.x.251 BK28
MAC.US.x.MH142 IMVXX
MNE.82.MNE 6
MNE.87.x.MNE627
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.LR.89.SIVsmL92A
SMM.LR.92.SIVsmSL1B1
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.6078
SMM.US.04.6932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FT70
SMM.US.1.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.FCU212
SMM.US.x.F236 H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PB3A
SMM.US.x.PCM53
SMM.US.x.SME543
SMM.x.x.pE660.CGM7
STM.US.89.STG 37 16

p51 RT end																									p15 RNase H start																									
KILLSQEQEGCYQEGKPLEATVIKSSQDNQWSYKIHQEDKI.LKVGKFAKIKNHTHTNGVRLLAHVIOIKIGKEATVIGWQVPKFHLPEVKDWQEWQWTDYVQVWTWPEWDFISTPPLVRLVFNLFVKQIPTEGEETYYTDGSCNKQSKGKAGYITDRGKDKVKVLEQTTNQ																																																		642
R	D	H	E	E	IQ	T	E	Y	E	Q	V	L	RI	RET	DN	V	T	G	P	T	F	R	V	R	R		645																							
		Y	E	E	IQ	GH	T	E	Y	E	Q	V	L	RI	RET	DN	V	T	G	P	T	F	R	V	R	R		646																						
					IQ	D	T	E	Y	E	Q	V	L	RI	RET	DN	V	T	G	P	T	F	R	V	R	R		647																						
		Y	E	E	IQ	N	T	E	Y	E	Q	V	L	RI	RET	DN	V	T	G	P	T	F	R	V	R	R		648																						
		S	E	E	E	A	GERV	Y	E	E	Q	V	L	R	R	T	DN	V	T	G	P	T	F	R	V	R	R	S	649																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	DN	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	650																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RM	651																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RM	652																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RM	653																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RM	654																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	655																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	656																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	657																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	658																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	659																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	660																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	661																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	662																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	663																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	664																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	665																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	666																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	667																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	668																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	669																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	670																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	671																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	672																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	673																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	674																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	675																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	676																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	677																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	678																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	679																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	680																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	681																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	682																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	683																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	684																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	685																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	686																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	687																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	688																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	689																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	690																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	691																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	692																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	693																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	694																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	695																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	696																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	697																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	698																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	699																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	700																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	701																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	702																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	703																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	704																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	705																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	706																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	707																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	708																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	709																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	710																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	711																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	712																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	713																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	714																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	715																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	716																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	717																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	718																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	719																					
		H	E	E	E	Q	D	T	V	GE	Y	E	E	L	RI	RET	D	D	V	A	P	A	F	R	V	R	R	RI	720																					

[illegible]

HIV-2/SIV Proteins

MAC.US.x.239
A.CI.88 UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCG
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.SYB SBL 6669 85
A.GM.x.MC13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.FG clone NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.GW.87.UV WVA
A.IN.95.CR1K 147
A.JP.08.NMC786 clone_41
A.PT.x.ALT
A.IN.85.DND
A.SN.86.ST JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20 56
B.CI.x.EHO
B.GH.86.D205 ALT
B.PJ.01.TMCJ KR020_1
AB.CI.92.Abt96
G.A.GM.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.PJ.04.NMC307 20
H2 01 AB.PJ.07.NMC716 01
H2 01 AB.PJ.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251 1A11
MAC.US.x.251 32H PJ5
MAC.US.x.251 BK28
MAC.US.x.HM142 IVMX
MNE.US.C2 MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVSm82
SMM.SL.92.SIVSmlIB1
SMM.SL.92.SIVSmlL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G032
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.0215
SMM.US.05.FTQ1
SMM.US.15.SIVSmE660_FL10
SMM.US.86.FU212
SMM.US.x.F236 H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PW53
SMM.US.x.SME543
SMM.x.x.PE660.C67G
STM.US.89.STM 37 16

[illegible]

MAC.US.x.239
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCC
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY SBL 6669_85
A.GM.x.MC113
A.GM.x.MCR35
A.JP.86.FG clone NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CRIK 147
A.JP.88.NMC786 clone_41
A.PT.93.JAU1
A.PT.x.ALI
A.SN.85.RDD
A.SN.86.ST JSP4_27
A.SN.86.ST JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20 56
B.CI.x.EHO
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020_1
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251 IA11
MAC.US.x.251 32H PJ5
MAC.US.x.251 BK28
MAC.US.x.MN142 IVMXX
MNE.US.82.MNE 8
MNE.US.x.MNE827
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.F236_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PGMS3
SMM.US.x.SME543
SMM.US.x.pE660.C67G
STM.US.89.STM_37_16

Vif start
MEEERWIAVPTWRIPER.LERWHSLIKLYKYTKDLQKVCPVPHFKVGAWMWTCSRVIPLQEGSHLEVQGYWHLTPKEGWLSTAYVRITWYSKNFWDTPVNYADLLHSTYFPCFTAGEVRRAIRGEQLLSCCRFPRAHKYQVPSLQYLAKVV..SDVRSQGENPT 167
---G-S-V---V-G-M---V---R---EG-R-H---KGE-I-A-N---SHS-L-TEK---DC-I---C-A---K---NY-Q---A---V-Q-QND-P-RKG-A 168
---DRN-V---V-G-M-K-A-V---R---EE-R-H---GK-I-A-N---SH-L-TEK---DC-I---S---K---NY-Q---A---V-Q-QND-P-RKGT-A 168
---GE-V---V-G-M-K-V---HR-EE-R-H---GN-I-A-N---S---TER---DC-S-I---S---K---NY-Q-RSK-L-F---V-Q-QNG-P-KNST- 168
---G-N---V-G-RM---V---R-EE-R-H---KGE-I-A-N---SHS-L-TER---D-I---S---K---NY-Q---V---V-Q-QND-P-RKGT-A 168
---G-N-V---V-G-M---V-H---EE-R-H---EGE-I-A-N---SHS-L-TEK---DC-S-I---S---K---NY-Q-A---V-Q-QNG-P-RKGAA 168
---DQG---V-G-M-K---V---R-EE-R-H---KGN-I-A-N---S-S-M-EG---DC-T-I---S---KS---NY-Q-SK---F---V-Q-QNDKP-RD-A 168
---G-N-V---V-G-M-K-V---R-ED-H---KGN-I-A-N---S-S-M-TER---DC-S-I---S---K---NY-Q-RA---F---V-Q-QND-P-RNGTP 168
---G-N-V---V-G-M-K-V---R-ED-H---KGN-I-A-N---S-S-M-TER---DC-S-I---S---K---NY-Q-RA---F---V-Q-QND-P-RNGTP 168
---G-V-I---V-G-M---V---R-E-H---K-N-I-A-N---SHS-TEK---DC-T-I---S---K---KY-RS---F---V-Q-QND-P-RSA- 168
---G-S---V-G-M-K-V---G-EE-R-H---RGD-R-I-A-N---S-M-TEK---DC-T-I---S---K---KY-RS---F---V-Q-QND-P-RDRT- 168
---G-S-V---V-G-M-K-V---R-E-H---EGE-I-A-N---S-L-TEK---DC-S-I---S---K---NY-Q-S-T---F---V-Q-QNG-P-RDST- 168
---G-V---V-G-M-K-V---R-E-H---NNN-N-I-A-N---S-L-TEK---D-S-I-G-A---KV---NY-Q-S-T---F---V-Q-QND-P-RDST- 168
---D-V---KV-G-M-K-V---E-H---KDN-I-I-A-N-E-S---TE---DCT-S-I---A---KI---NY-Q-RT---T---F---V-Q-QND-P-RDGT- 168
---D-N-V---V-G-M-K-V---R-E-R-H---EGK-I-A-N---S---TER---D-I---S---K---NY-Q-V---F---V-Q-QNG-P-RKGT-S 168
---D-V---V-G-M-K-V---R-EQ-H---K-I-A-N---S---TEK---DC-S-I-G-S---K---NY-K-S---F---V-Q-QND-P-RKYT- 168
---G-S-V---V-G-M-K-V---R-E-H---GR-I-A-N---S---TEK---DC-S-I-G-S---K---NY-Q-S---F---V-Q-QNGP-RNST- 168
---D-V---V-G-M-K-V---E-H---KGN-I-A-N---S-S-TEK---DC-V-I---S---K---NY-RA---F---V-Q-QND-P-RDST- 168
---G---V-G-M---R-G-E-H---KGE-I-A-N---S-S-L-TEK---DC-S-I---S---K---NY-Q---F---V-Q-QNG-P-RD-T 168
---G-N-V---G-K-V---HR-E-Q-S-H---K-EAY---N-R-F-S---L-KRS-Y---DV-Q-GS-S-N---KI-Y-NY-S-EG---F-R-IOEGKG---SA- 169
---N-V---G---V-HR-E-Q-S-H---K-AY-I---N-R-L-S---L-RES-Y---DV-Q-GS-S-N---KI-Y-NY-S-EG---F-R-IOEGKG---SA- 169
---N---C---R-E-Q-S-H---K-A---N-R-F-S---L-ERS-Y---DV-R-GS-S-N---KI-H-NY-S-DG---F-R-IOEGKG---ST- 169
---D-V---G-K-V-HR-E-Q-S-H---I-NK-AW---N-R-F-S---L-ERS-Y---DV-Q-GS-S-N---KI-Y-NY-S-DG---F-R-IOEGKG---SA- 169
---N---K-V-HR-E-Q-T-H---K-AY-I---N-R-F-A---L-KS-Y---DV-V-GS-P-N---KI-Y-NY-S-RG---F-R-IOEGNGP---SAA 169
---N---G---K---F-F---AV-H---TKEA-I-N---Q-L-TRK-Y---ET-Q-GS-D---I---NY-T-R---F-Q-QKG-HG-K-SX- 168
---D-V---K-G-A---GE-Q-S-H---DKXAX---N-R-L---L-ER-Y---DV-Q-GS-S-N---KI-Y-NY-S-EG---F-R-IOEGKG---K-T- 169
---G-N-V---K-G-K-V-HR-GE-Q-S-H---KG-AC---N-R-F-S---L-EES-Y---DV-Q-G-S-N---KI-Y-NY-S-EG---F-R-IOEGKG---SA- 169
---N-V---K-V-H-HR-RE-Q-S-H---K-RAW---N-R-F-S---L-ERS-Y---DV-Q-G-S-N---KI-Y-NY-S-EG---F-R-IOEGKG---K-GA- 169
---N-V---G-K-V-H-HR-RE-Q-S-I-H---RK-AW-I-N-E-F-S---L-KGS-Y---DV-Q-G-S-N---KI-Y-NY-S-ER---F-R-IOEGKG---K-GA- 169
---V---V-G-M---V-HR-E-S-H---EGE-I-A-N---TRG-S---D-Q-G-S-Y---N-S-S-G---F-I-Q-P-RK-T- 167
---N-V---V-R---H-N-E-H---KK-A-N---S-L-TRG---DC-Q-GS-S---N-S-RQ---F-RAL-Q-G-KR- 166
---G---Y---R---D---V---K---R---R---Y--- 167
---V---A-H---N-R-H---D-E---R-K-H---R-H--- 167
---S-VT---R-M---H-FN-E-N---EKE-N-S---R-DV-Q-I-S-Y-Q---I-KY-S-R---F-RILHKONGKCKR--- 169
---V-K-G---H-N-E-N-A-H---GEAY-N---L-R---D-V-G-S-E---I-K---F-EH-R--- 166
---K-H-R-V---E-K-V-H---EKEA-N---C-L-TR---DL-I-GA-S-Y-Q---I-N-S-Q-K-S-F-RAL-Q-DG-KRTD-S 167
---G-V-V-SR-IV---C-FH---RE-E-A-H---Y-A-E---I-V-N-S---L-TEK---DV-Q-A---A-HA-Q---V-Y-GYAV-HSS-Q-L-L-QND-PK-K- 169
---Q-VV---G---H-N-E-H---GET-I-N---TRG---D-V-G-T---SE---D-Y---S-R-G---R-D-T---K-N---R-H-R-D- 167
---N-V---G---A-H---RDDT-N---R---D-T-G---SE---K-R-K-K-N---T-H-H-D- 167
---N-V---GK---R-A-H---RDNT-N---R---D-T-G---SE---K-K-K-N---T-H-KD- 167
---N-V---G-K-H-N-A-H---KDTE-N---R---D-T-G---SE---K-K-K-N-S---T-H-R-S- 167
---V---G---I-H-N-H---GE-I-N-T---R---D-T-G---C---F-R-HG- 167
---N-V---G-K-N-H---RDDT-S---R---D-T-G---SE---K-K-N---T-H-H-KD- 167
---Q-VV---G---H-N-RE-H-H---GET-I-N---TR---D-V-G-T---SE---GE-I-N---K-N---E-Y-R-KD- 167
---V---G-K---N-R-H---GE-I-N---R---D-T-G---SE---R-K-K-N---T-H-P-KD- 167
---K-V---G-K---H-N-RE-H-H---GET-I-N---TR---D-V-G-T---SE---GE-I-N---K-N---E-Y-R-KD- 167
---Q-VV---G-K---H-N-RE-H-H---GEA-I-N---AR---D-V-T---SG---K-K-N---F-R-H-R- 166
---V---G---H-N-H---E-I-N---#---R---D-T---SG---K-K-N---F-R-H-R- 167
---Q-V---G-K-H-FN-A-H---EKE-N---TR---DC-V-N-S---S---K-K-TN---EH-K-R- 167
---Q-N-V---G---H-N-E-A-H---EGE-N---TRR-S---D-T-G---SE---K-S-K-N---T-H-R-A 167
---N-V---G-K-H-N-MA-H---RDET-N-A-H---R---D-T-G---SE---K-K-K-N---T-H-D- 167
---V---G-K-H-N-OA-H---GE-N---R---D-T-GS-S---K-K-RN---S-HG-D- 167
---N-V---G-K-H-N-MA-H---RDET-N-A-H---R---D-T-G---SE---K-K-K-K-N---T-H-D- 167
---N-V---G-K-H-N-A-H---RDEA-N-X---R-A-D-T-G---SE---K-K-K-N---T-H-X- 167
---N-V---G-K-H-N-A-H---KDEA-N-X---R-A-D-T-G---SE---K-K-K-N---T-H- 167
---N-V-K-G-K-H-N-A-H---RDE-N-A-H---R-K---D-T-G---SE---K-K-K-N---T-H-R-D- 167
---N-V---G-K-H-N-MA-H---RDKT-N-H---R---D-T---SE-Q---K-K-K-N---T-H-R-D- 167
---N-V---G-K-H-N-MA-H---RDET-N-A-H---R---D-T---SE---K-K-K-N---T-H-R-D- 167
---V---G---H-N-E-S-A-H---GEA-N-E---TR-S---DC-Q-G---K-TK-N---EH-R-TA 167

	Vpx start		Vpx end
MAC.US.x.239	MSDPREIRPPGNSGEETIGEAFFWLNRVTVEEINREAVNHLPRELIFQVWQRSWEYWHDEQGMSPSYVKYRYLCLIQKALFMHCKKGCRCLEGEHGAGGWRP.GPPPPPPPLA*		112
A.CI.88.UC2	-T--V-----D--I-AL-----R-----L-S-T-----M--M-I-L--T--G--P-----V-		113
A.DE.x.BEN	-T--V-----E--I-AL-----R-----A-T-----M--I-T-F-R--T-W--DM-RE-LEDO		114
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	-A--KTV--G--V-----A--E-M-A-----R-----DL--Q--T-----R-M-Y-M-I-V--T--G--P-----V-		115
A.GH.x.GH1	-T--V-----D--I-AL-----R-----D-----M--V-I-F-R--T--G--P-----S-----V-		116
A.GM.87.D194	-A--V-----D--I-AL-----R-----D-----M--V-I-F-R--T--G--P-----S-----V-		117
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	-TN--T-----E--D--D-----R-----R--T-----M--V--F--T--R--P-----S-----V-		118
A.GM.x.MCN13	-T--TV-----E--N--D--A-----R-----Q--T-----M--T--R--T--G--P-----V-		119
A.GM.x.MCR35	-T--TV-----E--N--D--I-A-----R-----Q--T-----M--T--R--T--G--P-----V-		120
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	-T--TV-----E--A--D--A-----H-----R-----T--T-----M--MY--A-RDGT--G#--PE--S#--V-		121
A.GW.87.CAM2CG	-T--TV-----E--A--D--A-----R-----Q--T-----M--V-I-F-R--T--G--P-----V-		122
A.GW.x.MDS	-A--TV-----EQ--A--D--A-----R-----T-----M--MYI-GR--T--R--P-----T-----V-		123
A.IN.07.NNVA	-T--TV-----A--E--A-----G-----A--T-----M--M-I-ARR--T--G--G--S--L--WV--V-		124
A.IN.95.CRIK_147	-T--TV-----A--D--A-----G-----A--T-----M--I--VRR--T--G--P--S--L--V-		125
A.JP.08.NMC786_clone_41	-A--V-----D--I-AL--D-----R-----T-----M--V-I-FMR--T--G--P--S--V-		126
A.PT.x.ALI1	-AN--TV-----D--AL-----R-----Q--T-----M--MYT-FM--T--G--P--S--V-		127
A.SN.85.R0D	-T--TV-----A-----R-----E--T-----I--VY--VR--T--R--P-----V-		128
A.SN.86.ST_JSP4_27	-AG--T-----D--A-----R-----I--T-----M--M-I-S-R--T--G--P--S--V-		129
A.SN.x.A2057	-A--TV-----E--D--AL-----R-----R--TI-----MY--R--T--G--P--S--V-		130
A.SN.x.A640	-A--T-----D--D--A-----R-----E--V--T-----M--MYT-F-R--T--G--P-----V-		131
B.CI.88.UC1	-----V--D-----D--E--IT-L-V-----C-A-RE--S--T--L-M--M-V-YT--Q--P--S--		132
B.CI.x.20_56	-----V--D--V--A--E--LA-L-K-----K-A-R--I--T--L-M--MYI-IA--T-RR--P--Q--		133
B.CI.x.EH0	-----V--D--V--A--E--ET-L-HL-V-----K-A-R--I--T--L-M--M-Q-FA--G--R--P--Q--		134
B.GH.86.D205_ALT	-----V--D--V--A--E--IT-L-V-----A--RE--T--L-M--M-V-YT--Q--P--S--		135
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	-----V--D--V--A--E--IT-L-V-----A--E--TI--T--M--Y--LAR--A--R--P--S--		136
B.CI.92.Abt96	-----V--E--D-----E--T--I-----R-----A--T--L-M--M-V--T--QK--P--Q--		137
AB.CM.03.03CM_510_03	-----G--D-----X--E--IT-L-V-----C-A-R--S--T--L-M--M-V-YT--T-RQ--P--S--		138
H2_01_AB.CI.90.7312A	-----V--D--V--A--E--IV-L-----A--R-D--I--T--L--M--M-V-FA--T--RG--P--R--		139
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	-----V--D--D-----E--IT-L-----A--RE--S--T--L-M--M-V-FS--T-RR--P--Q--		140
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	-----V--D--D-----E--IT-L-----A--RE--S--T--L-M--M-V-FS--T-RR--P--Q--		141
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	-----V--D--D-----E--IT-L-----A--RE--T--A--L-M--M-V-FS--T-RR--P--Q--		142
U.CI.07.07IC_TNP3	-----D--VE--ES--TA--Q-----G-----T--T-----Y--R--Q--R--P--S--		143
U.FR.96.12034	-G-----E--V--S--E--RD--A--Q-----Q--R--E--T-----Q--P--S--I-		144
MAC.US.x.17EC1	-----V-----Q-----M-----		145
MAC.US.x.251_1A11	-----V-----Q-----M-----		146
MAC.US.x.251_32H_PJ5	-----V-----Q-----M-----		147
MAC.US.x.251_BK28	-----V-----Q-----M-----		148
MAC.US.x.MM142_IVMXX	-----V-----Q-----M-----		149
MNE.US.82.MNE_8	-----V-----Q-----M-----		150
MNE.US.x.MNE027	-----V-----Q-----M-----		151
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-GSA-----T-----YS--AV--G--K-----R--F-----QA-TQ--L--C-V--T--R--S--A		152
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-----Q-----D-----D-----E--Q-----R--F-----A--T-----M--L--S--S--		153
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-T-----Q-----D-----D-----E--Q-----R--F-----AA--T-----M--L--S--S--F-		154
SMM.SL.92.SL92B	-----H--A-----H--AL--QT--Q-----R--C--V--Y--A-----VQ-M--M-Q-FR--T--R--SQ--T		155
SMM.US.04.G078	-----H--A-----H--AL--QT--Q-----R--C--V--Y--A-----VQ-M--M-Q-FR--T--R--SQ--T		156
SMM.US.04.G932	-----D-----D-----A-----R-----KI--V--T-----M--R--E--E--S--		157
SMM.US.04.M919	-----L--D--D-----D-----A-----R-----M--E--T-----M--R--E--E--S--		158
SMM.US.04.M922	-----L--D--D-----D-----A-----R-----M--E--T-----M--R--E--E--S--		159
SMM.US.04.M923	-----L--D--D-----D-----A-----R-----M--E--T-----M--R--E--E--S--		160
SMM.US.04.M926	-A-----D--T--R--V-----R-----YE--Q--Q-----M--R--E--E--S--		161
SMM.US.04.M934	-----V--D--D-----D-----A-----R-----YE--Q--Q-----M--R--E--E--S--		162
SMM.US.04.M935	-----V--D--D-----D-----A-----R-----YE--Q--Q-----M--R--E--E--S--		163
SMM.US.04.M940	-----V--D--D-----D-----A-----R-----YE--Q--Q-----M--R--E--E--S--		164
SMM.US.04.M946	-----V--D--D-----D-----A-----R-----YE--Q--Q-----M--R--E--E--S--		165
SMM.US.04.M947	-----V--D--D-----D-----A-----R-----YE--Q--Q-----M--R--E--E--S--		166
SMM.US.04.M949	-----V--D--D-----D-----A-----R-----YE--Q--Q-----M--R--E--E--S--		167
SMM.US.04.M950	-----V--D--D-----D-----A-----R-----YE--Q--Q-----M--R--E--E--S--		168
SMM.US.04.M951	-----V--D--D-----D-----A-----R-----YE--Q--Q-----M--R--E--E--S--		169
SMM.US.04.M952	-----V--D--D-----D-----A-----R-----YE--Q--Q-----M--R--E--E--S--		170
SMM.US.05.0215	-N-----AA--VL--H--D--V-----R-----YE--Q--Q-----M--R--E--E--S--		171
SMM.US.06.F1Q	-----E-----E--D--A-----R-----R--A--T-----V--R--D--T--		172
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-A-----E-----G--A-----R-----M--E--T-----V--R--D--T--		173
SMM.US.86.CFU212	-----K-----D--D-----A-----R-----C--F--A--T-----M--M--R--N--R--E--Q--		174
SMM.US.x.F236_H4	-----K-----D--D-----A-----R-----C--F--A--T-----M--M--R--N--R--E--Q--		175
SMM.US.x.PBJA	-----K-----D--D-----A-----R-----C--F--A--T-----M--M--R--N--R--E--Q--		176
SMM.US.x.PGW53	-----K-----D--D-----A-----R-----C--F--A--T-----M--M--R--N--R--E--Q--		177
SMM.US.x.SME543	-----K-----D--D-----A-----R-----C--F--A--T-----M--M--R--N--R--E--Q--		178
SMM.x.x.pE660.CG7G	-----K-----D--D-----A-----R-----C--F--A--T-----M--M--R--N--R--E--Q--		179
STM.US.89.STM_37_16	-----K-----D--D-----A-----R-----C--F--A--T-----M--M--R--N--R--E--Q--		180

Vpx

HIV-2/SIV Proteins

	Vpr start		Vpr end
MAC.US.x.239	MEER...	PPENEGPQREPWDEWVVEELEEKEEAKHFDPRLLTAGNHIIYNRHGDTLEGAGELIRILQRALFMHFRGGCIHSRIGQPGGNGPLSAIPPSRML*	
A.CI.88.UC2	-M-GA.....	#-MIV*-I-----*R-----I-D-Y-----N-----R-K-----S-L-V-GSR---*TRRRT-CP-T-TP-G-H-	101
A.DE.x.BEN	-T-APTEF--DGT-R-DLGS-	I-T-R-I-----R-----I-YY-H-----R-KT---V--A-NR---*TRRRT-CP-A-TP-A-H-	83
A.DE.x.PE12_KR KRCG	-T-APAEF--D-T-P-G-G--	IGI-R-R-----T-Y-CA-----S-R-NV---V--A-KI---TR-ET-F---TP-G-Q-	105
A.GH.x.GH1	-T-APTEF--DGT-R-LGGD-	IRI-G-I-----I-Y-HS-----P-R-----V-L-A-NR---S-TRRRT-PP-A-TP-G-Y-	106
A.GM.87.0194	-T-APTEF--DGT-R-LGST-	I-T-K-I-----C-I-Y-----R-T-----R-V---V-I-A-DR---K-TRRA-CP-A-TP-G-H-	106
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	-T-APAEF--DGT-P-G--	I-I-R-I-----I-YY-T-----R-V---T-A-G---S-R---TP-N-Q-	106
A.GM.x.MCN13	-T-APTEF--DGT-P-G--	II-I-RKI-K-----Y-HT-----R-NV---A-RL---T-RT-FP-TSTP-T-Q-	106
A.GM.x.MCR35	-T-APTEF--DGT-P-G--	II-I-RKI-K-----Y-HT-----R-NV---A-RL---T-RT-FP-TSTP-T-Q-	106
A.GW.86.FG clone NIHZ	-T-APTEL--DRT-P-G-A-	I-I-R-IE-----R-----RY-T-----R-----A-A-G---TR-----TP-G-H-	106
A.GW.87.CAM2CG	-T-APTEL--DGT-P-G--	I-I-RDI-----R-----G-A-----R-R---V---T-A-N---TR-----TP-R--	105
A.GW.x.MDS	-T-APTEL--DGT-P-G--	I-I-R-IT-----RS-----R-T-----R-KV---T-A-G---TR-----TP-N-Q-	106
A.IN.07.NNVA	-T-APTEL--DRT-P-G--	I-I-R-I-----R-----RY-T-Y-P-R---V---T-A-G---R-----TP-R-Q-	106
A.IN.95.CRIK 147	-T-APTEL--DGT-P-G--	I-I-R-I-----R-----IY-D-Y-----R-V---T-A-G---R-----TP-R-R-	106
A.JP.08.NMC786 clone 41	-T-APTEF--DGT--LGGD-IIRI-	IR-----G-P-I---Y-A-----RK-VD---V-L-KA-SRPKVN-TR-TS-PVA-TP-N-Q-	106
A.PT.x.ALI	-T-APTEF--AGM--HQGAR--	I-R-I-----R-M-I---GY-T-----R-R-NA---A-GR-V-TR-R---TP-N-Q-	106
A.SN.85.ROD	-A-APTEL--VDGT-L-G--	II-R-I-----I-KY-T-----R-KV---T-A-G---TR-----TP-N-Q-	106
A.SN.86.ST JSP4_27	-T-APTES--DRT-P-G--	I-T-R-I-----IT-Y-A-----RG---LL-A-GR---R-R---TP-G-R-	105
A.SN.x.A640	-A-APTEF--DGT-P-G--	IQI-R-IG-----KY-A-----R-----T-A-G---TR-D---TP-D-Y-	106
A.US.93.7924A	-T-APTEL--GT-P-G--	I-I-R-IQ---V-R-N-RY-T-----R-----T-A-G---TR-----TP-G-Q-	106
B.CI.88.UC1	-A-AAPET--S-----E-ED-M-	I-Q-R-----F-S---A-K---L-A-Q-----*R-	105
B.CI.x.20_56	-A-AAPET--D-----E-ED-	I-Q-R-----F-S---A-K---L-Q-----*G-Q-	105
B.CI.x.EH0	-A-APEI--DKN--EQ--	D-I-Q-----F-S---N---KL---L-Q-----*G-Q-	105
B.GH.86.D205 ALT	-A-AAPEI--D-----E-IG-I-	I-Q-R-----F-S---A-K---L-A-Q---S---T-PAG-R-	105
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	-T-AAPET--D-----E-ED--	Q-R-----F-G---IA-----L-Q-----V---*QK-	105
G.CI.92.Abt96	-A--EI--D-A-----I-----Y-D-----K---L--D-RC--GNA--T--GVF-		103
AB.CM.03.03CM 510 03	-A-AXXEI--S-----Q-E-RXG-I-	I-Q-----X--F-S-Y--A--VK---L-A-R-----X-PAG-Q-	105
H2 01 AB.CI.90.7312A	-A-AASET--D-----E-ED--	I-Q-R-----F-S---A-K---L-Q-----T--EG-Q-	106
H2 01 AB.JP.04.NMC307_20	-A-AAPET--D-N--G-E-EDI-	Q-----F-S---A-R-K---L-Q-----PGG--	105
H2 01 AB.JP.07.NMC716_01	-A-AAPET--N--G-E-EDI-	Q-----F-S---A-K---L-Q-----PGG--	105
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	-A-AAPET--D-S--GS-E-EDI-	Q-----F-S-Y--A-K---L-Q-----PGG--	105
U.CI.07.07IC_TNP3	-A-----D-----	Q-----Y-D-Y-----K---V--A--GQR--A-V--NV-	102
U.FR.96.12034	-A-I-----DGA--G--R-I-	VR-----Y-----K---I-L--R--SSR--TTV--*GV-	101
MAC.US.x.17EC1	*-----G-----G-----R-----	102
MAC.US.x.251_1A11	*-----G-----G-----R-----	101
MAC.US.x.251_32H_PJ5	*-----G-----G-----R-----	102
MAC.US.x.251_BK28	*-----G-----G-----R-----	101
MAC.US.x.MM142_IVMXX	*-----G-----G-----R-----	102
MNE.US.82.MNE 8	*-----G-----G-----R-----	102
MNE.US.x.MNE027	*-----G-----G-----R-----	102
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-A-H-----D--P--A--D--I-----Y-D-----K---I--A-L-HS--TV--GV-		102
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-A-----D--P--V-----N-----Y-D-Y-----K---R--S-R-AT--GV-		102
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-A-SLSP--D-A-----T--I-T-----Y-D-Y-----K---L--TN--CRR--AT--NV-		103
SMM.SL.92.SL92B	-A-H-----A--D--TNP--TRD--I-Q-----Y-D-Y-----I--K---L--H-T--R-P--GS-SA-DV-		101
SMM.US.04.G078	-A-----D-----T--I-Q-----Y-D-Y-----K---L--N-V--S--AT--SA-EV-		102
SMM.US.04.G932	-T-----D-----I-----H-----Y-D-Y-----K---T--V-----T--RV-		102
SMM.US.04.M919	-T-----D-A-----I-----Y-D-----K---L--T--S-----T--GV-		102
SMM.US.04.M922	-T-----D-A-----V-----Y-D-----K---L--V--V--S--A--GV-		102
SMM.US.04.M923	-A-----D-A-----I-----N-----Y-D-----K---I--R--S-----T--GV-		102
SMM.US.04.M926	-A-----D-A-----L--V--N-----Y-D-Y-----K---I--S-----T--GV-		102
SMM.US.04.M934	-A-----D-A-----I--V--S-----Y-D-Y-----K---I--T--S-----TV--GV-		102
SMM.US.04.M935	-T-----D-A-----V-----Y-D-----K---L--V--S--A--GV-		102
SMM.US.04.M940	-A-----D-----S--T--I-Q--N-----Y-D-----K---N--L--AR--AT--EV-		102
SMM.US.04.M946	-A-----D-A-----I--T--S-----Y-D-Y-----K---I--T--S-----T--A-GV-		102
SMM.US.04.M947	-A-----D-A-----V-----Y-D-----K---I--S-----T--GV-		102
SMM.US.04.M949	-A-----D-----T--V-Q--T-----Y-D-----K---L--A--A--AR--A--GV-		102
SMM.US.04.M950	-T-----D-A-----I--S-----Y-D-Y-----K---I--T--S-----T--GV-		102
SMM.US.04.M951	-A-----D-----T--V-Q-----Y-D-----K---KA--L--A--AT--RV-		102
SMM.US.04.M952	-A-----D-A-----I--S-----I--Y-D-Y-----K---I--T--S-----T--GV-		102
SMM.US.05.0215	-AGV-----D-----G--I-----N-----Y-D-----K---I--Q-----AT--GV-		102
SMM.US.06.F1Q	-A-----D-----G--I-----T-----Y-D-----K---L--T--TNR--TV-T--NV-		102
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-A-----D-A-----I-----Y-D-----K---I--S--A--SR--T--D-		102
SMM.US.86.CFU212	-A-A-----D-A-----M-----KR--L-----Y-D-----K---I--A--H-R--AT--T-DV-		102
SMM.US.x.F236_H4	-A-A-----D-A-----M-----KR--L-----Y-D-----K---I--S--A--SR-----V-		90
SMM.US.x.PBJA	-T-----D-A-----I-----N-----Y-D-----K---I--R--S-----T--GV-		102
SMM.US.x.PGW53	-A-----D-A-----K--V-----Y-D-----K---I--A--S-----T--GV-		102
SMM.US.x.SME543	-A-----D-A-----I-----Y-D-----K---I--S--A--SR--T--A-		102
SMM.x.x.pE660.CG7G	-A-----D-A-----I-----Y-D-----K---I--S--A--SR--T--D-		102
STM.US.89.STM_37_16	-TH-----D-----I-Q--R-----S--Y-D-----K-----R-----AT--T-GV-		102

	Tat start	exon 1 end_exon 2 start	Tat end
MAC.US.x.239	METPLRQENSLESSNRSSCISEADSTPESANLGEIISQLYRPLEACYNCTCYCKCCYHCQFCFLKKGLGICYEQSR.KRRRTPKKAKANTSSASNKPSINRTRHCOPEKAKKETVEKAVATAPGLGR.....*		130
A.CI.88.UC2	-----KAP-S-K-Y-P-P-T-WEVAAQ-L-KQ-L-A-H-----T-P-----SF-L-----W-VRKG-G-----RT-THPP-TPD-S-IQ-GDSR-T-KQ--P-TP--TS-----		131
A.DE.x.BEN	-----KAP-S-KPY-P--T-R-VTAQ-L-KQ-L-A-H-----P-T-K-----R-SF-L-S-----S-RKG-R-----R-T-TPSP-PD-S-T-GDS-T-EQ-K-AT-V-TC--Q-----		131
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	-----SKAP-S-M-C-P--T-Q-VKSO-L-KQ-RL-----H-----N-P-----L-----RKG-R-----HS-----D-S-T-GNS-T-KQTK-P-T-LE-R-Q-----		131
A.GH.x.GH1	-----H-KAP-S--Y-P--T-QGVTAQ-L-KQ-L-----H-----T-S-----Q-SF-L-----W-ARKS-R-----R-T-THS-----D-S-T-GDS-T-EQ-K-T-TMV-TCS-----		131
A.GM.87.D194	-----K-P-S--Y-P--T-R-VTAQ-R-KQ-L-A-H-----T-S-----Q-S-L-----W-AROG-R-----R-T-THPP-D-S-T-GDS-T-KQ-K-P-TT-VS-C--H-----		131
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	-----KAP-S-G-Y-P-RT-Q-VA-Q-L-Q-----H-----T-N-K-F-G-F-L-N-----DRKG-R-S-T-HS-P-D-S-T-GNS-T-KQ-K-LGTTLEAD-----		131
A.GM.x.MCN13	-----KAP-S-M-Y-P--T-R-VGSO-L-KQ-L-H-----P-N-K-----G-F-L-N-----DRKG-R-----T-HS-----D-S-T-GNS-----KQ-K-L-TTLE-R-----		131
A.GM.x.MCR35	-----KAP-S-M-Y-P--T-R-VGSO-L-KQ-L-H-----P-N-K-----G-F-L-N-----DRKG-R-----T-HS-----D-S-T-GNS-----KQ-K-L-TTLE-CS-----		131
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	-----KAP-S--C-P-RT-Q-VA-Q-L-RQ-----H-----T-S-----D-L-Q-----W-DRKG-R-----T-HP-----D-S-T-NS-----KQ-K-L-AT-E-DL-----		131
A.GW.87_CAM2CG	-----K-P-S--G-C-P-RT-GQ-T-Q-L-K-----H-----Q-E-D-----R-L-N-----W-DRKG-R-----HS-----D-S-T-NS-A-KQ-K-L-AT-E-D-----		131
A.GW.x.MDS	-----I-KAP-S--Y-P--T-HT-Q-VA-Q-L-RQ-----H-----T-N-S-----R-L-N-----W-RKG-R-----THP-----D-S-T-GNS-T-KQ-K-AT-E-DT-P-----		131
A.IN.07.NNVA	-----KVP-S--C-PF-HT-Q-VA-Q-V-QE-----FQ-----D-S-----F-EL-Q-----DRKG-R-----R-T-HP-TPD-S-T-NS-T-EQ-K-L-TT-D-DL-P-----		131
A.IN.95.CRIK_147	-----KAP-S--C-PFLHT-Q-VA-QG-Q-----H-----AS-----L-L-Q-----RKG-R-----T-THPTLT-D-S-T-WNS-----E-K-L-TT-V-DLDP-----		130
A.JP.08.NMC786_clone_41	-----R-KA-S--I-Y-S-S-T-KQ-ADORLRO-L-Y-H-----T-N-K-----Q-L-N-----W-DRKG-R-----T-HP-----D-S-T-GNS-T-EQ-K-L-TTLE-C-----		131
A.SW.85.ROD	-----K-PGS-MPY-P--T-Q-VAQ-L-KQ-----H-----T-N-----E-L-N-----W-DRKG-R-S-I-HS-----D-S-T-NS-----EKO-K-L-TTLG-DC-P-----SHIYIS-----		137
A.SN.86.ST_JSP4_27	-----KAP-S-K-C-PF-RT-Q-VA-Q-L-RQ-----H-----T-N-S-----R-M-N-----W-RKG-R-----THP-PTPD-S-T-GDS-T-KQ-K-AT-E-DT-P-----		131
B.CI.88.UC1	-----KAP-G-G-Y-P--T-Q-AAQGLVSP-D-Y-Q-----D-K-----M-N-----W-RKG-R-----T-HS-----D-S-T-GNS-----KQ-K-L-T-LE-IG-P-----		131
B.CI.x.20_56	-----I-Q-----S-K-S-P-ST-PVVN-QG-D-Q-----H-----D-K-----L-----W-DH-----SS-R-VTA-----PDES-AN-GDS-T-KQ-TK-TKGL-DL-P-----		129
B.CI.x.EHO	-----I-SO-----RF-----ST-GE-----GEG-----OGLD-Q-----H-----N-----F-----W-DH-----SS-R-VTA-----PDES-TS-GDS-T-KQ-TK-EKGI-DL-P-----		129
B.GH.86.D205_ALT	-----I-K-S--N-SGH-ST-GV-N-OGLD-R-----H-----K-S-----S-L-----R-----SS-R-TT-----P-ESL-A-GDS-T-KQ-KE-TTR-DL-P-----SNTSTSRFAN-----		139
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	-----I-Q-----S-K--P-ST-PVVN-OGLD-Q-----H-----K-D-----L-----DR-----R-SA-R-TTAP-PD-SL-A-GDS-T-KQ-KE-TTGT-D-P-----		129
G.CI.92.Abt96	-----GT-Q-----F-S-----ST-EG-N-RGLD-Q-----H-----R-K-----L-----DH-----SS-R-VTAPT-----ESL-T-A-DG-A-KQ-KE-TTRT-D-----SDTSTS-----		135
AB.CM.03.03CM_510_03	-----S-----K-CR-L--TF-ETVDA-GLEGTA-Q-Y-----S-K-----L-N-V-----P-R-----T-SF-----ES-A-NX-K-K-K-TK-----DL-----		129
H2_01_AB.CI.90.7312A	-----I-QG-S-K-S-P-ST-PVVD-QG-DSO-----H-----K-N-K-----X-L-R-----W-DH-----R-TTA-P-PD-S-T-DS-A-KQ-KE-TTGT-DL-P-----		127
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	-----I-OG-----RF-----ST-VVN-OGLD-Q-----H-----R-N-----L-----DR-----SS-RN-TA-----D-SV-T-NS-T-KQ-KE-TTG-DL-P-----SNTSTS-----		135
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	-----Q-G-SKF-K-H-ST-VVN-OGLD-Q-----H-----G-N-R-----A-L-N-----R-----SS-----TA-----D-SV-T-VGNS-T-KQ-KE-ATR-DL-----SNTSTS-----		133
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	-----Q-G-SKF-K-H-ST-VVN-OGLD-Q-----H-----G-N-K-----A-L-N-----DR-----SS-R-TA-----D-TS-GDS-T-KQ-KE-ATR-D-----SSTSTS-----		135
U.CI.07.07IC_TNP3	-----K-SLSK-CK-P-L-T-E-VRI-----GDKE-----T-K-----L-----R-S-----V-FP-----S-PT-NS-K-KQ-----TTL-ST-----K-----		129
U.FR.96.12034	-----I-K-S--K-CK-Q-ST-G-VG-QG-AA-----S-K-----L-----P-R-----S-V-YS-AP-----SL-G-NS-KEK-KAL-T-----DL-----		128
MAC.US.x.17EC1	-----SGH-----T-A-----L-----		131
MAC.US.x.251_1A11	-----L-----T-----		131
MAC.US.x.251_32H_PJ5	-----L-----T-----		131
MAC.US.x.251_BK28	-----L-----T-----		131
MAC.US.x.MM142_IVMXX	-----L-----T-----		131
MNE.US.02.MNE_8	-----Y-----A-AI-----S-K-H-R-----E-P-I-L-K-----A-----		131
MNE.US.x.MNE827	-----K-G-T-A-P-L-E-----E-----R-----V-----D-----K-EQ-A-----		131
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-----K-G-LSR-C-H-LST-Q-VF-----LGTV-----E-S-R-----L-V-----W-R-R-A-----Y-F-----QS-T-D-NG-T-EQ-K-----TT-DL-K-----		130
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-----SK-GS-R-C-H-T-EAVG-L-SQE-----W-----E-F-K-RS-----L-V-----T-AR-R-P-----H-PFT-OSVP-----S-SK-E-KE-ATT-DL-----		127
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-----K-L-K-CR-PC-ST-EGVO-Q-LDAEE-----T-C-K-F-----L-----PE-TR-AK-I-TDSFPS-S-PT-S-N-K-E+TKK-T-VPD-K-----		130
SMM.SL.92.SL92B	-----TGIO-KG-GK*-RYKRRHC-YTLGM-PIQGLDSO-DQ-PWD-----T-S-F-----F-L-R-----T-AKP-R-VK-----PFDT-OS-SG-N-K-EQ-K-TE-D-DC-----		127
SMM.US.04.G078	-----S-K-C-P--T-M-V-----L-KAE-----W-----K-C-----F-L-R-----F-S-----R-----V-D+SL-E-A-N-P-KEE-K-T-DL-----		130
SMM.US.04.G932	-----K-----S-----LT-AV-----E-S-----F-----L-----O-----R-----I-----F-----L-T-NG-TEKE-K-AT-DL-----		131
SMM.US.04.M919	-----K-----S-----YT-E-VL-----KVE-C-----F-----L-----O-----R-----T-F-----ESP-T-D-NR-K-E-----TE-ADL-----		130
SMM.US.04.M922	-----K-----S-----YT-E-VF-----KVE-W-----S-----L-----H-----R-----V-----F-----ESL-T-A-NR-K-E-----TE-ADL-----		131
SMM.US.04.M923	-----K-S-R-H-S-V-D-----S-E-----K-----H-----O-----R-----T-F-----SL-R-A-DY-K-E-----TE-DL-----		129
SMM.US.04.M926	-----S-R-----H-YT-EAVL-----KVEG-C-----S-A-----L-----PH-R-----V-F-----ESL-T-V-NS-TEK-K-TE-DL-----		131
SMM.US.04.M934	-----S-R-----H-YT-EAVL-----KVE-C-----S-A-----L-----PH-R-----V-F-----ESL-T-V-NS-TEK-K-TE-DL-----		131
SMM.US.04.M935	-----I-WK-----S-R-----H-YT-EAVL-----KVE-W-----S-A-----L-----PH-R-----V-F-----ESL-T-V-NS-TEK-K-TE-DL-----		131
SMM.US.04.M940	-----SL-K-CR-P--T-T-----G-KPE-W-----R-C-----F-----R-----S-R-----V-----D+SL-E-A-NR-P-KEE-K-TT-D-----		131
SMM.US.04.M946	-----S-R-----H-YT-EAVL-----KVE-C-----S-A-----L-----PH-R-----V-I-----F-----SL-T-G-N-KEE-KK-TE-DL-----		131
SMM.US.04.M947	-----K-S-R-----H-YT-EAVL-----KVE-C-----S-A-----L-----PH-R-----V-I-----F-----SL-T-G-N-KEE-KK-TE-DL-----		131
SMM.US.04.M949	-----K-S-R-----H-YT-EAVL-----KVE-C-----S-A-----L-----PH-R-----V-I-----F-----SL-T-G-N-KEE-KK-TE-DL-----		131
SMM.US.04.M950	-----I-K-S--K-CK-L--T-P-VP-G-KP-----W-----E-C-----L-----R-----STK-R-Q-----F-D-S-V-NR-SKEKE-KK-T-D-R-----		130
SMM.US.04.M951	-----S-R-----H-YT-EAVL-----KVE-C-----S-A-----L-----PH-R-----V-I-----F-----SL-T-G-N-KEE-KK-TE-DL-----		131
SMM.US.04.M952	-----I-K-S--K-CK-L--T-P-VP-G-KP-----W-----E-C-----L-----R-----STK-R-Q-----F-D-S-V-NR-SKEKE-KK-T-D-R-----		131
SMM.US.05.D215	-----S-R-----H-YT-EAVL-----KVE-C-----S-A-----L-----PH-R-----V-I-----F-----SL-T-G-N-KEE-KK-TE-DL-----		131
SMM.US.06.FTQ	-----SK-----R-F-L--T-G-N-L-E-----F-----W-----R-----Y-----TAG-R-AK-ITPYSL-SR-S-TSS-DS-KEE-K-AT-DL-----		130
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-----S-K-YK-H-ST-EA-PIQ-QIE-----F-Q-T-C-----L-----R-----V-----T-PLP-----SL-T-A-NR-K-E-----K-TE-DL-----		129
SMM.US.86.CFU212	-----RS-P-S-RY-S--ST-V-VP-Q-VTOE-----W-----M-C-S-R-----L-R-----V-DRP-----V-T-LFT-D-S-T-NS-----E-KE-VST-SDL-----		128
SMM.US.x.F236_H4	-----K-----CR-H-S-V-VP-----E-Y-----T-K-----R-----H-----H-----R-----T-----PFP-----SL-T-A-NR-K-E-----TE-ADL-----		117
SMM.US.x.H9	-----K-S-R-----H-S-V-D-----S-E-----V-----K-----H-----H-----O-----R-----T-----F-----D-SL-X-A-N-K-E-----XE-DL-X-----		129
SMM.US.x.PBJA	-----K-S-R-----H-S-V-D-----S-E-----V-----K-----H-----H-----O-----R-----T-----F-----D-SL-X-A-N-K-E-----XE-DL-X-----		129
SMM.US.x.PGMS3	-----K-----G-----YT-E-VL-----KVE-----C-----P-----K-----R-----H-----H-----O-----R-----T-----F-----P-ESL-T-A-NS-K-E-----TE-DL-----		131
SMM.US.x.SNE543	-----K-----YR-H-S-V-VP-----E-Y-----T-K-----R-----H-----H-----R-----T-----PLP-----SL-T-A-NR-K-E-----K-TE-ADL-----		129
SMM.x.x.pE660.CG7G	-----K-----CR-H-S-V-VP-----E-Y-----T-K-----R-----H-----H-----R-----T-----PLP-----SL-T-A-NR-K-E-----K-TE-ADL-----		129
STM.US.89.STM_37_16	-----K-S-R-S-P--T--V-A--GL-QE-----W-----E-C-K-F-----L-VT-----T-R-----R-----VK-----TYPI-----SL-T-A-NS-K-EQ-KE-TE-EST-----K-----		129

Tat

HIV-2/SIV Proteins

Rev start	exon 1 end	exon 2 start		
MAC.US.x.239	MSNH.EREEELRKRLRLIHLHQTNPYPTGPTANQRQRKRWRRRRQWLLALADRIYSFDPDPTDPLDLAIQQLNLAIESIPDPNTTPEALCDPTEDSRSPQD			107
A.CI.88.UC2	-CEK.AD--QRE--R--YR--G--N-R-R-Q-LR--KLHTA--A-SS-W--H-G-T-REL--DL-S--DSNOGLAET			103
A.DE.x.BEN	-ER.AD--G-QGK--LR--Q--S--N-R-R-Q-LR-V--NKLCV--A-S-R-H-R-T-QEL--DL-S--NSNOGLAET			103
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	-NGR.AD--G-QRKQ--R--Q-L-R-N-R-R-KQKH-R-V-NS-T--A-S-R-R-G-T-QEL--L-SSESTNNNOGLAETVNSLPATWVRVDPSPAGPCKDYERDSCERVERLVGGNGTDRQNGTCSKKDQAGRTCPPV			169
A.GH.x.GH1	-HEK.ADG--QE--R--H--Q--S--N-R-R-Q-LR-V--TKLHTI--S-R-D-R-T-HEL--DL-S--NSNOGLAET			103
A.GM.87.D194	-RDR.AD--G-QEK--R--I--H-Q--S--N-R-R-Q-FR-V--TKLHTI--S-R--G-T-QEL--DL-S--NSNOGLAET			103
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	-TER.AD--GV-RK--R--Q-L-R-N-R-R-E-K-I--A-P-OT--G-T-OTL--T-Q-LAETOGSLPAWVRVDPSPVGPREGYKRDSYERGEELVGGSGTNRKGDTRSSTKDQAGSRNCPV			158
A.GM.x.MCN13	-TGR.AD--RK--R--Q-L-S-N-R-R-KQ-R-V-K-T--A-S-GRT-H-E-T-QDL--SF-SSEGTDSNO_LAKN			107
A.GM.x.MCR35	-TGR.AD--RK--R--Q-L-S-N-R-R-KQ-R-V-K-T--A-S-RT-H-E-T-QDL--SF-SSEGTDSNO_LAKN			107
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	-TER.AD--G-QRK--R--Q--S--N-R-R-KQ-R-I--S-T--A-S-R-H-G-T-QDL--L-SPESTNNSNO_LAEA			107
A.GW.87_CAM2CG	-TER.AD--G-QRK--R--Q--S--N-R-R-KQ-R-I--S-T--A-P-RT-H-E-T-QDL--HP-S--Q_LAEA			100
A.GW.x.MDS	-NER.AD--G-QRK--R--Q--S--N-R-R-KQ-R-I--S-T--A-S-OTV--G-T-QDL--HL-S--Q_PAA			100
A.IN.07.NNVA	-TER.AG--GPERK--R--Q--R-N-R-R-Q-I-I--S-T--A-S-V-OT--G-T-QEL--HP-S--Q_LAEA			100
A.IN.95.CRIK_147	-NER.AD--G-QRK--R--Q--S--N-R-R-Q-L-I-T--S-T--ANS-V-OT--G-T-QEL--HP-S--Q_LAET			100
A.JP.08.NMC786_clone_41	-TER.ADG--LRK--R--Q-L-R-N-R-R-Q-R-V-K--A-S-Q-RD--E-T-QDL--T-Q-LAET			96
A.JT.x.ALI	-TER.AG--D-QRK--R--Q--S--N-R-R-Q-G-IV--FT--ASS-R-V-H-G-T-QDL--DL-SSESADNNOGLAET			107
A.SN.85.ROD	-NER.AD--G-QRK--R--Q--S--N-R-R-KQ-R-I--S-T--A-S-OT-H-G-T-QEL--HL-S--Q_LAET			100
A.SN.86.ST_JSP4_27	-NER.AE--RK--R--Q--S--N-R-R-KQ-R-V-K-T--A-S-EQT-H-G-T-QEL--DL-SSESIDSSO_LAEI			107
B.CI.88.UC1	-TTR.-KD.-Q-G-L--QT--S--N-R-R-K-GL-I--R-LS-S-EE--V-R-E-TV-DL-N--S-T--QAFTICP-VWDQLVPRSNPSSNEGGERDSCERHKSPMESSOKDSSGNHRDPQEDQTRT			150
B.CI.x.20_56	-TTR.-KD.-Q-G-L--QA--S--N-R-R-K-GL-I--R-S-S-EE--V-R-E-T-DL-N--S-TT--QAFAFIP-VWDQLAPRSPSSNEGGERDSCERHKSMPGSSOKNGGNGHRPQENQTRT			150
B.CI.x.EHO	-NAR.-D.-Q-G-L--Q--S--N-R-R-KQ-GL-I--HPL-S-EE--R--I-KDL-N--S-T--QAFTICP-INDQLVPRSNPSSOGCGRDSCEGEDLVGSPQESGRRDHCNTQEDQTRG			150
B.GH.86.D205_ALT	-TAR.-GD.-Q-E-L--Q--S--N-R-R-K-GL-I--H-STA-AEE--N-R--TV-DL-N--P-LNQSPPTTAPGCVV-VWDQLVPRSPAGSGKGYGRNSCECRDLMGSSQESGESNHRDPQENQTRT			153
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	-TTR.-KD.-Q-G-LR--Q--S--N-R-R-GL-I--Q-HPL-S-EE--N--K-TV-DL-T--SI-T--Q-STCIP-INDRLVPRSNPSSDEGCGRDSYKHKRGMGSSQKNSSEGNRRDPQEDQTRTRTRPLVRDAVLQEH			164
G.CI.92.Abt96	--L-E--F--Q--S--N-R-R-KQ-L-I--X-AEE--S-T-QDX-S-AV-KN--QDP-SN			100
AB.CM.03.03CM_510_03	-TTR.-E--L--H--N-R-R-K-GL-I--R-SAA-AEE--N-R--TV-DL-N--TT--QAPVCIP-VWDRLVPRSPAPSSSEGYERDSCCEGRDLMGSSQGGGSDPRDPQKNQTRT			148
H2_01_AB.CI.90.7312A	-TAR.-KD.-Q-G-L--Q--S--N-R-R-K-GL-I--HPL-NS-AEE--RR--TV-DL-N--SS-TT--QAPVCIP-VWDRLVPRSPSSGGYGRDSCHEHREDLMGSSQEDGEGNHRSPQKNQTA			150
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	-NAR.-KD.-Q--L--Q--S--N-R-R-K-GL-I--HPL-NS-AEE--VRR--DL-N--SS-TT--QAPARTP-VWDQLAPRSPSRREGCGRDSYERQDDHMGSSQEDGEGNHRNPQKNQTRT			150
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	-NAR.-KD.-Q--L--Q--S--N-R-R-K-GL-I--HPL-NS-AEE--RR--DL-N--SS-TT--QAPARTP-VWDQLAPRSPSRCEGCGRDSYERQDDLMGSSQKQEGNRRNPQENQTRT			150
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	-TAR.-KD.-Q-G-L--RA--N-R-R-K-GL-I--VHPL-NS-AEE--RR--DL-N--SS-TT--QAPARTP-INDQLAPRSPSRCEGCGRDSYERHQQHMGSSQKQEGNHRNPQKNQTRT			150
U.CI.07.07IC TNP3	-N-P-E--V-R--F--R--N-R-R-Q-L--N-S--A-S--F-S--AEL-E-SGL-S--TDSNQ-TSEA			102
U.FR.96.12034	-P.-EG.VQR--R--N-R-R-Q-L-I--K-T--S-V--G--QDL-E-AVV-H--Q-TSAP			98
MAC.US.x.17EC1	-S--R--K			107
MAC.US.x.251_IA11	-S--R--K			107
MAC.US.x.251_32H_PJ5	-S--R--K			107
MAC.US.x.251_BK28	-S--R--K			107
MAC.US.x.MM142_IVMX	-RS.TG--R--S-S--KR--Q--I--H-NP			107
MNE.US.02.MNE_8	-S.-AE--R--S--N-R-R-Q--F--V--N--V--I--H-NP			107
MNE.US.x.MNE827	-S.-AE--R--S--N-R-R-Q--F--V--N--V--I--H-NP			107
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-DQ.EG--F--Q-T--N-R-R-Q-L-I--N--ANS--V--G-S-DL-E-R-L-TS-SSSO-QD--A			103
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-HED.R-QR--F--Q--N-R-R-Q-L-I--N--A--V-V--S--QDL-E-ATV-T-RSN-TSQ--N			103
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-QRGQE--F--Q--N-R-R-KQ-Y-I--N--A-SF--S-T-DL-E--I-T-KPDQK-P			103
SMM.SL.92.SL92B	-Q-P--R--I--A--S--N-R-R-K-I-IV--A-DI--FDS-S-Q-L-E-T-R-QSA			99
SMM.US.04.G078	-LQ.GE--R--KE--H--R-R-Q-L-I--VSS--V--S--DL-E--V-T-R-S-NP-VH-A			107
SMM.US.04.G932	-SN--G--R--F--C--Q--R-R-Q--I--A-SAF--R--DL--SV--QSA-NP-DH-N			107
SMM.US.04.M919	-SS.AG--R--F--H-Q-T--R-R-R-Q--I--A-S-I--D-SL-N-N-SV--H-I-SP-H-N			107
SMM.US.04.M922	-I.AG--R--F--H-Q--R-R-R-KQ-I--V-S--D-SL-H--AS--T-L-S-S--R			107
SMM.US.04.M923	-SN--R--F--D-T--R-R-R-KQ-I--VN--G--EL-N--AS--P-K-AA-SP-H-S			104
SMM.US.04.M926	-HI.AG--R--F--Q-S--R-R-KQ--I--A--V--S-SL-NL--ASV-T-H-I-SP-H			107
SMM.US.04.M934	-NHI.AG--R--F--Q-A--R-R-Q--I--I-S--V--D-SL-N--GV-T-R-A-SP-H			107
SMM.US.04.M935	-I.AG--R--F--C--Q--R-R-Q--I--H--V-S--D-SL-H--AS--T-L-S-S--R			107
SMM.US.04.M940	-LO.GEG--R--KE--H--R-R-Q-L-I--T-A--S--V--S--DL-E--AGV-T-R-SADNO-H-A			107
SMM.US.04.M946	-NHI.AG--R--F--Q-A--R-R-Q--I--S--V--D-SL-N--SA-T-RGT-SP-H			107
SMM.US.04.M947	-SN--D--R--F--S-E--R-R-Q--I--N-A--V--R--EL--SA-P-K-T-SP-H-N			104
SMM.US.04.M949	-LQ.KE--R--F--SE--R-R-Q--I--V--T-A-S--V--D-SL-E--ASV-T-RGS-DT-H-A			107
SMM.US.04.M950	-HI.AG--R--F--N-Q-T--R-R-Q--I--H--N-A-S--D-SL-N--ASV-T-R-T-SP-H			107
SMM.US.04.M951	-LO.GE--R--F--KE--R-R-Q-L-I--V--VS-A-SS--D-SL-E--SV-T-R-S-NP-H-T			107
SMM.US.04.M952	-NHI.AG--R--F--Q-T--R-R-Q--I--I-S--D-SL-N--SV-T-ST-SP-H			107
SMM.US.05.D215	-ROQ.E--F--A--QA--R-R-R-Q-L-I--VS-LST-VA--S--TDL--ASV-D-RSSPDSP-DH			107
SMM.US.06.FTQ	-P.G--R--F--L-Q-T--N-R-R-Q-L-I--A-S-I--VR--DL-E--ASA-GD-QSVA-SP-H-T			106
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-ST--R--F--Q--R-R-Q--I--VHS--V--G--DL--S--P-N-VAKSP			100
SMM.US.86.CFU212	-TDQ--F--Q--N-R-R-Y-H-I--VHS--V--G--DL--S--P-N-VAKSP			105
SMM.US.x.F236_H4	-ST--R--F--Q--R-R-Q--I--V--G--EL--S--P-N-VAKSP-H-N			104
SMM.US.x.H9	-SN--R--F--XX--R-R-Q--I--A--G--XL-N--ASA-P-K-AA-SP-H-S			104
SMM.US.x.PBJA	-SN--R--F--D--R-R-Q--I--V--R--EL-N--ASA-P-K-AA-SP			100
SMM.US.x.PGM53	-SS.AG--R--F--Q--R-R-Q--I--A-S--V--D-SL-N--SV--NP-R			104
SMM.US.x.SME543	-NAR.-KD.-Q--L--Q--S--N-R-R-K-GL-I--H-STA-AEE--N-R--TV-DL-N--P-LNQSPPTTAPGCVV-VWDQLVPRSPAGSGKGYGRNSCECRDLMGSSQESGESNHRDPQENQTRT			104
SMM.x.x.pE660.CG7G	-ST--R--F--Q--R-R-Q--I--N-A--G--DL--SA-T-K-AKSP-H-N			100
STM.US.89.STM_37_16	-DQ--QF--Q--N-R-R-Q-N--N--AS--V--G-S-QDL--P-L-KD-Q-TA-N			99

Env start	signal peptide end_gp120 start	V1	
MAC.US.x.239	MGLGNGQLLIAILLVSVYGIYCT...LYVTVFYGVPAWRNATIPLF ⁶ ATKNRDTWGTTQ ¹ CLPDNGDYSEVALNVTEFSDAW.NNTVTEQAIEDVWQFETSICK ⁶ VKLSPL ¹ CTMR ¹ CKNKSEDRWGLTKSITTTASTT...STTASAKVDMVNTESSCI	152	
A.CI.88.UC2	-EPGR--AV--T-ACL-K-Q--V-S--I--D-Q-IP-A--D--R--T-VA-N-PVTGNNTNA-AKP-AARP.....NPSYLITII-S-T-V	149	
A.DE.x.BEN	-EPGR--FVV--T-ACLV-S-Q--I-K-S--I--D-Q-II-A--D--V-H-T-VA-N-SRVQGNITTPNPRSSSTTS.....RPPTSAASIT--N-	150	
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	..DSR-IV--T-ACL-A-Q--I-K-S--R--I--D-Q-IP-A--D--V-N-V-T-VQ-E-STS-ESSNS-SEGS.....VPEIL--T-	147	
A.GH.x.GH104	..GKSL-CV-S-A-A-LV-Q--V-S--I--K-D-Q-IT-A--D--V-S-T-VA-S-STTNNTTTTGSTTG.....MSEI--P-S	137	
A.GM.87.D104	-EPGR--V--T-ACL-K-Q--I-S--I--D-Q-IT-A--D--R--T-VA-N-ITSGTATSPRN.....ITII-D-T	138	
A.GM.90.CBL24	..#-VTT-A-ACL-S-K--I-S--I--D-Q-I-A--D--V-S-T-VA-K-NTA-TOR-S-TTS--T-GAM.....EIL--P-V	141	
A.GM.x.CBL21	..#-L-V-S-A-ICL21-Q--I-S--I--D-Q-I-A--D--V-S-T-V-N-TTKNISTTARPTTGISNT.....ESILK-N-	138	
A.GM.x.CBL22	..#-I-V--T-ACLV-Q--I-S--I--D-Q-IT-A--D--H--T-VA-N-T-TRRNMTIAQSIT-AKAVV.....I-D-OP	137	
A.GM.x.CBL23	-MGR--V--T-ACL-N--I-S--I--D-Q-IT-A--D--N--T-VA--NTDARNITPTT.....TA-PRTIKP-TEIS-N-	145	
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	-GSKI--V-F-T-ACL-K--I-V-K-S--I--D-Q-IP-A--D-I-V-N-T-V-N-A-TESAVAT-SPSG.....P-I-D-OP	138	
A.GM.x.MCN13	-MGR--I--T-ACL-N--I-S--I--D-Q-IT-A--D--N--T-VA--NTDARNITPTTAPRT.....IKP-TEIS-N-	145	
A.GW.06.CA65316_9	..#-S--T-A-L-H-K--I-S--I--D-Q-I-A--D--N--T-VA-T-SSTSARSITPTITII-RTSNNTNT.....TLNITTSKNLLEDN-T	150	
A.GW.06.CA65319_7	..#-S-VTL-A-ACL-Q--I-S--I--D-Q-I-A--D--N--T-VA-N-SDTS-STIIN-NTIDNIT.....EIEI-D-P-V	138	
A.GW.06.CA65330_5	..GGR--VT--A-A-L-A-Q--V-K-S--I--D-H-IS-A--D--N-D-L-T-VA-N-SN-TGTGNTT-SGAR.....N-NTTPTLI-K-A-	144	
A.GW.06.CA65409_14	..DGR--F--A-TCL-Q--I-S--I--D-Q-IT-A--D-I--N--T-VQ-A-NT-S-NT-NNS.....TKVATT-KSTNDKSEL-N-P-	147	
A.GW.06.FG_clone_NIHZ	-A-GK--V-A-A-L-H-K-QF--I-K-S--I--D-Q-IT-A--D--V-N-T-VA-N-TRNM-TWT-R-DTON.....ITII-D-T-HA	138	
A.GW.87.CAM2CG	-ERGR--A-ACL-R-QQ--K-S--I--D-Q-IP-A--D-I--N--T-VA-K-I-TS-TIMIRITTPS.....EAPISDN-P	144	
A.GW.87.CAM2env	..GR--A-ACL-K-QQ--K-S--I--D-Q-IP-A--D-I--N--T-VA-K-I-TS-TIMI.....RTITPS-KEAPISDKFP-P	146	
A.GW.x.CA7205_8	..GSKA-A-T-A-L-Q--I-K-S--I--D-Q-I-A--D--V-S-T-VE-S-TNTS-GSTTTPLNT.....TLI--NP	136	
A.GW.x.CA7253	-TSEKT--A-TCLL-K-Q--I-S--I--D-Q-I-A--D--D-KR--T-VA-N-TNVTSTANTIT.....I-STNMI-DS-P-A	140	
A.GW.x.CAM1	-AYKR--T-ACL-K-RKQ--I-S--I--D-Q-IP-A--D--N--T-VA-K-DGNI-STGNT-T-TRAR.....ITSEEK-N-	145	
A.GW.x.CAM3	-TRK--A-L-R-QQ--I-S--I--D-Q-IS-A--D--S--T-VA-K-NTOSSNATE.....PAK-MEINEL-N-P	143	
A.GW.x.CAM4	-A-GKS--T-TCL-A-Q--I-S--I--D-Q-IP-A--D-I--N--T-VA-K-KRMGTNTTA.....TTA--LLNDTLL-S-T-	144	
A.GW.x.CAM5	-T-GR--T-A-LVH-K-Q--V-S--I--D-Q-I-A--D-N-D-V-N-T-K-E-K-LGNATLISN-T.....S-TANLADONTNP	144	
A.GW.x.CAM6	..RKR--I-T-ACL-K-Q--I-S--I--D-Q-IP-A--D--D-V-N--T-VA-N-SR-RPSNSTGNVTT-IPS.....RTAA-TTPGMTVI--P-M	151	
A.GW.x.HD5	-TRKMH--T-ACL-K-PQD--I-S--I--D-Q-IP-A--D--V-N--T-VA-N-KLSDSASTRNTTNA-A-TI.....RTAA-IAPRNTI-N-P	146	
A.IN.87.NWVA	-TRERA-VV--T-TCL-K-QQ--I-K-S--I--D-Q-I-A--D--V-N-T-VA-E-KNR-GNAT-APT-PE.....TNETEIS-NT-V	146	
A.IN.95.CR1K_147	..AHE-T-F-T-ACL-K-Q--I-K-S--R--I--D-Q-IV-A-A-D--N--T-V--T-T-TTAPT-TSAGST.....TP-PI--NT-M	147	
A.JP.08.NMC786_clone_41	..GKIL-IV-S-A-ACLV-K-KQD--V-S--I--N-Q-I-A--D--S--T-VA-S-RTSNPTTPAGTTKS.....FPTPGENKT-NDT	146	
A.PT.00.00PTHCC20_1	..GDR--V--A-ACL-H-K-E--M-K-S--R--I--D-Q-IP-S-A-G-DS--N--T-VA-T	121	
A.PT.03.AB6	..AHKM--T-ACL-K-Q--I-S--I--D-Q-IT-A--D--N--T-VA-N-TRNF-ASRNS-ATRN-TPS-P.....KLGENLEK-N-T	150	
A.PT.92.93PTHDESC_13	-A-GRK--T-IA-A-LV-SSSKO--I-K-S--I--D-Q-IT-A--D--N--T-VA-T-SRNSNTESNT.....NTT-EAPEI-DN	144	
A.PT.98.98PTHDECT_13	..GDR--VT--A-TCL-N-Q--I-K-S--G--I--D-Q-IT-A--D--V-N--T-VA--M--I--N--T-VA-K-SNIS-ESTTSP-PGS.....TLKPLI-SDP	142	
A.PT.x.ALI	-MSSR--V--A-ACLV-K-Q--I-K-S--I--D-Q-I-A--D--V-R--T-VA-K-SST-SSTGNN-T-KS-STT.....PTDQEQEIS-DTP-A	141	
A.SN.85.RD0	-M--A-ACLV-Q--T-K-S--R--I--D-Q-IT-A--D--H--T-VA--SITAKNTIS-PIT--TANTITIG-N	147	
A.SN.86.ST_JSP4_27	..GR-FV-S-A-ACL-V-Q--V-S--I--D-Q-I-A--D--V-S--T-VA--NTG-NTTTPITPTI-T.....TKPSENLL-D-P	148	
B.CI.88.UC1	..AHTS-H-F-LL-I--FLGH-KKN--I--V--T--V--T-TSV-I-A--D--V-S--T-VA--NTN-RTNNT-A-T-GN.....TTPIV-ATP-V	145	
B.CI.x.20_56	..AHINSH--SL-I--CM-K-Q--I--V--A--V--S--T-T-V-I-A--D--V-S--L--T-VA--NTN-RTNNT-A-T-GN.....TTPIV-ATP-V	145	
B.CI.x.EHD	..AHVNL-Y-VTL-I-I-YMKG-NF--I-K-S--R--I--D-Q-IT-A--D--D-TK-S--T-VA-K-TWSASKE-TTSSA--N.....SLR-STOTLI-D-K	146	
B.GH.86.D205_ALT	..AYFSSR-P-L-IGIS-FV-K-Q--I--V--I--T--V--T-IR-I-A--D--Q-QD-R--T-VA-N-S-T-NPGNASSTT-KPT.....T-RGLKTI-DP	148	
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	..AHINKY-FA-L-I-FMGE-DF--I-K-V--I--I--V--D-D-I-I-A--D--VA-N--T-VA-N-SNLN-TANT-ANNI-A.....KNIS-L-GND	144	
B.x.06.8704A_06_01	..AYSSSR-L-I-I-V-R-Q-I--I-K-V-L-T--V--N-T-TK-I-A--Q-QD-R--T-VA-W-F-NG-NGTNOERTNI.....STII--DP	140	
G.CI.92.Abt96	..AY--T--T-F-K--I--SV--I--L-A--D--V-N--T--T--A--T-NK--GTT-V-PA-V.....P-KMVTAL-S-Q-L	152	
AB.CM.03.03CM_510_03	..AYSSSC-P-TL--IC-FT-K-Q-I--I-X-S--I--D-Q-IT-A--X--R--T-VA-N-TTT-ATPQNT-TRN.....TTIIEDNDP	138	
H2_01_AB.CI.90.7312A	..GK-L-FV-S-A-A-L-K--V-S--I--D-Q-I-A--D--V-S--T-VA-S-SITTATTPPTTNN--TT.....EPTTGPEI--FP-M	147	
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	..GK-L-FV-S-A-ACL-S-KK--V-S--I--D-Q-I-A--D--V-S--T-VA-N-TNITSNTNP-P-NI.....EGPTLI--P	141	
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	..GK-L-FV-S-A-ACL-SA-KQ--V-S--I--D-Q-I-A--D--V-N--T-VA-N-TNITSNTNP-SPNI.....EGPTLI--P	141	
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	..WGK-L-F-S-A-ACL-S-KK--V-S--I--D-Q-I-A--D--V-N--T-VA-N-TNIASNTISASPP.....SPTTEGLI--	143	
U.CI.87.07IC_TNP3	..AY--L-C-NACV-Q--I--V--D--L-I-A--D--V-N--T--T--A--T-K-GTAA-T-P-N.....TTANITGRSEEL-G-DP	154	
U.FR.96.12034	..A--L-C-NACV-Q--I--V--D--L-I-A--D--V-S--T--T--A--S-T-N-GTAA-T-P-N.....AMDESKVI--EP	149	
MAC.US.x.251_1A11			
MAC.US.x.251_32H_PJ5			
MAC.US.x.251_BK28			
MAC.US.x.750_p413			
MAC.US.x.MM142_IVMXX			
MNE.US.x.MNE027			
SMM.CI.79.SIVsmCI2			
SMM.LR.89.SIVsmLIB1			
SMM.SL.92.SIVsmSL92A			
SMM.SL.92.SL92B			
SMM.US.04.G078			
SMM.US.04.G932			
SMM.US.04.M919			
SMM.US.04.M922			
SMM.US.04.M923			
SMM.US.04.M926			
SMM.US.04.M934			
SMM.US.04.M935			
SMM.US.04.M940			
SMM.US.04.M946			
SMM.US.04.M947			
SMM.US.04.M949			
SMM.US.04.M950			
SMM.US.04.M951			
SMM.US.04.M955			
SMM.US.05.D215			
SMM.US.06.FTQ			
SMM.US.07.FBR_365wp1			
SMM.US.07.FFR_365wp1			
SMM.US.08.FTV_32wp1			
SMM.US.10.FJV_154wp1			
SMM.US.10.FPY_154wp1			
SMM.US.06.CFU212			
SMM.US.x.F236_H4			
SMM.US.x.PGM53			
SMM.US.x.SME543			
STM.US.89.STM_37_16			

	V3 tip										V4										
	V3										V4										
MAC.US.x.239	TMKCR	RRP	GNK	TVLP	VTI	MS	GL	V	F	H	S	461
A.CI.88.UC2	-H-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	453
A.DE.x.BEN	-R-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	454
A.DE.x.PET2 KR KRCG	-H-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	455
A.GH.x.GH104	SIH-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	456
A.GM.87.CBL24	-H-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	457
A.GM.x.CBL21	-IH-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	458
A.GM.x.CBL22	-IH-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	459
A.GM.x.CBL23	-IH-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	460
A.GM.x.ISY 5BL 6669 85	-IL-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	461
A.GM.x.MCN13	-IH-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	462
A.GW.06.CA65316 9	-IY-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	463
A.GW.06.CA65319 7	-H-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	464
A.GW.06.CA65330 5	-Y-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	465
A.GW.06.CA65409 14	-H-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	466
A.GW.06.FG clone NIH2	-H-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	467
A.GW.87.CAM2CG	S-Y	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	468
A.GW.87.CAM2env	S-Y	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	469
A.GW.x.CA7205 8	-H-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	470
A.GW.x.CA7253	SLH-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	471
A.GW.x.CAM1	-VH-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	472
A.GW.x.CAM3	SLH-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	473
A.GW.x.CAM4	SVH-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	474
A.GW.x.CAM5	-H-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	475
A.GW.x.CAM6	LH-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	476
A.GW.x.MD5	SLH-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	477
A.IN.87.NNVA	SIY-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	478
A.IN.95.CR1K 147	SIH-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	479
A.JP.08.NMC786 clone 41	SIH-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	480
A.PT.00.00PTHCC20 1	-H-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	481
A.PT.03.AB6	-H-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	482
A.PT.92.93PTHDESC 13	LHRK	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	483
A.PT.98.98PTHDECT 13	-R-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	484
A.PT.x.ALI	-H-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	485
A.SN.85.ROD	SLH-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	486
A.SN.86.ST JSP4 27	-VH-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	487
B.CI.88.UC1	-H-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	488
B.CI.x.20 56	-H-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	489
B.CI.x.EHD	-H-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	490
B.GH.86.D205 ALT	SIH-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	491
B.JP.01.IMCJ KR020 1	-IH-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	492
B.x.06.8704A 06 01	SIH-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	493
G.CI.92.Abt96	-IX-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	494
AB.CM.03.03CM 510 03	-H-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	495
H2 01 AB.CI.90.7312A	-IH-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	496
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	-H-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	497
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	-H-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	498
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10	-H-K	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	499
U.CI.87.07IC TNP3	-VR-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	500
U.FR.96.12034	-Y-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	501
MAC.US.x.251 1A11	-I-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	502
MAC.US.x.251 32H P35	-I-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	503
MAC.US.x.251 BK28	-I-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	504
MAC.US.x.750:p413	-I-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	505
MAC.US.x.MM142 IVMXX	-I-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	506
MNE.US.x.MNE027	-I-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	507
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-R-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	508
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-IR-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	509
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	ELH-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	510
SMM.SL.92.SL92B	-IR-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	511
SMM.US.04.G078	-IR-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	512
SMM.US.04.G932	-R-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	513
SMM.US.04.M919	-R-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	514
SMM.US.04.M922	-IR-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	515
SMM.US.04.M923	-R-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	516
SMM.US.04.M926	-R-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	517
SMM.US.04.M934	-R-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	518
SMM.US.04.M935	-IR-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	519
SMM.US.04.M940	-IR-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	520
SMM.US.04.M946	-R-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	521
SMM.US.04.M947	-R-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	522
SMM.US.04.M949	-IA-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	523
SMM.US.04.M950	-R-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	524
SMM.US.04.M951	-R-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	525
SMM.US.04.M952	-IR-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	526
SMM.US.05.D2115	-IR-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	527
SMM.US.06.FTQ	-I-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	528
SMM.US.07.FBR 365wp1	-R-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	529
SMM.US.07.FFR 365wp1	-R-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	530
SMM.US.08.FTV 32wp1	-R-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	531
SMM.US.10.FJV 154wp1	-R-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	532
SMM.US.10.FPY 154wp1	-R-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	533
SMM.US.06.CFU212	-IR-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	534
SMM.US.x.F236 H4	-IR-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	535
SMM.US.x.PGM53	-IR-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	536
SMM.US.x.SME543	-S-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	537
STM.US.89.STM 37 16	-S-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	538

	V5	gp120 end	gp41 start				
MAC.US.x.239	TVTSLIANIDW...	IDGNQTNITMSAEVAELYRLELGDYKLVETPIGLAPTQVKRYTTGG.	TSRNKRGVFLVGLGFLATAGSAMGAASLT	LAQSRLLLAGIVQQQQQLLDVVKRQQLRLTLVWGKTNQLQTRVTAIEKYLKDAQLNAGWCAFRQVCHTTVPW...	623		
A.CI.88.UC2	I-T	I-F	SE-SSA	PA-L	S-A		
A.DE.x.BEN	I-I	I-DKNRTH	F-F	OR-SST	PV-M		
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	I-M	I-FD	S-F	SE-SSA	PQ-V		
A.GH.x.GH1	I-V	I-NS	F-F	RE-SSA	PV-M		
A.GM.87.D194	I-S	I-N	F-F	KE-SSA	PV-M		
A.GM.90.CBL24	I-V	I-EN	F-F	SEQ-LSS	PK-M		
A.GM.x.CBL21	I-T	I-Y	D-F	S-SSA	PG-P		
A.GM.x.CBL22	IL-V	I-N	F-F	TE-SST	PM-M		
A.GM.x.CBL23	I-AN	I-N-D	F-F	AE-SST	PM-M		
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	I-V	I-DGD-R	F-F	AE-SSA	PG-H-L		
A.GM.x.MCN13	I-A	I-N-N	F-F	AE-SST	PM-M		
A.GW.06.CA65316_9	I-V	I-DENNT	F-F	SER-SST	PV-M		
A.GW.06.CA65319_7	K-I	I-V	K-E	F-F	S-SSA	HG-HT-M	
A.GW.06.CA65330_5	I-NEDK	I-K-K	F-F	G-F	I-F	EE-SST	PV-M
A.GW.06.CA65409_14	A-I	I-VMG	I-R	F-F	S-SSA	HQ-P-M	
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	I-A	I-D	F-F	A-F	S-SSA	HQ-HT-M	
A.GW.87.CAM2CG	I-E	I-R-NOT	F-F	D-F	F-SQ	SPA-HG-P-A	
A.GW.87.CAM2env	I-ER	I-NOT	F-F	D-F	F-SQ	SPA-HG-P-A	
A.GW.x.CA7205_8	I-IR	I-E	F-F	F-F	KER-SST	OG-M	
A.GW.x.CA7253	D-I	I-K-G	F-F	S-F	TE-SPW	HG-P-M	
A.GW.x.CAM1	I-TDM	I-N-TE	F-F	F-F	TE-SSA	HG-Q-M	
A.GW.x.CAM3	I-VE	I-A	F-F	F-F	SE-SSA	HK-HT-M	
A.GW.x.CAM4	I-MR	I-NDS	F-F	I-V	F-Q	SPA-PT-S	
A.GW.x.CAM5	I-ETNM	I-HKT	F-F	D-K	F-SE	SSA-PG-M	
A.GW.x.CAM6	I-NV	I-NOTS	F-F	G-F	F-EQ	SSD-HG-O	
A.GW.x.MDS	I-D	I-KD	F-F	D-F	F-PE	SSA-HG-H	
A.IN.07.NNVA	I-EE	I-N	F-F	V-F	F-PE	SFA-SR-OT-M	
A.IN.95.CR1K_147	I-VN	I-E-K-R	F-F	G-D	V-F	SE-SS-#	
A.JP.08.NMC786_clone_41	I-M	I-GK-S	F-F	V-F	F-SQ	SST-PG-L	
A.PT.00.00PTHCC20_1	I-EVRNASOE	I-AF	F-F	V-F	F-SQ	SSA-PG-G	
A.PT.03.ABG	I-EMTK	I-F	F-F	F-F	SER-SSA	HR-OT-M	
A.PT.92.93PTHDESC_13	S-S	I-F	F-F	F-F	PQ-SSA	PG-G-M	
A.PT.98.98PTHDECT_13	I-T	I-x.ALI	F-F	F-F	SER-SST	PR-M	
A.PT.x.ALI	I-T	I-F	F-F	F-F	KE-SSA	HG-HT-M	
A.SN.85.ROD	I-QNN	F-F	F-F	F-F	SSA		
A.SN.86.ST_JSP4_27	I-G	I-GE	F-F	I-V	F-P	SSA-PV-M	
B.CI.88.UC1	S-V	I-VYDGDNDTK	I-G	F-F	ET-SST	P-M	
B.CI.x.20_56	I-E	I-S-E	F-F	F-F	NI-SSA	P-R-M	
B.CI.x.EHD	I-N	I-K-L	V-F	G-K	F-SI	SSV-P-M	
B.GH.86.D205_ALT	I-NS	I-NST	SV-S	F-F	R-SSV	KP-M	
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	I-TNN	R-F	S-F	F-F	S-SSA	P-M	
B.x.06.8704A_06_01	I-ES	I-GN-T	SV-S	F-F	S-SSV	KP-M	
G.CI.92.Abt96	I-EE	I-NRSN-H	IF-F	F-F	N-SSV	PK-M	
AB.CM.03.03CM_510_03	I-T	I-K	F-F	I-F	TEG-SST	PG-M	
H2_01_AB.CI.90.7312A	I-V	I-DVGN-R	F-F	I-V	F-SE	SST-PG-H	
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	I-GP	I-DNIS	F-F	I-V	F-GE	SSA-PG-H	
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	I-R	I-DNSS-A	F-F	I-V	F-GE	SSA-PG-H	
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	I-L	I-T	F-F	I-V	F-EE	SSA-PE-H	
U.CI.07.07IC_TNP3	M-T	I-T-R	S-F	R-F	S-SSA	P-M	
U.FR.96.12034	M-R	I-NK	S-F	R-F	S-SSV	P-M	
MAC.US.x.251_1A11	T-T	F-F	F-F	N-R	F-F	F-F	
MAC.US.x.251_32H_PJ5	T-T	F-F	F-F	F-F	F-F	F-F	
MAC.US.x.251_BK28	T-T	F-F	F-F	F-F	F-F	F-F	
MAC.US.x.750.p413	T-T	F-F	F-F	F-F	F-F	F-F	
MAC.US.x.MM142_IVMXX	N-T	T-S	F-F	N-F	F-F	F-F	
MNE.US.x.MNE027	N-T	S-F	F-F	N-F	F-F	F-F	
SMM.CI.79_SIVsmCI2	N-N	I-G	F-F	F-F	N-SSAT	PA-M	
SMM.LR.89_SIVsmLIB1	N-N	I-E	F-F	F-F	N-SSA	P-M	
SMM.SL.92_SIVsmSL92A	D-N	I-NE	F-F	F-F	N-SSA	P-M	
SMM.SL.92_SL92B	N-N	E-F	F-F	F-F	H-S	K-M	
SMM.US.04.G078	N-N	E-F	F-F	F-F	M-S	F-F	
SMM.US.04.G932	E-E	I-NK	D-A	F-F	M-S	A-M	
SMM.US.04.M919	E-K	I-NSN	F-F	F-F	N-R	TS-A	
SMM.US.04.M922	E-ES	I-RD	F-F	F-F	N-R	NA-M	
SMM.US.04.M923	E-N	I-ND	E-F	Q-F	G-R	T-A	
SMM.US.04.M926	I-D	I-K-E	F-F	F-F	M-N	TS-A	
SMM.US.04.M934	N-Y	I-DKEK-T	D-F	F-F	S-AS	A-M	
SMM.US.04.M935	E-HD	I-E	F-F	F-F	N-R	NT-AP	
SMM.US.04.M940	E-YK	I-E	F-F	G-F	M-S	S-M	
SMM.US.04.M946	EYD	I-EHKNKCT	F-F	F-F	S-A	A-M	
SMM.US.04.M947	N-E	I-V-N	V-F	F-F	S-T	A-M	
SMM.US.04.M949	I-I	I-NE	G-F	F-F	M-S	S-M	
SMM.US.04.M950	D-Y	I-VSSK-E	F-F	G-F	S-TS	A-M	
SMM.US.04.M951	N-I	I-EM	NKD-L	G-F	M-S	NS-TS	
SMM.US.04.M952	N-I	I-Y	V-KDE	F-F	S-TS	A-M	
SMM.US.05.D215	I-E	I-LNN	E-F	D-F	S-Q	QR-M	
SMM.US.06.FTQ	I-Y	I-R	F-F	F-F	S-SVT	P-M	
SMM.US.07.FBR_365wp1	S-L	I-TM	I-NSD-E	G-D	T-R	T-A	
SMM.US.07.FFR_365wp1	M-L	I-NSNDE	G-D	F-F	N-R	T-AP	
SMM.US.08.FTV_32wp1	L-E	I-RNNSD	G-D	F-F	S-R	T-A	
SMM.US.10.FJV_154wp1	L-TM	I-NND	E-F	G-D	S-R	T-A	
SMM.US.10.FPY_154wp1	L-M	I-NSD	E-F	G-D	S-R	T-A	
SMM.US.86.CFU212	E-Y	I-K	F-F	I-F	N-TT	A-M	
SMM.US.x.F236_H4	E-NS	E-F	F-F	I-F	S-R	T-A	
SMM.US.x.PGM53	D-N	I-E	F-F	F-F	S-R	T-A	
SMM.US.x.SME543	E-NN	E-F	F-F	F-F	R-T	A-M	
STM.US.89.STM_37_16	I-T	I-TNN-E	A-F	F-F	N-S	T-M	

MAC.US.x.239	PNASLTPKNNETWQEWKRVDFLEENITALLLEEAIQIQEKNMYELQKLNWSWDFGNWFLDASWIKYIQY.GVYIVGVILLRIVYIVQMLAKLRQGRYPVFSPPSYFOQTHTQO.DPALPTREGKRDGGEGGNSSWPQWIEYIHFLIRQLIRLLTWLFSNCRRL	790
A.CI.88.UC2	V-D--R--M--KQ-RY-A-SQS-----T-----I-A-A-V-L-SRF-K-----G-L-I-HT--RGQ-AN-ET-G-A-DAS-YDF--P-N-QL--HL-T---G-Y-I--D-	780
A.DE.x.BEN	V-D--S-D-K-M--KQ-RY-A-SQS-----IL--T-V-----H-I-A-A-V-L-SRF-K-----G-L-I-HK--RGQ-AN-T-E-V-GDS-YDL--P-N-VQ--HL-T--IG-YNI--D-	775
A.DE.x.PET2_KR_KRCG	E-N-IV-D-M--QOTRD-A-SRS-Q-----T-----VII-I-A-A-V-L-SRF-K-----G-L-I-HK--WEO-D-ETDE-A-NSI-D--P-A-----G-Y-Y-KD-	768
A.GH.x.GH104	V-D--S-D-M--KQ-RY-A-SQS-Q-----T-----I-G-A-A-V-L-SRF-K-----G-L-I-HT--RGQ-AN-T-E-DRDDO-YDL*-P-N-----HL-T--G-YKI--D-	766
A.GM.87.0104	V-D--S-D-M--KQ-RY-A-SQS-Q-----T-----I-G-A-A-V-L-SRF-K-----G-L-I-HT--RGQ-AN-T-E-ADG-FGL--PLN-Q--HL-T--G-YNS--D-	765
A.GM.90.CBL24	V-D-Q-D-M-Q-HO-RY-A-SD-Q-----T-----VII-I-A-IV-V-SRF-K-----G-L-I-THR--HWEQ-D-GET-E-V-DNV-T-L-P-----IG-YNI--D-	772
A.GM.x.CBL21	V-DT-Q-D-M-K-QOIRY-A-ST5-Q-----T-R-----I-A-I-V-SRF-K-----P-A-L-V-HK--HRGO-PS-ET-E-V-DSV-D--*P-A--L--IG-YNI--D-	772
A.GM.x.CBL22	V-D--R-D-M--QOIRY-A-SGO-Q-----T-----F-I-VA--V-SRF-K-----G-V-I-HK--WEO-D-ET-E-V-DNA-S--*P-R--V--Y-S-D--	768
A.GM.x.CBL23	V-DT-E-M--G-IRD-A-S00-Q-----T-----II-IVV--V-SRF-K-----G-L-I-HK--WEO-A-ET-E-V-NNV-D-L-P-R-H--G-YNI--D-	769
A.GM.x.ISY1_SBL_6669_85	V-DT-E-M--G-IRD-A-S00-Q-----T-----M-II-IVV--V-SRF-K-----G-L-I-HK--WEO-D-ET-E-V-NDV-SR--P-A--L--AG-YNI--D-	770
A.GW.06.CA65316_9	V-DT-E-M--G-IRD-A-S00-Q-----T-----II-IVV--V-SRF-K-----G-L-I-TPR--NWEQ-D-GEI-EGV-DNV-D-LH-P-A--L-Q--G-Y-I--D-	788
A.GW.06.CA65319_7	V-DT--D-M--QO-RY-A-SQS-Q-----T-----N-LS--T-G-----I-IVI--V-SRF-K-----L-G-I-I-HK--QEO-A-ET-E-V-IN-DR--P-A-L--HL--R-YNI--N-	766
A.GW.06.CA65330_5	V-DT-Q--D-M--D-QO-RH-A-SD-Q-----G-V--T-VR-----I-IVAF--V-SRF-K-----G-I-I-HK--REO-A-ET-E-V-DNA-D-L-P-A--L--IG-YNI--D-	771
A.GW.06.CA65409_14	V-D--D-K-M--E-TRY-A-SQS-Q-----T-----I-IVV--V-SRF-K-----G-V-I-HK--LEO-AN-ET-E-V-SN-DRY--P-A-T--L--R-YNI-SS-	789
A.GW.86.FG clone NIH2	V-DT-K-M--Q-RY-A-SQS-Q-----T-----I-IVV--V-SRF-K-----G-I-I-HK--QEO-A-ET-E-V-SN-DR--P-A--L--G-YNI--D-	767
A.GW.87.CAM2CG	A-E--D-M-QO-RY-A-SQS--L-----N-T--T-S-----I-V-V-SRF-K-----S-G-I-I-HK--EO-AS-ET-E-V-GN-DR--P-A--L--G-YNI--N-	777
A.GW.87.CAM2env	A-E--D-M-QO-RY-A-SQS--L-----N-T--T-S-----I-V-V-SRF-K-----G-I-I-HK--EO-AS-ET-E-V-GN-DR--P-A--L--G-YNI--N-	761
A.GW.x.CA7205_8	V-DT-I-N-M--NO-R-A-SD-Q-----T-----F-II-IAF-V--V-SRF-K-----G-I-I-HK--WEO-G-ETGE-A-SV-DNWL--P-R--L--R-HNI--D-	764
A.GW.x.CA7253	V-DT-M-D-K-M-K-EQIRY-A-SQS-Q-----T-----I-A-V--V-SRF-K-----G-I-I-HK--GOEQ--T-E-V-DN-DR--P-A-L--L--IT-YNS--D-	768
A.GW.x.CAM1	V-D--D-A-M--Q-RY-A-SQS-Q-----R-----I-V-A-VI-SRF-K-----G-I-I-HK--LEOLA--ET-E-V-SNV-DRF--P-A--L--R-YNS--D-	776
A.GW.x.CAM3	V-D-M--D-M--Q-HY-A-SEM-Q-----I--T-R-----I-V-A-VI-SRF-K-----G-I-I-HK--QEO-D-ET-E-V-IN-DR--P-A-T--L--R-YNS--D-	778
A.GW.x.CAM4	V-D--N-M--LRTRY-DA-S0-Q-----S--T-R-----I-VV--ISR-K-----G-L-I-HT--KEO-A-GET-E-V-DNV-D-L-P-A-L--L--R-Y-S-D--	778
A.GW.x.CAM5	T-D--D-M--H-IRD-A-SDS-Q-----S--T-R-----F-II-VA--V-SRF-K-----G-I-I-HK--WEO-ANGET-G--NNA-DN--R--G-YNS--N-	771
A.GW.x.CAM6	V-D--D-M--QO-RY-A-SQS-Q-----Q-----I--T-L-V--C-A-I-V--V-SRF-K-----G-I-I-HK--LEO-AN-T-E-V-NN--YR--P-A--L--R-Y-S-D--	780
A.GW.x.HD5	V-S-E-D-E-M--QO-RY-A-SQS-Q-----Q-----I--T-L-V--C-A-I-V--V-SRF-K-----G-I-I-HK--REO-A-ET-E-V-GN-DR--P-A--L--R-YNS-KD-	775
A.IN.87.NWVA	E-DT-V-N-K-M-CK-QO-RH-A-SQS-Q-----I--T-----I-A-V-L-SRF-K-----G-I-I-HK--WEO-D-T-E-V-DN-V--P-A--L--R-YNS-KD-	777
A.IN.95.CR1K_147	V-D--D-K-M--*QO-RY-A-SQS-Q-----S-----T-----C-I-V-V-SRF-K-----G-I-I-HK--LEO-A-I-E-V-DN--YR--*P-A--HL--R-YNS-KD-	777
A.JP.08.NMC786 clone_41	V-D--S-D-M-QO-HOIS-A-SEK-Q--L-----S--T-R-----F-IA-A-V-SRF-K-----G-I-I-HK--WEO-D-T-E-A-DNV-D-L-P-R--R--R-YEI-S-	777
A.PT.00.00PTHCC20_1	V-D-IQ-N-M--QO-LO-RD-V-SD-Q-----N-S--T-VS-R-CR--IA-VA--L-SRF-K-----G-I-I-SK--REO-P-EI-E-A-SNV-D--P-A--L--G-YNI--D-	739
A.PT.03.ABG	V-D--D-M--QO-RY-V-SQS-Q-----N-S--T-V--IVV--V-SRF-K-----G-V-I-SK--REO-A-GET-E-V-DN--Y--P-A--L--G-YNI--D-	782
A.PT.92.93PTHDESC_13	V-D-K-M--*QO-RY-A-SQS-Q--L-----L--T-R-----I-VA-V--V-SRF-K-----G-I-I-HK--GO-A-ET-E-V-DN-DRY--P-T-L--L--H-S-SN-	782
A.PT.98.98PTHDECT_13	V-D-IQ-D-K-M--LR-RD-V-SD-Q-----S--T-VS-R--IA-IVA--L-SRF-K-----G-I-I-HK--LEO--GET-E-V-SNV-DNF--P-A--L--L--IG-YNI--D-	737
A.PT.x.ALI	V-N-K-D-D-M--QO-RY-A-SEQ-R-----T-----S--T-L-TA-V--V-SRF-K-----G-I-I-HK--QEO--GET-E-V-DNV-DRL--P-A-L--HL-A--IG-Y-I--D-	773
A.SN.85.ROD	V-D-A-D-D-M--KQ-RY-A-SKS-Q-----I--T-V--L-I-A-A-V-SRF-K-----G-I-I-HK--RGQ-AN-ET-E-SN-DRY--P-A--L--R-Y-I--D-	776
A.SN.86.ST_JSP4_27	V-DT-D-M--QRIRN-A-SES-Q-----I-HK--T-----I-V--V-SRF-K-----A-I-HK--REO-A-ET-E-V-NSV-DNW--P-R--NR-YNI--D-	770
B.CI.88.UC1	-ET--D-E-M--QO-KR-N-DA-----R-----FT-MA-RL--L-V-A-L-V--M--R-K-----T-IP-RK--HRGO-AN-ET-DE-NE-AYR-----A--RN--I-YNG--N-	779
B.CI.x.20_56	-E--N-TDM--QO-E-HY-DA-Q-----H--I-S--FT-MA-RL--L-V-L-V--VI--R-K-----T-IP-RK--HRGO-AN-ET-DE-RE-DYR-----A--RN--I-YNG--N-	769
B.CI.x.EH0	V-E-K-D-M-QO-R-DA-K-----Q-I-S--FT-MA-RL--L-I-IVV-A-VI--R-K-----T-IP-RK--RGQ-AN-ET-EG-NNE-YR-----P--RD--I-Y-G--	774
B.GH.86.D205 ALT	-ET--N-M--QO-KO-H-DA-----I--T-----HL-L-A-LVV--V--R-K-----T-IP-RK--RGQ-AN-ET-EG-ND-DYR-----L--RN--I-YNG--	778
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	-KNF--N-D-M-QO-KO-R-D-K-V-----E-K--Q-I-S--FT-A-I-L-VI-LVV--L--R-K-----V-IP-RK--GQGR-AS-ET-EG-DDEYR-----R--L--RN--I-YNS-S-	777
B.x.06.8704A_06_01	-ET-K-D-M-QO-QNS-A-----T-----HI-L-A-L-V-AV--R-K-----T-IP-RK--GRGO-AN-ET-EG-DD-DYR-----R--L--RN--I-YNG--	781
G.CI.92.Abt96	A-KT-E-Q-M--KOIN--D-R-----S--T-R-VYL--L-V-A-V--V-I-GR-----X--V-I-RK--OEX-K-EI-GES-NK-YR-----X-GN--Y--A--	795
AB.CM.03.03CM_510_03	V-E--N-D-M-QO-E-RD-A-SQI-Q-----S--T-R-VV--A-VV-A--V-SR-K-----SG-V-I-HT--OGQ-S-ET-EG-ND-DYR-----V-L--RN--I-YNG--	768
H2_01 AB.CI.90.7312A	V-D--D-M-QO-KOIR-D-A-SES-Q-----V-----V-IVA-VI-V-IGR-K-----G-IR-HK--QEO-AN-ET-EG-ND-YR-----R--RN--I-YDG--	779
H2_01 AB.JP.04.NMC307_20	V-D-A-D-D-M-QO-KOIRY-A-SES-Q-----T-----L-IVA-I-V-L-GR-R-----G-L-IR-HK--GREG-AN-ET-EG-SDE-YR-----R--RN--I-YEG--	773
H2_01 AB.JP.07.NMC716_01	V-D-A-D-D-M-QO-KOIRY-A-SIS-Q-----T-----L-IVA-I-V-L-GR-R-----G-L-IR-HK--GREG-AN-ET-EG-SDE-YR-----R--RN--I-YEG--	770
H2_01 AB.JP.08.NMC842_10	G-D--D-M-QO-TOIRY-A-SES-Q-----T-----L-IVA-LT-V-L-GR-R-----G-L-I-HE--HRGO-N-ET-EG-SDE-YR-----R--RN--I-YEG--	777
U.CI.87.07IC_TNP3	V-N-Q-D-M--V-KD-----Q-----Q-----L-T-V-VYL--F-V-A-I-G-VI--V-L-SR-K-----L-V-I-TH--QEO-K-ET-G--DNV-FN-----L--H--Y-S-D--	785
U.FR.96.12034	I-DT--N-D-M--E-NY--Q-A-----N-I--T-V-VYL--L-V-A-I-I--V-L-GS-K-----H-VE-IP-R--QEO-KGEI-ECA-DS-YR-----R--H--Y-S-D--	793
MAC.US.x.251_1A11	-----D--D-----Q-----G-----	788
MAC.US.x.251_32H_PJ5	-----D--D-----Q-----G-----	789
MAC.US.x.251_BK28	-----D--D-----Q-----G-----	791
MAC.US.x.750_p413	-----N--D-----Q-----G-----	793
MAC.US.x.MM142_IVMXx	-----D--D-----Q-----G-----	792
MNE.US.x.MNE027	-----N-----R-----Q-----K-KG-GS-----	793
SMM.CI.79.SIVsmCI2	E-NT-Q-D-M--I-IRD-A-SES-----FT-V-YI--F-V-I-G--IV-LI-L-G--K-----V-I-HK--GOER-N-T-E-EG-DN-YR-----H--YN--D--	800
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-KT-Q-N-E-M--A-Q-----T-V--MV-L--G-M-VI--L-R-----H-IRT--Q-Q-IRK-I-EG-DN-YR-----H--YN--AW--	789
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-D--D-M--A-LM-----V-L--I-IV--I-VI--SR-K-----T-THK--VOE-K-IDEE-NS-TR-----H--YN--A--	796
SMM.SL.92.SL92B	-D--V-D-M--K-E-A-OM--RL-----T-VR--FL-I-IV--V-SR-K-----H-I-R--OE-AK-T-GE-N-YRL-----I--YN-LTR--	797
SMM.US.04.G078	-D--N-M--Y-A-EM-----S--T-R--L-I-F--V--K-----T-H-IP-RK--SOE-KG-E-GE-DS-YR-----V--N--AW--	801
SMM.US.04.G932	-DT-I-D-M--K-N-A-SLM-----N--R-----I-I--FSR-GK-----H--PVHK--QER-NGEG-E-GN-R-----YDS--	797
SMM.US.04.M919	-V-S-M-K-Q-A-Q-----NI--T-----L-L-VG--V-V-----P-A--IP-HK--GOEPL-K-E-GE-DR-R-----N--Y--	804
SMM.US.04.M922	-T-L-N-E-M--N-A-Q-----I--T-----L-L-G-K--V--R-----A-V-IP-HK--GOEP-K-E-G-NR-SR-----NS--C--	803
SMM.US.04.M923	-DT--D-M--KO-N-A-Q-----T-R-----L-L-G--L-TR-----A-V-IP--T-GOG-K-E-G-NR-R-----NS--DW--	801
SMM.US.04.M926	-D-I-D-M--A-M-----I--V-I--V-R-K-----T-I-IP-HK--GOEO-NGEE-EN-DR-R-----NS--AC--	802
SMM.US.04.M934	-G-V-D-M--A-M-----T-----I-V--M--V-R-K-----P-T-I-IP-HK--GOEP-KG-E-E-DR-R-----C--	795
SMM.US.04.M935	-ET-V-N-S-M--Q-A-Q-----I--T-R--L-L-VG--V-R-K-----A-V-IPVHK--GOEP-K-E-G-DR-SR-----S--C--	796
SMM.US.04.M940	-DT-I-D-M--A-LM--V-----S--T-----FL-I--V--R-K-----A-H-IP-RK--SOEP-K-G-GE-DN-YR-----L--N--AW--	810
SMM.US.04.M946	-D-V-D-M--A-M-----T-----V--M--V-R-K-----P-T-I-IP-HK--GOE-KG-E-E-DR-R-----N--C--	804
SMM.US.04.M947	-ET-N-M--Q-A-Q-----I--T-R--L-L-G--V-R-K-----P-V-V-IP-L-K--GOE-Q-K-E-G-GR-R-----I--N--DW--	800
SMM.US.04.M949	-D-I-D-M--Q-A-Q-----L-----T-----L-I--V--R-K-----P-A-H-I-R--NOEP-IGKEG-EE-DS-YR-----L--N--KAW--	792
SMM.US.04.M950	-S-M-E-M--Q-A-M-----T-R--E-I-M--V-R-K-----P-T-V-IP-HK--GOE--E-G-DR-SR-----N--C--	800
SMM.US.04.M951	-D--D-M--A-L--V-----T-R--L-I--V--R-K-----A-H-IP-RK--SOEP--GEE-EE-DS-YR-----L-L-V--NS--W--	796
SMM.US.04.M952	-D-V-D-M--Q-A-Q-----T-R-----L-L-G--V--R-K-----P-T-V-IP-HK--GOE-K-E-G-DK--R-----H--N--	798
SMM.US.05.D215	-DT--D-M--Q-A-OM-----T-R--I-L-G-I-V-L-GOF-K-----H-HK--LOGO-EG-GE-DS-YR-----L-L-L--YNS--AW--	793
SMM.US.06.FTQ	V-D-Q-D-M--KO-AY-A-QO--L--D-----T-V-VYF--F-V-A-V--VI--G-K-----T-R-IY-HK--GOEO-K-I-E-V-DNV-YR-----YD--W--	792
SMM.US.07.FBR_365wp1	-T-Q-N-S-M--KO-N-A-Q-----T-V--F-L-G--V--R-K-----A-V-IP-RK--GOEO-E-G-DR-SR-----Y--	798
SMM.US.07.FFR_365wp1	-T-VM-N-M--QO-KO-N-A-Q-----T-----F-LA-G-I-V--R-K-----A-V-I-SK--GOEO-IK-E-G-DR-R-----Y--	795
SMM.US.08.FTV_32wp1	-T-L-N-M--KO-N-A-Q-----T-V--F-L-G--V--R-K-----A-V-IP-RK--GOEO-K-E-GN-DR-SR-----Y--	798
SMM.US.10.FV1_154wp1	-T-L-N-M--KO-N-A-Q-----T-V--F-L-G--V--R-K-----A-V-IP-RKGOEO-TE-EG-DS-YR-----#-----Y--	798
SMM.US.10.FPY_154wp1	-T-L-N-M--KO-N-A-Q-D-----T-V--L-L-G--V--R-K-----A-V-IP-HK--GOEO-E-E-DR-SR-----Y--	799
SMM.US.86.CFU212	-A-NV-D-M--Y-A-L-----T-V--I--V--R-K-----N-R-I-HK--QEO--I-EG-ID-IR-----F--Y-S--	798
SMM.US.x.F236_H4	-ET-V-N-M--Q-A-Q-----I--T-R--L-L-G--V--R-K-----A-V-IP-HK--GOEP-K-E-G-DR-SR-----S--DW--	796
SMM.US.x.PGM53	-V-N-M--Q-D-A-QA-----I--T-----L-L-VG--V-I-R-----V-V-IP-HK--GOEO-K-E-G-DR-R-----N--Y--	799
SMM.US.x.SME543	-D-V-N-D-M--G-A-Q-----I--T-R--L-L-VG--V--R-K-----P-A-V-IP-HK--GEP-K-E-GE-DR-SR-----S--DW--	799
STM.US.89.STM_37_16	-D-V-D-M--A-Q--V-----T-VR--L-I-LVM--VA--M-L-R-K-----CR--IP-HK--GOEQ-K-T-EG-DR--IN-----T--V--YN-F-AC--	793

Env HIV-2/SIV Proteins

	max HIV-1 similarity	normal Nef end
MAC.US.x.239	IRYPKTFGLWKLVPVNSDEAQ...EEDHEHYLMHPAQTSQWDDPGEVLAWKFDPTLAYTYEAYVRYPEEFGSKSGLSSEEEVRRRLT...ARGLLNM...ADKKETR	
A.CI.88.UC2	V-MC-----M-Q-E...D-TNC-----RY-IH-T-V-R-NSM--E-K-FTL-----H--P-K-WKAK-K...IPYSE	
A.CI.x.IC763124	E-L-FY-----IPO-EE-----TCC-T-----RY-IH-I-V*-N--N-R-FIK--Y--AK-DWKA-K...IPFS	
A.DE.x.BEN	V-MY-----S-EL-Q-E...ANC-V-----RH-EH-T-V-Q-SM--N-K-FTL-----H--P-K-WKAK-K...IPYSE	
A.DE.x.PET2 KR KRCC	V--F-----D-POG-----E-D-C-L-----GS-H-T-M-R--R--E-T-FN-----Y--P--WKAK-K...IPFS	
A.ES.x.51084	V-MC-----ID-Q-GE...DT-T-C-V--KF-H-OTSV-R--M--E-T-FH-----H--P--WKA-K...IPFN	
A.GH.x.GH1	V-MC-----D-Q-E...D-TN-T-----RH-EH-T-L-R--M--D-K-FILH-----H--P-K-WKAK-K...IPYS	
A.GM.87.D194	T-MY-----DT-Q-E...V-TNC-V-----RY-EH-T-V-R--M--S-K-FILH-----H--P-K-WKAK-K...IPYSE	
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	V-MF-----T-PO-GE...DT-TLC--S-V-RF--H-T-V--M--HE-TFIL-----H--ME-DDWKAK-K...IPFS	
A.GM.x.MCN13	--MF-----D-TREE--D-GT-C-L--RF--H-T-I--Y--HE-K-FIL-----H--P--DWKA-K...IPFS	
A.GM.x.MCR35	--MF--#-----D-TREE--D-GT-C-L--RF--H-T-I--Y--HE-K-FIL-----H--P--DWKA-K...IPFS	
A.GW.86.FG clone NIHZ	--MF--#-----D-TREE--D-GT-C-L--RF--H-T-I--Y--HE-K-FIL-----H--P--DWKA-K...IPFS	
A.GW.87.CAM2CG	V-MF-----DT-Q-GE...DT-T-C-L--RH-MH-T-V--SM-LK--FT-----H--P-D-WKAK-K...IPFS	
A.GW.x.MDS	T-C-----DLPOD--ENT-T-C-V--I-KF-QH-T-V-R-SL--E-T-FKL-----H-Q-P-WKA-K...IPFN	
A.IN.07.NNVA	--MFH-----PO-GE--DT-T-C--KF-RH-T-V-R--D-V-FRLH-----H--P--WKA-K...IPFN	
A.IN.95.CRIK 147	--C-----DITO-E--D-TNC-T--RY-EH-T-M--SM--N--F-FRL-L-----H--P--WKA-K...IPFN	
A.JP.08.NMC786 clone 41	--Y-----E-PE-GN--D-GT-C-L--RF--H-T-V-R--M-LE-T-----Y--D-P-DWKAK-K...IPFS	
A.PT.x.1896	T-MF-----DIPO-GE--T-C-V--V-KF--H-T-V-R--M-HD--FK-H-----H--P--WKA-K...IPF	
A.PT.x.1139	V--F-----D-PO-GE--DI-T-C--IGRF--H-T-V-R--M-FD-V-FKH-----H--P--WKA-K...IPFS	
A.PT.x.1147	--F-Q-----DAPE-EEG--DEGT-C-L--GWF--H-R-V-R--HM--E-T-F-F-RH-----P-D-WKAK-K...IPF	
A.PT.x.1148	--MF-----D-PO-GE--DT-T-C-V--KF--H-OT-V-R--M--D-V-FIL-----H--P--WKA-K...IPFS	
A.PT.x.1215	--MF-----D-PO-GE--DT-T-C-V--KF--H-OT-V-R--M--D-V-FIL-----H--P--WKA-K...IPFS	
A.PT.x.1227	--FY-----EIPOD--N--NS-T-C--I-NF--H-T-V--K--HD-V-FD-----Y-Q-P-WKA-K...IPYS	
A.PT.x.1268a	V--F-----DIPO-GN--DT-T-C--I-HF--QH-T-I-R--K--HD-I-FRL-----Y-Q-P-WKAK-K...IPFSE	
A.PT.x.1320	V--F-----DIPO-EE--DT-TNC-L--PF--HR-R-V-R--M--HE-T-K-----Y--P--W-A-K...IPFN	
A.PT.x.1378	V-F-MF-----D-PO-GE--DT-T-C-V--V-KF--H-T-V-R--M--HD--FKH-----H--P--WKA-K...IPFS	
A.PT.x.138	T-RF-----DITO-E--DITD-C-V--KF--H-T-V-R--M--N--FN-----Y--P--WKA-K...IPFH	
A.PT.x.1395	--Y-----E-P-QE--DE-T-C-L--I-KF--H-T-V--HM--E-T-F-----Y-Q-P-D-WKAK-K...IPFS	
A.PT.x.1428	--MF-----NPQDEN--DT-T-C--HL--H-T-V-R--SK--N-V-FNL-----H--P-K-WKAK-K...IPYSE	
A.PT.x.1543	T-MF-----E-P-QD--D-GD-C-L--GF--H-T-V-R--SR--E-FIK-----Y--E--WKA-K...IPYS	
A.PT.x.1544	--D-QAEE--DT-T-C--I-HF--QH-T-I-R--K--HD-I-FRL-----H--P--WKA-K...IPFN	
A.PT.x.1567	T-MF-----D-PO-GG--DT-T-C-V--V-KF--H-T-V-R--M--D-V-FRL-----H--P--WKA-K...IPFN	
A.PT.x.268	--C-----D-PO-GE--DT-T-C-V--KF--H-T-V-Q--M--S--FT-F-----Y-Q-P-WKA-K...IPFS	
A.PT.x.293a	T-MF-----D-PR-EE--D-ANC-L--RF--QH-T-V-R--D-T-FN-F-----HN--P-K-WKAK-K...IPYK	
A.PT.x.293b	--MH-----D-PO-GK--DT-T-C--V-RF--H-T-L-R--M--HD-V-FRL-----H--P--WKA-K...IPFS	
A.PT.x.427d	V-MF-----GALGEE--DT-T-C--V-KF--H-T-V-R--SM--E-T-FIL-----H--P--WKA-K...IPFN	
A.PT.x.483	A.PT.x.511	V-MF-----STLPGEE--D-M--N--L--GRF--H-T-V-R--M--HE-K-FIL-----H--P--WKA-K...IPFS
A.PT.x.546	V-MF-----D-Q-EG--DT-T-C--V--KF--H-OT-V-R--M--E-T-FKO--KH--P-D-WKA-K...IPFN	
A.PT.x.741	--MF-----D-PO-GD--DT-T-C--V--KF--LH-T-V-E--M--FD--FT-----KH--P-D-WKA-K...IPFS	
A.PT.x.794	--DAPO-EE--N-ANC-L--RF--H-T-V-R--SM--S-T-FIKH-----HN--P-N-WKA-K...IPYS	
A.PT.x.956	--MF-----D-PO-GE--DT-T-C-L--V--RH--TH-T-V-R--K--HD-K-FILH-----Y--P-D-WKA-K...IPFS	NRNS
A.PT.x.ALI	V--F-----D-PO-GE--DT-T-C-V--KF--H-T-V-E--L--S--FI-----H--P--WKA-K...IPFS	
A.PT.x.B1 1	--RF-----D-PO-GD--DT-T-C--V--KF--H-T-V-R--M--E-K-FNL-----H--P--WKA-K...IPFS	
A.PT.x.EP	V-MF-----PO-EE--GE-VNC-L--RF--H-T-V-R--M--HE-T-----H--P--WKA-K...IPFS	
A.PT.x.LF3	T-MF-----DIPR-EE--ANC-L--RF--QH-T-V-R--D-T-FN-F-----HN--P-K-WKA-K...IPYR	
A.PT.x.P1	V-MF-----EIPO-GE--DT-T-C--Q-KF--H-T-V--SM--LO-T-FIKH-----H--P-K-WKA-K...IPFS	
A.SN.85.R0D	V--F-----D-PO-GE--DT-T-C-V--KF--H-T-V-E--L--S--FI-----Y--P-D-WKA-K...IPFS	
A.SN.86.ST JSP4_27	--R-----DIPE-ER--GA-TSC-V--I-S--IH-T-R--L--HD-V-FN-----Y-Q-P-K-KA-K...IPTD	
B.CI.88.UC1	V--F-----IPE-EE--RA-NSC-V--S--H-T-V-Q--L--HD-I-FNKF-----Y-Q-P-K-WKA-K...IPTD	
B.CI.x.20 56	V--F-----I-MIA-PE--DE-T-C-V--A--HE-T-V-Q--SL--D-V-FS-F-----Y-Q-MP-K-WKAK-R...IPTE	
B.CI.x.EHO	--K*-*-IPEKKN--AKTSC--P-NLH-KT-V-Q-NSF--N-V-FN-F--K-KYO-E-P-K#-KAK-K...KKIPYR#	
B.CI.x.IC762993	--Y-----E-PAATR--E-E-T-C--I-S--IH-T-I-Q--SL--D-V-FN-F-----Y-Q-P-K-WKA-K...IPTD	
B.GH.86.D205 ALT	V--F-----IPE-DK--A-TSC--A-VH-T-I-Q--SL--D-I-FNKF-----Y-Q-P-K-WK-K...IPTD	
B.JP.01.IMCJ KR020_1	--X-----T-----T-C-V--P-ET-----D-R-FILH--RW--P-AVWKEK-K-Q--PIE	
B.CI.92.Abt96	--Y-----ETPT-R--EGE-T-C--S--YH-T-V--L--HD-V-FN-F-----Y-Q-P-K-WKAK-K...IPTD	
AB.CH.03.03CM 510 03	--H-----E-AAVTR--E-E-T-C-V--AA--H-T-V-Q--SL--SD--FN-F-----Y-Q-P-K-WKA-K...IPTD	
H2 01 AB.CI.90.7312A	V--F-----I-TAAT--E-E-T-C-V--A--H-T-V-Q--L--S--FN-F--V-YO--P-K-WKA-K...IPTD	
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	V--F-----E-AAAT--E-E-T-C-V--S--H-T-V-Q--SL--S--FN-H-----Y-Q-MP-K-WKA-K...IPTD	
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	V--F-----H--S--N-T-C-V--EE-R--A--D-K-FIL--P-K-K--A--S	
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	T-W-MC-----E-DAN-K-----RL-VGS--CEE-H--A-V--SS--S-Q-FIKC--P-K-K--A--S	
U.CI.07.07IC TNP3		
U.FR.96.12034		
MAC.US.x.17EC1		
MAC.US.x.251 1A11		
MAC.US.x.251 32H PJ5		
MAC.US.x.251 BK28		
MAC.US.x.MN142.1VMXX		
MNE.US.82.MNE 8		
MNE.US.x.MNE827		
SMM.CI.79.SIVsmCI2		
SMM.LR.89.SIVsmLIB1		
SMM.SL.92.SIVsmSL92A		
SMM.SL.92.SL92B		
SMM.US.04.G078		
SMM.US.04.G932		
SMM.US.04.M919		
SMM.US.04.M922		
SMM.US.04.M923		
SMM.US.04.M926		
SMM.US.04.M934		
SMM.US.04.M935		
SMM.US.04.M940		
SMM.US.04.M946		
SMM.US.04.M947		
SMM.US.04.M949		
SMM.US.04.M950		
SMM.US.04.M951		
SMM.US.04.M952		
SMM.US.05.D215		
SMM.US.06.FTQ		
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10		
SMM.US.86.CFU212		
SMM.US.x.F236 H4		
SMM.US.x.PBJA		
SMM.US.x.PGMS3		
SMM.US.x.SNE543		
SMM.x.x.pE660.CG7G		
STM.US.89.STM_16		

Nef

HIV-2/SIV Proteins

VII

PLV Proteins

Contents

VII-1	Introduction	405
VII-2	Sequences	406
VII-3	Alignments	413
	VII-3.1 Gag	413
	VII-3.2 Pol	417
	VII-3.3 Vif	424
	VII-3.4 Vpx	426
	VII-3.5 Vpr	427
	VII-3.6 Tat	428
	VII-3.7 Rev	430
	VII-3.8 Vpu	432
	VII-3.9 Env	433
	VII-3.10Nef	440

VII-1 Introduction

The selection of Primate Lentivirus protein sequences for the following alignments was based on the sequences in the complete genome alignment as a starting alignment, and complete or nearly complete genes from other isolates were added if they increased the diversity of samples represented.

The annotation is mainly based on knowledge from HIV-1, and should therefore be taken with caution for HIV-2 and SIV sequences.

VII-2 Sequences

Sequences included in the PLV protein alignments.

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
H1B.FR.83.HXB2	K03455	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Wong-Staal, F.	<i>Nature</i> 313 (6000):277-284 (1985)
H1O.CM.91.MVP5180	L20571	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Gurtler, L.G.	<i>J Virol</i> 68 (3):1581-1585 (1994)
H1N.CM.95.YBF30	AJ006022	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Simon, F.	<i>Nat Med</i> 4 (9):1032-1037 (1998)
H1P.CM.06.U14788	HQ179987	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Vallari, A.	<i>J Virol</i> 85 (3); 1403-7 (2011)
CPZ.CD.06.BF1167	JQ866001	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Li, Y.	<i>J Virol</i> 86 (19):10776-10791 (2012)
CPZ.TZ.00.TAN1	AF447763	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Santiago, M.L.	<i>J Virol</i> 77 (3):2233-2242 (2003)
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	FJ424863	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Takehisa, J.	<i>J Virol</i> 83 (4):1635-1648 (2009)
MAC.US.x.239	M33262	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Kestler, H.	<i>Science</i> 248 (4959):1109-1112 (1990)
H2A.SN.86.ST_JSP4_27	M31113	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Kumar, P.	<i>J Virol</i> 64 (2):890-901 (1990)
H2B.CI.x.EHO	U27200	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Rey-Cuille, M.A.	<i>Virology</i> 202 (1):471-476 (1994)
H2G.CI.92.Abt96	AF208027	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Brennan, C.A.	<i>ARHR</i> 13 (5):401-404 (1997)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
H2U.CI.07.07IC_TNP3	KC693505	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Ayouba, A.	<i>AIDS</i> 27 (15):2488-2491 (2013)
H2U.FR.96.12034	AY530889	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Damond, F.	<i>ARHR</i> 20 (6):666-672 (2004)
ASC.UG.10.RT03	KJ461716	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Lauck, M.	<i>Retrovirology</i> 11 (1):55 (2014)
ASC.UG.10.RT08	KJ461715	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Lauck, M.	<i>Retrovirology</i> 11 (1):55 (2014)
ASC.UG.10.RT11	KJ461714	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Lauck, M.	<i>Retrovirology</i> 11 (1):55 (2014)
COL.CM.x.CGU1	AF301156	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> 75 (2):857-866 (2001)
COL.UG.10.BWC01	KF214240	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Lauck, M.	<i>Retrovirology</i> 10 (1):107 (2013)
COL.UG.10.BWC07	KF214241	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Lauck, M.	<i>Retrovirology</i> 10 (1):107 (2013)
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061	FJ919724	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Aghokeng, A.F.	<i>Infect Genet Evol</i> 10 (3): 386-96 (2010)
DEB.CM.99.CM40	AY523865	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Bibollet-Ruche, F.	<i>J Virol</i> 78 (14):7748-7762 (2004)
DEB.CM.99.CM5	AY523866	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Bibollet-Ruche, F.	<i>J Virol</i> 78 (14):7748-7762 (2004)
DEN.CD.x.CD1_CMO580407	AJ580407	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Dazza, M.C.	<i>J Virol</i> 79 (13):8560-8571 (2005)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
DRL.DE.11.D3	KM378563	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Dietrich, U.	<i>ARHR</i> 31 (3); 353-7 (2015)
DRL.x.x.FAO	AY159321	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Hu, J.	<i>J Virol</i> 77 (8):4867-4880 (2003)
GRV.ET.x.GRI_677_gri_1	M66437	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Fomsgaard, A.	<i>Virology</i> 182 (1):397-402 (1991)
GSN.CM.99.CN166	AF468659	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> 76 (16):8298-8309 (2002)
GSN.CM.99.CN71	AF468658	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> 76 (16):8298-8309 (2002)
LST.CD.88.SIVlhoest447	AF188114	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Beer, B.E.	<i>J Virol</i> 74 (8):3892-3898 (2000)
LST.CD.88.SIVlhoest485	AF188115	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Beer, B.E.	<i>J Virol</i> 74 (8):3892-3898 (2000)
LST.CD.88.SIVlhoest524	AF188116	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Beer, B.E.	<i>J Virol</i> 74 (8):3892-3898 (2000)
LST.KE.x.lho7	AF075269	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Hirsch, V.M.	<i>J Virol</i> 73 (2):1036-1045 (1999)
MAC.US.x.251_1A11	M76764	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Marthas, M.L.	<i>J Med Primatol</i> 18 (3-4):311-9 (1989)
MND-1.GA.x.MNDGB1	M27470	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Tsujimoto, H.	<i>Nature</i> 341 (6242):539-541 (1989)
MND-2.CM.98.CM16	AF367411	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Takehisa, J.	<i>ARHR</i> 17 (12):1143-1154 (2001)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
MND-2.GA.x.M14	AF328295	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Souquiere, S.	<i>J Virol</i> 75 (15):7086-7096 (2001)
MND-2.x.x.5440	AY159322	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Hu, J.	<i>J Virol</i> 77 (8):4867-4880 (2003)
MNE.US.x.MNE027	U79412	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Kimata, J.T.	<i>J Virol</i> 72 (1):245-256 (1998)
MON.CM.99.L1_99CML1	AY340701	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> 77 (23):12523-12534 (2003)
MUS-1.CM.01.CM1239	EF070330	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Aghokeng, A.F.	<i>Virology</i> 360 (2):407-418 (2007)
MUS-1.CM.01.SIVmus_01CM1085	AY340700	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> 77 (23):12523-12534 (2003)
MUS-2.CM.01.CM1246	EF070329	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Aghokeng, A.F.	<i>Virology</i> 360 (2):407-418 (2007)
MUS-2.CM.01.CM2500	EF070331	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Aghokeng, A.F.	<i>Virology</i> 360 (2):407-418 (2007)
MUS-3.GA.09.09GabOI81	KF304707	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Liegeois, F.	<i>Viruses</i> 6 (7):2880-2898 (2014)
MUS-3.GA.11.11GabPts02	KF304708	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Liegeois, F.	<i>Viruses</i> 6 (7):2880-2898 (2014)
OLC.CI.97.97CI12	FM165200	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Liegeois, F.	<i>J Virol</i> 83 (1):428-439 (2009)
RCM.CM.00.SIVagi_00CM312	HM803690	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Ahuka-Mundeke, S.	<i>J Gen Virol</i> 2010 Dec;91(Pt 12):2959-64 doi: 10.1099/vir0025767-0 Epub 2010 Aug 25

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
RCM.CM.02.SIVrcm_02CM8081	HM803689	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Ahuka-Mundeke, S.	<i>J Gen Virol</i> 2010 Dec;91(Pt 12):2959-64 doi: 101099/vir0025767-0 Epub 2010 Aug 25
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1	AF382829	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Bibollet-Ruche, F.	<i>J Virol</i> 78 (14):7748-7762 (2004)
RCM.NG.x.NG411	AF349680	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Beer, B.E.	<i>J Virol</i> 75 (24):12014-12027 (2001)
SAB.SN.x.SAB1	U04005	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Jin, M.J.	<i>EMBO J</i> 13 (12):2935-2947 (1994)
SMM.CI.79.SIVsmCI2	JX860430	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	JX860431	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	JX860432	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SIVsmSL92B	JX860433	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SL92B	AF334679	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Chen, Z.	<i>J Virol</i> 70 (6):3617-3627 (1996)
SMM.US.04.G078	JX860415	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.05.D215	JX860413	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
SMM.US.06.FTq	JX860414	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.86.CFU212	JX860407	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.x.H9	M80194	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> 66 (1):414-419 (1992)
SMM.US.x.PGM53	AF077017	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Novembre, F.J.	<i>J Virol</i> 72 (11):8841-8851 (1998)
SMM.x.x.pE660.CG7G	JX648292	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Lopker	Unpublished
STM.US.89.STM_37_16	M83293	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Novembre, F.J.	<i>Virology</i> 186 (2):783-787 (1992)
SUN.GA.98.L14	AF131870	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Beer, B.E.	<i>J Virol</i> 73 (9):7734-7744 (1999)
SYK.KE.x.KE51	AY523867	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Bibollet-Ruche, F.	<i>J Virol</i> 78 (14):7748-7762 (2004)
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM	L06042	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Hirsch, V.M.	<i>J Virol</i> 67 (3):1517-1528 (1993)
TAL.CM.00.266	AY655744	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Liegeois, F.	<i>Virology</i> 349 (1):55-65 (2006)
TAL.CM.01.8023	AM182197	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Liegeois, F.	<i>Virology</i> 349 (1):55-65 (2006)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
TAN.UG.x.SIVagmTAN1	U58991	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Soares, M.A.	<i>Virology</i> 228 (2):394-399 (1997)
VER.DE.x.AGM3	M30931	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Baier, M.	<i>Virology</i> 176 (1):216-221 (1990)
VER.KE.x.9063	L40990	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Hirsch, V.M.	<i>J Virol</i> 69 (2):955-967 (1995)
VER.KE.x.AGM155	M29975	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Johnson, P.R.	<i>J Virol</i> 64 (3):1086-1092 (1990)
VER.KE.x.TYO1_patent	DJ048201	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Omori, T.	Patent: WO 2007049749-A 13 03-MAY-2007; Dनावेक CORPORATION
WRC.CI.97.97CI14	AM745105	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Liegeois, F.	<i>J Virol</i> 83 (1):428-439 (2009)
WRC.CI.98.98CI04	AM713177	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Liegeois, F.	<i>J Virol</i> 83 (1):428-439 (2009)
WRC.GM.05.Pbt_05GM_X02	AM937062	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Locatelli, S.	<i>Virology</i> 376 (1):90-100 (2008)
MON.NG.x.NG1	AJ549283	Pol, Vif, Vpr, Vpu, Env, Nef	Barlow, K.L.	<i>J Virol</i> 77 (12):6879-6888 (2003)

[illegible]

Gag

[illegible]

	p7 end_p1 start	p1 end_p6 start	Vpr binding	p6 end, Gag end
H18.FR.83.HXB2ERQANFLGKIWPSYKGRPGNFLQSRPEPTAPPEESFRSGVETTTPPOKQOE.PIDKE..LYPLTSLRSLFGNDPSSQ..*
H10.CM.91.MVP5180G-----Y--PGGT-YV-K..QV..SPSAPMEEAVKQENQ.SQKGDQ-E-----FA-K-----T-Q
H1N.CM.95.YBF30G-----S-SPF-P-TTTRKL-VGFQOEKSTQKQEMQEN-R-TENSLY-P
H1P.CM.06.U14788G-----P-GKG-YV-KQV-Q..MEESMTQNK-XE-KEDEA-K-----T-Q
CPZ.CD.06.BF1167QSKSGV--RT-NWGCV-NQOTQWQESQTEKLVEKAEPSAPPM-EEVNHWSKQGF-K-I-S-Q
CPZ.TZ.00.TAN1N..NSTGV--RT-LWGC-V-NT--EKKGAQEQETAQTPVVPPTAPPL-MTMKGGFK-I-S-Q
GOR.CM.07.SIVgorCP2135conG-----Y--PGGE-YV-KQV..Q..MEEGEKEMRKPEKEELK-----T-Q
	p8 end_p1 start	p1 end_p6 start	PTAP motif	PSAP in HIV-2 B, U
MAC.US.x.239D--G--LGPWG..KK--R--PMAQVHGOGLMTAPPEDPAVDLLKNYMOLGKQOREK-RESREKPYKEVTED-LH-N--G-QG-Q
H2A.SN.86.S2 JSP4_27D--G--LGPWG..KK--R--PVAQI-OGLTPTAPPID..PVEDLLEKYMQOGKROREORERPYKEVTEDFLOLE..KOETPCRETTED-LH-N--K-QK-QQ
H2B.CI.x.EH0G--FGPWG..KK--R--PVQAPQ.GIVPSAPPMPM.AFGMTPOGAIPASAPPADPAEEMKKNYMOLGKQKE..NRERPYKEVTED-LH-N--E-QE-QQ
H2G.CI.92.Abt96G--FGPWG..KK--R--PMTQV-OGLTSPAPPMDPAVDLLKNYMOLGKQKE..QRNKPYKEVTED-LH-N--D-QD-Q
H2U.CI.07.071C TNP3G--FGPWG..KK--R--PMTQPADPAVDLLKNYMOLGKQKE..NRERPYKEVTED-LH-N--D-QD-QQ
H2U.FR.96.12034TKVG--LGPWE..KK--R--PMAQV-OGLTPTAPPAEPVOLLTPTAPPADPAVDLLKNYMOLGKQKE..NRERPYKEVTED-LH-N--D-QD-Q
ASC.UG.10.RT03EGAQGG--AFLD..KHLGPRKGRPNFPVVQPSAPPLTLOADTFOEENLGPVGTQKTPG..EKRTRESLYP-S-D-QD-Q
ASC.UG.10.RT08DSAQGG--AFLD..KHLGPRKGRPNFPVVQPSAPPLTLOADTFOEENLGPVGTQKTPGNNGEKRTRESLYP-S-D-QD-Q
ASC.UG.10.RT11EGAQGG--AFLD..KHLGPRKGRPNFPVVQPSAPPLTLOADTFOEENLGPVGTQKTPGNNGEKRTRESLYP-S-D-QD-Q
COL.CM.x.CG01NK--ATRGV..ELQTKMSKDLPPRR-KGESLYP-K-D-QD-Q
COL.UG.10.BWC01NK--AGRG..DLQTATFPPAKMSKQKEGRRDENTLYP-K-E-Q
COL.UG.10.BWC07NK-V--TPGM..DLQTAVFPFKKMSKQKEGREMDREGLYP-K-E-Q
DEB.CM.04.SIVdeb04CMP3061KAAPSKN--LPWG..R-AP-RFIEQQHOTWIGIKYIPEGGDEIFSSSRVPEQQOEEETRRRGYP-PD-S-Q
DEB.CM.99.CM40QTPR--NTPWA..S-RP-REGIGKY-I-ESTADQVSTTRVPVQOGENNPPOR-ETTRRGKY-PD-MG-K-E-QE-Q
DEB.CM.99.CM5QVPR--NAPWA..SR-REGIGKY-I-ESTADQVSTTRVPVQOGENNAPQEDTTTRRGKY-PD-MG-K-E-QE-Q
DEN.CD.x.CD1 CM0580407SNTNDQV-V--NGLGR..KN-P-RV-YY-OMNODLPWSPVRVQOQPOYPONFOEGGRRQSCOEKRRQKQHOEDEETRESLYP-K-D-Q
DRL.DE.11.D03PK-V--NTPWG..SGKP.RNFPALTPSAPPLPGYLQEDPAERMLQKYMEOGAQKQR..QOQK-GPYEAYN-S-Q-QLQS-Q-QLQ
DRL.x.x.FA0PK-V--NTPWG..SGKP.RNFPALTPSAPPLPGYLQEDPAERMLQKYMEOGAQKQR..QOQKRGPYEAYN-S-Q-QLQS-Q-QLQ
GRV.ET.x.GRI 677_gri_1NG--YGHWG--AKP.RNFVQVYGDVT..GLEPTAPPMETAYDPAKLLQYAEKGORLREERQTRKQKEKEVEDV-S-G-QS-G-Q
GSN.CM.99.CN166TGTPIKELY-DLGRGR..R-AP-RPVTFLP.TAP-E-EQ0LNLSTPVGEP-SKGQK-SRNTLYP-S-E-QS-E-Q
GSN.CM.99.CN71GTPAKEL--DLGRGR--AP-RPVTSLP.SAP-E-VEPQLNLSPVPGEV-NKEQK-KRNTLYP-S-E-QS-E-Q
LST.CD.88.SIVhoest447GKGV--YGPWR..NG-PPLMGN..AGV-V-SAPPHERSPTQAEALLETYRNLGQOLRRQOQIPQKCVDEPCLSF-PD-Q
LST.CD.88.SIVhoest485GKGV--YGPWR..NG-PPLMGN..AGV-V-SAPPHERSPTQAEALLETYRNLGQOLRRQOQIPQKCVDEPCLSF-PD-Q
LST.CD.88.SIVhoest524GKGV--YGPWR..NG-SPTMGGA..AGV-I-SAPPMEKVPTTAEALLETYRNLGQOLRRQOQIPQKCVDEPCLSF-PD-Q
LST.KE.x.lho7KPKGKV--YGPW..SKP-GNYP-LGGA..AGV-I-SAPPMESAPTQAEALLETYRNLGQOLRRQOQIPQKCVDEPCLSF-PD-Q
MAC.US.x.251 Ia11D--G--LGPWG..KK--R--PMAQVHGOGLMTAPPEDPAVDLLKNYMOLGKQOREK-RESREKPYKEMTED-LH-N--G-QG-Q
MND.1.GA.x.MNDG81KPAQGV--YGPWG..PSKP-YAMPLT-T-APAQEVPTTAPPLEEKPLKLTSTYQKLGRLRQKME-KREEDFH-ST-Q-E-Q
MND.2.CM.98.CM16KMW--NTPWG..SGKP-R-PAMPLT-SAPPMPGMEPAERMLLDYMKKGQOORAAESKQEKERGPYEAAYN-S-T-QLQ
MND.2.GA.x.M14KMW--NAPWG..SGKP-R-PAMPLT-SAPPMPGMEPAERMLLDYMKKGQOORAAESKQEKERGPYEAAYN-S-T-QLQ
MND.2.x.x.5440PKMV--NTPWG..SGKP-R-PAMPLT-SAPPMPGLEDAERMLLDYMKKGQOORAAESKQEKERGPYEAAYN-S-T-QLQ
MNE.US.x.MNE027D--G--FGPWG..KK--R--PMAQMHGOGLTPTAPPEDPAVDLLKNYMOLGKQOREK-RESREKPYKEVAED-LH-N--E-QE-Q
MON.CM.99.L1 99CML1P..KQNGV--NPFPG..KKGK-RPLTSVOP-SAPTL-AGTAEPVNLNQEIGSKTGTP-TRDLYP-A-E-Q
MUS.1.CM.01.CM1239SEGAKS--DPLGL..QR-RPP-TSLLP.TAPPEO-GOLVNLSPVGPDGASDRKSLYP-S-QD-LEKS-QD-LEK
MUS.1.CM.01.SIVmus 01CM1085SDNTKAV--DPFGL..QK-RPP-TSLLP.TAPPEO-GELVNLSPVGPGEG-ODRKSLYP-S-QD-Q-DS-QD-Q-D
MUS.2.CM.01.CM1246TDTGSAV--DLGF..RS-KPPVTSLMP.TAPPTA-PVNFSLVGPKEP-K-RKDRKTLYP-S-D-Q-KS-D-Q-K
MUS.2.CM.01.CM2500TNSDKGAV--GFGF..HR-KPPVTSLMP.SAPPPTA-IVNFSPVGPRKEN..QT-QAPPDRKSLYP-S-D-ES-D-E
MUS.3.GA.09.09GAB0181TSTGRV--NPFPG..QK-GPPVTOLVP--GTGEPVNFSPKVGEPOKEKE-TRKTLYP-S-D-Q-ES-D-Q-E
MUS.3.GA.11.11GABPts02SOGKV--NPFPG..QK-GPPVTOLVPTA-PDGGKPVNFAPKVGPTTSGEGETTRNSLYP-S-D-ES-D-E
OLC.CI.97.97C12VGGQOQSKV--WRGS-AEPLNMQORTEDIF-PSAPTLQILEKGRKREM-EKKPLYP-A-E-Q
RCM.CM.00.SIVa01 00CM312K-V--NAPWK..QKGP-RPLTSVTPSA-GMDQYPAEAMLKRYLEOGKQKQKQOREKSQOGRAYEEA-S-N--D-Q
RCM.CM.02.SIVrcm 02CM8081K-V--SAPW..RGKP-RPLTSLTPSA-GVEQNDHASQYDPAEAMLRKYLEQGRMQKQORE-KAQKGRAYEEA-A-N-S-Q
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1K-I--RLPWG..QKGP-RPLTSLTPSA-GMESNDHAEMLKNYLRRAEGQKQORESKKREGAYEEA-A-N-S-QLQ
RCM.NG.x.NG411KEV--NAPWK..QKGP-RPLTSLRPT-APGREEGWNPOYDPAEMLRKYLAQGRHKQORENKEKVGAYEEA-S-N-S-L
SAB.SN.x.SAB1K-V--FGPWG..RGKP.RNFP-TTRPT-A-PMEDRY-RPEENWYADRPPTGPGDPDATALKQYVQKQKQOQWNHSPQOSPYEEAYSE-Q
SMM.CI.79.SIVsmCI2G--FGPWG..KK--R--PMTQLOGLTPTAPPMDPAVAAPPMDPAVDMLRNYLKLQGOORERKRPYKEVTED-LH-N--D-Q
SMM.LR.89.SIVsmLIB1G--FGPWG..KK--R--PMAQMHGOGLTPTAPPADPAVDLLKNYMOLGKQORENRERPYKEVTED-LH-N--D-Q
SMM.SL.92.SIVsmSL92AG--FGPWG..KK--R--PMAQMHGOGLTPTAPPADPAVDLLKDYMKLGRKQKESRERPYKEVTED-LH-N--E-Q
SMM.SL.92.SIVsmSL92BNQK-G-LGPWG..KK--R--PMTQTSLTSPAPPDPAQAQMKV.EYLOKAQREKTRRSRPYKEVTED-LH-N--E-Q
SMM.SL.92.SL92BNQK-G-LGPWG..KK--R--PMTQTSLTSPAPPDPAARIKV.EYLEKAQREKTRRSRPYKEVTED-LH-N--E-Q
SMM.US.04.0078D-G--FGPWG..KK--R--PMAQV-ORLVTAPPEDPAVDLLKNYMOLGKQORENRERPYKEVTED-LH-N--E-Q
SMM.US.05.D215D-G--FGPWG..KK--R--PMAQVHGOGLTPTAPPADPAVDLLKNYMOLGKQORENRERPYKEVTED-LH-N--E-Q
SMM.US.06.FtQ-VG--FGPWG..KK--R--PMTQM-OGLTPTAPP-DLARDPADLLKRYMKGQKQORESRERPYKEVRED-LH-S-E-Q
SMM.US.06.CFU212-G--FGPWG..KK--R--PMAQVHGOGLTPTAPPADPAVDLLKRYMKGQKQORENRERPYKEVTED-LH-N--D-Q
SMM.US.x.H9-G--FGPWG..KK--R--PMAQM-OGLTPTAPPEDPAVDLLKNYMKGQKQORENRERPYKEVTED-LH-N--E-Q
SMM.US.x.PGM53-G--FGPWG..KK--R--PMAQM-OGLTPTAPPEDPAVDLLKNYMKGQKQORENRERPYKEVTED-LH-N--E-Q
SMM.x.x.p660.CG7G-G--FGPWG..KK--R--PMAQM-OGLTPTAPPEDPAVDLLKNYMKGQKQORENRERPYKEVTED-LH-N--E-Q
STM.US.89.STM 37_16-VG--FGPWG..KK--H--PMAQI-OGLTPTAPPEDPAADLLRSYMOLGKQORESRKTPYKEVTED-LH-N--E-Q
SUN.GA.98.L14QKG-V--YGPWN..RG-PPVMSPAP-PLEDLTGNNMTTPQSKAERALETYRLLGQGLRAQOKR-RGECQEPK-NM-PE
SYK.KE.x.KE51RKQGNPPPP--G-GN..RK-PPVM-ETP.TAPPAEDPWQOQTWGNYASPOQKHIAATPLOQSSPKTYKDLLVPGK-SKKEEMKEGPLYP-Q-D-Q
SYK.KE.x.SYK173 COMGNMKRQNGPVA--G-GV..SR-PPVRSEPS-A-PLEDIDGVWLWSAQMSQQAQAKQNSPKPPTTREVLSKESSG-ETKSLYP-S-E-Q
TAL.CM.00.266SA--SFLG..KI-PVRGPRNFVQPSAPPIPQETTTTRESLYP-A-D-Q
TAL.CM.01.8023QP--AFLG..KI-PVKGRPNF-VV-QIEPLTASWQEGTTTWTPTKD
TAN.UG.x.SIVagmTAN1SG--RMPTW--TKP.RNFE.QGGAVPTA-PMPAHGFPTGSPAAGAYDPARKLLEQYAKKGDOLRKQKEKELEDY-S-G-Q
VER.DE.x.AGM3G-V--YGRWM--AKP.RNFPAATLGVEPTAP-PSPYDPAKLLQOYADKGQOLREQRKP-AVNPDPWTEGYSL-N-E-Q
VER.KE.x.9863G-V--YGRWT--TKP.RNFAATLGVEPSAP-PTPYDPAKLLQOYAEKGQOLREQRRT-PTNPWAEGYSL-N-E-Q
VER.KE.x.AGM155G-V--YGRWM--AKP.RNFPAATLGAEPSAP-PNNSTPYOPAKLLQOYAEKGQOLREQRNP-AMNPWAEGYSL-N-E-Q
VER.KE.x.TY01 patentG-V--YGRWM--AKP.RNFPAATLGAEPSAP-PSGTTTYDPAKLLQOYAEKGQOLREQRNP-AMNPWTEGYSL-N-E-Q
WRC.CI.97.97C14KTR--V--NGRGO..MPSNNYPQKLRSLNNFGPTTTP-APPMR-DPNIQLEKYLKGAOLREQOEHKKTEGOKR-VGVPEW-K-EP-Q
WRC.CI.98.98C104KSR--I--NGRGO..MPSNNYPQKLRSLNNFGP-TIP-APPMR-DPNIQLEKYLKGAOLREQOEHKKTEGOKR-TG-PEW-K-EP-Q
WRC.GM.05.Pbt 05GM_X02ETR--V--NGRG..QS-NYPVQKMNAGVNTFGPVVPTAPVDPMTQOEGLYLLRGAQMKRE

[illegible]

		protease end p66, p51 RT start	M41L	K70R D67N	D110 catalytic site	
H1B. FR. 83. HXB2	KAI.	GTVLVGPTVNIIGRLNLTQICTLNFPISPIETV. .	PVKLKPMPGMPKQVQWPLTEEEKIKALVEICTEMEGKISKISGPENPYNTPVFAIKKKDSTKWRKLVDVDFRELNKRTQDFWEVQLGIPHPAGL.	KKKKSVTVLVDVGDAYFVSVPLDEDFRK	281	
H10. CM. 91. MVP5180	EVQ.	L I GL AP. .	SR E TA Q Q R I	G QRO	C P 277	
HIN. CM. 95. YBF30	-V.		E R Q R I	A R RI	C P 288	
H1P. CM. 06. U14788	QVY.	I L S I	SK E RA Q Q T	I GS	G O R I C P 278	
CPZ. CD. 06. BF1167	TVK.	TK I V R L TV I	SK E T ENLR TEV D	I TS	R VI I PE Q 277	
CPZ. TZ. 09. TAD	EVV.	E I K S DV	SK E TA Q Q	I	R RWM L C P 283	
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con	-VV.	I K	SK E TA Q Q	I	R RWM L C P 274	
		protease end p51 RT start			D catalytic site	
H2A. US. x. 239	RIK.	IMT D I F I AL MS AKV P	K A K L	SK V R EK D OLEEAP T	T KN M I RV T	A R RI I I I E Q 293
H2A. SN. 86. ST JSP4_27	RVR.	A MT D I F I AL MS L VAK PI	KIT K L R	SK E K EK OLEEAP T	T KN M I RV T	A R RI I I H Q 293
H2C. CI. 92. Abt196	RIO.	A MT D I F I VKL MS AKV P	K R R	SK O R DK Q OLEEAP T	T T KN M I RV T	AE RRI I I V Q 289
H2U. CI. 07. 071C TNP3	-VR.	A MT D I F I VKL MS VAKV	K T	IR SK E K EK Q OLEEAP T	T R KN M I RV T	AE RRI I I Q P 289
H2U. FR. 96. 12034	TIR.	IMT D I F I EL MS GKEAL	IGG K L R	SK LE K EK Q OLEEAP T	T KN M I RV S	AE RRI I I C Q 303
ASC. UG. 10. RT83	RVT.	EE D I M F KF V MVVGFKPT	E R E K	SA O K VOD VDK QLE S	C R K M I K EH LA	P AO STV IK YA H Q 291
ASC. UG. 10. RT88	RVT.	EE D I M F KF V MVVGFKPT	E R E K	SA O K VOD VDK QLE S	C R K M I K EH LA	P AO STV IK YA H Q 291
ASC. UG. 10. RT11	RVT.	EE D I M F KF V MVVGFKPT	E R E K	SA O K VOD VDK QLE S	C R K M I K EH LA	P AO STV IK YA H Q 291
COL. CM. x. CGU1	EYR.	DI I H I V M KEGKLVVAQLSDR PVT	K T E	SK EG QK ERL A E AELG	I C R KNE I M	IE THI I I P Y Q 263
COL. UG. 10. BWC01	EY.	DI I H I V M KEGKLVVAQLSDR PVT	K T E	SK EG QK ERL A E AELG	I C R KNE I M	IE THI I I P Y Q 263
COL. UG. 10. BWC07	EYK.	DI LAD I L I TGEQIV AQLSAN PVT	K S	SK EG QK ERL A E AELG	I C R KNE I M	VE NI I I P Y Q 265
DEB. CM. 99. CM40	V V.	E E I L F APL FSI MLE Q QYT	E KS	ASSGQ DRGSGGMSGGGGRRMPAPAS T S	KN M I L A PV T	PO ROI IA Y I PS AQ 290
DEB. CM. 99. CM5	V V.	SDI D I L Y AKM VSI VLDYT	E A I	SR E KD LKP IEA Q VPAA T S	V KN M I L A EV T	SA PQMEQI LA Y I PT A 287
DEN. CD. x. CD1 CM0580407	V V.	D I L Y AKM VSI VLDYT	E A I	SR E KD LKP IEA Q VPAA T S	V KN M I L A EV T	SA PQMEQI LA Y I PT A 287
DR. DE. 11. 03	ITH.	AS I V KL A V QV P K T	I	SK E K EQ Q R	C G O A F	G OQ EHI LK Y P AQ 307
DR. DE. 11. 03	ITH.	AS I V KL A V QV P K T	I	SK E K EQ Q R	C G O A F	G OQ EHI LK Y P AQ 307
GRV. ET. x. GRI 677 gri_1	ITI.	SI I S I I A A MK VMGLSSOIE ETX Q E K	L SR	E T KO E L R G	K O M A F	O OT I I Y I CKE 303
GSN. CM. 99. CN166	RIK.	A L C SKL V MVQK PI	E H A KE I	SR E TQ TO LRL QLE S	KSO M I K EA LA	IPHPAGLEO EH II MK Y I Y 292
GSN. CM. 99. CN71	RIK.	A L C SKL V MVQK PI	E H A KE I	SR E TQ TO LRL QLE S	KSO M I K EA LA	IPHPAGLEO EH II MK Y I Y 292
LST. CD. 88. SIVhoest447	TTV.	L D V I NV AR VLAQSDKIP ITK R C R	SK EG QA DRL ADAG I	KNE I O AL LH	I C O V I I P Y Q 297	
LST. CD. 88. SIVhoest485	TTV.	L D V I NV AR VLAQSDKIP ITK R C R	SK EG QA DRL ADAG I	KNE I O AL LH	I C O V I I P Y Q 297	
LST. CD. 88. SIVhoest524	TTV.	L D V I NV AR VLAQSDKIP ITK R C R	SK EG QA DRL ADAG I	KNE I O AL LH	I C O V I I P Y Q 297	
LST. KE. x. lno7	TTV.	L D V I NV AR VLAQSDKIP ITK R C R	SK EG QA DRL ADAG I	KNE I O AL LH	I C O V I I P Y Q 297	
MAC. US. x. 251 1A11	RIR.	IMT D I F I AL MS L AKV P	K A KV L	SK V R EK D OLEEAP T	T KN M I RV T	A R RI I I I E Q 293
MND. 1. GA. x. MNDGB1	GTF.	I I D IMELK GK ILAQLSDKIP ITK V RI	SK VG QK DRL E RVD G N I	KNE I I H L	I C R RI I I I P Y P 293	
MND. 2. CM. 98. CM16	STH.	AS V KL A V QV P K T	I	SK L Q SQ Q R	C G O V F	G OCEOI I I C S 294
MND. 2. GA. x. M14	ITH.	AA V KL A V QV P K T	I	SK L Q SQ Q R	C G O V F	G OCEOI I I C S 294
MND. 2. x. x. 5440	ITH.	AA V KL A V QV P K T	I	SK L Q SQ Q R	C G O V F	G OCEOI I I C S 294
MNE. US. x. MNE027	RIK.	IMT D I F I AL MS AKV P	K T K LR	SK V R EK D OLEEAP T	T KN M I RV T	A R RI I I I E Q 293
MON. CM. 99. L1 99CML1	EVW.	A L I V AKM V MAAGDLPSPSE T A KE L	SR E TQ TO LRL QLEPT E S C	KS M I A F	E MDH IV MK FY I W P 289	
MON. NG. x. NG1	TVR.	A L I L V SRM I MYQIAQSP SLT T K L	SK TT XR TEL QLEEAP T	T C R K M I A F	QMANI IV MK FY I N 291	
MUS. 1. CM. 01. CM1239	TIK.	A L C SKF I MIOEK PI	K A E AK M	O EG VOO L LDO EE D S C	R KS M I O EA E T	AEHE IV IK FY PA 282
MUS. 1. CM. 01. SIVmus 01CM1085	TIR.	A L C SKF I MIOEK PI	K A E AK M	O EG VOO L LDO EE D S C	R KS M I O EA E T	AEHE IV IK FY PA 282
MUS. 2. CM. 01. CM1246	TIR.	A L C SKF I MIOEK PI	K A E AK M	O EG VOO L LDO EE D S C	R KS M I O EA E T	AEHE IV IK FY PA 282
MUS. 2. CM. 01. CM2500	RI.	A L C SKL I MVGGQL PT	K G A KE M	SK E T OK I L OLEEA N S	R KS M I K EV E A T S	AO AH IV MQ FY KE P 287
MUS. 3. GA. 09. 09gab0181	YTV.	A L C KL F CVOTSL PL	K R E KE	A D TN TO L L OLEEA D S C	R KS M I K ES S T S	SR RH IV MK Y P 286
MUS. 3. GA. 11. 11gab0181	EVY.	AN I L V S M V VTOG K I E	E K A	EQ TO V L OLEEA S C	R K M I K EN LF	AEHE MK Y I P 286
OLC. CI. 97. 97C112	EIO.	EA I D VV V AAV IR VCAQLSDKIP ITK E HKP QI	SK E EK DRL E Q AEAS QW I C	KNEY I A AA	EREQI I I I PEY E 283	
RCM. CM. 00. SIVagi 00CM312	VTH.	AH V HKL AS KA II K E E Q R	SK E T NA R	I C R F	C OI I C Y P 294	
RCM. CM. 02. SIVrcm 02CM8081	VTH.	AH V HKL AS KA II K E E Q R	SK E T NA R	I C R F	C OI I C Y P 294	
RCM. GA. x. SIVRCMGA81	RTH.	AH V HKL AS KA II K E E Q R	SK E T NA R	I C R F	C OI I C Y P 294	
RCM. NG. x. NG411	TH.	AH V HKL AS KA II K E E Q R	SK E T NA R	I C R F	C OI I C Y P 294	
SAB. SN. x. SAB1	TCK.	A I E V A L V LTOR E PI	K H Q RIR	SK E KA EDL Q HLER I R	K Q I M Q S Q	QOREOI I C P Q 313
SMM. CI. 79. SIVsmCI2	RVK.	IMT D I F I EL MS L VAKV P	K T K LR	SK E K EK OLEEAP T	T KN M I RV T	A RRI I I I E Q 289
SMM. LR. 89. SIVsmLIB1	RIR.	IMT D I F I EL MS L VAKV P	K T K LR	SK E K EK OLEEAP T	T KN M I RV T	A RRI I I I E Q 289
SMM. SL. 92. SIVsmSL92A	EVR.	A LMT D I F I AL IS Y VAKVOP	K T K QR	SK E K EK OLEEAP T	T KN M I RV T	A RRI I I I E Q 289
SMM. SL. 92. SIVsmSL92B	VIR.	E LMT D I F I AAL VS Y VAKV YT	K E RL	SK O T EK OLERAP T	T NKD M I M E T	EMERI I I PE Q 286
SMM. SL. 92. SL92B	VIR.	E LMT D I F I AAL VS Y VAKV YT	K E RL	SK O T EK OLERAP T	T NKD M I M E T	EMERI I I PE Q 286
SMM. US. 04. G078	-IK.	IMT D I F I AM MS L VAKV P	K T K LR	SK E K EK OLEEAP T	T KN M I RV T	A RRI I I I E Q 289
SMM. US. 05. D215	-IK.	IMT D I F I TM MS VAKV P	K T K LR	SK E K EK D OLEEAP T	T KN M I V T	A RRI I I I E Q 289
SMM. US. 06. FTQ	TIR.	MT D I F I RL MS VAKV P	K T Q LR	SK E K EK OLEEAP T	T KN M I RV T	A RRI I I I E Q 289
SMM. US. 06. CFU212	RIR.	IMT D I F I AL MS MAQV P	K T K LR	SK O K EQ D OLEEAP T	T KN M I V T	A RRI I I I E Q 289
SMM. US. x. H9	VIK.	IMT D I F I AM MS L VAKV PI	K T K LR	SK V R EK D OLEEAP T	T KN M I RV T	A RRI I I I E Q 289
SMM. US. x. PGM53	VIK.	IMT D I F I AM MS L VAKV PI	K T K LR	SK V R EK D OLEEAP T	T KN M I RV T	A RRI I I I E Q 289
SMM. x. x. p660. CG7G	VIK.	IMT D I F I AM MS L VAKV PI	K T K LR	SK V R EK D OLEEAP T	T KN M I RV T	A RRI I I I E Q 289
STM. US. 89. STM 37 16	-IK.	IMT D I F I AL MS VAKV P	K T K LR	SK E K EK D OLEEAP T	T KN M I V T	A RRI I I I E Q 289
SUN. GA. 98. L14	T T.	D I SAL GR VLATLSEKIP ITK E AA	L SR	EG QK DRL A RAD G I	KNE I V GM H L	C OI V I P Y 299
SVK. KE. x. KE51	DGRITKEVE SL.	L I SKL AK VMTAKL PM	K Q KEL	L R LA VSD LEK QLE AS T V O	KL MPV K EA F	G ST R M LK YT E Q 319
SVK. KE. x. SYK173 COMGNM	SGKRKQVE L.	L I KL VK VMVOTAL P	K S DKEL RL	SV LE KA VED L A QLE AS T V R	KK M I K EA F	G RO L II LK Y KE S 313
TAL. CM. 00. 266	R R.	D I I L F AKFSV MVS D PIT	K E KEP I	R EG QI IDD V A QLEEV S	R K O M I A QA A Q S	S POM OT MK Y I P S Q 290
TAL. CM. 01. 8023	R R.	D I I L F AKFV MVS TE PVI	K E KEP I	R EG QA IDD V A QLEEV S	R K O M I A QA A Q S	S POM OT MK Y I P S Q 290
TAN. UG. x. SIVagmTAN1	ETR.	N I I V I APL AR INGOLNEKIP ITK Q S L	S L S	T TQAL V G	C R K O M I A A F Q	S R OT I Y I PE P 301
VER. DE. x. AGM3	ILR.	I I S I I A PA AK VMGOLSEQIP IT E AR FL	SK T EQL G A C	KSO M A F	S F E MTEI I Y I PE 298	
VER. KE. x. 9063	ILR.	L A I I A A AK VMGOLSEQIP IT R E AR RL	SK I O KTL E L RV GD A C R	KSO M A F	S M OT II Y I PE 301	
VER. KE. x. AGM155	ILR.	L A I I A A AK VMGOLSEQIP IT R E AR RL	SK I O KTL E L RV GD A C R	KSO M A F	S M OT II Y I PE 301	
WRC. CI. 97. 97C114	TIE.	ADIMT K I V NKM MH A AQLSDKIP ITK S CS	R SKK	EG QK DRL A RAD G I	KNE I K EV F	G R N NIS V I I I PEY Q 305
WRC. CI. 98. 98C104	TVE.	ADIMT K I V NKM MH A AQLSDKIP ITK S CS	R SKK	EG QK DRL A RAD G I	KNE I K EV F	G R N NIS V I I I PEY Q 305
WRC. GM. 05. Pbt 05GM_X02	EVV.	ANLMT K I V NKM MH A AQLSDKIP ITK S CS	QO RI	SK EG QK DRL A RAD G I	KNE I K EV F	G R N NIS V I I I PEY Q 304

PLV Proteins

[illegible]

H1B.FR.83.HXB2
H10.CM.91.MVP5180
H1N.CM.95.YBF30
H1P.CM.06.U14788
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.TZ.00.TAN1
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con

MAC.US.x.239
H2A.SN.86.ST JSP4_27
H2B.CI.x.EHO
H2G.CI.x.92.Abt96
H2U.CI.07.071C TNP3
H2U.FR.96.12034
ASC.UG.10.RT03
ASC.UG.10.RT08
ASC.UG.10.RT11
COL.CM.x.CG01
COL.UG.10.BWC01
COL.UG.10.BWC07
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
DEN.CD.x.C01 CM0580407
DRL.DE.11.03
DRL.x.x.FAO
GRV.ET.x.GRI 677 gri_1
GSN.CM.99.CM166
GSN.CM.99.CN71
LST.CD.88.SIVhoest447
LST.CD.88.SIVhoest485
LST.CD.88.SIVhoest524
LST.KE.x.lho7
MAC.US.x.251.1A11
MMD.1.GA.x.MNDGB1
MMD.2.CM.98.CM16
MMD.2.CM.x.M14
MMD.2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
MON.CM.99.L1 99CML1
MON.NG.x.NG1
MUS.1.CM.01.CM1239
MUS.1.CM.01.SIVmus 01CM1085
MUS.2.CM.01.CM1246
MUS.2.CM.01.CM2500
MUS.3.GA.09.09gab0181
MUS.3.GA.11.11gab0181
OLC.CI.97.97C112
RCM.CM.00.SIVagi 00CM312
RCM.CM.02.SIVrcm 02CM8081
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1
RCM.NG.x.NG411
SAB.SN.x.SAB1
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SIVsmSL92B
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FtQ
SMM.US.06.CFU212
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PGM53
SMM.x.x.p660.CG7G
STM.US.89.STM 37 16
SUN.GA.98.L14
SVK.KE.x.KE51
SVK.KE.x.SVK173 COMGNM
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
TAN.UG.x.SIVagmTAN1
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.AGM155
VER.KE.x.TY01 patent
WRC.CI.97.97C114
WRC.CI.98.98C104
WRC.GM.05.Pbt 05GM_X02

LTEEALELAENREILKEPVHGVYDDYKSLIAETIKOGQOWTQIYQEP.FKNLTKGYARMGAHTNDVKOLTEAVQKITTESIVWIKTP.FKFLPIQKOTWETWMTYEWQATWIPWEFVNTPLVKLWYOLEKEPTVGAETTFYVDGAANRETKLKGAGVYNRG
-SK-----E--K-----Q-D--WVS--H-E--V-DE-H-----OKAS--IR-A-V--VSQ-A-----L--R-VTR--A-----S--I-----T-----N-----EQ-613
F-----L-----G-E-V-----L-H-----K-S-----I-V-V-R-VA-----L--R-V-R-VA-----A-DH-----I-----D-----P-----T-----S-----F-D-614
F-R-----E-KQ-----T-Q-T-KEP-K-AV-----A-VF-E-H-----OKAT--IR-A-VI--VSQ-----G-I-RV-V-Q-AT-V-QQ--SD--VS-----S-I-----N-LT-MPE--Y-----DS-----D-614
-A-----E-KQ-----K-Q-A-KLP-Q-A-----E-G-----KSP-T-ETR-AGLI--GN-----I-IV--L-VS--SQ--D-V-V-----I-IR--N-LSD--PE-----DS-K-R-----D-613
-SK-----E-----Q-E-E-VNV-----F-DE-Y-----OKAT--IR-A-VI--VSQ-----L--R--CRS--DAF--D-----S-----S-I-----P-----S-Q-----D-609

p51 RT end p15 RNase H start
p51 RT end p15 RNase H start

W-M-A-YE-KI-SOEQE-C-OEG-P-E-TVI-SODN-S-K-H-D-I-V-F-KIKNT-G-RL-AHVI-GK-A-QV--H-VE-DV-Q--D--V--D-DS--R-VFN-V-D-E-E-Y-T-SC-KOS-E-----I-D-628
W-L-A-E-KI-SOEQE-C-OEE-E-TV-DODN-K-H-GG-I-V-KVKNIT-G-RL-AOV-GK-AL-RI--H-VERD--Q-DN-V--D-D-DS--R-VFN-V-D-L-----T-SC-KOSRE-I-----D-641
W-L-A-FQ-KI-EOESE-S-KEGVP-E-TV-NLAN-K-H-GD-I-V-KVKNIT-G-RL-AHV-GK-AL-EI--M-H-VERD--D--V--D--D-S--IR-A-N-V-D-LE-V-Y-T-SC-KAS-E-----D-641
W-L-A-Q-KI-SOEQE-A-KEHEP-E-TV-NLDN-KVH-GN-RI-V-KIKNT-G-RL-AHV-GK-AL-L-F-H-VERD--Q--D-V--D-D-S--H-R-V-N-V-LEOT-Y-T-SC-KTS-E-----D-624
W-L-A-Q-KI-EOESE-T-REGEF-E-TV-NLDN-K-H-GN-I-V-F-KIKNT-G-RL-AHVI-GK-A--V-I-H-VERD--Q--D-V--D--D-S--R-A-N-V-LEVR-Y-T-SC-NS-E-----D-624
W-M-A-F-QA-SOEAK-G-REEN-E-TVL-NODN-K-H-GD-RT-V-F-KVKNIT-G-RL-AHV-GK-A--I-M-H-VERD--Q--D-V--D--D-S--R-A-N-V-LL-E-Y-T-SC-AS-Q-----D-637
V-----QA-SOEAK-G-AE-P-EVD-IQL-GT-G-TVR-DK-EV--F-KQ-S-S-PF--VD-IM-GK-L-Y-RI--Q-NV-VN-Q-DA--N-H-VS-DIKP-H--IOM--VOD-SE--W-I-----S-----D-626
V-----T-V-QA-SOEAK-G-AE-P-EVD-IQL-GT-G-TVR-DK-EV--F-KQ-S-S-PF--VD-IM-GK-L-Y-RI--Q-NV-VN-Q-DA--S-H-VS-DIKP-H--IOM--VOD-PE--W-I-----S-----D-629
V-----QA-SOEAK-G-AE-P-EVD-IQL-GT-G-TVR-DK-EV--F-KQ-S-S-PF--AD-IM-GK-L-Y-RI--Q-NV-VN-Q-DA--S-H-VS-DIKP-H--IOM--VO-PE--W-I-----S-----D-629
-SA-E-QD-Q-I-E-Q--I-HE-IWVD-FRL-K-G-AVC-KH-GT-RR-HNTGKNO-F-SMOE-ASVI--GR-A-T-V--M-V-AKR-D--Q--SD--SA--I--SSSYV--VMN-VL-LKE-P-YMT-GCS-KLGA--WINSK-597
-SA-E-E-KK-V-EOK--R-EE-IWV-FRL-K-G-AVC-KH-GT-RR-HNTGKNO-F-SMOE-ATVI--GR-A-T-V--M-V-AKR-D--Q--SD--S--I--S-YV--VMN-ML-VRS-P-YMT-GYS-KDMW--WINSS-599
-SQE-E-Q-----EQE--K-EETIWT-FRL-K-G-AVE-VH-GT-RR-HNTGKNO-F-SMOE-AMVI--GR-AL--V-IM-I-AKR-D--Q--SD--S--I--S-S-V--VMN-VLS-LEKEV-YMT-GYS-KEGI--W-NSK-599
-QA-E-A-Q-----Q-S-T-KEDE--D-T-LSE--G-T-R-SK-GI--KAK--F-FH-IAKLMM-VG--T-RL-T-R-V-QD-QD--H-H-----A-H--R--S-VS--KE-D-Y-----S-E--ISE--622
-S-QA-R-K-----QE-S-KEDEP--LS-L-K-G-V-R-PK-GI--FS-DK--F-FH-AK-MY-G--F-RI--Q-R-VV-E-DN-HNH--A--D-AIH-H--E-VS--PD-D-Y-----S--EW--625
-S-QA-R-K-KP-QE-S-KEDEP--S-S-I-R-G-V-R-TK-GI--FSKD-T-Y-FH-AK-MY-G--Y-V--R-VV-E-DN-HNH--D-A-H-Q-R--E-VS--PD-D-Y-----S-M--ISEW--622
-G-A-K-AQ-----STS-R-E-P--S-L-EN-G-T-K-K-HL--HKDK-S-Y-PYQ--AKVMA--GR-AL--RL-T-R-VS-VD-DA--S--VN--D-M-S--LRNF-N-VS--DK-P-Y-T--Q--Q-R--ATN--644
W-R--YE-KL-QM-----E-P-K-K-L-N-S-E-DN-P--KVKNIS--MRM-ACL-AK-AL-RL-T-Y-VER-V-Q--V--D--S--H-I--N-LSD-P-E-VY--VS-E-----S--631
W-R--YE-KL-I-QM-----E-P-K-K-L-N-S-E-DN-P--KVKNIS--MRM-ACL-AK-AL-RL-T-Y-VER-V-Q--V--D--S--H-I--N-LSD-P-E-VY--VS-E-----S--631
DRV.ET.x.GRI 677 gri_1
W-A-YKN-QG-VQ-TQE-T-L-E-TN--E--FT-G-AV-V-R-KQ-ET--LRT-AHL--CK-ALT-RL-RVO-VQ-D-K-DM-QD--VS--S-L-S-V--K-EDVY--SKV-----LSE--639
-OI-----OSSE-G-AE-P-VV-TSL-EQ-G-MFS-G-M-SA-F-KT-N-I-SYO-FAD-LT-VGR-Q-T-V-D-RI-VV-Q-DA-MN--TI-AIH-H-LRQ-T-VS-LED-V-Y-----TS-----T-628
-OI-----OSSE-S-AE-P-VV-TSL-EQ-G-MFS-DS-M-RS-F-KT-T-I-SYO-AD-MT-VGR-Q-T-V-D-RI-VV-Q-DA-MN--TI-AIH-H-LRQ-T-VS-LED-V-Y-----TS-----T-621
W-DA-LE-YEQ-QQ--KLO-A--E-VVRV-QSKK-II-F-WR-GN-SI-RA-R-Q-QKS--PLOK-A--GK--HV--IOV-VTR-V-DQ--SDH-V--L-TS-Q-EQE--S-A-E-VD-Y-----EKVG-T-----Q-634
W-DA-LE-YEQ-QQ--KLO-A--E-VVRV-QSKK-II-F-WR-GN-SI-RA-R-Q-QKA--PLOK-A--GK--HV--IOV-VTR-V-DQ--SDH-V--L-TS-Q-EQE--S-A-E-VD-Y-----EKVG-T-----Q-634
W-LE-YET-KT--K-O-A--E-VVRV-QNKK-VI-F-WR-GN-SI-RA-R-Q-QKA--PLOK-A--GK--FV--IOV-VTR--N-INF-V-L-TS-Q-EQE--S-A-E-TD-Y-----E-VG-T-----I-OS-635
W-LE-YEQ-KV--KMO-A--E-VVRV-QNKK-VI-F-WR-GN-SI-RA-R-Q-QKA--PLOK-A--GK--FV--IOV-VTR--N-INF-V-L-TS-Q-EQE--S-A-E-TD-Y-----E-VG-T-----I-OS-634
W-M-A-YE-KI-SOEQE-C-OEG-P-E-TVI-SODN-S-K-H-D-I-V-F-KIKNT-G-RL-AHVI-GK-A-QV--H-VE-DV-Q--D--V--D-DS--R-VFN-V-D-E-E-Y-T-SC-KOS-E-----I-D-628
M-M-R-YEQ-K-A-EQE-S-N-E-VYRF-TTG-DISF-MK-GN-V-RA-GKOKT-S-LMK-AG-T-VGR--FV--MOI-TTR-I-D-H--C--V--S--M-ERE-S-SP-L-V-Y-----DS-M--I-D-626
W-R--YE-KL-VQ-E--Q-G-P-M-KV-LT--S-E-DN-P--V--TKN--ELRV-AGL-AK-AL--L-Y--ER-V-DQ--P--HIG--N-LR-V-EDVY--NS-E-----A-N-629
W-R--YE-KL-VQ-E--Q-G-P-M-KV-LT--S-E-DN-P--V--TKN--ELRV-AGL-AK-AL--L-Y--ER-V-DQ--P--HIG--N-LR-V-EDVY--NS-E-----A-N-630
W-R--YE-KL-VQ-E--Q-G-P-M-KV-LT--S-E-DN-P--V--TKN--ELRV-AGL-AK-AL--L-Y--ER-V-DQ--P--HIG--N-LR-V-EDVY--NS-E-----A-N-630
W-M-A-YE-KI-SOEQE-C-OEG-P-E-TVI-SODN-S-K-H-D-I-V-F-KIKNT-G-RL-AHVI-GK-A-QV--H-VE-DV-Q--D--V--D-DS--R-VFN-V-D-E-E-Y-T-SC-KOS-E-----I-D-624
-SDL-QA-----EST-G-NEP-KV-LTSLAEH-G-RFF-K-SV--F-KT-ST-S-TYO--AD-LA-LGK-A-T-RL--I-R-VV-Q-DA--ADN--IN-V-DI-A-Y-S-H-LRQ-T-VOD-E-P-Y-----TS-E-----F-624
-SDL-QA-----SOEST-G-KV-LV-TSL-EQ-G-XFY-X-RV--F-KIKNT-S-TYO--AD-LT-LGK-AL--L-T-R-VV-Q-DA--ADN--IN-V-DI-A-Y-S-H-LRQ-T-VOD-EH-P-Y-----AS-E-----ST-626
-Q-----Q-QA-Q-A-F-EOP-V-VSL-DS-G-NFT-SK-GV-R-F-KV-SV-SYO--AD-MA--GR-L--P-D-VRI-VI-Q-DQ--IAH-VS--TI-A-H-TH-L-Q-FT-VP-LKE-P-Y-----VS-----T-618
-QA-----Q-QO-T-A-A-EOP-V-VSL-DS-G-NFT-SK-GV-R-F-KV-SV-SYO--AD-MA--GR-L--P-D-VRI-VI-Q-DQ--IAH-VS--TI-A-H-TH-L-Q-FT-VP-LKE-P-Y-----VS-----T-618
-S-Q-Q-----QEAG-A-E-P-VL-VSL-EQ-G-TFT-DR-NM-R-F-KI-T-S-PYO--A-LSRASK-AL-C--D-CRI-VV-Q-DN-ADS-T-DI-A-H-Y-LRQ-FT-VP-LKE-P-Y-----NS--R--D-623
-Q-Q-----M-QE-K-A-E-P-L-VSL-EQ-G-TFT-K-NM--F-KV-T-I-TYO--A-LA-AAR-L-C--D-CRI-VV-Q-DH-A-S-T-V-I-A-H-H-LRQ-FT-VP-LKE-P-Y-----NS--R--D-622
-S-L-M-----M-QE-Q-D-E-VV-TSL-G-G-MFS-NS--P--F-KV-SV-SYO--D-MT-LGR-AL-Y--V-D-RI-VI-Q-K-ADH--V-DV-A-HS-H-LRQ-T-VQ-EK-P-Y-----TS-A-R-----T-619
-A-A-----I-QE-Q-R-G-E-TV-TSL-EQ-G-TFS-N--H--F-KV-TT-S-PYO--AD-TRLGK-AL-Y--I-DV-RI-VI-Q-DN-A--V-V-NV-AH-H-LRQ-T-VQ-E-P-Y-T-----NS-----D-622

W--KE-E-----EQE-M-KEEEP-QCT-LCYTK-TVA-R-W-KH-GT--RFQ-KMT--KFR-M-G-IE-GK--L-I-QV-TRKD-A-AFDD-VH--DI-SNSENORTFWE-VPA-M-EV-----Y-KS-E-----SSG-616
F-K--YE-KLL-KL--E-P-KV-LEG-S-VE-GD-G-P--KOKT--ETRM-AGL-CK-AV--L-E-VER-V-Q--SD-VS--D-S--IR--N-V-D-P-E-VY--NS-Q-----I-D-630
F-K--YE-KLL-QM--E-P-KV-LTG-S-VE-GD-G-P--KOKT--ETRM-AGL-CK-AV--L-E-VER-V-Q--SD-VS--D-S--IR--N-V-D-P-E-VY--NS-Q-----I-D-636
M-K--I-YE-KM--KL--EK-P-V-N-LEG-S-E-G-P--KOKT--ETRM-AGL-CK-AV--L-E-VER-V-Q--SD-VS--D-S--IR--N-V-D-P-E-VY--NS-Q-----I-D-630
F-R--YE-KAV-KI--N-E-P-KV-LEG-S-E-GD-S-P--KOKT--ETRM-AGL-CK-AV--L-E-VER-V-Q--SD-VS--D-S--IR--N-V-D-P-E-VY--NS-Q-----I-D-635
W-----E-Q-ROKQ-Q--ALP-R-KVL-L-D-G-PE-N-I-V-KIKNT--ELRM-AGL-GK--QI-IME-VER-L-Q--SD-V--M-S-Q-IR--K-V-D-P-EAVY--NS-E-----L-D-643
W-L-A--I-EQE-EAF-REEN-E-TVL-NODN-K-H-GS-RV-V-F-KIKNT-G-RL-AHV-GK-AL-I-F-H-VER-V-Q--D--V--D-D-S--R-VFN-V-D-P-E-T-SC-VS-E-----D-639
W-M-A-YE-SKI-SOEQE-C-OED-P-E-TVV-NODS-S-K-H-D-I-RV-F-KVKNIT-G-RL-AHV-GK-AL--*QI--H-VER-I-Q--D--V--D-D-S--R-VFN-V-D-P-E-T-SC-VS-E-----D-620
W-L-A--KI-SOEQE-S-OEGEP-E-TAI-NODN-S-K-H-GG-I-V-KIKNT-G-RL-AOVI-GK-A--V--H-VER-L-Q--D--V--D-D-S--IRMAFN-V-D-P-E-Y-----SC-KOS-A-----D-624
W-L-A--I-SOEQE-R-REDEP-E-TVL-NODN-S-K-H-GD-RI-V-F-KIKNT-G-RL-ANV-GK-L--F-H-VER-V-DQ--D--V--D-D-S--IR-VFN-V-D-EKE-VY-I--SC-NS-E-----D-621
W-L-A--I-SOEQE-T-REDEP-E-TVL-NODN-S-K-H-GD-RI-V-F-KIKNT-G-RL-ANV-GK-L--F-H-VER-V-DQ--D--V--D-D-S--IR-VFN-V-D-EKE-VY-I--SC-NS-E-----D-621
W-M-A-YE-KI-SOEQE-C-OED-P-E-TV-SODN-S-K-H-GG-I-V-F-KIKNT-G-RL-AHV-GK-A-QV--H-VER-V-Q--D--V--D-D-S--R-VFN-V-D-E-----SC-KOS-E-----I-D-624
W-M-A-YE-KI-SOEQE-C-OED-P-E-TVV-NODN-S-K-H-GG-I-V-F-KIKNT-G-RL-AHVI-GK-A-QV--H-VER-V-Q--D--V--D-D-S--R-VFN-V-D-E-----SC-OS-E-----I-D-624
W-M-A-YE-KI-SOEQE-C-OED-P-E-TV-SODN-S-K-H-GG-I-V-F-KIKNT-G-RL-AHV-GK-A--V--H-VER-V-Q--D--V--D-D-S--R-VFN-V-D-E-----SC-O-V-----I-D-628
W-L-A-YE-KI-SOEQE-C-OEG-P-E-TVV-NODN-S-K-H-D--V-F-KIKNT-G-RL-AHV-GK-A-RI--H-VER-I-Q--D--V--D-D-S--R-VFN-V-D-E-----T-SC-OS-E-----D-624
W-M-A-YE-KI-PSOEP-C-OEG-P-E-PVI-SODN-S-K-H-D-I-V-F-KIKNT-G-RL-AHV-GK-A-QV--H-VER-I-Q--D--V--D-D-S--R-VFN-V-D-E-----RSC-OSRE--D-624
W-M-A-YE-KI-SOEQE-C-OEG-P-E-TVI-SODN-S-K-H-D-I-V-F-KIKNT-G-RL-AHV-GK-A-QV--H-VER-I-Q--D--V--D-D-S--R-VFN-V-D-E-----SC-OSRE--D-624
W-M-A-YE-KI-SOEQE-C-OEG-P-E-TVI-SODN-S-K-H-D-I-V-F-KIKNT-G-RL-AHV-GK-A-QV--H-VER-I-Q--D--V--D-D-S--R-VFN-V-D-E-----SC-OSRE--D-624
M--RE-YQS-Q-V-Q-S-S-E-D-E-CRV-VK--IL-F-WL-GQ-OV-RV-QKRG-A-PCO-AA-L-GR--FV--IOV--R-I-SQ--AD--C--L-S-K-EQE--T-AT-VP-D-Y-----EKLE-R--I-QG-634
-A-M-----VEOT-S-Q-E-H-S-L-Q-G-I-K-G-QE-P-I-TGKAYAT-H-YOA-AOLNM-GIOALW--I-E-H-VKR-E-K--DH--L-VKC-H-I-RMY-N-VS-V-E-----NS-E-----I-D-656
-S-A-----A-E-T--OEGEP-E-LT-LAE--G-M-K-GK-RL--F-KQ-T-S-PYO--IG-M--GK--F-QV-V-RI-VV-E-Q--H-CS--TIVPIH--R-N-VQ-E-D-Y-----H-S-E-----AT-625
-S-A-----A-E-T--KEGEP-E-LT-LAE--G-M-K-GK-RL--F-KQ-T-S-PYO--VG-M--GK-A-F-QV-I-RV-VV-E-Q--S-CS-LTIVPIH--R-N-VQ-E-Y-----H-S-E-----TS-626
W-Q-V-FRQ-Q-----EQO-A--SR-R-T-LDD--G-FK-G-V--TKSKNT--EFRV-AGM-RVCK-A-TF--L-IMEV-VER-V-Q--SD--V-L-I-TS--I--N-V-D-PK-KVY-C--C-NS-----FL-T-636
W-A-Y-K-----TEOE-T-A-G-PR-AV-LEG-S-FK-G-QV--V--TKOKNT--EFRV-AGL-LCK-L--EL-VLE--E-VER-V-Q--AD--VS--D--S--T--P-KEDVY--C-NSRE--I-OY-633
W-A-Y-K-----TEOE-T-A-G-PR-AV-LEG-S-FK-G-QV--V--TKOKNT--ELRT-AGL-CK-AL--EL-I-E-VER-V-Q--AD--VS--D--S--T--P-KEDVY--C-NS-E-----I-OY-633
W-P-A-Y-K-----TEOE-T-A-E-P-R-AV-L-D-S-FK-G-QV--I-V-F-KOKAT--ELRV-AGV-GK-AL-QL-T-E-VERD--Q--AD--VS--D-SV--T--T-T--P-EDVY--C-OS-E-----I-OY-636
W-P-A-Y-K-----TEOE-T-A-E-P-R-AV-LEG-S-FK-G-QV--V--TKOKNT--ELRT-AGL-CK-AL--EL-I-E-VER-V-Q--AD--VS--D--S--L-T-T--P-KEDVY--C-NS-E-----ISOY-636
W--LE-EI-QO-----EQS-A-KGDLIAEL-KTGGQWAYITREGE-K-P-V--G-Q-HT-S-ELRSMH-M-G--RV--RI-E-DI-DS--SD--VS--DT-H-S-F-ARE-K-VL-LPEV-Y-I--S--DS-E-----WTKS-639
W--LE-EI-KS-----EQM-A-TGKELVLAEL-KTGGQWAYISREAGE-K-P-V--G-Q-HT-S-ELRS-AH-M-G--RV--RI-E-DI-DS--SDH--VS--DT-H-S-Y-ARE-KIVL--E-V-Y-I--S--DS-E-----F-WTNS-638
W-M--A-EI-A-----SQO-S--GGDLIAEV-KTGGQWAYITREGE-T-P-V--FT-I-HT--ELRT-AHCL--G-A-----L--RI-VE-DI-DM--S-----V-H-S-F-KRE--T-VS--E-V-EM-I--S-K-S-E-----WTKT-630

p51 RT end p15 RNase H start

p51 RT end p15 RNase H start

[illegible]

Poi

H1B.FR.83.HXB2	AKLLWKGEGAVVIQDNS.DIKVVPRRKAKIIRDYQKQMAGDDCVASRODED	p31 Integrase end	
H10.CM.91.MVP5180	-Q-----KG-----T-SM-N--T-SESMEOPGEIP	Pol end	
H1N.CM.95.YBF30	-----G-----G-----NQEME		1003
H1P.CM.06.U14788	-T-----KG-----N-----DT-R-SESLQSG		1010
CPZ.CO.06.BF1167	-R-----KEGE-E-----K-----V-AGG-D-N-----		1015
CPZ.TZ.00.TAN1	-R-----KEGE-----KE-----AGGMD--N-T-----		1008
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	-T-----KG-----DT-G-SESLQSS		1007
			1000
			1003
		p31 Integrase end	
		Pol end	
MAC.US.x.239	GE-----ILKVG-----K-----GGKEV-SSSHMEDTGEAREVA		1020
H2A.SN.86.ST.JSP4_27	GE-----D-IVKVG-----II-----K-----GROEM-SGSNLEGAREDEVA		1033
H2B.CI.x.EH0	GD-----I-KVGT-E-----I-----N-----GGKEL-CSADVDTMQAREVAQSN		1036
H2G.CI.92.Abt96	GE-----I-KVGT-E-----K-----GGKEV-SSTNMEDTRQTGEVA		1016
H2U.CI.07.071C.TNP3	GE-----I-KVGT-----I-----K-----GGKEV-SGSNLEGARODGEMAQLGEIP		1022
H2U.FR.96.12034	-Q-----L-KVGT-----I-----K-----GGKEL-SGSNLEGA-KVREMLPDQTP		1034
ASC.UG.10.RT03	-Q-----KTTTGELLT-K-----K-----ASQNVGNKEGMSPRKEDTSLD		1018
ASC.UG.10.RT08	-Q-----KTTTGELLT-K-----K-----ANONV-G-TENMDSPRKEDTSLD		1021
ASC.UG.10.RT11	-Q-----KTTTGELLT-K-----K-----ASQSVG-KENMDSPRKEDTSLD		1021
COL.CM.x.CG01	GE-V-----RNSQGTLF-K-----V-T-LQYGEDV-SENLL-NGQKEAETVKQMD		991
COL.UG.10.BWC01	GO-V-----KNOEGSLF-K-----V-TKVNYGERMVSKALLPNEQ-EAGEVKEVD		993
COL.UG.10.BWC07	GO-V-----RSTEGTLF-K-----V-S-ITHGTGQ-VVSEDLPLNGKEKPGTETLD		995
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061	-T-----KLDTG-L-----V-K-----DVGSKIDPDQTHE		1011
DEB.CM.99.CM40	-T-----CKTEVG-----V-KE-----D-DSKVNTQNSNE		1008
DEB.CM.99.CM5	-T-----CKTEVG-----V-K-----GVDSDTDTNPSE		1008
DEN.CO.x.CD1.CM0580407	-E-----KTOAG-FP-----K-NAE-SRKGEQNKGM-SETD1		1032
DRL.DE.11.D13	-E-V-----K-----K-----NVDSHNME		1013
DRL.x.x.FA0	-E-V-----KEGT-L-I-----K-----NVDSHNME		1041
GRV.ET.x.GRI.677.gri_1	-R-I-----KEGE-----K-----ERKTM-SEGSMEGVREANKQMEGSDLDQDE		1016
GSN.CM.99.CN166	-V-----V-TQAGE-IT-----K-NAE-EAKTE-VGG-THTNN		1017
GSN.CM.99.CN71	-V-----V-TQAGE-IT-----K-NAE-EAKTE-VGG-THTNN		1017
LST.CO.88.SIVlhoest447	-Q-----VKTDG-T-FS-----LVK-EGPKSGEGGLHNN		1020
LST.CO.88.SIVlhoest485	-Q-----VKEGD-T-FS-----LVK-EGPKSGEGGLHNN		1020
LST.CO.88.SIVlhoest524	-Q-----VKEGE-N-FS-----LVK-EGPKDSOSSMDN		1021
LST.KE.x.lho7	-Q-----VKEGE-N-FS-----LVK-EGPKDSOSSMDN		1020
MAC.US.x.251.IA11	GE-----ILKVG-----K-----GGKEM-SSSHMEDTGEAREVA		1020
MND-1.GA.x.MNDGB1	GI-----L-KYGE-E-I-----C-K-E-SGKNSQ-NLESV		1010
MND-2.CM.98.CM16	-E-I-----KEGT-L-----K-----TVDS-PN-EA		1011
MND-2.GA.x.M14	-E-I-----KEGT-L-----K-----TVDSNPHEM-ETA		1017
MND-2.x.x.5440	-E-I-----KEGV-L-----K-----TVDSNPHEMGR		1012
MNE.US.x.MNE027	GE-----ILKVG-----K-----GGKEV-SSSHMEDTGEAREVA		1016
MON.CM.99.L1.99CML1	-R-----KTEEG-LT-----K-NAE-TTENVGDDTNQYNLRKODGLAN		1018
MON.NG.x.NG1	-H-----L-KTDQGEVIT-----P-SKEDVGSKSAH-IREVDGMD		1020
MUS-1.CM.01.CM1239	-A-----V-KTEQGEVIT-----K-NAE-AKENVGSKNTGDHREKEDGLD		1012
MUS-1.CM.01.SIVmus_01CM1085	-V-----R-KTD-GEVIT-----K-NAE-AKEDVGSKSDTGLRKEDRLD		1012
MUS-2.CM.01.CM1246	-R-----L-KTKEGE-VT-----K-NAE-TRQNV-SEPD-VHVRKEDGLAD		1017
MUS-2.CM.01.CM2500	-Q-----I-KTDQGE-IT-----K-NAE-TKENV-SDPNPVY-RKEDGLAD		1014
MUS-3.GA.09.09GaboI81	-T-----KTDQGE-VT-----K-NAE-KNVGSKSNTGDIREEDGLVDGN		1016
MUS-3.GA.11.11GaboP1502	-A-----KTDQGE-LT-----V-KP-PKQDVGGIPD-GD-GKTPGLVD		1016
OLC.CI.97.97C112	-E-----LLKEGD.KYFS-L-----V-KP-VDSANV		995
RCM.CM.00.SIVagi_00CM312	-T-I-----GQ-L-----C-VK-RKNVDSETNMEGGO-EN		1018
RCM.CM.02.SIVrcm_02CM8081	-T-I-----GQ-L-----C-K-RKVDSETNMEGRO-KD		1024
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1	-I-----EETG-L-----KE-RKVDSEANLAGRO-EN		1019
RCM.NG.x.NG411	-I-E-----QE-L-----C-K-RKVEDRETNMEGRO-ES		1023
SAB.SN.x.SAB1	-I-----EQG-EL-TI-----K-----L-SQAPLEGNGRTAGEVD		1040
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-N-----I-KVGT-----I-----K-GGKELGNSPYLENP-EDGKMAQPD		1028
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	GE-----ILKVG-----K-----GGKEV-SGSHLEDTRETEMA		1010
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	GE-----I-KVG-----I-----K-GGKEM-SSADMENTTQVRETAQLSEISKV		1023
SMM.SL.92.SIVsmSL92B	-E-----KVGT-E-----K-GROEMGSSASMEDQ		1006
SMM.SL.92.SL92B	-E-----KVGT-E-----K-GROEMGSSASMEDQ		1006
SMM.US.04.G078	GE-----ILKVG-E-----K-AGGKEVSGSHLEDTPGEAREMA		1016
SMM.US.05.D215	GE-----ILKVG-----V-VK-AGGKEV-SSSHLEDTRETEGEVA		1016
SMM.US.06.FTq	GE-----I-KVGT-----K-AGGKEL-SGTHVEDTREAGEMA		1020
SMM.US.06.CFU212	GE-----ILKVG-----K-AGGKEV-SGSHLEDTREAGEMA		1016
SMM.US.x.H9	GE-----ILKVG-E-----K-GGKEL-SGSHLEDTGEAREVA		1016
SMM.US.x.PGM53	GE-----ILKVG-E-----K-GGKEL-SGPHLEDTGEAREVA		1016
SMM.x.x.pE660.CG7G	GE-----ILKVG-E-----K-GGKEL-SGSHLEDTGEAREVA		1016
STM.US.89.STM.37.16	GE-----IVKVG-----K-GGKEL-SGSHLEDTREAGEMA		1016
SUN.GA.98.L14	-S-----KQGE-N-L-----LVK-GESSSVEM-G		1017
SVK.KE.x.KE51	-S-----TPDQGVIA-----SSD-ERVDSGTHLEITSKN		1041
SVK.KE.x.SVK173.COMGNM	-R-----V-TEEG-FA-----T-H-ER-DSGSH-ENDPKT		1037
TAL.CM.00.266	-H-I-----LRTDEGEVIT-----K-NAE-QALGNKIDLE-SKEQ-AEMGRDN		1020
TAL.CM.01.8023	-H-V-----LRTDEGEVIT-----K-NAE-QA-GNKTDLEGSKEQ-AEMGRDN		1021
TAN.UG.x.SIVagmTAN1	-T-----KEGE-EL-----KE-ERKTVG-KTNMEG		1020
VER.DE.x.AGM3	GO-I-----KGGV-EL-EY-----K-EPRKRMG-ESNLEGAGGADN		1023
VER.KE.x.9063	-Q-I-----KEGE-EL-----K-EPRKRMG-EGNMEGLRGPDPNQMARNSQLDD		1034
VER.KE.x.AGM155	-R-I-----LKEGE-EL-----K-EPRKTLG-ETHLEGAGGSDHOMAG.DS		1032
VER.KE.x.TY01.patent	-Q-I-----LK-DGS-L-----K-EPRKRVNGEGDVETRGSNDN		1026
WRC.CI.97.97C114	G-P-----L-ETPE-G-IT-----L-KVWNGEGMDRSSSDKN		1023
WRC.CI.98.98C104	G-----L-VETPE-G-IT-----K-KVWNGEGMDRSSSNKD		1023
WRC.GM.05.Pbt_05GM_X02	G-V-----L-V-TPEG-LLT-----K-TMDGKGM#		1007

Vif start

vii

H18. FR. 83. HXB2	PELADQILHYHFDYDFSDSAIRKALLGHIVSPRC	..EYQAGH..	..NKVGSLOYLALAALITPKKIKP..	..PLPSVTKLTERDWNKPKQTKGHRGSH..	..TMNGH..	Vif end	192
H10. CM. 91. MYP5180	-T- RM- -H- T- TE- -I- QR- LTK- -L- -	..SQ- T- F- K- VVKV- RN- -	..QR- -	..W- IRDL- -	..S- -		193
H1N. CM. 95. YBF30	-M- K- -H- -TA- -Q- V- RP- L- -P- -	..SQ- T- -	..T- WVG- A- -	..EH- MO- -	..NP- I- -		193
H1P. CM. 06. U14788	-T- R- -H- -Q- -V- R- I- DR- LNX- -S- -	..SQ- -	..KVVVGKV- R- -	..QT- Q- I- SN- R- -	..XOE- S- S- CYKP- -		196
CPZ. 02. 06. BF1167	-T- -I- SR- -P- TER- -Q- I- EKILF- -HF- T- -	..S- -	..F- FKVVLE- Q- -	..HRP- -	..RT- A- QENR- -	..QT- Y- -	197
CPZ. T2. 00. TAN1	-T- -TR- -T- AAG- V- Q- I- ERILTF- -HF- S- -	..RQ- T- F- -	..FRKVVESODKQ- KGPRR- -	..HRT- T- R- EN- -	..LS- C- -		199
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con	-T- -RI- - -Q- TE- -V- IV- EKLLCK- -N- P- -	..SQ- T- -	..R- VGVKVR- -	..F- Q- AA- T- SRS- QMR- -	..KEN- ..ST- -		193
						Vif end	193
MAC. US. x. 239	-NY- I- L- ST- -P- -TAGEV- R- IR- EQLLSC- -	..RFPRA- K- -	..YQ- P- -	..KVV- -	..SDVRSQGENPT- KQWRDNRRLRLMAKONS	..RGDKQRGKPPTKGANFPGLAKVLGILA- -	215
H2A. SN. 86. ST JSP4 27	-DC- S- -ST- -S- TAGEV- R- IR- EKLLSC- -	..N- PQA- K- -	..YQ- P- -	..F- VVVQ- -	..QNGRPQRDNTTRKQWRNRYRGLRLVARQDGRSHKRGSEPPAPRAYFPVAKVLEILA- -		216
H2B. CI. x. EHO	-DV- R- L- GS- -SS- TANEV- R- IR- EKILSH- -	..N- PSA- T- -	..GO- P- -	..F- RVVQ- -	..EGKDGSGESTTRKQRRNRSRRGIRMARDNIRTS00S5S0SLAOGTYFPGAEVLGILA- -		217
H2G. CI. 92. Abt196	-T- -L- GS- -S- TAGEV- R- IR- EQLLSC- -	..N- PTA- K- -	..GO- P- -	..F- QVV- -	..OKGHGS- GESXTRKQRRGDNRRGIRMARKNSXRD00D00S0STOGAYFPGLAKVLGILA- -		216
H2U. CI. 07. 071C TNP3	-DY- -L- GT- -S- YTAGEV- R- IR- EQLLSC- -	..NFPSS- K- -	..GO- P- -	..F- KIV- -	..ODVPRPKNTT- KLRRRNS- RSLRMRVNSHSHKPRGSSAOGTYFPGVAKVLGILA- -		215
H2U. FR. 96. 12034	-DC- -L- GS- -S- TAGEV- R- IR- EQLLSC- -	..NFPSS- K- -	..GO- P- -	..F- KIV- -	..ODGRS- RENLPRKFRARRNCRGRLAKNRCERYOGSSATSGTYFPGVAKVLGILA- -		214
ASC. UG. 10. RT03	-I- AM- VEH- S- TAQDFTR- IR- QOLLGE- -	..HHPHYLKGEI- -	..PT- -	..R- I- -	..ODGSTAITPMLAKONS- -	..GDVPKTNPNGTMGAKRRGRKTLPORRTPWSLAALPLPPCRQ- -	242
ASC. UG. 10. RT08	-Q- -AMV- VEH- S- TAQDFTR- IR- QOLLGE- -	..HHPHYLKGEI- -	..PT- -	..R- I- -	..ODGRNPATTP- TLVKON- -	..RNVPKTNPNGTMGAKRRGRKTLPORRTPWSLAALPLPPCGH- -	241
ASC. UG. 10. RT11	-Q- -AMV- VEH- S- TAQDFNR- IR- QOLLGE- -	..HHPHYLKGEV- -	..PT- -	..R- I- -	..ODGRNPATTP- TLARONS- -	..RDVPKTNSGNTMGVKKRRGKTLPORRTPWSLAALPLPPCRQ- -	242
COL. CM. x. CGU1	WQO- VGYM- IIRGK- VRIIEEAKAIRGLPMPN- -	..DF- V- L- -	..G- LK- E- C- L- -REKERTHOKMRVLK- -	..TSH- CRTR- -	172
COL. UG. 10. BMC01	WQM- TGYL- IIRGK- TEIEKEVKARIGLPMWP- -	..DF- V- L- -	..G- R- E- C- SK- -OKDOERYOKMRWKE- -	..TST- CKSR- -	173
COL. UG. 10. BMC07	WQ- -VGYM- IIRGK- VEIEEAEARRA- KGLPMP- -	..DF- V- L- -	..G- LT- E- N- I- -DEWPLR- RPEK- -	..TTP- YRSR- -	172
DEB. CM. 04. SIVdeb04CMPF3061	-EH- -R- -P- -TQO- V- Q- I- -EKLLTK- -	..Q- YHRGAGG- -	..GPP- -	..IC- RVA- K- -	..YKATAT- PTNALVKASNF0ASATTHDAGCR- -	..RSHEITL SKGRINWRLELLCRVTSRARVDRRTGLGSLNRLHKEGPENDLATSGRRVLS- -	251
DEB. CM. 99. CM40	-D- -H- -R- -P- -QO- V- Q- I- -E- LLQO- -	..Q- YHRGPEG- -	..KGPP- -	..I- RYAVK- -	..HGKV- TL- PT- FHLK- NTHDKARVAAG- ARSKR- -	..SPKTFHQRRITWSLESCLRLTRPTLDGRTSMGCIH- -	231
DEB. CM. 99. CM5	-D- -H- -R- -P- -QO- VTO- -K- EKLLQO- -	..Q- YHRGPEG- -	..KGPP- -	..RTAVK- -	..YGVKSTL- PT- FHIK- STNDKASTTT- -	..AGSKR- -	231
DEN. CD. x. C01 CM0580407	-VT- ET- -KDH- S- TRQ- V- Q- -R- EV- LST- ARKKAHYHPRTPG- -	..REPP- -	..IV- Q- A- R- -YGVKVTIT- PTSISFK- GRNHS- AAT- SMGYHR- -	..GKKTLOORDHMMNGSLLLVITSAPTLDRRTSMGSHRRHFHKNHAERNMEAL- -	259
DRL. DE. 11. 03	-I- -M- -CK- -N- -TRD- -W- EKIMAT- -	..AMPT- K- -	..GC- L- -	..F- C- R- Q- OHVONKAA- -	..YLRHGRITAGSGESSGASGRGVRVRAVESLKNOP- -	..GSTLTPPRVPLPSLEHLHALP- -	218
DRL. x. x. FAO	-TT- RI- E- -P- T- Q- -GV- YRIQA- -	..YFPR- K- -	..GO- -	..Q- H- K- -	..YLKHGRITAGSGESSGASGRGVRVRRMATEESLKNOP- -	..GSTLTPPRVPLPSLEHLHALP- -	218
GRV. ET. x. GRI 677 gri_1	-GT- RM- - -N- -T- R- QO- IR- EKYTW- -	..TFKE- K- -	..GO- Q- -	..L- V- YTNIGI- -	..RRKSKRTFTRMAGNLASROGA- -	..M- RMATRAHQSGKRRSOKALWNEHANPMSMELLCRGKET- -	220
GSN. CM. 99. CN166	-GV- M- I- -GK- -P- QNED- R- IR- EQLLGN- -	..HPEA- LQV- -	..GTPT- EQ- -	..FF- Y- -	..VKHGYKNTQSSYALAO- P- G- -	..AHN- GYRSKRSVGNKRGRETLLKGRAPWNLA- -	238
GSN. CM. 99. CN71	-DV- M- I- -TR- -P- QNEDV- R- IR- EQLLGN- -	..DHPEA- PQV- -	..GPTH- ER- -	..FF- Y- -	..VRYGKNTQSSYALAO- P- G- -	..AHN- GYRSKRSVGNKRGRETLLKGRAPWNLA- -	238
LST. CD. 88. SIVhoest447	-I- -M- -CK- -N- -TRD- -W- EKIMAT- -	..AMPT- K- -	..GC- L- -	..F- C- R- Q- OHVONKAA- -	..KESRK- SRLGLMTKGA- -	..MGSMSRHHGGNGKGGTTPPRNFGPSLGLLCOQYVRGGSLEHIIHYSK- -	228
LST. CD. 88. SIVhoest485	-I- -M- -CK- -N- -TRD- -W- EKIMAT- -	..AMPT- K- -	..GC- L- -	..F- C- R- Q- OHVONKAA- -	..KESRK- SRLGLMTKGA- -	..MGSMSRHHGGNGKGGTTPPRNFGPSLGLLCOQYVRGGSLEHIIHYSK- -	228
LST. CD. 88. SIVhoest524	-I- -ML- VK- - -WVHRD- VR- IR- EKILHS- -	..KMPT- K- -	..GC- L- -	..C- R- Q- OHVOTKTA- -	..AO- RKAPRGLMSSKRA- -	..MGSMSRHHGGNGKGGTTPPRNFGPSLGLLCOQYVRGGSLEHIIHYSK- -	227
LST. KE. x. lho7	-M- -YK- -N- -IQDR- -R- -ERITMC- -	..OPL- K- -	..GC- L- -	..FIC- R- Q- OHVQAEAA- -	..KKSR- TRGLMTKGA- -	..MGSVSRHHGGNGKGGTTPPRNFGPSLGLLCOQYVRGGSLEHIIHYSK- -	227
MAC. US. x. 251 1A11	-NV- I- L- ST- -P- -TAGEV- R- IR- EQLLSC- -	..RFPRA- K- -	..YQ- P- -	..KVV- -	..SDVRSQGENPT- KQWRDNRRLRLMAKONS	..RGDKQRGKPPTKGANFPGLAKVLGILA- -	215
MND. 1. GA. x. MNDGB1	-V- -H- -HFY- -M- -VM- -IR- EE- LKV- -	..YFHW- K- -	..GO- -	..L- -	..YG- EER- ASIR- SRTS- RATQSV- A- RYVGNKGRS	..KSKALPSHYPKSIRILCAKREH- -	223
MND. 2. CM. 98. CM16	-QT- -RM- -WK- LP- -TEO- -Q- -KLTV- -	..YFHW- K- -	..GO- -	..L- -	..CFYKGCITTESTLDLPD- -	..SHRA- -R- AGRHMGPKRGSPALLKGRAPWHLGSQH- -	213
MND. 2. GA. x. CM1239	-I- -MKI- -THS- S- YSOD- PRVIR- QPPLDG- -	..HPGA- TKV- -	..GPPT- V- -	..LT- -	..LKHGKSTQPD- -	..PNY- AAGPTGHVGPKRRGKTLFORAPWNLE- -	236
MND. 2. x. x. 5440	-T- -MRI- -TO- -S- YSOD- PRVIR- QHTLDG- -	..HPDA- TKV- -	..GPPT- V- -	..LT- -	..LKHGKGLAPOPPSALALOG- -	..PNH- APGTRSHVGSKRRGKTLFORAPWNLE- -	236
MNE. US. x. MNE027	-VTM- I- -TH- S- QOQD- QR- IR- EQLLRK- -	..HIKT- YPKV- -	..GTPL- EK- -	..FF- Y- -	..IKHTNGASASKSPSLMAKSSN- -	..ANNYGSASRPVGTGKRRGKTLFORAPWNLE- -	239
MON. CM. 99. L1 99CML1	-M- -I- -T- H- S- QOED- QR- IR- ERLTIG- -	..QH- TA- LPKV- -	..GTPT- EK- -	..FF- Y- -	..IKOGDGTSPSKSPSPMAKPPG- -	..NN- GAGTRKHVGSKRRGKTLFORAPWNLE- -	248
MON. NG. x. NG1	-M- -I- -T- H- S- QOED- R- IR- EQLLGH- -	..HPKA- FPKV- -	..GTPL- EK- -	..FF- Y- -	..VKSQRKNPTVSPSTLALQAS- -	..ANH- ATGTSRSHVGGKRRGKTLFORAPWNLE- -	240
MUS. 1. CM. 01. CM1239	VG- -MRM- -YK- -S- QOED- R- IR- EQLLGH- -	..QH- QA- FSKV- -	..GTPL- EK- -	..FL- Y- -	..IKHYKSTPLTYSMALQAC- -	..SHN- ATGSGGHVGGKRRGKTLFORAPWNLE- -	244
MUS. 2. CM. 01. CM1246	-YV- FMV- -V- A- WTO- - -I- -MPDHYR- -	..OLET- L- -	..G- L- L- R- -	..V- -	..RNGRKSRRGSGATQGA- -	..TGLGERHNGRNYCRGKALSOVGIPGSFSLCSKTYO- -	204
MUS. 2. CM. 01. CM2500	-I- -KM- -NV- -P- T- Q- - -EK- LV- -	..GF- R- R- -	..DO- T- -	..Q- WVK- -	..SOLQKNG- -	..R- SRRGPHMGGRSVTVMGVONVRDQPSRTLPRVHFPSVAYLCGILA- -	221
MUS. 3. GA. 11. 11gab0181	-IV- S- -KI- -P- T- K- -Q- I- -EK- LL- -	..GF- R- R- -	..DO- T- -	..Q- WAR- -	..EOKVKKHG- -	..R- SARGPHMGGRSVPALATGHARKGOL- -	221
OLC. CI. 97. 97C112	-TV- K- V- NO- -P- T- K- -Q- I- -EQ- LL- -	..AF- G- R- -	..DO- T- -	..F- T- Q- WAK- -	..SOLDRYG- -	..R- SPRGPHMGGRSVPALATGHARKGOL- -	217
RCM. CM. 00. SIVagi 00CM312	-WT- -HI- -WS- -P- T- R- VQO- IR- EKYLM- -	..KH- V- OPT- -	..GO- P- -	..R- VYTNGL- -	..QQLKDGSG- -	..OR- SARGPHMGGRSVPALATGHARKGOL- -	223
RCM. CM. 02. SIVrcm 02CM8081	-DV- - - -ST- -S- YTOGEV- R- IR- EQLLSC- -	..K- PSA- K- -	..RO- P- -	..F- RI- H- -	..RNPATTSRRGSGOQSGOQSRDTRMARNMNFGAORAVRRMAPRHVT- -	..GPOFRGPVLPKESPPFSLVEYCGRTSH- -	235
RCM. NG. x. NG411	-DY- V- L- GT- -P- -EGEV- R- IR- EQLLSC- -	..RFPKA- K- -	..YQ- P- -	..F- KVV- -	..KONGKC- RENPRT- QWRNRRGRFRAVIAHSGSSKOGSSKTS	..SAQADFPGLAKVLGILA- -	217
SAB. SN. x. SAB1	-D- -I- -GA- S- YTOGEV- R- IR- EQLLSC- -	..RFPKA- K- -	..YQ- P- -	..F- KVV- -	..EHVRSORENPT- KQWRNRYRGLRLVARKNSGRNKTQSGEPSTK	..GIDFPGLAKVLGILA- -	215
SAB. SN. x. SAB1	-D- -I- -GA- S- YTOGEV- R- IR- EQLLSC- -	..RFPKA- K- -	..YQ- P- -	..F- KVV- -	..DGS- R- DPSREQWGRDNRRLRLARKNSRRS00NSSEPPAKGAHFPGLAKVLGILA- -		214
SMM. CI. 79. SIVsmCI2	-DV- - -V- ST- -P- -AAH- V- Q- IR- EQ- LSY- -	..G- AVA- H- -	..SS- Q- -	..L- KVV- -	..QNGRP- GKNPTRKQWRNRRRLRLVMTQYSGGSPENSSSTPTTKRVNFPGLKVLGILGR- -		218
SMM. LR. 89. SIVsmLIB1	-DY- V- L- GT- -P- -AGEV- R- IR- EQLLSC- -	..RFPKA- K- -	..YQ- P- -	..F- KVV- -	..QNGRP- GKNPTRKQWRNRRRLRLVMTQYSGGSPENSSSTPTTKRVNFPGLKVLGILGR- -		218
SMM. SL. 92. SIVsmS192A	-DY- V- L- GT- -P- -AGEV- R- IR- EQLLSC- -	..RFPKA- K- -	..YQ- P- -	..F- KVV- -	..SVRSORENPT- KQWRDNRRLRLVAAQNGSKDQGGCKPSTKGTDFPGLAKVLGILV- -		215
SMM. SL. 92. SIVsmS192B	-DC- V- L- NT- -P- -AGEV- R- IR- EQLLSC- -	..RFPKA- T- -	..Q- P- -	..KVV- -	..EHVKSORENPTKQWRDNRNGSFRMARKNSGRHKS0SSKSTKRADFPGLAKVLGILA- -		215
SMM. US. 04. G078	-DY- T- L- GT- -P- -TAGEV- R- IR- EQLLSS- -	..RFPKA- K- -	..YQ- P- -	..F- KVV- -	..SHVRSORENPA- KQWRNRRRLRLMAREDSRRYKOGSSKPPTKGTDFPGLAKVLGILA- -		215
SMM. US. 05. D215	-DY- T- L- GS- -S- TAGEV- R- IR- EQLLSC- -	..RFPKA- R- -	..Q- P- -	..SVV- -	..SHVRSORENPTKQWRNRRRLRLVAAQNGSKDQGGCKPSTKGTDFPGLAKVLGILA- -		215
SMM. US. 06. FtQ	-DY- T- L- GT- -P- -EGEV- R- IR- EKLLSC- -	..RFPKA- K- -	..YQ- P- -	..F- KVV- -	..SHVRSORENPTKQWRNRRRLRLVAAQNGSKDQGGCKPSTKGTDFPGLAKVLGILA- -		215
SMM. US. 86. CFU212	-DY- T- L- GT- -P- -EGEV- R- IR- EKLLSC- -	..RFPKA- K- -	..YQ- P- -	..F- KVV- -	..SHVRSORENPTKQWRNRRRLRLVAAQNGSKDQGGCKPSTKGTDFPGLAKVLGILA- -		215
SMM. US. x. H9	-DY- T- L- GT- -P- -EGEV- R- IR- EKLLSC- -	..RFPKA- K- -	..YQ- P- -	..F- KVV- -	..SHVRSORENPTKQWRNRRRLRLVAAQNGSKDQGGCKPSTKGTDFPGLAKVLGILA- -		215
SMM. US. x. PGMS3	-DY- T- L- GT- -P- -EGEV- R- IR- EKLLSC- -	..RFPKA- K- -	..YQ- P- -	..F- KVV- -	..SHVRSORENPTKQWRNRRRLRLVAAQNGSKDQGGCKPSTKGTDFPGLAKVLGILA- -		215
SMM. US. x. pE660. CG7G	-DY- T- L- ST- -P- -TAGEV- R- IR- EKLLSC- -	..RFPKA- K- -	..YQ- P- -	..F- KVV- -	..SHVRSORENPTKQWRNRRRLRLVAAQNGSKDQGGCKPSTKGTDFPGLAKVLGILA- -		215
STM. US. 89. STM 37 16	-LV- -M- -FK- - -WTSRC- -R- M- -EKLTH- -	..RNV- VA- K- -	..GL- L- -	..F- C- RV- -	..HGGQERA- -	..SRTATRRRG- -	242
SUN. GA. 98. L14	-QT- A- V- SQ- -P- -R- VQO- -R- EKLTH- -	..WNFHKE- -	..Q- -QKYLKSDGTGFLQSLPAAARTITLHSSKQCLGR- -	..GRSNKC- COSR- GSPRSMAFYSGRNINWLESMLRGGRSRRRNTHGLD- -	234
SYK. KE. x. KE51	-AV- -R- -NF- -P- -TAR- VNO- VR- ELLTSH- -	..WTFPDT- -	..Q- P- -QVY- LKDGGLQSLPACARNITVLHSSKQCLGR- -	..KRDQC- CKGR- GDSRSTAFYSSRNINWLESMLRGGRSRRRNTHGLD- -	222
SYK. KE. x. SYK173 COMGM	-NV- -H- -TK- -P- TA- -V- Q- IR- EVLLAV- -	..GVR- KGR- -	..DTPP- -	..F- T- -	..AVRYGKVATQSSSADLOTH- -	..SNTKASARKAHERSSRRNAYTLHKRRGHWLSLESLCRIASRP- -	228
TAL. CM. 00. 266	-V- -H- -TK- -P- TA- -V- Q- IR- EVLLAV- -	..GVR- KGR- -	..DTPP- -	..F- T- -	..AVRYGKVATQSSSADLOTH- -	..SNTKASARKAHERSSRRNAYTLHKRRGHWLSLESLCRIASRP- -	228
TAL. CM. 01. 8023	-DV- -HM- -CH- -P- T- R- QO- IR- ESFLV- -	..T- KE- -	..VAENHMO- -	..R- -	..AVRHGKVATQSSSANNIKAH- -	..NTKSSIRKTHERSK- RDADHTLHKRRGHWLSLESLCRIASRP- -	228
TAN. UG. x. SIVagmTAN1	-AT- S- -TH- -T- TER- -Q- -ORFTF- -	..OFPE- KKT- -	..GO- P- -	..L- HONG- -	..RKRFPGGKTRMVRNLGSOOGA- -	..V- RMLKRRHGS- QS- STPTPFWERTPLPSMELLSGRRGKEWGTNDRKGL- -	239
VER. DE. x. AGM3	-AT- G- -H- -S- TER- -Q- -IR- ERVHF- -	..OFPE- KKT- -	..GO- P- -	..L- HONG- -	..RORSORAKTGGTRNMWGEQGA- -	..V- RMAKHARRYQS- SODAFWARAPVSMELLSGGRGKESHARKGL- -	233
VER. KE. x. 9063	-NT- SM- -CH- -T- T- R- QO- -R- NRFTF- -	..OFPE- KLT- -	..GO- P- -	..L- HONG- -	..RERSORAKTGGTRNMWGEQGA- -	..V- RMAKHARRYQS- SODAFWARAPVSMELLSGGRGKESHARKGL- -	233
VER. KE. x. AGM155	-AT- SI- -GH- -N- KER- -QO- -R- RVFV- -	..OFPE- KLT- -	..GO- P- -	..L- HONG- -	..RKRSORGETRTRNRLGSOOGA- -	..V- RMAORYGRNRORSOTAFWPRTPIPSMELLSGGRGKETGKTHSGKGI- -	233
VER. KE. x. Y01 patent	-SE- NKI- -SOH- E- WTONVV- NTIRTKGINVID- -	..ACQY- KGHA- -	..G- LT- T- C- Q- -	..VH- -	..REERSKGRKTRRSRLNSKOGA- -	..V- RMAKRYVTRSPQ- GEAAFWERTPVSMELLSGGRGKETHYSHDQGLQIL- -	236
WRC. CI. 97. 97C114	-SE- NMI- -SOH- V- WTONVV- NTIRTKGINVID- -	..ACQY- KGHA- -	..G- LT- T- C- Q- -	..VH- -	..EOL- ORAGAFRR- STNSRG- -	..SRYARALCNKTAFFPKGSPCKSISLLLSTERV- -	208
WRC. CI. 98. 98C104	-SE- VKI- -SOHV- WTONVV- NTIRTKGINVID- -	..ACQY- KGHA- -	..G- LT- T- C- Q- -	..VH- -	..EOL- QGT- TYRR- STNSRG- -	..SRYARTLCNKTAFPKGSPCKSISLLLATEKL- -	208
WRC. GM. 05. Pbt 05GM X02	VK- - -V- -SOH- E- WTO- -VKNTIRQGYLH- ID- -	..SCKY- QGHL- -	..G- LT- A- C- Q- -	..QH- -	..EQLRKRKAPNRR- PGNTRGS- -	..SRYARAVC- KTAFFPKGSPCKSISLLLATEKL- -	209

MAC.US.x.239
H2A.SN.86.ST_JSP4_27
H2B.CI.x.EH0
H2G.CI.92.Abt96
H2U.CI.07.071C_TNP3
H2U.FR.96.12034
DRL.DE.11.D3
DRL.x.x.FA0
MAC.US.x.251_1A11
MND.2.CM.98.CM16
MND.2.GA.x.M14
MND.2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
RCM.CM.00.SIVag1_00CM312
RCM.CM.02.SIVrcm_02CM8081
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1
RCM.NG.x.NG411
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SIVsmSL92B
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.06.CFU212
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PGM53
STM.x.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM_37_16

Vpx start
MSD..PRERIP..PGNSGEETIGEAFEWLNRVTEEINREAVNHLPRELIFQVWORSWEYWHDEQGMSPSYVKYRYLCLIQKALFMHCKKGCRCLEGEHGAGGW.RPGPPPPPPPG.LA*
-AG-----T-----D-----A-----R-----I-----T-----M-----M-----I-----S-----R-----T-----G-----P-----S-----V-
-----V-----V-----ET-L-HL-V-----K-A-RE-----I-----T-----M-----M-----I-----FA-----G-----R-----P-----S-----
-----V-----E-----D-----E-----T-----I-----R-----A-----T-----L-----M-----M-----V-----T-----QK-----P-----Q-----
-----E-----V-----E-----RD-----A-----Q-----Q-----R-----E-----T-----Y-----R-----Q-----R-----P-----S-----I-
-AEGQ-A-A-AE-VGA-----V-LE-----Q-SLLR-Q-RL-FHP-FL-RL-NTCM-HY-ALQL-FI-S-----L-L-----M-----FQO-S-VQGR-PPPLRPAGDRL-----PG-V-
-AERQSV-A-AE-MGA-----V-LE-----Q-SLLR-Q-RL-FHP-FL-RL-NTCM-HY-ALQL-FT-S-----L-L-----M-----FQO-S-QGR-PPPLRPAGDRL-----PP-
-AE-----E-----GA-----VOLNT-E-SL-K-Q-RL-FHP-FL-RL-NACT-H-RHOR-L-A-----L-MN-M-T-MQOE-P-RSG-P-----MV-
-AE-----A-EA-QGA-----VGLEQ-E-SL-QV-----QL-FHP-FL-RL-NTCV-H-RLRRTLN-A-----L-M-----M-V-MQO-P-RSG-S-----
-AE-----A-EA-EGA-----VGLEQ-ETSL-R-----RL-FHP-FL-RL-NTCV-H-RHOR-LD-A-----L-MH-MYT-MQO-P-RNG-RPR-----M-
-AE-----A-E-PT-AGEVEFOPWLARMLY-INQEA.RL-F-G-F-HL-RTCV-----RTLE-AG-----L-M-----T-MRS-KLR-----DPPR-OR-ERV-IL-MQ-
-AE-----A-EVPT-AGEVEFOPWLARMLY-INQEA.RL-FHP-F-RL-RTCV-H-----L-R-LE-AG-----L-M-----T-MRS-LR-----DPPR-OR-ERV-IL-MQ-
-AE-----A-EV-TGA-----A-FOP-RDML-KV-L-RL-FHP-F-RL-RTCV-H-VHOR-LE-AA-----L-M-----I-QT-SQR-----PNPR-AV-ERITIL-M-
-AE-----G-----V-----EAPT-AGDVEF-PWLHRMLT-VNLEA.RL-FHP-F-RL-RTCV-H-RL-R-LE-AG-----L-M-----I-OS-SQR-----Q-QAREA-ERIQIL-M-
-GS-----A-----T-----YS-----AV-----G-----K-----R-----F-----QA-TQ-----L-----C-V-----T-----R-----S-----A-----
-----Q-----D-----D-----E-----V-----T-----R-----F-----AA-T-----M-L-----S-----S-----P-----F-----
-----T-----Q-----D-----D-----H-----AL-OT-Q-----S-----R-----C-----V-----Y-----A-----VQ-M-----M-Q-FR-----T-----R-----SQ-----T-----
-----T-----H-----A-----H-----AL-OT-Q-----R-----C-----V-----Y-----A-----VQ-M-----M-Q-FR-----T-----R-----SQ-----T-----
-----N-----E-----D-----V-----R-----Y-----R-----E-----T-----W-----M-----R-----D-----T-----
-----E-----D-----A-----R-----R-----A-----T-----V-----R-----R-----T-----Q-----
-A-----L-----V-----R-----C-----F-----A-----T-----M-----M-----R-----N-----R-----E-----Q-----
-X-----X-----D-----H-----X-----A-----R-----X-----M-----V-----T-----X-----M-----R-----N-----R-----E-----Q-----
-----E-----G-----A-----R-----M-----E-----T-----V-----R-----E-----S-----T-----
-----E-----G-----A-----R-----M-----E-----T-----V-----R-----E-----S-----T-----
-----A-----E-----H-----D-----R-----PG-----S-----R-----

112
113
112
112
112
113
113
116
114
113
100
100
113
106
106
105
109
113
112
111
113
113
113
113
113
113
113
113
113

	oligomerization		amphipathic α -helix		H(S/N)RIG motifs		Vpr end
	Vpr start	Vpr end in HXB2	Vpr start	Vpr end in HXB2	Vpr start	Vpr end	
H1B. FR. 83. HXB2	MEQA	PEDQGPQREPHNEWTLLEELKNEAVRHFPRIHLGHQIHYETGD	TWAGVEAIRILQQLFIH#FRIGCRHSRIGVTR	96
H10. CM. 91. MVP5180	101
H1N. CM. 95. YBF30	96
H1P. CM. 06. U14788	99
CPZ. CD. 06. BFI167	94
CPZ. TZ. 08. TAN1	84
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con	99
MAC. US. x. 239	102
H2A. SN. 86. ST JSP4_27	105
H2B. CI. x. EHO	105
H2C. CI. 92. Abt96	103
H2U. CI. 07. 071C TNP3	102
H2U. FR. 96. L2834	101
ASC. UG. 10. RT03	134
ASC. UG. 10. RT08	133
ASC. UG. 10. RT11	134
COL. CM. x. CGU1	93
COL. UG. 10. BWC01	95
COL. UG. 10. BWC07	92
DEB. CM. 04. SIVdeb04CMPf3061	118
DEB. CM. 99. CM40	118
DEB. CM. 99. CM5	118
DEN. CD. x. CD1 CM0580407	99
DRL. DE. 11. 03	101
DRL. x. FA0	101
GRV. ET. x. GRI 677 gri_1	119
GSN. CM. 99. CN166	134
GSN. CM. 99. CN71	136
LST. CD. 88. SIVhoest447	115
LST. CD. 88. SIVhoest485	115
LST. CD. 88. SIVhoest524	115
LST. KE. x. lho7	115
MAC. US. x. 251 IA11	101
MND. 1. GA. x. MNDGB1	105
MND. 2. CM. 98. CM16	102
MND. 2. GA. x. M14	102
MND. 2. x. x. 5440	102
MNE. US. x. MNE027	102
MON. CM. 99. L1 99CML1	136
MON. NG. x. NG1	121
MUS. 1. CM. 01. CM1239	131
MUS. 1. CM. 01. SIVmus_01CM1085	136
MUS. 2. CM. 01. CM1246	136
MUS. 3. GA. 09. 09gab0181	140
MUS. 3. GA. 11. 11gab01s02	136
OLC. CI. 97. 97C112	97
RCM. CM. 00. SIVagi_00CM312	101
RCM. CM. 02. SIVrcm_02CM0801	101
RCM. GA. x. SIVRCMGA81	101
RCM. NG. x. NG411	101
SAB. SN. x. SAB1	141
SMM. CI. 79. SIVsmCI2	102
SMM. LR. 89. SIVsmLIB1	103
SMM. SL. 92. SIVsmSL92A	101
SMM. SL. 92. SIVsmSL92B	101
SMM. SL. 92. SIVsmSL92B	102
SMM. US. 04. G078	102
SMM. US. 05. D215	102
SMM. US. 06. Ftq	102
SMM. US. 06. CFU212	102
SMM. US. x. H9	102
SMM. US. x. PGM53	102
SMM. x. x. p660. CG76	102
STM. US. 89. STM 37_16	117
SUN. GA. 98. L14	116
SVK. KE. x. KE51	114
SVK. KE. x. SVK173_COMGM	116
TAL. CM. 00. 266	115
TAL. CM. 01. 8023	120
TAN. UG. x. SIVagmTAN1	120
VER. DE. x. AGM3	120
VER. KE. x. 9063	120
VER. KE. x. AGM155	120
VER. KE. x. TY01 patent	120
WRC. CI. 97. 97C114	117
WRC. CI. 98. 98C104	117
WRC. GM. 05. Pbt_05GM_X02	118

	Tat start	C-rich region	nuclear localization	exon 1 end	exon 2 start			
H1B.FR.83.HXB2	MEPVPDRLEPWKHPGSPQKTAC.TNICYCKKCCFHCQVCFITKALGISYGRKKRRQRRRAHON.....SOTHQASLSK.QPTSQP.....RGDPTGPKE+KKKVERETET.DPFD.	100			
H10.CM.91.MVP5180	-D-----EMP-H-----K-Q-P-N-----R-Y-Y-Y-TK-G-----H-----PA-AA-----SYDPNKPDPVPE-SL-HT-----GRKQKRQE-QE-----K-GP.SGQPCHQDSCNSC	101			
H1N.CM.95.YBF30	-----D------N-----R-Y-LY-TK-G-----S-----S-KS-DLITE-----L-Q-----Q-Q-Q-Q-Q-Q-EAL-SK-A-----	101			
H1P.CM.06.U14788	-D-----D-P-QO-----SSP-N-----A-Y-Y-TK-G-----R-KQ-SAS-----NN-N-DV-----*FACT-----GAQOE+HQ-QT-----KQATA--RS-CKWQYCLSS	108			
CPZ.CO.06.BF1167	-N-I-----QVA-E-AA-E-P-----V-Y-L-TK-----R-GK-SAVH-----NN-NPVR-----SLPKR-----GGG-IQ-----E-ANVA-----	108			
CPZ.TZ.00.TAN1	-D-T-----E-P-QO-----P-P-NT-----Y-Y-TK-G-----RPA-TADK-----D-NN-PV-----SLPGT-----SQOE+YQK-E-----GQ-A--RS-CWQDSCRSS	109			
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	Tat start			exon 1 end	exon 2 start			
MAC.US.x.239TPLREQENSLESSNERSSCI.....SEADASTPESANLGE-ILSOLYRPLEACY.NT.....Y-F-LK-G-C-EQSRK-R-TPKK.....AKANTS-A-N-K-I-NR.....TRHCOP-KA-ETV-KAV.ATAPGLGR.....	130	
H2A.SN.86.ST JSP4_27LDMETPLKAPGSLGSYNPESSCT.....SEQDAAAGLVSPGD-ILYOLYPLEACD.NK.....Y-M-F-LK-G-W-E-G-R-TPKK.....TKA-SS-A-Q-KTL-TR.....TGN5OP-K-Q-KTL-AL-ITGGGPR.....	133	
H2B.CI.x.EHO-TPLKEQESSLNSSSGHSST.....SEGVANTQGLDNRGE-ILSOLYRPL-ACS.NT.....SY-L-LK-G-C-E-RS-K-SKR.....AK-TTS-APN.ESL-AR.....TGD5OPTK-Q-K-V-TR.ATDLGPGRSNTST.....	132	
H2G.CI.92.Abt196-IGMETPSPRENSLKSCRELSCT.....FEETVDAPGLEGTQA-ILYOLYRPLEACS.NK.....Y-L-LN-G-VC-EQPR-RTPKKT.....KANSF-A-N.DRSISAR.....TRNXOPKK--EKV-KV.ATDLGLGR.....	133	
H2U.CI.07.071C TNP3-TPLKEQESLSKSKCEPSLCTSEEDVRIPESGDKEEETLSOLYRPLETCYN.....K-----Y-L-LK-G-C-E-QS-RSPKK.....AKVNTFPA-N.KSIPTR.....TRNSOPKK-Q-ETV-TL.ASTPLGLK.....	128		
H2U.FR.96.T2834-TFPLKEQESLSKSKCEPSSTSEGDVGTQGSAAAGEETLSOLYRPLEACSN.....K-----Y-L-LK-G-C-E-QP-RSPKVP.....EYSSAP-N.KSL-NG.....TRNSOPKE--KAL-AV.ATDLGLGR.....	101		
ASC.UG.10.RT03-D-SQGLEKWHRAPAQPPTAC.....P-F-N-IY-IL-QR-G-R-FRK-R-PG-APTP.....ESL-NN-D-VRO-Y.....OVDEEKT-----T-TS-C-C-TGS.....	127		
ASC.UG.10.RT08D-SQGLEKWHRAPAQPPTPC.....NS-F-S-IY-IL-QR-G-R-FRK-R-PG-APTP.....ESL-NN-D-VRO-S.....OVDE-KQAA-----T-TS--C-C.....	98		
ASC.UG.10.RT11D-SQEEVEKWHRAPAQPPTPC.....NS-F-S-IY-IL-QR-G-R-FRK-R-PG-APTP.....ESL-NN-DFVRO-F.....OV-EKKQAE-----T-TS-N-C-C.....	98		
COL.CM.x.CGU1SLSLYAKPLEAC.....NDK-W-A-----L-S-G-R-----NKSAT.....OT-TNVSS.....QIRGODREWEQPDNAE-THRAAK#TAAADFQD.....	84	
COL.UG.10.BWC01-TSFONRQPLKAC.....NNK-W-A-----L-S-G-C-----NKIN.....RC-EPLSS.....QIRGONQWEQPDNGE-LDSEQEDNNSRVOL#.....	86	
COL.UG.10.BWC07-TSFONRQPLKAC.....TNK-W-A-VY-L-S-G-C-----NKSP.....QS-KEEELTILQIPTOTQW-OPDNA-ELDS#IQEAAADFP.....	89		
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061-EEMDLFOGRGGEAN.....HPS-----I-T-YL-QT-G-T-----TRR-KR-APESA.TSDS-NODIV-KQ.....R-----RISSFQKEE-EAL-AAPGD.GGLPRKKS.....	93	
DEB.CM.99.CM40-SI-----FEERANTPH.....PA-M-A-IL-L-Q-G-----PRR-KRKC-REYTPAESN-PD-DFVPE.....-----RKCFDSQKKEA--ETAGP.GGCHREDDSSVS.....	108	
DEB.CM.99.CM5-ET-----FKETANTPH.....P-M-A-TM-L-MQ-G-----Y-SRR-KR-GSSFA.....ANDKO-EFIE-----WKFENSE-KET--KASRA.GGHRHPEDS.....	96	
DEN.CO.x.CD1 CM0580407-OKEVTHKHYRVCFHREARVRHYPNIRP#TPSQRRAMNADSIDPFAGNKTPCN.....T-----H-AY-L-LQ-G-----V-AP-KRP-AR.....OSGTPD-EAV-----SL-D-----PRR00ISOKKE-EKVGATGSSGGNIREDS.....	135
DRL.DE.11.03DARKVLDQDDAGTHFEFPQGRNTMNCN.....K-W-H-AY-L-LQ-G-----R-NVSRP-K-TASV.....SRVSETGTPVA.RHTAQRPRPTTDSOTKEE-SKTEASG.TSDONPPSQDPKPL.....RHTAQRPRPTTDSOTKEE-SKTEASG.TSDONPPSQDPKPL.....	119	
DRL.x.x.FAODARKVLDQDDAGTHFEFPQGRNTMNCN.....T-W-Y-AY-L-LQ-G-----R-NVSRP-K-TATV.....SRVSETGTPVA.RHTAQRPRPTTDSOTKEE-SKTEASG.TSDONPPSQDPKPL.....RHTAQRPRPTTDSOTKEE-SKTEASG.TSDONPPSQDPKPL.....	119	
GRV.ET.x.GRI 677_gri_1DRKEEPLH.LQDLHR.....LQP-TNK-----Y-EL-LQ-G-VH-HVSRK-RKTSQ.....DN-DPIRO.-SI-TV.....ORN-OTTEEG-T-V-KAAAN.....-----	94	
GSN.CM.99.CN166NRDPEECLLNWQOPGAAPATPC.....SA-----AL-L-LR-G-L-LHGRS-KRK-PKATEP.DPSVSN-D-A+V.....SL-HKOW.....NAVROTQ-ALA-KARS-G.....-----	104	
GSN.CM.99.CN71LNLSSPELDQDOW.....MNRDPAECLLPKWQOPGAAPATPC.....A--R-A-L-LR-G-L-LHGRS-KRK-SEASEP.APSVP-N-DPI01.....SLPHSKW.....NAIROT-QE-T-A-KATS-G-S-ISQDSRVSC.....	131	
LST.CO.88.SIVhoest447-OQEEQELTRKQHQDPLKETYEAVT.....K-LV-NMK-C-----R-YVHR-K-VAOVF.....EDKQPR-GTA-GRKE.....RTKNSOTKKER-RKTKTSTST.....	110	
LST.CO.88.SIVhoest485OQEEQELTRKQHQDPLKETYEAVT.....K-LV-NMK-C-----R-YVHR-R-VTOVF.....EDKQDPV-GGRKE.....RTKNSOTKKER-RKTKTSTST.....	107	
LST.CO.88.SIVhoest524OQEEQELTRKQHQDPLKETYEAVT.....D-LQS-QNK-H-V-IL-QO-----R-YVHR-R-VTYIL.....ETEDQPDV-SGRTE.....RAKNSOTKKERORKT-KTSTST.....	108	
LST.KE.x.lho7-TPQPEEQI0QKQHQDLMKETYNEAVT.....KALQ-QNT-C-----IL-QO-G-LH-YVHRK-R-VTSL.....ET-QDPVD-SGRKK.....RTKNSOT-K-R-EQIQRJLST.....	108	
MAC.US.x.251 IA11-TPLREQENSLESSSGHSCTSEAAATPELANLGEETLSOLYRPLEACYN.....T-----Y-F-LK-G-C-EQSRK-R-TPKK.....AKANTS-A-N.NRPTSNR.....TRHCOP-KA-ETV-KAV.ATAPGLGR.....-----	131	
MMD-1.GA.x.MNDG81-SGKEDHNCPPDSSGQEEIDYK.....QLLEEY-LQ-ENK-W-----ML-QK-G-R-HVYRK-VPGTNKK.....TPSGGEATR-RTA-RT.....YTANGOTTE-K-K-ATA.....	107	
MMD-2.CM.98.CM16DAGKAVSDKQEGDVTYPDFRORTPCD.....K-T-R-Y-L-LQ-G-----VH-HAYM-RS-QRL.....EKISEDS-APVGE-RE-ISVPT.....TSNSQAKKE-SPTOKNR-V-NOTAPK.....	112	
MMD-2.CM.98.CM16DAGKAEKLDKKEANTPLDPFGORTPCN.....K-T-R-Y-L-LQ-G-----VH-HAYM-RS-QRL.....EKISEDS-APVGE-RE-ISVPT.....TSNSQAKKE-SPTOKNR-V-NOTAPK.....	112	
MMD-2.x.x.5440DVGGEVADSKKEEDITHDFPRARITPCN.....K-F-V-Y-L-LQ-G-----VH-HVYRQ-RP-GLL.....EKVPSNSQAALG-RE-ISGPT.....TSN-OT-KEE-SQT-KMR.TSSORAPKNLGS.....	116	
MNE.US.x.MNE027IDMETPLREQENSLKSSNGRSSCT.....SEAAATTLESANLEE-ILSOLYRPLEACY.NT.....Y-F-LK-G-C-EQSR-R-TPKK.....VKANTS-A-N.NRPTSDR.....TKHCOPKKEQ-ETV-AV.ATVPGLGR.....	134	
MON.CM.99.L1 99CML1MEPVDPLPKQHPATPTPTPC.....F-RV-I-L-G-----YGR-KR-ATSPVP.....GLSSKNPAR-SL-H-----TR-SQR-T-QAQA-ATAATP--RQHI.....	104	
MUS-1.CM.01.CM1239D-SVENLPPRORPGAAPPTPC.....SS--R-A-ML-QK-----RF-KRP-SDON.....V-N-PNPVPI.KSIPNL.....QRODSRQ-Q-EALAAAGP--C-I.....	101	
MUS-1.CM.01.SIVmus 01CM1085D-SVEELPKRORPGAAPATPC.....S-F-A-VL-QK-----RF-KRS-ADSS.....LPS-SDPVOI.KSL-DR.....R-QKRO-Q-ET-A-A.....	98	
MUS-2.CM.01.CM1246D-SVEGLPPDORPGAAPPTPC.....C-A-IL-QK-----RI-KRP-TDSL.....LPSD-NPVRF-STPD.....SQOON-SNKKKOKKA-LEEAAGTDPCRCF.....	102	
MUS-2.CM.01.CM2500D-EVENLPPWQRPSSAPPTPC.....P-A-AY-MQ-L-----NRK-H-TDGL.....LPNN-DPIQL.KSIEPE.....R-QER-KQ-E-AP-AVS--CAI.....	101	
MUS-3.GA.09.09GAB0181QTRL-L+DHPGIAWMNNLEENLPPWQRTAATATPC.....NT-F-S-AY-IL-QK-----R-P-SDKG.....L-SD-DPVPE.KTL-I-----R-KDSQ-----ETL-T-ATS.NQAC.....	116	
MUS-3.GA.11.11GABPts02-V-P-DTPNWQHPATPTPC.....NS-F-AY-IL-QK-----R-P-SDKG.....L-SD-DPVPE.KTL-I-----R-KDSQ-----ETL-T-ATS.NQAC.....	116	
OLC.CI.97.97C112DAQEWSLEETLEDKEC.....KNK-----Y-L-LQ-G-----STESP-K-KVV.....S-QDSR.TSHF-IPS.....RTRNSQITE-E-TASSRA.....	98	
RCM.CM.00.SIVag1 00CM312DGQEAGLEROEETLYNPFQSVETPCN.....A-AY-L-LQ-I-Q-ASRR-RQ-DKKEA.....KIDTLATPKSL-ATS.....RRRNSPKKE-ESSV-KAVATNHTTGRKDLSTIS.....VDOL-ATEHRPLSATG.RNSQSK--E-ETL-KKVV--TNRPAGPRKNLAD.....	115	
RCM.CM.02.SIVcm 02CM8081DVRVAGSERIEEETLYNPFQSVETPCN.....A-AY-L-LQ-I-Q-ASRR-RQ-DKKEA.....KIDTLATPKSL-ATS.....RRRNSPKKE-ESSV-KAVATNHTTGRKDLSTIS.....VDOL-ATEHRPLSATG.RNSQSK--E-ETL-KKVV--TNRPAGPRKNLAD.....	115	
RCM.GA.x.SIVRCMGA81DVGQVGLHEPPEVILYDPFRKRETSN.....T-----Y-L-LQ-G-----N-ASRR-R-SKEENK.....ADKFPVNP.HRSISTTR.....NRKLEKKE-T-KKVA-TSTTIG.....	106	
RCM.NG.x.NG411DVKGAELEEREETLDPFFRETSCN.....S-R-VY-L-LQ-G-----N-ASRR-R-SKEENK.....KN-INPFD-E-SL-AI.....GRNSQSK-K-EA-KAVD-NITTGREDIFIS.....	115	
SAB.SN.x.SAB1DQGEARPOVNEELDELRHPLQACD.....NT-F-V-Y-L-LQ-G-----R-VPRP-RASKK.....IS-NOVSLH.KSI-TW.....TRDSOTKK-S-AVG+T-ATAGHTLGRNS.....	106	
SMM.CI.79.SIVsmCI2-IGMETPLKEQNLRSRSCNEHSLT.....SEQDVFTPELGTGVE-ILSOLYRPLEECS.NR.....Y-L-LK-G-W-E-RS-R-APKK.....AKAYTF-A-N.HRSISTR.....RN-OPTEKQ-KTV-TV.ATDLGLGR.....	133	
SMM.LR.89.SIVsmLIB1-IGMETPSKEQSSLRSCNEHSSCT.....SEAVGTPELASQEE-ILWOLYRPLEECF.NK.....RS-Y-L-VK-G-T-A-----P-TPKK.....AKA-TPFT-N.HRSVPNR.....TRHSQSKKE-K-VA-TV.ATDLGLGR.....	130
SMM.SL.92.SIVsmSL92A-TPLKEQENLKSRCPCPSSTSEEGVQTQELDAEEETLSOLYRPLETCN.....K-F-----Y-L-LK-G-C-EPERT-R-ARKK.....IK-DSFPS-N.YRSIPTR.....SRNCOPKKE+TKKV-AV-V-DPLGLK.....-----	131	
SMM.SL.92.SL92BDAPIQGLDSQGDQIPWOLYRPLETCYN.....S-F-----L-LR-G-T-AKPR-VKKK-K.....ANPFDTSNHRSSSG.....TRNCOPKKEQ-EKV--V.TDCLGLR.....-----	105	
SMM.US.04.0078IDMETPLREQESSLKSCNEPSSCT.....SEMDVSTPELAKAE-ILWOLYRPLEC.NT.....F-ESSR-R-TPKK.....AKANTSVA-D.YRSLER.....ARNC-PKEE-EKV-AV.ATDLGLGR.....	134	
SMM.US.05.0215IDMETPSKEQENSLRNFELSSCT.....SGADANTPELANLEE-ILWOLYRPLEACY.NR.....F-EAG-R-ARKK.....TTPSYL-SRN.NRSTIS.....SRNSOPKKE--EKVA-AV.ATDLGLGR.....	133	
SMM.US.06.FTq-TPLREQESSLSKYEHSSSTSEEAAPIOESAQIEEETLPOLYRPLETCN.....T-----Y-L-LK-G-C-E-QS-R-TPKK.....VK-NSF-APN.NRSTIS.....TRNSOPKKE+KTL-TL.ATDLGLGR.....-----	129	
SMM.US.06.CFU212-TRSREPESSLYRSHSSSTSEEDVPTQESVTOQEEETLPOLYRPLEMCCN.....S-R-Y-L-LR-G-VC-D-RP-R-TPKK.....VK-NTLFT-D.NRSTIS.....TRNSOP-KE-K-VVSTV.ASDLGLGR.....-----	128	
SMM.US.x.H9IDMETPLKEQESSLESSREHSSSI.....SEVDADTPESASLEE-ILSOLYRPEVACY.NK.....C-EQOR-TPKTKT.....ANTFSASDNRSLSXR.....ARNCOPKKE-ETV-X-V.ATDLGLGR.....	132	
SMM.US.x.PGM53-TPLKEQENSLSGSSNERSSYITSEEDVLTPEASAKVEEETLCOLYRPLEACSN.....T-----Y-L-LK-G-C-EQOR-R-TPKK.....AKANTF-APN.DRSLSTR.....ARNCOPKKE-ETV--V.ATDLGLGR.....-----	131	
SMM.x.x.p6600 CG76IDMETPLKEQENSLESCREHSSSI.....SEVDVPTPELANLEE-ILWOLYRPLEC.NK.....F-EAG-R-ARKK.....TTPSYL-SRN.NRSTIS.....SRNSOPKKE--EKVA-AV.ATDLGLGR.....	133	
STM.US.89.STM_37_16IDMETPLKEQESSLRSSSEPSSCT.....SEAVATTPGLANQEE-ILWOLYRPLEEC.NK.....F-Y-L-V-G-T-E-SR-VKKK-K.....TYPISASNRSLSR.....ARNCOPKKEQ-K-V--V-ESTPLGLK.....	132	
SUN.GA.98.L14STOQHQQDDQDGKGTLE.....EAYKTN-----LE-DNK-W-RR-----L-LQ-G-H-Y-VY-G-QHQS.....ISKDKQEA.VRIG-RK.....P-A-NPOTKK--RQ-KK-S-TST.....	102	
SYK.KE.x.KE51ST-----EDKYRETQIGTIFSLFEGTFLSNG-Q-P-SR.....Y-YR-LQ-G-T-V-ERK-RHA-TTA.....EDFAAH-STT.RRSLP.....STTRPOGO--E-KQIQTI.TSPASLRSAENF.....	115	
SYK.KE.x.SYK173 COMGNMST-----STQICQTORVPPSFLFEGTFLKNG-P-P-NK.....F-N-Y-L-LQ-G-T-A-PRK-AA-SI.....SEDD-APT.GTLP.....RAGRTQANPOT-KKAVETE.KDSTLPSAENL.....	110	
TAL.CM.00.266SKKEEL-----RTTPISDPFQEEGRGP-NK.....Y-L-LQ-G-R-VYPD-I-K-RRSTS.SSN-KOKDPV.....L-LQ-G-T-IOKRAE-TLO-SKAA-SGT-RKODS.....T-IOKRAE-TLO-SKAA-SGT-RKODS.....	110	
TAL.CM.01.8023SKKEELPTTTPYDPPAGG.TPCNK.....L-P-TNK-F-R-Y-----L-LQ-G-T-HVSRI-RPKKN.....SN-NLV-Q-SI-AW.....GNSOTTQEE-TKTPAAS.ETSRRP.....	101	
TAN.UG.x.SIVagmTAN1-SEGDMGAEELQDLHR.....OLKA-LKR-TNK-----C-Y-L-LQ-G-VT-HAPRI-RKKI-P.....PNRL-ODD-SI-TR.....GRD-SOTTO-GOEKV-SARTAPSLGRKNLAQ.....GRD-SOTTO-GOEKV-SARTAPSLGRKNLAQ.....	110	
VER.DE.x.AG3DKGDEEGAYHODLIE.....QYKK-L-T-RNK-F-----Y-L-LQ-G-VT-HAPRI-RKKI-S.....ADRIIPVO.....SI-TR.....GRD-SOTTO-GOEKV-SARTAPSLGRKNLAQ.....	110	
VER.KE.x.9663DKGDEEERTVLHODLIR.....QYKK-L-T-RNK-F-----Y-L-LQ-G-VT-HAPRI-RKKI-S.....ADRIIPVO.....SI-TR.....GRD-SOTTO-GOEKV-SARTAPSLGRKNLAQ.....	110	
VER.KE.x.AGM155DKGDEEDVDVSHODLTKQYRKPLETC.....DYQK-LQ-T-NK-F-----Y-L-LQ-G-VT-HAPRI-RKKI-S.....ADRIIPVO.....SI-TR.....GRD-SOTTO-GOEKV-SARTAPSLGRKNLAQ.....	110	
VER.KE.x.TY01 patentDKGAEQVSHODLSE.....DYQK-LQ-T-NK-F-----Y-L-LQ-G-VT-HAPRI-RKKI-S.....ADRIIPVO.....SI-TR.....GRD-SOTTO-GOEKV-SARTAPSLGRKNLAQ.....	110	
WRC.CI.97.97C114RKSLLSCLISTGYCKEGSSCIPKGVNLNKRKGNFKEONNCIETMREQOEIREK-SKETLSPC.....DHR-S-VA-VYS-TL-LQ-G-----RSYSKKTPTDIT.....AAS-SR-TSTT.....WKRDSTAK-E-KKIT-V.....	131	
WRC.CI.98.98C104KK-PLCIITGYGKSSCTLPKGVONNKKRENNFKEONNLSLETWKQEOEIRE-SKETLSPC.....NHK-G-Y-V-S-L-LQ-G-----RSYSKKTGSTAK.....ATT-SRATST.....WKRDCTQ-K-QKKTIVL.....	132	
WRC.GM.05.Pbt 05GM X02KNRPLCTITFTGSFKEDIYTSYKQDVPKKRTEKEIFKEONNFIEIWKGLQEIREE-SRETLSPC.....NHQ-R-----I-S-L-LQ-G-----HSYSKKTNKDSD.....A-T-SRVIS+T.....WKRDCTQ-K-QKKTIS.....	129	

	Tat end	
H1B.FR.83.HXB2*	
H10.CM.91.MVP5180	TRISGQ.....*	
H1N.CM.95.YBF30*	
H1P.CM.06.U14788	GTT.....*	
CPZ.CO.06.BF1167*	
CPZ.TZ.00.TAN1	GRTSGTSSSGYTRPFKTSSSGSSGACKH-	
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	GTISEP.....*	
	Tat end	
MAC.US.x.239*	
H2A.SN.86.ST JSP4_27*	
H2B.CI.x.EH0	SRFAN.....*	
H2G.CI.92.Abt96*	
H2U.CI.07.071C TNP3*	
H2U.FR.96.12034*	
ASC.UG.10.RT03*	
ASC.UG.10.RT08*	
ASC.UG.10.RT11*	
COL.CM.x.CG01*	
COL.UG.10.BWC01*	
COL.UG.10.BWC07*	
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061*	
DEB.CM.99.CM40	GRISNNC.....*	
DEB.CM.99.CM5*	
DEN.CD.x.CD1 CM0580407*	
DRL.DE.11.D3	GAKK.Q.....*	
DRL.x.x.FA0	GAKK.Q.....*	
GRV.ET.x.GRI 677_gri_1*	
GSN.CM.99.CN166*	
GSN.CM.99.CN71	GTT.....*	
LST.CD.88.SIVlhoest447*	
LST.CD.88.SIVlhoest485*	
LST.CD.88.SIVlhoest524*	
LST.KE.x.lho7*	
MAC.US.x.251 1A11*	
MND-1.GA.x.MNDGB1*	
MND-2.CM.98.CM16*	
MND-2.GA.x.M14	LGGQSK.....*	
MND-2.x.x.5440	LGSQSKSGAG.....*	
MNE.US.x.MNE027*	
MON.CM.99.L1 99CML1*	
MUS-1.CM.01.CM1239*	
MUS-1.CM.01.SIVmus 01CM1085*	
MUS-2.CM.01.CM1246	OKTSTT.....*	
MUS-2.CM.01.CM2500*	
MUS-3.GA.09.09Gab0181*	
MUS-3.GA.11.11GabPts02*	
OLC.CI.97.97CI12	GH.....*	
RCM.CM.00.SIVagi 00CM312*	
RCM.CM.02.SIVrcm 02CM8081*	
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1*	
RCM.NG.x.NG411*	
SAB.SN.x.SAB1*	
SMM.CI.79.SIVsmCI2*	
SMM.LR.89.SIVsmLIB1*	
SMM.SL.92.SIVsmSL92A*	
SMM.SL.92.SL92B*	
SMM.US.04.G078*	
SMM.US.05.0215*	
SMM.US.06.FTq*	
SMM.US.06.CFU212*	
SMM.US.x.H9*	
SMM.US.x.PGM53*	
SMM.x.x.pE660 CG7G*	
STM.US.89.STM_37_16*	
SUN.GA.98.L14*	
SYK.KE.x.KE51*	
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM*	
TAL.CM.00.266*	
TAL.CM.01.8023	GRTSTASSATVTRP.....*	
TAN.UG.x.SIVagmTAN1*	
VER.DE.x.AGM3	SGRATGASD.....*	
VER.KE.x.9063	KREAVGANA.....*	
VER.KE.x.AGM155	TRGPVGAGN.....*	
VER.KE.x.TY01 patent*	
WRC.CI.97.97CI14*	
WRC.CI.98.98CI04*	
WRC.GM.05.Pbt 05GM_X02*	

100
116
102
112
101
137
116

131
134
139
133
129
128
102
99
99
85
87
90
99
97
136
125
125
95
105
135
111
108
109
109
132
108
113
123
127
135
105
102
99
109
102
117
99
108
116
114
107
116
107
134
131
132
106
135
134
130
129
133
132
132
133
103
116
111
128
102
120
120
120
101
132
133
130

Tat

PLV Proteins

H1B.FR.83.HXB2
H10.CM.91.MVP180
H1N.CM.95.YBF30
H1P.CM.96.U14788
CPZ.CO.96.BF1167
CPZ.TZ.08.TAN1
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con

MAC.US.x.239
H2A.SN.86.ST JSP4_27
H2B.CI.x.EHO
H2G.CI.92.Abt96
H2U.CI.07.071C TNP3
H2U.FR.96.12834
ASC.UG.10.RT08
ASC.UG.10.RT08
ASC.UG.10.RT11
COL.CM.x.CGU1
COL.UG.10.BWC07
COL.UG.10.BWC01
COL.UG.10.BWC07
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
DEN.CO.x.CD1 CM0580407
DRL.DE.11.03
DRL.x.x.FAO
GRV.ET.x.GRI 677 gri_1
GSN.CM.99.CM166
GSN.CM.99.CN71
LST.CO.88.SIVhoest447
LST.CO.88.SIVhoest485
LST.CO.88.SIVhoest524
LST.KE.x.lho7
MAC.US.x.251 IA11
MND-1.GA.x.MNDGB1
MND-2.CM.98.CM16
MND-2.CM.x.M14
MND-2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
MON.CM.99.L1 99CML1
MUS-1.CM.01.CM1239
MUS-1.CM.01.SIVmus 01CM1085
MUS-2.CM.01.CM1246
MUS-2.CM.01.CM2500
MUS-3.GA.99.09Gab0181
MUS-3.GA.11.11GAbPts02
OLC.CI.97.97C112
RCM.CM.00.SIVag1 00CM312
RCM.CM.02.SIVrcm 02CM8081
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1
RCM.NG.x.NG411
SAB.SN.x.SAB1
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.05.0215
SMM.US.06.FtQ
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PGM53
SMM.x.x.p6660 CG76
STM.US.89.STM_37_16
SUN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173 COMGNM
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
TAN.UG.x.SIVagmTAN1
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9863
VER.KE.x.AGM155
VER.KE.x.TY01 patent
WRC.CI.97.97C114
WRC.CI.98.98C104
WRC.GM.05.Pbt 05GM X02

Rev start exon 1 end exon 2 start NLS
MAGRSGSDSE...ELIRTVRLKLLYQ...SNPPNP...EGTRQARNRRRRWREROROIHSISERILGTYL...GRSAEPVLPQLPPLERLTLDCNECDGTS...GTQ...GVGSPQILVESPTLVESGKE...116
----EED...QO-LQAIQI-I...C-T...A-S-N-K...R-A-VD-LAT--A-VV...HG-QDNMLVD--Q-NIRDP-ADRLP...GTVDPGTKDN...103
----VN...L-A-V-I...Y-S-K...SSC...A-RA--SSC...GPP--D-P--D--TE-S-P...ESQOGTATTE...104
----DED...LR--T-I-I-I...S-AR...GPS-NST...S--DQ-AG-IASH...PE-LGGAD--DISQ-HIEBOGPPN...VDTPGPTTE...105
----EEN...LQAIKI-I-E...Y-S-S...I-VE...LPTAP-V-D-SK--ADLTDQVD...PSVEPFAVGOCETIAAQAHTP-DTISTP-GNLGN...102
----EE-A...N-LY-I-I-D...Y-SG-A-S-T...Q-H-VDALAS--QYR...GPO--PH-DI-D-SK-H--PLDOPAST...E-GNOLGTOPSN-A...105
----DED...LQ-LTKI-I-R...C-E...GPS-NST--KG--DQ-AG-AAH...QN-DCVD--DISH--TGOGNNTOP...DRAPDQTTKSE...104

Rev start exon 1 end exon 2 start
SNHER...EE-RKRL--H-H...T-Y-TG-P-ANO--Q-K--R-WQ-LALAD--YSFPD...PPTDT-LD-AIQO-QN-ATESIP-PP-N...TPEALCDPTEDSR--D...107
--NE-AE...R-KL--R-H...T-Y-OG-P-ASO--K-W-LVALADK-YTFPD...PPADS-LEOTIHO-OG-IOELP-PP-N...LPESSESIDSSRLAE...107
--NAR...ERD-QKGL-LH-H...T-Y-OG-P-ASO--K-Q-GL-LALAD-HPLPD...SPTEG-LD-AIQO-QN-ITKOLPNPP--TPTAQASTCIPPIWDQLVPRSNPSSQCGGRDSCERGEDLVGSPQESGRRDRHCHNTQEQD...100
--SNLE...EE-RKRL-HF-H...T-Y-OG-P-ANO--K-KO-W-LALAD-YSFPX...PPAR-LD-AIQO-QS-IOIDXP-SP-A...LPKLODPPSN...147
--NNP...EE-VR-LR-HF-H...T-Y-RG-P-ANO--Q-W-L-LALAN-YSFPD...PPADS-LD-AIQO-QS-ATIELPEPPSG...LPESTDNORTSEA...102
--SNP...ELRQ-L-AC-I-RT-D...T-Y-TG-P-ANO--Q-W-L-LALADK-YTFPD...PPTDT-LD-AIQO-QS-ATIELPEPPAV...VPEHRTSAP...98
--SGREE-P...ELRQ-L-AC-I-RT-D...F-PA-S-S-T...R-RA-A-V-SSC...LESOR-VD-DIGO-R-ADPPSPVER-D...96
--SGR-E-P...ELRQ-L-AC-I-RT-D...F-PA-S-S-T...R-RA-A-V-SSC...PESDRSVD-DISO-R-ADPPVEQ-I...96
--SGREE-P...ELRQ-L-AC-I-RT-D...F-PA-S-S-S...R-H-RA-A-V-SSC...PESDRLVDP-DIGO-R-ADSSSVEQ-N...96
--I-R-RV-HK...H-W-R-GV-ARO-RNTQ-A-KO-Q-LA-DG-VVEQLV...ASLQOQD-YCPASTS...ANNLRQEEELADSSSVISITOGSKP-DS...93
--IR-IR-TAATFV-FTD-W-E-GV-ARO-RA-Q-A-RQ-Q-ARA-A-VHSE-LC...SSVQMD-YSHVE...ARLQHQEDC-POSLE-TGTEVSRPIDS...97
--TK-IRS-H-ATNH-YFAD-Y-DT-V-ARO-RA-Q-F-KO-Q-LA-G-VVD-LV...QNLQMD-YSPPGATVT...RWRDPQAEDASPSGLASITGCECKPGDSSOTSE...106
--HAG-RGE...LQN-L-AIAA-I...F-E-EG-GSRASR-R--QH-ETVD-LAA-ES...P-AA-E-A-D-QE-H-AAD-GSRDP...ARTNI...97
--HAG-RGSAEENTRO-LKVIS-I...Y-KG-G-SAST-R-QK-R-G-VD-A-QSH...G-PTTADVA-D-SQ-H-AD...90
--HAG-RG-AD-QA-L-MI-I-S...Y-KG-G-SAST-R-QK-R-E-VDD-AQ-EAH...HLTASDVA-N-E-R-AD...87
--LQERD...Q-VKA-K...Y-T-SKS-R-K-RQ-A-VVA-EYH...LTAADVE-D-K-SVD...84
--SAGREP-P...PMWFOEYL-VTR-W-DDOL...PO-ARO-KR-A-Q-RVEY-RALQA-EKLE...ORNSRLVE-GI-TH-AEERESS...86
--SAGPEREP...PMWFOEYL-VTR-W-DDOL...PO-ARO-KR-A-Q-RVEH-RTLOA-QSLE...RNSRLVE-GI-TH-AEERESS...86
--SLGKEE...KOALKI-T-G...Y-QF-S-ARO-RA-Q-Q-K-AG-V-N-FE...DOOLVAQOLEQLENK-V-AHP-PPHII...QDSSGIPAVWAPATPRG...SNRACSSSGE-CEGSLGTGTCYCPILSGSHQ05...140
--DHARGN-Q...KLQN-LAC-T-HR...Y-TS-S-S...A-G-VRE-N-ESLV...PE-GD-D-D-GO-S-SPW-REVP...VGTAAESNPESNPASETAOG...SS-QSDSLH...124
--DPANGR-Q...KLQN-LAC-T-K...Y-TA-S-S...K-K-A-VRO-H-ESLV...PE-SGN-D-D-GH-S-SP-ROVP...VGAAAGVPTSETAGG...SG-QSSSLY...120
--STGEK...SP-VLKIS-I-WT...GLOVGERREPR-ARO-AD-E-Q-KHLH-LRTVO-FHSTVERGL...ERAFTRLTVCDS-EVDOGIWNSSPOPCVAVPFVAPRPSDPFLPTWATSSLSQ0TG-KGRSDCELELED-KKQKHHSCKKPKOTGT...157
--STGEE...P-VLKIS-I-WT...GLOVGERREPR-ARO-AD-E-Q-KHLH-LRTVO-FHSTVERGL...ERAFTRLTVCDS-EVDOGIWNSSPOPCVAVPFVAPRPSDPFLPTWATSSLSQ0TMD-KGRSDCELELED-KKQKHHSCKKPKOTGT...157
--STGPEG...P-TYLK-SRI-WT...GLOVGERREPR-ARO-AD-E-Q-KHLH-LRAVO-FOATVERGL...ERAFTRLTVCDS-EVAGVGNTPHPRVAIPHLAGTYSDFPLPWTSLANPQ0IP-GECSNCELDQEQE-KEORAIKN...148
--STGN...P-YL-SRI-WT...GLOVGERREPR-ARO-RE-S-Y-DYLI-LRAVO-FOATVERGL...ERAFTRLTVCDS-EVAGVGNTPHPRVAIPHLAGTYSDFPLPWTSLANPQ0TMD-KGRSDCELELED-KKQKHHSCKKPKOTGT...148
--SSHER...EE-RKRL--H-H...T-Y-TG-P-ANO--Q-K--R-WQ-LALAD-YSFPD...PPTDT-LD-AIQO-QN-ATESIP-PP-N...TPEALCDPTKDSR--D...107
--STGVNY...QELTR-VVW-K-E-GL-ABDT-PO-ARO-R-KQOL-T-RA-LRELEG-KOI-DRG...PDOLCOGVTN-ALA-KSESSN...187
--PTEF-L-RDFWKYKIVOR-WEG-RLS-SPO-PO-ARO-KR-A-L-KTEY-ROLOS-WEALEORA...NORLAD-KFG-RVA-ES-SN...NORLAD-KFG-RVA-ES-SN...90
--STEP-ELG...RDFWEKYH-IV-Q-WE...LS-TSO-PO-ARR-KR-AOL-RTEH-VRELO-WQ-LEARA...NKLVEGVNHLA-ESAGSN...88
--STDR-L...EGFWRKYQAIIV-Q-WE...LS-APQ-PO-ARO-R-A-L-KTEH-VRELOT-EALEARA...SQELAQKVA-HLA-EPPSN...87
--SSHAEE...R-RL--H-H...T-Y-TG-P-ANO--Q-W-FLALAD-VYSFPD...PPTDT-LD-AIQO-QN-ATESIP-PP-N...IPEILHDPTESPR--D...107
--NGR-EE...RRL-SLALAAVRI-QE...Y-I-R-AN...RQ-L-A-A-FYH...Q-C-DI-D--STSDLP-PPE...VPEAATPPAHTPAPYVGP...112
--A-ENV...QD--C-I-RI...Y-TS-R-S-A...QD-D-RA--VAV...PPQ-SO-V-DISO-SINPLP-TPEG...SPDTEVSTI-DRD...106
--V-EN...R-AC-A-QI-K...Y-TA-D-S...KKK--RE...PPQ-SO-E-D-NK-S-HPLVATSE...SPDTEGVNKT-VHA-GTD...110
--A-ND...Q--FC-Q-RI-D...Y-TV-SR-AT-K-K-KK-A--VAVF...R-PPQ-ND-D-D-Q-R-EPLVDSKN...LPPPKGASKS-D-A...99
--TGR-I...E-LKACOT-I-N...Y-S-G-KN...Q-C-RAL-VS...PPQ-DSVE-D-K-S-KPLVADPAD...SPSPPEVEHLS-AQGESNOHP-SGSP...117
--KEE-L...AA-KACKV-I-H...K-Y-S-G-KT...K-R-SALA-VC...E-PPRLDSVD-DI-K--NPCVGDGK...CSIEDLTAKISPLAN-EGTGST--113
--VER-A...EG-AC-I-RI-S...Y-ST-R-S-S...QD-Q-RE--V-SSL...HP-GO-E-D-K-S-EPLVDEAG...NSAGTASQSSKRNRESF...110
--#ST-SP-KR-KKVSH-QDSRDYH-PG-Q-ARO-R-Q-VLREH-VYRDIE-VYRDIE...SKLERLITPVGSSSHSLDP-ELA-RL...ENLKTEETIWDQFAAE...124
--LLGEEE...DR-IR-RL--H-HL...T-Y-Q-EGE-ASO-R-VQ-R-WL-IQLA-FLYPD...PPNPSD-LSNAVEO-NQ-IAELPEPPIN...PFTNPASSVDNS...107
--LLGEE...DR-IR-RL--NF-L...Y-Q-G-ANO-R-L-R-WL-AQLA-FLLPD...TPPDRDLIEGAVEO-QQ-ATSDLPEPPVN...PFTNPASSVDNS...104
--LPGQD...EED-RKKI-NF-L-I-Y-QH-G-ANS-KK--R-WQ-VQOLA-LDST...DPPEVQDLDAIAD-QK-Q-NLPEPPVD...FS...93
--LLGEEEA...DR-IR-RI-H-IHL...Y-QS-G-ANO-RK-Q-R-WT-LQLA-FLYPD...TPPDRD-LQEA-SN-QO--SDLPEPPVN...PFTNPASSVDNS...97
--SDQE...GE-RKRL-HF-H...T-Y-OG-P-ANO--Q-W-L-LALAN-YSFPD...PPANSLD-AVQO-QS-STEDLPEPPRN...VSDIOLHAEFDOLVLDNLNLOOPSSPPH...PFTNOTANS-S...103
--HE...DR-Q-RL-H-H...T-Y-TG-P-ANO--Q-W-L-LALAD-YSFPD...PPADT-LDVAVQO-QS-ATQDLPEPPAT...LPTSLSSQEQDQA...102
--SO-QGE...EE-RKRL-HF-H...T-Y-OG-P-ANO--KQ-WY-LALAN-YSFPD...PPADTSFD-AIQO-QS-IEDLPEPP-N...IPETLKPDKDP...103
--ONP...EE-R-RL-H-IH...T-Y-AG-P-ASO--KR-WI-VALAD-YSFPD...PPADTID-AIQOQDS-STOSLPEPP-T...VPETLRDQSD...99
--SLOGE...EE-R-RL-H-H...T-Y-KE-P-ARO-R--Q-W-L-LALAD-YSFPD...PPVSS-LD-AVQO-QS-ATIEDLPEPP-N...VPETLRDSTENPRVH-A...107
--RQEE...EE-RKRL-HF-HA...T-Y-OG-P-ANO--Q-W-L-LALAD-VSSLT...PPV-T-LD-AIQO-QS-ATIDLP-PPA...VPEDLRSSPOSPROH-D...107
--SNP...EE-R-RL-HF-H...T-LY-OG-T-ANO--Q-W-L-LALAD-YSFPD...PPADS-ID-AVRO-QN-ATIEDLPEPPA...APGDLQSVAESPR-H-T...106
--TDQ...EE-RKRL-HF-H...T-Y-OG-P-ANO--YR-WH-LALAD-YSFPD...PPVHS-LD-AVQO-QN-ATIEDLPEPP...APETLOCAASNK-DH-N...105
--SSN...EE-R-RL-HF-H...T-YXXG-P-ANO-R--Q-WO-LALAD-YSFPD...PPADT-LD-AIQO-QS-ATIEPLNPPA...APEPLKDAESP...100
--SSSA...EE-R-RL-HF-H...T-Y-OG-P-ANO-R--Q-WO-LALAD-YSFPD...PPADS-LD-AVQO-QS-ENIT-PP...VPEAL-TENPR-R-D...104
--SST...EE-R-RL-HF-H...T-Y-OG-P-ANO-R--Q-WO-LALAD-YSFPD...PPADT-LD-AIQO-QS-ATIEDLP-PP...APEPLNDVAKSP...100
--SDQ...EE-RKRL-QF-H...T-Y-OG-P-ANO--Q-WN-LALAN-YSFPD...PPAST-LD-AVQO-QS-STIDLP-PPPN...LPKLODTAEN...99
--STGDSS...INOYL-IS-R-E-GL-A-GNL-PQ-HRO-R-D-E-KNLH-LRAVO-FA-T-DSRL...GRAFERLSVSDSSQVAESLGNPSTKHLPPAKFLVAPTYDFELPSWATPLADPQRLA-FAPYSGYEQDQERV-NQGESIIVSE-K--150
--S-EREDT...QEO-L-LLR-AQOLE-AAA-Y-L-Q-PQR-RN-N-Y-QL-A-RLVQO-FE-IA...R--TLEQSFGE-ITID...SRTAALED-S-Q-ITSD...84
--PDQGS...EDP-AVFL-M-AH-QE...Y-G--P-T--R--Q-Q-RT-RLYLQO-FEATF...DRSDIHT--D-SQ-S-ADLGP-ESC...ES-EPTGASHIRL-TTPPD-SSSDSPWVQ...77
--SLTG-SGRG...EDP-LAAI-R-RI...Y-EQ-Q-S--R-Y-KA-I-VEQ-AS-EH...GPOO-Q-D-K-S-AELGPEAP...ESDHTGASHIRL-EN...111
--SLTGSGKG...EDP-LAAI-R-RI...Y-EQ-Q-S--R-Y-KA-I-VEQ-AS-EH...GPOO-Q-D-K-S-AELGPEAP...HDSSTA...103
--SLG-E...R-IIQI-RI-H...QY-PG--ARO-R-Q-FOQO-VAAL--FIAQORRDPSSGESL-AAFDOLVLDNQO-VIETLP-PPQEP...EOLVQAIQDLVLDQOQ-ATQOLP-PPS-S...89
--PLG-EE...R-LL-AF-NK-N-Y-PV--ARO-RA--QA-E-LRALA-WHSRV...EOLVQAIQDLVLDQOQ-ATQOLP-PPS-S...89
--PLGPEE...RKVFS-AF-NR-T-Y-PV--ARO-RA--LRFLA-WNETK...EOLVQAIQDLVLDQOQ-ATQOLP-PPN-S...89
--PLGPEE...R-LL-AF-NR-T-Y-PV--ARO-RA--K-K-YALA-W-RQ...EOLVQAIQDLVLDQOQ-ATQOLP-PPN-S...89
--PLGPEE...R-LL-W-S-T-Y-PSG--ARO-RA--QD-D-RVLV-LQ...EOLVQAIQDLVLDQOQ-ATQOLP-PPN-S...89
--PLGPEE...IVLTARK-SOIQO-LLOE-QOLG-R-ARO-RN--LOQYRN-LRAVO-CNSL...EOL-MLTQO--TPPCHVESAFVPPV...DKRWVSSORHO...WKSISWSDTOEDCKEAGEYAGRGISNWOQ-DSSK...131
--SST...IVPTAR-VRVQOK-LOOE-QOLG-R-ARO-RS--QOYFR-LRAVO-CNSLV...EOLDKLLKS--PPNSVSPSCVPLLV...DPAWVSSOKNO...WSSACMHTOEDYKEQEGNNGERDIRK...123
--IIHTAR--RISQT-LQESY-E-G-R-ARO----FHSHR-IRLAVO-AD-L...EOLGNLTQO--EPPAAK-QPS-LSVDR...NTEWVSSOKTL...WSSVCCATGEDCCASAEKKGEGDIHAWQ0RDKQK...131

	Rev end	
H1B.FR.83.HXB2*	
H10.CM.91.MVP5180*	
H1N.CM.95.YBF30*	
H1P.CM.06.U14788*	
CPZ.CD.06.BF1167	SN.....*	
CPZ.TZ.00.TAN1*	
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con*	
	Rev end	
MAC.US.x.239*	
H2A.SN.86.ST JSP4_27*	
H2B.CI.x.EH0	TRG.....*	
H2G.CI.92.Abt96*	
H2U.CI.07.071C TNP3*	
H2U.FR.96.12034*	
ASC.UG.10.RT03*	
ASC.UG.10.RT08*	
ASC.UG.10.RT11*	
COL.CM.x.CGU1*	
COL.UG.10.BWC01*	
COL.UG.10.BWC07	VATICDECRA.....*	
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061*	
DEB.CM.99.CM40*	
DEB.CM.99.CM5*	
DEN.CD.x.CD1 CM0580407*	
DRL.DE.11.03*	
DRL.x.x.FA0*	
GRV.ET.x.GRI 677_gri_1	KKSAARP.....*	
GSN.CM.99.CN166*	
GSN.CM.99.CN71*	
LST.CD.88.SIVlhoest447	KEEMEIQIRKKWVSQ.....*	
LST.CD.88.SIVlhoest485	KEEMEIQIRKKWVSQ.....*	
LST.CD.88.SIVlhoest524*	
LST.KE.x.lho7*	
MAC.US.x.251 1A11*	
MND-1.GA.x.MNDGB1*	
MND-2.CM.98.CM16*	
MND-2.GA.x.M14*	
MND-2.x.x.5440*	
MNE.US.x.MNE027*	
MON.CM.99.L1 99CML1*	
MUS-1.CM.01.CM1239*	
MUS-1.CM.01.SIVmus 01CM1085*	
MUS-2.CM.01.CM1246*	
MUS-2.CM.01.CM2500*	
MUS-3.GA.09.09Gab0181*	
MUS-3.GA.11.11GabPts02*	
OLC.CI.97.97CI12*	
RCM.CM.00.SIVagi 00CM312*	
RCM.CM.02.SIVrcm 02CM8081*	
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1*	
RCM.NG.x.NG411*	
SAB.SN.x.SAB1*	
SMM.CI.79.SIVsmCI2*	
SMM.LR.89.SIVsmLIB1*	
SMM.SL.92.SIVsmSL92A*	
SMM.SL.92.SL92B*	
SMM.US.04.G078*	
SMM.US.05.0215*	
SMM.US.06.FTq*	
SMM.US.06.CFU212*	
SMM.US.x.H9*	
SMM.US.x.PGM53*	
SMM.x.x.pE660 CG7G*	
STM.US.89.STM 37_16*	
SUN.GA.98.L14*	
SYK.KE.x.KE51*	
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM*	
TAL.CM.00.266*	
TAL.CM.01.8023*	
TAN.UG.x.SIVagmTAN1*	
VER.DE.x.AGM3*	
VER.KE.x.9063*	
VER.KE.x.AGM155*	
VER.KE.x.TY01 patent*	
WRC.CI.97.97CI14	Q.....*	
WRC.CI.98.98CI04*	
WRC.GM.05.Pbt 05GM_X02	QQHQGNYCQTLHKP.....*	

116
104
105
103
126
106
105
108
108
151
101
103
99
97
97
97
94
98
117
98
91
88
85
87
87
148
125
121
174
174
149
149
108
88
91
89
88
108
113
107
111
100
118
114
111
124
108
105
94
108
100
104
103
104
100
108
108
107
106
101
105
101
100
151
85
78
126
112
104
90
90
90
85
133
124
146

	transmembrane domain	phos phos	cytoplasmic domain	
	Vpu start	α-helix	α-helix	Vpu end
H1B.FR.83.HXB2	TOP..IPIVAIVALVVAIIIAIVVWSIVIIE...	YRKILRQRK.IDRLIDRLIERAEDSGNESEGEIS.....	ALVEMGVEMGH...HAPWDVDDL....*	82
H10.CM.91.MVP5180	MHQ..ENLL-LI--SALCL-NVLI-LFNLRIYLVQRKQDR-EQE-	LERLR-IR-IRD--DY--NE-EQ...QE.....	MELIHSHGFL-AN-MFEL.....	86
H1N.CM.95.YBF30	MLS....LGFI--GA-VS--VI--ALLYR-....-K--KL-E--	KHIRQ-IR-E-----D-DAEWLDGDEEW...	TLLSSSKLD..QGN-V.....	84
H1P.CM.06.U14788	MH-.RDEAVLTAG-LLLC--X-GK-LLL....VL-ERERD-	FVORLA-WR-GQ--E-Y--NE-EE...EQLRELG.....	NLLGFDHV.....	79
CPZ.CD.06.BF1167	MLWQFLWLQYLGNGG--V-W-IALLVIRKAYLY.IKQVQEE	DR--EQA-IDRYQ-RGSTDSGI-EDEN...GLI.....	NWMDPDNYVLL.....	82
CPZ.TZ.00.TAN1	MIKIVVGS-STNVIGILC-LL-LIGGGLL-GIG-.I-RE-ERER	QHQRVLERLA-RLSIDSGV-EDEE.....	FNWNNFDP...NYNPR-WI....	84
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	MH-.RD-IV-IIGITLLAATVI--LKALAL....LRDR-E-R	FFNRLE--LSTK--E-Y--NE-EA...AELMERG.....	NELGFDFN-H....	80
DEN.CD.x.CD1.CM0580407	MLK...IKLGPTEY-CLVFAVVIT-IAA-GVGYL.AYRAYKSYR	EELRYI--RLWSI--Y--SQ-DP.....		65
GSN.CM.99.CN166	MH.....A-VWWMGA--TF-YLCVALLALYLAWDKWVKGP	PTQAVI---DE---IYDDASSE.....	LTGFNGF-AN-GFEV.....	79
GSN.CM.99.CN71	MSA....A-LWWMGA-V-TF-YFCLAIFALYLAWDKW-KGKP-	PVAVI--V-DD-E--IFEDASSE.....	PMAYGF-AN-GFEV.....	77
MON.CM.99.L1.99CML1	MNY..WMSLVATTYSLIL-ALP-AAWAWWRY....KITK-FKR-	-QE-Q--QIH-RRRHD-GVDTE.....	SES-QHE-THGF-VN-VFN-FGEWV...	88
MON.NG.x.NG1	MNT..YW-A--SVWC-IVLL-PCTLYLLYQS....KEHK-VSR	FEQDFQ--VOXYQEXDSGY-D-DEDHNSFDNPLFDDGDPDQW*	FRKQIMGHSILWSAGL...	98
MUS-1.CM.01.CM1239	MNY..WYLA-ALVTGIYFL--LFAFVLAYQRWCPR.....	KVEVSVIRLLEE--DSGIFEDAE.....	DEP....N-DGHAF-AN-AFEQ.....	76
MUS-1.CM.01.SIVmus.01CM1085	MNY..WYLA-VIVTGIYFV--FAFVLAYQRWCPR.....	KVEVSVIRLLEE--DSGIFEDAE.....	DDM....AES-HHAF-AN-AFEQ.....	77
MUS-2.CM.01.CM2500	MNW..WVFA-A-VTAIFYV--L-AFVLAYQR....WCOP--	KG.QVEVNVIRLLEE--TDSGIFEDAE.....	DG.....SDDRHGF-LN-AFEL.....	78
MUS-3.GA.09.09gab0I81	MNV..WYLA-AIVTAIYXA-V--ALWLL.....WD-Y	VRKEPTVSVI--L-EGDSGYE-VFEDAP.....	QEP....GDPLINAF-DN-AFEQ.....	78

	Env start	signal peptide end_gp120 start	glycosylation NVT	CD4 binding glycosylation NSS	glycosylation NDT V1
H18.FR.83.HXB2	MRVK...	...ATEKL...	...TTLF...	...VVLV...	...KNDM...
H10.CM.91.MVP5180	...K-MK...	...SL.Y...	...TTLF...	...VVLV...	...KNDM...
H1N.CM.95.YBF30	...K-MK...	...SL.Y...	...TTLF...	...VVLV...	...KNDM...
H1P.CM.96.U14788	...K-MK...	...SL.Y...	...TTLF...	...VVLV...	...KNDM...
CPZ.CD.06.BF1167	...K-MK...	...SL.Y...	...TTLF...	...VVLV...	...KNDM...
CPZ.TZ.00.TAN1	...K-MK...	...SL.Y...	...TTLF...	...VVLV...	...KNDM...
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	...K-MK...	...SL.Y...	...TTLF...	...VVLV...	...KNDM...
MAC.US.x.239	...GCL...	...IAIL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
H2A.SN.86.S2 JSP4_27	...CG...	...NOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
H2B.CI.x.EH0	...AHV...	...NNYL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
H2G.CI.92.Abt96	...AYL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
H2U.CI.07.071C TNP3	...AYL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
H2U.FR.96.12034	...AYL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
ASC.UG.10.RT03	...ACKL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
ASC.UG.10.RT08	...ACKL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
ASC.UG.10.RT11	...ACKL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
COL.CM.x.CG01	...LRY...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
COL.UG.10.BWC01	...FD...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061	...LAF...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
DEB.CM.99.CM40	...LI...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
DEB.CM.99.CM5	...LNL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
DEN.CD.x.CD1 CM0580407	...SOV...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
DRL.DE.11.DH3	...DRL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
DRL.x.x.FA0	...IRH...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
GRV.ET.x.GRI 677 gri_1	...GRL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
GSN.CM.99.CN166	...KT...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
GSN.CM.99.CN71	...MR...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
LST.CD.88.SIVhoest447	...NCP...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
LST.CD.88.SIVhoest485	...NCP...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
LST.CD.88.SIVhoest524	...ACP...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
LST.CD.88.SIVhoest524	...ACP...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
MAC.US.x.251 IA11	...GCL...	...IAIL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
MND-1.GA.x.MNDG81	...KC...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
MND-2.CM.98.CM16	...LRY...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
MND-2.GA.x.M14	...LRH...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
MND-2.x.x.5440	...LRY...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
MNE.US.x.MNE027	...GCL...	...IAIL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
MNM.CM.99.L1 99CML1	...KL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
MNM.CM.99.L1 99CML1	...GTL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
MUS-1.CM.01.CM1239	...PRM...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
MUS-1.CM.01.SIVmus 01CM1085	...PRM...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
MUS-2.CM.01.CM1246	...PAM...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
MUS-2.CM.01.CM2500	...A-M...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
MUS-3.GA.09.096gab0181	...LTL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
MUS-3.GA.11.116gabP1502	...PMT...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
OLC.CI.97.97C112	...K...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
RCM.CM.00.SIVagi 00CM312	...KSA...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
RCM.CM.02.SIVrcm 02CM8081	...KCL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
RCM.CM.x.SIVRCMGAB1	...DK...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
RCM.NG.x.NG411	...AKL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
SAB.SN.x.SAB1	...KLL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
SMM.CI.79.SIVsmCI2	...ECL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	...ACL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	...GCL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
SMM.SL.92.SL92B	...ACP...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
SMM.US.04.0078	...GCL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
SMM.US.05.D215	...GCL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
SMM.US.06.FtQ	...GCL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
SMM.US.86.CFU212	...GCL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
SMM.US.x.H9	...GCL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
SMM.US.x.PGM53	...GCL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
SMM.x.x.p660.CG7G	...GCL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
STM.US.89.STM 37_16	...ACP...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
SUN.GA.98.L14	...CP...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
SVK.KE.x.KE51	...KLF...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
SVK.KE.x.SYK173 COMGNM	...AAF...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
TAL.CM.00.266	...KYL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
TAL.CM.01.8023	...KCL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
TAN.UG.x.SIVagmTAN1	...GPL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
VER.DE.x.AGM3	...KLT...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
VER.KE.x.9063	...KPL...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
VER.KE.x.AGM155	...TKF...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
VER.KE.x.TY01 patent	...YT...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
WRC.CI.97.97C114	...IRF...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
WRC.CI.98.98C104	...LRF...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...
WRC.GM.05.Pbt 05GM_X02	...NTF...	...GNOL...	...DNGDY...	...LAL...	...S-DA...

	glycosylation NIS		glycosylation NCS		glycosylation NDT		glycosylation NTS		glycosylation NGT		glycosylation NVT		glycosylation NVS	
	V1	V2	V1	V2	V1	V2	V1	V2	V1	V2	V1	V2	V1	V2
H18.FR.83.HXB2
H10.CM.91.MVP5180
H1N.CM.95.YBF30
H1P.CM.06.U14788
CPZ.CO.06.BF1167
CPZ.TZ.00.TAN1
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con
MAC.US.x.239
H2A.SN.86.S2 JSP4_27
H2B.CI.x.EHO
H2G.CI.92.Abt96
H2U.CI.07.071C TNP3
H2U.FR.96.12034
ASC.UG.10.RT03
ASC.UG.10.RT08
ASC.UG.10.RT11
COL.CM.x.CWU1
COL.UG.10.BWC01
COL.UG.10.BWC07
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
DEN.CO.x.CD1 CM0580407
DRL.DE.11.03
DRL.x.x.FAO
GRV.ET.x.GRI 677 gri_1
GSN.CM.99.CN166
GSN.CM.99.CN71
LST.CO.88.SIVhoest447
LST.CO.88.SIVhoest485
LST.CO.88.SIVhoest524
LST.KE.x.lho7
MAC.US.x.251 1A11
MND.1.GA.x.MNDGB1
MND.2.CM.98.CM16
MND.2.GA.x.M14
MND.2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
MON.CM.99.L1 99CML1
MON.NG.x.NG1
MUS.1.CM.01.CM1239
MUS.1.CM.01.SIVmus 01CM1085
MUS.2.CM.01.CM1246
MUS.2.CM.01.CM2500
MUS.3.GA.09.09gab0181
MUS.3.GA.11.11gab01s02
OLC.CI.97.97C112
RCM.CM.00.SIVagi 00CM312
RCM.CM.02.SIVrcm 02CM8081
RCM.GA.x.SIVrcmGAB1
RCM.NG.x.NG411
SAB.SN.x.SAB1
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.LR.89.SIVsmL1B1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.0078
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FtQ
SMM.US.06.CFU212
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.POM53
SMM.x.x.p6668.CG7G
STM.US.09.STM 37_16
SUN.GA.98.L14
SVK.KE.x.KE51
SVK.KE.x.SVK173 COMGNM
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
TAN.UG.x.SIVagmTAN1
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9863
VER.KE.x.AGM155
VER.KE.x.TY01 patent
WRC.CI.97.97C14
WRC.CI.98.98C104
WRC.GM.05.Pbt 05GM_X02

<

[illegible]

[illegible]

Env

		Env end	
		gp41 end	
		cytoplasmic tail end	
H1B.FR.83.HXB2	VAEGTDRVIEVV...OGACRAIRHIPRRIRQGLER...ILL*		856
H10.CM.91.MVP5180	--NW--GI-LGL...RIGQGL-----A-----V-		873
H1N.CM.95.YBF30	-----I--LA...RIG-G-L-----A-I		853
H1P.CM.06.U14788	--NW-Q-A-G...QIG-GFLN---L-----S-		883
CPZ.CD.06.BF1167	TGWW-G--AL--RV-VDI---T-----I-A-N		886
CPZ.TZ.09.TAN1	TGWW-LI--G...VYIA-G-N-----L-A-N		872
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	T-DW--Q--AIA...RIG-G-LN-----S---		850
		Env end	
		gp41 end	
MAC.US.x.239	L-GAWGDLW-TL...RRGG-W-LA-----L-T---		880
H2A.SN.86.ST JSP4_27	LTNAWRGFWGTL...GOIG-G-LAV-----A-I-A--		860
H2B.CI.x.EH0	L-SAARTSWG-L...RR-AGE-IA-----A-L-A--		853
H2G.CI.92.Abt96	LTSTWRALWKT...GRVG-G-LA-----L-T---		885
H2U.CI.07.071C TNP3	LGRVGRGILAI...-----F-L-A--		882
H2U.FR.96.12034	LSRTGRELW-TL...GRVG-WL-A-----F-L-A--		882
ASC.UG.10.RT03	TWNW-EA-LAYL...RRLAOG-IA-----A-I-L-N		887
ASC.UG.10.RT08	TWNW-EA-LAAL...ROLAOG-IA-----A-I-L-N		891
ASC.UG.10.RT11	TWNW-EA-LVAL...RRLADEFIA-----A-I-L-N		882
COL.CM.x.CGU1	IL-TLQ-WLRSA...ARGW-RAPEYL-GWIYDRPQ...GPA		838
COL.UG.10.BWC01	IP-TLS-WLRSA...TRRW-RASEYL-GWLFDRPE...SPA		843
COL.UG.10.BWC07	IPOTLQ-WLRSA...TS-G-RALESCG-WIR-DPO...GPA		835
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061	FORWAEVALQ-L...GRGI-E-LA-A---A-L-F-N		847
DEB.CM.99.CM40	LOGIAEMALQGL...VR-GG-LRV-A---A-L--N		871
DEB.CM.99.CM5	LOGIAQVA-OGL...VWGG-NLLA-A---A-L-L-N		851
DEN.CD.x.CD1 CM0580407	GRATAEV-LAAL...TR-A-EVVA-----I-V-N		865
DRL.DE.11.DJ3	GROFGLSARAL...R-LAOGVAN---A-L-L-N		900
DRL.x.x.FA0	GROLGLSSARAL...RALAQEVAA-----A-V-LFN		896
GRV.ET.x.GRI 677_gri_1	AR-AWG-LGAI...RS-Y-VINS---V---K-V-G		855
GSN.CM.99.CN166	TWNW-EA-LHAC...RRVW-EFLA-----A-I-LFN		882
GSN.CM.99.CN71	TWNW-EPLVQT...GRVW-EFLA-----A-I-L-N		887
LST.CD.88.SIVlhoest447	DISAAHARNLRL...GOKK-WRFRFRG-SGFPs-TTETA-		916
LST.CD.88.SIVlhoest485	DISAAHARDIRL...GOKK-WRFRFRG-SGFPs-TTETA-		867
LST.CD.88.SIVlhoest524	ELSK-NGTNIIRL...GONR-RW-RFRF-SGLPS-TTETT-		917
LST.KE.x.lho7	QLSS---KNIQL...GKKK-WRLRFGG-SGISS-ATETA-		913
MAC.US.x.251 IA11	L-GAWGDL*-AL...RRGG-W-LA-----L-T---		877
MND-1.GA.x.MNDGB1	IFT-CREA-IAA...GTC-W-L---SA---P-N		879
MND-2.CM.98.CM16	HOW-LSTAACFR...AIA-G-IV---A-V-L-N		867
MND-2.GA.x.M14	HOL-LSVIRGAA...AIG--GN-----A-V-L-N		868
MND-2.x.x.5440	YOL-LSG-RGAA...AFG-G-WN---A-A-L-N		891
MNE.US.x.MNE027	L-GAWGDLW-TL...GRVG-W-LA-----E-L-T---		883
MON.CM.99.L1 99CML1	TIWV-ALLHAG...GRWL--VA-----A-I-F-N		870
MON.NG.x.NG1	TVIW-A-LRLG...GRWL-GLVAV---A-I-L-N		871
MUS-1.CM.01.CM1239	TWNW-EPILOIG...RRVW-EFLA-----A-I-L-N		892
MUS-1.CM.01.SIVmus 01CM1085	TWNW-ET-LOAG...RRVW-EFLA---V---A-I-L-N		898
MUS-2.CM.01.CM1246	TWNW-EPILOFS...KIW-KFLA-----A-I-L-N		883
MUS-2.CM.01.CM2500	T-NW-A-LQ-S...KQL*K-FLA-K---A-I-L-N		879
MUS-3.GA.09.09GaboI81	TWNW-EA-LQ-L...RRVA-EFLA-----A-I-LFN		893
MUS-3.GA.11.11GaboPts02	TWNW-EPLFOAX...RRVW-EFLA-----A-I-L-N		894
OLC.CI.97.97CI12	...HGINLOOKK...RRGSPLKQAQELGREGAE.TTGV-		844
RCM.CM.00.SIVagi 00CM312	AYYTWRLGQSLA...RLAGWPATCG-----L-L-N		855
RCM.CM.02.SIVrcm 02CM8081	AYFVWRGLCVTA...DIA-WPGTVC-----F-L-I		862
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1	AYYTWRLGLCA-A...RDFAGWPAMVC-----LCN-		851
RCM.NG.x.NG411	AYYTWRLGLCA-C...RDPAGWPATLC-----F-N		858
SAB.SN.x.SAB1	ATSAS-S-RHAC...RSIV-VIAH--M-E---WFN		868
SMM.CI.79.SIVsmCI2	L-SAGRDLW-TL...GRIG-GLLAA-----L-AF--		887
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	L-SAWRDLWOTL...GRIG-GLWA-----L-T---		879
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	LVSTGRTIWOTL...GHIG-G-AA-----L-T-N		886
SMM.SL.92.SL92B	IVGAWGLIW-TL...GRVG-G-AA-----L-M-N		887
SMM.US.04.0078	L-SAWRDLW-TL...GRVG-GLLA---V-F-L-T---		891
SMM.US.05.D215	L-SAWRDLW-TL...GRVG-G-AA-----F-L-TM-		885
SMM.US.06.FTq	L-SAWRDLW-IL...RRVGGWMLA-----L-T---		882
SMM.US.06.CFU212	L-SAWRDLW-TL...GRVG-G-LN-----L-T---		888
SMM.US.x.H9	L-SAWRDLW-TL...GRVG-G-LA-X-----L-T---		887
SMM.US.x.PGMS3	L-SAWRDSW-TL...GRVG-WVLA-----L-A---		886
SMM.x.x.pE660.CG7G	L-SAWRDLW-TL...GRVG-G-LA-----F-L-A---		887
STM.US.09.STM 37_16	L-SAGRDLW-TL...GRVG-R-GA-----L-T---		883
SUN.GA.98.L14	RVSSSQKARSRTFSLGRKW-PKWNRT-GS-IPS-TTETT-		920
SYK.KE.x.KE51	MVAIWUALLAYA...RRVAENVAAL---L---I-Y-N		841
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM	--AIWAIYAAT...RRVE-VAAL---L---I-Y-N		833
TAL.CM.00.266	TWNW-NG-LAAA...RW-GE-AA---T---Y-CFT		873
TAL.CM.01.0023	TWRW-SG-LAAA...RW-VQ-AA---T---Y-C-A		891
TAN.UG.x.SIVagmTAN1	AQSASRTLWNAC...RS-Y--LEH--M-E---WFN		880
VER.DE.x.AGM3	AQNAGYOIWLAC...RS-Y--INS--V---G---N		878
VER.KE.x.9063	AQNAGHOIWLAC...RSTY-H-SS--V---E---N		878
VER.KE.x.AGM155	ARNAAHOIWLAC...RS-Y--INS--V---E---N		878
VER.KE.x.TY01 patent	AQNACHOIWLAC...RS-Y-N-VNS--V---E---N		864
WRC.CI.97.97CI14	S-T-SRKTAASS...RIRML-T-LCASFDKCRRSFERRQ-		879
WRC.CI.98.98CI04	EK-ISENSNRET...T-SS-VWKL-T-LCSSLNKSRRR-F		885
WRC.GM.05.Pbt 05GM_X02	EK-IYTPGSRET...SRSSSIRGITA-LCTNLNPCRGGQ-		877

myristoylation

Nef start

phosphorylation

acidic cluster poly-P helix

H1B.FR.83.HXB2	MGKGVKSSV	IGWPTVRERMR	A			EPAAEDRG	AASRLDEKHAATSSNT	PATNAACAWLAE		QEEF	EVGFPVTPQVPLRMPITKA	VAVLSHLFKEGKGLGLTHSRRORDILDWY																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																												</
----------------	-----------	-------------	---	--	--	----------	------------------	--------------	--	------	---------------------	-------------------------------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	----

HXB2 premature Nef nef		normal Nef nef	
H18.FR.83.HXB2	HTQGYFPD*QNYTPGPGVRYPLTFGWCYKLPVPEPKIEE	..ANKGENTSLHPVSL.....HGMD.P.....EREVLEWRFSRLAFHVAHREHPYFKNC.....*
H10.CM.91.MVP5180	---F--W-C---	..P-F--LF---	..SAEEA-R.LG-TN-DA---ACN---AE-A..HG-I-K-Q-RS-GLT-I-LQK---L-LK---
H1N.CM.95.YBF30	---IL--WH---	..I-V--LF---	..LSAEEV---E-D-KAK---TCO---HKK-V--PT---SYE-FIRY-E-GYKSLPEDEWKARLK..ARGIPFS..
H1P.CM.06.U14788	---F--W---	..E--LF---	..MGD-Q-KAK---ACT..Y-FS---HK-I-V-K--S-GRE---LQK---L-LKD---
CPZ.CD.06.BF1167	N--I--W---	..CR-LF---	..AD-PEED---RNI-M-AAS---Y-R---NG-L-V-K--E-RB-I--R---
CPZ.TZ.00.TAN1	N--V--W---	..I-CR-LF---	..D-PEDD---KNI---ACT---TT---DG-T-I--S-RR-I--RY---
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	---W---	..I--LF---	..SEAEA---MGTA-S-RAI---ACS---R---HG-I-V--RA-GTT---LQK---L-L-RE---
max HIV-1 similarity		normal Nef nef	
MAC.US.x.239	KEE-II-W-D-S	..I-K--LW---	..NVSDAQAQ..EDE..EHY-M-AQT..SOW---WG--A-K-PT--YTVE-YVRY-E-GSKSLSEEEVRRRLT..ARGLLNMADKKETR..
H2A.SN.86.ST JSP4_27	KEE-IIG-W--H	..KF--LW---	..DVPOEGD..DSE..THC-V-AQT..SRF---HG-T-V--PT---SYE-FIRY-E-GYKSLPEDEWKARLK..ARGIPFS..
H2B.CI.x.EHO	NEE-IVSGW--H	..KF--LW---	..IMNIAEP..DEE..THC-V-AQT..SAW---HE-T-V-Q--L-YDY-FSRF-E-GYSGMPEKEWKARLK..ARGIPTE..
H2B.CI.92.Abt96	KE--II-W--A	..I-X--LW---	..TVSDEAQ..EDE..THC-V-AQT..SPW---T--A-K-PT--YDYR-FI---T--A-K-PT--YDYR-FI---
H2U.CI.07.071C TNP3	NEE-IVA-W--E	..F-K--LW---	..HVSDEAS..NDE..THC-V-AQT..SOEE-R..WG--A-K-AT--YDYK-FI-Y-E-GSKSLPEKEVKRRLLA..ARGLLNMADKKETS..
H2U.FR.96.L2034	NEE-II-W--S	..T-W-TC---	..ILWE---E-DANDKAO..EDE..RLY-VGSAAQT..SCEE-H..WG-A-V-K-P3---EPYQ-FIKK-E-GSKSLSEEEVRRRLT..ARGLPVKNC..
ASC.UG.10.RT03	NWV-LV-GW-G	..T-F-TC---	..ILWE---IGPQGLGEGDE..RAK---AGQOVYOD---HG-T-V-H-NPT---EPGILKADKLGO..PLPQKFTLTGRD..
ASC.UG.10.RT08	NWV-LT-GW-G-Q	..P-F-TC---	..ILWE---VGPQGLGEGDE..RAK---AGQOVSFOD---YG--A-H-NPT---EPGILKADKLGO..PLPQKFTLTGRD..
ASC.UG.10.RT11	NWV-VV-GW-G	..P-F-TC---	..ILWE---VGPQGLGEGDE..RAL---AGQOAYOD---L..HG-T-V-H-NPT---EPGILKADKLGO..PLPQKFTLTGRD..
TAL.CM.00.SIVagi 00CM312	IEW-CLKWLE-EDEL	..EDGALKED-K-VA	..LW--YI-QLGQYAY---SYD-SLLSVT..SRKKKK-Q0---VAIEMVD..
TAL.CM.01.SIVrcm 02CM8081	IEW-VLKWLE-EDETDENMOIRRE	..K-VA	..LW--FI-QLGQWAY---SYMMLLSIN..NRKKKPOO00..VA-DTVAIETPD..
COL.UG.10.BWC01	IEW-VLS-WLE-EDETDENEDGTPKEE	..L-AC-LW---	..LLDSIGKWAY---CFDPALLNRP..VTKKKKODAPM-STVAMEIETVD..
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061	NEW-II-GWLO-E	..I-KY--FLF---	..IADPDY..ENDE..RNI--DAHO..GO-E---YK-R-V-K--Q--CYCK-GHEAHTKETHTRRCMFPRKK..
DEB.CM.99.CM40	NEW-II-GWLO-K	..I-Y--FLF---	..IADPDY..ENDE..RNI--DAHO..GM-E---HK-R-V-K--T--CYCK-GH..A-OREHTRCMFPRKK..
DEB.CM.99.CM5	EW-II-GWLE-K	..P-TY--FLF---	..IADPDY..ENDE..RNI--DAHO..GQAE---HK-R-V-K--S--CYCK-GHE..AKPEHNRRCMFPRKK..
DEN.CD.x.CD1 CM0580407	NEH-FITGW-T-D	..I-E--FLW---	..TIEEEDY..NKE..ENC---DRYE..GQOA---W-T-V--PE--WCYK-GHKKLTSQHNHYCORAKPRK..
DRL.DE.11.03	NEW-FITGW-S-K	..I-KV--FLF---	..DV-DLLI-DOP..CNR--NSOM..GPI-S---G-R-M-Q--AS--YTFO-CIH--E-GHVTIRHD..KREEPOCCCKRKNWQF..
DRL.x.x.FAO	NEW-FITGW-S-K	..I-KM--FLF---	..F-EDLV-NQO..CNR--NSOM..GPI-S---G-R-M-Q--PG--YTFO-CIH--E-GHVKSTK...SVEEPGCCCKRKNWQF..
GRV.ET.x.GRI 677 gri_1	NEW-IID-W-A-S	..I-RV--F-F---	..DLHEEAR..NCE..RHC-M-AOMG..EDPDGI-D..HG--V-K-PK--VEYRPM..FKDMHEHAKR..
GSN.CM.99.CN166	LEW-LV-GWLSF--	..T-TIP-F-IC-R--	..ATTEDS..PGDD..EYL-T-AYO..GRSE-Q..HK-F-VFS-C-K--IKSGIOLDLOOEERKRLTANRFL..
GSN.CM.99.CN71	YEW-IV-GWLOW--	..I-TMP-F-WC-R--	..AMTEDS..PGDD..QYL-N-AYO..GQOE-H..H-I-VFS-C--LKSGWOMNLOOEERKRLTANRFL..
LST.CD.88.SIVhoest447	NEW-LIG-FM-D	..T-F-A--LWO---	..AC-EYTD-PSDY..SOC--SSO..GVQE---WG-R-I-H-NPM--VDY-LRK-KSIOASIGL..QRK..
LST.CD.88.SIVhoest485	NEW-LIG-FM-D	..T-F-A--LWO---	..AC-EYTD-PSDA..SOC--SSO..GVQE---WG-R-I-H-NPM--VDY-LRK-KSIOASISLNRCK..
LST.CD.88.SIVhoest524	NEW-LIG-FM-D	..T-A--LWO---	..AC-EFKD-PSDE..RQC--SSO..GVLE---WG-R-I-H-NPM--VDY-LRK-ASVQATAMRNCERK..
LST.KE.x.lho7	NEW-LIG-FM-D	..T-LW-E--AC-EYKD-PSDE	..TQC--SSO..GVLE---WG-R-I-H-NPM--VDY-LRK-ASVQATAMRNCERK..
MAC.US.x.251 IA11	KEE-II-W-D-S	..I-K--LW---	..NVSDAQAQ..EDE..EHY-M-AQT..SOW---WG--A-K-PT--YTVE-YVRY-E-GSKSLSEEEVRRRLT..ARGLLNMADKKETR..
MND-1.GA.x.MNDGB1	NEW-FE-GW-Q	..T-K-RFLF---	..SRAIGD..YAA--NH--SSO..CPQE---G-T-M-#W-PH--YDFA-LX..
MND-2.CM.98.CM16	NEW-FI-TW-S-D	..I-K-RFLF---	..AVRPPD..N-E-CNK--OSSO..GLOEE#---WG-R-V-K--G--YTFY-DTKR-GE--HYOSISHIAAYAKEHKPECCCKRKNWQF..
MND-2.GA.x.M14	NEW-FI-W-E-S	..I-KR--FLF-I--	..QVPPDQ..NOE..CNR--NSO..GLOEE#---WG-R-M-K--PE--YTFF-PIKC-KEYRHVTSLSYATY..OEKSDCCCKRKNWQF..
MND-2.x.x.5440	NEW-LI-NW--K	..I-K--FLF---	..AVSPPL..EDE..CNR--NSOM..GLOEE#---G-R-M-K--G--YTFF-PIIR-EY-CVTSLSYAYAKEHKPECCCKRKNWQF..
MNE.US.x.MNE027	KEE-IV-W-D-S	..P-K--LW---	..NVSDAQAQ..EDE..EHY-M-AQT..SOW---WG--A-K-PT--YTVE-YVRY-E-GSKSLSEEEVRRRLT..ARGLLNMADKKETS..
MON.CM.99.L1 99CML1	LEW-LI-GWLO-E	..T-TMP-FLWC-R--	..ATTEDS..EGDE..DPL-T-AYO..GR-E---H-QF-VFS-C-K--VKSGROLAOLQOEERKRLTANRFL..
MON.NG.x.NG1	NWV-LV-GWLOF-X	..T-TIP-FLWC-R--	..AIGEDS..EGDD..EFL-T-AYO..GRDE---HKQF-VFS-C-K--GVKSGPOLDLOOEERKRLTANRFL..
MUS-1.CM.01.CM1239	YDW-IV-GWLOF-E	..T-TIP-FLWC-R--	..AIGEDS..EGDD..EFL-T-AYO..GRDE---HKQF-VFS-C-K--VKSGROLDLOOEERKRLTANRFL..
MUS-1.CM.01.SIVmus 01CM1085	VEW-II-GWLM-D	..T-KTP-FLWC-R--	..AMTEGS..EGDD..QYL-D-AFO..GREE-H..HKQF-VFS-C--LKSGOLDOMQOEERKRLTANRFL..
MUS-2.CM.01.CM1246	VKSIV-RSLI-D	..T-RQP-FLWC-R--	..AMTEGS..EGDD..QYL-T-AYO..GRDE-H..HK-F-VFS-C--LKSGPOLNLOOEERKRLTANRFL..
MUS-2.CM.01.CM2500	VEW-LI-GWLM-E	..T-TMP-VLFC-R--	..HIGENS..LGDD..EHL-C-AFI..GREE---HK-F-VFS-C--LKSGROLNOMQOEERKRLTANRFL..
MUS-3.GA.09.09gab0181	MEW-IV-GWLR-F	..T-TMP-FLWC-R--	..AMTEGS..AGDD..EHL-T-AFO..GREE-I..HK-F-VFS-C-K--IKSGOLDLOOEERKRLTANRFL..
MUS-3.GA.11.11gab0181	VEW-IV-GWLS--	..RIP-FLWC-R--	..IAEDP6..EED..TFL-A-AYO..GREE-H..HK-F-VFS-C--LKSGOLDLOOEERKRLTANRFL..
OLC.CI.97.97CI12	NCW-IIGNF-ATEEEEG	..TL-R-K-P--LWD-RR--	..LPETLEERG..
RCM.CM.00.SIVagi 00CM312	NEH-II-W--S	..I-LWM--DVSDEAK..EDE..EH--AES..S-IE---WG-T-A-K-NPM--VDYIGYR--D-GERKNKTQ..	
RCM.CM.02.SIVrcm 02CM8081	NEH-II-W--K	..I-MM-LW---	..DVSDEAK..EDE..EH--AET-C-E---WG--A-K-PM--IDY-GYK--D-GERKNKTQ..
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1	NEH-II-W--S	..I-TL-LWO---	..DVSDEAR..EDE..EH--AET-S-E---WG--A-K-NPM--VDYIGYR--F-GERKNKTQ..
RCM.NG.x.NG411	NEH-II-W--S	..I-TL-LWO---	..DVSDEAT-E-E-RHC--AET-S-E---WG--A-K-KPL--VDYAGYR--F-GERKNKTQ..
SAB.SN.x.SAB1	NEW-IVDGV--D	..T-KC--F--	..DLSEEAQ..NSE--HC--AOV-AYE-A..WK-T-V-K-PL--VDY-WR--QVPSAQ6..
SMM.CI.79.SIVsmCI2	NEE-II-W--S	..I-MM-LW---	..NVSDAQAQ..EDE..RHC-V-AQT..SHL---WG--A-K-PQ--YNYE-FIRY-E-GSKSLSEDEVKRRLT..ARGLLKMDKKENS..
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	KEE-IV-W--S	..I-MM-LW---	..MVSDEQAQ..EDE..THC-V-AQT--Q---WG--A-S-PK--YTVE-YVRY-E-GSKSLSEDEVKRRLT..ARGLLKMDKKETR..
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	NEE-II-W--R	..I-MF-LWQ---	..DVSDEAN..EDE..HC-#-AQT..YK-S---WG-T-A-K-NPM--YTVE-FVRY-E-GWKSGLTEEEVKRRLAS..RKKPNHKKQHGAEEGS..
SMM.SL.92.SL92B	KEE-II-W--S	..I-KF-LWQ---	..DVSDEAN..NDE..THC-V-AQT..YQHS---WGK-A-K-NPH--YTVE-FVR-E-GWKSGLTEEEVRRLANK..PKPOKKMDKKETS..
SMM.US.04.0078	NEE-IV-W--S	..I-MF-LW---	..DVSDEQAQ..EDE..THC-V-AQT..QW---WG--A-K-PQ--YTVE-FIRY-E-GMSGLSEDEVORRLT..ARGLLKMDKKGNX..
SMM.US.05.D215	NEE-IV-W--S	..I-MM-LW---	..DVSDEQAQ..EDE..LHC-V-AQT..AOW---WG--A-K-AT--YNYE-FIKY-E-GSKSLSEEEVRRRLT..ARGLLKMDKKGO..
SMM.US.06.FTq	KEE-II-W--S	..I-MM-LW---	..DVSDEQAQ..NDE..THC-V-AQT..GOW---WGK-A-K-PT--YTVE-YIKY-D-GDKSLSEEEVKRRLT..ARGLLKMDKKETX..
SMM.US.06.CFU212	KEE-II-W--S	..I-MF-LW---	..DVSDEQAQ..EDE..THC-V-AQT..YOW---WG--A-K-PT--YTVO-FVKY-E-GYKSLSEEEVKRRLT..ARGL#KMDKKETX..
SMM.US.x.H9	KEE-II-W--A	..I-MF-LW-X--	..NVSDAQAQ..EDE..THC-M-AQT..SOW---WG--A-K-PX--YXYK-FVE-E-GSQSGLSEEEVORRLT..ARGLLKMDKKETS..
SMM.US.x.POM53	NEE-II-W--S	..I-MF-LW---	..SASDEQAQ..EDE..THY-V-AQT..SOW---WG--A-K-Q--YRYE-FIR-E-GSKSLSEEEVKRRLT..ARGLLKMDKKETS..
SMM.x.x.p6606.CG7G	KEE-II-W--S	..T-MYY-LW---	..DVSDEQAQ..EDE..THC-V-AQT..QW---WG--A-K-PE--YSYK-FIKY-E-GSKSLSEEEVKRRLT..ARGLLKMDKKETS..
STM.US.09.STM 37_16	KEE-IV-W--A	..I-KQ-LW---	..DMSNEAQ..EDD..GTHY-V-AQT..QW---WG--V-K-PL--HTYE-FVR-E-GSKSLPEKEEVRRLT..ARGLLKMDKKETS..
SUN.GA.98.L14	NEW-FITGW-D-K	..KA-LW-A-TI	..EDRD.PNHP..COA--SSOQ..GVNE---WG-R-I-T-PT--YDFR-IQK--E--HVTSLQWEV..
SVK.KE.x.KE51	NEH-VI-DIT-S	..T-I-LWE-A-N	..IEGYLV..DEE-D-LMM-AAGV..GASE---H-N-M-N-NPH--YTGWEMARQOERUTGKR..
SVK.KE.x.SYK173 COMGNM	NEH-II-RI--S	..T-I-LWE-N	..IEGCL...H-L--A-GO..GSS#---W-N-M-N-NPH--I-Q-GWPACS-RUKQENHKSQSOHLVRTSPX..
TAL.CM.00.266	NEW-IL-W-E	..T-C-ILWEDT---	..EDGHL-P-A-YD..GOAE---WG-S-V-EK--YTPG-KMAEYDRLEKRLMLAPPQTASS..
TAL.CM.01.8023	NEW-IL-W-S-E	..T-C-ILW-C---	..IHDOT...EDGHL-M-A-YD..GOQE---WG-A-V-V-EK--YTPG-KMAEYDRLEKRLMLAPPQTASS..
TAN.UG.x.SIVagMTAN1	NEW-IID-W-A-S	..T-K-R-C-F-FE---	..DVSDEQAQ..DE..RHC--AOI-EWES---WK-T-V-K-NPL--VOYNPDS..FKDMHGLVKRK..
VER.DE.x.AGM3	NEW-IID-WNAWSE	..I-R-C-F-F---	..DLHEEA..TCE..RHC-V-AOVR..EDPDGI-N..HG--V-K-PM--VOYDPNRKYLTDMHDLGRKK..
VER.KE.x.9063	NEW-IID-WNAWST	..I-R-C-F-F---	..MHIEEA..TCE..RHC-V-AOIK..EDPDGI-S..HG-T-V-K-PM--VOYDPNRVOYF-DHMAIVKRR..
VER.KE.x.AGM155	NEW-IID-WNAWSK	..I-R-C-F-F---	..ALHEEA..TCE..RHC-V-AO-H..EDPDGI-N..HG-I-A-K-PM--VOYDPSREYFTDLSYVTGTGN..
VER.KE.x.TY01 patent	NEW-IID-WNAWSK	..I-F-KC-F-F---	..DLHEEA..TCE..RHC-V-AO-MG..EDPDGI-S..HG-I-V-K-PM--IOYDPNREYFTDMLHGLVKRK..
WRC.CI.97.97CI14	NEW-LIDGW-A-E	..I-W-K--W---	..HFSEESDNTDPPY..RNK--AC--AEPE---WG-H-V-K-PK--CDF--GR-PGOSIATGKEATIESLYKNKKOCK..
WRC.CI.98.98CI04	NEW-LIEGW-A-E	..I-W-K--W---	..FSEESDSSQYK..KNL--GC--QESE---WG-H-V-K-PK--CDF--SR-PGHIIAQGEDAIETLHKEKLRHK..
WRC.GM.05.Pbt 05GM_X02	EW-IVEGW-A-D	..K--W---	..HFSEESPSNDQGF..KNL--AV--AESE---WK-Y-V-K-PK--CDF--GR-ADGIIATGIETLYEMKKRNNK..