
HMMER Sequences in the Env Alignment

A_U455	HIVU455	M62320	Oram,J.D.	ARHR 6, 1073 (1990)
B_HXB2R	HIVHXB2R	K03455	Starcich,B.	Science 227, 538 (1985)
C_UG268A2	HIVUG268A2	L22948	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
D_ELI	HIVELI	K03454	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
E_TN2432	HIVTN2432	L03703	McCutchan,F.E.	ARHR 8, 1887 (1992)
F_BZ163A	HIV1BZ163A	L22085	Louwagie,J.J.	ARHR 10, 561 (1994)
G_LBV217	HIVLBV217	L11778	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
O_ANT70C	HIVANT70C	L20587	Vanden Haesevelde,M.	JVI 68, 1586 (1994)
O_MVP5180	HIVMVP5180	L20571	Gurtler,L.G.	JVI 68, 1581 (1994)
O_VAU	HIV1VAU	X80020	Charneau,P.	Virology 205, 247 (1994)
CPZGAB	SIVCPZGAB	X52154	Huet,T.	Nature 345, 356 (1990)
A_ROD	HIV2ROD	M15390	Clavel,F.	Nature 324, 691 (1986)
B_EHOA	HIV2EHOA	U27200	Rey-Cuille,M.A.	Virology 202, 471 (1994)
SD_MM251	SIVMM251	M19499	Franchini,G.	Nature 328, 539 (1994)
STM_STM	SIVSTM	M83293	Novembre,F.J.	Virology 186, 783 (1992)
VER_AGM3	SIVAGM3	M30931	Baier,M.	Virology 176, 216 (1990)
GRI_AGM677	SIVAGM677	M66437	Fomsgaard,A.	Virology 182, 397 (1991)
SYK_SYK	SIVSYK	L06042	Hirsch,V.M.	JVI 67, 1517 (1993)

HIV1 ENV

```

                                <-----
                                *      *  ^^^          ^^^  ^^^  ^^^          ^^^  *
most-likely HEDIISLWDQSLKPCVKLTPLCVTLNCTDV.....NAT.N.TNNTTNTTKIDMI..NETSSCIRQ 159
A_U455 -----D-HNIT.....I-N-.NNT-I-DGV..... 147
B_HXB2R -----S-K---LK.....-D-.---SSSGRM.- 148
C_UG268A2 -Q-V-----N-N.....V-I-..NA-A--SPYE..... 149
D_ELI -----S-ELR.....N-G-.M.G--V-T..... 146
E_TN243 Q--V-----I--NAKLT.....NA-L-..V--I--VSN..... 152
F_BZ163A -T-----NAI.....A..... 139
G_LBV217 -----E-----NAI.....A-V-..S-K-S-NSSL..... 149
O_ANT70 Q-----QM-F---QME--NIA.....GT.-.-..... 139
O_MVP5180 -----E-----E-M-F---QM--V-LQ.....T-K-.GLL-E-I-..... 148
O_VAU -----D-----QM-F---QM---IK.....-SI.-.-T-SPLNS..... 147
CPZGAB -----Q-SKANFS.....QAK-L-.-Q-SSPPL..... 150
CPZANT T--MXQ-FQ--H-----M-IKM---GY.....-G-.P.-TPS-T-STVTPK..TT-P..... 145
A_ROD I--VWH--FET-I-----AMK-SSTESSTG...NNTTSKS-.S.-TT--P-DQEQE-..S-DTP-A-A 149
B_EHOA TK-VW--FET-I-----MK-NKTWSS.....ASKE-.T.-SSASLRSTQTLL.--D-K--QN 148
SD_MM251 I--VWQ-FET-I-----S---I-MR-NKSETDRWG.LTKSSTTI-TAAPTAPVSE---V.------A- 156
STM_STM I--VWN-FET-I-----IAMR-NKNETDKWGLTGKTVTTV-.P.-AAAAA-KPE.LV..-----VSN 154
VER_AGM3 GSN-HL-FE-T-----S---IKMS-VELNSSEPT..TTPKST.-.AS-T-I-AS-TTLPCVQ-K--TVLES 156
GRI_AGM677 ESN-HL-FE-TMR-----S-I-IKMS-VEL.....-G-.A.-TKA-T-ATTT-T..TPCQN-STE 140
TAN_AGMB14 ESN-HL-FEST-----M-IRM---RLPSPTP...SSSSTTR-.T.R-PCPG--.....NDE-NSH 108
SAB_SAB1C ESN-HL-FEST-----S-M-IKM--YRLEGG.....AATT-.S.PSTS-ARPEVSV..GFND-V-E- 150
SYK_SYK L--MSA-FL-ANR-----A-M-IRML--LD.....-SP.A.-STP-TSPPTTPP..---W..... 139

```

```

                                V1          <---          V2 Loop          ----->
                                ^^^          ^^^  ^^^          ^^^          *^^^
most-likely DNCTGLEK....GEIK..NCSFNITTEIRDKKQKEYALFYKLDVVPI.D.NN....NTS....YRLINCNTSV 216
A_U455 .....R....E-M-..-----M---L-----V-S---R--I-Q-.NKTD....-N-.....-----T 198
B_HXB2R .....M--.....-----S-S--G-V-----F-----II--..-D...T-....-K-TS----- 200
C_UG268A2 -.GKLM-Q.....-----V-----TAH-----SL.E.G-...SNT.....-----A 205
D_ELI .....E....KGM-..-----V--VLK---QV-----R--I---.-DSS.T-STN.....-----A 201
E_TN243 ...I-NIT...D-VR...-----M---L-----VH-----I-Q-.G.DK...-S-E.....----- 207
F_BZ163A -GDLKEGP....-A-Q...-----V-M-VX--Q--VH---XR--I---.S.-GR...-G-GD.Y-----T 200
G_LBV217 G-S-VSSI....E-M-..-----V---SK-----R-----NG-E...-S-TT.D-----A-T 210
O_ANT70 .....E....NLM-.K-E--V--V-K---E-KQ---VS-LMEL.NETSSTNKTN-K..M-T-T---STT 196
O_MVP5180 .....MR.....V--VLT---EQKQ---VS-LSKVN-.S-A..V-GTT...M-T---STI 200
O_VAU .....NNT...K-V-.Q-D-V--VLK---QE-KQ---VT-L-K-.NATS...-ETM.....-----STT 201
CPZGAB .....M.....V---L---KQV-S---VE---NL.G.-E.....-NT.....-I-----TA 198
CPZANT .....IV...DGM-LQE-N--QS-GFK---MK-I---G-LMKCQ-..-...E-NC...-Y-WH---TT 200
A_ROD ---S--GE...E-TI...-Q--M-GLE---KQYNETW-SK---CETN.-ST...QTQ...CYMNH----- 209
B_EHOA -S-A-IGL...E-MI..D-Q-KM-GLK--ESKQYKDTW--Q-L-CEKGTRS...-E-K...CYIKT----I 208
SD_MM251 N-----Q....EQMI..S-K-TM-GLK---TKEYNETW-ST-L-CEQG.-ST..D-E-R...CYMNH----- 217
STM_STM N-----E....ESLV..G-K--M-GLK---REYNETW-SS-LICEQNVTG...EE-R...CYMRH----- 214
VER_AGM3 C-E-II--ELNEEPAS...-T-AMAGYV--Q-K-YSVVWDAEIMCKKG.--...SNRE...CYM-H--D-- 219
GRI_AGM677 QIEGEMAE....EPAS...-T-A-AGYQ--V-KNYSMTW-DQEL-CN.N.KTGS.EKG-K..DCYM-H--D-- 202
TAN_AGMB14 LVTNSM-F....ENSS..M-T-AMAGYM--Q-KTYNSTW-DAELMCEPESKK...-SRG...CYM-H--D-- 168
SAB_SAB1C E....M--...EQAM...-AMAGYR--V-KNYSTVWDDQE--CEEGRKS...-ATHVGCYM-H----- 210
SYK_SYK ..WGDNST....EPRF...-L-GGFK---QYR-F---D-LMKEEG.....-S-Y...-Y-LH----- 194

```


HIV1 ENV

V3 neutralization loop ->

	^^* ^*^*	
most-likely	GQAFYAT...GD.I.....IG.DIRQAHCNISGAKWNETLQQVA...KK.....L...REQFG.	369
A_U455	----V-...-K-.....-V-RRD--R-I-----EQ.....KKK-N.	353
B_HXB2R	-R-.FV-...IG.K.....-NM-----R-----N--K-I-...S-.....N	355
C_UG268A2	--T-----Y-----RNE--I---W-R...E-.....KRH-P.	358
D_ELI	--SL-T-R..SRS-.....-R-Q-SK-----R-.....GTL..	352
E_TN243	--V--R-.....-XR-Y-E-N-T---RV-K--T...E-.....K-H-N.	360
F_BZ163A	-R-----K---V--TQ--K--E--R...A-.....KSH-P.	353
G_LBV217	---L-----A-.....-V-ETD-RDM--K-K...AQ.....QGIY..	362
H_VI557	-----K-Y---TRED-KR--HE-V...QQ-.....-H-N.	86
O_ANT70	PM-W-SMG.I-G.T.....A-NSS-A-Y-KYNATD-GKI-K-T-ERYLE.....LV.	349
O_MVP5180	MRWRSM-LKRSN.N.....TSPRS-V-Y-TYNKTV-ENA---T-IRYLN.....VN-TE.	360
O_VAU	PM-W-SMA.LSN.T.....K-.T-A-Y--Y-ATD--KA-KNITERYLE.....V-YNQT	359
CPZGAB	-MT--NI...EN.V.....V-.T-S-Y-K-N-TT--R-VEE-K...A.....ATSS..	350
CPZANT	-MT--N...VE.-A...T-.T-K-F-TVNKTL-EQARNKTE...HV.....A-HWKK	354
A_ROD	-HV-HSH...YQ.P.....-NKRPF--W-WFK-.--KDAM-E-KETLA-...HP...-YRGT.	366
B_EHOA	-IL.F.H...SQ.P.....-NKRPK--W-WFK-.N-T-AI-E-KETI-N.....HP...-YSGTT	363
SD_MM251	-LV.F.H...SQ.P.....-NDRPK--W-WFG-.--KDAIKE-KQTIV-...HP...-YTGT.	372
STM_STM	-LV.F.H...SQ.P.....-NERPK--W-WFG-.E-RGAIKE-KETLV-...HP...-YTGT.	369
VER_AGM3	-LV.F.H...SQ.R.....YNTRL--W-HFQ-.N-RGAWKE-KNEIV-...-PKD-Y-GT.	378
GRI_AGM677	-LV.F.H...SQ.K.....YNTRLK--W-HFQ-.D-KGAWKE-REEV--VKNLTEVSIENIH-...-RIW..	370
TAN_AGMB14	-MV.F.H...SQ.K.....YNTKL--W-HFQ-.D-KGAWKE-RETIV-...-PKHKY-GT.	326
SAB_SAB1C	-LV.F.H...SQ.K.....YNTRLK--W-WFG-.N-RGAWKE-KETIVR-...-PPKKYSGT.	368
SYK_SYK-F#...SQ.\$YK#KLKT-R-AKR-F-RVT-.N-T-FFK--H...EQ.....A...TKTWK.	348

<-- V4 Loop

	CD4 CD4	
	^*^* ^*^* * *^*^* ^ ^ ^*^* ^*^*	
most-likely	.NKT...IIFNQSS.GGDPEITHSFNCGGEFFYCNTTQLFN.STWN...NGTW.....NS..	416
A_U455	..-----AS-...-I-----SG-...-I-...-SMS.....-D..	400
B_HXB2R-K-...-V-----S-----F...-S--STE.....GS-N..	407
C_UG268A2-N-T-P-...-L-----R-----SS-...-SD-...N-S-.....	403
D_ELI-I...-K-KP-...-----SG-...-----ISAW.....-NI.	401
E_TN243-QPP-...-L--M-H--R-----R--N-CI..G-E-M.....	407
F_BZ163A	..-A-...-K--S-...-L--M-----R-----SG--D.....	392
G_LBV217	...-S...-T--S-...-L--A-----R-----SG-...-SIL..S-NNAP.....S...	410
H_VI557	..-Q-...-EP-...-M--M-T--R-----SK-...-V...-S-S.....-DI.	134
O_ANT70	..-N-GSINMT--H-...-L-V-HLH--H-----AKM-...Y-FS..C--TCS.....VSN..	404
O_MVP5180	..-V-...-SRT-...-A-VSHLH--H-----SGM-...Y-FI...-C-KSGCQE...IKGS-...	415
O_VAU	..DV-...MK-GNH-...-E-A-V-NFF--H-----NR--H-FSCKK-M-NNKI.....NCT-IS.	416
CPZGAB	..-R-AA.N-TL-RA-...-V-H-M-----S-I-TD.....-I.....	394
CPZANT	VD---NAKT-WTF-D.....-VKV-W---Q-----DI-PW--A-YT..G-LI.....	403
A_ROD	..-D-R..N-S-AAPGK-S---VAYMWT--R--L--M-WFL-.WIE...-K-.....	412
B_EHOA	..-ISQ...-RLAEHARSS---VRYMWT--R--L--M-FFL-.WVE...-R.....	408
SD_MM251	..-N-D..K-NLTAPG.....-V-FMWT--R--L--KMNWFL-.WVED..RDV-TQR.....PK...	424
STM_STM	..-D-A..K-RIVAPG.....-V-FMWT--R--L--KMNWFL-.WIE...RS-SEMRD.....WNK-K..	425
VER_AGM3	..-D-E...E-YL-RL.F---AANLW---Q-----KMDWFL-.YLN...-R-VDPDH.....NPC-G..	432
GRI_AGM677SANFW---Q-----KMDWFI-.YLN...-R-ED.....AEG..	407
TAN_AGMB14	..-D-K..K-WLRRQ..W---AASIW---L-----TPDWFL-.YLN...-ESSEGSFTDVEGNRCS-ITS	388
SAB_SAB1C	..-D-N...K--L-RQ.W---SEFFF---Q-----KMDWFL-.YLN...-KSVDPDHN...NCAK-N..	424
SYK_SYK	..-V-...NTTWR-QP---L-VR--W-Q-----VSK--A.NIT...-NAS.....K-N..	397

```

V4 Loop      -->
              ^^^ *
              |
              CD4
              |
              * ^^^
              |
              CD4

most-likely  ...TES.....NDTITLPCRKIQIINMWQEVGKAMYAPPIEQITCSSNITGLLLTRDGGDN... 470
A_U455       ...MGP.....-G---Q-----R--Q-----Q-V-R-E-----T... 453
B_HXB2R      ...-G.....S-----K-----S---R-----S... 461
C_UG268A2    .....I-----G--R-----K-K--R-----ET... 452
D_ELI        ...--NN.....ST-TN--Q-----K-XWQA-X-I-----RN-L-----I... 459
E_TN243      ...GC.....-G-----K-----GA-Q-----S-K-N-V-----I-----A... 460
F_BZ163A     ...G.....-G---L---MV-----R---A-SEN--N-----Q-N... 446
G_LBV217     ...N.....SKN-----VR---R--Q-----A-N--K-----I-----S... 463
H_VI557      ...SNG.....TTI-E-----R--Q-----K-K---E-----I--S-HV.-S... 188
O_ANT70      ...VSQ.....GNNG---KLR-VVRS-IRGQSGL----K-NL--M---MI-QM-NT.W... 457
O_MVP5180    ...-T.....-KNG-I--KLR-LVRS-MKGESRI----P-NL--H---MI-QL-QP.W... 467
O_VAU        ...NN.....-G-QAI---LR-VVRD-MRG-SGL----P-NLV-R-----MI-QL-TPW-KTHP 474
CPZGAB       .....-GI-I-----R--VSS-MR--RGI----R-N--N-----S-TPVT... 445
CPZANT       ....T.....-GALIAH-----V-H-GI-S-GI-LA-RR-NVS-T-S---IM-E...-QIY... 453
A_ROD        .....HRNYA--H-----T-HK--RNV-L--R--ELS-N-TV-SI IANI-WQN... 462
B_EHOA       ...G.....LKRNYAS-H-R--V-T-HKI-RNV-L--R--ELS-N-TV-S-IANI-WI-K... 460
SD_MM251     ...-R.....HRRYV--H-R---T-HK---NV-L--R--DL--N-TV-S-IANI-WT-G... 477
STM_STM      ...K-Q.....QKRYV--H-R-V--T-HK---NV-L--RQ-DL--N-TV-SI IANI-WTN... 479
VER_AGM3     ...-KKGKKA...PGPCAQRTYVA-H-RSV--D-YTLRKT---R--HLQ-T-TV--MSVELNYNSK... 494
GRI_AGM677   ...-NRTCCKGKPGPCVQRTYVA-H-RVV-D-YT-S-KV---R--HLE-N-SV-A-YVAI-YN... 472
TAN_AGMB14   GGL-G-TR.....KCLKRTYVGLH-RSVV-D-YTLLQKR---R--HLE-R-TV-SM-VSL-YN-K... 449
SAB_SAB1C    ...-KPC.....WQRTYV--H-R-VV-D-YTLS-KT---R--HLE-N-TA-A-YVELNYNSK... 479
SYK_SYK      ...YA.....SNLR-S-A-R---D-RY-R-LI-L--TA-H-K-T--V-AV-TDIEYYPG... 449

```

```

<- fusion peptide->
          ^^^^ ^^
          |
          gp120 / gp41

most-likely  NSTN..ETFRPGGGMDRDNWRSELYKYKVVKIEPLGVAPTAKRRVVQ....REKRAV..GLGAVFLGFLGA 534
A_U455       -N-K.N-----K-----R-----E.....I----- 518
B_HXB2R      -NES..-I-----I-----L----- 525
C_UG268A2    SE--ST-----E-----E.....I----- 518
D_ELI        .....Q-----R-----E.....I...M----- 523
E_TN243      TT--..-----NIK-----Q-----I--R-----E.....I--MIF----- 524
F_BZ163A     -Q...-----K-Y--V-----E-----R--Q--R.....M--L----S- 509
G_LBV217     TNG..--A-----I--K-----R---G.....I...T----- 526
H_VI557      AES..V-----RV---L--R-R---E.....E----- 252
O_ANT70      --S-NNV---I---K-I--T--FN---RVK-FS---RIA-P-ISTR.TH-----ML--V-S- 527
O_MVP5180    ---G.EN-L--V---K-I--TK--N---Q-K-FS---MS-PIINIHTPH-----ML--V-S- 537
O_VAU        ---...-L-----K-I--TQ-F---RVK-FS---IA-PTIGTR.SH---A...AML--I-S- 540
CPZGAB       -NSG.NL---T--N-K-I-----R---S-----R-HT-ARQ.KD-Q---AF...L----- 515
CPZANT       -E...VKVS-.AARVA-Q--A--SR-Q--E-X--S---TX--PEIKQH..S-Q--GI..I-LF--L-S- 518
A_ROD        -Q--..I--SA.EVAE.LY.-L--GD--L-E-T-I-F---E--YSSAH...G-HT-G-F.V--...AT 524
B_EHOA       -L--..I-VSA.EVSE.LY.KL--GD--L-E-T-I-F---SI--YSSVT...P-N--G-L.V--...AT 522
SD_MM251     -Q-S..I-MSA.EVAE.LY.-L--GD--L-E-T-I-L---DV--YTTGGT..S-N--G-F.V--...AT 540
STM_STM      -E--..I-ASA.EVAE.LY.-L--GD--L-E-T-I-L---NV--YTTST...S-T--G-F.V--...AT 541
VER_AGM3     -R--..V-LS-...QIETI-AA--GR--L-E-T-I-F---EVR-YTGGH...D-T--VPF.V--... 556
GRI_AGM677   K-GPINV-LS-...QV-SI-AY--GD--L-E-T-I-F---DVR-YTGPT...---VPF.V--... 535
TAN_AGMB14   -M--..V-LTA...NLENI-AY--GR--LIE-K-I-F---EVR 487
SAB_SAB1C    -R--..V-LS-...QIESI-AN--GD--L-E-K-I-F---VR-YTGPE...-Q--VPF.V--... 540
SYK_SYK      STL.....T-TANVE..V--AD-FN--LIQ-K-I-F---DQR-YELPN...T---APLA--...L-S- 512

```


\ / 3' sj

most-likely	ELLELDKWASLWNWFDITNWLWYIKIFIMIVGGLIGLRIVFAVLSIVNVRVQGYSP.LSFPPGYIQQTHLPAP	739
A_U455	D--A-----N-X---N-S-----RL-VI-----T----I----- .-----LA-I-	717
B_HXB2R	-----N-----L-----V----- .-----T-	724
C_UG268A2	D--A---QN--S---K-----I-----K----- .-----LT-T-	717
D_ELI	-----S--Q-----I-----L----- .-----L----	722
E_TN243	D-----S-----I--X----- .-L.....-PTHHQ	723
F_BZ163A	G--A-----S-S-----KA----- .-----I-S-	708
G_LBV217	D--A---E---S--S--Q-----K----- .-----LAHHQ	725
O_ANT70	K----E---I---L---K-----A-I---A-V-V-VIMI--N--KNI---Q-.-L.....-IPNHHQ	724
O_MVP5180	A-----E-----K-----A-I---A---I-VIMII-NL-KNI---Q-.-L.....-IPV-HR	737
O_VAU	-----E---I---L---K-----A-I---A---V-V-MI--NL-KNI---Q-.-L.....-IPIQQQ	738
CPZGAB	D----Q-----K-----L-A---I---IMT-F-V-R----- .-L.....-LI-VQ	715
CPZANT	--Y-----S-----Q-----AIV---LLVLV-CLRK---H- .-----IPTQNQ	726
A_ROD	--QK-NS-DIFG---L-S-VK--QYGV-L-IVAV-A---IY-VQMLS-L-K--R-VF-S-----I-IHKD	726
B_EHOA	--QK-NQ-DIFS---F-S-MA--RLGLY--I-IVV--AIYIIQMLA-L-K--R-VF-S--S-T--IPIRKD	724
C_2238	--QK-NS-DVFG--L-L-S-VK--YLGfy--A-V-V---AIY-VQMLM-L-K-	151
D_F0784	--QK-NN-DIFG---L-S-IK--QYGVF--V-I-L---IIY-VQMLAKLSK	150
SD_MM251	--QK-NS-DVFG---LAS-IK--QYG-YV-V-V-L---IYIVQMLAKL---R-VF-S--S-F-\$--TQQD	741
STM_STM	--QK-NS-DVFG---L-S-VR--QYGVYL-I-VM--VAIYIMQLLA-L-K--R-VF-S--SCR--IPIHKG	743
U_SMC12	--QK-NS-DVFG-R--F-S-VK--Y-GFYV-V-I-----IVYLIQLLGKL-K	150
VER_AGM3	AYQK-SS-SDF-S---FSK--NIL--GFLD-L-I---LLYT-Y-CIA----- .-P.....-I-IHPW	751
GRI_AGM677	LYQK--D-SGF-S--SLST--G-V--GFLVIVIIIL---FAWVLWGCIRNI---N-.-P.....-I-IHSS	728
SAB_SAB1C	SYQK-VS-SDF-S---L-K-FGWM--A--VIA-I-VA-VLLVVIIG-LRKF-K--A-.-SL-SSH\$	732
SYK_SYK	D-TK-QE-D---S---LSK-FF-L--GFYVI-A-VL--L-SFSVG-IKNLLG--V-I-QN.....P-QGRKD	715

<- tat cds

*

most-likely	RG.PDRPEGIEEGGERDRDRS...WRL.VN.G.....FLALIWDDLRSCLFSYHRLRD	788
A_U455	E-.LG--GR-----QGK---...I--S- .-----IA-----N-----	766
B_HXB2R	-.----- .-----I-- .-----S-----	773
C_UG268A2	-.-----GE-----Q-----V--IS. .-----A-----R----	766
D_ELI	-.-----T-----G-----V--L-----S-----	771
E_TN243	-E.L---R---G---QG-E---...V--S- .-----A-----	772
F_BZ163A	-E.-----E---G---QG---...V--D- .-----V---N-----H---	757
G_LBV217	-E.-----R---G---Q-----V--S- .-----SIA-----Q---	774
O_ANT70	EE.AGT-GRTGGG---EG-P-W...IPS.PQ. .-----P-LYT---TII-WT--L-SN	773
O_MVP5180	QE.AET-GRTG---G--PKW...TA-.PP. .-----QQLYT---TII-WT--L-SN	786
O_VAU	AE.VGT-G-TG-G--DE--R-W...TP-.PQ. .-----H-LYT---TII-WI--L-SN	787
CPZGAB	-E.QG-LGE-D-G---Q--S---...V--E- .-----C-P-----N-GIW--QS-TS	764
CPZANT	QD.-EQ--E-R---RK--I-W...RA-.QH. .-----F--L	758
A_ROD	--Q-ANE-.T--D--SNGG--Y...-PWPIAYI. .-----HFLI.RQLI-L-T.RL-SIC--	775
B_EHOA	--Q-ANE-.T--G--NNEG--Y...-PWQIEYI. .-----HFPI..RQ--D-LIWL-SGC-T	773
SD_MM251	PAL-T-EG.K-GD---GGGNS-...-PWQIEYI. .-----HFLI.RQLI-L-T.WLFSNC-T	790
STM_STM	QEQ-TKEG.T--G--D-GGIN-...-PWQIEYT. .-----HFLI.RQLV-L-T.WL-NNF-A	792
VER_AGM3	K-Q--NA-.GPG---DKRKNS-...EPWQKES-TAEWKS NWCKRLTNWCSISSI. .-----WL-NSCLT	809
GRI_AGM677	AER--NGG.....-QD-GGES-SSKLI--QE.E.....SSTP.....S-INN	764
SYK_SYK	P-K-ADE-.....GSG--E...GLN.-S.T.....SRE.....	740

HIV1 ENV

most-likely	LL...L.IV...ARIVELLGRSSSLKGLRRGWEALKYLWNLLQY.....WS.	826
A_U455	FA...-...-A-----L--G-----L-.....-G.	804
B_HXB2R	--...-...-T-----W.....-..	804
C_UG268A2	--...-A...-A-----R-Q-----GS-V--.....-G.	804
D_ELI	-I...-A...V-----DI-----..	802
E_TN243	FI...S.-A...-A-----H-----G---G---L-.....-G.	810
F_BZ163A	--...-T...-NR.....L-G--TL-.....-G.	788
G_LBV217	FI...-...-T-T-----N-----L--G-----L-.....-G.	812
O_ANT70	-A...SG-QK...VISYLR--LWI..LGQKIINVCRIAAVT--.....-L.	811
O_MVP5180	-I...SG-RR...LIDYLG--LWI..LGQKTI--CRLCGAVM--.....-L.	824
O_VAU	-A...SE-QK...LIRHLG--LWI..IGQ-TI--CRLFKAII--.....-L.	825
CPZGAB	-A...C.N-...W-QLKT--HLI-HS--LLR-R-CL-GGII--.....-G.	802
A_ROD	--...SRSF...LTLQLIYQN.....L-D-LR-RT..AF---GC.....E-I.	809
B_EHOA	--...SKTF...QTLQPV-QP.....-RLPPAY-R-GI.....S-F.	803
SD_MM251	--...SRAY...QILQPI-Q-L-A.T--VR-V-RTELTY---G.....-Y	830
STM_STM	C-...SR-Y...QTLHPTFQ-I-R.I-Q-IR-VVRLGAAAY---GC.....I-I.	833
VER_AGM3	--VHLRS.AF...QY-QYG--ELKA.AAQ...--VVA-AR-A-N.....AGY	848
GRI_AGM677	WW.....NFKSCSL--RTWCYNIC-TL-IFIRT-VG-.....GL.	802
SYK_SYKS-R-SLEAGQQLWRTVCSSFRSLIRQLTIT-GF	773

<- rev cds
 ^^^

most-likelyQELKNSAVSLLNATAIAVAEGTDRVIEVLQRIGRAILHIPRRIRQGLERALL	878
A_U455R---I--IT--D-V-V---GWI-----IG-T-----N-----	856
B_HXB2R-----V-GAC---R-----I--	856
C_UG268A2---K--I---DTI---S---I---G-G-----F-A--Q	856
D_ELI---R---S--FD-I-----II--AC--V-N-----S--	854
E_TN243---I--I-----GW--K---A-GAW---	847
F_BZ163A-----IG-F-T--V-----I-AA-----N--T---F----	840
G_LBV217-----IN--DTV---T-NW-----A--AC---N-----	864
O_ANT70---Q---T---DTL-V--NW--GI-AGI---TG-RN-----S--	863
O_MVP5180-----TN--DTI-VS--NW--GI-LG-----QGF-----A--I-V	876
O_VAU---QT--TN--DTV-V--NW--ST-LGI-S--G--N-----L--	877
CPZGABK---I--I---D-----I--AF-VTL-I-RN-----	854
A_ROD--.AFQ-AARATRETL-G-CR.GL.WR--E---G--AV-----A-I---	858
B_EHOA--.AIQ-AARAAGETL-S-AR.TS.WG--R-AAGE-IA-----A-L---	852
SD_MM251FH-.AVQ-GWRSATETL-G-WR-.L.W-T-R-G--W--A-----LT--	880
STM_STM--.AAQ-AWRAAGETL-S-GR-.L.W-T-G-V--R-GA-----LT--	882
VER_AGM3-I.....WLAQRSAY---INS---V---GI-N	877
GRI_AGM677-Q-QEA-TG-AQ-L-R-AR-AWG-LGAIVRSAY--VINS---V---KV-G	854
SYK_SYK	ISYGFN---IA-A--GREIRDW--AIWQAIYAATR-VVE-VAAL---L---IY-N	830

COBBLER sequence from MOTIF

```
>Env C_UG268A2, with embedded consensus blocks
mrvmgigrncqgwwiwgilgfwmicnvmgnlWVTVYGVVPVWKDATTTLFCATdakay
etevhvhwathacvptdnpqei vlenvtesfnnWKNMVEQMHEDIISLWEQSLKPCVK
LTPLCIKMNCtnvvnitnannatnspyengklmeqgeikncsfvntteirdkkqtahal
fykldvvslegnsntyrliHCNTSVITQACPKVYWDPIPIHYCAPAGYAILKCNDFNFG
tgcnnvstvtqcthgikpvistqllngsiaeeeiirsennlnnakiivqlnksvein
carpnnntresirigpgqtfyatgdiigdirqaycnisrnewnitlqvwreklkrhfpnk
tinfqpsGGDPEVTHHWFNCRGEEFFYCNTSWFFNssdnntiitLPCRIRQIVNDWHK
VGKAIYAPPIEGNITCNSNITGLLLTLdggetsetnstetfrpgGGMKDIWRSELYKYK
VVEIKPIGVAPTKVKRrvverekravgigavflGFLGAAGSTMGAASTTLTVQSRQLLSG
IVQQQNLLRAIEAQHLLRLTVWGVKQ1QARVLAIEKYLQDQQLLNWGCAGKLICTT
VPwnsswnkslgdiwdnmTWQEWERQINNYTGNIYQLLEEAQNQQEKNEKELLKLDKWS
SFWNWFDITKWLWYikifimivggliglriifavlsivnrvrkgy splsfqtltptrgpg
drpgeieeeggeqdrdrsvrlisgflalawddlrslclfsyr rldlliaaravellgr
sslrqlrgwealkylgslvqywgqelkksaislldtiaavsegtdriievqggigrai
lhiprrirgqfeaalq
```


