

	->5' LTR U3 start	
B_FR.HXB2	..TGGAAGGGCTAATTCACCTCCCAACGAAGACAAGATATCCTTGATCTGTGGATCTACCACACACAAGGCTACTTCCCTGATTAGCAGAACTACACACCAGGGCCAGGGATCAGATATCCACTGACCTTTGG	130
A_CONSENSUS		0
A_KE.Q2317		0
A_SE.UGSE8891		0
A_SE.TZSE8538		0
A_SE.UGSE6594		0
A_SE.UGSE7535		0
A_SE.SOSE7253		0
A_SE.SE8131		0
A_UG.U455		0
A_UG.92UG037		0
B_CONSENSUS	.C-----T-----AA-----G-----	131
B_AU.MBC200	..-----T--T--GA-----G--G-----G-----CT--GG-----	127
B_AU.MBC925	..-----T-----AAG-----G-----A-A-----	130
B_CN.RL42		0
B_DE.HAN2		0
B_DE.D31		0
B_ES.89SP061		0
B_GA.OYI		0
B_GB.MANCG-----G-----	75
B_GB.CAM1	.C-----A--T-----A--G-----G-----G-----A-----	131
B_NL.ACH320A	..-----G--T-----A-----G-----G-----G-----	130
B_TW.LM49	..-----G--T-----AA-----T-----G-----G-----G-----	130
B_US.SF2CG	.C-----TGG--A-----G-----G-----T-----	131
B_US.DH123	..-----T-----GAA-----C-----G-T--A-----C-G-----A-----C-----	130
B_US.NY5CG	..-----TGG--A-----G-----G-----	130
B_US.AD8	..-----T-----GAA-----G-----G-T-----G-----	130
B_US.WCIPR18		0
B_US.YU2	..-----A-----G-----G-----CT--GG-----	127
B_US.JRCSF	.C-----T-----A--GAA-----G-----G--A-----G--T-----	131
B_US.MN	..---T--T--T-----AAG-----C-----G-----G-----	130
B_US.BCSG3		0
B_US.896	..-----G-----GAA-----G-----T-----A--G-----A-----	130
B_US.WEAU160	..-----T-----AA-----G-----T-----G-----CT--C--TG-----	130
B_US.RF		0
B_US.WR27		0
C_CONSENSUS		0
C_BR.92BR025		0
C_BW.96BW0402		0
C_BW.96BW1104		0
C_BW.96BW15C02		0
C_BW.96BW0502		0
C_BW.96BW16B01		0
C_BW.96BW1210		0
C_BW.96BW17B03		0
C_BW.96BW01B03		0
C_ET.ETH2220		0
C_IN.301999		0
C_IN.21068		0
C_IN.301905		0
C_IN.301904		0
C_IN.11246		0
D_CONSENSUS	..-----TGG--AA--A-----C-----T--G--A-----AT-----G-----	130
D_UG.94UG114		0
D_CD.NDK		0
D_CD.ELI		0
D_CD.Z2Z6	..-----TGG--AA--A-----C-----T--G--A-----AT-----G-----	130
D_CD.84ZR085		0

```

|->5' LTR U3 start
B_FR.HXB2 ..TGGAAGGGCTAATTCACTCCCAACGAAGACAAGATATCCTTGATCTGTGGATCTACCACACACAAGGCTACTTCCCTGATTAGCAGAACTACACACCAGGGCCAGGGATCAGATATCCACTGACCTTTGG 130
F_CONSENSUS
F1_BE.VI850 0
F1_BR.93BR020 0
F2_CM.MP255C 0
F2_CM.MP257C 0
F1_FI.FIN9363 0
F1_FR.MP411 0
G_CONSENSUS .....A----C--A--G---TA-T--CA---A-T-----A---G-----CT---TC-----C--- 92
G_BE.DRCBL .....A----C--A--G---TA-T--CA---A-T-----A---G-----CT---TC-----C--- 92
G_FI.HH87932
G_NG.92NG083 0
G_SE.SE6165 0
H_CONSENSUS
H_BE.VI991 0
H_BE.VI997 0
H_CF.90CF056 0
J_SE.SE91733 0
J_SE.SE92809 0
K_CM.MP535C 0
K_CD.EQTBI1C 0
CRF01_AE_CONSENSUS ..-?-?-?-?-?-A-GA?-G-----CT-A--G--?-?-?-T-----?-G--?-?-?-?-?-?-?-?-?-TGT----- 118
CRF01_AE_CF.90CF402 ..-T-----A-GA-----G-----CT-A--G--C--A-T-----G--A-----G--G-----C-----TGT----- 130
CRF01_AE_TH.93TH253 ..-G-T-----A-GAA-----G-----CT-A--G--T-T-----T-----G--T-----TGT----- 130
CRF01_AE_TH.CM240
CRF02_AG_CONSENSUS
CRF02_AG_DJ.DJ263
CRF02_AG_DJ.DJ264
CRF02_AG_NG.IBNG
CRF03_AB_RU.KAL153 ..-T---T---T---A-GAA-----A-----G---T-----G---.....-T---TC---A--A--- 115
CRF04_cpx_CONSENSUS .C---?-T---T---A-G?A-----?-G---TA-----T--?-?-?-G--A-----A-----??-TC---TG--- 122
CRF04_cpx_CY.94CY032
CRF04_cpx_GR.97PVMY ..-T-----T---A-GAA-----G-----G---TA-----T-----G--A-----A-----C---TC---TG--- 130
CRF04_cpx_GR.97PVCH .C---T-----T---A-G-A-----G---TA-----T--T-C--C--G--A-----A-----GAG---TC---TG--- 131
AC_IN.21301
AC_RW.92RW009
AC_SE.ETSE9488
AC_ZM.ZAM184
ACD_SE.SE8603
AD_SE.KESE7108 AC---T-----T---A-GAA-----G--T-----G--C-TA-----T-T-----C-G-----GAG---T---C----- 132
ADH_NO.NOGIL3
ADU_CD.MAL
AG_NG.92NG003
AGU_CD.Z321B ..-T-----T---A-GAA-----G--G-----G---T-----T-T-----G--A-----CC---C---T---T--- 130
AGJ_ML.95ML84
AJU_BW.98-2117
BF_BR.93BR029
MO_CM.97CAMP645MO
O_CM.ANT70 .C-----T---T-----TAA--GC--A---G---T--G-G-TA---T-G-A-T-----G-----A---A-C--G-TC-----A--- 131
O_CM.MVP5180 .C---T---T---T---TAAG--GC--A---G---C---A-T---T-G-A-T-----G---TGT-----G--A---ACCT---TC-----A--- 131
N_CM.YBF30
SIVCPZUS ..-T---G--T-T---AG-A-----G---A---C--G-T---T-----AAT-----C-G---T---C---T---AG-A-----C--A--A-A--- 130
SIVCPZGAB ..-T---G--T-T---AGGA-----G-----C--C--G---T-----T-----C-G-----A---A---A-CA---TC---CTGT--- 130
SIVCPZANT

```

B_FR.HXB2	ATGGTGTCTACAAGCTAGTACCAAGTTGAGCCAGAGAAGTTAGAAGA...AGC...CAACAAAGGAGAGAACCACCGCTTGTACACCCCTGTGAGCCTGCATGGAATGGATGACCCGGA...GAGAGAAGTGTT	253
A_CONSENSUS		0
A_KE.Q2317		0
A_SE.UGSE8891		0
A_SE.TZSE8538		0
A_SE.UGSE6594		0
A_SE.UGSE7535		0
A_SE.SOSE7253		0
A_SE.SE8131		0
A_UG.U455		0
A_UG.92UG037		0
B_CONSENSUS	-----T-----G-----AGA--GGC--TG-----A-----A-----G-----	260
B_AU.MBC200	-----T-----A-----AGA...GGC--TGC-----A-T-----A-----A-----G-----	250
B_AU.MBC925	-----T-----A-----AGA...GGC--TG-----A-----A-----G-----G-----	253
B_CN.RL42		0
B_DE.HAN2		0
B_DE.D31		0
B_ES.89SP061		0
B_GA.OYI		0
B_GB.MANC	-----T-----C--G-----AGA...GGC--TG-----A--A--C-----A-----G-----A-----C-----	198
B_GB.CAM1	-----T-----C--G-----AGA...GGC--T--A-----G-----A-----A-----G-----A-----A-----AC-----	254
B_NL.ACH320A	-----T-----A-----A-----AGA...GGC--TG-----A-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----AC-----	253
B_TW.LM49	-----T-----A-----C--G--G-----AAA...GGC--TG-----AMT--C-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----	253
B_US.SF2CG	-----T-----G-----G-----AGA...GGC--TG-----A-----A-----G-----G-----G-----A-----A-----	254
B_US.DH123	G-----T-----A--T-----G-----AGC...GGC--TG-----A--T-----A--A-----G-----G-----A-----A-----	253
B_US.NY5CG	-----T-----T-----G--C--G-----AGA...GGC--TG-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----A-----	253
B_US.AD8	-----T-----C--A-----AGA...GGC--T-----A--T--C-----A-----A-----A-----A-----	253
B_US.WCIPR18		0
B_US.YU2	-----T-----A-----AGA...GGC--TGC-----A--T-----A-----A-----C-----A-----G-----G-----	250
B_US.JRCSF	-----T-----T-----G-----AGA...GGC--TG-----A--T-----A-----A-----C-----A-----AG-----	254
B_US.MN	-----T-----A-----AGA...GGC--T-----A--T-----A-----A-----	252
B_US.BCSG3		0
B_US.896	-----TG-AGG-----G.....CA-----G--A-----C-----CT-A--A-----G-A--A--T-----C-----	247
B_US.WEAU160	-----T-----G--A-----G-----T--TG-----A-----A-----G-----AT-----A-----A-----	253
B_US.RF		0
B_US.WR27		0
C_CONSENSUS		0
C_BR.92BR025		0
C_BW.96BW0402		0
C_BW.96BW1104		0
C_BW.96BW15C02		0
C_BW.96BW0502		0
C_BW.96BW16B01		0
C_BW.96BW1210		0
C_BW.96BW17B03		0
C_BW.96BW01B03		0
C_ET.ETH2220		0
C_IN.301999		0
C_IN.21068		0
C_IN.301905		0
C_IN.301904		0
C_IN.11246		0
D_CONSENSUS	-----T-G-----T--CG-G--G-----AGA...GGC--CTG-----C--A--T-----AT--A-----G--A-----	253
D_UG.94UG114		0
D_CD.NDK		0
D_CD.ELI		0
D_CD.Z2Z6	-----T-G-----T--CG-G--G-----AGA...GGC--CTG-----C--A--T-----AT--A-----G--A-----	253
D_CD.84ZR085		0

B_FR.HXB2	ATGGTGCTACAAGCTAGTACCAGTTGAGCCAGAGAAGTTAGAAGA...AGC...CAACAAAGGAGAGAACACCAGCTTGTACACCCTGTGAGCCTGCATGGAATGGATGACCCGGA...GAGAGAAGTGTT	253
F_CONSENSUS		0
F1_BE.VI850		0
F1_BR.93BR020		0
F2_CM.MP255C		0
F2_CM.MP257C		0
F1_FI.FIN9363		0
F1_FR.MP411		0
G_CONSENSUS	G-----T--A--G-----A-G--T--TCAG--G--G--...-----T-----A--TC-A-----CA-CT--A-----G--GAA...C-----C-	215
G_BE.DRCBL	G-----T--A--G-----A-G--T--TCAG--G--G--...-----T-----A--TC-A-----CA-CT--A-----G--GAA...C-----C-	215
G_FI.HH87932		0
G_NG.92NG083		0
G_SE.SE6165		0
H_CONSENSUS		0
H_BE.VI991		0
H_BE.VI997		0
H_CF.90CF056		0
J_SE.SE91733		0
J_SE.SE92809		0
K_CM.MP535C		0
K_CD.EQTB11C		0
CRF01_AE_CONSENSUS	-----T--?-----?-----AGAG-AG---G---.G-A...---?-----A--A-T-C-----CA-----A-----A--?--?GA?---.A-----C-	235
CRF01_AE_CF.90CF402	-----T-----T-----AGAG-AG---G---.G-A...---T-----A--A-T-C-----CA-----A-----A-----TGAT---.A-----C-	253
CRF01_AE_TH.93TH253	-----T--A-----C-----AGAG-AG---G---.G-A...---A-----A--A-T-C-----CA-----A-----A--G--GAA...A-----C-	253
CRF01_AE_TH.CM240		0
CRF02_AG_CONSENSUS		0
CRF02_AG_DJ.DJ263		0
CRF02_AG_DJ.DJ264		0
CRF02_AG_NG.IBNG		0
CRF03_AB_RU.KAL153	G-----C--C---CTG-AG-----G---...CAG-G-----A---C-A-----A-AT---AA--C-----TGA---.A-A-----	238
CRF04_cpx_CONSENSUS	?-----T-----A--T--C--G--G--G-----????????--?TG?-----?--A-T-T--C-G-----A-A---A-----G--TGAA---???	237
CRF04_cpx_CY.94CY032		0
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-----T-----A--T--C--G--G--G-----...-AT...-CTGC-----G--A-T-T--C-G-----A-A---A-----G--TGAA...-----C-	253
CRF04_cpx_GR.97PVCH	T-----T-----A--T--C--G--G--G-----...G...-TG-----A-T-T--C-G-----A-A---A-----G--TGAA...-----A-	254
AC_IN.21301		0
AC_RW.92RW009		0
AC_SE.ETSE9488		0
AC_ZM.ZAM184		0
ACD_SE.SE8603		0
AD_SE.KESE7108		0
ADH_NO.NOIIL3	-----T-----A--C---C--G--G--G--A...G--...-TG-T-----A-T-----A--T--AA-----G--TGAA...--A-----C-	255
ADU_CD.MAL		0
AG_NG.92NG003		0
AGU_CD.Z321B		0
AGJ_AU.BFP90	-----T-----G--G-----AGA...ACTT-CT-----A-T--C-----CA-AT--A-----GCA--G--TGAA...A-----	253
AGJ_ML.95ML84		0
AJU_BW.98-2117		0
BF_BR.93BR029		0
MO_CM.97CAMP645MO		0
O_CM.ANT70	-----TG-TT--A-----GTCAGA---AG--GC---AGACT--G...AG-T-C-T-T---GGG-T-ATC-CC-G--T--A-CAT-TGCC-----T-T--A--TA-AC...T-A---A-AC-	257
O_CM.MVP5180	-----TG-TT--A--G-----GTCAG---AG--GC---GAGACTG-G...T--T-C-AAT--AG-TG-T--TC-TC---T--A-CTT-TAAT-----GCT--G--TG-AC...CG-G--GA-AC-	257
N_CM.YBF30		0
SIVCPZUS	GC-----TT--T---C--TC-CACAGA---G-AG---GCGGGCCAA...T-----C--A--TAC--C-G-----CA--T--A-----A--TGAAC...TG-C---C--	253
SIVCPZGAB	-----T--A---G--CC-GACAGAG---C-G---C-----TG-----T---A-T--C---G--T--CA-AT-T-A-----G---A--TGA---...C-A---G--C--	253
SIVCPZANT		0

	TCF-1alpha	
B_FR.HXB2	AGAGTGGAGGTTTGACAGCCGCTAGCATTT...CATCACATGGCCCAGAGCTGCATCCGGAGTACTTC.....AAGAACT...GCT.....GACATCGAGCTTGCT.A	346
A_CONSENSUS		0
A_KE.Q2317		0
A_SE.UGSE8891		0
A_SE.TZSE8538		0
A_SE.UGSE6594		0
A_SE.UGSE7535		0
A_SE.SOSE7253		0
A_SE.SE8131		0
A_UG.U455		0
A_UG.92UG037		0
B_CONSENSUS	--T----?-----A.....-G---...-CTGCT.....-?--?--	355
B_AU.MBC200	-----G-----A-----C-----	335
B_AU.MBC925	-----C-C-----A-----G-----G-----	338
B_CN.RL42		0
B_DE.HAN2		0
B_DE.D31		0
B_ES.89SP061		0
B_GA.OYI		0
B_GB.MANC	--T----A-----G-----A-----AG-----GGC-----	283
B_GB.CAM1	-AT--A-----AA-----T-A-----AG-----	339
B_NL.ACH320A	-----T-----A-----G-----	338
B_TW.LM49	G-T----A-----AC--G-----GA-----A-----Y-----Y-----	338
B_US.SF2CG	--T----AAA-----A-----AG-----	339
B_US.DH123	GCT--A-----T-----A-----A-----C-----	338
B_US.NY5CG	--T----A-----T-----G-----AG-----	338
B_US.AD8	GC----A-----A-----AG-----	338
B_US.WCIPR18		0
B_US.YU2	-----G-----A-----A-----C-----	335
B_US.JRCSF	--T----A-----AAG-----G-----G-----C-----	339
B_US.MN	--T----A--C-----A-----G--TTAT-----A-----	337
B_US.BCSG3		0
B_US.896	--T----A-----AAA-----C-----G-----AACTGCT-----CT--	337
B_US.WEAU160	-AT--A-----AAA-----G-A-----T-----AG-----T-T--	346
B_US.RF		0
B_US.WR27		0
C_CONSENSUS		0
C_BR.92BR025		0
C_BW.96BW0402		0
C_BW.96BW1104		0
C_BW.96BW15C02		0
C_BW.96BW0502		0
C_BW.96BW16B01		0
C_BW.96BW1210		0
C_BW.96BW17B03		0
C_BW.96BW01B03		0
C_ET.ETH2220		0
C_IN.301999		0
C_IN.21068		0
C_IN.301905		0
C_IN.301904		0
C_IN.11246		0
D_CONSENSUS	-A-----A--A--A-A-----G-A--A-----T-A-----AG-----C-A-----	338
D_UG.94UG114		0
D_CD.NDK		0
D_CD.ELI		0
D_CD.Z226	-A-----A--A--A-A-----G-A--A-----T-A-----AG-----C-A-----	338
D_CD.84ZR085		0

	NF-kappa-B-II	NF-kappa-B-I	Spl-III	Spl-II	Spl-I		
B_FR.HXB2	CAA.....	GGGACTTTCGC.....	TGGGACTTTCAG.	GGAGCGTGGCCT...G...	GGCGGA.....	CTGGGAGTGGCGA...GCC	413
A_CONSENSUS							0
A_KE.Q2317							0
A_SE.UGSE8891							0
A_SE.TZSE8538							0
A_SE.UGSE6594							0
A_SE.UGSE7535							0
A_SE.SOSE7253							0
A_SE.SE8131							0
A_UG.U455							0
A_UG.92UG037							0
B_CONSENSUS	-----GCTTT.CT.ACAA.-----		-----G-----				434
B_AU.MBC200	-----GCTTT.CT.ACAA.-----		-----G-A-----				411
B_AU.MBC925	-----GCTTT.CT.ACAA.-----		-----G-----				414
B_CN.RL42							0
B_DE.HAN2							0
B_DE.D31							0
B_ES.89SP061							0
B_GA.OYI							0
B_GB.MANCGCTTT.AT.ACAA.-----	-----A-----	-----G-----	-----A-A-----		-----C-----	359
B_GB.CAM1GCTTT.CT.ACAA.-----		-----G-----	-----T-----			415
B_NL.ACH320AGCTTT.CT.ACAA.-----		-----G-----				414
B_TW.LM49GCTTT.CT.ACAA.-----		-----G-----	-----C-----		-----R-----G-R-A-----	412
B_US.SF2CGGCTTT.CT.ACAA.-----					-----T-----	413
B_US.DH123GCTAT.CT.ACAG.-----					-----C-----	413
B_US.NY5CGGCTTT.CT.ACAA.-----			-----T-----			413
B_US.AD8GTTTT.CT.ACAA.-----						413
B_US.WCIPR18							0
B_US.YU2GCTTT.CT.ACAA.-----		-----A-----				410
B_US.JRCSFGCTTT.CT.ACAA.-----						414
B_US.MNGCTAT.CT.ACAA.-----			-----T-----		-----C-----	412
B_US.BCSG3							0
B_US.896GCTAT.CT.ACAA.-----			-----T-----	-----C-A-----		412
B_US.WEAU160	-----A-----		-----G-----	-----AT-----		-----A-----	413
B_US.RF							0
B_US.WR27							0
C_CONSENSUS							0
C_BR.92BR025							0
C_BW.96BW0402							0
C_BW.96BW1104							0
C_BW.96BW15C02							0
C_BW.96BW0502							0
C_BW.96BW16B01							0
C_BW.96BW1210							0
C_BW.96BW17B03							0
C_BW.96BW01B03							0
C_ET.ETH2220							0
C_IN.301999							0
C_IN.21068							0
C_IN.301905							0
C_IN.301904							0
C_IN.11246							0
D_CONSENSUSGTTTT.CT.ACAA.-----		-----G-----	-----A-----		-----T-----A--	413
D_UG.94UG114							0
D_CD.NDK							0
D_CD.ELI							0
D_CD.Z226GTTTT.CT.ACAA.-----		-----G-----	-----A-----		-----T-----A--	413
D_CD.84ZR085							0

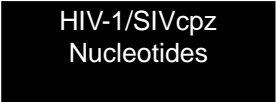
	NF-kappa-B-II	NF-kappa-B-I	Sp1-III	Sp1-II	Sp1-I	
B_FR.HXB2	CAA.....	GGGACTTTCGC.....	TGGGGACTTTCAG.	GGAGGCGTGGCCT...G...GCGGGA.....	CTGGGGAGTGGCGA...GCC	413
F_CONSENSUS						0
F1_BE.VI850						0
F1_BR.93BR020						0
F2_CM.MP255C						0
F2_CM.MP257C						0
F1_FI.FIN9363						0
F1_FR.MP411						0
G_CONSENSUS	---G.....	CT-----	G-----	C-----	---A-G.....	378
G_BE.DRCBL	---G.....	CT-----	G-----	C-----	---A-G.....	378
G_FI.HH87932						0
G_NG.92NG083						0
G_SE.SE6165						0
H_CONSENSUS						0
H_BE.VI991						0
H_BE.VI997						0
H_CF.90CF056						0
J_SE.SE91733						0
J_SE.SE92809						0
K_CM.MP535C						0
K_CD.EQTB11C						0
CRF01_AE_CONSENSUS	ACT.....	A-----	-----	G-----	T-----	403
CRF01_AE_CF.90CF402	ACT.....	A-----	-----	G-----	T-----	436
CRF01_AE_TH.93TH253	ACT.....	A-----	-----	G-----	T-----	413
CRF01_AE_TH.CM240						0
CRF02_AG_CONSENSUS						0
CRF02_AG_DJ.DJ263						0
CRF02_AG_DJ.DJ264						0
CRF02_AG_NG.IBNG						0
CRF03_AB_RU.KAL153	--TGA.....	AGTTGCT..GACA-----	-----	G-----	T-----	410
CRF04_cpx_CONSENSUS	---A????????????????	-----	????????????????	CC-----	G-----	394
CRF04_cpx_CY.94CY032						0
CRF04_cpx_GR.97PVMY	---A.....	-----	-----	CC-----	G-----	416
CRF04_cpx_GR.97PVCH	---A.....	-----	-----	CC-----	G-----	417
AC_IN.21301						0
AC_RW.92RW009						0
AC_SE.ETSE9488						0
AC_ZM.ZAM184						0
ACD_SE.SE8603						0
AD_SE.KESE7108						0
ADH_NO.NOGIL3	--CA.....	GAAGATCTGACA-----	-----	G-----	T-----	428
ADU_CD.MAL						0
AG_NG.92NG003						0
AGU_CD.Z321B						0
AGJ_AU.BFP90	AGTTT.CT.AATG.-----	-----	T-----	-----	425
AGJ_ML.95ML84						0
AJU_BW.98-2117						0
BF_BR.93BR029						0
MO_CM.97CAMP645MO						0
O_CM.ANT70	---A-----	AGCAAAGACTGCTGACTGTC-----	-----	-TG--A-G-A-AG.....	448
O_CM.MVP5180	-----	AGACTGCTGACTG.....	C-----	-C-TG--A-G-ATAA.....	421
N_CM.YBF30						0
SIVCPZUS	A-.....	-----	AAGGGACGTTCCAAGGGGGTG--	TC-GGGCGG-ACA.....	-----	455
SIVCPZGAB	-----	AA.....	-----	G-----	433
SIVCPZANT						0

	5' LTR \ / 5' LTR	Extensive secondary structure in this region.	5' LTR U5 end -	
B_FR.HXB2	GCCTTGA...GTG.....	CTTCAAGTAGTGTGTGCCCGTCTG...TGTGTGACTCTGGTAAC TAGAGATCCC...TCAGAC...CCTTTTAGTCAGTGTGG...AAAAATCTCTAG	AC-?-A-?-?-?-?	632
A_CONSENSUS	95
A_KE.Q2317	101
A_SE.UGSE8891	0
A_SE.TZSE8538	0
A_SE.UGSE6594	0
A_SE.UGSE7535	0
A_SE.SOSE7253	0
A_SE.SE8131	10
A_UG.U455G.....A-T.....AC-A--A-T--A.....	101
A_UG.92UG037GACTT	5
B_CONSENSUST.....C.....A.T.....	657
B_AU.MBC200	629
B_AU.MBC925	633
B_CN.RL42	9
B_DE.HAN2-G.....-T.....	102
B_DE.D31-T.....	178
B_ES.89SP061-A-G.....T.....CAAA.....A.....	181
B_GA.OYI	178
B_GB.MANC	578
B_GB.CAM1A.....	634
B_NL.ACH320AA.....	633
B_TW.LM49A.....	631
B_US.SF2CGA.....	633
B_US.DH123	630
B_US.NY5CG	632
B_US.AD8	632
B_US.WCIPR18	178
B_US.YU2	628
B_US.JRCSF	633
B_US.MN-G.....	631
B_US.BCSG3-G.....T.....	179
B_US.896-G.....	631
B_US.WEAU160A-CC--T--A.....	632
B_US.RF-TC.....	146
B_US.WR27TCC-GG.....	12
C_CONSENSUS-CT.....G-GT.....	122
C_BR.92BR025	0
C_BW.96BW0402-CT.....CGC-GT.....	121
C_BW.96BW1104-GT.....	21
C_BW.96BW15C02-CT.....A.....T-GT-T.....	122
C_BW.96BW0502-G.....A.....A.....G.....	119
C_BW.96BW16B01-CT.....-T-G.....	120
C_BW.96BW1210-GT.....-T.....	21
C_BW.96BW17B03	7
C_BW.96BW01B03-CT.....A.....A.....G-T.....	120
C_ET.ETH2220	10
C_IN.301999	10
C_IN.21068	10
C_IN.301905	10
C_IN.301904	10
C_IN.11246	10
D_CONSENSUS-C-?-A.....	633
D_UG.94UG114	0
D_CD.NDK-C.....-T.....-G.....C-A--A.....	176
D_CD.ELI-C.....A.....	178
D_CD.Z226-C.....A.....	632
D_CD.84ZR085-T.....T.....AGC.....C-G.....	146

	5' LTR	5' LTR	Extensive secondary structure in this region.	5' LTR U5 end -	
	R repeat end	U5 start	See Rizvi, J Virol 67: 2681-88 (1993)		
B_FR.HXB2	GCCTTGA...GTG.....	632
F_CONSENSUS	0
F1_BE.VI850	0
F1_BR.93BR020	0
F2_CM.MP255C	0
F2_CM.MP257C	0
F1_FI.FIN9363	0
F1_FR.MP411	0
G_CONSENSUS	-----	-----	-----	-----AC-C---AT---GCT...T-----	598
G_BE.DRCBL	-----	-----	-----	-----AC-C---AT---A-----	597
G_FI.HH87932GCT...T-----	15
G_NG.92NG083AT-----	3
G_SE.SE6165GCT...T-----	15
H_CONSENSUS	10
H_BE.VI991	10
H_BE.VI997	0
H_CF.90CF056	0
J_SE.SE91733	0
J_SE.SE92809	0
K_CM.MP535C	0
K_CD.EQTB11C	0
CRF01_AE_CONSENSUS	-----A---G-----	-----GT-AG-----	-----AC-C---A-T-A---A-----	-----	621
CRF01_AE_CF.90CF402	-----A---G-----	-----GT-AG-----	-----AC-C---A-T-A---A-----	-----	654
CRF01_AE_TH.93TH253	-----A---G-----A-----	-----GT-AG-----	-----T...AC-C---A-T-A---A-----	-----	631
CRF01_AE_TH.CM240	-----A---G-----	-----GT-AG-----	-----AC-C---A-T-A---A-----C	-----	178
CRF02_AG_CONSENSUS	-----	-----	-----	-----AC-C---A-T---?A???	161
CRF02_AG_DJ.DJ263	-----	-----	-----	-----	0
CRF02_AG_DJ.DJ264	-----	-----	-----	-----	1
CRF02_AG_NG.IBNG	-----	-----A-----	-----AC-C---A-T---A-----	-----	161
CRF03_AB_RU.KAL153	-----G---C-----	-----	-----	-----	543
CRF04_cpx_CONSENSUS	-----	-----	-----	-----AC-C---A-?-A-AA???	596
CRF04_cpx_CY.94CY032	-----	-----	-----	-----	0
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-----	-----G---T-----	-----AC-C---A-G-A---A-----	-----	633
CRF04_cpx_GR.97PVCH	-----	-----	-----AC-C---A-T-A-AA-----	-----	629
AC_IN.21301	-----	-----	-----	-----	10
AC_RW.92RW009	-----	-----	-----	-----	0
AC_SE.ETSE9488	-----	-----	-----	-----	0
AC_ZM.ZAM184	-----	-----	-----	-----	10
ACD_SE.SE8603	-----	-----	-----	-----	0
AD_SE.KESE7108	-----	-----	-----	-----	0
ADH_NO.NOGIL3	-----T-----	-----	-----A-A-----G-----	-----	647
ADU_CD.MAL	-----C---C-----A-----	-----	-----AC-C---A-G---A-----	-----	175
AG_NG.92NG003	-----	-----	-----	-----T-----	3
AGU_CD.Z321B	-----	-----	-----	-----	0
AGJ_AU.BFP90	-----AT-----	-----	-----AC-C---A-----A-----	-----	643
AGJ_ML.95ML84	-----	-----	-----	-----	0
AJU_BW.98-2117	-----	-----	-----AGGGGGCCA---CG....GCC-----	-----	24
BF_BR.93BR029	-----	-----	-----	-----	0
MO_CM.97CAMP645MO	-----	-----	-----	-----	0
O_CM.ANT70	-----AG---C-----T-A-----	-----CA-C---GT-----	-----T...AC--AGACTGAA-CA-----	-----	662
O_CM.MVP5180	-----AG---C-----T-A-----	-----CA-C---GT-----	-----T...AC--AGACTGAA-CA-----	-----	635
N_CM.YBF30	-----A---G-----A-CA....CG-A-----C-----	-----	-----A-C---A-T-A---A-----	-----	190
SIVCPZUS	-----T-----	-----TA-C....CA-----	-----A...TC--A-AAGTA--GT-----	-----	655
SIVCPZGAB	-----TA-TG-C-----	-----TA-A....CA-AC-----	-----T...TAAA---TAGTCAAG-----	-----	651
SIVCPZANT	-----	-----	-----	-----	0

Gag p7 nucleocapsid binds these loops, see DeGuzman, Science 279: 384-388 (1998)
 packaging signal secondary structure, see Harrison, J Virol 72: 5886-96 (1998)

	> Lys tRNA Primer Binding Site			
B_FR.HXB2	CAGTGGCGCCC GAACAGG.....G...ACCTGAAAGCGAAAG...GGAAA.....CCAG...AGG...AGCT.....CTCTCGACG...CA..			693
F_CONSENSUSGA--?-----TAG--			42
F1_BE.VI850GA--TG-----TAG--			43
F1_BR.93BR020TA--			39
F2_CM.MP255C				0
F2_CM.MP257C				0
F1_FI.FIN9363		TAG--		37
F1_FR.MP411				0
G_CONSENSUS	-----GACTTGAAAGTGAAGTTAACAGG.-----T?-----TT--?AGGGACTCGAAAGCGAAAGTT-----A...--T-----			700
G_BE.DRCBL	-----T-----TT--TAGGGACTCGAAAGCGAAAGTT-----A...--T-----			679
G_FI.HH87932	-----GACTTGAAAGTGAAGTTAACAGG.-----TC-----TT.-----A...--A-----			96
G_NG.92NG083	A-AGC-AAAGTT--T-----TC-----A-----TT.-----A...--T-----			61
G_SE.SE6165	-----T-----TT--CAGGGACTCGAAAGCGAAAGTT-----A...--T-----			97
H_CONSENSUS	-----T--?--?-----?A-----A...--?-----			67
H_BE.VI991	-----T-----CA-----A...-----			71
H_BE.VI997				12
H_CF.90CF056	-----T--T--T-----TA-----A...--A-----			40
J_SE.SE91733				13
J_SE.SE92809				13
K_CM.MP535C				0
K_CD.EQTBI1C				0
CRF01_AE_CONSENSUS	-----G-----TT--TAGGGACTCGAAAGCGAAAGTT-----A...--T-----			704
CRF01_AE_CF.90CF402	-----T-----TT--TAGGGACTCGAAAGCGAAAGTT-----A...--T-----			736
CRF01_AE_TH.93TH253	-----T-----TT--TAGGGACTCGAAAGCGAAAGTT-----A...--T-----			713
CRF01_AE_TH.CM240	-----GC-----TC-----TT--TAGGGACTCGAAAGCGAAAGTT-----A...--T-----			261
CRF02_AG_CONSENSUS	G-?CC-GAAG-T--T-----TC-----TT--TAGGGACTCGAAAGCGAAAGTT-----A...--A-----			243
CRF02_AG_DJ.DJ263	GGACC-GAAG-T--T-----TC-----TT.-----A...--A-----			59
CRF02_AG_DJ.DJ264	G-CCC-GAAGTT--T-----TC-----TT.-----A...--A-----			60
CRF02_AG_NG.IBNG	-----T--CG-T-----TAGGGACTCGAAAGCGAAAGTT-----A...--A-----			236
CRF03_AB_RU.KAL153				543
CRF04_cpx_CONSENSUS	?---?---?---?---TTGAAAGTGAAGTTAATAG...--TC--T-----TT--TAGGGACTCGAAAGCGGAAAGTT-----A...--T-----			696
CRF04_cpx_CY.94CY032	TTGAAAGTGAAGTTAATAG...--TC-----TT.-----A...--T-----			60
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-----C-----T-----TT--TAGGGACTCGAAAGCGGAAAGTT-----A...--T-----			715
CRF04_cpx_GR.97PVCH	T---C-----T-----TT--TAGGGACTCGAAAGCGGAAAGTT-----A...--T-----			711
AC_IN.21301	-----T-----TA-G-----A...--A-----			71
AC_RW.92RW009	-----A-----TA-G-----A...--A-----			40
AC_SE.ETSE9488				0
AC_ZM.ZAM184	-----T-----TA-G-----A...--A-----			71
ACD_SE.SE8603				13
AD_SE.KESE7108				0
ADH_NO.NOIIL3				708
ADU_CD.MAL	-----T-T--T-----TA-C-GGGACTCGAAAGCGGAAAGTT-----A...--T-----			256
AG_NG.92NG003	A-AGC-AAAGTT-----TC-----TT.-----A...--T-----			61
AGU_CD.Z321B				0
AGJ_AU.BFP90	-----T-----TT--TAGGGACTCGAAAGCGAAAGTT-----A...--T-----			725
AGJ_ML.95ML84				0
AJU_BW.98-2117	-----TC-----TA-G-----A...--T-----			85
BF_BR.93BR029	-----TAG-----TAG-----T-----			40
MO_CM.97CAMP645MO	-----G--GTTA-T---CTCGAAAGCGGAAAGTT-----A...--A-----			74
O_CM.ANT70	-----T-----T-----GGA-A...--AAC-----A-----			725
O_CM.MVP5180	-----GC--T-----T-G-----GGA-A...--AAC-----A-----			699
N_CM.YBF30	-----T-----A-----TAG-----G-----CT.GAA-----A-----			253
SIVCPZUS	-----T-----A-----TAC-----AGGCT...--AAC-----T-----G-----			718
SIVCPZGAB	-----T-----T-----TA-----G-----CT.GAA-----C-----C-----			712
SIVCPZANT	-----GGGACTTGAGGAG-T-C...--A...--AAC-----G-----CA-----			34



packaging signal secondary structure, see Harrison, J Virol 72: 5886-96 (1998), DeGuzman, Science 279: 384-388 (1998)

B_FR.HXB2	.GGACTCGGCTTGCTGA...AGCGCGCACGGCAAGAGGCGAGGGG...CGG...C...GACT...G...GTGAGTA...CGCCAAAAA...TTTTGA...CTAGCGGA..	773
F_CONSENSUS	G-----A-T-A-----A-----	127
F1_BE.VI850	G-----AGTGCAA-----A-----	128
F1_BR.93BR020	-----T-A-----A-----	116
F2_CM.MP255C		0
F2_CM.MP257C		0
F1_FI.FIN9363	-----T-A-----A-----	114
F1_FR.MP411		0
G_CONSENSUS	-----G-T-A-A-----A-----	779
G_BE.DRCBL	-----G-T-A-A-----A-----	758
G_FI.HH87932	-----G-T-A-G-A-----A-----	175
G_NG.92NG083	-----T-A-A-----A-----	138
G_SE.SE6165	-----G-T-A-A-----A-----	176
H_CONSENSUS	-----T-A-A-----A-----	154
H_BE.VI991	-----T-A-A-----A-----	159
H_BE.VI997	-----T-A-A-----A-----	100
H_CF.90CF056	-----T-A-A-----A-----	120
J_SE.SE91733	-----T-A-----A-----	97
J_SE.SE92809	-----T-A-----A-----	96
K_CM.MP535C		0
K_CD.EQTb11C		0
CRF01_AE_CONSENSUS	-----G-T-A-A-----A-----	783
CRF01_AE_CF.90CF402	-----G-T-A-A-----A-----	815
CRF01_AE_TH.93TH253	-----G-T-A-A-----A-----	790
CRF01_AE_TH.CM240	-----G-T-A-A-----A-----	338
CRF02_AG_CONSENSUS	-----G-T-A-A-----A-----	320
CRF02_AG_DJ.DJ263	-----G-T-A-G-A-----A-----	136
CRF02_AG_DJ.DJ264	-----G-T-A-A-----A-----	137
CRF02_AG_NG.IBNG	-----G-T-----A-----A-----	313
CRF03_AB_RU.KAL153		548
CRF04_cpx_CONSENSUS	-----G-T-A-A-----A-----	775
CRF04_cpx_CY.94CY032	-----G-T-A-A-----A-----	139
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-----G-T-A-A-----A-----	793
CRF04_cpx_GR.97PVCH	-----G-T-A-A-----A-----	790
AC_IN.21301	-----T-A-T-----A-----	152
AC_RW.92RW009	-----A-----T-A-T-----A-----	122
AC_SE.ETSE9488		0
AC_ZM.ZAM184	-----T-A-C-----A-----	152
ACD_SE.SE8603	-----A-----GCGGCACG-CA-GAG-CGAG-----A-----AC-----	95
AD_SE.KESE7108		0
ADH_NO.NOIIL3	-----T-A-----A-----	789
ADU_CD.MAL	-----G-T-A-A-----A-----	333
AG_NG.92NG003	-----G-T-A-A-----A-----	140
AGU_CD.Z321B		0
AGJ_AU.BFP90	-----G-T-A-A-----A-----	801
AGJ_ML.95ML84		10
AJU_BW.98-2117	-----T-A-----A-----	169
BF_BR.93BR029	-----T-A-----G-----A-----	125
MO_CM.97CAMP645MO	-----G-T-A-A-----A-----A-----	152
O_CM.ANT70	C-G-----AGC-G-----T-A-C-CT-----A-----AAC...T...C-AGAG...ATTTTGC...T-G-GGTG...GCCA--C--G--	816
O_CM.MVP5180	C-G-----AGC-G-----T-A-CT-CT-----A-----AAC...T...C-AAGA...G...AATTTGC...T-G-GGTG...GCCA--C--G--	791
N_CM.YBF30	-----C-T-G...T-A-A-G-----A-----A...A...CT-CAGAGGT-A...ACA-TTTGCCAGCAGTGGCTGGA-CTAGGGG-AGGGCGAAG-CTCTAG...-G--T...	326
SIVCPZUS	-----C-----T-A-A-A-G-----A-----A...A...CT-CAGAGGT-A...ACA-TTTGCCAGCAGTGGCTGGA-CTAGGGG-AGGGCGAAG-CTCTAG...-G--T...	822
SIVCPZGAB	-----T-A-A-----A-----	785
SIVCPZANT	-----TC-----C-----GTA--GA-----AG-----CCTTCATTTTGTTTTGT.T--T-GTG-----GCAATC-----G-----	127

_|-> Gag and Gag-Pol CDS start (frame 2)

B_FR.HXB2	.GGCTAGAAGGAGAGA	..GATGGGTGCGAGAGCGTCAGTATTAAGCGGGGAGAATTAGATCGATGGGAAAAAATTCGGTTAAGGCCA	...GGGGAAAAGAAAA	871							
A_CONSENSUSGCGGAGGCTAG	---AGAA	GCG	371					
A_KE.Q2317A	GCG	335					
A_SE.UGSE8891AA	T	A	A	AA	GCT	G	G	76	
A_SE.TZSE8538	T	AG	GC	G	G	76			
A_SE.UGSE6594	T	A	G	GC	G	G	G	76	
A_SE.UGSE7535GCGGAGGCTAGA	--GAGAGA	A	GC	G	C	103		
A_SE.SOSE7253	T	A	GC	G	G	A	G	78
A_SE.SE8131	A	GCT	G	G	C	267	
A_UG.U455	A	AA	A	TC	G	C	338	
A_UG.92UG037	T	A	GC	G	C	241		
B_CONSENSUS	A	901	
B_AU.MBC200	GA	870	
B_AU.MBC925	G	AG	873	
B_CN.RL42	243	
B_DE.HAN2	340	
B_DE.D31	417	
B_ES.89SP061	420	
B_GA.OYI	417	
B_GB.MANC	817	
B_GB.CAM1	873	
B_NL.ACH320A	873	
B_TW.LM49	870	
B_US.SF2CG	GA	872	
B_US.DH123	868	
B_US.NY5CG	871	
B_US.AD8	871	
B_US.WCIPR18	417	
B_US.YU2	869	
B_US.JRCSF	871	
B_US.MN	868	
B_US.BCSG3	418	
B_US.896	870	
B_US.WEAU160	870	
B_US.RF	385	
B_US.WR27	250	
C_CONSENSUS	366	
C_BR.92BR025	221	
C_BW.96BW0402	361	
C_BW.96BW1104	261	
C_BW.96BW15C02	362	
C_BW.96BW0502	358	
C_BW.96BW16B01	G	361	
C_BW.96BW1210	261	
C_BW.96BW17B03	247	
C_BW.96BW01B03	A	361	
C_ET.ETH2220	251	
C_IN.301999	250	
C_IN.21068	249	
C_IN.301905	249	
C_IN.301904	249	
C_IN.11246	249	
D_CONSENSUS	874	
D_UG.94UG114	220	
D_CD.NDK	415	
D_CD.ELI	417	
D_CD.Z2Z6	871	
D_CD.84ZR085	388	

	GAGAGA	GATGGGTGCGAGAGCGTCAGTATTAAGCGGGGAGAATTAGATCGATGGGAAAAAATTCGGTTAAGGCCA	GGGGAAAGAAAA		
B_FR.HXB2	.GGCTAGAAGGAGAGAGATGGGTGCGAGAGCGTCAGTATTAAGCGGGGAGAATTAGATCGATGGGAAAAAATTCGGTTAAGGCCAGGGGAAAGAAAA	871
F_CONSENSUS	225
F1_BE.VI850	226
F1_BR.93BR020	214
F2_CM.MP255C	82
F2_CM.MP257C	82
F1_FT.FIN9363	212
F1_FR.MP411	82
G_CONSENSUS	G.....	877
G_BE.DRCBL	856
G_FI.HH87932	273
G_NG.92NG083	G.....	237
G_SE.SE6165	274
H_CONSENSUS	252
H_BE.VI991	257
H_BE.VI997	198
H_CF.90CF056	218
J_SE.SE91733	195
J_SE.SE92809	194
K_CM.MP535C	82
K_CD.EQTB11C	82
CRF01_AE_CONSENSUS	881
CRF01_AE_CF.90CF402	913
CRF01_AE_TH.93TH253	888
CRF01_AE_TH.CM240	436
CRF02_AG_CONSENSUS	418
CRF02_AG_DJ.DJ263	234
CRF02_AG_DJ.DJ264	235
CRF02_AG_NG.IBNG	411
CRF03_AB_RU.KAL153	646
CRF04_cpx_CONSENSUS	873
CRF04_cpx_CY.94CY032	237
CRF04_cpx_GR.97PVMY	891
CRF04_cpx_GR.97PVCH	888
AC_IN.21301	250
AC_RW.92RW009	221
AC_SE.ETSE9488	76
AC_ZM.ZAM184	250
ACD_SE.SE8603	193
AD_SE.KESE7108	76
ADH_NO.NOGLL3	887
ADU_CD.MAL	431
AG_NG.92NG003	238
AGU_CD.Z321B	82
AGJ_AU.BFP90	899
AGJ_ML.95ML84	108
AJU_BW.98-2117	267
BF_BR.93BR029	223
MO_CM.97CAMP645MO	A.....	251
O_CM.ANT70	A-GGC---TCTCTAGGG	923
O_CM.MVP5180	A-GGC---TCCCTAGGG	898
N_CM.YBF30	---C---AGTAG	429
SIVCPZUS	---GA---G---	913
SIVCPZGAB	---CCTAGAGGAAGGGCGAAGTCTCTAGGGG	908
SIVCPZANT	.A-G-C---TCTCTAGGAA	235

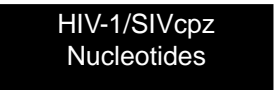
Gag P17 Matrix start-M G A R A S V L S G G E L D R W E K I R L R P . . G G K K K Gag
 |-> Gag and Gag-Pol CDS start (frame 2)

B_FR.HXB2	AATATAAAATTTAAACATATAGTATGGGCAAGC...AGGGAGCTAGAACGATTTCGCAGTTAATCCTGGCCTGTTAGAAACATCAGAAGGCTGTAGACAAATACTGGGACAGCTACAACCATCCCTTCAGACAG	1000
A_CONSENSUS	-----G-C-G-----C-----G-A-T-C-C-A-T-----A-A-CA-A-A-AT-----G-T-CA-----	500
A_KE.Q2317	-----G-A-G-G--C-A-----G-CA-T-C-C-A-T-----G-C-A-CA-A-A-A-AT-----G-T-CA-----	464
A_SE.UGSE8891	-----C-G-----G-----G-AA-C-C-C-A-T-----A-A-CA-A-ATA-AT-----G-T-CAG-----	205
A_SE.TZSE8538	-----G-A-G--T-----G-CA-C-C-C-A-T-----A-A-CA-A-A--T-----G-TT-CA-----	205
A_SE.UGSE6594	-G---G-C--T-----G-A-T-C-C-A-T-----A-A-CCA-A-A-AG--T-----G-T--A-T-----	205
A_SE.UGSE7535	-----G-C-G--C-----G-A-T-C-C-A-T-----G-A-CA-A-AA--T-----G-T-CA-----	232
A_SE.SOSE7253	-----G-A-G--C-----G-A-T-C-C-A-T-----A-A-CA-A-A--T-----T-G-T-CA-----	207
A_SE.SE8131	-----G-C--C-----G-AA-T-C-C--T-----G-A-CA-G-A-A-A--AT-----T-G-T-CCA-A-----	396
A_UG.U455	-----G-C-G--T-----G-AA-A-C-C--T-----G-A-CAG-----A-AT-----G-T-C-----	467
A_UG.92UG037	-----G-----C-----G-A-T-C-C-A-T-----A-A-CA-A-A-AT-----T-G-T-CAGA-----	370
B_CONSENSUS	-----CG-----G-----A-----	1030
B_AU.MBC200	-----C-----G-----T-----A-----G-----	999
B_AU.MBC925	-----G-----C-----G-----T-----A-----G-----	1002
B_CN.RL42	-----C-----G-----A-----G-----	372
B_DE.HAN2	-----G-----A-----T-----G-----	469
B_DE.D31	-----G-----T-----C-----A-----T-----A-----G-----	546
B_ES.89SP061	-----C-C-----A-----A-----T-----T-----A-----A-----	549
B_GA.OYI	-----G-----A-----T-----T-----G-----A-----T-----C-A-----	546
B_GB.MANC	-----G-----A-----T-----T-----G-----G-----C-----G-----	946
B_GB.CAM1	-----G-----G-----C-----A-----C-----C-----T-----A-----T-----G-----	1002
B_NL.ACH320A	G-----G-----G-----C-----A-----C-----C-----C-----T-----A-----G-----	1002
B_TW.LM49	-----G-----G-----C-----A-----C-----C-----C-----T-----G-----	999
B_US.SF2CG	-----G-----C-----C-----T-----G-----	1001
B_US.DH123	-----G-C-----A-----G-----C-----T-----G-----A-----	997
B_US.NY5CG	-----G-----C-----C-----T-----G-----A-----	1000
B_US.AD8	-----G-----G-----C-----G-----T-----A-----G-----	1000
B_US.WCIPR18	-----G-----T-----C-----T-----A-----A-----	546
B_US.YU2	-----G-----C-----C-----G-----G-----T-----G-----	998
B_US.JRCSF	-----C-----C-----C-----A-----G-----G-----T-----	1000
B_US.MN	-----C-----C-----C-----A-----G-----G-----T-----	997
B_US.BCSG3	-----C-----C-----C-----A-----G-----G-----T-----	547
B_US.896	-----C-----C-----C-----A-----G-----G-----T-----	999
B_US.WEAU160	-----C-----C-----C-----A-----G-----G-----T-----	999
B_US.RF	G-----G-----T-----T-----C-----A-----T-----G-----G-----G-----A-----A-----	514
B_US.WR27	-C---TGC---CC---G-A-T-C-C-T-G-G-G-A-----A-----A-----G-T-----	379
C_CONSENSUS	-C---TGC---CC---G-A-T-C-C-T-G-G-G-A-----A-----A-----G-T-----	495
C_BR.92BR025	-C---TGA-G---CC---C---G-A-T-C-G-C-T-G-C-----A-----A-----G-T-----	350
C_BW.96BW0402	-----GGA---CC---G-A-T-C-C-T-----A-----A-----G-T-----	490
C_BW.96BW1104	GG---TGA---C---G-A-T-C-C-T-----A-----A-----G-T-----	390
C_BW.96BW15C02	GT---TG---C---G-A-T-C-C-T-----A-----G-----A-----G-T-----	491
C_BW.96BW0502	-T---TGC---G---C---G-G-T-C-C-T-----G-----A-----A-----G-A-----A-----	487
C_BW.96BW16B01	GC---TGC---CT---G-A-T-C-C-T-----A-----A-----A-----G-T-----A-----	490
C_BW.96BW1210	GC---TGA-G---T---G-AAT-T-C-C-C-T-----G-G-----A-----A-----G-T-----A-----	390
C_BW.96BW17B03	-T---TG---CC---G-A-T-C-C-T-----G-----G-----A-----A-----G-T-----A-----	376
C_BW.96BW01B03	GC---TGC---T---A---G-A-T-C-C-C-----A-----A-----A-----G-T-----	490
C_ET.ETH2220	-C---TGC-G---CC---C---A---G-AA-T-C-C-A-T-----T-----C-----A-----TAA-----G-T-----	380
C_IN.301999	-C---TGC---CC---G-CA-T-C-C-T-----GG-G-----A-----A-----G-T-----	379
C_IN.21068	GC---TGC---CC---G-CA-T-C-C-T-----T-----G-----G-----A-----A-----G-T-----	378
C_IN.301905	-T---TGC---CC---G-A---C---C---T-----G-----A-----A-----G-T-----	378
C_IN.301904	-C---TGC---CC---G-CA---GC---C---T-----G-----A-----A-----G-T-----	378
C_IN.11246	-C---TGC---CC---G-AA---C-G---C---T-----G-----A-----A-----G-T-----	378
D_CONSENSUS	-----G-C---?-----T-----C-----T-----A-----A-----G-TA-----	1002
D_UG.94UG114	-----G-C---C-----T-----C-----T-----A-----A-----TA-----	349
D_CD.NDK	-----GC-C---T-GA---TA---C---T-----G-----A-----A-----TA-----A-----	544
D_CD.ELI	-----G-C---AT---C---T-----A-----A-----A-----G-----G-TA-----	546
D_CD.Z2Z6	-----G-C---C-----T-----C---T-----G-----T-----A-----A-----G-TA-C-G-----	1000
D_CD.84ZR085	-G---GC---A---G---T---C---T-----T-----A-----A-----A-----G-T-----A-----	517

B_FR.HXB2	AATATAAAATTAACACATATAGTATGGGCAAGC...AGGGAGCTAGAACGATTGCGAGTTAATCTGGCCTGTTAGAAACATCAGAAGGCTGTAGACAAATACTGGGACAGCTACAACCATCCCTTCAGACAG	1000
F_CONSENSUS	-----G-?-?-?-C-----T--C-G-----TC-----?A?A--A-A-----	350
F1_BE.VI850	G-----A-G-----C--A-----T--C-G-----TC-----CA-A--A-AA-----	355
F1_BR.93BR020	-----G-C-----C-----T--C-G--A--TC-----C-A--A-A-----T-----	343
F2_CM.MP255C	G-----GGC-----C-----A-----T--C-----A--T-----A-----AGA--A-A--AT--T-----	211
F2_CM.MP257C	-----GGC-G-----A-----T--C-----T-----G-A-----AGA--A-A--A-----	211
F1_FI.FIN9363	-----G-A-----C-----T--A-AG-----TC-----CA-A--A-A-C--A--G-----A-----	341
F1_FR.MP411	-----G-A-G-G-C-----T-----T--G-----A--TC-----C-----AG--A-AA-----	211
G_CONSENSUS	-----?-?-?-?-C-----G-GA--T--C-----C--?-T-----G-----T--CA--A--A--T-G--G-T--C-----	1002
G_BE.DRCBL	G-----G-A-G-----T-----G-GA--T--C-----C--T-----T-----T--CA-A--A--C--T-G--G-T--C-A-----	985
G_FI.HH87932	-----C-G-C-G-----C-----A--A-G-GA--T--C-----C--T-----G-----T--CA--A--A--C--T-G--G-TA-C-M-----	402
G_NG.92NG083	-----G-----C-----A--G-GGA--T--C-----C-G-A--T-----G-----T--GTG--A--AA--T-G--G-T--CT-----	366
G_SE.SE6165	C-----A-----C-----G-GA--T--C-----C--A--T-----G-----T--CA--A--A--T-G-----T-C-----	403
H_CONSENSUS	-----GGC-----C-----G--A--T--C-----C--C--T-----G-----CT--A-A-A-----G--G-TA--A-----	381
H_BE.VI991	-----GGC-----C-G-----G--A--T--C-----C--A--T-----G-----T--CCA-----A-----G--G-T--A-----	386
H_BE.VI997	-----GGC-----C-----A--G--A--T--C-----C--C--T-----T--G-----CT--A-A-A--A--GG--TA--A-----	327
H_CF.90CF056	-----GGC-----C-----G--A--T--C-----C--C--T-----C-----CT--G--A-A-A--A--G--G-TA--A-----	347
J_SE.SE91733	-----GGA-----C-----G--CA--T--C-----C--TC--GT--G--A--CA-----A--T--C-----G-T-----	324
J_SE.SE92809	-----GGA--G--C-----G--CA--T--C-----C--TC--GT--G--A--CA-----A--T--C-----G-T--C-----	323
K_CM.MP535C	-----C-G-----C-----T--C-C--C-----T--G--A-----C-G-----A-AAC--AA--G-----A--A-----	211
K_CD.EQTB11C	-----C-GGC-----C-----T--C--C--AA--T--G--GT-----C-G-----A-AA--A-----A-----	211
CRF01_AE_CONSENSUS	-----G-A-G-----T-----A--T--A-----C--C--T-----T-----G--A--CA--?--A-A-A--T--GT--A-T--CA-----	1009
CRF01_AE_CF.90CF402	-----G-A-G-----T-----A--T--A-----C--C--T-----T-----G--G--A--CA--C--A-A-A--T--GT--A-TA--CA-----	1042
CRF01_AE_TH.93TH253	-----A-G-----T-----A--AT--A-----T--C--C-----T-----G--A--CA--T--A-A-A--T--GT--A-T--CA-----	1017
CRF01_AE_TH_CM240	-----GGC-G-----T-----A--T--A-----C--C--A--T--T-----G-----A--CA--A--A--T--GT--A-T--CA-----	565
CRF02_AG_CONSENSUS	-----G-C-----C-----G--A-----C--C-----T-----G-----A--CA--GT--A--A--T--T--G-T--CGG-----	547
CRF02_AG_DJ.DJ263	-----G-C-----C-----G--A-----C--C-----T-----G-----A--CA--GT--A-A-A--T--A--G-T--CGG-----	363
CRF02_AG_DJ.DJ264	-----G-C-----C-----G--A-----C--C-----T-----G-----A--CA--GT--A-AA--T--T--G-T--CGG-----	364
CRF02_AG_NG.IBNG	-----G-C-----C-----G--A-----C--C-----T-----G--G--A--CA--C--A--A--T--T--G-T--CAG-----	540
CRF03_AB_RU.KAL153	-----G-A-----CC-----G--A-----GC--C--A--T-----A--T--CA-----	775
CRF04_cpx_CONSENSUS	-----G-C-G-----C-----A--T-G--A-----C--C--T-----G-----A--CA--T--A--A--T--T--A-T--CA--A-----	1002
CRF04_cpx_CY.94CY032	-----G-C-G-----C-----A--T-G--A-----C--C--T-----T-----G--A--CA--T--A--A--T--T--A-T--CA--A-----	366
CRF04_cpx_GR.97PVMY	G-----G-A-----C--A-----A--T-G--A-----C--C-----T-----G-----A--CAG--T--A--A--T--T--A-T--CA--A-----	1020
CRF04_cpx_GR.97PVCH	G-----G-C-G-----C-----T--G--A-----C--C-----T-----G--G--A--CA--T--A--A--T--T--A-T--CAGA-----	1017
AC_IN.21301	-----C--TGA-----CC-----G--A--T--C-----C--A--T-----G-----AG--A-AAAG-----G-T-----	379
AC_RW.92RW009	C-----TGA-G-----CC-----G--A--T--C-----C--A--T-----G--C-----A--A--A--A--G-----G-T-----	350
AC_SE.ETSE9488	-----G-A-G-----C-----G--CA--T--C--C--A--T-----G-----A--A--T--A--T-----G-T--A-----	205
AC_ZM.ZAM184	-----G-A-G-----T-----G--AA--T--C--C--A--T-----T-----G-----A--A--G--T-----G-T--C-C-----	379
ACD_SE.SE8603	-----G--G-----C-----G--CA--T--C--C--A--T-----T-----A--G--CA--A--AC--T-----G-T--CA-----	322
AD_SE.KESE7108	-----C-G-----C-----G--A--T--C--C--A--T-----A--A--A--CA--A--A--T-----G-TT--CA-----	205
ADH_NO.NOGIL3	-----GGC-----C-----G--CA--T--C--C--A--T-----A--A--CA--G--A--A--T-----G--G-T--CA-----	1016
ADU_CD.MAL	-----G-C-G-----T-----G--A-----C--C-----T-----GG--A--CA--A--A-----T--A-T--CA-----	560
AG_NG.92NG003	-----G-A-G-----T-----A--G-GA--T--C--C--A--C-----A--T--CAG--A--A-----G-----T--C-----	367
AGU_CD.Z321B	-----C--GC-G-----G--A--T--C--C-----T-----A--T--CA--T--A--C--T--C-----G-T--CA-----	211
AGJ_AU.BFP90	-----A-G-----CC-----G--A-----A--C-----T-----G-----A--CA--G--A-A-AG--T-----T--A-T--CA-----	1028
AGJ_ML.95ML84	-----G-A-G-----CC-----G--A--T--C-----C-----T-----C-----A--CA--G--A--A--T-----T--A-T--CAG-----	237
AJU_BW.98-2117	-----G-A-G-----C-----G--A-----G--A-----C--C-----T-----G-----A--CA--A--A--T-----T--G-T--CA-----	396
BF_BR.93BR029	-----G-----A--G-----A--G-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----G-----A-----G-----	353
MO_CM.97CAMP645MO	-----G-C-----C-----G--A-----C--C-----T--T-----T--G-----A--CAG--A-A-A--T-----A--CAG-----	380
O_CM.ANT70	-----G-C-----CT-----A--G--A-----TG-----AG--AC-----TG-----G--TAA--GAGA--GC--G--ACAG--T--G--G--G-T--CA-----	1052
O_CM.MVP5180	C-----GGC-----T-----G--A--A--TG-----T--A-----TG-----TAC--GAG--C--G--ACAG--T--G--G--G-T--CA-----	1027
N_CM.YBF30	-----C-G-A-G-----T-----G--A-----TTG--C--A--T--CA--G--C--G--G--C-----GCCA--GT--AAA--AT--G-----G-T--CA-----	558
SIVCPZUS	G-----TGA-G-----T-----T-----G--A-----T--TTG--C--A--T--AA--G-----G--C-----CTC--T--T--AAA--T--G-----G-T--AA--A-----	1042
SIVCPZGAB	G-----TGA-G-----T-----G--A-----TG--G--C--C--G--AA--G-----GTAAG--A--CTA--T--GT--ACA--AT--G--G--G-T--CA--A-----	1037
SIVCPZANT	G--C--TGA-----C--G--T-----A...TC-----GC--G--T--T--GC--C--GCT--CTC--TC-----GTAAG--T--GA--A--GGCTA--CCAT--AT--GAGC--T--T--A--AG--A--T--A-----	364
p17 Matrix	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 S L Q T	Gag

B_FR.HXB2	GATCAGAAGAACTTAGATCATTATATAATAACAGTAGCAACCCCTCTATTGTGTGCATCAAAGGATAGAGATAAAAGACACCAAGGAAGCTTTAGACAAGATAGAG.....GAAGAGCAAAACAAAAGTA	1123
A_CONSENSUS	--A-----C-----TG-----C-T-A-----ATA-T-G-C-----	623
A_KE.Q2317	--A-----A-A-A-----T-----T-----A-----C-----TG-----C-T-A-----ATAA-T-G-C-----	587
A_SE.UGSE8891	--A-----C-----A-----CTG-----T-A-----ATA-T-G-AC-----	328
A_SE.TZSE8538	--A-----A-----C-----T-----GG-C-A-----C-----TG-----G-----C-T-AT-----ATA-G-G-C-----	328
A_SE.UGSE6594	--A-----GA-A-----T-----A-----G-----TG-----C-T-A-----AT-----G-G-C-----	328
A_SE.UGSE7535	--A-----C-----A-TG-----C-----C-T-A-----ATA-T-G-G-----	355
A_SE.SOSE7253	--A-----T-----GT-----C-A-----C-----C-T-A-----ATA-G-G-C-----	330
A_SE.SE8131	--A-----C-----TG-----C-T-A-----GATA-T-----C-----	519
A_UG.U455	--A-----GT-----A-----TG-----C-A-T-A-----AT-T-G-AC-----	590
A_UG.92UG037	--A-----C-A-----C-----G-----C-T-A-----GATA-G-----C-----	493
B_CONSENSUS	-----G-----G-----	1153
B_AU.MBC200	-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----	1122
B_AU.MBC925	-----CT-----TC-----T-----G-----G-G-G-----	1125
B_CN.RL42	-----G-----G-----	495
B_DE.HAN2	-----A-----G-----G-----C-----	592
B_DE.D31	-----T-----C-----G-----T-----G-----	669
B_ES.89SP061	-----A-----TG-----T-----T-----	672
B_GA.OYI	-----A-----T-----T-----A-----G-----T-----	669
B_GB.MANC	-----A-----C-----GT-----G-----G-----T-----	1069
B_GB.CAM1	-----A-----A-----TG-----C-----G-A-----	1125
B_NL.ACH320A	-----T-----GT-----A-----A-----G-----T-----	1125
B_TW.LM49	-----T-----A-----A-----C-----A-----	1122
B_US.SF2CG	-----A-----A-----TG-----G-----	1124
B_US.DH123	-----C-----G-----G-----G-----	1120
B_US.NY5CG	-----G-----T-----GT-----TG-----C-T-----G-----	1123
B_US.AD8	-----A-----T-----AC-----TG-----G-----A-----	1123
B_US.WCIPR18	-----C-----C-----GT-----G-----G-A-----	669
B_US.YU2	-----G-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----	1121
B_US.JRCSF	-----C-----A-----A-----A-----A-----C-----	1123
B_US.MN	-----A-----A-----A-----G-----A-----	1120
B_US.BCSG3	-----A-----A-----GT-----T-----TG-----G-----C-----	670
B_US.896	-----A-----A-----G-----T-----T-----	1122
B_US.WEAU160	-----A-----TGT-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----	1122
B_US.RF	-----A-----G-----AT-----G-----G-----G-----	637
B_US.WR27	-----T-----T-----A-----G-----G-----G-----	502
C_CONSENSUS	--A--G-----C-----C-----T-----A--G--GA-----G--CG-----C-----A-----C-----	618
C_BR.92BR025	--A--A--G-----T-----C-----G-----T-----T-----A--G--A-----TG--CG-----C-----A--A-----A-----C-----	473
C_BW.96BW0402	--A--G-----T-----C-----T-----T-----A--A--A-----G--CG-----C-----A--G-----T--C-----	613
C_BW.96BW1104	--A--G-----A-----C-----T-----T-----A--G--G-----G--C-----G-----G-----C-----A-----C-----	513
C_BW.96BW15C02	--A--G-----TC-----G-----T-----G-----A--G--A-----A--G-----C-----A-----C-----	614
C_BW.96BW0502	--A--G-----G-----C-----C-----T-----A--GC--G-----G--G-----C-----A-----C-----	610
C_BW.96BW16B01	--A--G-----AG--C-----C-----C-----GTA-----A--GC--G-----G--C-----C-----T-----A-----C-----	613
C_BW.96BW1210	--A--G-----A-----C-----T-----A--G--G--A-----G--CG-----C-----T-----A-----T--C-----	513
C_BW.96BW17B03	--A--G-----A-----C-----T-----C-----G--A-----G--CG-----C-----A-----TT--C-----	499
C_BW.96BW01B03	--A--G-----AG-----C-----C-----C-----T-----A--G--AT-----G--CGC-----C-----A-----G-----C-----	613
C_ET.ETH2220	--A--G-----A-----T-----G-----T-----A-----A-----C-----	503
C_IN.301999	--A--G-----G-----C-----C-----C-----T-----A--G--G-----G--CG-----C-----A-----C-----	502
C_IN.21068	--A--G-----TC-----C-----T-----A--GC--G-----AG--CG-----A-----C-----A-----T-----	501
C_IN.301905	--A--G-----TC-----C-----T-----A--GC--GA-----AG--CG-----A-----A-----T--C-----	501
C_IN.301904	--A--G-----C-----C-----T-----T-----A--GC--G-----AG--CG-----A-----C-----A-----A--C-----	501
C_IN.11246	--A--G-----G--TC-----C-----T-----A--GC--GA-----AG--CG-----A-----C-----A-----C-----	501
D_CONSENSUS	-----G-----G-----G-----A-----G-----	1125
D_UG.94UG114	--G--A--A-----G--T-----A--G--G-----A--G--GC--AG-----A-----GC-----	472
D_CD.NDK	--A-----A-----G-----A-----G-----A-----G-----A-----G-----	667
D_CD.ELI	--A-----T-----A-----G-----A-----TG-----A-----G-----	669
D_CD.Z2Z6	-----A-----T-----A-----G-----G-----A-----G-----	1123
D_CD.84ZR085	-----A-----A-----A-----A-----G-----C-----	640

B_FR.HXB2	GATCAGAAGAACCTTAGATCATTATATAATACAGTAGCAACCCCTCTATTGTGTGCATCAAAGGATAGAGATAAAAGACACCAAGGAAGCTTTAGACAAGATAGAG.....GAAGAGCAAAACAAAAGTA	1123
F_CONSENSUS	-----G-A-----?-----?-----GT?-----A-A-----A-G-----T-C-----A-----C	470
F1_BE.VI850	-----G-AG-----T-----GT-----A-A-----GC-G-G-----C-----C-----A-----C	478
F1_BR.93BR020	-----G-C-A-----A-----GT-----A-A-----A-G-----G-----G-----C-----A-----G-C	466
F2_CM.MP255C	-----G-A-----C-----C-G-----T-GTT-----A-A-----TG-G-----T-C-C-----A-G-T-----C	334
F2_CM.MP257C	-G-----G-G-A-----T-C-A-----T-GTT-----A-A-----A-G-----G-G-----T-C-C-----A-G-----CA-C	334
F1_FI.FIN9363	-----G-----C-A-----GT-----T-A-----A-----G-----G-----T-C-----A-----C	464
F1_FR.MP411	-----G-----G-TC-----GTT-----A-----A-----G-----G-----G-T-----G-A-----G-C	334
G_CONSENSUS	--A--G--GA--A-----T-----A-----A-----G-----A-----C--GG-AG-G-A.....A-GATA--G--C	1125
G_BE.DRCBL	--A--G--GA--A-----C--T-----A-----A-----G--G-----A-G-C--GG-AG-G-A.....A-GATA--G--G--C	1108
G_FI.HH87932	--A--G--GA--A-----T-----A-----CC-A-----G--G-----A-C--GG-AG-G-A.....A-GATA--G--C	525
G_NG.92NG083	--A--G--G-----T-----C-----A-----A-----G-----A-----CC--GG-AG-G-A.....A-ATA--G--C--C	489
G_SE.SE6165	--A--G--A-----A-----G-----A-----A-----G-----A-----C--AG-AG-G-A.....A-GATA--G--C	526
H_CONSENSUS	--A-----CA-----T-----GT-----C-A-----A-----TG-G-----GG-----ATA-----?C	503
H_BE.VI991	--A-----C--CA-----A-----GT-----C-A-----A-----TG-G-----GG-----ATA-G-T-G-AC-	509
H_BE.VI997	--A-----CW-----T-----C-----G-----C-A-T-----A-----G-----GG-----ATA-----GC	450
H_CF.90CF056	--A-----A-----T-----CT-----GT-----C-A-----G-AA-----TG-G-----G-----T-----ATA-----C	470
J_SE.SE91733	--A-----A-----A-----C-----A-----G-----C-A-----G-----A-----T-----G-----ATT-----AC	447
J_SE.SE92809	--A--C-----A-----A-----G-----C-----A-----G-----A-----T-----G-----ATT-----G-AC-	446
K_CM.MP535C	-----GA--A-----C-----A-----GT-----T-----A-----A-----G-----C-----AC-----A-----C	334
K_CD.EQTB11C	-C--G-----G-----C--T-----A-----GT-----T-----A-----A-----G-----GG-----C-----AC-----A-----G--C-C	334
CRF01_AE_CONSENSUS	-----A-----T-----A-----GG--C--A--C-----G-----T-----A-----T-----TA-----T--G--CC	1132
CRF01_AE_CF.90CF402	-----A-----C--T-----A-----T-----GG--C--A--C-----TG-----T-----A-----TA-----T--G--C	1165
CRF01_AE_TH.93TH253	-----A-----A-----A-----GG--C--A--C-----G-----T-----T-----A-----TA-----G--CC	1140
CRF01_AE_TH.CM240	--T-----A-----T-----A-----GG--C--A--C-----G-----T-----T-----A-----TA-----T--G--CC	688
CRF02_AG_CONSENSUS	-----A-----A-----A-----T-GG--C--A-----C-----C-----T-----A-----TA-----T--G--C	670
CRF02_AG_DJ.DJ263	-----A-----A-----A-----T-GG--C--A--A-----C-----C-----A-----A-----TA-----T--G--C	486
CRF02_AG_DJ.DJ264	-----A-----A-----A-----T-GG--C--A-----C-----C-----T-----A-----A-----TA-----T--G--C	487
CRF02_AG_NG.IBNG	-----A-----T-----A-----T-GG--C-----C-----C-----T-----A-----G-----ATA-----T--G--C	663
CRF03_AB_RU.KAL153	-----A-----A-----C-----GG--C--A-----A-----TG-----T-----A-----ATA-----T--G--C	898
CRF04_cpx_CONSENSUS	-----A-----T-----TA-----GG--C--A-----A-----TG-----T-----AG-----AT-----T--G--C	1125
CRF04_cpx_CY.94CY032	-----A-----T-----TA-----A-----GG--C--A-----A-----TG--C-----T-----A-----ATA-----GT--G--C	489
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-----G-----A-----G-----T-----TT-----A-----GG--C--A-----A-----AG-----C-----T-----AG-----AT-----T--G--C	1143
CRF04_cpx_GR.97PVCH	-----G-----G-----A-----T-----TT-----GG-----A-----C-----A-----TG-----T-----AG-----T-----G--G--C	1140
AC_IN.21301	--A--G-----G-----C--C--C-----T-----T-----GG-----A-----GC--G-----CG-----G-----A--GG--A-----C	502
AC_RW.92RW009	--A--T-----A-----G-----A-----A-----TG-----G-----G-----C-----T-----A-----A-----C	473
AC_SE.ETSE9488	--A--A-----A-----A-----T-----C-----A-----GC--A-----G-----G-----C-----T-----A-----ATAA-----T--G--C	328
AC_ZM.ZAM184	--A--CA-----A-----GT-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----A-----CAC-----C	502
ACD_SE.SE8603	--A-----A-----C-----GG--C--A--A--C-----TG-----C-----T-----A-----ATA-----G--C	445
AD_SE.KESE7108	--A-----A-----A-----C-----CAA-----G-----A-----C-----T-----A-----AT-----T--GG--C	328
ADH_NO.NOIGIL3	--A-----A-----T-----TT-----GT-----GG-----A-----A-----TG--G-----T-----A-----ATA-----T--G--C	1139
ADU_CD.MAL	--A-----A-----A-----TG-----G-----GC-----T-----A-----ATA-----T--G--C	683
AG_NG.92NG003	--A--G--GA--A-----T-----A-----A-----G-----A-----C--GG-AG-G-A.....A-ATA--G--C--C	490
AGU_CD.Z321B	--A--G--GA--T-----T-----A-----AT-----A-----G-----A-----C--TG-AG-G-A.....A-G-CA--G--GC--C	334
AGJ_AU.BFP90	-----G-----A-----T-----T-----A-----A-----A-----G-----C-----CA-----T-----A-----ATA-----G--G--C	1151
AGJ_ML.95ML84	-----G-----A-----C--T-----A-----A-----A-----AG--C-----C--C--T-----A-----ATA-----T--G--C	360
AJU_BW.98-2117	-G-----A-----G-----T-----A-----G-----T-----A-----T-----A-----ATA-----T--G--C	519
BF_BR.93BR029	-----A-----A-----TG-----G-----A-----A-----A-----A-----ATA-----T--G--C	475
MO_CM.97CAMP645MO	-----GG--A-----T-GT--T-----C--A-----C-----G-----C-----A-----A-----ATA-----T--G--C	503
O_CM.ANT70	-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-----TA...TGGGG--C	1172
O_CM.MVP5180	-G-----G--C--G--A--TC--C--GG--CG--A-----GTA--GG--C--T--CA--C--AT--T--C--CCG--T--AC--C--G--AA--C--A--T--A-----TA...TGGC--C	1147
N_CM.YBF30	-G-----GC--C--T-----CG--TC-----GTT--T-----C--AGT--C-----C--CA--AC-----G-----A--A-----GA--A--GG--AC--GCAC	681
SIVCPZUS	-G-----GC--GC--GC--C--T-----C--CT--GGT--T--GG-----C--CAGT--G--GACAG--GG--G--T--GC--C--G--C-----TG--AC--GA--A-----G--TA...GTGC--GTTG.	1161
SIVCPZGAB	-C-----GC--G--C--G--T-----C--TC--G--GTA--G--GG--CA--A--AGTGAC--CACTG--G-----AC--A-----C--AC--C--A--CGGCATCAT--G--A-----C--G--C	1166
SIVCPZANT	---CCCT--A--A--T--T--G--T--C--CA--TTGTGTT--G--GG--C--A--A--G--GA--A-----AG--AC--CG--TA--A--CAG--GA--A.....ATGA--AGT--TGC--G--CAC	487
p17 Matrix	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	Gag



	AG...AAAAAGCACAGCAA.....GCAGCAGCT.....GACACAGGA.....CACAGCAAT...CAGGTCAGCCAAAATTACCCTATAGTGCAGAACATCCAGG		1207
B_FR.HXB2	..C--GA--A-G.....	A--GCAAG??C.....A--TGCA--A	708
A_CONSENSUS	..C--GA--A-G.....	A--GC...A-T.....A--TGCA--A	671
A_KE.Q2317	..C--GA--A-G.....	A--GCAATGTC.....G.....A--TGCG--A	412
A_SE.UGSE8891	..C--GA--A-G.....T.....	AG--GCAAGGTC.....T.....G.....A--TGCA--A	412
A_SE.TZSE8538	..C--GA--TCA-G.....A.....	AG--G-AAGGTC.....T.....A--TGCA--A	412
A_SE.UGSE6594	..C--GA--A-G.....	A--...AGGTC.....A--TGCA--A	436
A_SE.UGSE7535	..C--G--A.....	A--GC...A.....A--TGCA--A	414
A_SE.SOSE7253	..C--GAA-G--G.....	A--GC...A.....A--TGCA--A	603
A_SE.SE8131	..C--GGA--G.....	A--GC...A.....T.....C.....A--TGCA--A	662
A_UG.U455	..C--GA--G.....	AGT--GC...A.....A--TGCA--A	577
A_UG.92UG037	..C--G.....	GCAAA.....C.....	1255
B_CONSENSUS	..G.....	A--GC.....C.....	1206
B_AU.MBC200	..G.....	A--GCAAA.....G.....	1212
B_AU.MBC925	..G.....A.....	A--A-GC.....C.....A--C--A	579
B_CN.RL42	..G.....A.....	A--A-C.....A--C--A	676
B_DE.HAN2	..G.....CG.....	A--A-GC.....C.....	753
B_DE.D31	..G.....	A-T--GC.....C.....	756
B_ES.89SP061	..G.....A.....	A--GC.....A--C-T.....	753
B_GA.OYI	..G.....C.....	A--GC.....C.....	1153
B_GB.MANC	..G.....G.....	A--GC.....C--A.....	1209
B_GB.CAM1	..G.....A-C.....	A--GC.....C--A.....	1209
B_NL.ACH320A	..G.....GCAGCT.....	A--GC.....C--A.....	1206
B_TW.LM49	..G.....	A--GC.....C--A.....	1214
B_US.SF2CG	..G.....	A--G--A.....T.....	1204
B_US.DH123	..G.....	A--GC.....C.....	1207
B_US.NY5CG	..G.....	A--GC.....C--A.....	1207
B_US.Ad8	..G--A.....	A--GC...A.....	753
B_US.WCIPR18	..C.....	A--GC.....C--A.....	1205
B_US.YU2	..G.....	A--GC.....C--G.....	1207
B_US.JRCSF	T--G.....	AACAGAGGAA--GC...A.....C.....G.....	1213
B_US.MN	..G.....	A--GC.....G.....	754
B_US.BCSG3	..G.....	A-T--GC.....	1206
B_US.896	..G.....	A--A-C.....C--A.....	1206
B_US.WEAU160	..G.....	A--G-GC.....C-T.....	721
B_US.RF	..G-A.....	A--A-GC.....C.....	586
B_US.WR27	..C--A--G.....AA--GGCT.....GA.....A.....T.....T.....TC--A.....	696	
C_CONSENSUS	..C--A--G.....A--GGCT.....A.....A.....T.....T.....A.....TC--A.....	551	
C_BR.92BR025	..C--AT.....A--GGCT.....A.....A.....T.....T--G.....TC--A.....	691	
C_BW.96BW0402	..C--A--G.....A--GGCT.....A.....AG--T.....T.....TC--A.....	588	
C_BW.96BW1104	..G--A--G.....A--G.....CTG-C.....A--A-T.....T.....TC--A.....	689	
C_BW.96BW15C02	..C-G--A--G.....AA--AGGCT.....GGG.....A.....T.....T.....A--C--A.....	685	
C_BW.96BW0502	..C--A--G.....AA--AG.....CT-C-G.....A.....T-G.....T.....TC--A.....	688	
C_BW.96BW16B01	..C--G-A.....A--GGCT.....C-A.....T.....T.....TC-T-A.....	591	
C_BW.96BW1210	..C-GC-G.....AA--G.....TGG.....A-A.....T.....T.....TGCA--A.....	565	
C_BW.96BW17B03	..C--A--G.....AA--ACA.....TGAC-G.....A-A.....T.....T.....C.....TC--A.....	688	
C_BW.96BW01B03	..C--A--G.....G--AGCT.....G.....A-A.....T.....T.....T--G.....	581	
C_ET.ETH2220	..C--A--G.....AA--AGGCT.....GGG.....A.....T.....T.....TC--A.....	577	
C_IN.301999	..C--A--G.....AA--GAG.....TGAC-G.....A.....T.....T.....TC--A.....	576	
C_IN.21068	..C--A--G.....AA--AGGCT.....GGG.....A.....T.....T.....TC--A.....	576	
C_IN.301905	..C--A--G.....AA--AGGCT.....GAG.....A.....T.....T.....TC--A.....	576	
C_IN.301904	..C--A--G.....AA--AG.....CTGAC.....T.....T.....TC-T-A.....	567	
C_IN.11246	..AAC-G.....A.....A--?--GC.....T.....C--A.....	1211	
D_CONSENSUS	..G.....A.....A--GC.....T.....A--C--A.....	556	
D_UG.94UG114	..G.....T-GC.....GC.....C--A.....	742	
D_CD.NDK	..G.....A--A-GC.....T.....C--A.....	753	
D_CD.ELI	..AAC-G.....G--G.....A--A-GC.....T.....C--A.....	1210	
D_CD.Z2Z6	..G.....G.....A--GC.....T.....A--C--A.....	724	
D_CD.84ZR085	..GG.....G.....A--GC.....T.....A--C--A.....	724	

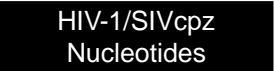
	AG...AAAAAAGCACAGCAA.....GCAGCAGCT.....GACACAGGA.....CACAGCAAT...CAGGTCAGCCAAAATTACCCTATAGTCAGAACATCCAGG	Gag p17 Matrix	\ /	Gag p24 Capsid start	
B_FR.HXB2	AG...AAAAAAGCACAGCAA.....GCAGCAGCT.....GACACAGGA.....CACAGCAAT...CAGGTCAGCCAAAATTACCCTATAGTCAGAACATCCAGG				1207
F_CONSENSUS	---C---GA-----G-----GCAGCT.....-A---G-----GT---T---A...GG-----T-----A-----TC-T---				560
F1_BE.VI850	---C---GA-----G-----GCAGCT.....-A---G-----GT---T---A...GG-----T-----A-----TC-T---				550
F1_BR.93BR020	G---C---GA-----G-----GCAGCT.....-A---G-----GT---T---A...GG-----T-----A-----TC-T---				538
F2_CM.MP255C	---C---G-A-A---A---AAG-G-----A-AG-----T-----T-----A-----TC-T---				406
F2_CM.MP257C	---C---A---A---A---A-G-----A-G-----GT---T---A...GG-----T-----C-A-A---TC-T---				418
F1_FT.FIN9363	---C---GA-----G-----GCAGCT.....-A---G-----GT---T---A...GG-----T-----A-----TC-T---				542
F1_FR.MP411	---C---GA-----G-----GCAGCT.....-A---G-----GT---T---A...GG-----T-----A-----TC-T---				406
G_CONSENSUS	---C---AT-----G-----A?G-----T?A-----A-----C-----A-----T-----T-----TGCA-A-				1207
G_BE.DRCBL	---C---A-----A-----A-----C-AG-----A-----C-----A-----T-----T-----TGCA-A-				1171
G_FI.HH87932	---C---AT-----G-----AGG-----TGA-----A-----GC-----A-----T-----T-----GCA-A-				609
G_NG.92NG083	---C---G-AT-----G-----AAG-----A-TGA-----A-----T-C-----CA-----T-----T-----TGCA-A-				573
G_SE.SE6165	---G---AT-----G-----ATG-----T-A-----A-----C-----A-----T-----T-----TGCA-A-				610
H_CONSENSUS	---C---A-----GCCCCA-----T-AG-A-----A-AGA-C-----A-----T-----T-----A-----TGCT-A-				593
H_BE.VI991	---C---G-A-----GGCCCCA-----T-A-A-----A-GGA-GC-----A-A-----T-----T-----A-----TGC-				599
H_BE.VI997	---C---A-----A-----A-----A-T-AG-A-----AGAGA-C-----A-----T-----T-----A-----TGCT-A-				534
H_CF.90CF056	---C---A-----T-AG-A-----A-AGA-C-----A-----T-----T-----A-----TGCT-A-				554
J_SE.SE91733	-A...C-GC-GA-----A---A-AA-----G---A-G-----T-----T-----TC-G-A-				531
J_SE.SE92809	-A...C-GC-G-----A---A-AA-----G---A-G-----T-----T-----TC-G-A-				530
K_CM.MP535C	---CG---GA-----A---A-AA-----G---A-G-----T-----T-----A-----TC-G-				406
K_CD.EQTB11C	---C---GA-----G-AA-----A-G-----A-G-----T-----T-----A-----TC-T---				406
CRF01_AE_CONSENSUS	---C---GA-----G-----G-----AG-GC-----A-A-----A-----T-----A-----TGCA-A-				1216
CRF01_AE_CF.90CF402	---C---G-----G-----G-----AG-GC-----A-A-----A-----T-----A-----TGCA-A-				1249
CRF01_AE_TH.93TH253	---C---GAA-----G-----G-----AG-GC-----A-A-----A-----T-----A-----TGCA-A-				1224
CRF01_AE_TH.CM240	---CG---GA-----G-----G-----AG-GC-----A-A-----A-----T-----A-----TGCA-A-				772
CRF02_AG_CONSENSUS	---C---GA-----G-----G-----GC-----A-----T-----T-----A-----TGCA-				745
CRF02_AG_DJ.DJ263	---C---GA-----G-----G-----C-----G-----A-----T-----T-----A-----TGCA-				561
CRF02_AG_DJ.DJ264	---C---GA-----G-----AG-----C-----GC-----A-----T-----T-----A-----TGCA-				562
CRF02_AG_NG.IBNG	---C---G-T-----G-----A-----C-----GC-----A-----T-----T-----A-----TGCA-A-				738
CRF03_AB_RU.KAL153	---C---GA-C-A-G-----A-----G-----AG-GC-----A-----T-----C-----A-----TGCA-A-				982
CRF04_cpx_CONSENSUS	---C---GA-----G-----?-----GGT-GC-----A-T-----T-----A-----TGCA-A-				1208
CRF04_cpx_CY.94CY032	---C---GA-----G-----C-G-----GGT-GC-----A-T-----T-----A-----TGCA-A-				573
CRF04_cpx_GR.97PVMY	---C---GA-----G-----G-AT-----G-----GC-----A-T-----C-----A-----TGCA-A-				1221
CRF04_cpx_GR.97PVCH	---C---GA-----G-----A-----GGT-GC-----A-----T-----A-----TGCA-A-				1224
AC_IN.21301	---C---A-----G-----AA-AGGCT-----GGG-----A-----T-----T-----TC-A-				577
AC_RW.92RW009	---C---A-----G-----A-AGCT-----A-----A-----T-----A-----TGCA-A-				551
AC_SE.ETSE9488	---C---G-----A-G-----A-----A-T-GGC-----A-A-----T-----T-----CC-A-				412
AC_ZM.ZAM184	---C-G---GA-----T-----A-----AG-GC-----A-----T-----G-----C-----A-----TGCA-A-				580
ACD_SE.SE8603	---C---G-C-A-G-----A-----A-T-GC-----A-T-----G-----A-----TGCA-A-				529
AD_SE.KESE7108	---C---GA-----A-G-----A-----A-AT-GCAAGGTC-----A-----A-----TGCA-A-				412
ADH_NO.NOG1L3	---C---GA-----G-----C-----A-TG-A-GC-----A-CA-----T-----C-----A-----GCA-A-				1223
ADU_CD.MAL	G---C---GA-----G-----GCACAGCAGGCAGCAGCT...-C---AA-----A-----GC-----AGT-----T-----C-----A-----TGCA-A-				785
AG_NG.92NG003	---C---G-A-----A-G-----ATG-----GT-A-----A-----GC-----A-----T-----T-----TGCA-A-				574
AGU_CD.Z321B	---C---A-----A-G-----A-ATGGCT-----AGA-AAC-----AG-----C-----A-----TT-C-----TGCA-A-				421
AGJ_AU.BFP90	---C---G-----T-----CAG-----C-----A-----G-----A-TC-----T-----C-----A-----TGCA-A-				1232
AGJ_ML.95ML84	-A...C---G-T-----G-----C-----A-----G-----C-----T-----C-----A-----TGCA-A-				444
AJU_BW.98-2117	---C---G-----G-----C-----A-----GC-----AGT-----T-----C-----A-----TGCA-A-				603
BF_BR.93BR029	---C---G-----G-----A-----A-----A-GC-----A-----C-----T-----C-----T-----				559
MO_CM.97CAMP645MO	---C---G-----A-ACA-A-----CAGAC-----AGCAGCTGGCACAGGCTG-----T-----A-----TGCA-				587
O_CM.ANT70	G---G---GTCT-G-----AC-C---AAGGAA-----AG-GCA-GG-----CGG-T-----ATCA-TGCG-				1253
O_CM.MVP5180	G---G---GTCT-----AG-C---AAGGAA-----AG-CCT-GG-----ACA-T-----AACA-TGCA-				1228
N_CM.YBF30	--CCCG-GCC-AA-A-C-C-GAAGCAGGGGA-G-----AACT-----T-GC-----A-TA-----TAGG-----T-----C-----CTGCT-AA-				771
SIVCPZUS	...C-G---CA---G---A-AA---AACACAGCAACAG-----GG-A-T-----GG---T---C---ATT-GT---AGC---AG-A-A-----GCT---				1255
SIVCPZGAB	-AACTG---GTAACTCAGG-AGCCGTGAAGGG-G---CAG-CAAGGCGCTAGTGCC-----TCTGTGGC-----A-T-TGG-----CC-C-A-A---TGCT-AA-				1268
SIVCPZANT	-AGCAG---C---G-AGTAGCCAAACCGCAAGCAG---GCATGCTTCTGCGGCTGCTCCTGTTAA---A-CAGTGGTGTGAG-GACATCT-AGTGGC-AAG-GAG-----C-CA-AGT-G-TGCAGGA-				619

p17 Matrix K...K K A Q Q...A A A...D T G...H S N...O V S Q N Y P I V Q N I Q Gag
Gag p17 Matrix end \ / Gag p24 Capsid start

B_FR.HXB2	GGCAAAATGGTACATCAGGCCATATCACCTAGAACTTTAAATGCATGGGTAAAAGTAGTAGAAGAGAAGGCTTTCAGCCCAGAAGTGATACCCATGTTT...TCAGCATTATCAGAAGGAGCCACCCCAAG	1336
A_CONSENSUS	-----C--T--T--G-----G-----G-----A-----A-----A-----C-----C-----	837
A_KE.Q2317	-----A--C--T--T--G-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----	800
A_SE.UGSE8891	-----C--AT--T-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----A-----T-----C-----GGGT-	541
A_SE.TZSE8538	-----A--C--AATT--G-----G-----G-----GA-----A-----G-----T--A-----A-----T-----C-----	541
A_SE.UGSE6594	-----A--C--AT--C--G-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----A-----A-----C-----	541
A_SE.UGSE7535	-----C--T--T--G-----C--G-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----T-----	565
A_SE.SOSE7253	-----C--T--T--G-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----C-----T-----	543
A_SE.SE8131	-A-----C--A--T--G-----G-----G-----G-----A-----A--G-----C-----A--T-----C-----T-----	732
A_UG.U455	-----CCA-----C-----T-----G--C--G-----G-----G-----C-----C-----A-----A-----G-----T-----	791
A_UG.92UG037	-----A--C--C--T--T--G-----G-----G-----G--G--A-----A-----C-----A-----C-----C-----	706
B_CONSENSUS	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	1384
B_AU.MBC200	-----T-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	1335
B_AU.MBC925	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	1341
B_CN.RL42	-----C-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	708
B_DE.HAN2	-A-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	805
B_DE.D31	-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	882
B_ES.89SP061	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	885
B_GA.OYI	-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	882
B_GB.MANC	-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	1282
B_GB.CAM1	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	1338
B_NL.ACH320A	-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	1338
B_TW.LM49	-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	1335
B_US.SF2CG	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	1343
B_US.DH123	-----C-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	1333
B_US.NY5CG	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	1336
B_US.AD8	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	1336
B_US.WCIPR18	-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	882
B_US.YU2	-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	1334
B_US.JRCSF	-----A-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	1336
B_US.MN	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	1342
B_US.BCSG3	-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	883
B_US.896	-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	1335
B_US.WEAU160	-A-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	1335
B_US.RF	-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	850
B_US.WR27	-----T-----TT-----G-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----C-----	715
C_CONSENSUS	-----C-----G-----G-----G-----A-----G-----T-----G-----A-----A-----A-----	825
C_BR.92BR025	-----C--C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----	680
C_BW.96BW0402	-----C-----G-----G-----G-----A-----G-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----	820
C_BW.96BW1104	-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----A-----T-----G-----A-----A-----C-----	717
C_BW.96BW15C02	-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----A-----T-----G-----G-----A-----A-----	818
C_BW.96BW0502	-----C-----G-----G-----A-----T-----G-----A-----C-----T-----A-----A-----A-----	814
C_BW.96BW16B01	-----C-----C-----G-----G-----A-----G-----T-----G-----A-----A-----A-----	817
C_BW.96BW1210	-----C--A-----A-----G-----A-----G-----C-----GA--A-----A-----A-----A-----	720
C_BW.96BW17B03	-----C-----G-----C-----G-----G-----G-----T-----G-----A-----A-----C-----A-----C-----	694
C_BW.96BW01B03	-----C--C-----G-----G-----A-----G-----A-----T-----G-----G-----A-----A-----T-----	817
C_ET.ETH2220	-----C-----G-----G-----G-----G-----A-----G-----A-----G-----A-----A-----A-----	710
C_IN.301999	-----C--C-----G-----G-----A-----G-----T-----G-----A-----A-----A-----	706
C_IN.21068	-----C--A-----G-----G-----A-----G-----A-----T-----G-----A-----A-----A-----	705
C_IN.301905	-----C-----G-----G-----A-----G-----T-----G-----A-----A-----A-----G-----	705
C_IN.301904	-----C-----C-----G-----G-----A-----G-----T-----G-----A-----A-----A-----	705
C_IN.11246	-----C-----G-----G-----A-----G-----T-----G-----A-----A-----A-----	696
D_CONSENSUS	-----G--C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	1340
D_UG.94UG114	-----C--TC--C-----G--C-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----	685
D_CD.NDK	-----G--C-----A-----A-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----	871
D_CD.ELI	-----G--C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	882
D_CD.Z2Z6	-----G--C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	1339
D_CD.84ZR085	-----C-----C-----G--C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	853

B_FR.HXB2	ATTTAAACACCATGCTAAACACAGTGGGGGACATCAAGCAGCCATGCAAAATGTTAAAAGAGACCATCAATGAGGAAGCTGCAGAATGGGATAGAGTGCATCCAGTGCATGCAGGGCCTATTGCACCAGGCC	1468
A_CONSENSUS	-----T-TG-----G-----T-----C-G-----T-----T-----C-GT-A-----A-----C-----	969
A_KE.Q2317	-----T-TG-----G-----T-----C-G-----T-----T-----C-GT-A-----A-----CC-----	932
A_SE.UGSE8891	-C-----T-TG-----G-----T-----C-G-----T-----T-----C-GT-A-----A-----C-----	673
A_SE.TZSE8538	-----T-A-----G-----T-----C-G-----T-----C-----C-GT-A-----A-----C-----	673
A_SE.UGSE6594	-----T-TG-----G-----T-----C-G-----T-----T-----C-GT-A-----A-----C-----	673
A_SE.UGSE7535	-----T-TG-----G-----T-----C-G-----T-----T-----C-GT-A-----A-----C-----	697
A_SE.SOSE7253	-----T-TG-----G-----T-----G-----T-----T-----C-GT-A-----CA-----G-----	675
A_SE.SE8131	-----T-TG-----G-----T-----C-G-----T-----G-----T-----C-GACA-----A-A-----G-----	864
A_UG.U455	-----T-TG-----G-----TGT-----C-G-----T-----T-----G-----C-GT-A-----C-----	923
A_UG.92UG037	-----T-TG-----G-----T-----C-G-----T-----T-----T-----C-GC-A-----A-----G-----	838
B_CONSENSUS	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	1516
B_AU.MBC200	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	1467
B_AU.MBC925	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	1473
B_CN.RL42	-----A-----A-----A-----T-----C-----AG-----	840
B_DE.HAN2	-----A-----A-----T-----C-----	937
B_DE.D31	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	1014
B_ES.89SP061	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	1017
B_GA.OYI	--C-----T-----T-----T-----T-----A-----CA-C-----	1014
B_GB.MANC	-----T-----T-----T-----A-----T-A-----A-----G-----	1414
B_GB.CAM1	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	1470
B_NL.ACH320A	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	1470
B_TW.LM49	-----C-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	1467
B_US.SF2CG	-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	1475
B_US.DH123	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	1465
B_US.NY5CG	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	1468
B_US.AD8	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	1468
B_US.WCIPR18	-----C-----T-----C-----A-----T-----T-----G-----G-C-----	1014
B_US.YU2	-----C-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	1466
B_US.JRCSF	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	1468
B_US.MN	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	1474
B_US.BCSG3	-----G-----T-----T-----T-----A-----G-----A-----	1015
B_US.896	-----G-----T-----T-----T-----G-----G-----G-----	1467
B_US.WEAU160	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	1467
B_US.RF	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	982
B_US.WR27	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	847
C_CONSENSUS	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	957
C_BR.92BR025	-----T-----T-----C-----T-----T-----G-----T-A-----A-----G-----	812
C_BW.96BW0402	-G-----T-----T-----T-----T-----T-----G-----G-----GT-A-----A-----G-C-----	952
C_BW.96BW1104	--C-G-----T-----CT-----C-----G-----G-----G-----GT-A-----A-----G-----	849
C_BW.96BW15C02	-----T-----T-----T-----C-----C-----T-----G-----T-A-----A-C-----	950
C_BW.96BW0502	--C-----T-----T-----T-----T-----T-----G-----T-A-----A-A-----G-----	946
C_BW.96BW16B01	-----T-----T-----T-----A-----T-----T-----G-----A-----A-----	949
C_BW.96BW1210	-----T-----T-----A-----T-----T-----G-----G-----C-----T-A-----A-----G-----	852
C_BW.96BW17B03	-C-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----G-----GC-A-----A-----A-----	826
C_BW.96BW01B03	-----T-----T-----A-----G-----T-----T-----G-----ACA-----A-----G-----A-----	949
C_ET.ETH2220	-----T-----T-----T-----C-----C-----G-----C-GT-A-----G-----	842
C_IN.301999	-----T-----T-----A-----T-----T-----A-----G-----T-A-----A-----	838
C_IN.21068	-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----G-----T-A-----A-C-----	837
C_IN.301905	-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----G-----T-A-----A-----	837
C_IN.301904	-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----G-----T-A-----A-A-----	837
C_IN.11246	-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----G-----GA-A-----A-----	828
D_CONSENSUS	-----C-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	1472
D_UG.94UG114	-----T-----T-----T-----T-----T-----G-----T-----GC-A-----G-----	817
D_CD.NDK	-----T-----T-----T-----T-----T-----C-----C-----C-----T-A-----G-----	1003
D_CD.ELI	-----T-----T-----T-----T-----T-----C-----C-----GT-A-----	1014
D_CD.Z2Z6	-----T-----T-----T-----T-----T-----C-----G-----GT-A-----	1471
D_CD.84ZR085	-----T-----T-----T-----T-----T-----C-----GC-A-----G-----G-----	985

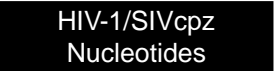
B_FR.HXB2	ATTTAAACACCATGCTAAACACAGTGGGGGACATCAAGCAGCCATGCAAAATGTTAAAAGAGACCATCAATGAGGAAGCTGCAGAATGGGATAGAGTGCATCCAGTGCATGCAGGGCCATTGCACCAGGCC	1468
F_CONSENSUS	-----T-----C-----C-T-A-----?-----CC-----	817
F1_BE.VI850	-----T-----C-----C-T-A-----GCCC-----	811
F1_BR.93BR020	-----T-----T-----C-T-A-----ACA-G-----A-C-CC-C-----T-----	799
F2_CM.MP255C	-----T-----T-----T-----G-----C-GT-A-----A-----CC-----G-----	667
F2_CM.MP257C	-----T-----T-----C-----GT-A-----A-----CC-----T-----	679
F1_FI.FIN9363	-----T-----C-----T-----C-T-A-----A-----C-----T-----	803
F1_FR.MP411	-----T-----T-----T-----C-----T-A-----C-----CCT-----	667
G_CONSENSUS	-----T-----?-----G-----T-----C-----G-T-T-----?-----G-----C-GA-A-----CA?-G-----C-----	1465
G_BE.DRCBL	-----T-----T-----G-----T-----G-----G-----T-----T-----C-GC-A-----CA-G-----	1432
G_FI.HH87932	-----T-----T-----G-----T-----C-----T-----T-----G-----C-A-A-----CCA-G-----C-----	870
G_NG.92NG083	-----T-----T-----G-----T-----C-----G-T-----T-----T-----G-----C-GA-A-----CA-G-----C-----	834
G_SE.SE6165	-----TCT-----T-----G-----T-----C-----G-T-----T-----G-----C-GA-----CAA-G-----T-----C-----	871
H_CONSENSUS	-C-----TG-T-----T-----T-----A-----GC-A-----C-----C-----	854
H_BE.VI991	-C-----TG-----T-----T-----A-----GC-A-----A-----C-----	860
H_BE.VI997	-C-----TG-T-----T-----T-----A-----GC-A-----C-----	795
H_CF.90CF056	-C-----TG-T-----T-----G-----C-G-A-----C-----	815
J_SE.SE91733	-----T-----A-A-----C-----T-----T-----T-----C-G-A-----A-----G-----	792
J_SE.SE92809	-----T-----A-A-----C-----T-----T-----T-----C-G-A-----A-----	791
K_CM.MP535C	-C-----T-----T-----T-----C-GT-A-C-----C-----	667
K_CD.EQTB11C	-----T-----T-----T-----C-GA-C-----A-----CC-----	667
CRF01_AE_CONSENSUS	-----T-TG-----T-T-----C-G-A-----A-----A-----G-A-C-----A-----C-----	1477
CRF01_AE_CF.90CF402	-----T-TG-----C-----T-----C-G-A-----A-----T-----G-A-C-----A-----C-----	1510
CRF01_AE_TH.93TH253	-----T-TG-----T-T-----C-G-A-----A-----A-----G-A-C-----A-----C-----T-----	1485
CRF01_AE_TH.CM240	-----T-TG-----T-T-----C-G-A-----A-----C-----G-A-C-----A-----C-----	1033
CRF02_AG_CONSENSUS	-C-----T-TG-----T-----T-----G-----C-G-A-----A-----C-----	1006
CRF02_AG_DJ.DJ263	-C-----T-TG-----T-----T-----G-----C-G-A-----A-----C-----	822
CRF02_AG_DJ.DJ264	-C-----T-TG-----T-----T-----G-----C-G-A-----A-----C-----	823
CRF02_AG_NG.IBNG	-----T-TG-----T-----T-----G-----C-G-A-----A-----C-----	999
CRF03_AB_RU.KAL153	-----TG-----G-----T-----C-G-T-----G-----T-----GT-A-----CA-G-----T-----C-----G-----	1243
CRF04_cpx_CONSENSUS	-----TG-----T-----T-----C-G-A-----T-----T-----C-G-CA-----A-----C-----	1468
CRF04_cpx_CY.94CY032	-----G-----TG-----T-T-----C-G-A-----T-----C-----C-GACA-----A-----C-----	834
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-C-----TG-----T-T-----C-G-A-----T-----T-----C-G-A-----CA-----ACC-G-----	1482
CRF04_cpx_GR.97PVCH	-----TG-----T-T-----G-----A-----T-----C-G-CA-----A-----C-----	1485
AC_IN.21301	-----T-----T-----A-----T-----A-----G-----T-----T-A-----CA-A-----	838
AC_RW.92RW009	-----T-----T-----C-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	812
AC_SE.ETSE9488	-----T-----A-----T-----G-----G-----T-----A-----C-----G-----G-----	673
AC_ZM.ZAM184	-C-----T-T-----T-----T-----T-----C-G-A-----A-----C-----	841
ACD_SE.SE8603	-----T-TG-----G-----T-----A-----C-G-T-----C-GA-A-----A-----T-----C-----	790
AD_SE.KESE7108	-----T-TG-----G-----T-----C-G-T-----T-----C-GT-A-----A-C-----C-----	673
ADH_NO.NOGIL3	-C-----T-TG-----G-----T-----T-----C-G-T-----C-GC-A-----A-C-----C-----	1484
ADU_CD.MAL	-----T-TG-----G-----T-----A-----C-G-T-----C-G-A-----A-----C-----C-----	1046
AG_NG.92NG003	-----G-----T-----C-----G-----T-----C-----TT-T-T-----A-----G-----GC-A-----CAA-G-----A-----C-----	835
AGU_CD.Z321B	-----G-----T-----C-----G-----T-----C-----G-T-T-----G-----C-G-A-----CCA-G-----C-----	682
AGJ_AU.BFP90	-----TG-----G-----T-----C-G-T-----T-----C-G-A-----A-----A-----C-----	1493
AGJ_ML.95ML84	-----T-TG-----G-----T-----C-G-T-----T-----C-GA-----A-G-----GC-----	705
AJU_BW.98-2117	-C-----T-TG-----T-G-----T-----T-----A-----C-G-T-----T-----T-----GT-A-----C-----C-----	864
BF_BR.93BR029	-----T-----T-----T-----A-----T-----A-----C-----A-----A-----CC-----	820
MO_CM.97CAMP645MO	-----T-TG-----T-----C-G-A-----G-----T-----C-GA-A-----A-----G-----G-----	848
O_CM.ANT70	--A-T-----T-----TG-CA-A-----A-----G-----TT-A-----G-C-----G-AGTA-----A-T-----G-----ACT-C-----CCA-CG-T-----GT-GC-----G-----	1514
O_CM.MVP5180	--A-C-----T-----G-TG-CA-A-----C-----GG-TT-A-----G-----G-AGTA-----A-----ACT-----CCAGCAATG-----GT-AC-----G-----	1489
N_CM.YBF30	-C-----T-----T-----T-----A-----G-----A-----G-----G-AGT-----A-----C-----GACA-----C-C-TG-A-----AC-AC-C-----G-----	1032
SIVCPZUS	-G-C-----T-----C-TG-TA-A-----G-G-A-----G-T-----G-AG-----A-----T-----A-----ACA-----TC-----C-----A-----G-----	1516
SIVCPZGAB	--G-T-----T-----TG-----A-----G-----G-----G-AGT-----T-----C-C-G-----C-CT-A-----CACT-----T-----T-----G-A-C-----A-----	1529
SIVCPZANT	-----T-----TG-----T-----AC-----G-----GG-----C-----AGTA-----A-----T-----G-----GT-A-C-----CACT-----A-----AG-ACAGG-----A-----	880
p24 Capsid	D L N T M L N T V G G H Q A A M Q 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	Gag



B_FR.HXB2	AGATGAGAGAACCAAGGGGAAGTGACATAGCAGGAACACTAGTACCCCTTCAGGAACAAATAGGATGGATGACA AATAATCCACCTATCCCAGTAGGAGAAATTTATAAAAGATGGATAATCC	1591
A_CONSENSUS	-----C-A-----GGC-C-----G---C-C-----	1092
A_KE.Q2317	-----C-A-----G-----GGC-C-----G---C-C-----T-	1055
A_SE.UGSE8891	-----C-A-----C-----GGC-C-----G---C-C-----	796
A_SE.TZSE8538	-----C-A-----T-CA-----GGC-C-----G---C-C-----	796
A_SE.UGSE6594	-----C-A-----A-----GGC-C-----G---C-C-----	796
A_SE.UGSE7535	-----C-A-----G-----GGC-C-----C---G---C-C-----	820
A_SE.SOSE7253	-----C-T-----C-A-----GGC-C-----G-T---G---C-C-----	798
A_SE.SE8131	-----T-----A-----TCC-C-----G---G---C-C-----T-	987
A_UG.U455	-----C-G-----A-----GGC-C-----G---C-C---G-----	1046
A_UG.92UG037	-----T-----C-A-----GGC-C-----C---G---C-C---G-----	961
B_CONSENSUS	-----C-----	1639
B_AU.MBC200	-----A-----	1590
B_AU.MBC925	-----C-----	1596
B_CN.RL42	-----A-----T-----G-----C-----	963
B_DE.HAN2	-----C-----A---G-----	1060
B_DE.D31	-----G-----	1137
B_ES.89SP061	-----C-----C-----G-----	1140
B_GA.OYI	-----C-----	1137
B_GB.MANC	-----C-----	1537
B_GB.CAM1	-----G-----C-----T-----	1593
B_NL.ACH320A	-----C-----G-----C-----	1593
B_TW.LM49	-----C-----	1590
B_US.SF2CG	-----A-----	1598
B_US.DH123	-----G-----C-----A-----	1588
B_US.NY5CG	-----C-----	1591
B_US.AD8	-----A-----	1591
B_US.WCIPR18	-----C-----	1137
B_US.YU2	-----C-----	1589
B_US.JRCSF	-----G-----	1591
B_US.MN	-----C-----	1597
B_US.BCSG3	-----C-----	1138
B_US.896	-----C-----	1590
B_US.WEAU160	-----C-----C-----C-----G-----T-----	1590
B_US.RF	-----T-----C-----W-----W-W-W-----C-W-C-----G-T---G---C-C-----	1105
B_US.WR27	-----A-----C-----AC-----C-----G-C-----G-T---G---C-C-----T-----	970
C_CONSENSUS	-----A-----C-----AC-----C-----G-C-----G-T---G---C-C-----T-----	1080
C_BR.92BR025	-----A-----C-----C-----G-C-----T-----C-C-----T-----	935
C_BW.96BW0402	-----A-----C-----C-----G-C-----A-----T-C-----T-----	1075
C_BW.96BW1104	-----A-----C-----C-----G-C-----T---G---C-C-----G-----T-----	972
C_BW.96BW15C02	-----A-----C-----G-----C-----G-C-----G-T---G---G---C-C-----T-----	1073
C_BW.96BW0502	-----A-----C-----C-----G-C-----G-T---G---G---C-C-----T-----	1069
C_BW.96BW16B01	-----A-----C-----C-----GC-C-----G-T---G---C-C-----T-----	1072
C_BW.96BW1210	-----A-----A-----AAT-----G-C-----G---C-C-----T-----	975
C_BW.96BW17B03	-----A-----G-----C-----C-----C-----G---C-C-----CTA-----	949
C_BW.96BW01B03	-----AT-----C-----A-----A-G-----G-----C-----GCC-C-----G-T---G---C-C---G-----T-----	1072
C_ET.ETH2220	-----A-----C-----A-----C-----GGG-C-----G-T---G---C-C-----	965
C_IN.301999	-----A-A-----C-----C-----GG-C-----G-T---G---C-C-----T-----	961
C_IN.21068	-----AC-----T-----C-----G-----G-----C-----G-T---G---C-C-----T-----	960
C_IN.301905	-----A-----G-----G-----C-----GG-C-----G-T---G---C-C-----T-----	960
C_IN.301904	-----A-----G-----G-----C-----GG-C-----G-T---G---C-C-----T-----	960
C_IN.11246	-----A-----G-----C-----G-----G-----C-----G-T---G---C-C-----T-----	951
D_CONSENSUS	-----T-----C-----	1595
D_UG.94UG114	-----AT-----T-----A-----GC-----C-----	940
D_CD.NDK	-----A-----T-----C-----GC-----C-----	1126
D_CD.ELI	-----T-----T-----C-----G-----C-----	1137
D_CD.Z2Z6	-----T-----T-----C-----GC-----C-----	1594
D_CD.84ZR085	-----T-T-----T-----GC-----C-----	1108

B_FR.HXB2	TGGGATTAATAAAATAGTAAGAATGTATAGCCCTACCAGCATTCTGGACATAAGACAAGGACCAAGGACCCCTTTAGAGACTATGTAGACCGGTTCTATAAACTCTAAGAGCCGAGCAAGCTTCACAGG	1723
A_CONSENSUS	-----GTT-----T-----T-----A-----G-----A-----C-----TA-----T-----C-----T-----A-----	1224
A_KE.Q2317	-----GTT-----T-----T-----A-----G-----A-----C-----T-----TA-----T-----T-----C-----T-----A-----	1187
A_SE.UGSE8891	-A-----GTT-----T-----T-----A-----G-----A-----C-----T-----TA-----T-----C-----T-----A-----	928
A_SE.TZSE8538	-----C-----T-----GTT-----T-----A-----T-----A-----A-----C-----G-----TA-----T-----G-----T-----T-----CA-----	928
A_SE.UGSE6594	-----GTT-----T-----T-----A-----G-----A-----C-----T-----TA-----T-----GT-----C-----T-----A-----	928
A_SE.UGSE7535	-----GTT-----T-----T-----A-----G-----A-----C-----T-----TA-----T-----C-----T-----A-----	952
A_SE.SOSE7253	-----GTT-----T-----T-----A-----G-----A-----C-----T-----TA-----T-----C-----T-----A-----	930
A_SE.SE8131	-A-----GTT-----T-----T-----A-----G-----A-----C-----T-----TA-----T-----G-----C-----T-----A-----	1119
A_UG.U455	-----GTT-----T-----T-----A-----G-----A-----C-----G-----T-----TA-----A-----T-----C-----T-----A-----	1178
A_UG.92UG037	-----GTT-----T-----T-----A-----G-----A-----C-----G-----T-----TA-----A-----T-----C-----T-----A-----	1093
B_CONSENSUS	-----G-----T-----A-----T-----T-----	1771
B_AU.MBC200	-----G-----T-----A-----T-----T-----	1722
B_AU.MBC925	-----G-----T-----A-----T-----T-----	1728
B_CN.RL42	-----T-----T-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----	1095
B_DE.HAN2	-----T-----A-----A-----T-----C-----A-----	1192
B_DE.D31	-----T-----A-----A-----T-----C-----A-----	1269
B_ES.89SP061	-----G-----A-----G-----G-----	1272
B_GA.OYI	-----G-----A-----G-----G-----	1269
B_GB.MANC	-A-----T-----G-----A-----T-----A-----	1669
B_GB.CAM1	-----T-----G-----A-----T-----A-----	1725
B_NL.ACH320A	-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----	1725
B_TW.LM49	-----T-----T-----T-----T-----A-----	1722
B_US.SF2CG	-----G-----C-----T-----T-----T-----A-----	1730
B_US.DH123	-----G-----C-----T-----T-----T-----	1720
B_US.NY5CG	-----G-----T-----T-----T-----	1723
B_US.AD8	-----G-----T-----T-----T-----	1723
B_US.WCIPR18	-----G-----G-----T-----T-----	1269
B_US.YU2	-----G-----T-----T-----T-----	1721
B_US.JRCSF	-G-----G-----GT-----C-----A-----	1723
B_US.MN	-----G-----T-----T-----T-----A-----T-----	1729
B_US.BCSG3	-----G-----T-----T-----T-----T-----A-----T-----	1270
B_US.896	-----G-----T-----T-----A-----T-----T-----A-----T-----	1722
B_US.WEAU160	-A-----GT-----T-----A-----T-----A-----	1722
B_US.RF	-----C-----T-----T-----T-----A-----T-----A-----	1237
B_US.WR27	-----G-----T-----T-----G-----T-----A-----A-----	1102
C_CONSENSUS	-----G-----GT-----T-----A-----G-----T-----T-----T-----A-----A-----	1212
C_BR.92BR025	-----G-----GT-----T-----A-----G-----T-----T-----T-----A-----A-----	1067
C_BW.96BW0402	-----G-----GT-----T-----A-----G-----T-----T-----CT-----T-----A-----T-----A-----	1207
C_BW.96BW1104	-----T-----GT-----T-----A-----G-----T-----T-----G-----T-----T-----T-----A-----T-----A-----	1104
C_BW.96BW15C02	-----G-----GT-----T-----A-----G-----G-----T-----G-----T-----TC-----T-----T-----CA-----A-----	1205
C_BW.96BW0502	-----G-----GT-----T-----C-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----	1201
C_BW.96BW16B01	-----G-----GT-----T-----G-----G-----C-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----	1204
C_BW.96BW1210	-----G-----G-----GT-----T-----A-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----	1107
C_BW.96BW17B03	-----G-----G-----GT-----T-----A-----G-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----	1081
C_BW.96BW01B03	-----G-----GT-----T-----A-----G-----G-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----	1204
C_ET.ETH2220	-----GC-----GT-----T-----A-----T-----G-----T-----T-----T-----CT-----T-----A-----A-----A-----	1097
C_IN.301999	-----G-----GT-----T-----A-----G-----T-----T-----G-----T-----T-----A-----A-----A-----	1093
C_IN.21068	-----G-----GTG-----T-----A-----G-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----	1092
C_IN.301905	-----G-----GT-----T-----A-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----	1092
C_IN.301904	-----G-----GT-----T-----A-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----	1092
C_IN.11246	-----G-----GTT-----T-----C-----A-----G-----A-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----	1083
D_CONSENSUS	-----G-----GT-----T-----G-----T-----T-----	1727
D_UG.94UG114	-A-----GT-----T-----G-----T-----T-----	1072
D_CD.NDK	-----G-----GT-----T-----G-----T-----T-----	1258
D_CD.ELI	-----G-----GT-----T-----G-----T-----T-----	1269
D_CD.Z2Z6	-----G-----GT-----T-----G-----T-----T-----	1726
D_CD.84ZR085	-----G-----GT-----T-----C-----T-----C-----A-----	1240

B_FR.HXB2	TGGGATTAATAAAATAGTAAGAATGTATAGCCCTACCAGCATTCTGGACATAAGACAAGGACCAAGCAACCCCTTAGAGACTATGTAGACCGGTTCTATAAAAACCTCTAAGAGCCGAGCAAGCTTCACAGG	1723
F_CONSENSUS	-A-----GT-----T-----?-----G-----A-----T-----A-----T-----A-----	1068
F1_BE.VI850	-A-----T-----GT-----T-----A-----G-----A-----A-----A-----T-----GTC-----T-----A-----	1066
F1_BR.93BR020	-A-----GT-----G-----T-----A-----G-----A-----A-----T-----C-----T-----A-----	1054
F2_CM.MP255C	-A-----GT-----T-----A-----G-----A-----A-----T-----C-----T-----A-----A-----	922
F2_CM.MP257C	-A-----GT-----T-----A-----G-----A-----A-----T-----A-----T-----CA-----G-----	934
F1_FI.FIN9363	-A-----G-----GT-----T-----G-----A-----G-----A-----T-----G-----T-----A-----	1058
F1_FR.MP411	-A-----GTT-----T-----G-----T-----G-----A-----T-----G-----T-----A-----	922
G_CONSENSUS	---?-----GT-----T-----G-----A-----T-----T-----TA-----T-----T-----G-----T-----A-----	1718
G_BE.DRCBL	---G-----C-----GT-----T-----G-----A-----T-----G-----TA-----A-----T-----C-----G-----T-----A-----	1687
G_FI.HH87932	---G-----GT-----T-----G-----A-----T-----T-----G-----A-----T-----A-----T-----A-----	1125
G_NG.92NG083	---G-----G-----GT-----T-----G-----A-----T-----T-----TA-----T-----T-----G-----T-----A-----	1089
G_SE.SE6165	---G-----GT-----T-----A-----G-----A-----T-----TA-----T-----TG-----T-----G-----T-----	1126
H_CONSENSUS	---G-----G-----T-----GT-----T-----A-----G-----A-----A-----T-----T-----T-----CA-----	1108
H_BE.VI991	---G-----GT-----T-----A-----G-----A-----C-----A-----T-----G-----GT-----T-----A-----	1115
H_BE.VI997	---G-----T-----GTT-----T-----A-----G-----A-----A-----T-----T-----T-----CA-----	1050
H_CF.90CF056	---G-----G-----T-----GT-----T-----A-----G-----A-----A-----T-----T-----T-----CA-----	1070
J_SE.SE91733	---C-----G-----GT-----T-----T-----A-----G-----A-----T-----C-----A-----A-----T-----G-----T-----A-----	1047
J_SE.SE92809	---C-----GT-----T-----T-----A-----G-----A-----T-----A-----T-----G-----T-----A-----	1046
K_CM.MP535C	---T-----C-----GT-----T-----G-----A-----T-----TA-----T-----C-----T-----A-----CA-----	922
K_CD.EQTB11C	---G-----G-----GT-----T-----G-----A-----T-----TA-----T-----G-----GT-----T-----A-----CA-----	922
CRF01_AE_CONSENSUS	---GTT-----T-----G-----A-----C-----TA-----T-----C-----G-----A-----A-----	1732
CRF01_AE_CF.90CF402	---GTT-----T-----G-----A-----C-----TA-----T-----C-----G-----A-----A-----	1765
CRF01_AE_TH.93TH253	---CAA-----GTT-----T-----G-----A-----C-----TA-----GT-----C-----G-----A-----CA-----	1740
CRF01_AE_TH.CM240	---GTT-----T-----G-----A-----C-----TA-----C-----G-----A-----A-----	1288
CRF02_AG_CONSENSUS	---GT-----T-----G-----A-----T-----TA-----T-----T-----G-----T-----A-----GA-----G-----	1261
CRF02_AG_DJ.DJ263	---GT-----T-----G-----A-----T-----TA-----T-----T-----G-----T-----A-----GA-----G-----	1077
CRF02_AG_DJ.DJ264	---GT-----T-----G-----A-----T-----TA-----T-----T-----G-----T-----A-----GA-----	1078
CRF02_AG_NG.IBNG	---GT-----T-----G-----A-----T-----TA-----T-----T-----G-----T-----A-----A-----G-----	1254
CRF03_AB_RU.KAL153	-A-----G-----GTT-----T-----A-----G-----A-----C-----TA-----T-----T-----T-----A-----	1498
CRF04_cpx_CONSENSUS	---GTT-----CT-----A-----C-----T-----TA-----T-----TG-----C-----A-----A-----A-----C-----	1723
CRF04_cpx_CY.94CY032	---G-----C-----C-----TT-----CT-----A-----C-----T-----TA-----T-----TG-----C-----A-----A-----A-----C-----	1089
CRF04_cpx_GR.97PVMY	---GTT-----CT-----G-----GA-----A-----C-----T-----TA-----A-----T-----TG-----C-----A-----A-----A-----C-----	1737
CRF04_cpx_GR.97PVCH	---T-----GT-----CT-----G-----A-----C-----T-----TA-----T-----TG-----C-----A-----A-----A-----	1740
AC_IN.21301	---GT-----T-----A-----G-----T-----T-----T-----T-----CT-----A-----A-----A-----	1093
AC_RW.92RW009	---G-----GT-----AT-----A-----G-----T-----T-----T-----CT-----A-----A-----A-----	1067
AC_SE.ETSE9488	---GT-----T-----A-----G-----T-----T-----T-----G-----A-----A-----A-----	928
AC_ZM.ZAM184	---GT-----T-----A-----G-----A-----TA-----T-----C-----T-----A-----A-----	1096
ACD_SE.SE8603	---G-----G-----GTT-----CT-----T-----G-----A-----C-----TA-----T-----C-----T-----A-----A-----	1045
AD_SE.KESE7108	---GTT-----T-----T-----A-----G-----A-----C-----T-----TA-----T-----C-----T-----A-----C-----	928
ADH_NO.NOGL13	---GT-----T-----G-----A-----C-----G-----TA-----T-----C-----T-----A-----A-----	1739
ADU_CD.MAL	---GT-----T-----G-----A-----T-----TA-----T-----C-----T-----A-----A-----	1301
AG_NG.92NG003	---G-----G-----GT-----T-----T-----A-----A-----G-----A-----C-----T-----G-----TA-----T-----T-----G-----T-----CA-----	1090
AGU_CD.Z321B	---C-----GT-----T-----A-----G-----A-----C-----T-----TA-----T-----T-----G-----T-----A-----	937
AGJ_AU.BFP90	-A-----GTT-----T-----A-----G-----A-----C-----G-----T-----TA-----T-----T-----G-----T-----A-----	1748
AGJ_ML.95ML84	-A-----GT-----T-----G-----A-----C-----G-----T-----TA-----T-----G-----T-----T-----A-----	960
AJU_BW.98-2117	---GTT-----T-----G-----A-----C-----G-----T-----TA-----T-----C-----T-----T-----A-----	1119
BF_BR.93BR029	-A-----G-----GT-----CT-----G-----A-----A-----T-----G-----A-----T-----T-----G-----T-----A-----A-----	1075
MO_CM.97CAMP645MO	---GT-----CT-----A-----T-----T-----AG-----G-----G-----A-----T-----G-----A-----T-----A-----G-----	1103
O_CM.ANT70	-A-----C-----C-----G-----A-----C-----AGTG-----CT-----A-----T-----T-----AG-----G-----A-----A-----T-----C-----AT-----T-----A-----T-----A-----	1772
O_CM.MVP5180	-A-----C-----C-----G-----A-----C-----T-----AGTG-----CT-----A-----T-----T-----G-----G-----A-----A-----C-----T-----T-----C-----AT-----T-----A-----T-----A-----	1747
N_CM.YBF30	---G-----C-----G-----T-----G-----T-----GT-----A-----G-----C-----A-----G-----A-----C-----T-----A-----C-----AA-----	1287
SIVCPZUS	-A-----GC-----T-----G-----A-----CT-----T-----CGTTG-----T-----CT-----A-----T-----C-----AG-----G-----T-----A-----G-----A-----C-----AT-----A-----A-----T-----CA-----	1771
SIVCPZGAB	-A-----G-----C-----G-----G-----T-----T-----AGTA-----T-----C-----T-----C-----G-----G-----T-----G-----A-----A-----C-----T-----G-----T-----A-----	1784
SIVCPZANT	---G-----GG-----G-----C-----G-----N-----T-----AGT-----A-----G-----A-----G-----C-----T-----G-----TA-----A-----AA-----T-----A-----A-----G-----C-----	1144
p24 Capsid	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 A S Q	Gag



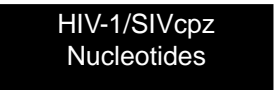
B_FR.HXB2	AGGTAATAAAATTTGGATGACAGAAACCTTGTGGTCCAAAATGCGAACCCAGATTGTAAGACTATTTTAAAGCATTGGGACCAGCGGCTACACTAGAAAGAAATGATGACAGCATGTCAGGGAGTAGGAGGAC	1855
A_CONSENSUS	-?-----GG-----A-AC-----A-T-----T-C-----G-----A-G-G-----T-----G-----	1355
A_KE.Q2317	-T-----C-A-AC-----A-T-----C-G-A-----G-----A-G-----T-----C-----G-----	1319
A_SE.UGSE8891	-----GG-----C-----A-T-----T-C-----G-----A-T-G-----T-----C-----G-----	1060
A_SE.TZSE8538	-----GG-----A-A-----A-T-----T-C-----G-----A-A-GA-----T-----G-----	1060
A_SE.UGSE6594	-----GG-----G-----T-AC-A-----A-T-----T-C-----G-----A-A-G-----T-----G-----	1060
A_SE.UGSE7535	-T-----A-AC-A-----A-T-----T-C-----G-----A-G-G-----T-----G-----	1084
A_SE.SOSE7253	-T-----A-AC-----A-T-----T-C-----G-----A-G-G-----T-----T-----G-----	1062
A_SE.SE8131	-A-----GG-----T-A-AC-----A-T-----T-C-C-----G-G-----A-G-G-----T-----G-----	1251
A_UG.U455	-T-----C-----C-----T-----C-----G-----A-G-G-----T-----C-----G-----	1310
A_UG.92UG037	-----GG-----G-AC-A-----A-T-----AT-C-CC-----G-----A-G-G-----T-----C-----G-----	1225
B_CONSENSUS	-----A-----G-----G-----G-----	1903
B_AU.MBC200	-----G-----G-----G-----	1854
B_AU.MBC925	-T-----A-----T-A-----G-----G-----	1860
B_CN.RL42	-T-----C-----C-----G-----G-----	1227
B_DE.HAN2	-A-----T-----A-----A-----G-----G-----	1324
B_DE.D31	-----A-----A-----A-----G-----G-----	1401
B_ES.89SP061	-----A-----A-----A-----G-----G-----	1404
B_GA.OYI	-T-----A-----A-----A-----G-----G-----	1401
B_GB.MANC	-----C-----A-----A-----G-----G-----	1801
B_GB.CAM1	-----A-----A-----A-----G-----G-----	1857
B_NL.ACH320A	-----G-----A-----A-----GA-----G-----	1857
B_TW.LM49	-T-----A-----T-----A-----T-----G-----G-----	1854
B_US.SF2CG	-T-----A-----A-----A-----G-----G-----	1862
B_US.DH123	-A-----T-----G-----GA-----G-----	1852
B_US.NY5CG	-----A-----A-----A-----G-----G-----	1855
B_US.AD8	-----C-----A-----A-----G-----G-----	1855
B_US.WCIPR18	-A-----T-----A-----A-----G-----G-----	1401
B_US.YU2	-----A-----A-----A-----G-----G-----	1853
B_US.JRCSF	-----A-----A-----A-----G-----G-----	1855
B_US.MN	-----CC---C-----A-----A-----G-----G-----	1861
B_US.BCSG3	-----C-----GA-----G-----G-----	1402
B_US.896	-----A-----A-----A-----GA-----G-----	1854
B_US.WEAU160	-----T-G-----GA-----C-----G-----G-----	1854
B_US.RF	-T-----CC-----A-----A-----GA-----G-----G-----	1369
B_US.WR27	-----T-----A-----C-----GA-----G-----G-----	1234
C_CONSENSUS	-----C-----C-----G-----A-----G-----T-----T-----G-----G-----	1344
C_BR.92BR025	-T-----T-----C-----G-----A-----G-----G-----T-----T-----G-----G-----	1199
C_BW.96BW0402	-----C-----C-----GG-----A-----G-----T-----T-----G-----G-----	1339
C_BW.96BW1104	-----C-----A-----G-----G-----C-----A-----G-----T-----T-----G-----G-----	1236
C_BW.96BW15C02	-T-----C-----C-----A-----G-----A-----G-----G-----T-----T-----G-----G-----	1337
C_BW.96BW0502	-T-----G-----A-----A-----C-----G-----A-----G-----T-----T-----G-----G-----	1333
C_BW.96BW16B01	-T-----C-----A-----A-----C-----G-----A-----G-----T-----T-----G-----G-----	1336
C_BW.96BW1210	-T-----C-----T-----A-----C-----G-----A-----G-----T-----T-----G-----G-----	1239
C_BW.96BW17B03	-T-----C-----C-----C-----G-----A-----G-----G-----C-----A-----G-----G-----	1213
C_BW.96BW01B03	-T-C-----C-----C-----C-----G-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----G-----	1336
C_ET.ETH2220	-T-----C-----C-----A-----C-----G-----A-----G-----G-----T-----T-----G-----G-----	1229
C_IN.301999	-T-----C-----C-----G-----G-----A-----G-----G-----T-----T-----G-----G-----	1225
C_IN.21068	-T-----T-----C-----G-----A-----G-----T-----T-----G-----G-----	1224
C_IN.301905	-T-----C-----T-----C-----G-----A-----C-----T-----T-----G-----G-----	1224
C_IN.301904	-T-----C-----T-----C-----G-----A-----G-----T-----T-----G-----G-----	1224
C_IN.11246	-T-----C-----T-----C-----G-----A-----G-----T-----T-----G-----G-----	1215
D_CONSENSUS	-T-----A-----C-----CA-----G-----G-----G-----G-----	1859
D_UG.94UG114	-T-----T-----A-----C-----T-----G-----G-----G-----G-----	1204
D_CD.NDK	-T-----C-----T-----A-----C-----CA-----C-----G-----G-----G-----G-----	1390
D_CD.ELI	-T-----A-----A-----C-----CA-----G-----G-----G-----G-----	1401
D_CD.Z2Z6	-A-----GG-----A-----C-----CA-----G-----G-----G-----G-----	1858
D_CD.84ZR085	-A-----A-----C-----G-----T-----G-----G-----G-----G-----	1372

See Kaye, J Virol 72(7): 5877-5885 (1998) for role of Gag p2 in RNA encapsidation

	Gag p24 Capsid end \ / Gag p2 start	Gag p2 end \ / Gag p7 Nucleocapsid (NC) start	Gag-Pol fusion TF protein start	
B_FR.HXB2	CCGGCCATAAGGCAAGAGTTTTGGCTGAAGCAATGAGCCAAGTAACAATTCGCTACCATAATGATGCAGAGAGGCAATTTTAGGAACCAAGAAAGATTGTTAAGTGTTC	CAATT	1972
F_CONSENSUS	-T-?-----G-----C-----A-----G-----A-A-T-C-----A-GG-----GA-----A-----T-----		1311
F1_BE.VI850	-TA-----C-----G-----T-----C-----G-----A-A-T-----A-GG-----GAG-----A-----T-----		1309
F1_BR.93BR020	-TA-----G-----C-----A-----G-T-----A-A-T-C-----A-GG-----GA-----A-C-----T-----		1300
F2_CM.MP255C	-T-----A-----A-----C-----G-----A-----C-----G-----A-----G-----A-A-----C-----A-GG-----A-----GA-----C-----		1168
F2_CM.MP257C	-TA-----A-----A-----G-----G-----A-----C-----GG-----G-----G-----AGA-----C-----A-GG-----GA-----A-----T-----C-----		1180
F1_FI.FIN9363	-T-----A-----G-----C-----A-----G-----A-A-T-----A-GG-----GA-----A-----T-----		1301
F1_FR.MP411	-T-----G-----G-----C-----G-----G-T-----A-A-T-C-A-----A-GG-----C-----GAT-----A-----A-----T-----		1168
G_CONSENSUS	-A-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----GG-----G-----GCAGCAAG-----A-----A-----A-GG-----C-----GA-----C-----A-----?-----?-----		1968
G_BE.DRCBL	--A-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----T-----GG-----G-----GCAAG-----A-----A-----C-----A-GG-----C-----GA-----CAA-----A-----C-----		1939
G_FI.HH87932	-A-----A-----G-----A-----G-----G-----C-----GG-----G-----GCAAG-----A-----A-----C-----A-GG-----CG-----A-----GA-----A-----A-----C-----		1377
G_NG.92NG083	--A-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----T-----GG-----G-----GCAGCAAG-----A-----A-----A-GG-----CG-----GA-----A-----C-----		1344
G_SE.SE6165	--A-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----CT-----GG-----G-----GCAAG-----A-----A-----A-GG-----C-----GA-----C-----A-----C-----A-----		1378
H_CONSENSUS	-TA-T-----A-----A-----G-----G-----G-----A-----A-----T-----AG-----A-----C-----A-GG-----C-----A-----A-----C-----		1360
H_BE.VI991	-AA-----A-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----T-----AG-----A-----C-----A-GG-----C-----GA-----C-----A-----C-----		1367
H_BE.VI997	-TA-T-----A-----A-----G-----G-----G-----A-----A-----T-----AG-----A-----A-----C-----A-GG-----C-----A-----A-----C-----		1302
H_CF.90CF056	-TA-T-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----T-----A-AG-----A-----C-----A-GG-----C-----AT-----A-----C-----		1322
J_SE.SE91733	-T-T-----A-----G-----C-----A-----C-----A-----A-----T-----C-----G-----T-----T-----A-----GA-----		1293
J_SE.SE92809	-T-T-----G-----G-----C-----A-----C-----A-----A-----T-----C-----G-----T-----A-----GA-----		1292
K_CM.MP535C	-TA-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----GTTG-----A-----C-----A-GG-----T-----A-----C-----		1168
K_CD.EQT811C	-T-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----CA-----C-----G-----G-----G-----C-----A-GGT-----GA-----A-----C-----		1168
CRF01_AE_CONSENSUS	-TA-----A-----A-----G-----G-----C-----CA-----C-----G-----AT-----A-----G-----G-----G-----?-----GAA-----C-----		1974
CRF01_AE_CF.90CF402	-T-A-----A-----G-----G-----T-----C-----CA-----C-----A-----AT-----A-----A-----A-GG-----G-----AAA-----C-----		2008
CRF01_AE_TH.93TH253	-TA-----C-----A-----G-----G-----C-----CA-----C-----G-----AT-----A-----A-----A-GG-----G-----GAA-----C-----		1983
CRF01_AE_TH.CM240	-TA-----A-----A-----G-----G-----C-----C-----CA-----C-----G-----T-----C-----A-GG-----G-----A-----GAA-----C-----		1531
CRF02_AG_CONSENSUS	-T-----A-----A-----G-----G-----T-----CA-----C-----A-----C-----A-----A-----GG-----G-----CAA-----A-----		1504
CRF02_AG_DJ.DJ263	-T-----A-----A-----G-----G-----T-----CA-----C-----A-----C-----A-----A-----GG-----G-----CAA-----A-----		1320
CRF02_AG_DJ.DJ264	-T-----C-----A-----G-----G-----T-----CA-----C-----A-----C-----A-----A-----GG-----G-----CAA-----A-----		1321
CRF02_AG_NG.IBNG	-T-----A-----A-----G-----G-----T-----CA-----C-----GG-----C-----A-G-----GG-----G-----CAA-----A-----		1497
CRF03_AB_RU.KAL153	--A-----A-----A-----G-----C-----G-----T-----CA-----G-----A-----A-----A-A-T-----GG-----C-----A-----GAA-----		1741
CRF04_cpx_CONSENSUS	--A-----A-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----G-----GCAAG-----A-----A-----A-GG-----G-----GA-----?-----A-----		1974
CRF04_cpx_CY.94CY032	--A-----A-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----G-----GCAAG-----A-----A-----A-----A-GG-----G-----GA-----C-----A-----		1341
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-A-----C-----A-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----G-----GCAAG-----A-----A-----A-GG-----CG-----GA-----G-----A-----		1989
CRF04_cpx_GR.97PVCH	-C-----A-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----G-----GCAAG-----A-----A-----GG-----G-----GA-----A-----		1992
AC_IN.21301	-TA-----C-----A-----G-----A-----G-----AC-----AT-----AGCC-----A-----AAGG-----TTT-----A-----GA-----C-----A-----		1336
AC_RW.92RW009	-A-----A-----A-----G-----G-----CA-----C-----AC-----A-----A-----A-GG-----G-----GA-----A-----		1313
AC_SE.ETSE9488	-TA-----C-----A-----G-----G-----G-----C-----AC-----GA-----G-----A-----A-GG-----CT-----A-----GA-----A-----A-----		1174
AC_ZM.ZAM184	-A-----A-----A-----G-----G-----CA-----G-----AGTC-----A-----A-----GT-----A-----GAA-----		1345
ACD_SE.SE8603	---T-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----GGT-----C-----AG-----A-----CA-----		1294
AD_SE.KESE7108	-A-----A-----G-----G-----T-----CA-----C-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----A-----GG-----A-----		1171
ADH_NO.NOIIL3	-T-----A-----G-----G-----T-----CA-----TA-----G-----G-----A-----A-----GG-----G-----A-----GAA-----		1982
ADU_CD.MAL	-A-T-----A-----A-----G-----C-----ACTG-----A-----T-----A-----GG-----G-----A-----GAA-----		1550
AG_NG.92NG003	--A-----C-----A-----A-----A-----G-----GG-----C-----GG-----A-----TCAAG-----A-----A-----A-----A-GG-----CG-----GAGG-----A-----		1342
AGU_CD.Z321B	-A-----A-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----G-----A-----GCAAG-----A-----A-----A-----A-GG-----CG-----A-----C-----A-----C-----		1189
AGJ_AU.BFP90	-T-----C-----A-----G-----A-----G-----G-----C-----T-----GT-----GGG-----A-----A-----A-----A-GG-----CG-----A-----GA-----G-----A-----C-----		1994
AGJ_ML.95ML84	-C-----A-----A-----G-----A-----G-----G-----C-----T-----GG-----A-----GTAGCA-----AG-----A-----A-----A-GG-----C-----AAA-----		1212
AJU_BW.98-2117	TG-C-ATA--C-----A-----A-----A-----T-----CAG-----A-----C-----A-----A-----CAG-----A-----G-----A-----GAA-----		1362
BF_BR.93BR029	-TA-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----A-----		1324
MO_CM.97CAMP645MO	-TA-----A-----G-----A-----G-----C-----CA-----C-----GA-----G-----G-----G-----G-----G-----CAA-----A-----		1346
O_CM.ANT70	-AACT-----C-----GC-----A-----A-----GCTAC-----CCCAGC-----AGATTGAAAGGAGGATACA-----AG-----AG-----T-----C-----A-----GC-----AAA-----CCA-----TTAGG-----A-----GGA-----C-----A-----A-----A-----			2036
O_CM.MVP5180	-AACT-----C-----A-----A-----AC-----A-----A-----GCTTCT-----CCCAGC-----AGATTGAAAGGAGGATACA-----AG-----AG-----T-----C-----A-----GC-----GAA-----CCA-----TAG-----A-----GG-----CCA-----A-----A-----C-----			2011
N_CM.YBF30	-A-----CA-----GC-----A-----A-----G-----T-----TCA-----G-----GCAGC-----GC-----ACA-----A-----GTG-----CT-----TGCA-----A-----G-----A-----C-----AAGG-----AT-----G-----ACCA-----A-----A-----			1539
SIVCPZUS	-CT-----G-----C-----A-----A-----G-----A-----C-----T-----A-----G-----A-----CC-----C-----T-----A-----G-----G-----T-----TC-----A-----A-----A-----CGC-----G-----C-----G-----G-----GA-----AAA-----C-----A-----T-----			2020
SIVCPZGAB	-ATCT-----G-----C-----A-----C-----TCAATG-----TCAG-----CA-----GGGAGA-----AGATG-----TT-----CT-----C-----AG-----AC-----AGG-----GC-----GG-----C-----A-----GA-----AAA-----A-----A-----C-----T-----			2039
SIVCPZANT	-A-----C-----G-----A-----T-----GTTCT-----CT-----AT-----G-----CAGGGA-----ACC-----AGT-----T-----TC-----CA-----AGAG-----CAATGGAAA-----AGGAGG-----A-----GACC-----C-----C-----A-----T-----C-----			1402

	Gag p7 Nucleocapsid end \ Gag p1 start											
	Gag-Pol -1 ribosomal slip site											
	GTGGCAAAGAAGGGCACACAGCCAGAAATTCAGAGGCCCTAGGAAAAGGGCTGTTGGAAATGTGAAAGGAAGGACACCAAAATGAAAGATTGTACT.....GAGAGACAG...GCTAATTT.TTTAGGG											
B_FR.HXB2	A	CT										2094
A_CONSENSUS	A	CT										1590
A_KE.Q2317	A	CT		T								1552
A_SE.UGSE8891	A	CT			A							1293
A_SE.TZSE8538	A	CT		A								1293
A_SE.UGSE6594	A	CT										1293
A_SE.UGSE7535	T	CT	T		A							1317
A_SE.SOSE7253	A	CT		C								1298
A_SE.SE8131	A	CT			T	A						1484
A_UG.U455	A	CT		A		T	A					1543
A_UG.92UG037	A	CT		A		T	A					1458
B_CONSENSUS	A	TCT		A		T	A					2161
B_AU.MBC200	T	A										2093
B_AU.MBC925	T	A		A		G						2099
B_CN.RL42	T	A		C								1481
B_DE.HAN2	T	A										1563
B_DE.D31	T	A				G						1640
B_ES.89SP061	T	A				G						1643
B_GA.OYI	T	A				T						1637
B_GB.MANC	T	A				G						2040
B_GB.CAM1	T	A										2096
B_NL.ACH320A	TC	T	A									2096
B_TW.LM49	T	A				T						2093
B_US.SF2CG	T	A				T						2101
B_US.DH123	T	A										2091
B_US.NY5CG	T	A										2094
B_US.AD8	T	A				G						2094
B_US.WCIPR18	T	A				G						1640
B_US.YU2	T	A				T						2092
B_US.JRCSF	T	A										2094
B_US.MN	T	A				G						2100
B_US.BCSG3	T	A				A						1641
B_US.896	T	A				A						2093
B_US.WEAU160	A	T				A						2093
B_US.RF	T	A										1614
B_US.WR27	G	TW		W		A						1473
C_CONSENSUS	G	T				A						1580
C_BR.92BR025	G	TT				T						1435
C_BW.96BW0402	G	T				C						1572
C_BW.96BW1104	T	G				A						1472
C_BW.96BW15C02	G	T				T						1573
C_BW.96BW0502	G	T				A						1569
C_BW.96BW16B01	T	T				A						1572
C_BW.96BW1210	T	G				A						1475
C_BW.96BW17B03	G	A				CT						1448
C_BW.96BW01B03	G	T										1572
C_ET.ETH2220	G	CT										1465
C_IN.301999	G	T										1458
C_IN.21068	G	CT										1457
C_IN.301905	G	CT				A						1457
C_IN.301904	G	CT										1457
C_IN.11246	G	CT										1448
D_CONSENSUS	T	A				A						2101
D_UG.94UG114	G	A				A						1446
D_CD.NDK	G	A				A						1632
D_CD.ELI	T	A				A						1643
D_CD.Z226	T	A				A						2100
D_CD.84ZR085	T	A				T						1614

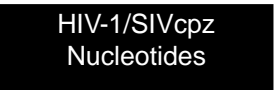
	Gag p7 Nucleocapsid end \ / Gag p1 start										
	Gag-Pol -1 ribosomal slip site										
B_FR.HXB2	GTGGCAAAGAAGGGCACACAGCCAGAAATTCAGAGGGCCCTAGGAAAAAGGGCTGTTGGAAATGTGAAAGGAAGGACACCAAAATGAAAGATTGTACT.....GAGAGACAG...GCTAATTT.TTTAGGG	2094									
F_CONSENSUS	-----A-T-----A-----A-----C-C-----A-----	1433									
F1_BE.VI850	-----A-T-----A-----GA-----C-C-----A-----	1431									
F1_BR.93BR020	-----A-T-A-----A-----G-----GA-G-----G-C-C-----A-----	1422									
F2_CM.MP255C	-----A-T-T-T-----A-----C-----C-C-----A-G-----	1290									
F2_CM.MP257C	-----A-T-T-T-----A-G-----C-----C-C-----	1302									
F1_FR.FIN9363	-----A-T-----C-----A-----G-----C-C-----A-----	1423									
F1_FR.MP411	-----A-T-A-----A-----A-----C-C-----A-----	1290									
G_CONSENSUS	-----G-A-TCT-----A-----G-T-----?C-G-----A-----	2089									
G_BE.DRCBL	-----G-A-TCT-----A-----G-T-----A-C-A-----A-----	2061									
G_FI.HH87932	-----G-A-TT-----A-----C-----G-T-----C-C-G-----A-----	1498									
G_NG.92NG083	-----G-A-TCT-----A-----G-T-----A-C-G-----A-G-----	1466									
G_SE.SE6165	-----G-A-TCT-----A-----G-T-----C-C-G-----	1500									
H_CONSENSUS	-----G-A-T-----G-----T-G-----C-C-A-----	1482									
H_BE.VI991	-----G-A-T-----A-----C-----G-----C-C-A-----GA-----	1489									
H_BE.VI997	-----G-A-T-----G-----T-G-----G-C-C-A-----	1424									
H_CF.90CF056	-----G-A-T-----GA-----T-G-----C-C-A-----	1444									
J_SE.SE91733	-----C-A-T-A-A-C-----A-----C-----C-----	1415									
J_SE.SE92809	-----C-A-T-A-A-C-----A-----C-----C-----	1414									
K_CM.MP535C	-----G-A-T-----A-----G-----T-G-----C-----	1290									
K_CD.EQTb11C	-----A-CT-----T-----A-----G-A-----T-G-----C-T-----	1290									
CRF01_AE_CONSENSUS	-----A-CT-----A-----T-----G-----T-----C-C-----	2096									
CRF01_AE_CF.90CF402	-----A-CT-----A-----T-----G-G-----C-C-----A-----	2130									
CRF01_AE_TH.93TH253	-----A-CT-----A-----T-----C-----C-----	2105									
CRF01_AE_TH.CM240	-----T-G-----A-CT-----A-C-T-----C-G-----T-----C-C-----	1653									
CRF02_AG_CONSENSUS	-----A-CT-----A-----G-----G-----C-----	1626									
CRF02_AG_DJ.DJ263	-----A-CT-----A-T-----G-----G-----G-----	1442									
CRF02_AG_DJ.DJ264	-----A-CT-----A-----G-----G-----T-----C-----	1443									
CRF02_AG_NG.IBNG	-----A-CT-----A-----G-----G-A-----C-----	1619									
CRF03_AB_RU.KAL153	-----A-CT-----A-----C-T-----C-C-----	1863									
CRF04_cpx_CONSENSUS	-----G-A-TCT-----C-----G-----T-----C-C-----	2096									
CRF04_cpx_CY.94CY032	-----G-A-TCT-----C-----G-----G-----T-----C-C-----	1463									
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-----G-A-TCT-----C-----G-----T-G-----C-CC-----C-----	2111									
CRF04_cpx_GR.97PVCH	-----G-A-TCT-----G-C-----C-----T-----C-C-----	2114									
AC_IN.21301	-----G-A-T-----A-----A-----C-----G-----	1458									
AC_RW.92RW009	-----A-CT-----A-----G-----C-----C-----	1435									
AC_SE.ETSE9488	-----G-A-TT-----A-----G-----G-----C-----	1296									
AC_ZM.ZAM184	-----G-A-CT-----A-----C-----T-----C-----G-----	1467									
ACD_SE.SE8603	-----A-T-A-A-----T-----G-----G-----C-----A-----	1416									
AD_SE.KESE7108	-----A-CT-----T-----G-----G-----C-----A-----C-----	1293									
ADH_NO.NOGIL3	-----A-CT-----C-----G-----C-----C-----	2104									
ADU_CD.MAL	-----A-CT-----G-----C-----C-----	1672									
AG_NG.92NG003	-----G-A-TCT-----A-----G-----T-----C-C-A-----	1464									
AGU_CD.Z321B	-----G-A-TCT-----A-----G-----C-----	1308									
AGJ_AU.BFP90	-----G-A-TCT-----A-----G-----T-----A-----	2116									
AGJ_ML.95ML84	-----G-A-TCT-----A-----G-----T-----C-C-A-----	1334									
AJU_BW.98-2117	-----A-CT-----A-----C-----A-----T-----G-C-C-A-----	1484									
BF_BR.93BR029	-----T-----A-----C-----G-----	1446									
MO_CM.97CAMP645MO	-----G-A-CT-----A-T-----A-----G-----C-C-----A-----G-----	1468									
O_CM.ANT70	-----A-G-A-T-T-A-----TC-A-A-----T-C-----C-----T-----C-GAAAT...GA-A-----A-----C-----	2161									
O_CM.MVP5180	-----A-G-A-T-T-A-A-----C-TC-A-A-----A-G-----T-C-----C-----T-----C-AAAAT...GA-----A-----	2136									
N_CM.YBF30	-----G-C-TTTG-A-----C-T-A-----A-G-GGA-----G-----GC-A-----T-----AAAAATGAA-GA-----	1667									
SIVCPZUS	-----G-A-TCT-----T-A-A-G-----A-G-----G-----C-----AGCAGGAA-C-----	2148									
SIVCPZGAB	-----G-----T-CT-----T-----T-AA-A-A-A-G-A-----CGG-----GC-A-G-----C-C-A-----GA-----TG-----	2161									
SIVCPZANT	-----C-T-----G-C-T-T-A-----A-----A-A-GG-A-----C-----G-----C-----GC-T-----A-C-----AGCAACAA-T-C-GGAAAA-TA-----	1533									
Gag p7 NC	C G K E G H T 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 Gag										
		Gag-Pol TF / F_R Gag-Pol									
		Gag p7 end \ / Gag p1 start									



	Gag p1 end \ / Gag p6 start		
B_FR.HXB2	AAGATCTGGCCTTCTACAAGGGAAG...GCCAGGGAATTTCTTCAGAGCAGACC.....AGAGCCAACAGCCCCACC.....	AGAGAGAGAGCTTCAGG	2181
	^ loop ^		
	stem-loop-stem potentiates ribosomal -1 slip		
A_CONSENSUS	--A-T-----AG-----G-----A-----C-----G-----AGC-----C-----T-----TG--		1680
A_KE.Q2317	--A-T-----AGA-----G-----C-----A-----T-----G-A-----T-----C-----GTG--		1639
A_SE.UGSE8891	--A-T-----A-G-----G-----A-----C-----G-----C-----T-----TG--		1380
A_SE.TZSE8538	--A-T-----AG-A-G-----A-----C-----G-----C-----T-----TG--		1380
A_SE.UGSE6594	--A-T-----AG-A-G-----A-----C-----G-----C-----T-----TG--		1380
A_SE.UGSE7535	-GA-T-----AG-----G-----G-A-----C-----T-----G-----C-----T-----TG-A		1404
A_SE.SOSE7253	--A-G-----AG-----G-----A-----C-----G-----G-----C-----CTT-----TG--		1385
A_SE.SE8131	--A-T-----C-----G-----G-A-----C-----G-----T-----C-----T-----TG--		1565
A_UG.U455	--A-T-----A-----G-----A-----C-----G-----A-----T-----TG--		1630
A_UG.92UG037	--A-T-----AG-A-G-----A-----C-----A-----AGC-----C-----T-----TG--		1548
B_CONSENSUS	-----C-----G-A-----AGCCCCACC-----C-----		2257
B_AU.MBC200	-----C-----G-A-----C-----		2180
B_AU.MBC925	-----C-----G-A-----C-----		2186
B_CN.RL42	-----C-----G-----C-----		1568
B_DE.HAN2	-----C-----G-----A-----C-----		1650
B_DE.D31	-----C-----C-----C-----		1727
B_ES.89SP061	--A-----C-G-----C-----A-----T-----AGCCCCACC-----C-----		1739
B_GA.OYI	-----C-----C-----A-----G-----		1724
B_GB.MANC	-----C-----C-----G-----		2127
B_GB.CAM1	--A-----C-----G-----		2183
B_NL.ACH320A	-----C-----A-----A-----		2183
B_TW.LM49	--A-----C-----A-----G-----		2180
B_US.SF2CG	-----C-----A-----T-----		2188
B_US.DH123	--A-----C-----A-----T-----		2178
B_US.NY5CG	-----C-----G-----A-----		2181
B_US.AD8	-----C-----G-----A-----		2181
B_US.WCIPR18	-----C-----A-----T-----G-----		1727
B_US.YU2	-----C-----A-----C-----		2179
B_US.JRCSF	-----G-----C-----C-----A-----		2181
B_US.MN	-----C-----C-----T-----T-----		2184
B_US.BCSG3	--A-----C-----C-----T-----		1728
B_US.896	-----C-----C-----A-----		2180
B_US.WEAU160	--A-----T-----C-A-----C-----T-----A-----		2180
B_US.RF	-----C-----C-----C-----		1701
B_US.WR27	-W-C-----C-TK-----R-C-----A-----T-----C-----		1560
C_CONSENSUS	--A-T-----C-----G-GAG-----C-----AGAGAG???CAGACCAGAGCCAACAGCCCCACC-----C-----		1700
C_BR.92BR025	--A-T-----C-G-----G-----A-C-----A-A-----C-----		1522
C_BW.96BW0402	--A-T-----C-----G-----C-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----		1659
C_BW.96BW1104	--A-T-----C-----G-----C-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----		1555
C_BW.96BW15C02	-----T-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----AGTACCAACAGCCCCACC-----C-----		1660
C_BW.96BW0502	--A-T-----C-----G-----C-C-----A-----T-----G-----A-----AGTACCAACAGCCCCACC-----C-----		1674
C_BW.96BW16B01	--A-T-----C-----G-----CC-----C-----T-----C-----G-----		1659
C_BW.96BW1210	--A-T-----C-----G-----C-----A-----G-----C-----		1562
C_BW.96BW17B03	--A-T-----C-----GG-GAG-----C-----A-----G-----C-----		1538
C_BW.96BW01B03	--A-T-----C-----C-----A-----T-----T-----C-----		1659
C_ET.ETH2220	-GAC-T-----A-----C-----A-----AGAGAGTCTCAGACCAGAGCCAACAGCCCCACC-----C-----		1585
C_IN.301999	--A-T-----C-----G-----C-----A-----T-----AGCCAGACCAGAGCCAACAGCCCCACC-----C-----		1572
C_IN.21068	--A-T-----C-----G-----C-C-----T-----T-----C-----		1544
C_IN.301905	--A-T-----C-----G-----C-C-----C-----C-----		1544
C_IN.301904	--A-T-----C-----G-----C-C-----C-----G-----C-----		1544
C_IN.11246	--A-T-----C-----G-----C-C-----C-----C-----		1535
D_CONSENSUS	--A-T-----C-----G-----C-----CCC...AGC-----C-----G-----		2194
D_UG.94UG114	--A-T-----C-----T-----G-----C-----CCC...AGC-----C-----T-----G-A		1539
D_CD.NDK	-----T-----C-----G-----C-----C-----A-----C-----G-----		1719
D_CD.ELI	-GA-T-----C-----G-----C-----C-----A-----C-----G-----		1730
D_CD.Z226	-----T-----C-----G-----C-----C-----C-----G-----		2187
D_CD.84ZR085	--A-T-----C-----G-----C-----C-----C-----C-----A-----G-----		1700

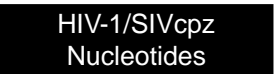
				Gag-Pol TF end \ /	Pol protease start		
B_FR.HXB2	TCTGGGGTAGAGACAACAAC	TCCCCTCAGAAGCAGGAGCCGAT	AGACAAGGAAGTGTGTA	TCCTTTAACTTCCCTCAGGTCACCTTTGGCAACGACCC		2280	
A_CONSENSUS	ATG---A---T-G	CT---C---	G---A-G-CCCACC	A---GT---	AA-----T-	1782	
A_KE.Q2317	ATG---A---GT	CT---T---	G---A-GCCCA	A-C-GT---	AA-----T-	1738	
A_SE.UGSE8891	ATG---A---T	CT---C---	AA---A---	G---GTC-G-GGCACC	A-C-T---AA---T-	1482	
A_SE.TZSE8538	ATG---A---T-T	CT---C---	A---A---	A-GTCCC	A-C-GT---	AA-----T-	1479
A_SE.UGSE6594	ATA---A---T-G	CT---C-GA---	A---C---	CCC	A---C-GT---	AA-----T-	1464
A_SE.UGSE7535	ATGA---A---T-G	CT---C---	A---A---	G---AAG-CCC	A---GT---	AA-----T-	1497
A_SE.SOSE7253	ATG---A---T-G	CT---C---	A---A---	G---A-A-CTC	A---C-GT---	AA-----T-	1484
A_SE.SE8131	ATG---A---T-G	CT---C---	AA---A---	CCC	A---C-GT---	AA-----TA	1652
A_UG.U455	ATG---A---TG-	CT---GC A	T---A---	G---A-AC	A---GT---	AA-----T-	1726
A_UG.92UG037	ATGA---A---T-GT	CT---C---	A---A---	C---G-C-A-A-CCC	A---C-GT---	AA-----T-	1647
B_CONSENSUS	-T---A---	T---	GCAGGAG?CGAT	G---	A---	2367	
B_AU.MBC200	-T---A---	T---		G---	A---	2279	
B_AU.MBC925	-T---AG-	T---	G---	G---	AA---	2285	
B_CN.RL42	-T---A---	AT---	A---	G---	AA---	1667	
B_DE.HAN2	-T---A-CA-G	T---		C-G-C---	AA-----G-	1746	
B_DE.D31	-T---A---G	TT---		G---	A---	1826	
B_ES.89SP061	-T---A---	T---	T---	C-G---	AA---	1838	
B_GA.OYI	-T---A---			G---	C---	A---	1823
B_GB.MANC	-T---A---	TG---	A---	C-G---	AC---	2226	
B_GB.CAM1	-T---A---A	T---		G---	A---	2282	
B_NL.ACH320A	-T---A---	T---	G---	G---	C-G-C---	A---	2282
B_TW.LM49	-T---A-C	T---	C---	G---	GAA---	2279	
B_US.SF2CG	-T---AG-A	T---		G---	A---	2287	
B_US.DH123	-T---AG-G	T---	A---	A---	C-G-C---	AA---	2271
B_US.NY5CG	-T---A---	T---		G---	A---	G---	2280
B_US.AD8	-T---AG-	T---		G---	AA---	A---	2280
B_US.WCIPR18	-T---AG---T	T---		C-G---	A---	G---	1826
B_US.YU2	-T---A-A	T---		G---	A---	G---	2278
B_US.JRCSF	-T---A---G	T---	A---AGCAGGAGCCGAT	T---	A---	2292	
B_US.MN	-T---A---	TA---	AA---AGCAGGAGACGAT	C---	G---	AA---	2295
B_US.BCSG3	-T---AG-	T---	G-GA---	A---	C-G---	A---	1827
B_US.896	-T---AG-	T---		C-G---	A---	2279	
B_US.WEAU160	-TCA---A	T---	A---	G---	C-G---	AA---	2279
B_US.RF	-T---A---	T---	AA---		G---	AA---	1797
B_US.WR27	-T---R	T---	A---		G---	A---	1659
C_CONSENSUS	TC-A-AG	C-G-C	A---	G-CC-CAGGGA	A-C---	AA-G---	1805
C_BR.92BR025	-T---A---	T-G---	A---	G-C---	AA-G---	1618	
C_BW.96BW0402	TC-A..G	C-GT-C-A-A	A---	G-G-C---	C---	AA-G---	1746
C_BW.96BW1104	.C-A..G-A	C-TG-C-A-A	A---	G-C---	C-T---	AA-G---	1640
C_BW.96BW15C02	TC-A..G	C-G-C	A---	G-C---	C-T---	AA-G---	1747
C_BW.96BW0502	TC-A..G	C-G-C	A---	G-G-CC-CAGGGA	A-C---	G-A-G---	1773
C_BW.96BW16B01	-T---G	C-G-C-A	A-A---	G-G-A	A---	A---	1746
C_BW.96BW1210	TC-A..G	C-TG-	A---	G-G-C---	A---	AA-G---	1652
C_BW.96BW17B03	TC-A..G	C-G-C	A---	G-G-C---	C-T---	AA-G---	1625
C_BW.96BW01B03	TC-A..G	C-G-C	A---	G-G-G-C---	C-C---	A-G---	1746
C_ET.ETH2220	TC-A-A-CA-C	TT-C	T-A---	G-GC---	C---	AA-G---	1672
C_IN.301999	TC-A..G	C-G-T	A---	G-C---	C---	AA-G---	1659
C_IN.21068	TC-A..G	C-AG-C	A---	G-C---	C---	A-G---	1631
C_IN.301905	TC-A..G	C-AG-CA	A---	G-C---	C---	A-G---	1631
C_IN.301904	TC-A..G	C-AG-CA	A---	G-C---	C---	A-G---	1631
C_IN.11246	TC-A..G	C-AG-CA	A---	G-G-C---	C---	A-G---	1622
D_CONSENSUS	-T---AG-T	C-T---	A---AGGACAA		AA---	2296	
D_UG.94UG114	-TA---AG-T	A-T---	A---		C---	AA-G---	1635
D_CD.NDK	-T---AG-T	C-T---	A---A---		G---	AA---	1815
D_CD.ELI	-T---A-T	C-T---	A---A---		G---	AA---	1826
D_CD.Z226	-T---A-T	C-T---	A---A---		C-G---	AA---	2283
D_CD.84ZR085	-T---AG-T	C-T-C	A---A---AGGACAA		C-G---	AA---	1802

		Gag-Pol TF end \ / Pol protease start	
B_FR.HXB2	TCTGGGGTAGAGACAACAAC	TCCCCTCAGAAGCAGGAGCCGAT	AGACAAGGAAGTCTGTA
F_CONSENSUS	-TC?-A-AG---T---	C--T--C-----A-A-	---G---?-A?-CCCGTATCC
F1_BE.VI850	-TCA-A-AG---T---	C--T--C-----A-A-	---GG---CCC-----C-G-
F1_BR.93BR020	-TC---AG---T---	C-AT--C-----A-A-	---G---G---CCC-----C-G-
F2_CM.MP255C	-TC--A-AG-G-T---	C--T-C-C-----A-A-	---G-G---A-GCTCC-----C-GT-
F2_CM.MP257C	-TC---AG---T-G---	C--T-C-C-----A-A-	---G---A-GTTC-----C-G-T-
F1_FI.FIN9363	ATCA-A-A---GT---	C--T--C-----A-A-	---AG-G-A---CCC-----C-G-
F1_FR.MP411	-TCAAA-AG--A-T---	C--T--C-----A-A-	---G-G-G-A-GGACTGTATCC
G_CONSENSUS	-TC--A-AG---T-G---	C--T-C-C-----A-	---G-A---G-A-----C-?-AA
G_BE.DRCBL	-TC---AG---T-G---	C--T-C-C-----A-A-	---G-A---A-----C-T-?AA
G_FI.HH87932	-TC--A-AG--A-T-G---	C--T-C-C-----CA--A-	---G-A---GA-AC-----C-G-?AA
G_NG.92NG083	-TC--A-AG---T-G---	C--T-C-C-----A-A-	---G-G---G-A-----C-?AA
G_SE.SE6165	-TC--A-AG---T-G---	C--T-C-C-----AT--A-	---G-A-----G-TA-ATC-C-?AA
H_CONSENSUS	-TC--A-AG---TG---	C--T--C-----T-AGAA	---G---C-----C-G-?A
H_BE.VI991	-TC--A-AG---TC---	C--T--C-G-----T-A-	---AC--C-----C-?AA
H_BE.VI997	-TC---AG---TG---	CT--T-C-C-----T-A-	---G---C-----C-TG-?AA
H_CF.90CF056	-TC--A-AG---TG---	C--T--C-----A-C-GAA	---G---C-----C-G-?A
J_SE.SE91733	-TC--A-AG---T---	C--T-C-C-A-----A-	---G-----C-----C-?A
J_SE.SE92809	CTC--A-AG--T---	C--T-C-C-A-----A-	---G-----C-----C-?AA
K_CD.EQT811C	-TC---AGA-T---	C--T--C-G-----A-C-A-	---TC---A-AGCCC-----AA-?A
K_CD.EQT811C	-TC---AGA-T---	C--T--T-GA-----AAT--A-	---TC---A-GGTCC-----AA-?G
CRF01_AE_CONSENSUS	ATG--A--T---GGGGGAAGAGATAACCT	-TT?-C-----A-A-	---A-ATCCTCC-----GT-?AA
CRF01_AE_CF.90CF402	ATG--A--T---GGGGGAAGAGATAACCT	-TT?-C-----A-A-	---A-ATCCTCC-----GT-?AA
CRF01_AE_TH.93TH253	ATG--A--T---GGGGGAAGAGATAACCT	-TT?-C-----A-A-	---A-ATCCTCC-----GT-?AA
CRF01_AE_TH.CM240	ATG--A--T---GGGGGAAGAGATAACCT	-TT?-C-----A-A-	---A-ATCCTCC-----GT-?AA
CRF02_AG_CONSENSUS	ATG--A--T---GGGGGAAGAGATAACCT	-TT?-C-----A-A-	---A-ATCCTCC-----GT-?AA
CRF02_AG_DJ.DJ263	ATG--A--T---GGGGGAAGAGATAACCT	-TT?-C-----A-A-	---A-ATCCTCC-----GT-?AA
CRF02_AG_DJ.DJ264	ATG--A--T---GGGGGAAGAGATAACCT	-TT?-C-----A-A-	---A-ATCCTCC-----GT-?AA
CRF02_AG_NG.IBNG	ATG--A--T---GGGGGAAGAGATAACCT	-TT?-C-----A-A-	---A-ATCCTCC-----GT-?AA
CRF03_AB_RU.KAL153	ATG--A--T---GGGGGAAGAGATAACCT	-TT?-C-----A-A-	---A-ATCCTCC-----GT-?AA
CRF04_cpx_CONSENSUS	ATGAAA-AG---T---	CT--T-C-----A-G-	---G---A-C-TCC-----C-T-?AA
CRF04_cpx_CY.94CY032	ATGAAA-AG---T---	CT--T-C-----A-G-	---G---A-C-TCC-----C-T-?AA
CRF04_cpx_GR.97PVMY	ATGAAA-AG---T---	CT--T-C-----A-G-	---G---A-C-TCC-----C-T-?AA
CRF04_cpx_GR.97PVCH	ATGAAA-AG---T---	CT--T-C-----A-G-	---G---A-C-TCC-----C-T-?AA
AC_IN.21301	-TC-A..G-----T---	C--G-A-T-----AA-A-	---G---C-----C-?AA
AC_RW.92RW009	ATG---A---T-G---	CT--T-----A-A-	---G---C-----C-?AA
AC_SE.ETSE9488	ATG---A---T-G---	CT--T-----A-A-	---G---C-----C-?AA
AC_ZM.ZAM184	-TC-A..G-----T---	CT--G--C-----T-A-	---G---A-GGCC-----G-GT-?AA
ACD_SE.SE8603	-T--A-A---T---	C--T-C-----A-A-	---G---A-GGCC-----G-GT-?AA
AD_SE.KESE7108	ATG--A---G-----T---	CT--T-----A-G-	---A-G---A-GCTCC-----A-C-T-?AA
ADH_NO.NOIIL3	ATA--A---T---	CT--TA-----A-A-A-	---G---G---C-CCCC-----C-GT-?AA
ADU_CD.MAL	-T--AG---T-A---	A--T-----A-A-	---G---T-----G-?AA
AG_NG.92NG003	-TC--A-AG---T-G---	C--TT-C-T-----A-G-	---G-A---TCACC-----A-C-?AA
AGU_CD.Z321B	A-GAAA-AG---T---	CT--T-----A-G-	---G---A-CCC-----G-?AA
AGJ_AU.BFP90	-TC--A-AG---T-G---	C--T-C-C-A-----T-A-	---G-G---GGAAA-GGGGCTATA
AGJ_ML.95ML84	-TC--A-AG---G-----T---	C--T-C-T-----A-A-	---G-A---AA-GGAGCTATA
AJU_BW.98-2117	-T--A-AG---G-----T---	C--T-C-C-----GG-A-	---G---A-----C-?AA
BF_BR.93BR029	-T--A---GT-----T---	C--T-----A	---G---GA-----GG-?AA
MO_CM.97CAMP645MO	ATG--A---T-C---	CT--TT-C-----A-A-GA-	---G---A---TCC-----C-?AA
O_CM.ANT70	AAG--ACAG--A-----T---	G-A--A-AGG-GG-----A-	---CCCG--C--G--C-----G-TG-C-?AA
O_CM.MVP5180	AAG--AACA--A-----T---	GT--A--GG-A-----A-	---TC-GG-A-G-----C-A-TG-C-?AA
N_CM.YBF30	-T-CA--AG---AG-GC--ACAGGGGAAGAGATG-AGG	-C-----AG-GA-	---G--CTCT--CCC-----A-?AA
SIVCPZUS	-A-CAA-A-----GTG--ACA	GG--A-----GAAA	---G--A--G-CC-T-----AGC-?AA
SIVCPZGAB	-ACCA-AG--AGA-----T---	GA--GC-----AA--AAGAGGGAGA	---GAG--G...T-A-----ACC--C-?AA
SIVCPZANT	..-CA--AG--CA-----T---	CAAGAGGACTC--A--GT-TC-A-	---G-GGG---GGAAGTACC-----C-CGTA-?AA
Gag-Pol TF	V W G R D N N S P S E A G A D R Q G T V S F N F P Q V T L W Q R P		Pol
Gag p6 S G V E T T P P Q K Q E P I D K E L Y P L T S L R S L F G N D P		Gag



	Gag CDS end <-	
B_FR.HXB2	TCGTCACAATAAAGATAGGGGGCAACTAAAGGAAGCTCTATTAGATACAGGAGCAGATGATACAGTATTAGAAGAAATGAGTTTGCCAGGAAGATGGAAACCAAAAATGATAGGGGGAATTGGAGGTTTTA	2412
A_CONSENSUS	-T---G---A-----A-G---A-----C-A-A-----A-----A-----C-	1914
A_KE.Q2317	-T---G---GA-----A-G---A-----C-A-A-----A-----A-----C-	1870
A_SE.UGSE8891	-T---G---GA-----AATG-A---A-----T-A-A-----A-----A-----C-	1614
A_SE.TZSE8538	-T---G---AG---A-A-G---A-----C-A-A-----A-----G-----C-	1611
A_SE.UGSE6594	-T---G---AG---A-G---GA-----C-A-A-A-----A-----A-----C-	1596
A_SE.UGSE7535	-T---G---A---A-A-G---A-----T---C-A-A-----A-----A-----C-	1629
A_SE.SOSE7253	-T---G---A---T-G---GA-----G---C-A-A-----A-----A-----G-C-	1616
A_SE.SE8131	-T---G---GA-----A-G---A-----C---C-A-A-----A-----A-----C-	1784
A_UG.U455	-T---G---A---A-A-G-G-TA-----C---C-A-A-----A-----A-----A-----C-	1858
A_UG.92UG037	-T---G---A---A-G---AA-----C---C-A-A-----A-----A-----C-	1779
B_CONSENSUS	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-	2499
B_AU.MBC200	-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-	2411
B_AU.MBC925	-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-	2417
B_CN.RL42	-----G---A---T-----C---A-----A-----A-----A-----C-	1799
B_DE.HAN2	-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-	1878
B_DE.D31	-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-	1958
B_ES.89SP061	-T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-	1970
B_GA.OYI	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-	1955
B_GB.MANC	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-	2358
B_GB.CAM1	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-	2414
B_NL.ACH320A	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----C-	2414
B_TW.LM49	-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-	2411
B_US.SF2CG	-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-	2419
B_US.DH123	-A---AG---A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-	2403
B_US.NY5CG	-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-	2412
B_US.AD8	-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-	2412
B_US.WCIPR18	---T---G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-	1958
B_US.YU2	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-	2410
B_US.JRCSF	-----C---GA-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-	2424
B_US.MN	-T-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-	2427
B_US.BCSG3	-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----C-	1959
B_US.896	-----AG-----A-----T-----C-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----C-	2411
B_US.WEAU160	-----G-----A-----G-----C-----A-----A-----G-A-----A-----A-----C-	2411
B_US.RF	-----G-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----C-	1929
B_US.WR27	-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----C-	1791
C_CONSENSUS	-T---T---AG---C-GA---G---C---C-----A-A-----A-----A-----A-----C-	1937
C_BR.92BR025	-T---AC---AG---A-G---G---C---C-----A-AA-----AT-----A-----G-----C-	1750
C_BW.96BW0402	-T---T---AG---C-GA---G---G---CC-----C-A-A-----A-----A-----A-----C-	1878
C_BW.96BW1104	-T---T---AG---C-GA---G-----C-----C-----A-A-----A-----G-----C-	1772
C_BW.96BW15C02	-T---T---AG---T-A---G---C---C---G---T-----A-----A-----A-----A-----C-	1879
C_BW.96BW0502	-T---T---AG---C-GA---A-G-A-T---C-----A-----A-----A-----A-----A-----C-	1905
C_BW.96BW16B01	-T---T---AG---C-GG---G---C---C-----A-A-A-----A-----A-----A-----C-	1878
C_BW.96BW1210	-T---T---AG---C-GA---C-----C-----C-A-A-----A-----A-----A-----C-	1784
C_BW.96BW17B03	-T---T---AG---C-GA---G---T-----C-----C-A-A-----A-----A-----A-----C-	1757
C_BW.96BW01B03	-T---T---GAG---C-GA---G---C---C-----A-A-----A-----A-----A-----T-----C-	1878
C_ET.ETH2220	-T---T---A---A-G---G---C---C-----A-A-----A-----A-----A-----A-----C-	1804
C_IN.301999	-T---T---AG---C-GA---GA---G---C---C-----G-A-A-----A-----A-----A-----G-----C-	1791
C_IN.21068	-T---T---GAG---C-GA---A-G---C---C---G-----G-A-----A-----G-----A-----C-	1763
C_IN.301905	-T---T---GAG---C-GA---A-G---C---C-----G-A-A-----A-----A-----A-----A-----C-	1763
C_IN.301904	-T---T---GAG---C-GA---A-GA---C---C---G-----G-A-A-----A-----A-----A-----A-----C-	1763
C_IN.11246	-T---T---GAG---C-GAC---GA---G---C---C---G-----G-A-A-----A-----A-----A-----A-----C-	1754
D_CONSENSUS	-T-----A-G-----A-A-----A-A-----A-A-----A-A-----A-----A-----C-	2428
D_UG.94UG114	-T---G-----A-G-----A-A-----A-A-----A-A-----A-A-----A-----G---C-----C-	1767
D_CD.NDK	-T-----A-G-----A-A-----A-A-----A-A-----A-A-----A-----G-----C-	1947
D_CD.ELI	-T---G-----A---A-G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-	1958
D_CD.Z2Z6	-T---T---A-----A-G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-	2415
D_CD.84ZR085	-T-----A-G---A-----C-A-A-----A-----AG-----A-----A-----C-	1934

	Gag CDS end <-	
B_FR.HXB2	TCGTCACAATAAAGATAGGGGGGCAACTAAAGGAAGCTCTATTAGATACAGGAGCAGATGATACAGTATTAGAAGAAATGAGTTTGCCAGGAAGATGGAAACCAAAAATGATAGGGGGAATTGGAGGTTTTTA	2412
F_CONSENSUS	-A-----?AG-----A G---?---?	1749
F1_BE.VI850	-A-----A-----A GA-----G-----	1749
F1_BR.93BR020	-A-----GAG-----A G-----	1740
F2_CM.MP255C	-A---G---GAG-----G---G---T-----G-----	1608
F2_CM.MP257C	-A-----AG---A-----G---G-----G-----	1620
F1_FI.FIN9363	-A-----A-----A G-----	1741
F1_FR.MP411	-A---C---GAG-G---A G---G-----	1614
G_CONSENSUS	-A---G---A-----A G---TA---C---C-----?	2401
G_BE.DRCBL	-A---A-G---GA-----A G---TA---C---C-----	2376
G_FI.HH87932	-A---G---A-----A G---TA---C---C---G-----G---C---A-AG---A---A---	1813
G_NG.92NG083	-A---G---A-----A G---TA---C---C-----C-----G---G---A---A---A---	1781
G_SE.SE6165	-A---G---A-----A G---TA---C---C-----C-----	1809
H_CONSENSUS	-T---G---A---A---A GT---G---G-----?	1796
H_BE.VI991	-A---G---A---A---A GT---G---G-----C---A---A---	1801
H_BE.VI997	-T---G---A---A---A GT---G---G-----C---A---T---	1736
H_CF.90CF056	-T---T---G---A---A---A GT---G---G-----G---A---G---A---	1759
J_SE.SE91733	-T---G---GA-----G---G-----C-----AG---A---A---	1727
J_SE.SE92809	-T---G---GA-----G---G-----C---AGAC---C---A---	1726
K_CM.MP535C	-T---G---AG-----A GT---GA-----	1608
K_CD.EQTb11C	-T---G---AG-----A GT---GA-----A---A---G---A---	1608
CRF01_AE_CONSENSUS	-T---G---A---A---A G---G---A-----T---A---A---	2428
CRF01_AE_CF.90CF402	-T---G---AG-----A G---G---A-----C-----	2448
CRF01_AE_TH.93TH253	-T---G---A---A---A G---A-----T---A---A---	2399
CRF01_AE_TH.CM240	-T---G---A---A---A G---G---A-----T---A---A---	1986
CRF02_AG_CONSENSUS	-A---T---G---GA-----A G---TA---C---C-----	1944
CRF02_AG_DJ.DJ263	-A---T---G---A---A---A G---TA---C---C-----	1760
CRF02_AG_DJ.DJ264	-A---G---GA-----A G---TA---C---C-----	1761
CRF02_AG_NG.IBNG	-A---T---G---GA---A---A G---TA---C-----C---A---A---A---	1937
CRF03_AB_RU.KAL153	-T---G---GA-----A G---A-----C---A---A---A---	2181
CRF04_cpx_CONSENSUS	-T---G---A---A---A GA---G---G---T-----	2411
CRF04_cpx_CY.94CY032	-T---G---AC-----A GA---G---G---T-----	1778
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-T---G---A---A---A G---GA---G---T-----	2426
CRF04_cpx_GR.97PVCH	-T---G---A---A---A A---G---G---T-----T---A---A---	2429
AC_IN.21301	-T---T---GAG-----C GAC---A G---C---C-----	1764
AC_RW.92RW009	-T---G---A---A---A T G---GA-----	1744
AC_SE.ETSE9488	-T---G---GA-----A A G---A-----C-----T---A---A---	1608
AC_ZM.ZAM184	-T---G---A---AA---A G---G---A-----G-----C---A---C---	1773
ACD_SE.SE8603	-A---A-G---A-----A G---A-----	1731
AD_SE.KESE7108	-T---G---A---A---A G---A---T-----	1611
ADH_NO.NOGLL3	-T---G---AG---A---A G---A-----C-----	2422
ADU_CD.MAL	-T---G---GAG---A---A G---A-----C-----	1987
AG_NG.92NG003	-A---G---GA-----A G---TA-----C---A---A---A---	1779
AGU_CD.Z321B	-A---G---A---A---A G---C---TA-----C---A---AA---A---	1626
AGJ_AU.BFP90	-A---G---GA-----A G---TA---C---C-----C---A---A---A---	2440
AGJ_ML.95ML84	-A---G---GGA---A---A G---TA---C---C-----C---A---A---A---	1655
AJU_BW.98-2117	-A---T---C---GAG---C---GG---A-----GAGC-----A---G-----	1799
BF_BR.93BR029	-T---G---GAG-----C GAC---A G---C---C-----	1764
MO_CM.97CAMP645MO	-A---T---G---GA-----A G---TA-----C---A---A---A---	1786
O_CM.ANT70	-A---T---GC---GAG-T---C---TGT---T-T-GC-G-----C---C---A-CA-C---ACAA---GA---A-----T---A---	2467
O_CM.MVP5180	-A---GC---G-T---T---T---TGT---G---T---C-G-----G-----A-TA-C---ACAA---AGA-----C---T---A---C---	2442
N_CM.YBF30	-A---G---A---AAAG---G---GA---T-----T-----A---GC---ACAA---AGAG---A-----A---A---	2006
SIVCPZUS	-C---G---AG---CA---GA---GTA---T---C---T---AG---CA-C---ACAAA-TGA---G-C---G-----G-----G---	2472
SIVCPZGAB	-A---C---G---AG---AA---TGT---T-GC-----T-----A---GAG---ACAA---A---A---CTT-----A---	2473
SIVCPZANT	-GA-GGA-G-TCTC---CA---A---AA-TGTC-G-----T---C---G---G---TCA---A---AC-----G-----CA---T---T-----G-----	1851
Gag-Pol TF	L V T I K I G G Q L K E A L L D T G A D D T V L E E M S L P G R W K P K M I G G I G G F	Pol
Gag p6	_S_S_Q_\$ Gag CDS p6 end	



B_FR.HXB2	TCAAAGTAAGACAGTATGATCAGATACTCATAGAAATCTGTGGACATAAAGCTATAGGTACAGTATTAGTAGGACCTACACCTGTCAACATAAATTGGAAGAAATCTGTTGACTCAGATTGGTTGCACCTTTAA	2544
A_CONSENSUS	---G---A-----T-----T---A-A-G-----A-----C-----T-----	2046
A_KE.Q2317	---G---A---A-----T-----T---GA-A-G-----CA-----T-----	2002
A_SE.UGSE8891	---AG-----T-----T---GA-A-G-----A-----T-----	1746
A_SE.TZSE8538	---G---A-----TCT---T---A-A-G-----A-----C-----T-----	1743
A_SE.UGSE6594	---G---A---A-----T-----T---A-A-G-----A-----C-----T-----	1728
A_SE.UGSE7535	---G---A-----G---T-----T---A-A-G-----G-----A-----C-----T-----	1761
A_SE.SOSE7253	---G---A-----T-----T---A-A-G-----A-----A-----T---C---	1748
A_SE.SE8131	---T---A-----T-----T---A-A-G-----G-----A-----C-----T-----	1916
A_UG.U455	---T-----T-----T---A-A-GA-----G-----A-----T-----	1990
A_UG.92UG037	---G---AG-----T-----T---A-A-G-----G-----A-----C-T-----T-----	1911
B_CONSENSUS	-----	2631
B_AU.MBC200	-----	2543
B_AU.MBC925	-----	2549
B_CN.RL42	-----C-----C---C-----	1931
B_DE.HAN2	-----G-----	2010
B_DE.D31	-----C-----	2090
B_ES.89SP061	-----A---G-----	2102
B_GA.OYI	-----	2087
B_GB.MANC	---G-----	2490
B_GB.CAM1	-----C-----	2546
B_NL.ACH320A	-----C-----	2546
B_TW.LM49	-----C-----	2543
B_US.SF2CG	-----C---CTG-----	2551
B_US.DH123	-----G---CTG-----T-----	2535
B_US.NY5CG	-----C-----	2544
B_US.AD8	-----C-----	2544
B_US.WCIPR18	-----TG-----C-----	2090
B_US.YU2	-----C---A-----	2542
B_US.JRCSF	-----C---T---G-----	2556
B_US.MN	-----AC---G-----	2559
B_US.BCSG3	-----C-----	2091
B_US.896	-----G---GA-----A-----	2543
B_US.WEAU160	-----G---C-----	2543
B_US.RF	---G---A-----	2061
B_US.WR27	-----C-----A-----T-----	1923
C_CONSENSUS	-----A---T-----T---A-A-G-----A-----C---A---T---AC---	2069
C_BR.92BR025	-----A---T-----T---A-A-G-----C-----CA-----C---A---AC---	1882
C_BW.96BW0402	-----A---A-----T---C---A-A-G-----A-----A---C---A---AC---	2010
C_BW.96BW1104	-----A---CT-----T---A-A-G-----A-----C---A---AC---	1904
C_BW.96BW15C02	-----A---T-----T---A-A-G-----A-----G---A---C---A---AC---	2011
C_BW.96BW0502	-----A---G-T-----T---A-A-G-----A-----C---A---AC---	2037
C_BW.96BW16B01	-T-----A---A---ACT-----T---A-A-G-----A-----A---A---AC---	2010
C_BW.96BW1210	-----A---G-T-----T---A-A-G-----T-----A-----AC---A---AC---	1916
C_BW.96BW17B03	-----A---A---G-----T---A-A-G-----CA-----C---C-T---C---	1889
C_BW.96BW01B03	---G---A-----A---T-----T---A-A-G-----C-G-----C-----A-----C---A---AC---	2010
C_ET.ETH2220	-T-----G---A---A---A-----T---A-A-G-----C-----C---CA-----C---AC---A---	1936
C_IN.301999	---G---A-----A---CT-----T---A-A-G-----C---G-----C---A---AC---	1923
C_IN.21068	-----A---GG-A---C-----T---A-A-G-----A-----C---A---AC---	1895
C_IN.301905	-----A---A---CT-----T---A-A-G-----G---A-----C---A---AC---	1895
C_IN.301904	-----A---A---CT-----T---A-A-G-----C-----A-----C---A---AC---	1895
C_IN.11246	-----A---A---CT-----T---A-A-G-----C-----A-----C---A---AC---	1886
D_CONSENSUS	-----A-----T-----C-----C-----	2560
D_UG.94UG114	-----A---C-T-----	1899
D_CD.NDK	-----A-----T-----G-----	2079
D_CD.ELI	-----A---C-----G-----G-----C-----	2090
D_CD.Z2Z6	-----A-----G-----T-----C-----C-----	2547
D_CD.84ZR085	-----C-----G-----C-----T-----C-----C-----	2066

B_FR.HXB2	TCAAAGTAAGACAGTATGATCAGATACTCATAGAAATCTGTGGACATAAAGCTATAGGTACAGTATTAGTAGGACCTACACCTGTCAACATAAATTGGAAGAAATCTGTTGACTCAGATTGGTTGCACCTTTAA	2544
F_CONSENSUS	-----A-----?-----?-----T-----C-----?-----G-----G-----A-----A-----?-----	1877
F1_BE.VI850	-----A-----A-C-----T-----C-G-----G-----G-----A-----A-----T-----	1881
F1_BR.93BR020	-----A-----AGC-----T-----C-G-----G-----G-----A-----C-----T-----C-----	1872
F2_CM.MP255C	-T-----A-----A-C-----T-----A-G-----G-----G-----A-----C-----T-----	1740
F2_CM.MP257C	-----A-----AG-TC-----T-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----	1752
F1_FI.FIN9363	-T-----A-----C-----T-----C-----C-----G-----G-----G-----A-----A-----T-----	1873
F1_FR.MP411	-----A-----A-AC-----T-----T-----C-G-----G-----G-----G-----A-----	1746
G_CONSENSUS	-----A-----T-----TA-----A-A-G-----G-----A-----A-----G-----A-----?	2532
G_BE.DRCBL	-----A-----T-----TA-----A-A-GG-----G-----A-----T-----G-----A-----	2508
G_FI.HH87932	-----A-----T-----TA-----A-A-G-----G-----A-----A-----T-----	1945
G_NG.92NG083	-----A-----T-----TG-----A-A-G-----G-----A-----T-----G-----A-----	1913
G_SE.SE6165	-----A-----AG-CT-----TA-----A-A-G-----G-GA-----A-----G-----A-----	1941
H_CONSENSUS	-----G-----AG-GC-----T-----A-A-G-----T-----G-----A-A-----A-----C-----	1928
H_BE.VI991	-----A-----G-AG-GC-----T-T-----A-A-G-----A-----G-----A-A-----A-G-----C-----	1933
H_BE.VI997	-----A-----AG-GC-----T-----A-A-G-----T-----G-----A-A-----A-----C-----	1868
H_CF.90CF056	-----G-----AG-GC-----T-----A-A-G-----T-----G-----A-A-----A-----C-----	1891
J_SE.SE91733	-----G-----A-G-G-C-----TGAG-----A-A-G-----A-----CA-----C-----T-----	1859
J_SE.SE92809	-----A-----A-CG-G-----TGAG-----A-A-G-----G-A-----G-CA-----C-----T-----	1858
K_CM.MP535C	-----A-----AG-T-----T-----A-G-----C-----C-----T-----	1740
K_CD.EQTB11C	-----A-----AG-TGT-G-----T-----G-A-G-----G-----G-----CA-----G-----T-----	1740
CRF01_AE_CONSENSUS	-G-----G-A-----T-----T-----A-A-G-----C-----A-----T-----	2560
CRF01_AE_CF.90CF402	-----A-----T-----T-----GA-A-G-----G-----C-C-----C-G-CA-----T-----	2580
CRF01_AE_TH.93TH253	-G-----G-A-----T-----T-----A-A-G-----C-----A-----T-----C-----	2531
CRF01_AE_TH.CM240	-G-----AG-A-----T-----T-----A-A-G-----C-----A-----T-----	2118
CRF02_AG_CONSENSUS	-----T-----T-----T-----A-A-G-C-----C-----A-----T-----	2076
CRF02_AG_DJ.DJ263	-T-----T-----T-----A-A-G-C-----C-----A-----T-----	1892
CRF02_AG_DJ.DJ264	-----A-----T-----T-----A-G-C-----T-----C-----A-----T-----	1893
CRF02_AG_NG.IBNG	-----A-----A-----T-----T-----A-A-G-C-----C-----A-----T-----	2069
CRF03_AB_RU.KAL153	-G-----A-----T-----T-----A-A-G-----G-----C-----A-----C-----T-----	2313
CRF04_cpx_CONSENSUS	-----A-----CT-----T-----A-A-G-C-----C-----A-----C-----T-----	2543
CRF04_cpx_CY.94CY032	-----A-----CT-----T-----A-A-G-C-----C-----G-----C-CA-----C-----T-----	1910
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-----A-----ACT-----T-----A-A-G-----C-----G-----C-----C-----C-----T-----	2558
CRF04_cpx_GR.97PVCH	-G-----A-----T-----T-----A-A-G-C-----C-----G-----C-----C-----T-----	2561
AC_IN.21301	-----A-----A-TCT-----T-----A-A-G-----C-----G-A-----C-----A-----AC-----	1896
AC_RW.92RW009	-G-----A-----A-----T-----T-----A-A-G-----T-----A-----C-----T-----	1876
AC_SE.ETSE9488	-----AG-----T-----T-----A-A-G-----C-----A-----C-----T-----	1740
AC_ZM.ZAM184	-----A-----G-T-----T-----A-A-GG-C-----C-G-----A-----GT-----C-----T-----	1905
ACD_SE.SE8603	-----G-----A-----A-----G-----T-----A-A-G-----T-----CA-----C-----T-----	1863
AD_SE.KESE7108	-G-----A-----R-----T-----T-----A-A-G-----G-C-----C-----A-----T-----	1743
ADH_NO.NOGIL3	-----A-----A-----T-----T-----A-A-G-----A-----G-----C-----A-----T-----	2554
ADU_CD.MAL	-----A-----A-----T-----TGAA-----GA-A-G-----G-----C-----A-----A-----T-----	2119
AG_NG.92NG003	-----A-----A-----T-----TG-----A-A-A-G-----G-----A-----G-----A-----T-----	1911
AGU_CD.Z321B	-----A-----A-----T-----TG-----A-A-A-G-----G-----A-----G-----A-A-----T-----	1758
AGJ_AU.BFP90	-----A-----A-----T-----G-T-----A-A-G-----G-----A-----C-CA-----C-----T-----	2572
AGJ_ML.95ML84	-T-----A-----A-----T-----G-T-----A-A-G-----G-----A-----C-CA-----C-----T-----	1787
AJU_BW.98-2117	-----A-G-T-----A-----G-TGAG-----A-A-G-----G-----G-A-----A-----C-----G-T-----C-----	1931
BF_BR.93BR029	-----A-----C-----T-----G-----C-----G-----A-----C-----C-----C-----	1896
MO_CM.97CAMP645MO	-----A-----A-----T-----T-----A-A-G-----G-----C-----A-----G-----T-----	1918
O_CM.ANT70	-A-----A-G-A-----A-TG-GACAG-----AGAA-----AGGG-G-TACAG-----A-----G-G-----T-----T-T-T-----A-A-----AGGAT-A-----T-AC-----	2599
O_CM.MVP5180	-A-----A-G-----A-CA-TG-GACAG-----G-ACAA-----A-GG-----TACAG-----A-----G-G-----T-----T-T-TC-----G-----CA-A-----AGGAT-A-----T-AC-----	2574
N_CM.YBF30	-----G-----A-----A-T-----ACAG-----C-ACAG-----AGA-----AG-T-----A-----T-T-T-A-----T-A-----C-----T-----	2138
SIVCPZUS	-A-----A-----A-----CG-CAAT-----AGAG-----AGA-----ACAG-----T-----T-----G-----A-----A-A-T-T-----C-G-----A-T-A-A-A-----A-T-----	2604
SIVCPZGAB	-----C-A-----A-T-----A-TG-----A-----G-AGAA-----GAGA-----TAG-----G-----A-----A-----A-T-----A-T-----A-AT-G-----T-----C-G-----	2605
SIVCPZANT	-TTCC--CA-----A-CA-AG--C--C--TG-A-ACAGG-C--TAC--CA-----C-GT-G-----A-AC--A-A-----T-A-A-T-----G-T--ATG--TTT-A--A--T-----	1983
Protease	I K V R Q Y D Q I L I E I C G H K A I G T V L V G P T P V N I I G R N L L T Q I G C T L	Pol

Protease end \ / Pol p66 and p51 Reverse Transcriptase (RT) start

B_FR.HXB2	ATTTTCCATTAGCCCTATTGAGACTGTACCAGTAAAATTAAAGCCAGGAATGGCCCAAAAAGTTAAACAATGGCCATTGACAGAGAAGAAAAATAAAGCATTAGTAGAAATTTGTACA.....GAGA	2670
A_CONSENSUS	---C-A---T-----G-----AC-----?-	2171
A_KE.Q2317	---C-A---T-----G-----AC-----A-	2128
A_SE.UGSE8891	---A---T-----C---A-----G-A-----AC-----G-----A-	1872
A_SE.TZSE8538	---C-A---T-----C---A-----T-----GG-----AC-----A-	1869
A_SE.UGSE6594	---C-A---T-----G-----AC-----A-	1854
A_SE.UGSE7535	---C-A---T-----G-----AC-----A-	1887
A_SE.SOSE7253	---C-A---T-----G-----AC-----A-	1874
A_SE.SE8131	---C-A---T-----A-----G-----AC-----A-	2042
A_UG.U455	---A---T-----A-----A---A-----G-----AC-----AT-----A-	2116
A_UG.92UG037	---C-A---T-----AGT-----A---A-----GGA-----AC-----G-----T-----A-	2037
B_CONSENSUS	-----T-----A-----GTTATG-----A-	2763
B_AU.MBC200	-----T-----A-----A-----A-----A-----A-	2669
B_AU.MBC925	-----T-----A-----A-----A-----T-GTTATG-----A-	2681
B_CN.RL42	-----T-----A-A-----A-----A-----A-----A-	2057
B_DE.HAN2	-----T-----A-----A-----A-----A-----A-	2136
B_DE.D31	-----T-----A-----A-----A-----A-----A-	2216
B_ES.89SP061	-----T-----A-----A-----A-----C-----A-	2228
B_GA.OYI	-----T-----A-----G-----T---A-----A-----A-	2213
B_GB.MANC	---A---T-----A-----C-----A-----A-----A-	2616
B_GB.CAM1	---T---T-----A-----G-----A-----A-----A-	2672
B_NL.ACH320A	-----T-----A-----A-----A-----A-----A-	2672
B_TW.LM49	-----T-----T-----T-----T---C---A-----A-----A-	2669
B_US.SF2CG	---C---T-----T-----A-----G-----G-----T---G-----AC---G---A-----A-	2677
B_US.DH123	-----T-----A-----G-----T-----G-----AC-----A-----A-	2661
B_US.NY5CG	-----T-----A-----A-----A-----A-----A-	2670
B_US.AD8	-----T-----A-----A-----A-----A-----A-	2670
B_US.WCIPR18	-----T-----A-----A-----A-----C-----A-----A-	2216
B_US.YU2	-----T-----A-----A-----A-----A-----A-	2668
B_US.JRCSF	-----T-----A-----C-----A-----A-----A-	2682
B_US.MN	-----T-----A-----A-----A-----A-----A-	2685
B_US.BCSG3	-----T-----A-----A-----A-----A-----A-	2217
B_US.896	-----T-----A-----T-----G-----A-----A-----A-	2669
B_US.WEAU160	-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----A-	2669
B_US.RF	-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----A-	2187
B_US.WR27	-----T-----A-----A-----A-----A-----A-	2049
C_CONSENSUS	---A---T---C---A-----G-----G-----AC---C---GA-----A-	2195
C_BR.92BR025	---A---T---C---A-----G---C-----T-----G-----AC---C---GAT-----A-	2008
C_BW.96BW0402	---A---T---C---A-----G-----G-----G-----G-----AC---C---GA-----A-	2136
C_BW.96BW1104	---C---A---T---A-----C-----G---G-----G-----G-----AC---C---GA-----A-	2030
C_BW.96BW15C02	---A---T---C---A-----G-----G-----G-----G-----AC---C---GA-----A-	2137
C_BW.96BW0502	---A---T---T-----G-----A-----A-----G-----AC---C---GA-----A-	2163
C_BW.96BW16B01	---A---T---C---A-----G-----G-----G-----AC---C---GA-----A-	2136
C_BW.96BW1210	---A---T---G---A---A-----A-----A-----G-----AC---C---GA-----A-	2042
C_BW.96BW17B03	---A---T-----A---A-----G-----G-----G-----AA---C---A---GA-----A-	2015
C_BW.96BW01B03	---A---T-----A-----G-----G-----G-----AC---C---GA-----A-	2136
C_ET.ETH2220	---C---A---T---C---A-----C-----G-----G-----AC---C---GA-----A-	2062
C_IN.301999	---A---T---C---A-----G-----G-----G-----AC---C---GAT-----A-	2049
C_IN.21068	---A---C---T---C---A-----G-----G-----AC---C---GAT-----A-	2021
C_IN.301905	---A---C---T---C---A-----G-----G-----A-----G-----AC---C---GAT-----A-	2021
C_IN.301904	---A---C---T---C---A-----G-----G-----A-----G-----AC---C---GAT-----A-	2021
C_IN.11246	---A---C---T---A-----C-----G-----A-----G-----AC---AT---AT-----A-	2012
D_CONSENSUS	---A---T-----A-----G-----G-----C---A-----T-----AC-----A-	2686
D_UG.94UG114	---A---T-----A-----G-----G-----C---A-----T-----AC-----A-	2025
D_CD.NDK	---A---T-----A-----A-----A-----A-----AC-----A-	2205
D_CD.ELI	---A---T-----A-----A-----A-----A-----AC-----T-----A-	2216
D_CD.Z2Z6	---A---T-----A-----A-----A-----A-----AC-----A-----A-	2673
D_CD.84ZR085	---C---A---T-----A-----G-----A-----AC-----T-----A-	2192

Protease end \ Pol p66 and p51 Reverse Transcriptase (RT) start		
B_FR.HXB2	ATTTTCCATTAGCCCTATTGAGACTGTACCAGTAAATAAGCCAGGAATGGCCCAAAAGTTAAACAATGGCCATTGACAGAGAAGAAAAATAAAGCATTAGTAGAAATTTGTACA.....GAGA	2670
F_CONSENSUS	-----A-----T-----A-----G-----G-----AC-----A-----?-----	2002
F1_BE.VI850	-----AG-----T-----A-----G-----G-----AC-----A-----CT-----A-----	2007
F1_BR.93BR020	-----A-----T-----A-----G-----G-----AC-----A-----TG-----A-----	1998
F2_CM.MP255C	-----A-----T-----A-----A-----GG-----C-----AC-----C-----	1866
F2_CM.MP257C	-----A-----A-----T-----A-----G-----G-----C-----AC-----C-----	1878
F1_FI.FIN9363	-----A-----T-----A-----C-----G-----A-----G-----AC-----G-----A-----T-----	1999
F1_FR.MP411	-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----AC-----A-----T-----	1872
G_CONSENSUS	-----A-----T-----A-----G-----GG-----G-----AC-----A-----A-----	2658
G_BE.DRCBL	-----A-----T-----A-----G-----G-----CGG-----G-----AC-----AT-----	2634
G_FI.HH87932	-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----C-----AC-----A-----	2071
G_NG.92NG083	-C-----A-----A-----T-----A-----GG-----G-----AC-----A-----C-----	2039
G_SE.SE6165	-----A-----T-----A-----GG-----G-----AC-----A-----A-----	2067
H_CONSENSUS	-----A-----T-----A-----G-----G-----AC-----T-----A-----	2054
H_BE.VI991	---G-----A-----T-----A-----C-----G-----C-----AC-----TT-----A-----	2059
H_BE.VI997	-----A-----T-----A-----A-----GG-----A-----G-----AC-----TG-----A-----	1994
H_CF.90CF056	-----A-----T-----A-----G-----G-----ACG-----G-----	2017
J_SE.SE91733	-----A-----T-----A-----A-----AC-----C-----G-----AC-----	1985
J_SE.SE92809	-----A-----T-----A-----A-----AC-----C-----G-----A-----	1984
K_CM.MP535C	-----A-----T-----A-----G-----A-----AC-----G-----A-----	1866
K_CD.EQTb11C	-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----AC-----A-----	1866
CRF01_AE_CONSENSUS	---C-----A-----T-----C-----C-----A-----G-----G-----AC-----A-----	2686
CRF01_AE_CF.90CF402	---C-----A-----T-----C-----C-----A-----G-----G-----AC-----A-----	2706
CRF01_AE_TH.93TH253	---C-----A-----T-----C-----C-----A-----G-----G-----AC-----A-----	2657
CRF01_AE_TH.CM240	---C-----A-----T-----C-----C-----A-----G-----G-----AC-----A-----	2244
CRF02_AG_CONSENSUS	-----A-----T-----A-----C-----G-----G-----AC-----C-----C-----	2202
CRF02_AG_DJ.DJ263	-----A-----T-----A-----C-----G-----G-----G-----AC-----C-----	2018
CRF02_AG_DJ.DJ264	-----A-----T-----A-----C-----G-----G-----AC-----C-----C-----G-----	2019
CRF02_AG_NG.IBNG	-----A-----T-----A-----G-----G-----AC-----C-----A-----	2195
CRF03_AB_RU.KAL153	-----A-----A-----T-----A-----C-----G-----A-----G-----AC-----C-----AG-----	2439
CRF04_cpx_CONSENSUS	-----?-----T-----A-----G-----G-----C-----AC-----A-----A-----	2668
CRF04_cpx_CY.94CY032	-----A-----T-----A-----G-----G-----C-----AC-----G-----A-----C-----	2036
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-----G-----T-----A-----G-----T-----G-----G-----C-----AG-----A-----A-----	2684
CRF04_cpx_GR.97PVCH	-----A-----T-----A-----G-----G-----T-----AC-----A-----A-----	2687
AC_IN.21301	-----A-----T-----C-----A-----G-----G-----AC-----C-----GAT-----	2022
AC_RW.92RW009	---C-----A-----T-----GC-----G-----G-----AG-----A-----A-----	2002
AC_SE.ETSE9488	-----A-----T-----C-----A-----G-----G-----AC-----C-----T-----	1866
AC_ZM.ZAM184	-----A-----A-----T-----A-----G-----G-----AC-----G-----A-----	2031
ACD_SE.SE8603	-----A-----T-----A-----G-----G-----A-----A-----	1989
AD_SE.KESE7108	---C-----A-----T-----G-----G-----G-----AC-----A-----A-----	1869
ADH_NO.NOIIL3	-----A-----T-----A-----G-----G-----AC-----TT-----A-----	2680
ADU_CD.MAL	-----A-----T-----A-----G-----GG-----AC-----A-----T-----	2245
AG_NG.92NG003	-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----AC-----C-----T-----	2037
AGU_CD.Z321B	-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----AC-----C-----A-----	1884
AGJ_AU.BFP90	-----A-----T-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----AC-----A-----A-----	2698
AGJ_ML.95ML84	-----A-----T-----C-----A-----GA-----A-----A-----G-----AC-----A-----	1913
AJU_BW.98-2117	-----A-----T-----ACA-----T-----G-----A-----G-----G-----C-----GAC-----T-----	2057
BF_BR.93BR029	-----A-----T-----A-----G-----GG-----G-----AC-----A-----A-----	2022
MO_CM.97CAMP645MO	-----A-----T-----A-----C-----A-----C-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----	2044
O_CM.ANT70	---C-----C-----T-----A-----C-----A-----CCC-----A-----G-----C-----A-----A-----A-----CC-----AT-----TA-----G-----G-----C-----GAC-----C-----A-----CAG-----	2725
O_CM.MVP5180	---C-----T-----A-----T-----C-----A-----CCC-----A-----G-----GC-----A-----A-----A-----CC-----AT-----TAG-----G-----G-----C-----ACT-----C-----A-----CA-----	2700
N_CM.YBF30	-----A-----A-----T-----A-----A-----G-----A-----T-----AC-----G-----G-----AG-----C-----A-----A-----	2264
SIVCPZUS	---T-----C-----T-----A-----A-----G-----A-----T-----G-----A-----G-----C-----T-----G-----AC-----C-----CA-----	2730
SIVCPZGAB	TG---C-----A-----TT-----A-----A-----C-----C-----G-----A-----T-----G-----A-----G-----C-----AT-----C-----T-----G-----C-----AC-----CA-----	2731
SIVCPZANT	-----A-----TAAAG-----A-----A-----G-----C-----T-----AGA-----A-----G-----A-----GC-----CT-----A-----G-----G-----CC-----AA-----GAT-----A-----T-----	2109

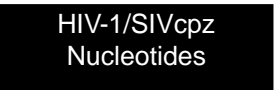
Protease N F P I S P I E T V P V K L K P G M D G P K V K Q W P L T E E K I K A L V E I C T . . . E Pol
 Protease end / Pol p66 and p51 Reverse Transcriptase (RT) start

B_FR.HXB2	TGGAAAAGGAAGGGAAAAATTTCAAAAATTTGGGCCTGAAAATCCATACAATACTCCAGTATTTGCCATAAAGAAAAAGACAGTACTAAATGGAGAAAATTAGTAGATTTCCAGAGAACTTAATAAGAGAACTC	2802
A_CONSENSUS	A T C G G C A A	2303
A_KE.Q2317	A T C G G C A A	2260
A_SE.UGSE8891	A C T C G G T G C A A	2004
A_SE.TZSE8538	A C C A T C A G G C A A	2001
A_SE.UGSE6594	A G T A G A C G G C A A	1986
A_SE.UGSE7535	A C A T C G G C A A	2019
A_SE.SOSE7253	A G T A T C G G C A A	2006
A_SE.SE8131	A T GA GA G G C A A	2174
A_UG.U455	A T G C G C A A	2248
A_UG.92UG037	GA A G A T G C T G C A A	2169
B_CONSENSUS	A G T G	2895
B_AU.MBC200	A G T G	2801
B_AU.MBC925	A T G	2813
B_CN.RL42	C G A	2189
B_DE.HAN2	G A	2268
B_DE.D31	C T A	2348
B_ES.89SP061	A C T A	2360
B_GA.OYI	G C A	2345
B_GB.MANC	C T	2748
B_GB.CAM1	A	2804
B_NL.ACH320A	T G	2804
B_TW.LM49	T T C A	2801
B_US.SF2CG	A T G C	2809
B_US.DH123	A T GA G C	2793
B_US.NY5CG	A G G C	2802
B_US.AD8	G T	2348
B_US.WCIPR18	G C T	2800
B_US.YU2	A G G A	2814
B_US.JRCSF	A G T G	2817
B_US.MN	A G C	2349
B_US.BCSG3	A G T C	2801
B_US.896	A G T C	2801
B_US.WEAU160	A C T	2319
B_US.RF	A G CA T	2181
B_US.WR27	G A A T C G C A	2327
C_CONSENSUS	G A A T C A G G G G C A	2140
C_BR.92BR025	G G A A T C A G G G G C A T	2268
C_BW.96BW0402	G A A T C A G G G G G C A	2162
C_BW.96BW1104	G A A T C A G G G G G C A	2269
C_BW.96BW15C02	G A A T C A G G G G G C A	2295
C_BW.96BW0502	G A A T C A G G G G G C A	2268
C_BW.96BW16B01	G A A T C A G G G G G C A	2174
C_BW.96BW1210	G A G A T C A G G G G C A	2147
C_BW.96BW17B03	G A A T C A G G G G G C A	2268
C_BW.96BW01B03	G A CA T C A G G G G C A	2194
C_ET.ETH2220	GC A A G C T C A G G G G C A	2181
C_IN.301999	G G A A A T C A A G G G G C A	2153
C_IN.21068	G A A T C A A G G G G C A	2153
C_IN.301905	G A A T C A A G G G G C A	2153
C_IN.301904	G A A T C A T A G G G G C A	2144
C_IN.11246	G A A T C A A G G G G C A	2818
D_CONSENSUS	A A G C G	2157
D_UG.94UG114	A A C T A G	2337
D_CD.NDK	A G T A C G	2348
D_CD.ELI	A G T A C G	2805
D_CD.Z2Z6	A G G CA C G	2324
D_CD.84ZR085	A G T A C G	2324

B_FR.HXB2	TGGAAAAGGAAGGGAAAAATTTCAAAAATTTGGGCCTGAAAATCCATACAATACTCCAGTATTTGCCATAAAGAAAAAGACAGTACTAAATGGAGAAAATTAGTAGATTTTCAGAGAACTTAATAAGAGAACTC	2802
F_CONSENSUS	-----A-----A-----?-----A-----	2133
F1_BE.VI850	-----A-----A-----G-----G-----A-----	2139
F1_BR.93BR020	-----A-----A-----G-----G-----A-----	2130
F2_CM.MP255C	-----A-----A-----A-----G-----A-----	1998
F2_CM.MP257C	-----G-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----A-----	2010
F1_FI.FIN9363	-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----T-----C-----A-----	2131
F1_FR.MP411	-----A-----A-----G-----A-----A-----?-----?-----G-----T-----G-----C-----A-----	2004
G_CONSENSUS	-----A-----A-----G-----C-----T-----C-----A-----A-----G-----G-----G-----T-----G-----C-----A-----	2788
G_BE.DRCBL	-----G-----A-----A-----G-----C-----T-----C-----A-----A-----G-----G-----G-----T-----G-----C-----A-----	2766
G_FI.HH87932	-----G-----A-----A-----A-----C-----A-----C-----G-----G-----G-----T-----G-----C-----A-----	2203
G_NG.92NG083	-----G-----A-----A-----T-----C-----A-----C-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----	2171
G_SE.SE6165	-----G-----A-----A-----C-----A-----C-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----	2199
H_CONSENSUS	-----T-----A-----A-----C-----G-----C-----A-----A-----G-----GA-----G-----G-----C-----A-----	2186
H_BE.VI991	-----T-----A-----A-----C-----G-----C-----A-----A-----G-----GA-----G-----G-----C-----A-----	2191
H_BE.VI997	-----A-----A-----C-----G-----A-----G-----GC-----A-----A-----G-----G-----T-----G-----C-----A-----	2126
H_CF.90CF056	-----A-----A-----C-----G-----A-----G-----GC-----A-----A-----G-----G-----T-----G-----C-----A-----	2149
J_SE.SE91733	-----G-----G-----A-----G-----G-----T-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----T-----T-----C-----A-----	2117
J_SE.SE92809	-----G-----A-----A-----G-----G-----T-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----T-----T-----C-----A-----	2116
K_CM.MP535C	-----A-----A-----A-----G-----T-----C-----C-----G-----G-----T-----T-----C-----A-----	1998
K_CD.EQTb11C	-----A-----A-----A-----C-----C-----G-----T-----T-----C-----A-----	1998
CRF01_AE_CONSENSUS	-----G-----A-----A-----C-----T-----G-----C-----C-----G-----G-----C-----A-----	2818
CRF01_AE_CF.90CF402	-----G-----A-----A-----C-----T-----G-----C-----C-----G-----G-----C-----A-----	2838
CRF01_AE_TH.93TH253	-----G-----A-----A-----C-----A-----T-----G-----C-----C-----G-----G-----C-----A-----	2789
CRF01_AE_TH.CM240	-----G-----A-----A-----C-----T-----G-----C-----C-----G-----G-----C-----A-----	2376
CRF02_AG_CONSENSUS	-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----C-----G-----G-----C-----A-----	2334
CRF02_AG_DJ.DJ263	-----G-----G-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----	2150
CRF02_AG_DJ.DJ264	-----G-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----	2151
CRF02_AG_NG.IBNG	-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----	2327
CRF03_AB_RU.KAL153	-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----	2571
CRF04_cpx_CONSENSUS	-----A-----G-----A-----T-----GA-----C-----G-----C-----A-----	2800
CRF04_cpx_CY.94CY032	-----C-----G-----A-----T-----A-----T-----GA-----C-----A-----G-----C-----A-----	2168
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-----C-----A-----G-----C-----GG-----A-----T-----A-----T-----GA-----C-----A-----G-----C-----A-----	2816
CRF04_cpx_GR.97PVCH	-----G-----A-----A-----G-----C-----T-----C-----A-----T-----A-----G-----GA-----C-----G-----G-----C-----A-----	2819
AC_IN.21301	-----G-----A-----A-----G-----C-----T-----C-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----	2154
AC_RW.92RW009	-----A-----G-----A-----A-----C-----T-----C-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----	2134
AC_SE.ETSE9488	-----A-----A-----C-----C-----G-----A-----T-----A-----T-----C-----G-----G-----C-----G-----C-----A-----	1998
AC_ZM.ZAM184	-----A-----A-----C-----C-----G-----A-----T-----A-----T-----C-----G-----G-----C-----G-----C-----A-----	2163
ACD_SE.SE8603	-----A-----A-----G-----A-----T-----A-----T-----C-----G-----G-----C-----G-----C-----A-----	2121
AD_SE.KESE7108	-----A-----A-----A-----A-----GA-----T-----C-----G-----G-----G-----R-----M-----R-----R-----GA-----G-----C-----A-----A-----	2001
ADH_NO.NOIIL3	-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----T-----G-----R-----M-----R-----R-----GA-----G-----C-----A-----A-----	2812
ADU_CD.MAL	-----A-----A-----T-----A-----C-----C-----G-----G-----GA-----G-----G-----GA-----G-----C-----A-----	2377
AG_NG.92NG003	-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----	2169
AGU_CD.Z321B	-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----	2016
AGJ_AU.BFP90	-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----T-----T-----T-----C-----G-----C-----A-----G-----	2830
AGJ_ML.95ML84	-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----C-----G-----C-----A-----G-----	2045
AJU_BW.98-2117	-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----C-----G-----C-----A-----G-----	2189
BF_BR.93BR029	-----A-----A-----A-----A-----C-----T-----T-----T-----T-----C-----G-----C-----A-----G-----	2154
MO_CM.97CAMP645MO	-----A-----A-----AA-----G-----T-----T-----A-----TA-----C-----T-----A-----G-----TG-----G-----T-----G-----T-----A-----A-----	2176
O_CM.ANT70	-----C-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----T-----A-----TA-----C-----T-----A-----G-----TG-----G-----T-----G-----T-----A-----A-----	2857
O_CM.MVP5180	-----C-----A-----A-----C-----G-----A-----A-----T-----T-----A-----TA-----T-----T-----A-----G-----T-----C-----G-----G-----C-----T-----A-----A-----A-----	2832
N_CM.YBF30	-----A-----A-----A-----T-----G-----A-----G-----G-----T-----C-----A-----T-----T-----A-----G-----T-----C-----G-----G-----C-----T-----A-----A-----G-----C-----	2396
SIVCPZUS	-----A-----A-----G-----A-----G-----G-----A-----A-----T-----T-----A-----A-----T-----T-----C-----A-----G-----T-----C-----C-----T-----C-----T-----A-----A-----G-----A-----	2862
SIVCPZGAB	-----A-----A-----G-----A-----G-----G-----A-----A-----T-----T-----A-----A-----T-----T-----C-----A-----G-----T-----C-----C-----T-----C-----T-----A-----A-----G-----A-----	2863
SIVCPZANT	-----A-----GCA-----AAT-----G-----T-----G-----A-----A-----T-----C-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----G-----C-----T-----A-----GC-----T-----T-----A-----A-----A-----	2241
Pol p51 RT	M E K E G K I S K I G P E N P Y N T P V F A I K K K D S T K W R K L V D F R E L N K R T	Pol

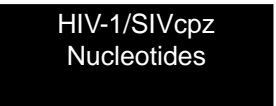
B_FR.HXB2	AAGACTTCTGGGAAGTTCAATTAGGAATACCCACATCCCGCAGGGTTAAAAAGAAAAAATCAGTAACAGTACTGGATGTGGGTGATGCATATTTTTTCAGTTCCCTTAGATGAAGACTTCAGGAAGTATACTG	2934
A_CONSENSUS	-----T-----G-----G-----A-----G-----CC-----A-----G-----C-----T-----AG-----T-----A-----	2435
A_KE.Q2317	-----T-----G-----G-----A-----G-----TC-----A-----G-----C-----T-----C-----G-----T-----A-----	2392
A_SE.UGSE8891	-----T-----G-----G-----A-----G-----TC-----A-----G-----C-----T-----G-----A-----A-----T-----A-----	2123
A_SE.TZSE8538	-----T-----C-----G-----G-----A-----G-----CC-----T-----GAG-----T-----A-----C-----	2133
A_SE.UGSE6594	-----T-----G-----G-----A-----G-----CC-----T-----A-----G-----C-----C-----T-----C-----T-----T-----A-----A-----	2118
A_SE.UGSE7535	-----T-----T-----G-----G-----A-----G-----CC-----T-----A-----T-----G-----C-----C-----T-----C-----G-----T-----A-----	2151
A_SE.SOSE7253	-----T-----G-----G-----A-----G-----C-----G-----A-----G-----C-----A-----AG-----T-----A-----	2138
A_SE.SE8131	-----T-----G-----G-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----A-----AG-----T-----A-----	2306
A_UG.U455	-G-----C-----G-----A-----A-----G-----TC-----A-----G-----C-----T-----AG-----T-----A-----	2380
A_UG.92UG037	-----T-----G-----G-----A-----G-----C-----A-----G-----C-----A-----AG-----T-----A-----	2301
B_CONSENSUS	-----A-----	3027
B_AU.MBC200	-----A-----A-----	2933
B_AU.MBC925	-----T-----	2945
B_CN.RL42	-----C-----C-----C-----C-----T-----A-----	2321
B_DE.HAN2	-----T-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----	2400
B_DE.D31	-----A-----C-----	2480
B_ES.89SP061	-----A-----A-----C-----	2492
B_GA.OYI	-G-----C-----A-----C-----A-----A-----A-----	2477
B_GB.MANC	-----T-----	2880
B_GB.CAM1	-----A-----	2936
B_NL.ACH320A	-----T-----C-----T-----C-----G-----C-----A-----G-----A-----	2936
B_TW.LM49	-----T-----G-----G-----C-----T-----C-----C-----A-----A-----A-----	2933
B_US.SF2CG	-----G-----G-----C-----T-----C-----C-----A-----T-----A-----	2941
B_US.DH123	-----T-----G-----G-----T-----C-----G-----A-----A-----T-----A-----	2925
B_US.NY5CG	-----T-----G-----T-----C-----G-----A-----A-----A-----	2934
B_US.AD8	-----A-----G-----A-----	2934
B_US.WCIPR18	-----G-----G-----A-----A-----	2480
B_US.YU2	-----C-----	2932
B_US.JRCSF	-----A-----	2946
B_US.MN	-----T-----A-----	2949
B_US.BCSG3	-----T-----A-----A-----A-----	2481
B_US.896	-----C-----CG-----C-----A-----A-----A-----C-----	2933
B_US.WEAU160	-----TT-----A-----	2933
B_US.RF	-----G-----T-----G-----T-----A-----G-----	2451
B_US.WR27	-----C-----G-----G-----G-----W-----Y-----N-----GW-----	2313
C_CONSENSUS	-----T-----C-----A-----G-----G-----G-----A-----T-----G-----A-----	2459
C_BR.92BR025	-----T-----G-----C-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----T-----A-----	2272
C_BW.96BW0402	-----T-----G-----C-----A-----G-----T-----G-----T-----AG-----A-----	2400
C_BW.96BW1104	-----T-----C-----A-----G-----G-----G-----T-----AG-----A-----	2294
C_BW.96BW15C02	-----T-----C-----A-----G-----G-----G-----T-----G-----A-----	2401
C_BW.96BW0502	-----T-----C-----A-----G-----G-----A-----G-----T-----G-----A-----	2427
C_BW.96BW16B01	-----T-----C-----A-----G-----G-----G-----T-----G-----A-----	2400
C_BW.96BW1210	-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----T-----AG-----A-----	2306
C_BW.96BW17B03	-----T-----C-----C-----A-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----T-----G-----T-----A-----	2279
C_BW.96BW01B03	-----T-----C-----G-----C-----A-----G-----G-----G-----T-----C-----G-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----	2400
C_ET.ETH2220	-----T-----C-----G-----C-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----C-----T-----GT-----A-----A-----	2326
C_IN.301999	-----T-----T-----C-----C-----G-----G-----A-----G-----G-----T-----T-----A-----	2313
C_IN.21068	-----T-----T-----C-----A-----G-----G-----G-----T-----T-----A-----	2285
C_IN.301905	-----T-----T-----C-----A-----G-----G-----G-----T-----T-----A-----	2285
C_IN.301904	-----T-----T-----A-----C-----A-----G-----G-----G-----T-----T-----A-----	2285
C_IN.11246	-----T-----T-----C-----A-----G-----G-----G-----T-----T-----A-----	2276
D_CONSENSUS	-----T-----G-----T-----C-----	2950
D_UG.94UG114	-----T-----C-----T-----C-----C-----C-----C-----T-----A-----A-----C-----	2289
D_CD.NDK	-----T-----G-----G-----T-----C-----G-----C-----C-----T-----T-----A-----C-----	2469
D_CD.ELI	-----T-----G-----G-----T-----C-----G-----T-----T-----A-----C-----	2480
D_CD.Z2Z6	-----T-----G-----G-----C-----C-----A-----A-----T-----A-----C-----	2937
D_CD.84ZR085	-----T-----G-----T-----A-----G-----G-----A-----C-----A-----TG-----T-----C-----	2456

B_FR.HXB2	AAGACTTCTGGGAAGTTCAATTAGGAATACCACATCCCGCAGGGTTAAAAAGAAAAAATCAGTAAACAGTACTGGATGTGGTGTGATCATATTTTTCAGTTCCCTTAGATGAAGACTTCAGGAAGTATACTG	2934
F_CONSENSUS	---T-T---G-----T-----G-----G-----A-G-?------C-----	2264
F1_BE.VI850	---T---G-----T-----G-----G-----A-G-T---A-----C-----	2271
F1_BR.93BR020	---T-T---G-----G---A-----G-----G-----A-G-T-----C-----	2262
F2_CM.MP255C	---T-T---G-----C-T-----G-----G-----A-G-G-----A-C-----	2130
F2_CM.MP257C	---T-T---G-----C-T-----G-----G-----A-G-----C-----	2142
F1_FI.FIN9363	---T-T---G-----T-----G-----G-----A-T-----C-----	2263
F1_FR.MP411	---T-T---T-----T-----G-----A-----G-----A-G-G-----C-----	2136
G_CONSENSUS	---G-C-----T---?-G-----?-A-----G-----?-T-A-----C-----	2917
G_BE.DRCBL	---G-C-C-----T---GG-----C---G-----A-----G-----T---A-T-A-A-----	2898
G_FI.HH87932	---C-----T---T-G-----C---G-----A-----G-----C-----AGT-T-A-----A-----	2335
G_NG.92NG083	---G-C-----T-C---G-----G-----G---A---A---C-----A---T-A-----	2303
G_SE.SE6165	---G-C-----T---T-----T-----A-----G-----T---A-----	2331
H_CONSENSUS	---G-----A---A-----T-----G-----C-T-----A-----	2318
H_BE.VI991	---A-G-----A---A-----G---T-----G-G-----C-T---C-----	2323
H_BE.VI997	---G-----A---A-----T-----G-----C-T-----A-----	2258
H_CF.90CF056	---G-----C-A-----T-----G-----C-T---A---A---A-----	2281
J_SE.SE91733	---G-----A---A-----C-----G-----C-T---T-----T-----	2249
J_SE.SE92809	---G-----A---A-----C-----G-----C-T---T-----T-----A-----	2248
K_CM.MP535C	---G-----A---A-----A-----G-----C-T---A-----	2130
K_CD.EQTB11C	C-----G-----A---A-----A-----G-----C-T---A---T-----	2130
CRF01_AE_CONSENSUS	-G---T-----G---A---T-----A---A-----T---AG-T-A-----	2950
CRF01_AE_CF.90CF402	-G---T-----G---A---TC-----A---A---C-----T---G-T-A-----	2970
CRF01_AE_TH.93TH253	-G---T-----G---A---T-----G---A---A---A-----T---AG-T-A-----	2921
CRF01_AE_TH.CM240	-G---T-----G---A---T-----A---A-----T---AG-T-A-----	2508
CRF02_AG_CONSENSUS	---G-C-----T---G-A-----A-----C---A---T-A-----	2466
CRF02_AG_DJ.DJ263	---C---G-C-----T---G-A-----A-----C---A---T-A-----	2282
CRF02_AG_DJ.DJ264	---G---C-----C---T---G-A-----A-----C---A---T-A-----	2283
CRF02_AG_NG.IBNG	---T---G-C-G---T---G-A-----G---A-----G---A---T-A-----	2459
CRF03_AB_RU.KAL153	---C-T-----T-----C-----	2703
CRF04_cpx_CONSENSUS	-G---G---A---A-----T---G-----CC-G-----C-----	2932
CRF04_cpx_CY.94CY032	-G---G---C-A-----G-----T---G-----CC-G-----C-----	2300
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-G---G---A---A-----T---G-----CC-G-----C-----	2948
CRF04_cpx_GR.97PVCH	-G---G---A---A-----T---G-----CC-CG-----C-----	2951
AC_IN.21301	---T-T---C-----C-A-----G-----G-----T---T---A-----A-----	2286
AC_RW.92RW009	---T---C-----G---C-A-----G-----G-----C-C---T---GAG-----A-----	2266
AC_SE.ETSE9488	-G---G---A---T-----G---A-----G-C-----C---T---A---T-A-----	2130
AC_ZM.ZAM184	---G---A---A---G-----A---A-----G-C-----C---C---A---A-----	2295
ACD_SE.SE8603	---G---A---G-C-G-----A---A-----G-C-----C---AG-T-A-----	2253
AD_SE.KESE7108	---T---G---C---G---A---G-TC-----A---A-----G-C-----T---C---A---T-A-----	2133
ADH_NO.NOGIL3	---T-T---T---G-G-----T---G-----G-----C---C---T---A-----	2944
ADU_CD.MAL	---T-T---T---T---G-----C---T-----G-----G-----C---T---T---A-----	2509
AG_NG.92NG003	---G-C-----C---T-----G-----G-----A---C-----A---T-A-----A-----	2301
AGU_CD.Z321B	---T---G-A-G---C---GA-----G-----A---A-----C-----T-A-----C-----	2148
AGJ_AU.BFP90	---T---T---T---G-G-----G-----T---G-----A---C-----A-A-T-A-----	2962
AGJ_ML.95ML84	---T---C-T-T---G-G---G-----T---G-----GC---A---T-A-----	2177
AJU_BW.98-2117	---T-T---T---G-G-----T---G-----T-A---G---T---A-T---A-T-----C-----	2321
BF_BR.93BR029	---G---G-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----	2286
MO_CM.97CAMP645MO	---G-C-T-C-----T---T---G-----G-A-----AA---G-----G-GT-T-A-----	2308
O_CM.ANT70	---G---A---GC---T-C-----G-GG-T---G---GC-A---GC---T-T---CT-A---A---T---C---TG-----CCC-T-T-A-A-----	2989
O_CM.MVP5180	---T---G---G---T-T---A---GG-T---GC-A---GGC---T-T---CT-A---A---T---C---TGC-T---CC---T-T-A-A---C-----	2964
N_CM.YBF30	---T-T---G---GC---T---A---A---GC-----G---TT---A---A---T---C---TG---G---CA---T-T-A---A-----	2528
SIVCPZUS	---G---C---C-A---A---G-----G-----C---A---A---G---C---TTG---AC-G---A-G-A---T-A---C-A-----	2994
SIVCPZGAB	---T---G---C---T-C-A-----G-----G---T-A---A---A---C---C---TTG---C-G---A---T---A-----	2995
SIVCPZANT	---T-T---GA-A-----T-T---A---C---A---GC-A---G-----G---T---A---A---C---C---CA-A-----C-G---T-A---A-----	2373
Pol p51 RT	Q D F W E V 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 P L D E D F R K Y T	Pol



B_FR.HXB2	CATTTACCATACCTAGTATAAACAATGAGACACCAGGGATTAGATATCAGTACAATGTCTCCACAGGGATGAAAGGATCACCAGCAATATCCAAAGTAGCATGACAAAAATCTTAGAGCCCTTTAGAA	3066
A_CONSENSUS	---C-----C-----A-C-G-----G-----G-----C---T	2567
A_KE.Q2317	---C-----C-----C-----AG-C-G-----G-----G-----C---T	2524
A_SE.UGSE8891	-G--C-----C-----A-C-----G-----G-----T-----C---G	2255
A_SE.TZSE8538	-G--C-----C-----C-----A-C-G-----G-----GT-G-----G-----C---T	2265
A_SE.UGSE6594	---C-----C-T---C-----A-C-G-----Y-----G-----G-----C---T	2250
A_SE.UGSE7535	-G--C-----C-----C-----A-C-G-----G-----G-----G-----C---G	2283
A_SE.SOSE7253	---C-----C-----AG-C-G-----G-----G-----G-----C-C-T	2270
A_SE.SE8131	---C-----C-T---A-----A-C-G-----G-----G-----G-----C---T	2438
A_UG.U455	-G--C-----C-----AG-C-G-----G-----G-----G-----C---T	2512
A_UG.92UG037	---C-----C-----A-C-G-----G-----G-----GGCC-----C---T	2433
B_CONSENSUS	-----A-----T-----	3159
B_AU.MBC200	-----A-----T-----	3065
B_AU.MBC925	---C-----T-----	3077
B_CN.RL42	---G-----T-----	2453
B_DE.HAN2	-----G-----A-----	2532
B_DE.D31	-----G-----A-----	2612
B_ES.89SP061	-----C-----	2624
B_GA.OYI	-----G-----T-----	2609
B_GB.MANC	T-----G-----AG-----G-----G-----A-----	3012
B_GB.CAM1	---C-----A-----T-----	3068
B_NL.ACH320A	---G-----A-----C-T-----A-----T-----G-----	3068
B_TW.LM49	-----G-----G-----	3065
B_US.SF2CG	-----G-----CAG-----G-----A-----	3073
B_US.DH123	-----G-----CAG-----G-----G-----A-----	3057
B_US.NY5CG	-----G-----GT-----G-----	3066
B_US.AD8	-----G-----G-----C-----	3066
B_US.WCIPR18	---C-----C-----G-----	2612
B_US.YU2	-----C-----G-----C-----	3064
B_US.JRCSF	-----G-----	3078
B_US.MN	---A-----	3081
B_US.BCSG3	-----C-----	2613
B_US.896	-----A-----	3065
B_US.WEAU160	---A-----A-----	3065
B_US.RF	---A-----C-----A-G-----T-----A-----A---	2583
B_US.WR27	---CMC-----C-----A-G-----A-----C-----T-----CC-----A---	2445
C_CONSENSUS	---C-----A-----A-T-----G-----C-----C---GG	2591
C_BR.92BR025	---C-----A-----A-T-----T-----G-----T-C-----C---GG	2404
C_BW.96BW0402	---C-----TCA-----A-----A-T-----T-----G-----T-----C-C-G-	2532
C_BW.96BW1104	---C-----A-----A-T-----T-----T-----G-----C---G	2426
C_BW.96BW15C02	---C-----A-----A-T-----T-----G-----C---G	2533
C_BW.96BW0502	---C-----A-----A-T-----G-----G-----T-----C---C	2559
C_BW.96BW16B01	---C-----CA-----A-T-----G-----G-----C---G	2532
C_BW.96BW1210	---C-----G-----A-----A-T-----A-----G-----G-----C---G	2438
C_BW.96BW17B03	---C-----A-----A-T-----G-----G-----C-C-GG	2411
C_BW.96BW01B03	-G--C-----A-----A-T-----G-----G-----C---GG	2532
C_ET.ETH2220	---C-----C-----A-----A-T-----C-C-----C-----C-CC-----C---GG	2458
C_IN.301999	-G--C-----G-----A-----A-T-----A-----GGC-----C---GG	2445
C_IN.21068	---C-----A-----G-----A-T-----A-----G-A-----G-----C---GG	2417
C_IN.301905	---C-----G-----A-----A-G-----A-T-----GT-----G-----C---GG	2417
C_IN.301904	---C-----A-----G-----A-T-----G-----G-----C---GG	2417
C_IN.11246	---C-----A-----G-----A-T-----C-----G-----C---GG	2408
D_CONSENSUS	-----G-----	3082
D_UG.94UG114	---C-----C-----A-----A-----A-----	2421
D_CD.NDK	-----G-----C-----	2601
D_CD.ELI	-C-----T-----G-----	2612
D_CD.Z2Z6	-----T-----G-----	3069
D_CD.84ZR085	-----T-----A-----T-----C-----	2588

B_FR.HXB2	CATTTACCATACCTAGTATAAACAATGAGACACCAGGGATTAGATATCAGTACAATGTGCTTCCACAGGGATGAAAGGATCACCAGCAATATTCCAAAGTAGCATGACAAAAATCTTAGAGCCCTTTTAGAA	3066
F_CONSENSUS	---C-----C-----A-----?---C-----A-----T-----C-----C-----?	2394
F1_BE.VI850	---C-----G-C-----T-A-----G-C-----A-----T-----C-----C-----	2403
F1_BR.93BR020	---CC-----CC-----AG-----G-C-----A-----TA-----T-C-----G	2394
F2_CM.MP255C	---G-C-----C-----A-----G-----G-----T-----C-----G	2262
F2_CM.MP257C	---G-C-----C-----A-----G-----G-----T-----T-----C-----	2274
F1_FI.FIN9363	---C-----G-C-----A-----G-C-----A-----G-----T-----C-----	2395
F1_FR.MP411	---C-----C-C-----A-C-----C-----A-G-----T-----T-----C-----G	2268
G_CONSENSUS	---C-T-----?---T-----A-----C-----C-----T-G-----T-----C-----	3048
G_BE.DRCBL	---C-T-----C-T-----A-----C-----C-----T-G-----T-----C-----	3023
G_FI.HH87932	---C-T-----C-T-----C-----C-----A-----C-----T-G-----C-----	2467
G_NG.92NG083	---C-T-----C-T-----T-----A-----C-----T-G-----T-----C-----	2435
G_SE.SE6165	---C-T-----C-T-----T-----G-----A-----T-G-----G-----C-----G	2463
H_CONSENSUS	---C-----C-----T-----T-----G-----G-----C-----C-----	2450
H_BE.VI991	---C-----C-----T-----C-----G-----G-----C-----C-----	2455
H_BE.VI997	---C-----C-----T-----T-----G-----G-----C-----C-----	2390
H_CF.90CF056	---C-----C-----T-----T-----G-----G-----C-----C-----G	2413
J_SE.SE91733	---C-T-----C-----C-----C-----A-----T-GT-----A-A-----G	2381
J_SE.SE92809	---C-T-----C-----C-----C-----A-----T-GT-----A-A-----G	2380
K_CM.MP535C	---C-T-----T-----A-----G-----A-----A-----CA-----C-----	2262
K_CD.EQTB11C	---C-T-----T-----A-----A-----A-----T-----T-----C-----	2262
CRF01_AE_CONSENSUS	---C-----C-----A-C-----G-----G-----G-----C-----	3082
CRF01_AE_CF.90CF402	---C-----C-----AG-C-----G-----G-----G-----C-----G	3102
CRF01_AE_TH.93TH253	---C-----C-----A-C-----G-----G-----G-----C-----	3053
CRF01_AE_TH.CM240	---C-----C-----A-C-----G-----G-----G-----C-----	2640
CRF02_AG_CONSENSUS	---C-T-----G---T-----T-----GGCA-----C-----	2598
CRF02_AG_DJ.DJ263	---C-T-----C---T-----T-----GGCA-----C-----AC-A-----	2414
CRF02_AG_DJ.DJ264	---C-T-----G---T-----T-----GGCA-----C-----	2415
CRF02_AG_NG.IBNG	---T-----G---T-----C-----G---G-----T-----GGCA-----C-----	2591
CRF03_AB_RU.KAL153	---C-----C-----C-----T-----T-----C-----	2835
CRF04_cpx_CONSENSUS	---C-----CC-----A-----T-----T-----C-----	3064
CRF04_cpx_CY.94CY032	---C-----CC-----A-----C-----G-----C-----T-----C-----T	2432
CRF04_cpx_GR.97PVMY	---C-----C-----A-----G-----G-----T-----C-----	3080
CRF04_cpx_GR.97PVCH	---C-----CC-----AG-----T-----TA-----T-----C-----	3083
AC_IN.21301	---C-----C-----A-----A-----T-----GGC-----C-----GG	2418
AC_RW.92RW009	---C-----C-----A-----A-----G-----A-----T-----A-----T-----C-----GG	2398
AC_SE.ETSE9488	---C-----C-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----C-----C-----T	2262
AC_ZM.ZAM184	---C-----C-----A-----A-----G-----A-----G-----T-----G-----T-----C-----T	2427
ACD_SE.SE8603	---C-----C-----A-----A-----C-----G-----G-----T-----G-----C-----T	2385
AD_SE.KESE7108	---G-C-----C-----A-----A-----C-----G-----A-----G-----G-----C-----T	2265
ADH_NO.NOGIL3	---C-T-----T---T-----T-----T-----A-----GT-----A-----C-----G	3076
ADU_CD.MAL	---C-T-----C---T---T-----A-----G-----G-----A-----C-----	2641
AG_NG.92NG003	---C-T-----T-----T-----G---A-----T-----G-----A-----C-----	2433
AGU_CD.Z321B	---C-T-----T-----T-----T-----G-----T-----C-----	2280
AGJ_AU.BFP90	---C-T-----C---T---A-----A-----T-----T-----G-----T-----C-----	3094
AGJ_ML.95ML84	---C-T-----T---T-----T-----A-----A-----T-----G-----T-----T-----C-----	2309
AJU_BW.98-2117	---C-T-----CG-T---T-----G-----A-----A-----GTA-----A-----C-----G	2453
BF_BR.93BR029	---C-----C-----A-----C-----G-----T-----T-----C-----	2418
MO_CM.97CAMP645MO	---C-T-----G---T-----T-----T-----G-----T-----C-----A-----	2440
O_CM.ANT70	---T-C---T---T-----G-G---T-----C-----A---A---C-----C---C---G---A-----T-----T-----TCA-----TC---T---A---C---G	3121
O_CM.MVP5180	---C-C---T---T-----G-G---T-----C-----AG-A---C-----C---C---G---A---G-----T-----C-----T---G---TCA-----G---TC---T---A---C---G	3096
N_CM.YBF30	---T-----C-----T---T-----C-----T-----G-----A---C-----G-----T-----T---G---CA-----TC---A---A---C---G	2660
SIVCPZUS	---C-----C-----G-----C-----A-----C-----T-----T---A---A---C-----G-----T-----G---C---T-----TC---T-----	3126
SIVCPZGAB	---A---T---C-----T-----C-----AG-----A---T-----TT-G---A-----G---T---T---T---C-----C---T-----TC---A---C---C---G	3127
SIVCPZANT	---T-C---A---T---A---CG-G-----C-----A---A-----TGT---T-----T---A---A---C-----G---T---T---T---GCA-----C---G-----CA---A---C---G	2505
Pol p51 RT	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 A I F Q S S M T K I L E P F R	Pol

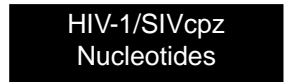


B_FR.HXB2	AACAAAATCCGACATAGTTATCTATCAATACATGGATGATTTGTATGTAGGATCTGACTTAGAAATAGGGCAGCATAGAACAAAAATAGAGGAGCTGAGACAACATCTGTTGAGGTGGGGACTTACCACAC	3198
A_CONSENSUS	C-A-----A--A-----C-----T-----A-----GCT-----A-----C-----T-----T-----	2699
A_KE.Q2317	C-A-----A-----T-----G-----G-----A-AT-A-GCT-----A-----C-----TT-----	2656
A_SE.UGSE8891	T-----A--A-----C-----TC-----G-----G-----T-----GCT-----A-----T-----GT-----T-----	2387
A_SE.TZSE8538	C-A-----A--A-----C-----T-----A-----GCT-----A-----C-----T-----C-----	2397
A_SE.UGSE6594	C-A-----A-----A-----G-----A-----T-A-TCT-----A-----C-----T-----T-----	2382
A_SE.UGSE7535	--AG-----AG--A-----G-----T-----G-----A-----T-----G-----A-----C-----T-----T-----	2415
A_SE.SOSE7253	T-A-G-----A--A-----C-----G--G-----T-----A-----AA-----A-----T-A-GCT-----A-----C-----T-----T-----	2402
A_SE.SE8131	C-A-G-----A--A-----C-----C-----T-----AA-----A-----T-----GGCT-----A-----C-----GT-----TTT-----	2570
A_UG.U455	C-----C-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----A-AT-A-GCT-----A-----C-----T-C-TT-----C-----	2644
A_UG.92UG037	C-A-----C-----C-----T-----T-----A-----A-----G-----A-AT-A-G-----A--A-AA-----T-----T-----	2565
B_CONSENSUS	-----A-----A-----C-----A-----T-----	3291
B_AU.MBC200	-----A-----A-----C-----A-----T-----	3197
B_AU.MBC925	-----A-----A-----T-----A-----T-----	3209
B_CN.RL42	-----A-----G-----A-----T-----	2585
B_DE.HAN2	-----A-----G-----A-----T-----	2664
B_DE.D31	-----A-----G-----A-----GT-----T-----	2744
B_ES.89SP061	-----C-----A-----A-----T-----	2756
B_GA.OYI	-----A-----A-----T-----	2741
B_GB.MANC	-----G-G-----A-----GT-----A-----T-----	3144
B_GB.CAM1	-----A-----A-----T-----	3200
B_NL.ACH320A	-----T-----A-----T-----	3200
B_TW.LM49	-----A-----T-----G-----A-----A-----T-----	3197
B_US.SF2CG	--G-----A-----AA-----A-----G-----T-----	3205
B_US.DH123	-----A-----A-----TT-----	3189
B_US.NY5CG	-----C-----C-----A-----T-----	3198
B_US.AD8	--G-----C-----A-----T-----	2744
B_US.WCIPR18	-----C-----C-----G-----A-----A-----G-----T-----	3196
B_US.YU2	-----A-----G-----A-----T-----	3210
B_US.JRCSF	-----A-----G-----A-----T-----	3213
B_US.MN	-----A-----G-----A-----T-----	2745
B_US.BCSG3	-G-----G-----C-----G-----T-----A-----A-----GT-----	3197
B_US.896	-----G-----T-----A-----GT-----	3197
B_US.WEAU160	-----C-----A-----T-----T-----A-----G-----A-A-----GT-----	2715
B_US.RF	--C-----A-----A-----T-----A-----G-----A-----A-----T-----	2577
B_US.WR27	-----A-----A-----A-----A-----G-----T-A-G-----A-----A-----T-----	2723
C_CONSENSUS	C-----A-----C-----T-----C-----A-----G-----T-A-G-----A-----A-----T-----	2536
C_BR.92BR025	C-----A-----A-----T-----C-----A-----G-----T-A-G-----A-----A-----T-C-----C-----	2664
C_BW.96BW0402	C-A-----C-----A-----T-----CC-----A-----G-----T-A-G-----T-A-AA-----	2664
C_BW.96BW1104	C-A-----AC-----C-----T-----C-----A-----G-----G-----T-A-A-----T-----A-----T-----	2558
C_BW.96BW15C02	C-AG-----A-----C-----T-----C-----A-----G-----T-A-A-----A-----T-----	2665
C_BW.96BW0502	T-----A-----C-----T-----C-----A-GC-----G-----C-----A-AT-A-G-----C-----A-----T-----	2691
C_BW.96BW16B01	C-----G-----C-----T-----C-----T-----T-----A-----G-----A-T-A-AC-----A-----A-----T-----	2664
C_BW.96BW1210	C-----A-----C-----T-----C-----A-----C-G-----T-A-G-----A-----A-----T-----	2570
C_BW.96BW17B03	C-----C-----A-----C-----T-----C-----A--T-----A-----GG-----A-----T-A-G-G-----A-----A-----T-----	2543
C_BW.96BW01B03	C-T-----A-----C-----T-----C-----C-----A-----C-G-----A-----TCA-A-G-----A-----A-----GT-----	2664
C_ET.ETH2220	CC-CC--C-----A-----T-----C-----A-----G-----CCC-----A-----T-A-G-----A-----A-----T-----	2590
C_IN.301999	C-----A-----C-----T-----C-----A-----G-----A-----AT-A-----A-----T-----	2577
C_IN.21068	C-----A-----C-----T-----C-----C-----A-----G-----A-----T-A-----A-----A-----T-----	2549
C_IN.301905	C-----A-----C-----T-----C-----A-----G-----A-----T-A-----G-----A-----T-----	2549
C_IN.301904	C-----G-----A-----C-----T-----C-----A-----G-----T-A-GG-----A-----A-----CT-----	2549
C_IN.11246	G-----G-----AC-----T-----C-----A-----G-----T-A-G-----A-----A-----T-----	2540
D_CONSENSUS	-----A-----A-----A-----A-----G-----AT-A-G-----A-----T-----	3214
D_UG.94UG114	-----A-----GA-----A-----T-----T-----AT-A-GGG-----C-----C-----A-----T-----	2553
D_CD.NDK	-----A-----A-----A-----T-----AT-A-G-----A-----T-----	2733
D_CD.ELI	-----A-----G-----A-----G-----G-----A-AT-A-G-----A-----T-----G-----	2744
D_CD.Z2Z6	-----A-----A-----A-----T-----AT-A-G-----A-----A-----T-----	3201
D_CD.84ZR085	-----AG-----T-----A-----G-----A-AT-A-G-----A-----G-----	2720

B_FR.HXB2	AACAAAATCCGACATAGTTATCTATCAATACATGGATGATTTGTATGTAGGATCTGACTTAGAAATAGGGCAGCATAGAACAAAAATAGAGGAGCTGAGACAACATCTGTTGAGGTGGGGACTTACCACAC	3198
F_CONSENSUS	C-A-----G-----?-----T-A-G-----AC-AA-----T-----T-----	2525
F1_BE.VI850	TGA---C-----C-----C-----G-----T-A-G-----AC-A-----T-----T-----	2535
F1_BR.93BR020	C-A-----G-----A-----A-----T-A-G-----AC-AA-----T-A-T-----	2526
F2_CM.MP255C	C-A-----A-----C-----G-----G-----T-A-G-----A-AA-----T-----T-----	2394
F2_CM.MP257C	--G-----A-----C-----T-----C-----G-----GG-----T-A-GG-----A-A-----T-----T-----	2406
F1_FI.FIN9363	C-AG-----A-----C-----G-----G-----T-A-G-----AC-AA-----T-----T-----	2527
F1_FR.MP411	C-A-----G-----C-----G-TG-----T-A-GG-----AC-AA-----CT-----T-----	2400
G_CONSENSUS	C-A-----A-G-G-----C-----A-----G-----T-A-G-----A?---?A-----T-----T-----	3178
G_BE.DRCBL	C-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----A-----T-A-G-----AC-A-----T-----T-----	3155
G_FI.HH87932	T-A-----A-G-G-----C-----T-----A-----A-----G-----A-----AT-A-G-----A-----A-----T-----T-----	2599
G_NG.92NG083	C-A-----A-G-G-----C-----A-----G-----T-A-G-----AC-AA-----T-G-----	2567
G_SE.SE6165	C-A-T-----A-G-G-----C-----A-----G-----T-A-G-----A-AA-----GT-----	2595
H_CONSENSUS	---T-A-GA-----T-C-----A-----G-----T-A-GCT-----T-----T-----	2582
H_BE.VI991	---T-AG-GA-----T-C-----A-A-----GA-----A-----T-A-GCT-----T-----T-C-----	2587
H_BE.VI997	---T-A-A-----T-C-----T-----A-----G-G-----T-A-GCT-----T-----T-----	2522
H_CF.90CF056	---T-A-G-----T-C-----A-----G-----T-A-GCT-----T-----AA-----T-----	2545
J_SE.SE91733	--AG-C-A-----C-G-----C-----G-----G-----AA-----G-----A-----GG-----A-A-----T-TA-----	2513
J_SE.SE92809	--AG-C-A-----C-G-----C-----G-----G-----AA-----G-----A-----GG-----A-A-----T-----T-----	2512
K_CM.MP535C	T-A-----A-G-----A-C-----A-----G-----A-C-----A-A-G-----A-AA-----T-----	2394
K_CD.EQTB11C	GGA-----T-G-----T-A-C-----C-----G-----A-----G-----A-A-G-----A-A-----T-----T-----	2394
CRF01_AE_CONSENSUS	T-A-----A-G-----C-----C-----T-----C-----C-----A-----GCT-----A-----C-----T-----T-----	3214
CRF01_AE_CF.90CF402	C-AG-----A-----C-----C-----T-----G-----T-A-GCT-----A-----C-----T-----T-----	3234
CRF01_AE_TH.93TH253	T-A-----A-G-----C-----C-----C-----C-----GCT-----A-----C-----T-----T-----	3185
CRF01_AE_TH.CM240	T-A-----A-G-----A-----C-----C-----T-----C-----A-----GCT-----A-----C-----T-----T-----	2772
CRF02_AG_CONSENSUS	T-A-----G-----G-----C-----T-----A-----G-----G-----T-----G-----AC-AA-----T-----	2730
CRF02_AG_DJ.DJ263	T-A-----G-----A-G-----C-----T-----A-----G-----G-----T-----G-----AC-AA-----T-----	2546
CRF02_AG_DJ.DJ264	T-A-----G-----G-----C-----T-----A-----G-----G-----T-----G-----AC-AA-----T-----	2547
CRF02_AG_NG.IBNG	C-A-----G-----G-----C-----A-----T-----G-----G-----T-----GG-----AC-AA-----T-----	2723
CRF03_AB_RU.KAL153	---G-----G-----G-----A-----G-----C-----T-----CT?-----	2967
CRF04_cpx_CONSENSUS	CCA-C-A-----C-A-C-----G-----A-----G-----A-A-A-G-----A-A-----T-CT?-----	3195
CRF04_cpx_CY.94CY032	TCA-C-A-----C-A-C-----T-----G-----A-----G-----A-A-G-----A-A-----T-C-----	2564
CRF04_cpx_GR.97PVMY	CCA-C-----G-G-C-A-C-----G-----A-----A-A-G-----A-A-A-G-----A-----T-CTTT-----	3212
CRF04_cpx_GR.97PVCH	CCAG-C-A-----C-A-C-----G-----A-----A-----A-----A-A-G-----T-----A-----CT-TA-----	3215
AC_IN.21301	C-----A-----C-----T-----C-----C-----A-----G-----AT-A-G-----A-----T-----	2550
AC_RW.92RW009	C-----C-A-----A-----G-----T-----C-----C-----A-----G-----T-A-G-----A-A-A-----T-----	2530
AC_SE.ETSE9488	C-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----A-----GCT-----A-----C-----GT-----	2394
AC_ZM.ZAM184	C-A-----A-----C-----C-----C-----T-----T-----G-----AT-A-GCT-----T-A-AA-----T-----T-----	2559
ACD_SE.SE8603	C-A-----GA-----C-----C-----T-----T-----A-----GCT-----A-----C-----T-----T-----	2517
AD_SE.KESE7108	C-A-----AC-A-----A-----G-----G-----T-----AT-A-GG-----C-A-A-----T-TA-----	2397
ADH_NO.NOGIL3	C-A-----A-----A-C-----C-----G-----G-----A-A-----A-A-G-----A-A-----T-A-T-----	3208
ADU_CD.MAL	C-A-----A-----C-A-C-----G-----G-----T-----A-A-----A-A-G-----A-AA-----T-----	2773
AG_NG.92NG003	C-G-----A-----G-----G-----A-----C-----C-----G-----AT-A-A-T-----AC-A-----T-----	2565
AGU_CD.Z321B	C-A-----A-----T-G-----A-----A-----G-----T-----G-----AC-AA-----T-----A-----	2412
AGJ_AU.BFP90	T-A-----C-----A-----G-----C-----A-----G-----A-----G-----T-A-G-G-----A-AA-----	3226
AGJ_ML.95ML84	C-A-G-----A-----A-----C-----A-----A-----G-----T-A-G-----A-AA-----T-----	2441
AJU_BW.98-2117	C-A-C-----A-----G-A-C-----A-----A-----G-----A-----AT-A-G-----A-----A-----T-C-----	2585
BF_BR.93BR029	---T-----G-----T-----G-----AT-----G-----T-----	2550
MO_CM.97CAMP645MO	C-A-C-----A-G-G-T-C-----T-----A-----A-----G-C-----A-A-----G-GT-C-AC-AA-----T-----	2572
O_CM.ANT70	G-G-C-C-----AT-----AA-T-G-----G-----CC-A-----A-----T-----CCCC-GACAG-A-----A-GG-T-ATT-----T-----C-A-ATCA-----T-C-T-C-----	3253
O_CM.MVP5180	--AGC-C-----AG-----AA-T-----G-----A-----C-A-----A-----T-----CC-T-G-CAG-A-----AG-GGG-C-ATT-----T-----GG-----T-A-ATCA-----T-----T-C-----	3228
N_CM.YBF30	--GA-C-----G-----A-C-T-C-G-----G-----CC-C-----G-----C-----CA-A-----GAGGC-G-----A-C-T-----G-T-----T-----A-----CT-----G-C-----	2792
SIVCPZUS	---C-----TG-TA-A-----T-----C-----C-----G-----A-----TC-A-CT-----AAA-----GGA-----GG-----ACT-C-----T-----T-C-T-CT-----T-C-T-C-----	3258
SIVCPZGAB	--A-G-----T-----TAC-----T-C-G-----CC-A-----G-----TC-T-----T-AT-A-----A-----GG-G-A-A-A-----T-----C-T-AA-----GT-C-A-C-----	3259
SIVCPZANT	-TA-GT-----CAG---AA-T-----C-C-----TA-G-----TACTGCA-----GA-TG-----AA---T-----T-ACA-GTC-----AGAG-T-----	2637
Pol p51 RT	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 R T K I E E L R Q H L L R W G L T T	Pol

B_FR.HXB2	CAGACAAAAA...CATCAGAAAGAACCTCCATTCCTTTGGATGGGTTATGAACTCCATCCTGATAAATGGACAGTACAGCCTATAGTGCTGCCAGAAAAAGACAGCTGGACTGTCAATGACATACAGAAGT	3327
A_CONSENSUS	-----G...-----T-----A-----C-G-----C-----A-----A-----T-----A-----	2828
A_KE.Q2317	-----G...-----A-----G-----C-G-----C-----A-----A-----T-----A-----	2785
A_SE.UGSE8891	-----G...-----A-----T-----A-----C-----C-----A-----A-C-----A-A-----T-----A-----	2516
A_SE.TZSE8538	-----G...-----A-----T-----A-----C-----C-----AAC-----A-----A-----T-----T-----A-----	2526
A_SE.UGSE6594	---C---G...-----A-----G-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----T-----A-----	2511
A_SE.UGSE7535	-----G...-----G-----C-----A-----GG-----C-----G-----C-----A-----A-----T-----A-----	2544
A_SE.SOSE7253	-----G...-----T-----A-----T-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----T-----A-----	2531
A_SE.SE8131	---C---G...-----T-----A-----C-----G-----C-----A-----AA-----A-----T-----A-----	2699
A_UG.U455	-----G...-----T-----G-----T-----C-----T-----CA-----A-----T-----A-----	2773
A_UG.92UG037	-----G...-----T-----A-----G-----C-----A-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----	2694
B_CONSENSUS	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	3421
B_AU.MBC200	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	3326
B_AU.MBC925	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	3338
B_CN.RL42	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	2714
B_DE.HAN2	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	2793
B_DE.D31	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	2873
B_ES.89SP061	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	2885
B_GA.OYI	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	2870
B_GB.MANC	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	3273
B_GB.CAM1	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	3329
B_NL.ACH320A	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	3329
B_TW.LM49	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	3327
B_US.SF2CG	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	3334
B_US.DH123	---C---G...-----G-----T-----G-----A-----	3318
B_US.NY5CG	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	3327
B_US.AD8	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	3327
B_US.WCIPR18	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	2873
B_US.YU2	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	3325
B_US.JRCSF	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	3339
B_US.MN	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	3342
B_US.BCSG3	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	2874
B_US.896	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	3326
B_US.WEAU160	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	3326
B_US.RF	-G---G...-----G-----T-----G-----A-----	2844
B_US.WR27	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	2706
C_CONSENSUS	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	2852
C_BR.92BR025	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	2665
C_BW.96BW0402	--T---G...-----G-----T-----G-----A-----	2793
C_BW.96BW1104	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	2687
C_BW.96BW15C02	-G---G...-----G-----T-----G-----A-----	2794
C_BW.96BW0502	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	2820
C_BW.96BW16B01	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	2793
C_BW.96BW1210	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	2699
C_BW.96BW17B03	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	2672
C_BW.96BW01B03	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	2793
C_ET.ETH2220	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	2719
C_IN.301999	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	2706
C_IN.21068	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	2678
C_IN.301905	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	2678
C_IN.301904	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	2678
C_IN.11246	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	2669
D_CONSENSUS	-----G...-----G-----T-----G-----A-----	3343
D_UG.94UG114	---T---G...T---C---T---G-----G-----T---AAA-----G---A-----T-----	2682
D_CD.NDK	---T---G...T---C---T---G-----G-----T---AAC-----A-----T-----	2862
D_CD.ELI	---T---G...T---C---T---G-----G-----T---AAA-----G---G-----T-----C---	2873
D_CD.Z2Z6	---T---G...T---C---T---G-----G-----T---AAAT-----G---G-----T-----	3330
D_CD.84ZR085	---T---G...T---C---T---G-----G-----T---ACA-----G---A-----T-----	2849

B_FR.HXB2	CAGACAAAAA...CATCAGAAAGAACCTCCATTCCTTTGGATGGGTTATGAACTCCATCCTGATAAATGGACAGTACAGCCTATAGTGCTGCCAGAAAAAGACAGCTGGACTGTCAATGACATACAGAAGT	3327
F_CONSENSUSC.....G.....?	2653
F1_BE.VI850GC.....G.....CAAT.....C-G.....T.....	2664
F1_BR.93BR020A.....C.....G.....CAAT.....A-C-G.....T.....	2655
F2_CM.MP255CT.....C.....T.....G.....C.....CAAT.....GAG.....T.....	2523
F2_CM.MP257CT.....C.....T.....G.....G.....CAAT.....C-GAG.....T.....	2535
F1_FI.FIN9363T.....C.....G.....G.....CAAT.....C-G.....G-T.....A.....	2656
F1_FR.MP411G.....C.....G.....CAA.....G.....T.....	2529
G_CONSENSUST.....A.....G.....C.....G.....A.....CA.....?.....G-A-?.....T.....A.....	3305
G_BE.DRCBLT-G.....T.....A.....G.....C.....A.....CA.....A-C-G-A-A.....T.....T.....A.....	3284
G_FI.HH87932A.....G.....T.....C.....G.....A.....CA.....G-A.....T.....A.....	2728
G_NG.92NG083T.....A.....G.....C.....G.....A.....CA.....G-AGAT.....T.....A.....	2696
G_SE.SE6165T.....A.....G.....C.....G.....A.....CA.....C-G-A.....T.....A.....	2724
H_CONSENSUSC.....T.....A.....C.....G-AAA.....T.....	2711
H_BE.VI991C.....T.....A.....C.....G-AAAAT.....T.....	2716
H_BE.VI997G.....C.....T.....A.....C.....G-AAA.....T.....	2651
H_CF.90CF056C.....T.....A.....C.....A-G-AAA.....T.....	2674
J_SE.SE91733T.....T.....A.....G.....C.....A.....CA.....AGAT.....T.....A.....	2642
J_SE.SE92809T.....T.....A.....G-T.....C.....C.....CAA.....AGA.....T.....A.....	2641
K_CM.MP535CG.....C.....T.....A.....C.....G.....CAA.....C-G-T.....T.....	2523
K_CD.EQTB11CG.....C.....T.....G.....C.....CAA.....C-G-T.....T.....A.....	2523
CRF01_AE_CONSENSUSG.....G.....A.....C-G.....C.....AA.....T.....A.....	3343
CRF01_AE_CF.90CF402G.....G.....A.....C-G.....C.....AA.....T.....A.....	3363
CRF01_AE_TH.93TH253G.....G.....A.....C-G.....C.....AA.....T.....A.....	3314
CRF01_AE_TH.CM240G.....G.....A.....C-G.....C.....AA.....T.....A.....	2901
CRF02_AG_CONSENSUST.....T.....A.....C.....C.....CA.....T.....A.....	2859
CRF02_AG_DJ.DJ263T.....T.....A.....C.....C.....CA.....T.....A.....	2675
CRF02_AG_DJ.DJ264T.....T.....A.....C.....C.....CA.....T.....A.....	2676
CRF02_AG_NG.IBNGG.....T.....T.....C.....G-AA-A.....T.....A.....	2852
CRF03_AB_RU.KAL153T.....T.....CAA-G.....G-T.....T-C.....	3096
CRF04_cpx_CONSENSUSC.....T.....G.....C.....G.....CAA-G.....G-T.....T-C.....	3324
CRF04_cpx_CY.94CY032C.....T.....G.....C.....G.....CAA-C-G.....G-T.....C-T-C.....	2693
CRF04_cpx_GR.97PVMYC.....C.....T.....G.....C.....G.....CAA-GT.....G-G.....T-C.....	3341
CRF04_cpx_GR.97PVCHC.....C.....T.....G.....C.....G.....CAA.....G-T.....T-C.....	3344
AC_IN.21301G-G.....C.....T.....G.....C.....CA.....G-T.....T.....	2679
AC_RW.92RW009G.....T.....G.....T.....C.....A.....CA.....G-T.....T.....	2659
AC_SE.ETSE9488A.....C.....T.....G.....C.....G-C.....CA.....C.....T.....A.....	2523
AC_ZM.ZAM184A.....C.....T.....G.....C.....G.....CA-A.....G-T.....T.....	2688
ACD_SE.SE8603G.....C.....T-G.....A.....C-G.....C-AT.....A.....T.....A.....	2646
AD_SE.KESE7108C-G.....T.....A.....G.....G.....AAA.....G-A.....T.....A.....	2526
ADH_NO.NOGIL3G.....C.....T.....G.....G.....C.....G.....CAA.....C-G-A.....T.....A.....	3337
ADU_CD.MALG.....C.....T.....G.....C.....G.....CAA.....C-G-A.....T.....A.....	2902
AG_NG.92NG003T.....T-C.....A.....G.....C.....G.....A.....CA.....A-C.....A.....T.....A.....	2694
AGU_CD.Z321BT-G.....T.....A.....G.....C-G.....G.....A.....CA.....T-G-A.....T.....A.....	2541
AGJ_AU.BFP90T.....C.....T.....G.....C.....G.....CAA-C.....C-G-G.....T.....A.....	3355
AGJ_ML.95ML84T.....G-C.....T.....G.....C.....G.....CAA.....C-G-T.....T.....A.....	2570
AJU_BW.98-2117C.....C.....G.....C.....G.....CAA.....C-G-AGC.....T.....A-A.....	2714
BF_BR.93BR029G.....T.....A.....A.....C.....C.....CA.....T.....A.....	2679
MO_CM.97CAMP645MOG.....A.....G.....C-T-A.....A.....G.....A-C.....T-C-CCAAT.....TA-C-G-TGTG.....A-A.....T.....A-AC.....	2701
O_CM.ANT70T-T.....G.....G.....C-TT-A.....A.....G.....C-A-C-G.....C-CCAAT.....T-C-AGTG.....A-A.....T.....A-A.....	3382
O_CM.MVP5180T-T.....G.....G.....C-G.....A.....A-C.....C.....A-AT-A.....G-TGTA.....A-A.....T.....A-A.....	3357
N_CM.YBF30T-T-G-G.....G-G.....A.....T-A.....C.....A.....G.....C.....CA-T-A.....C.....A-TT.....A.....T-T.....A.....	2921
SIVCPZUST-T-G-G.....G-G.....A.....T-A.....C.....A.....G.....C.....CA-T-A.....C.....A-TT.....A.....T-T.....A.....	3387
SIVCPZGABA-G-G-A-C-TT-A.....A.....G.....C-A-C.....C.....TCAAT-A.....GGTA.....T.....A-AC.....	3388
SIVCPZANTT-T-G-G.....G-G.....A.....T-AA.....A.....GT-A.....A-C.....T.....AAA-AA-A.....GCC-TGAT.....A-T.....C-AC.....	2766
Pol p51 RT	P D K K . H Q K E P 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 D I Q K	Pol



B_FR.HXB2	TAGTGGGGAAATGGAATTGGGCAAGTCAGATTACCCAGGGATTAAAGTAAGGCAATTATGTAAACTCCTTAGAGGAACCCAAAGCACTAACAGAAAGTAATACCCTAACAGAAAGCAGAGCTAGAAGCTGG	3459
A_CONSENSUS	-----A--C-A-----A--TG--A-----A--G-----C--G--G-----TA--G--A--T--G--T--G-----AT-----T---	2960
A_KE.Q2317	-----C-A-----A--TG--A-----A-----C--G--G-----T--G--A--T--G--T--G-----AT-----T---	2917
A_SE.UGSE8891	-----A--C-A-----A--TGT--A-----A--C--G-----C--G--G-----TA--G--A--G--T--G-----AT-----T---	2648
A_SE.TZSE8538	-----A--C-----A--TG-----A--G--G--G--C--G--G-----TA--G--A--T--G--T--G-----A-----T---	2658
A_SE.UGSE6594	-----A--C-A-----A--T--A-----A--G--G--G--C--G--G-----CA--G--GA--T--G--T-----AT-----T---	2643
A_SE.UGSE7535	-----C-A-----A--TG-----A--G-----C--G--G-----TA--G--A--CT--G--T--G-----AT-----T---	2676
A_SE.SOSE7253	-----A--C-A-----A--TG--A-----A--G--C--G--C--G--G-----TA--G--A--G--T--G-----AT-----T---	2663
A_SE.SE8131	-----C-A-----A--TG-----AA--G-----C--G--G-----T-----TA--G--A--T--G--T--G-----A-----T--A---	2831
A_UG.U455	-A--A--C-A-----A--TG-----A--C--G-----T--C--G--G-----TA--G--A--C--G--T-----AT-----T---	2905
A_UG.92UG037	-A--C-A-----A--TG--A-----AA--G-----C--G-----T-----TA--G--A--T--G--T--G-----AT-----T---	2826
B_CONSENSUS	-----A-----TG-----A-----G-----G-----G-----A-----A-----	3553
B_AU.MBC200	-----A-----TG-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----	3458
B_AU.MBC925	-----A-----TG-----A-----A-----G-----A--G-----A-----	3470
B_CN.RL42	-----A--G-----TG-----G--A--G-----A-----G-----G-----A-----	2846
B_DE.HAN2	-----A-----TG-----A-----G--A-----G--C-----A-----A-----	2925
B_DE.D31	-----A-----TG-----A-----G-----G--G-----A-----A-----	3005
B_ES.89SP061	-----A-----TG-----A-----G-----G-----G-----A-----A-----	3017
B_GA.OYI	-----A--A-----TG-----A--A--C-----G-----G-----A-----A-----	3002
B_GB.MANC	-----A--A-----T-----A-----G--G-----T-----A-----A-----T---	3405
B_GB.CAM1	-----A-----C--TG-----A-----A-----G-----G-----G-----A-----A-----	3461
B_NL.ACH320A	-----A-----G-----C-----G-----G-----A-----A-----	3461
B_TW.LM49	-----A-----TG-----A-----T-----G-----G-----A-----	3459
B_US.SF2CG	-----A-----TG-----A--G-----A-----G-----G-----T-----	3466
B_US.DH123	-----A--A-----G-----A-----G-----G--T-----G-----T-----	3450
B_US.NY5CG	-----A-----TG-----A-----T-----G-----T-----G-----	3459
B_US.AD8	-----A-----TG-----A-----A-----G-----G-----G-----	3459
B_US.WCIPR18	-----A-----TG-----A-----C--G--G-----A-----A-----A-----	3005
B_US.YU2	-----A-----TG-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----	3457
B_US.JRCSF	-----A-----A--TG-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----	3471
B_US.MN	-----A-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----	3474
B_US.BCSG3	-----A-----T-----C--G--A--G-----G-----G--A-----G--A-----	3006
B_US.896	-----A-----TG-----A-----A-----G-----G-----A-----G-----	3458
B_US.WEAU160	-----A-----G-----A--C-----G--G-----A-----A-----A-----G-----	3458
B_US.RF	-----A-----TG-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----	2976
B_US.WR27	-----A--A--S-----TG--T-----W-----G-----G-----A-----G-----AT-----T---	2838
C_CONSENSUS	-----A--A--C-----C--T-----G--GG-----CA--G-----T-----AT-----T---	2984
C_BR.92BR025	-----A--A--C-----A-----A--G-----G--G-----CA--G--G-----T-----AT-----T---	2797
C_BW.96BW0402	-A--A--A--C-----G--AA--CC--G-----G--G-----CA--G--G-----G--T-----AT-----T---	2925
C_BW.96BW1104	-----A--A-----C-----G--G-----C--G--G-----CA--G-----CG--T-----AT-----T---	2819
C_BW.96BW15C02	-----A--A-----C-----A-----C--T-----G--G-----TA--G-----T-----AT-----T---	2926
C_BW.96BW0502	-----A--G--A--C-----C-----C--C-----G--GG-----T--G-----T-----AT-----T---	2952
C_BW.96BW16B01	-----A--A--C-----C--T-----G--GG-----C--T-----T-----AT-----T---	2925
C_BW.96BW1210	-----A--A--C-----A--C--T-----A-----G--GT-----C-----CA--G--A-----T-----AT-----T---	2831
C_BW.96BW17B03	-----A--A--C-----G-----A-----C--T-----G--G-----CA--G-----T-----AT-----T---	2804
C_BW.96BW01B03	-----A--A--C-----A-----C--T-----G--GG-----CA--G-----T-----AT-----A---	2925
C_ET.ETH2220	-----A--A--C-----C--G-----G--G-----CA--G--A-----T-----AT-----T---	2851
C_IN.301999	-----A--A--C-----A--C--T-----G-----G--GG-----T-----CA--G-----G--T-----AT--G--T---	2838
C_IN.21068	-----A--A--C-----A-----C--T-----T-----G--G-----CA--G-----T-----AT-----T---	2810
C_IN.301905	-----A--A--C-----A-----C--T-----G--GG-----A-----CA--G-----T-----AT-----T---	2810
C_IN.301904	-G--A--A--C-----A-----C--T-----G--GG-----CA--G-----T-----AT-----T---	2810
C_IN.11246	-G--A--A--C-----A-----C--T-----G--GG-----CA--G-----T-----AT-----T---	2801
D_CONSENSUS	-----A--A--C-----C--T-----A-----G-----G-----CA--G-----T-----AT-----T---	3475
D_UG.94UG114	-----A--A-----C--T-----A-----A-----C--TG-----G--G-----G-----G-----C-----AT-----	2814
D_CD.NDK	-----A--A--C-----C--TG--A-----A-----A-----G-----G-----A-----AT-----	2994
D_CD.ELI	-----A--G--A--C-----C--T-----A-----A-----G-----G-----A-----AT-----	3005
D_CD.Z2Z6	-----A--A--C-----C--T-----A-----G-----G-----A-----AT-----	3462
D_CD.84ZR085	-----A--A-----C-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----AT-----	2981

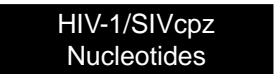
B_FR.HXB2	TAGTGGGGAAATGAATTGGGCAAGTCAGATTTACCCAGGGATTAAAGTAAGGCAATTATGTAAACTCCTTAGAGGAACCCAAAGCACTAACAGAAAGTAATACCCTAACAGAAAGCAGAGCTAGAAGTGG	3459
F_CONSENSUS	---A-A-C-A-----T-----A-----G-G-G-----CA-G-G---G-T-C-----T---T---	2785
F1_BE.VI850	---A-A-C-A-----T-----C-----G-G-G-----CA-G-G---G-T-C-G-----T---T---	2796
F1_BR.93BR020	---A-A-C-A-----T-----AA-----G-G-G-----CA-G-G---G-TAC-----T---T---	2787
F2_CM.MP255C	---A-A-C-A-----T-----G-A-AA-C-----G-----G-G-G-----T-G-G---G-T-C-----G-T---T---	2655
F2_CM.MP257C	---A-A-C-A-----T-----G-----A-C-----G-----G-----T-G-G-T---T-C-----T---T---	2667
F1_FI.FIN9363	---A-A-C-A-C-----N-----T-----G-----G-----G-G-G-----CA-GG-G---G-T-C-----A-TT---T---	2788
F1_FR.MP411	---A-A-A-----T-----A-A-----G-G-G-----CA-G-G---G-T-----T---T---	2661
G_CONSENSUS	---A-C-A-----T-----A-??-----G-GG-----CA-G-?-G---C-----AA-G-GT---	3434
G_BE.DRCBL	---A-C-A-----T-----A-----C-----A-----G-GG-----T-----CA-G-T-A-G---C-----AA-G-GT---	3416
G_FI.HH87932	---A-C-A-----T-----C-----G-GG-----G-----CA-G-----G-T-CG-----AT-G-T---	2860
G_NG.92NG083	---A-C-A-----T-----A-CC-G-----G-GG-----CA-G-C---G-C-----AA-G-G---	2828
G_SE.SE6165	---A-C-A-----T-----C-C-----G-GG-----CA-G-T---G-C-----AA-G-GT---	2856
H_CONSENSUS	---A-C-A-----T-----A-C-----G-GG-----CA-G-----G-A-G-----AT-G-T---	2843
H_BE.VI991	---A-C-A-----T-----A-C-----W-----G-GG-----A-G-----G-TA-G-----AT-G-T---	2848
H_BE.VI997	---A-C-A-C-----T-----C-----G-GG-----C-G-----G-A-G-----AT-G-T---	2783
H_CF.90CF056	---A-C-A-----T-----AAT-----A-C-----G-GG-----T-----CA-G-----G-A-G-----AT-G-T---	2806
J_SE.SE91733	---A-C-A-----A-----T-----A-----A-G-----A-----G-GG-T-----CA-G-----T-G-TAG-----AT-G---	2774
J_SE.SE92809	---A-C-A-----T-----A-----A-C-----A-----GG-T-----CA-G-----T-G-TAG-----AT-G---	2773
K_CM.MP535C	---A-----A-----T-----AA-----G-----G-GT-----CA-G-----T-----T-C-----T---T-A---	2655
K_CD.EQTB11C	---A-----A-----A-A-T-----A-----AA-----G-----GT-----T-----CA-G-----T-C-----T---T-A---	2655
CRF01_AE_CONSENSUS	---A-C-A-----A-----TG-----G-----A-----C-G-----C-G-----G-T-----CA-G-----G-T-----AT---GT---	3475
CRF01_AE_CF.90CF402	---A-C-A-----A-----TG-----G-----C-----G-----C-G-----G-T-----CA-G-A-----G-T-G-----AT---T---	3495
CRF01_AE_TH.93TH253	---A-C-----A-----TG-----G-----A-----C-G-----C-G-----T-----TA-G-----G-T-----AT---GT---	3446
CRF01_AE_TH.CM240	---A-C-A-----A-----TG-----G-----A-----C-G-----C-G-----G-T-----CA-G-----G-T-----AT---GT---	3033
CRF02_AG_CONSENSUS	---A-C-A-----TG-----A-----A-----C-G-----G-----C-G-----G-----T-----TA-G-----G-T-G-----AT---T---	2991
CRF02_AG_DJ.DJ263	---A-C-A-----TG-----A-----A-----C-G-----G-----C-G-----G-----T-----TA-G-----G-T-G-----AT---T---	2807
CRF02_AG_DJ.DJ264	---A-C-A-----TTG-----A-----A-----C-G-----G-----C-G-----G-----T-----TA-G-----G-T-----AT---T---	2808
CRF02_AG_NG.IBNG	---A-C-A-----TG-----A-----A-----A-----C-G-----G-----C-G-----G-----T-----TA-G-G-----G-T-G-----AT---T---	2984
CRF03_AB_RU.KAL153	---A-----TG-----A-----G-----G-----G-----C-----CA-G-----TAC-----T---T-A---	3228
CRF04_cpx_CONSENSUS	---A-C-A-----T-----A-----T-----G-----G-----T-----C-----CA-G-----TAC-----T---T-A---	3456
CRF04_cpx_CY.94CY032	---A-C-A-----T-----A-----T-----G-----G-----T-----C-----CA-G-----TAC-G-----T---T-A---	2825
CRF04_cpx_GR.97PVMY	---A-C-A-----TG-----A-----A-----T-----G-----G-----T-----C-----CA-G-G-----TAC-----T---T-A---	3473
CRF04_cpx_GR.97PVCH	---A-GC-A-----T-----A-----A-----T-----G-----G-----T-----C-----CA-G-----TAC-----T---T-A---	3476
AC_IN.21301	---A-----A-----C-----A-----G-----C-----T-----G-----T-----G-----G-----T-----CA-G-G-----T-----AT---T---	2811
AC_RW.92RW009	---A-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----T-----T-----CA-G-----T-----AT---T---	2791
AC_SE.ETSE9488	---A-C-A-----TG-----A-----AA-----C-G-----G-----G-----T-----T-----T-----G-GA-----G-T-G-----AT---	2655
AC_ZM.ZAM184	---A-G-A-----TG-----A-----C-----G-----G-----GG-T-----T-----CA-G-----G-TA-G-----AT---T---	2820
ACD_SE.SE8603	---G-----A-----C-----A-----TG-----A-----AA-----G-----G-----TG-----G-----G-----A-----T-----G-----AT---	2778
ADH_NO.NOGL13	---G-----A-----C-----A-----C-----TG-----A-----AA-----C-----TG-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----AT---	2658
ADU_CD.MAL	---G-----A-----C-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----CA-G-----T-C-----AT---T---	3469
AG_NG.92NG003	---G-----A-----C-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----CA-G-----T-----T-C-G-----AT---T---	3034
AGU_CD.Z321B	---G-----A-----C-----A-----T-----A-----A-----C-----G-----GG-----CA-G-----G-T-----AT---T---	2826
AGJ_AU.BFP90	---G-----A-----C-----A-----T-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----CA-G-----G-T-C-----AT---	2673
AGJ_ML.95ML84	---G-----A-----C-----A-----T-----A-----A-----T-----C-----G-----G-----A-----CA-G-----T-C-----A---T---	3487
AJU_BW.98-2117	---G-----A-----C-----A-----T-----A-----A-----T-----C-----G-----G-----A-----CA-G-----T-C-----AT---	2702
BF_BR.93BR029	---A-----A-----C-----A-----A-----T-----C-----C-----G-----G-----GG-A-----CA-G-----G-T-C-----AT-G-GT---	2846
MO_CM.97CAMP645MO	---A-----A-----C-----A-----TG-----A-----A-----C-----G-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----G-----AT---	2811
O_CM.ANT70	---A-A-A-GC-A-----A-----C-----T-----A-----A-----G-----G-----AG-----G-----GT-AA-----C-----G-----T-----T-----G-----G-----TT-----GTAG-----G-----G-----T---A---	2833
O_CM.MVP5180	---A-A-A-----A-----A-----C-----T-----A-----A-----G-----AAG-----G-----C-----GT-AA-----C-----T-----T-----G-----G-----TT-----GTA-----G-----A-----T---A---	3514
N_CM.YBF30	---A-A-G-A-----A-----C-----T-----A-----C-----G-----AA-----GC-----C-----T-----AA-----C-----TT-----G-----G-----CAACT-----T-----AT-----A---	3489
SIVCPZUS	---A-----C-----C-----A-----T-----A-----A-----A-----G-----C-----T-----AA-----A-----G-----T-----T-----TG-----AATT-----T-----C-----T-----G-----AA-----G-----GT---A---	3053
SIVCPZGAB	---GA-----A-----G-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----G-----GA-----A-----A-----GAA-----G-----T-----G-----T-----T-----C-----CC-----AT-----T---A---	3519
SIVCPZANT	---A-----A-----A-----C-----A-----C-----ACT-----A-----G-----G-----G-----A-----C-----GT-----GAGT-----TAG-----G-----A-----A-----G-----TAGG-----AT-----T---A---	3520
Pol p51 RT	L V G K L N W A S Q I Y P G I K V R Q L C K L L R G T K A L T E V I P L T E E A E L E L	Pol

B_FR.HXB2	CAGAAAACAGAGAGATTCTAAAAGAA CCAGTACATGGAGTG . . . TATTATGACCCATCAAAGACTTAATAGCAGAAATACAGAAGCAGGGGCAAGGCCAATGGACATATCAAATTTATCAAGAGC	3582
A_CONSENSUS	---G---G-----C-----T-G-----A-----A-A-----A-----A-----T-----	3083
A_KE.Q2317	---G---G-----C-----T-G-----A-----A-A-----A-----A-----T-----	3040
A_SE.UGSE8891	---G---G-----C-----T-G-----A-----A-A-----A-----A-----T-----	2771
A_SE.TZSE8538	---G---G-----CC-----T-G-----A-----C-----T-----A-A-----A-----C-----	2781
A_SE.UGSE6594	---G---G-----C-----T-G-----A-----T-----T-----A-A-----A-----C-----G-----	2766
A_SE.UGSE7535	---G---G-----C-----T-G-----C-----CA-----T-----T-----A-A-----A-----C-----A-----	2799
A_SE.SOSE7253	---G---G-A-----G-C-----T-G-----G-A-----A-----T-A-----T-A-----G-----G-----	2786
A_SE.SE8131	---G---G-----C-----T-G-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----	2954
A_UG.U455	---G---G-----C-----T-G-----A-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----	3028
A_UG.92UG037	---G---G-----T-----C-----T-G-----CA-----G-----A-----A-----A-----T-----	2949
B_CONSENSUS	---G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	3676
B_AU.MBC200	---G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	3581
B_AU.MBC925	---G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	3593
B_CN.RL42	-G---G-A-----G-----T-----G-----G-----G-----T-----C-----	2969
B_DE.HAN2	---G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3048
B_DE.D31	---G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3128
B_ES.89SP061	---G-----G-A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----	3140
B_GA.OYI	---G-----G-----G-----G-----G-----T-----A-----A-----T-----	3125
B_GB.MANC	---G-----G-----T-----C-----C-----C-----A-----A-----	3528
B_GB.CAM1	---G-----G-----T-----C-----C-----C-----A-----A-----	3584
B_NL.ACH320A	---G-A-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----	3584
B_TW.LM49	---G-----C-----A-----CA-----C-----G-----G-----G-----G-----A-----	3582
B_US.SF2CG	---G-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3589
B_US.DH123	---G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3573
B_US.NY5CG	---G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3582
B_US.AD8	---G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3582
B_US.WCIPR18	---G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3128
B_US.YU2	---G-----G-A-----G-----G-----T-----T-----A-----A-----	3580
B_US.JRCSF	---G-----G-----G-----G-----G-----T-----T-----T-----T-----	3594
B_US.MN	---G-----G-A-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----	3597
B_US.BCSG3	---G-----G-A-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----	3129
B_US.896	---G-----G-----G-----A-----GC-----A-----G-----G-----G-----	3581
B_US.WEAU160	---G-----G-A-----G-----GC-----GC-----C-----G-----G-----	3581
B_US.RF	---G-----T-----G-----W-----W-----G-----T-----T-----C-----C-----	3099
B_US.WR27	---G-----G-----W-----W-----G-----T-----T-----A-----W-----	2961
C_CONSENSUS	---G---G-A-----A-----A-----T-----A-----A-----T-A-----C-----A-----	3107
C_BR.92BR025	---G---G-A-----A-----T-----G-----T-----G-----A-----A-----GAA-----C-----A-----	2920
C_BW.96BW0402	---G---G-A-----A-----G-----T-----T-----G-----A-----A-----T-A-----C-----A-----	3048
C_BW.96BW1104	-T---G---G-A-----A-----G-----T-----GG-----T-----T-----A-----GGT-----C-----A-----	2942
C_BW.96BW15C02	---G---G-A-----G-----A-----A-----GG-----T-----A-----A-----G-----C-----A-----	3049
C_BW.96BW0502	---G---G-A-----T-----G-----G-----A-----T-----T-----A-----G-----C-----A-----	3075
C_BW.96BW16B01	---G---T---G-A-----A-----A-----T-----T-----A-----T-----A-----C-----A-----	3048
C_BW.96BW1210	---G---G-A-----A-----T-----T-----T-----A-----T-----A-----C-----A-----	2954
C_BW.96BW17B03	---G---G-A-----CA-----G-----T-----T-----A-----A-----T-----A-----C-----A-----	2927
C_BW.96BW01B03	---G---G-A-----G-----A-----G-----T-----T-----A-----T-----A-----C-----A-----	3048
C_ET.ETH2220	---G---G-A-----G-----A-----T-----T-----T-----A-----A-----T-----A-----T-----T-----C-----A-----	2974
C_IN.301999	---G---G-A-----A-----T-----T-----T-----G-----T-----A-----G-----C-----A-----	2961
C_IN.21068	---G---G-A-----A-----G-----T-----T-----A-----G-----A-----C-----A-----	2933
C_IN.301905	---G---G-A-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----A-----	2933
C_IN.301904	---G---G-A-----A-----G-----T-----T-----A-----G-----A-----G-----C-----A-----	2933
C_IN.11246	---G---G-A-----A-----A-----T-----T-----A-----G-----A-----G-----C-----A-----	2924
D_CONSENSUS	---G---G-A-----A-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----A-----	3598
D_UG.94UG114	---G---G-A-----A-----C-----A-----A-----A-----AT-----A-----A-----	2937
D_CD.NDK	---G---G-A-----C-----A-----A-----A-----G-----C-----C-----A-----	3117
D_CD.ELI	---G---G-A-----T-----C-----A-----A-----C-----C-----C-----A-----	3128
D_CD.Z2Z6	---G---G-A-----A-----A-----A-----C-----C-----C-----A-----	3585
D_CD.84ZR085	---G---G-----G-----A-----G-----T-----A-----A-----T-----A-----	3104

B_FR.HXB2	CAGAAAACAGAGAGATTCTAAAAGAA CCAGTACATGGAGTG . . . TATTATGACCCATCAAAAAGACTTAATAGCAGAAATACAGAAGCAGGGGCAAGGCCAATGGACATATCAAATTTATCAAGAGC	3582
F_CONSENSUS	---G-?-G-----G-----G-A-----G-A-----A-A-----A-A-----?	2906
F1_BE.VI850	--A--T-G-----G-----G-A-----G-A-----A-A-AG-C-G-----GA-C	2919
F1_BR.93BR020	--G-T-G-----G-----G-CA-----G-----G-----A-A-----G-----	2910
F2_CM.MP255C	--G--G--A-----G-----G-A-----G-T-----A-A-----T-AT-----A	2778
F2_CM.MP257C	--G--G--A-----G-----G-A-----T-----A-A-A-C-A-----C	2790
F1_FI.FIN9363	--T-G-----G-----G-A-----T-----C-A-T-----A-A-----A-----C-G	2911
F1_FR.MP411	--G--G-----G-----G-A-----C-G-----A-A-----A-----	2784
G_CONSENSUS	--G--G--A-----T-----C-----A-----G-?-A-A-----T-?-	3555
G_BE.DRCBL	--G--G-----T-----C-----C-----G-----A-A-----T-----G-----	3539
G_FI.HH87932	--G--G-----T-----C-----G-----G-A-A-AA-----A-----C-----	2982
G_NG.92NG083	--G--G--A-----T-----C-----C-----A-----G-----A-A-----C-A-----	2951
G_SE.SE6165	--G--G--A-----T-----C-----A-----A-----G-A-A-A-----T-A-----	2979
H_CONSENSUS	--G--G-----A-----T-----A-----A-----C-A-----	2966
H_BE.VI991	--G--G-----CA-----T-----A-----A-----C-A-----G-----	2971
H_BE.VI997	--G--G-----G-----A-----T-----A-----C-A-----	2906
H_CF.90CF056	--G-----G-G-----A-----A-----T-----A-----C-A-----	2929
J_SE.SE91733	---AG-----G-----G-A-----G-G-A-----G-G-----A-A-A-TG-A-----G-----	2897
J_SE.SE92809	---A-----G-----G-A-----T-G-----A-----G-G-----A-A-----TG-A-----G-----	2896
K_CM.MP535C	--G-----G-----G-----G-A-----C-----A-A-----A-T-A-----A-----	2778
K_CD.EQTB11C	--G-----A-----G-----G-A-----C-----G-----A-----C-----A-----	2778
CRF01_AE_CONSENSUS	--G--G-----ACC-----T-G-----A-----G-----G-----A-A-----G-A-----	3598
CRF01_AE_CF.90CF402	--G--G--A-----ACC-----T-G-----G-A-----G-----G-----A-A-----A-----	3618
CRF01_AE_TH.93TH253	A--G--G-----G-ATC-----T-G-----A-----G-----G-----A-A-----G-A-----	3569
CRF01_AE_TH.CM240	--G--G-----ACC-----T-G-----A-----G-----G-----A-A-----G-A-----	3156
CRF02_AG_CONSENSUS	--G--G--A-----T-----A-----G-----C-----A-A-----A-----	3114
CRF02_AG_DJ.DJ263	--G--G--A-----T-----A-----G-----C-----A-A-----A-----	2930
CRF02_AG_DJ.DJ264	--G--G--A-----T-----A-----G-----C-----A-A-----A-----	2931
CRF02_AG_NG.IBNG	--G--G--A-----T-----G-A-----A-----G-----T-----A-A-----A-----	3107
CRF03_AB_RU.KAL153	---G-----G-----G-----A-----	3351
CRF04_cpx_CONSENSUS	--G--G-----G-CA-----A-----A-----	3579
CRF04_cpx_CY.94CY032	--G--G-----G-CA-----A-----T-----A-----	2948
CRF04_cpx_GR.97PVMY	--G--G-----G-CA-----A-----T-----R-----A-----	3596
CRF04_cpx_GR.97PVCH	--G--G-----G-CA-----C-----A-----A-----A-----	3599
AC_IN.21301	--G-----A-----G-----A-----T-----G-----T-----A-----A-----G-A-----G-----A-----	2934
AC_RW.92RW009	---G--G--A-----T-----G-----A-----T-----A-----A-----T-A-----C-----A-----	2914
AC_SE.ETSE9488	---G--G-----G-C-----T-G-----A-----C-----A-----A-----A-----	2778
AC_ZM.ZAM184	A--G--G-----G-C-----T-----G-A-----C-----T-----A-----A-----T-A-----A-----	2943
ACD_SE.SE8603	--G--G-----C-----T-G-----G-A-----G-----A-----A-----AA-----G-----T-----	2901
AD_SE.KESE7108	---T-G-A-----T-----C-----T-G-----G-A-----T-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----	2781
ADH_NO.NOGIL3	--G--G-----G-----G-A-----T-----A-----G-----	3592
ADU_CD.MAL	--G--G--A-----G-----G-A-----C-----C-----A-----T-----A-A-----TGC-A-----A-----C-----	3157
AG_NG.92NG003	--G--G--A-----T-----C-----C-----A-----T-----A-A-----TG-A-----A-----	2949
AGU_CD.Z321B	--G--G--A-----T-----G-----G-----A-----T-----A-----G-G-----A-A-----T-AA-----A-----	2796
AGJ_AU.BFP90	--G--G--A-----T-----G-----G-A-----G-----G-----A-----T-C-----C-----A-----G-----	3610
AGJ_ML.95ML84	---G--G-----G-----G-----G-A-----T-----TG-----C-----A-----A-----A-----G-----A-----	2825
AJU_BW.98-2117	---G--G-----A-----A-----T-----G-----A-----G-----A-----A-----T-----AT-----C-----	2969
BF_BR.93BR029	---G-----C-----C-----G-----A-----A-----A-----	2934
MO_CM.97CAMP645MO	--G--G--A-----C-----T-----G-----C-----G-----C-----G-----A-----A-----A-----	2956
O_CM.ANT70	AG-----A-GGT-----C-----G-----G-A-----C-----C-A-----TGAT-----G-TC-----TGG-TTA-T-----T-----A-AGGG-AG-----T-C-G-A-----G-AG	3637
O_CM.MVP5180	A-----A-AG-----G-----A-----CC-G-----TGAC-----GTGG-TTAGT-----T-----T-AG-----G-----T-C-GG-A-----G-TG	3612
N_CM.YBF30	---G-----AT-----CC-G-----C-----GG-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----T-----G-----G-----T-----	3176
SIVCPZUS	A-----A-----G-----G-----C-----GA-----A-----G-----G-----A-----A-----AAGGA-T-----G-----C-----T-----A-----	3642
SIVCPZGAB	---T-G-----AG-----GCAC-----G-A-----C-----T-----GAC-----GC-T-----A-----CA-CT-----G-----T-----G-A-T-----G-A-----	3643
SIVCPZANT	A-----T-A-C-A-----C-GC-G-----AA-A-----G-G-----TAC-----C-----C-G-----TGCT-CCAC-----A-----ACC-----A-A-----TC-----A-----C-----A-----A-TG	3021
Pol p51 RT	A E N R E I L K E P V H G V . . . Y Y D P S K D L I A E I Q K Q G Q G Q W T Y Q I Y Q E	Pol

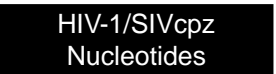
B_FR.HXB2	CATTTAAAAATCTGAAAACAGGAAAATATGCAAGAATGAGGGGTGCCACACTAATGATGTAAAAACAATTAACAGAGGCAGTGCAAAAAATAACCACAGAAAGCATAGTAATATGGGGAAAG...ACTCCTA	3711
A_CONSENSUS	-----A-----AA--TC--T-----G--A-TG-----GG-GGT--TG-----	3212
A_KE.Q2317	-----A-----AA--TC--T-----G-----G--A-TG-----GG-GGT--TG-----	3169
A_SE.UGSE8891	-----G--A-----AA--TC--T-----G-----GT--A-TG-----GG--GT--TG-----T-----	2900
A_SE.TZSE8538	-----T-A-----G-----A--TC--T-----G-----A-TG-----GG-GGT--TG-----	2910
A_SE.UGSE6594	-----A-----G-----AA--TC--TT-----G-----AATG-----G-GGT-----	2895
A_SE.UGSE7535	-----A-----AA--TC--T-----G-----A-TG--A-----GG-GG--TG-----	2928
A_SE.SOSE7253	-----A-----A-----TC--T-----G-----A-TG-----G-GGT--TG-----	2915
A_SE.SE8131	-----G-----AA--A--TC--T-----G-----G--A-TG-----G-GGT--TG-----	3083
A_UG.U455	-----AA--TC--T-----A-TG-----G-GT-----	3157
A_UG.92UG037	-----A-----AA--TC--T-----GG--A-TG-----GG-GGT--TG-----TC-----	3078
B_CONSENSUS	-----G-----G-----	3805
B_AU.MBC200	-----A-----A-----C--A-----A-----G-----	3710
B_AU.MBC925	-----A-----G-----C--A-----A-----G-----T-----	3722
B_CN.RL42	-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----	3098
B_DE.HAN2	-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----	3177
B_DE.D31	-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----	3257
B_ES.89SP061	-----G-----G-----G-----G-----CA-----A-----TC--C-----	3269
B_GA.OYI	-----G-----G-----G-----G-----CA-----A-----TC--C-----	3254
B_GB.MANC	-----G--G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----TC--C-----	3657
B_GB.CAM1	-----G-----A-----A-----A-----G-----G-----	3713
B_NL.ACH320A	-----G-----G-C-----C-----A-----G-----G-----	3713
B_TW.LM49	-----G-----G-----C-----G-----G-----T-----	3711
B_US.SF2CG	-----C-----A-----G-----T-----G-----GT-----	3718
B_US.DH123	-----G-----A-----C-----G-----A-----G-----	3702
B_US.NY5CG	-----G-----A-----A-----C-----G-----G-----	3711
B_US.AD8	-----A-----A-----T-----C-----A-----G-----	3711
B_US.WCIPR18	-----C-----C-----A-----G-----G-----	3257
B_US.YU2	-----C-----C-----A-----G-----G-----	3709
B_US.JRCSF	-----C-----C-----G-----AT-----T-----	3723
B_US.MN	-----C-----C-----G-----T-----A-----A-----	3726
B_US.BCSG3	-----A-----C-----C-----G-----T-----A-----A-----	3258
B_US.896	-----A-----G-----G-----G-----G-----	3710
B_US.WEAU160	-----T--C--W-----G-----C--A-----A-----G-----G-----	3710
B_US.RF	-----T--C--W-----G-----C--A-----A-----G-----G-----W-----G-----	3228
B_US.WR27	-----C-----C-----G-----A-----AC-----G-----G-----G-----TG-----W-----G-----	3090
C_CONSENSUS	-----C-----C-----G-----A-----AC-----G-----G-----G-----TG-----A-----	3236
C_BR.92BR025	-----C-----C-----G-----A-----AC-----G-----G-----G-----CTG-----A-----	3049
C_BW.96BW0402	-----C-----C-----G-----C--A-----AC-----G-----G-----G--A-T-----TG-----	3177
C_BW.96BW1104	-----C-----C-----G-----A-----AC-----G-----G-----G-----T--TG-----T-----	3071
C_BW.96BW15C02	-----C-----C-----G-----G-----A-----AC-----G-----G-----G--T-TG-----	3178
C_BW.96BW0502	-----C-----C-----G-----G-----A-----AC-----G-----G-----G-----CAG-----	3204
C_BW.96BW16B01	-----C-----C-----G-----G-----A-----AC-----G-----G-----G-----TG-----	3177
C_BW.96BW1210	-----T--C-----T--G-----G-----G-----A--T--A--AC-----G-----G-----G-----CAG--T--T-----G-----	3083
C_BW.96BW17B03	-----C-----C-----G-----G-----G--A--A--A--TC--A-----G-----G-----C-----G--T--TG-----	3056
C_BW.96BW01B03	-----C-----C-----G-----G-----A-----AC-----G-----G-----G-----G-----T-----	3176
C_ET.ETH2220	-----C-----A-----G-----G--T-----A-----GAG--AC-----G-----G-----C--T-----G-----G--CTG-----	3103
C_IN.301999	-----C-----A-----G-----G-----A-----AC-----G-----G-----G-----G-----TG-----A-----	3090
C_IN.21068	-----C-----G-----G-----A-----AC-----G-----G-----T-----G-----G-----	3062
C_IN.301905	-----C-----G-----G-----A-----AC-----G-----G-----T-----G-----G-----TG-----	3062
C_IN.301904	-----C-----G-----G-----A-----AC-----G-----G-----T-----G-----G-----TG-----	3062
C_IN.11246	-----C-----G-----G-----A-----AC-----G-----G-----T-----G-----G-----TG-----	3053
D_CONSENSUS	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	3727
D_UG.94UG114	A--A-----G-----G--A-----A-----G-----G-----CA--T--T-----	3066
D_CD.NDK	-----A-----G-----C-----A-----G-----G-----G-----G-----	3246
D_CD.ELI	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----G-----G-----	3257
D_CD.Z2Z6	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----G-----G-----	3714
D_CD.84ZR085	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----G-----G-----	3233

B_FR.HXB2	CATTTAAAAATCTGAAAACAGGAAAATATGCAAGAATGAGGGGTGCCACACTAATGATGTAACAATTAACAGAGGCAGTGCAAAAAATAACCACAGAAAGCATAGTAATATGGGAAAG...ACTCCTA	3711
F_CONSENSUS	-----A-----G-----TC-----A-----G-----G-T-T-----AGA	3038
F1_BE.VI850	-----A-----G-----A-G-----TCG-----A-----A-----G-G-TTT-----G-AGAT-----	3051
F1_BR.93BR020	-----A-----G-----A-----TC-----G-----A-----G-T-TCT-----C-----	3039
F2_CM.MP255C	A-----T-----G-----A-G-A-TC-----A-T-A-----G-----G-----T-----	2907
F2_CM.MP257C	--CA-----G-----G-----A-TC-----G-----A-T-----G-G-----G-----A...GT-----	2919
F1_FI.FIN9363	-----A-----G-----A-----TC-----A-----G-----G-TCT-----A-----	3040
F1_FR.MP411	-----C-A-----G-----A-CA-TC-----A-----G-----T-----GG-G-T-GG-----T-----G-----	2913
G_CONSENSUS	--AC-----A-----G-----A-G-G-TC-----A-T-----G-----G?-----?-----	3682
G_BE.DRCBL	A-----A-----A-GG-G-TC-----G-----A-T-----G-----GG-----A-----T-----	3668
G_FI.HH87932	AC-----A-----A-----G-G-AC-----A-T-----G-----G-----	3111
G_NG.92NG083	AC-----A-----A-----G-G-TC-----A-T-----G-----GG-----C-----T-----	3080
G_SE.SE6165	AC-----A-----G-----A-----G-G-TC-----G-----A-T-----G-----G-----C-----	3108
H_CONSENSUS	--C-----G-----A-----AAC-----A-----A-----G-T-----A...T-----	3095
H_BE.VI991	--C-----G-----A-----TC-----G-----A-T-A-----G-T-----A...T-----	3100
H_BE.VI997	--C-----A-G-----A-----AAA-----G-----A-----A-----G-T-----A...T-----	3035
H_CF.90CF056	-----C-----G-----A-----AAC-----A-----A-----G-T-----A...T-----	3058
J_SE.SE91733	-----C-----G-----A-G-A-----G-----T-C-A-TG-----G-TTG-GC-----G-----A...T-----	3026
J_SE.SE92809	--C-----G-----A-G-A-----G-----A-TG-----G-TTG-GC-----A...T-----	3025
K_CM.MP535C	--CA-----G-G-----A-----ATC-----G-----A-----G-----G-----A...T-----	2907
K_CD.EQTB11C	--A-----T-----G-G-----A-TC-----A-T-----G-G-----TG-----A...T-----	2907
CRF01_AE_CONSENSUS	-----A-----C-----AA-TC-T-----G-----A-TG-----G-G-----C-----	3727
CRF01_AE_CF.90CF402	-----A-----A-----AA-TC-T-----G-----G-----A-TG-----G-G-----C-----	3747
CRF01_AE_TH.93TH253	-----A-----T-C-----AA-TC-T-----G-----A-TG-A-----G-----C-----	3698
CRF01_AE_TH.CM240	-----A-----C-----GAG-TC-T-----G-----A-TG-----G-----C-----	3285
CRF02_AG_CONSENSUS	-----A-----G-----TC-----T-----G-----G-GG-T-----C-----	3243
CRF02_AG_DJ.DJ263	-----A-----A-----G-TC-----G-----T-----G-GGT-----C-----	3059
CRF02_AG_DJ.DJ264	-----A-----A-----G-TC-----T-----G-----G-GT-----C-----	3060
CRF02_AG_NG.IBNG	-----T-A-----A-A-TC-----G-----T-----G-G-T-TG-----C-----	3236
CRF03_AB_RU.KAL153	-----C-----C-----G-----G-----C-----T-----G-----T-----	3480
CRF04_cpx_CONSENSUS	A-----G-G-----A-CC-ATC-----G-----A-----A-----G-G-TG-T-----	3708
CRF04_cpx_CY.94CY032	--CA-----G-G-----CC-ATC-----T-G-----A-----G-G-TG-T-----	3077
CRF04_cpx_GR.97PVMY	--A-----G-G-----A-CC-TC-----G-----A-----A-----G-G-TG-T-----	3725
CRF04_cpx_GR.97PVCH	--A-----G-G-----A-CC-ATC-----G-----A-T-A-----G-G-TG-T-----	3728
AC_IN.21301	--C-----G-G-----A-----AC-----G-----G-----A-----G-----TG-----	3063
AC_RW.92RW009	--C-----G-----A-----AC-----C-----C-----G-----G-----TG-----	3043
AC_SE.ETSE9488	-----A-----G-----A-A-TC-T-----C-----G-----G-----A-TG-----G-GT-TG-----A-----	2907
AC_ZM.ZAM184	-----G-G-----A-----AC-----G-----G-----G-----TG-----	3072
ACD_SE.SE8603	-----A-----G-G-----A-A-TC-T-----T-----G-----A-TG-----G-GGT-TG-----G-----	3030
AD_SE.KESE7108	A-A-----T-----G-G-----A-T-----A-----C-----A-----C-----G-CA-T-T-----	2910
ADH_NO.NOGIL3	A-----T-----G-G-----G-----A-TC-----A-----A-----G-----G-CA-T-----	3721
ADU_CD.MAL	A-----G-----G-----A-A-TC-----A-----A-----G-----G-CA-----A-----	3286
AG_NG.92NG003	--AC-----G-----G-----A-G-G-TC-----G-----A-----A-----G-----G-----A...GT-----	3078
AGU_CD.Z321B	-----C-----G-----T-----G-----AC-----GG-----G-----A-TG-A-----G-T-----G-----	2925
AGJ_AU.BFP90	--CA-----C-----G-G-----A-A-TC-----A-----A-----A-----G-CT-----T-----	3739
AGJ_ML.95ML84	--CA-----C-----G-G-----A-TC-----A-----A-----A-----G-CT-GC-----T-----	2954
AJU_BW.98-2117	--C-----C-----G-----A-G-----C-----T-----G-----G-----A-TG-----G-CT-----G-----	3098
BF_BR.93BR029	--A-----T-----G-----G-----C-----C-----C-----G-----T-----G-----	3063
MO_CM.97CAMP645MO	-----G-----A-----A-----G-----TC-----T-----T-----A-----G-----G-T-----G-----	3085
O_CM.ANT70	A-CA-G-C-C-----G-----A-T-GCAA-A-CCT-----A-----A-----G-----G-----A-T-A-C-G-GG-GT-TCA-TCT--A-T-C-----A...TTG	3766
O_CM.MVP5180	A-CA-G-C-T-----T-----GCAA-A-CCT-----A-----A-----G-----GG-----A-T-C-G-GG-GT-TCA-GCT--T-----G-A...TTA	3741
N_CM.YBF30	T-CA-----T-A-----G-----A-----ATC-----T-----A-----A-----G-----GTT-A-TG-AAGG-G-GG-A-----T-----T-----T-----	3305
SIVCPZUS	GGCA-G-----A-G-----C-----CAA-ATCA-A-T-----A-C-G-GC-GTT-A-TG-----G-T-T-G-----T-C-T-----GTA-A	3771
SIVCPZGAB	--CA-G-----T-----G-----G-----C-----CAA-TCA-A-----A-----CA-C-GG-C-GG-G-A-----A-----TG-T-T-----T-----A...A	3772
SIVCPZANT	A-GGA--CTGT-A--G-----T-----GCCT-CA-AA-T-----G-----T-GG-----G-T-GA-T-----GGATT-----T-----T-C-----G...GTA-A	3150
Pol p51 RT	P F K N L K T G K Y A R M R G A H T N D V K Q L T E A V Q K I T T E S I V I W G K . T P	Pol



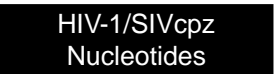
B_FR.HXB2	AATTTAAACTGCCATACAAAAGGAAACATGGGAAACATGGTGGACAGAGTATTGGCAAGCCACCTGGATTCTCTGAGTGGGAGTTTGTTAATACCCCTCCCTTAGTGAAATTATGGTACCAGTTAGAGAAAAG	3843
A_CONSENSUS	-----A-----A-----TG-C-----G-T-----A-A-C-----TC-A-----	3344
A_KE.Q2317	-----G-A-----A-----C-----TG-C-----G-T-----T-A-A-C-----TC-A-----G-----A-----	3301
A_SE.UGSE8891	-----T-A-----A-----G-----TG-C-----G-T-----A-A-C-----TC-A-----	3032
A_SE.TZSE8538	-----G-A-----G-A-----TG-C-----G-T-----A-A-C-----TC-A-----	3042
A_SE.UGSE6594	-----A-----A-G-----TG-C-----G-T-----A-A-C-----TC-ATT-GG-----TT-----AG-G-----	3027
A_SE.UGSE7535	G-C-----A-----A-G-----G-----TT-C-----G-T-----A-A-C-----TC-A-----A-----	3060
A_SE.SOSE7253	-----A-----A-----TG-C-----G-T-----A-A-C-----TC-A-----	3047
A_SE.SE8131	-----A-----A-C-----T-----TG-C-----G-T-----A-A-C-----TC-A-----	3215
A_UG.U455	-----G-A-----A-----G-----TG-C-----G-T-----A-A-C-----TC-A-----	3289
A_UG.92UG037	-----A-----A-----TG-C-----G-T-----A-A-C-----TC-A-----	3210
B_CONSENSUS	-----A-----A-----G-----C-----	3937
B_AU.MBC200	-----G-A-----A-----C-----	3842
B_AU.MBC925	-----A-----A-----C-----	3854
B_CN.RL42	-----A-----G-----A-C-----T-----	3230
B_DE.HAN2	-----G-A-----G-----G-----C-----	3309
B_DE.D31	-----A-----A-----G-----C-----G-----C-----	3389
B_ES.89SP061	-----A-----A-----C-----A-----	3401
B_GA.OYI	-----A-----A-----G-----G-----A-----C-----A-----	3386
B_GB.MANC	-----A-----A-----CG-----C-----A-----	3789
B_GB.CAM1	-----T-A-----A-----TG-C-----T-C-----C-----	3845
B_NL.ACH320A	-----A-----A-----G-----C-----G-----	3845
B_TW.LM49	-----A-----G-----C-----	3843
B_US.SF2CG	-----A-----G-----TG-----T-----C-----	3850
B_US.DH123	-----G-A-----A-----C-----A-----	3834
B_US.NY5CG	-----T-A-----A-----G-G-----G-----A-----C-----G-----A-G-----	3843
B_US.AD8	-----A-----A-----G-----TG-----C-----	3843
B_US.WCIPR18	-----A-----GA-----T-----A-----C-----	3389
B_US.YU2	-----A-----A-----A-----C-----	3841
B_US.JRCSF	-----T-A-----A-----AC-T-----G-----C-----A-----	3855
B_US.MN	-----G-A-----A-----AC-T-----G-----C-----	3858
B_US.BCSG3	-----G-----A-----A-----C-----	3390
B_US.896	-----A-----T-----G-----T-----C-----T-----	3842
B_US.WEAU160	-----A-----A-----G-----T-----C-----	3842
B_US.RF	-----A-----A-----GG-----C-----A-----G-----A-----	3360
B_US.WR27	W-T-A-----G-A-----T-C-----Y-C-----G-----A-----	3222
C_CONSENSUS	-----G-A-----C-A-----G-----C-----C-----G-----A-----C-----C-G-----	3368
C_BR.92BR025	-----G-T-A-----C-G-A-----G-----C-----G-----A-----T-----C-----A-----C-G-----	3181
C_BW.96BW0402	-----G-A-----C-A-C-----G-----C-----C-----C-----A-----C-G-----	3309
C_BW.96BW1104	-----G-A-----C-A-G-----G-----C-C-----C-----A-G-----C-G-A-C-----	3203
C_BW.96BW15C02	-----G-A-----C-A-----G-----C-----C-----A-----C-----C-----	3310
C_BW.96BW0502	-----G-A-----C-----G-----G-----C-----A-----T-----C-----A-----C-G-----	3336
C_BW.96BW16B01	-----G-A-----C-A-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-G-----	3309
C_BW.96BW1210	-----G-----C-A-----GG-----C-----C-----A-----C-----	3215
C_BW.96BW17B03	-----G-----C-----T-----A-----C-----C-----A-----C-----A-G-----	3188
C_BW.96BW01B03	-----G-A-----C-A-----C-----T-----A-----A-----C-----C-----A-----C-G-----	3308
C_ET.ETH2220	-----G-T-A-----C-G-A-----G-----C-----C-----A-----C-----	3235
C_IN.301999	-----G-T-A-----C-A-----GG-----C-----A-----A-----C-----A-----G-C-G-----	3222
C_IN.21068	-----G-T-A-----C-A-----G-----C-----A-----A-----A-----G-A-G-----	3194
C_IN.301905	-----G-T-A-----C-A-----G-----C-----A-----A-----C-----C-----C-G-----	3194
C_IN.301904	-----G-T-A-----C-A-----G-----C-----A-----A-----C-----C-----A-----G-----	3194
C_IN.11246	-----G-T-A-----C-A-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----G-----	3185
D_CONSENSUS	-----G-A-----A-----T-----C-----T-----A-----G-----	3859
D_UG.94UG114	-----G-A-----G-----A-C-C-----T-----T-----T-----G-----	3198
D_CD.NDK	-----A-----T-----A-----C-----T-----A-----G-----	3378
D_CD.ELI	-----G-A-----G-----T-----A-----C-----T-----A-----G-----	3389
D_CD.Z2Z6	-----G-T-A-----GT-----T-----A-----C-----T-----A-----G-----	3846
D_CD.84ZR085	-----G-A-----T-----C-----A-----C-----T-----A-----G-----	3365

B_FR.HXB2	AATTTAAACTGCCATACAAAAGGAAACATGGGAAACATGGTGGACAGAGTATTGGCAAGCCACCTGGATTCTGAGTGGGAGTTTGTTAATACCCCTCCCTTAGTGAAATTATGGTACCAGTTAGAGAAAG	3843
F_CONSENSUS	-G---G-A-?-?-?-T-----A-----C-TC-A-C-----?-A-C--	3166
F1_BE.VI850	-G---A-----TG-A-G-----T-----T-----A-----C-TC-----C-----A-C--	3183
F1_BR.93BR020	-G---G-A-----TT-A-G-----T-----C-----C-TC-A-C-----T-----A-C--	3171
F2_CM.MP255C	---G-A-----T-----G-----G-----A-----C-TC-A-C-----A-C--	3039
F2_CM.MP257C	---G-A-----T-----G-----T-----A-----C-TC-A-C-----A-C--	3051
F1_FI.FIN9363	-G---A-T-T-T-A-G-----T-----C-----C-TC-A-C-----T-A-----A-C--	3172
F1_FR.MP411	-G---GG-A-----GG-----T-----A-----C-TC-A-C-----T-----A-C--	3045
G_CONSENSUS	---A-T---G-A-----GT-----G-----C-TC-A-C-----T-?-A-C--	3813
G_BE.DRCBL	---T-A-T---A-A-----GTG-----G-----T-----C-TC-----C-----A-C--	3800
G_FI.HH87932	---A-T---G-A-----GT-----A-----G-----T-----C-C-----TC-A---G---T-G---A-C--	3243
G_NG.92NG083	---A-T---G-A-----GT-----C-----G-----G-----C-TC-A-C-----T-A-----A-C--	3212
G_SE.SE6165	---A-----G-A-----T-----C-----G-----A-----C-TC-A-G---T-G---A-C--	3240
H_CONSENSUS	---G-T-A-T---A-----G-----C-----A-----C-ATC-A-G---T-----A-C--	3227
H_BE.VI991	---G-T-A-T---A-----G-----C-----A-----C-ATC-----T-----A-C--	3232
H_BE.VI997	---T-A-T---A-----G-----C-----A-----A-----C-ATC-A-----T-----AGC--	3167
H_CF.90CF056	---G-A-T---A-----G-C-----A-----A-----A-----C-ATC-A-----T-----A-C--	3190
J_SE.SE91733	---G-A-----G-----C-----G-----C-----C-TC-A-----A-----A-G--	3158
J_SE.SE92809	---G-A-----GA-----G-----C-C-----G-----C-TC-A-G---A-----A-G--	3157
K_CM.MP535C	---G-A-----A-----G-----A-----C-----A-----C-T---C-A-C-----A-C--	3039
K_CD.EQTB11C	---G-T-A-----A-----GG-----A-----G-----C-----A-----C-TC-A-C-----A-C--	3039
CRF01_AE_CONSENSUS	---G-A-----GA-----TG-----G-----T-----A-----A-----TC-A-----A-----A--	3859
CRF01_AE_CF.90CF402	---G-A-----GA-----G-----TG-----G-----T-----A-----A-----TC-A-----A-----A--	3879
CRF01_AE_TH.93TH253	---G-A-----GA-----TG-----G-----T-----A-----A-----TC-A-----A-----A--	3830
CRF01_AE_TH.CM240	---G-A-----GA-----TG-----G-----T-----A-----A-----TC-A-----A-----A--	3417
CRF02_AG_CONSENSUS	---G-A-----G-----TG-----G-----T-----C-----C-----TC-A-----A-----A--	3375
CRF02_AG_DJ.DJ263	---G-A-----GA-----G-----TG-----G-----T-----C-----C-----TC-A-----G-----A--	3191
CRF02_AG_DJ.DJ264	-G---GC-A-----GA-----G-----TG-----G-----T-----C-----C-----TC-A-----A-----A--	3192
CRF02_AG_NG.IBNG	---G-A-----GA-G-----TG-----G-----T-----A-----C-----TC-A-----A-----A--	3368
CRF03_AB_RU.KAL153	---A-----A-----A-----A-----C-----A-----TC-A-----A-----A--	3612
CRF04_cpx_CONSENSUS	-G---G-T-A-----C-----A-----G-----C-----A-----A-----C-TC-A-----A-C--	3840
CRF04_cpx_CY.94CY032	-G---G-T-A-----C-----A-----G-----C-----A-----A-----C-TC-A-----A-C--	3209
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-G---G-T-A-----C-----TG-A-----G-----C-----A-----A-----C-TC-A-----A-C--	3857
CRF04_cpx_GR.97PVCH	-G---G-T-A-----C-T-----A-----G-----C-----A-----A-----C-TC-A-----A-ACC-	3860
AC_IN.21301	---G-T-A-----C-G-A-----G-----C-----T-----A-----A-----C-A-----C-G--	3195
AC_RW.92RW009	---G-T-A-----C-G-A-----C-----C-----T-----A-----A-----C-A-----C--	3175
AC_SE.ETSE9488	---C-----A-----TG-C-----G-T-----A-----A-----C-TC-A-----A-----A--	3039
AC_ZM.ZAM184	---G-----C-----G-----T-----A-----A-----C-TC-A-----C-----A-G--	3204
ACD_SE.SE8603	---T-A-----A-----TG-C-----G-----A-----A-----C-TC-A-----A-----A--	3162
AD_SE.KESE7108	---G-A-----G-----A-----G-----G-----A-----A-----C-T---T-----A-G--	3042
ADH_NO.NOIIL3	---G-A-----A-----A-----C-----A-----C-----C-A-----C-----A-C--	3853
ADU_CD.MAL	---G-A-----A-----GG-----A-----C-----A-----C-----C-A-----C-----A-C--	3418
AG_NG.92NG003	---A-----T---AGG-A-----GT-----A-----G-----T-----C-----A-G---T-GA---A-C--	3210
AGU_CD.Z321B	---G-A-----G-----G-----C-----G-----A-----A-----C-T---A-----A-G--	3057
AGJ_AU.BFP90	---G-A-----A-----G-----A-----C-----A-----A-----C-----C-----A-C--	3871
AGJ_ML.95ML84	---G-A-----A-----G-----A-----C-----A-----A-----C-----TC-A-----A-C--	3086
AJU_BW.98-2117	---G-A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----T---A-----A--	3230
BF_BR.93BR029	---A-----A-----G-----G-----T-----A-----A-----C-----A-----AC--A--	3195
MO_CM.97CAMP645MO	---G-A-----A-----G-----G-----CTG-----G-T-----A-----A-----C-TC-A-----A--	3217
O_CM.ANT70	---G---AG-CACT-GA---T-----G-G-C-----A-----A-----C-GC-A-C-A-GA-C---AG-C---A-GT-	3898
O_CM.MVP5180	---C-GG---AG-TACT-GA---T-----T-----G-A-----A-----C-GC-A-C-A-GA-C---A-C--	3873
N_CM.YBF30	---G-T-A---AG---GTG---GG---C-TC-----A-T-----A-----C-C-T---C-T---T-----A-C--	3437
SIVCPZUS	---T---TAG-G-G---GTC-----T---A-----G-----A-----A-----C-C-A---C-T---TA---C--	3903
SIVCPZGAB	---GGT-A---AG---G-A---GT---G---G---A---C---G-A---C---A---A---C---A---A---AGT---C--	3904
SIVCPZANT	---C---T---A---ACT-G---T---TG-C---T---C---G---A---A---A---A---A---C---A---A---T-G-C-C---TA-TC---TT-GC---	3282
Pol p51 RT	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 P L V K L W Y Q L E K	Pol

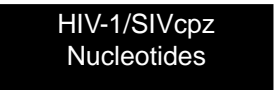


	p51 end p66 RT continue \ / Pol p15 RNase H start (RT is heterodimer of p51 and p66)	
B_FR.HXB2	AACCCATAGTAGGAGCAGAAACCTTCTATGTAGATGGGGCAGCTAACAGGGAGACTAAATTAGGAAAAGCAGGATATGTTACTAATAGAGGAAGACAAAAAGTTGTCCACCTTAAGTACACACAAATCAGA	3975
A_CONSENSUS	-C-----C-----G T-----C-T-----A-----GC-----G-----C-G-C-----G-----TT-----G-----A-----	3476
A_KE.Q2317	-C-----C-----G T-----C-T-----A-----GC-----G-----AG-----G-A-----TT-----G-----A-----	3433
A_SE.UGSE8891	-C-----C-----T-----T-----A-----GC-----C-----G-C-----G-----T-----G-----G-----A-----	3164
A_SE.TZSE8538	-C-----C-----G T-----C-T-----A-----A-----GC-----G-----C-G-C-----G-----TT-----G-----A-----	3174
A_SE.UGSE6594	-C-----CT-----T-----T-G-----C-----GGA-A-----CT-CK-----C-G-T-G-TC-----CG-----G-GG-G-----C-----GGTG-----C-----TG-----A-G-----TC-----	3159
A_SE.UGSE7535	-C-----C-----G T-----C-T-----A-----GC-----G-----C-----G-C-----G-----TT-----G-----A-----	3192
A_SE.SOSE7253	-C-----C-----G-----C-----T-----A-----GC-----G-----C-----G-C-----G-----G-----TT-----T-----G-----A-----	3179
A_SE.SE8131	-C-----C-----T G T-----C-T-----A-----GC-----G-----C-----G-----G-----TT-----G-----A-----	3347
A_UG.U455	-C-----C-----G A-----C-----T-----A-----GC-----G-----C-----G-C-----G-----TT-----G-----A-----	3421
A_UG.92UG037	-C-----C-----G T-----C-T-----A-----GC-----G-----C-----G-----G-----TT-----G-----A-----	3342
B_CONSENSUS	-----T-----T-----T-----T-----C-----G-----C-----G-----C-----G-----TT-----G-----A-----	4069
B_AU.MBC200	-----A-----A-----T-----T-----G-----C-----A-----G-----C-----	3974
B_AU.MBC925	-----A-----A-----T-----T-----G-----C-----A-----G-----T-----	3986
B_CN.RL42	-----A-----A-----T-----T-----C-----C-----A-----T-----	3362
B_DE.HAN2	-----T-----T-----T-----T-----G-C-G-----T-----A-----	3441
B_DE.D31	-----T-----T-----T-----T-----G-C-----T-----	3521
B_ES.89SP061	-----A-----T-----T-----T-----C-A-----G-----T-----A-----	3533
B_GA.OYI	-C-----T-----T-----T-----G-C-----G-----T-----	3518
B_GB.MANC	-----T-----C-----T-----T-----G-C-----G-----G-----A-----T-----	3921
B_GB.CAM1	-----T-----T-----T-----A-----G-----G-----G-C-----TC-----G-----	3977
B_NL.ACH320A	-----T-----T-----T-----T-----G-C-----C-----T-----A-----G-----	3977
B_TW.LM49	-----A-----T-----T-----T-----G-C-A-----A-----T-A-----	3975
B_US.SF2CG	-----T-----T-----T-----T-----G-C-----T-----A-----G-----	3982
B_US.DH123	-----G-----T-----T-----T-----G-----A-----G-----G-----C-----G-----T-----	3966
B_US.NY5CG	-----A-----G-----T-----T-----A-----C-----T-----A-----A-----G-C-----T-----C-----T-----G-----	3975
B_US.AD8	-----T-----T-----T-----T-----T-A-----A-----TC-----	3975
B_US.WCIPR18	-----T-----T-----T-----T-----C-----G-----T-----	3521
B_US.YU2	-----A-----T-----T-----T-----C-AG-----G-----T-----	3973
B_US.JRCSF	-----T-----T-----T-----T-----GC-----G-----T-----A-----	3987
B_US.MN	-----T-----T-----T-----T-----AA-----C-----G-----T-----	3990
B_US.BCSG3	-G-----A-----C-----T-----A-----A-----AA-----C-----A-----	3522
B_US.896	-----T-----T-----T-----A-----C-----C-----C-----G-C-----T-----G-----	3974
B_US.WEAU160	-----T-----T-----T-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----T-----G-----	3974
B_US.RF	-----A-----T-----T-----T-----A-----G-----G-----C-----T-----	3492
B_US.WR27	-----T-----T-----T-----T-----GT-----A-----G-----G-C-----T-----A-----	3354
C_CONSENSUS	-----C-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----G-C-----G-G-A-----TT-T-----A-----	3500
C_BR.92BR025	-----C-----T-----C-A-----T-----A-----T-----A-G-----G-----G-C-----G-G-A-----TT-TA-----A-----	3313
C_BW.96BW0402	-----C-----T-----T-----A-----T-----A-----C-----G-----G-C-AG-----G-----A-C-----TC-T-----A-----	3441
C_BW.96BW1104	-----G-C-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----G-C-A-----G-GG-----G-T-----A-----	3335
C_BW.96BW15C02	-----A-----T-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----G-C-----G-G-A-----TT-T-----A-----	3442
C_BW.96BW0502	-----CC-----T-----T-----T-----A-----T-----A-----C-----T-----C-----G-C-----G-G-A-----TT-T-----A-----	3468
C_BW.96BW16B01	-----C-----T-----T-----T-----A-----T-----A-----C-----G-----G-C-----G-G-A-----TT-T-----A-----	3441
C_BW.96BW1210	-----C-----T-----T-----T-----A-----T-----A-----A-G-----G-----G-----G-C-----G-A-----T-T-----A-----	3347
C_BW.96BW17B03	-T-----C-----T-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----GC-----G-----G-----C-----G-C-A-----G-----TT-T-----A-----	3320
C_BW.96BW01B03	-T-----T-----C-----T-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----G-G-A-----TT-T-----A-----G-----	3440
C_ET.ETH2220	-----C-----T-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----G-G-A-----TT-T-----A-----	3367
C_IN.301999	-----C-----C-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----G-C-----C-----G-A-----TC-T-----A-----	3354
C_IN.21068	-----C-----C-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----G-C-A-----GA-T-----T-T-----A-----C-----	3326
C_IN.301905	-T-----C-----T-----T-----T-----A-----T-----C-----C-----A-----G-----G-C-----G-G-A-----TT-T-----A-----C-----	3326
C_IN.301904	-T-----C-----T-----T-----T-----A-----T-----A-----AA-----G-----G-C-----G-----A-----TT-T-----A-----C-----	3326
C_IN.11246	-T-----C-----T-----T-----T-----A-----T-----T-----A-----G-----G-C-----G-----A-----TT-T-----A-----C-----	3317
D_CONSENSUS	-----A-----T-----T-----T-----T-----A-----C-----TT-----T-----	3991
D_UG.94UG114	-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----G-C-----G-----T-----T-----	3330
D_CD.NDK	-----A-----T-----T-----T-----T-----A-----G-----G-C-----G-----C-----TT-----C-----G-----	3510
D_CD.ELI	-----A-----T-----T-----T-----T-----A-----G-----G-C-----G-----C-----TT-----G-----G-----	3521
D_CD.Z2Z6	-----A-----T-----T-----T-----T-----A-----G-----G-C-----G-----C-----TT-----T-----T-----	3978
D_CD.84ZR085	-----A-----T-----T-----T-----T-----A-----T-----AA-----G-----G-C-----G-----C-----T-----T-----	3497

B_FR.HXB2	p51 end p66 RT continue \ / Pol p15 RNase H start (RT is heterodimer of p51 and p66)		
F_CONSENSUS	AACCCATAGTAGGAGCAGAAACCTTCTATGTAGATGGGGCAGCTAACAGGGAGACTAAATTAGGAAAAGCAGGATATGTTACTAATAGAGGAAGACAAAAAGTTGTCCACCTTAAGTACACACAAATCAGA		3975
F1_BE.VI850	-G-----?-----T-T-A---C-AA-----G-C-----?-----T-----G-C-----		3296
F1_BR.93BR020	-G-----C-----C-----T-T-A---C-AA-----G-C-----A-----A-----T-----G-C-----		3315
F2_CM.MP255C	-G-----C-----T-----T-A---C-AA-----G-C-----CG--T-----G-T-----		3303
F2_CM.MP257C	--T-A---T-----T-A---C-----A-----G-C-----G-----T-----G-----		3171
F1_FI.FIN9363	-G-----C-----A-----G-----T-T-A---C-AA-----G-----G-----T-----G-C-----		3183
F1_FR.MP411	-G---CA-----T-----T-T-A---C-AA-----G-C-----G-C---T-----A-C-----		3304
G_CONSENSUS	-----CC-----T-A-----T-----A-----G-----G-C-A---A-----A-A-T-----A-----C-A---		3177
G_BE.DRCBL	-----CC---T-----T-A-----T-----A-----G-----G-C-A---A-----TTA-A-T-----A-----C-A---		3945
G_FI.HH87932	-----CC-----T-AT-----T-----A-A-----G-----G-C-A---A-----A-A-T-----A-----C-A---		3932
G_NG.92NG083	-----CC-----T-A-----T-----A-----G-----C-----G-C-A---A-----A-A-T-----A-----C-A---		3375
G_SE.SE6165	-----CC-----T-A-----T-----A-----G-----G-C-A---AG---A-A-T-----A-----C-A---		3344
H_CONSENSUS	-G-----C-----T-A-----T-A---A-----A-----C-G-C---A-----TT-----G-A-----		3372
H_BE.VI991	-G-----A-----T-A-----T-----A-A-G-G-----C-G-C---A-----A-TT-----G-A-----		3359
H_BE.VI997	-G-----C-----T-A-----T-----A-A-----A-----C-G-C-A---A-----TG-----A-A-T-----		3364
H_CF.90CF056	-G-----C-----T-A---A-----T-----A-----A-----C-G-----AG-----T-----G-A-----		3299
J_SE.SE91733	-----A-G-----T-----T-----T-----A-----G-----G-----G-----G-C-A---G-----AA-T-----		3322
J_SE.SE92809	-----A-G-----T-----T-----T-----A-----AC-----G-----G-----G-C-A---G-----A-T-----		3290
K_CM.MP535C	-----G-----T-----C-----C-T---A-----AAG-----G-----G-----G-C-A---G-----T-A-----		3289
K_CD.EQTB11C	-----G-----T-----C-----C-T---A-----CAG-----G-----G-----G-C-A---G-----T-AA-----		3171
CRF01_AE_CONSENSUS	-C-----G-----G-T-----GT-----GC-----G-----C-G-C-----G-A-TT-----G-----A---		3991
CRF01_AE_CF.90CF402	-C-----A-G-----G-T-----GT-----GCA-----G-----C-G-C-----A-TT-----G-----A---		4011
CRF01_AE_TH.93TH253	-C-----G-----G-T-----GT-----GC-----G-----C-G-C-G-----G-AA-TT-----G-----A---		3962
CRF01_AE_TH.CM240	-C-----G-----G-T-----GT-----GC-----G-----C-G-C-----G-A-TT-----G-----A---		3549
CRF02_AG_CONSENSUS	-C-----C-----T-----T-----GC-----G-----C-G-C-----G-TT-----G-----A---		3507
CRF02_AG_DJ.DJ263	-C-----C-----T-----T-----GC-----G-----C-G-C-----G-TT-----G-----A---		3323
CRF02_AG_DJ.DJ264	-C-----C-----T-A-----T-A-----GC-----G-----C-G-C-----G-TT-----G-----A---		3324
CRF02_AG_NG.IBNG	-C-----C-----T-----A-----T-A-----GA-----G-----C-G-C-----G-TT-----G-----A---		3500
CRF03_AB_RU.KAL153	-C-----C-----T-----T-----C-----G-----C-----G-----T-----G-----A---		3744
CRF04_cpx_CONSENSUS	-C-----C-----T-----GT---A-A-A-?CAG-----G-----G-----T-----T-----A-----		3971
CRF04_cpx_CY.94CY032	-C-----C-----T-----T---A-A-A-CAG-----G-----C-----T-----T-----A-----		3341
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-C-----C-----T-----GT---A-A-A-CCAG-----G-----G-----A-----C-----A-----		3989
CRF04_cpx_GR.97PVCH	-C-----C-----T-----GT---A-A-A-GGCGG-----G-----G-----G-----T-----T-----A-----C-----		3992
AC_IN.21301	-----G-C-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----C-----G-C-----C-G-----A-T-T-----		3327
AC_RW.92RW009	-----T-----G-----T-----TC---A-----A-----G-----G-----G-C-----G-G-----A-TT-T-----		3307
AC_SE.ETSE9488	-C---T---A-----G-----T-----T-----A-----GC-----G-----C-G-C-----G-TT-----G-----A---		3171
AC_ZM.ZAM184	-C-----C-A-----T-----T-----A-----C-----G-----G-----C-G-C-----A-T-----G-G-----		3336
ACD_SE.SE8603	-C-----A-----G-----T-----C---T---A-----GC-----G-----C-G-C-----G-TT-----G-----A---		3294
AD_SE.KESE7108	-C-----C-----T-----T-----G-----T-----A-----G-----A-----G-C-----G-----T-T-----		3174
ADH_NO.NOIIL3	-----T-----T-----T-----A-A-----AAG-G-----G-----G-----TT-----A-----		3985
ADU_CD.MAL	-----T-----T-----T-----A-A-----AAG-----G-----C-----G-----T-T-----A-----		3550
AG_NG.92NG003	-----CC-----T-A-----T-----TAA---A-A-----G-----G-----G-C-----A-----A-A-----A-CAG-A---		3342
AGU_CD.Z321B	-G-----A-----T-----T-----A-----CAG-----G-----G-----A-----G-C-A---G-----GA-T-----		3189
AGJ_AU.BFP90	-G-----T-----T-----G-----T---A-A-----GCA-----G-----G-----G-----G-T-----A-----		4003
AGJ_ML.95ML84	-G-----T-----T-----G-----TAA---A-----AA-----G-----C-A---GG---A-T-----A-----		3218
AJU_BW.98-2117	-----G-----T-----GT---T-----A-----GC-----G-----T-----G-----C-----G-C-----GA-AT-----		3362
BF_BR.93BR029	-----A-----T-----T-----T-----A-----G-----G-----C-----G-----C-----C-----G-----		3327
MO_CM.97CAMP645MO	-----A-----G-----T-----A-----T-----A-----GC-----A-----G-----G-----G-----TT-----G-----		3349
O_CM.ANT70	-T---TA-G-G-----AT-----A-----T-----A-----A-----C-----G-----AG-ACA---G-A---G-----GA-AA-A-AAT---GA---G---C---C---A---		4030
O_CM.MVP5180	-T---T---G-----T-----A-----T-----A-----C-----G-----G-----AG-ACA---A---G-----CA-AA-A-AGT---GAA---G---C---A---		4005
N_CM.YBF30	-G---A---CAGT---G-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----T---T---G---AG---G-----G-----T---TA-TG-A---C---C---A---		3569
SIVCPZUS	GG-----AG-G-----A-T-----G-----A-----CC-AC-A---A---C---GAA-----G-----G-----T-----A-A-A---TT---GAAA-T-T-T---A---		4035
SIVCPZGAB	---T---CC-ACCA---T---T-AT-----A-----A---T---A---A---ACT---G-----A---AG-C-A---G-A-----A-CA-T-G-T---GAAA-T-C-T---C---		4036
SIVCPZANT	-C---T---TCC---AG---T---T---T---T---AA-CT---C---G---G---C---G---AG-C---AGT-GG---AAAACA---CAAA-G---C---C---AC---		3414
Pol p51 RT	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 V T L T D T T N Q		Pol
	p51 end p66 continue / \ Pol p15 RNase H start		



B_FR.HXB2	AGACTGAGTTACAAGCAATTTATCTAGCTTTGCAGGATTCGGGATTAGAAGTAAACATAGTAAACAGACTCACAATATGCATTAGGAATCATCAAGCACACCAGATCAAAGTGAATCAGAGTTAGTCAATC	4107
F_CONSENSUS	--G-----C-T-?-A-C-?-G-----A-G-----?-	3425
F1_BE.VI850	--G-----T-----A-C-G-----G-G-----A-G-----AA-----	3447
F1_BR.93BR020	--G-----C-GT-A-A-C-----G-----A-G-----	3435
F2_CM.MP255C	--A-----C-CT-A-C-A-C-----G-T-A-G-----C	3303
F2_CM.MP257C	--A-----C-GT-C-A-C-----G-----A-G-----A-----C	3315
F1_FI.FIN9363	--G-----C-T-A-A-C-G-----T-----A-G-----	3436
F1_FR.MP411	--G-----C-T-A-A-C-G-T-----G-T-----T-----A-G-----A-----A	3309
G_CONSENSUS	--G-A-T-C-G-C-AA-C-----G-----G-----AGG-----A-----A	4077
G_BE.DRCBL	--G-A-T-C-G-C-ACA-C-----G-----G-----AGG-----AA-----	4064
G_FI.HH87932	--A-----C-G-G-C-A-C-----G-----AG-----AC-----	3507
G_NG.92NG083	--G-A-T-C-A-C-AA-CC-----G-----G-----AGG-G-A-----	3476
G_SE.SE6165	--G-A-G-C-G-A-C-AA-C-----G-----G-----AGG-G-A-----	3504
H_CONSENSUS	--A-----A-A-G-----G-T-G-----T-A-G-----T-----	3491
H_BE.VI991	-A-A-----T-----A-G-A-GCC-----G-----T-A-G-----AC-T-----	3496
H_BE.VI997	--A-----A-A-G-----G-T-G-----T-A-G-----G-----T-----	3431
H_CF.90CF056	--A-----A-A-G-----G-----G-T-G-----C-----A-G-----T-----	3454
J_SE.SE91733	---AC-C-T-A-A-GA-----T-----G-G-T-----A-G-----A-----	3422
J_SE.SE92809	---AC-C-C-T-A-A-G-----T-----G-G-T-A-----A-G-----A-----	3421
K_CM.MP535C	-AG-A-----C-G-T-A-A-C-----G-----G-----A-----T-----T-----	3303
K_CD.EQTB11C	-A-A-----CC-T-A-A-C-----G-----G-----A-----A-----T-----	3303
CRF01_AE_CONSENSUS	---A-T-G-CC-T-C-A-C-----T-----G-----CAGG-----AG-----C-----	4123
CRF01_AE_CF.90CF402	---A-T-G-CC-T-C-A-CC-----T-----G-----CAGG-----G-----TA-----	4143
CRF01_AE_TH.93TH253	---A-T-G-CC-T-C-A-C-----T-----G-----CAGG-----AG-----GC-----	4094
CRF01_AE_TH.CM240	---A-T-G-CC-T-C-A-C-----T-----G-----CAGG-----AG-----C-----	3681
CRF02_AG_CONSENSUS	---A-T-----C-A-C-----T-----G-----CAGG-----	3639
CRF02_AG_DJ.DJ263	---A-T-----C-A-C-----T-----G-----CAGG-----	3455
CRF02_AG_DJ.DJ264	---A-T-----C-A-C-----T-----G-----CAGG-----	3456
CRF02_AG_NG.IBNG	---A-T-C-T-C-A-A-C-----T-----G-----CAGG-----	3632
CRF03_AB_RU.KAL153	---C-----A-G-----G-----	3876
CRF04_cpx_CONSENSUS	---A-----CT-A-C-----G-A-----AG-----T-----T-----	4103
CRF04_cpx_CY.94CY032	---A-----CT-A-C-----G-A-----AG-----T-----T-----	3473
CRF04_cpx_GR.97PVMY	---A-----CT-A-C-----G-A-G-----A-----A-----T-----T-----	4121
CRF04_cpx_GR.97PVCH	G---A-----CT-A-A-C-----G-A-----AG-----T-----T-----	4124
AC_IN.21301	---A-G-----A-A-C-----G-CC-----T-----A-----C-----	3459
AC_RW.92RW009	---A-----C-G-A-A-C-----G-----AGC-C-----G-GC-----	3439
AC_SE.ETSE9488	--G-A-T-T-CC-G-C-A-C-----T-----CAGG-----G-----A-----C-----	3303
AC_ZM.ZAM184	G-G---A-T-C-T-G-A-A-A-G-----T-----G-----A-G-----A-----C-----	3468
ACD_SE.SE8603	---AC-T-----C-A-C-----G-----G-----CAGG-----	3426
AD_SE.KESE7108	---A-C-A-T-----A-CCC-----G-----G-----CAGG-----	3306
ADH_NO.NOGIL3	---AC-----C-CT-C-A-A-C-----T-----G-----CA-----G-----T-----	4117
ADU_CD.MAL	---A-----CC-CT-A-A-C-----G-----G-T-----A-----A-T-----T-----	3682
AG_NG.92NG003	-A-A-C-----C-G-A-C-----G-----AGG-----A-----A-----	3474
AGU_CD.Z321B	---AC-G-----C-----A-----T-----T-----G-----T-----G-----A-G-----G-----	3321
AGJ_AU.BFP90	---G-A-----A-A-A-A-CC-----G-----A-----AC-----C-----	4135
AGJ_ML.95ML84	---G-A-----A-C-A-A-C-----G-----A-----A-----GC-----	3350
AJU_BW.98-2117	---A-----T-C-C-A-C-----T-T-----T-----G-----CA-G-----A-----GC-----	3494
BF_BR.93BR029	-A-----C-----A-G-----T-AA-----	3459
MO_CM.97CAMP645MO	---A-G-----C-C-C-A-C-----T-T-T-----G-----G-----CAGG-----G-----T-----	3481
O_CM.ANT70	-AG---A-ATG-G-A-TA-C-A-----CAA-GA-AC-----T-----T-----G-CG-----CTCCT-C-----TACA-G-----CCCTA-----TC-G-----	4162
O_CM.MVP5180	--G---A-ATG-TG-A-TAA-C-----CAAGGAGC-----T-----G-C-----ATCCT-C-----ACA-G-----C-CCCTA-----TC-G-----	4137
N_CM.YBF30	--G-----T-CCT-A-G-C-A-A-G-A-CGG-T-----C-T-----T-G-----TA-G-----A-TT-G-----A-G-G-GC-----	3701
SIVCPZUS	--G-A-C-CAC--GG-A-CT--A-AA-A-A-AGAATAC-T-TG--C-T-G-C-----TC-----C-CT-T-G-----C-----A-G-----	4167
SIVCPZGAB	-AG-A-A-A-G-TT-GCT--G-C-----A-ATCA-C-G-T-----G-T-----TG-----G-T-----GT-----G-----C-----A-----	4168
SIVCPZANT	-AG-A-A-A-G-G--CT-A-G--C-AG-----AAC-GGCC--C-T-----C-----T-----TG-----G-G-T-G-----GTACC-----CCCC--GG-AG-----	3546
p15 RNase	K T E L Q A I Y L A L Q D S G L E V N I V T D S Q Y A L G I I Q A Q P D Q S E S E L V N	Pol



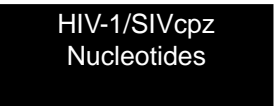
	AAATAATA...GAGCAGTTAATAAAAAAGAAAAGTCTATCTGGCATGGGTACCAGCACACAAAGGAATTGGAGGAAATGAACAAGTAGATAAATTAGTCAGTGCTGGAATCAGGAAAGTACTATTTTTAG	p66 RT end \ / Pol p31	Int
B_FR.HXB2	-----A-C---GG---C-A---C-T-----T-----G-G-----		4236
A_CONSENSUS	-----A-C---G---C-A-T-C-T-----T-C---A-G-G-G-----		3737
A_KE.Q2317	-----A-C---GG---C-A---C-T-----G-G---GGA-----		3694
A_SE.UGSE8891	-----A-A---GG---C-A-A-C-T-----T-A---G-G-G-G-----		3425
A_SE.TZSE8538	-----A-C-G---GG---C-A---C-T-----G-----T-C---G-G-G-----		3435
A_SE.UGSE6594	-----A---GG---C-A---C-T-----G-----T-C---G-G-G-----		3420
A_SE.UGSE7535	-----A-C---GG---C-A---C-T-----G-G---CT---G-GT-----		3453
A_SE.SOSE7253	-----A-C---G---C-A---C-T-----G-G---T-A---G-G-----		3440
A_SE.SE8131	-----A-C---G---C-A---C-T-----G-G---T-A---G-G-----		3608
A_UG.U455	-----A-C---G---C-A---C-T-----G-G---T-A---G-G-----		3682
A_UG.92UG037	-----A-C---G---C-A---C-T-----T-----G-G-----		3603
B_CONSENSUS	-----C-----		4330
B_AU.MBC200	-----C-----		4235
B_AU.MBC925	-----C-----		4247
B_CN.RL42	-----A-C---G---G---A-G-----		3623
B_DE.HAN2	-----C-A-----A-----		3702
B_DE.D31	-----C-A-----G-----		3782
B_ES.89SP061	-----A---C-A---G-----A-----C-----		3794
B_GA.OYI	-----C-----G-----		3779
B_GB.MANC	-----A---C-----T-----G-----		4182
B_GB.CAM1	-----G---C-----		4238
B_NL.ACH320A	-----C-----		4238
B_TW.LM49	-----G---A-C-A-T-----		4236
B_US.SF2CG	-----C-----		4243
B_US.DH123	-----C-----A-----G-----C-----		4227
B_US.NY5CG	-----A-C---T-----		4236
B_US.AD8	-----C-----A-AA-----G-----		4236
B_US.WCIPR18	-----C-----		3782
B_US.YU2	-----A-C---A-C---G-----G-----		4234
B_US.JRC5F	-----A-C---A-C---G-----G-----		4248
B_US.MN	-----C-----		4251
B_US.BCSG3	-----C-----GG-----		3783
B_US.896	-----C-----		4235
B_US.WEAU160	-----A---C-A-----T-A-----		4235
B_US.RF	-----G---C-----G-----G-----A-----		3753
B_US.WR27	-----A-G-W-WWW-----C-----T-----A-----G-----		3615
C_CONSENSUS	-----A-A---G---G---C-T-----T-----A-AG-----G-G-C-----		3761
C_BR.92BR025	-----A-A---G---G---C-T-----T-----G-----A-AG-----G-G-C-----		3574
C_BW.96BW0402	-----G---A---G---C-T-----T-----G-----A-AG-----G-G-C-----		3702
C_BW.96BW1104	-----A---A-C-AT-----T-G-----A-G-----A-AG-----G-----C-----		3596
C_BW.96BW15C02	-----A-A---C-T-----T-----A-----A-AG-----G-G-C-----		3703
C_BW.96BW0502	-----A-A---C-TG---C-T-----T-----G-----A-CAG-----GA-G-G-C-----		3729
C_BW.96BW16B01	-----A---C---G-A---C-T-----G-----T-----G-----A-AG-----G-G-C-----		3702
C_BW.96BW1210	-----A-A---TGC---GA---C-T-----T-G-----G-----C---A-AG---G---A---G---C-----		3608
C_BW.96BW17B03	-----A-G-C---C---A-C-T-----T-T-----A-T-----G-----		3581
C_BW.96BW01B03	-----G---A-A---G---C-T-----T-----A-AG---T-----G-G-C-----		3701
C_ET.ETH2220	-----A-A---GC---G---C-T-----T-----A-AG-----G-G-C-----		3628
C_IN.301999	-----A-A---G---C-T-----T-----A-AG-----G-G-C-----		3615
C_IN.21068	-----A-A---G---T-----T-----A-AG-----G-G-C-----		3587
C_IN.301905	-----A-A---G---T-----T-----A-AA---G-----G-G-C-----		3587
C_IN.301904	-----A-A---G---T-----T-----A-AG-----G-G-C-----		3587
C_IN.11246	-----A-A---C---G---T-----T-----A-AG-----G-G-CC-----		3578
D_CONSENSUS	-----T-C-----		4251
D_UG.94UG114	-----C-T-----G-G-----		3591
D_CD.NDK	-----C---T-C-----CAG-----		3771
D_CD.ELI	-----T-C-----CAA-----		3782
D_CD.Z2Z6	-----T-C-----T-----CAG-----		4239
D_CD.84ZR085	-----A---C-----T-----AG-----		3758

	AAATAATA...GAGCAGTTAATAAAAAAGGAAAAGTCTATCTGGCATGGGTACCAGCACACAAAGGAATTGGAGGAAATGAACAAGTAGATAAATTAGTCAGTGCTGGAATCAGGAAAGTACTATTTTITAG	p66 RT end \ / Pol p31 Int
B_FR.HXB2A.....C.....?.....C.....T.....G.....G.....?.....G.....	4236
F_CONSENSUSA.....C.....?.....C.....T.....G.....G.....?.....G.....	3552
F1_BE.VI850A.....C.....G.....C.....T.....G.....A.....G.....G.....	3576
F1_BR.93BR020A.....C.....C.....T.....G.....G.....G.....C.....	3564
F2_CM.MP255CA.....C.....C.....T.....T.....G.....AG.....G.....	3432
F2_CM.MP257CA.....C.....G.....C.....T.....T.....G.....A.....G.....G.....	3444
F1_FI.FIN9363C.....A.....C.....T.....G.....G.....A.....A.....G.....	3565
F1_FR.MP411A.....A.....C.....G.....C.....T.....G.....G.....A.....G.....	3438
G_CONSENSUSA.....C.....C.....T.....G.....G.....AG.....?	4205
G_BE.DRCBLA.....C.....C.....T.....G.....G.....G.....AG.....	4193
G_FI.HH87932A.....C.....C.....T.....G.....G.....CAG.....T.....	3636
G_NG.92NG083A.....C.....C.....T.....G.....G.....GC.....AG.....T.....G.....	3605
G_SE.SE6165A.....C.....C.....T.....G.....G.....C.....AG.....C.....	3633
H_CONSENSUSG.....A.....G.....C.....T.....T.....T.....T.....A.....C.....	3620
H_BE.VI991G.....A.....G.....T.....CT.....T.....G.....T.....T.....A.....C.....	3625
H_BE.VI997AG.....A.....G.....C.....T.....G.....G.....T.....T.....A.....C.....	3560
H_CF.90CF056G.....A.....G.....C.....T.....C.....T.....T.....G.....A.....G.....C.....	3583
J_SE.SE91733G.....G.....G.....C.....T.....G.....G.....T.....T.....G.....G.....C.....	3551
J_SE.SE92809G.....G.....G.....C.....T.....G.....G.....T.....T.....G.....G.....C.....	3550
K_CM.MP535CA.....G.....A.....C.....AT.....C.....T.....G.....G.....C.....	3432
K_CD.EQTB11CA.....C.....G.....A.....C.....AT.....C.....T.....A.....G.....C.....	3432
CRF01_AE_CONSENSUSG.....C.....A.....C.....T.....G.....G.....T.....A.....G.....G.....	4252
CRF01_AE_CF.90CF402A.....AC.....G.....A.....C.....T.....C.....T.....G.....G.....G.....G.....	4272
CRF01_AE_TH.93TH253G.....C.....A.....C.....T.....G.....G.....T.....T.....A.....G.....G.....	4223
CRF01_AE_TH.CM240G.....C.....G.....A.....C.....T.....G.....G.....T.....A.....G.....G.....	3810
CRF02_AG_CONSENSUSA.....C.....G.....C.....A.....C.....T.....G.....G.....AA.....G.....G.....	3768
CRF02_AG_DJ.DJ263A.....C.....G.....C.....A.....C.....T.....G.....G.....AA.....G.....G.....	3584
CRF02_AG_DJ.DJ264A.....C.....G.....C.....A.....C.....T.....G.....G.....AA.....G.....G.....	3585
CRF02_AG_NG.IBNGA.....C.....G.....C.....A.....C.....T.....G.....G.....AA.....G.....G.....	3761
CRF03_AB_RU.KAL153G.....C.....C.....C.....T.....T.....G.....G.....G.....	4005
CRF04_cpx_CONSENSUSC.....G.....C.....C.....T.....G.....G.....CAA.....A.....G.....G.....	4232
CRF04_cpx_CY.94CY032CGG.....C.....C.....T.....G.....G.....CAA.....A.....G.....G.....	3602
CRF04_cpx_GR.97PVMYA.....C.....G.....C.....C.....T.....G.....G.....CAA.....A.....G.....G.....	4250
CRF04_cpx_GR.97PVCHT.....C.....G.....C.....C.....T.....G.....G.....CAA.....A.....G.....G.....	4253
AC_IN.21301A.....A.....G.....G.....C.....T.....A.....T.....A.....AA.....G.....G.....C.....	3588
AC_RW.92RW009A.....GA.....C.....T.....T.....T.....A.....AG.....G.....G.....G.....C.....	3568
AC_SE.ETSE9488AA.....C.....C.....C.....C.....T.....G.....G.....T.....C.....G.....G.....C.....	3432
AC_ZM.ZAM184AA.....C.....GG.....G.....A.....C.....T.....G.....GA.....G.....C.....GT.....	3597
ACD_SE.SE8603A.....C.....GG.....C.....A.....C.....T.....T.....T.....T.....G.....G.....G.....	3555
AD_SE.KESE7108A.....C.....GG.....C.....A.....T.....C.....T.....T.....C.....G.....G.....G.....	3435
ADH_NO.NOGLL3A.....C.....G.....C.....C.....A.....G.....C.....CAG.....A.....G.....G.....	4246
ADU_CD.MALA.....C.....G.....C.....C.....T.....G.....G.....CAG.....A.....G.....G.....	3811
AG_NG.92NG003A.....C.....C.....T.....AA.....G.....G.....AG.....A.....G.....G.....	3603
AGU_CD.Z321BG.....G.....G.....C.....T.....G.....G.....AG.....A.....G.....G.....	3450
AGJ_AU.BFP90A.....C.....AA.....C.....T.....G.....G.....AA.....A.....G.....G.....	4264
AGJ_ML.95ML84A.....C.....G.....C.....T.....G.....G.....AG.....G.....G.....	3479
AJU_BW.98-2117G.....G.....A.....G.....GA.....C.....T.....C.....T.....T.....G.....G.....C.....	3623
BF_BR.93BR029A.....C.....C.....T.....C.....T.....T.....T.....T.....G.....G.....C.....	3588
MO_CM.97CAMP645MOG.....C.....C.....A.....G.....C.....T.....C.....T.....AA.....G.....A.....	3610
O_CM.ANT70G.....AC.....C.....C.....G.....TA.....T.....T.....C.....T.....C.....A.....A.....A.....	4291
O_CM.MVP5180G.....AC.....C.....CGA.....G.....TA.....T.....T.....T.....C.....A.....A.....A.....	4266
N_CM.YBF30AG.....C.....C.....GA.....T.....CT.....T.....T.....T.....T.....G.....G.....C.....	3830
SIVCPZUSAG.....A.....G.....A.....AAGT.....A.....CT.....T.....T.....T.....A.....G.....A.....C.....	4296
SIVCPZGABG.....AG.....T.....GA.....AA.....C.....CT.....C.....T.....T.....A.....G.....G.....	4297
SIVCPZANTC.....A.....A.....GA.....C.....A.....T.....C.....CT.....C.....T.....C.....A.....G.....G.....C.....	3675

p15 RNase Q I I . E Q L I K K E K V Y L A W V P A H K G I G G N E Q V D K L V S A G I R K V L F L _ Pol
 Pol p15 RNase H \ / Pol p31
 p66 RT end / Integrase start

B_FR.HXB2	ATGGAATAGATAAGGCCAAGAT...GAACATGAGAAATATCACAGTAATTGGAGAGCAATGGCTAGTGATTTTAAACCTGCCACCTGTAGTAGCAAAAAGAAATAGTAGCCAGCTGTGATAAAATGTCAGCTAA	4365
A_CONSENSUS	---G---A-T---A...---A-G---C---A---T---A---G---	3866
A_KE.Q2317	---G---C-A-T---A...---A-G---T-C---A---T---A---G---	3823
A_SE.UGSE8891	---G---T---A...---A-G---A---T---C---A---G---A---	3554
A_SE.TZSE8538	---G---A-T---A...---G---C---T---A---G---A---A---	3564
A_SE.UGSE6594	---G---A-T---A...---A-G---C---A---T---A---G---	3549
A_SE.UGSE7535	---G---A-T---A...---A-G---A---T---CA---G---G---	3582
A_SE.SOSE7253	---G---A-T---A...G---A-G---C-C---T---A---G---C---	3569
A_SE.SE8131	---G---A-T---A...---A-G---C---A---T---A---G---G---	3737
A_UG.U455	---G---T---G...C---A---T-C-C---T---A---G---G---G---	3811
A_UG.92UG037	---G---A-T---A...---A-G---C---T---A---A---G---G---	3732
B_CONSENSUS	---G---A...G...A...A...T---	4459
B_AU.MBC200	---G---A...G...A...A...T---	4364
B_AU.MBC925	---G---A...A...A-A...T---	4376
B_CN.RL42	---G---A...T-C...A...A---	3752
B_DE.HAN2	---G---A...C...A...T---	3831
B_DE.D31	---G---A...G...A...T---	3911
B_ES.89SP061	---G---A...A...A...G...G...G---	3923
B_GA.OYI	---G---A...G...T-C...T...C---	3908
B_GB.MANC	---G---A...A...T...T---	4311
B_GB.CAM1	---G---A...A...T...T---	4367
B_NL.ACH320A	---G---A...A...C...T...T---	4367
B_TW.LM49	---G---A...A...C...T...T---	4365
B_US.SF2CG	---G---A...A...T...A...G...G...T...G-C-G---	4372
B_US.DH123	---G---A...A...T...A...G...G...T...G-C-G---	4356
B_US.NY5CG	---G---A...A...T...A...G...G...T...G-C-G---	4365
B_US.AD8	---G---A...A...T...A...G...G...T...G-C-G---	4365
B_US.WCIPR18	---G---A...A...G...A...G...T...T---	3911
B_US.YU2	---G---A...A...C...C...A...A---	4363
B_US.JRCSF	---G---A...A...T-A...C...T-A---	4377
B_US.MN	---G---A...A...C...C...A...A---	4380
B_US.BCSG3	---G---A...A...C...C...T-A---	3912
B_US.896	---G---A...A...C...C...T-A---	4364
B_US.WEAU160	---G---A...A...C...C...T-A---	4364
B_US.RF	---G---A...A...C...C...T-A---	3882
B_US.WR27	---G---A...A...C...G-A...G-W...T---	3744
C_CONSENSUS	---G---A...T...A...G-A-G...C...T...CA...T---	3890
C_BR.92BR025	---G---A...T...A...G-A-G...C...T...CA...T---	3703
C_BW.96BW0402	---G---A...T...A...G-A-G...T-C...T...CA...T...A---	3831
C_BW.96BW1104	---G---A...T...A...G-A-G...C...T...CA...T...G---	3725
C_BW.96BW15C02	---G---A...T...A...G-A-G...C...T...CA...T...G---	3832
C_BW.96BW0502	---G---A...T...A...G-A-G...AC...GA-A...T...CA...G...T...C---	3858
C_BW.96BW16B01	---G---A...T...A...T-A-G...C...G...C...T...CA...T...C---	3831
C_BW.96BW1210	---G---A...T...A...G-A-G...AC...T...CA...T...C...T---	3737
C_BW.96BW17B03	---G---A...T...A...C...A-G...TT...CA...G...T...T---	3710
C_BW.96BW01B03	---G---A...T...A...G-A-G...AC...A...T-A...CA...T...T---	3830
C_ET.ETH2220	---G---A...T...A...G-A-G...C...A...TA-C...C-C...TT...T---	3757
C_IN.301999	---G---A...T...A...G-A-G...C...C...T...CA...T...G-C...A---	3744
C_IN.21068	---G---A...T...A...G-A-GG...C...G...C...T...C...T---	3716
C_IN.301905	---G---A...T...A...G-A-G...C...C...T...C...T---	3716
C_IN.301904	---G---A...T...A...G-A-G...C...C...T...C...T---	3716
C_IN.11246	---G---A...T...A...G-A-G...C...C...T...C...T---	3707
D_CONSENSUS	---G---A...T...A...AC...A...G...T...T---	4380
D_UG.94UG114	---G---A...T...A...C-AC...G...G...G...G...G---	3720
D_CD.NDK	---G---A...T...G...A...AC...A...G...G...T---	3900
D_CD.ELI	---G---A...T...A...AC...A...C...G...T---	3911
D_CD.Z2Z6	---G---A...T...A...AC...A...G...T---	4368
D_CD.84ZR085	---G---A...T...G...C...G...T---	3887

B_FR.HXB2	ATGGAATAGATAAGGCCAAGAT...GAACATGAGAAATATCACAGTAATTGGAGAGCAATGGCTAGTATTAACTGCCACCTGTAGTAGCAAAAAGAAATAGTAGCCAGCTGTGATAAATGTCAGCTAA	4365
F_CONSENSUS	---G---A---A---A---A---AC---T---T---T---	3681
F1_BE.VI850	---G---A---A---A---A---AC---G---T---A---	3705
F1_BR.93BR020	---G---A---G---A---A---AC---TA-A-G---T---	3693
F2_CM.MP255C	---G---T---A---A---A---AC---T---A---G---	3561
F2_CM.MP257C	---G---A-T---A---G---G---C---C---T---	3573
F1_FI.FIN9363	---G---A---G---A---A---AC---T---T---T---G---	3694
F1_FR.MP411	---G---A---A---A---A---AC-C---T---A---T---	3567
G_CONSENSUS	---C---A---A---A---G---A-G---C---T---A---G---	4334
G_BE.DRCBL	---C---A---A---A---G---A-G---C---A---T---C---T---	4322
G_FI.HH87932	---C---A---A---A---T---A---C---T---A-A---G---C---C---T---	3765
G_NG.92NG083	---C---A---A---A---G---A-G---C---C---T---T---A---A---	3734
G_SE.SE6165	---C---A---A---A---G---G---AC-C---C---TT---A---G---	3762
H_CONSENSUS	---G---A-T---A---A---A---GG---AC---T---A---T---	3749
H_BE.VI991	---G---A-T---TA---C-G---A---C---T---A---T---T---	3754
H_BE.VI997	---G---C-A-T---A---C---A-GG---AC---G---T---A---T---	3689
H_CF.90CF056	---G---A-T---A---A---A-GG---T-AC---G---T-A-A---T---	3712
J_SE.SE91733	---G---A-T---A---A---A---T-C---T---A---T---T---	3680
J_SE.SE92809	---G---A-T---A---T---A---T-C---T---A---G---T---	3679
K_CM.MP535C	---G---T---A---A---A---T-AC-C---T---A---C---T---C---	3561
K_CD.EQTB11C	---G---T---A---A---A---AC---C---T---T---T---T---C---	3562
CRF01_AE_CONSENSUS	---G---T---A---A---A-G---C---A---C---TT---A---G---A---A---	4381
CRF01_AE_CF.90CF402	---G---T---A---A---C---A-G---C---C---TT---A---G---A---A---	4401
CRF01_AE_TH.93TH253	---G---A---T---A---A---A-G---C---A---C---TT---A---G---A---A---	4352
CRF01_AE_TH.CM240	---G---T---A---A---A---A-G---C---A---TT---A---G---A---A---	3939
CRF02_AG_CONSENSUS	---C---A---A---A---G---A-G---C---T---A---A---G---T---G---	3897
CRF02_AG_DJ.DJ263	---C---A---A---A---G-GA-G---C---T---A---A---G---T---C---G---	3713
CRF02_AG_DJ.DJ264	---C---A-T---A---A---G-A-G---C---T---A---A---G---T---C---G---	3714
CRF02_AG_NG.IBNG	---C---A---A---A---G---A-G---C---AG---T---A---A---G---T---A-G---	3890
CRF03_AB_RU.KAL153	---C---A---A---A---G---G---C---T---A---G---G---T---AT---	4134
CRF04_cpx_CONSENSUS	---G---T---A---A---A---C---T---T---A---G---G---T---A---	4361
CRF04_cpx_CY.94CY032	---G---T---A---A---A---C---T---T---A-G---G---T---A---	3731
CRF04_cpx_GR.97PVMY	---G---T---A---A---A---A---A---T---A---G---G---T---A---	4379
CRF04_cpx_GR.97PVCH	---G---T---A---A---C---C---C---T---A---A---G---T---A---	4382
AC_IN.21301	---G---T---A---A---G---A-GG---C---C---T---CA-A---G---T---A-C---	3717
AC_RW.92RW009	---G---T---A---A---A-G---C---C---T---A---A---G---G---G---	3697
AC_SE.ETSE9488	---G---T---A---A---A-G---C---C---T---A---A---G---G---A---	3561
AC_ZM.ZAM184	AG---T---A---A---A-G---T---CA-C---T---A---A---T---T---	3726
ACD_SE.SE8603	---G---A-T---A---A---A-GG---C---C---T---A---A---A---A---	3684
AD_SE.KESE7108	---G---A-T---A---A---A-G---C---C---T---A---A---G---G---	3564
ADH_NO.NOGIL3	---G---T---A---A---C---A---C---C---T---A---A---G---G---A---	4375
ADU_CD.MAL	---G---T---A---A---A---A---C---C---T---A---A---G---G---A---	3940
AG_NG.92NG003	---C---C-A-T---G---C---A-G---C---C---T---A---A---G---G---	3732
AGU_CD.Z321B	---C---A---A---A---G---A-G---T-C---T---T---A---A---G---G---	3579
AGJ_AU.BFP90	---C---A---G-A---T---A-G---C---C---A---T---A---A---G---G---	4393
AGJ_ML.95ML84	---G---A---A---A---T---A-G---C---C---C---T---A---A---C---T---C---	3608
AJU_BW.98-2117	---G---A-T---A---A---G---A---C-A---T---A---A---A---T---T---	3752
BF_BR.93BR029	---G---A---A---A---A---A---A---C---A-A---A---A---T---T---	3717
MO_CM.97CAMP645MO	---C---A---A---A---G---A-G---C---C---A---A---A---C---A---	3739
O_CM.ANT70	---A---CC---A---A---T---A---T---A---C-A---A---GGA-A---A-G-G-C-G---CA-T-T---CC---TA---	4420
O_CM.MVP5180	---A---C---A---A---T---A---T---A---T-A---C---GGAT-A---AA---C-G---CA-T-T---T---CC---C-TA---	4395
N_CM.YBF30	---T---A---A---A---T---C-G---C---A---C---T---A-C---CA---G---G---G---G---C---C---C---	3959
SIVCPZUS	---C---A---A---G-A---C---C---T---C---T---C---A---G-C-T-G-G---G---G---C---C---	4425
SIVCPZGAB	---C---G---A---A---A-GG---T---A---T---TT-A---CA---G---CAT---G-C-G---	4426
SIVCPZANT	---A-C---A-T---G---C---T---T-C---T-T-A---AGA---A-AC---T-T-C---A-T-G-T---TA---ACAG---CG---	3804
Integrase	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 V A K E I V A S C D K C Q L	Pol



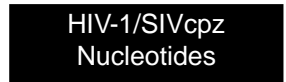
B_FR.HXB2	AAGGAGAAGCCATGCATGGACAAGTAGACTGTAGTCCAGGAATATGGCAACTAGATTGTACACATTTAGAAGGAAAAGTTATCTGGTAGCAGTTCATGTAGCCAGTGGATATATAGAAGCAGAAGTTATTC	4497
A_CONSENSUS	---G-----G-----T-----C-----C-----A-----T-----C-----C-----C-----C-----	3998
A_KE.Q2317	---G-----C-----T-----C-----G-----A-----TG-----C-----C-----C-----C-----	3955
A_SE.UGSE8891	---G-----G-----G-----T-----C-----C-----G-----A-----T-----C-----C-----C-----G-----C-----	3686
A_SE.TZSE8538	---G-----G-----G-----T-----C-----C-----A-----T-----C-----C-----C-----C-----	3696
A_SE.UGSE6594	---G-----A-----G-----T-----C-----C-----A-----T-----C-----C-----C-----C-----	3681
A_SE.UGSE7535	---G-----C-----G-----T-----C-----G-----C-----A-----T-----C-----C-----C-----C-----	3714
A_SE.SOSE7253	---G-----C-----G-----T-----C-----C-----A-----T-----C-----G-----C-----C-----	3701
A_SE.SE8131	---G-----C-----C-----T-----C-----C-----A-----T-----C-----C-----C-----C-----	3869
A_UG.U455	---G-----C-----G-----T-----C-----C-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----	3943
A_UG.92UG037	---G-----C-----G-----T-----C-----C-----A-----T-----C-----G-----T-----C-----CG-----	3864
B_CONSENSUS	-----A-----	4591
B_AU.MBC200	-----	4496
B_AU.MBC925	-----	4508
B_CN.RL42	-----C-----T-----A-----A-----	3884
B_DE.HAN2	-----A-----T-----C-----	3963
B_DE.D31	-----G-----	4043
B_ES.89SP061	-----A-----	4055
B_GA.OYI	-----A-----	4040
B_GB.MANC	-----G-----	4443
B_GB.CAM1	-----G-----G-----	4499
B_NL.ACH320A	-----A-----	4499
B_TW.LM49	-----A-----A-----G-----	4497
B_US.SF2CG	-----C-----A-----	4504
B_US.DH123	-----C-----C-----G-----T-----G-----G-----A-----	4488
B_US.NY5CG	-----C-----C-----G-----T-----G-----G-----A-----	4497
B_US.AD8	-----A-----G-----	4497
B_US.WCIPR18	-----G-----A-----	4043
B_US.YU2	-----G-----	4495
B_US.JRCSF	-----A-----C-----	4509
B_US.MN	-----C-----	4512
B_US.BCSG3	-----C-----C-----A-----G-----G-----	4044
B_US.896	-----C-----	4496
B_US.WEAU160	-----G-----A-----	4496
B_US.RF	-----T-----C-----G-----C-----A-----C-----	4014
B_US.WR27	---G-----C-----W-----A-----	3876
C_CONSENSUS	---G-----G-----T-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----C-----	4022
C_BR.92BR025	---G-----CA-----T-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----C-----	3835
C_BW.96BW0402	---G-----A-----G-----C-----T-----GA-----C-----C-----C-----G-----C-----	3963
C_BW.96BW1104	---G-----A-----G-----T-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----C-----	3857
C_BW.96BW15C02	---G-----A-----T-----C-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----C-----	3964
C_BW.96BW0502	---G-----A-----T-----C-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----C-----	3990
C_BW.96BW16B01	---G-----C-----G-----T-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----C-----	3963
C_BW.96BW1210	---G-----G-----T-----G-----A-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----	3869
C_BW.96BW17B03	---G-----G-----T-----C-----G-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----A-----C-----	3842
C_BW.96BW01B03	---G-----A-----A-----T-----G-----G-----T-----C-----C-----G-----A-----C-----C-----	3962
C_ET.ETH2220	---G-----A-----A-----T-----G-----G-----T-----C-----C-----G-----A-----C-----C-----	3889
C_IN.301999	---G-----C-----G-----T-----C-----G-----A-----C-----C-----C-----T-----C-----G-----C-----	3876
C_IN.21068	---G-----C-----G-----T-----C-----G-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----C-----	3848
C_IN.301905	---G-----C-----G-----T-----C-----G-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----C-----	3848
C_IN.301904	---G-----C-----G-----T-----C-----G-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----C-----	3848
C_IN.11246	---G-----T-----G-----T-----T-----A-----C-----A-----C-----C-----C-----G-----C-----	3839
D_CONSENSUS	-----T-----	4512
D_UG.94UG114	---T-----T-----G-----C-----	3852
D_CD.NDK	-----T-----C-----G-----	4032
D_CD.ELI	-----T-----C-----	4043
D_CD.Z2Z6	-----T-----	4500
D_CD.84ZR085	---A-----T-----C-----	4019

B_FR.HXB2	AAGGAGAAGCCATGCATGGACAAGTAGACTGTAGTCCAGGAATATGGCAACTAGATTGTACACATTTAGAAGGAAAAGTTATCCTGGTAGCAGTTCATGTAGCCAGTGGATATATAGAAGCAGAAGTTATTC	4497
F_CONSENSUS	---G-----G-----T-----A-----C-----T-----?-----?	3810
F1_BE.VI850	---G-----C-----G-----T-----C-----G-----C-----T-----AG-----C-----	3837
F1_BR.93BR020	---G-----T-----C-----G-----T-----C-----A-----C-----T-----G-----CC-----C-----	3825
F2_CM.MP255C	---G-----T-----C-----G-----T-----C-----A-----C-----T-----C-----CC-----C-----	3693
F2_CM.MP257C	---G-----C-----G-----T-----A-----A-----C-----T-----C-----	3705
F1_FI.FIN9363	---G-----G-----T-----A-----A-----C-----T-----C-----	3826
F1_FR.MP411	---G-----G-----T-----A-----A-----C-----T-----C-----	3699
G_CONSENSUS	---G-----T-----A-----?-----?	4464
G_BE.DRCBL	---G-----T-----A-----A-----C-----C-----	4454
G_FI.HH87932	---G-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----G-----	3897
G_NG.92NG083	---G-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----C-----	3866
G_SE.SE6165	---G-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----C-----	3894
H_CONSENSUS	---G-----C-----T-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----	3881
H_BE.VI991	---G-----C-----C-----T-----C-----A-----T-----C-----C-----C-----C-----	3886
H_BE.VI997	---G-----G-----C-----T-----T-----T-----C-----C-----C-----S-----C-----C-----	3821
H_CF.90CF056	---G-----C-----C-----T-----C-----G-----C-----T-----C-----C-----C-----C-----	3844
J_SE.SE91733	---G-----G-----G-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----	3812
J_SE.SE92809	---G-----G-----G-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----	3811
K_CM.MP535C	---G-----A-----T-----T-----A-----C-----T-----C-----C-----	3693
K_CD.EQTB11C	---G-----A-----G-----GT-----A-----A-----T-----C-----C-----	3694
CRF01_AE_CONSENSUS	---G-----T-----G-----G-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----G-----C-----	4513
CRF01_AE_CF.90CF402	---G-----G-----G-----T-----C-----G-----C-----C-----C-----C-----G-----C-----	4533
CRF01_AE_TH.93TH253	---G-----T-----G-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----G-----C-----	4484
CRF01_AE_TH.CM240	---G-----T-----G-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----G-----C-----	4071
CRF02_AG_CONSENSUS	---G-----G-----T-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----	4029
CRF02_AG_DJ.DJ263	---G-----G-----T-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----	3845
CRF02_AG_DJ.DJ264	---G-----G-----T-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----	3846
CRF02_AG_NG.IBNG	---G-----G-----T-----G-----A-----T-----A-----C-----C-----C-----	4022
CRF03_AB_RU.KAL153	---G-----C-----T-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----	4266
CRF04_cpx_CONSENSUS	---G-----G-----G-----T-----C-----T-----A-----T-----C-----	4493
CRF04_cpx_CY.94CY032	---G-----G-----G-----GT-----T-----A-----G-----T-----C-----	3863
CRF04_cpx_GR.97PVMY	---G-----G-----G-----T-----C-----T-----A-----T-----C-----	4511
CRF04_cpx_GR.97PVCH	---G-----WG-----G-----T-----C-----T-----A-----C-----C-----T-----	4514
AC_IN.21301	---G-----G-----T-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----G-----C-----	3849
AC_RW.92RW009	---G-----G-----G-----T-----C-----C-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----C-----	3829
AC_SE.ETSE9488	---G-----T-----C-----G-----C-----C-----C-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----	3693
AC_ZM.ZAM184	---G-----C-----C-----C-----C-----C-----A-----C-----G-----C-----C-----	3858
ACD_SE.SE8603	---G-----C-----G-----T-----C-----G-----A-----T-----C-----C-----C-----	3816
AD_SE.KESE7108	---G-----C-----G-----T-----C-----C-----A-----T-----T-----C-----C-----	3696
ADH_NO.NOGIL3	---G-----A-----C-----T-----C-----C-----A-----A-----A-----C-----T-----C-----	4507
ADU_CD.MAL	---G-----G-----T-----C-----C-----A-----A-----A-----C-----C-----C-----	4072
AG_NG.92NG003	---G-----T-----C-----C-----C-----TA-----A-----C-----C-----C-----	3864
AGU_CD.Z321B	---G-----T-----C-----C-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----	3711
AGJ_AU.BFP90	---G-----A-----T-----G-----T-----C-----CC-----A-----A-----C-----C-----	4525
AGJ_ML.95ML84	---G-----G-----T-----T-----C-----CC-----G-----A-----A-----C-----C-----	3740
AJU_BW.98-2117	---G-----G-----G-----T-----T-----C-----CC-----G-----A-----A-----C-----C-----	3884
BF_BR.93BR029	---G-----G-----C-----G-----C-----G-----G-----G-----C-----G-----C-----	3849
MO_CM.97CAMP645MO	---G-----T-----G-----G-----A-----A-----C-----C-----C-----G-----C-----	3871
O_CM.ANT70	---G-----A-----T-----T-----G-----C-----A-----G-----A-----G-----C-----A-----C-----AA-----A-----T-----T-----C-----G-----A-----G-----TC-----G-----A-----	4552
O_CM.MVP5180	---G-----A-----C-----T-----AC-----C-----AG-----A-----G-----C-----A-----C-----AA-----A-----T-----T-----C-----G-----A-----AC-----T-----G-----G-----A-----	4527
N_CM.YBF30	---G-----G-----CA-----T-----G-----G-----C-----G-----C-----G-----A-----C-----T-----G-----G-----C-----G-----C-----CT-----C-----	4091
SIVCPZUS	---G-----A-----G-----G-----T-----C-----T-----C-----G-----G-----A-----C-----TA-----A-----G-----A-----G-----CC-----C-----G-----C-----	4557
SIVCPZGAB	---G-----G-----G-----C-----G-----T-----G-----C-----CC-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----C-----C-----	4558
SIVCPZANT	---G-----G-----G-----C-----G-----T-----G-----C-----C-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----T-----C-----TC-----T-----A-----GG-----	3936
Integrase	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	Pol

B_FR.HXB2	CAGCAGAAACAGGGCAGGAAACAGCATATTTTCTTTTAAAAATTAGCAGGAAGATGGCCAGTAAAAACAATACATACTGACAATGGCAGCAATTTACCCGGTGCTACGGTTAGGCCCGCCTGTTGGTGGGGCGG	4629
A_CONSENSUS	-----A-----G-----C-----AC-----GT-G-----C-----A-----A-C-----G-A-----AA-----A-----AA	4130
A_KE.Q2317	-----A-----A-----G-----C-----AC-----T-G-----C-----A-----A-C-----G-A-----AA-----A-----AA	4087
A_SE.UGSE8891	-----A-----A-----G-----C-----GC-----GT-G-----C-----A-----A-C-----G-AT-----AA-----A-----AA	3818
A_SE.TZSE8538	-----A-----G-----C-----GC-----GT-G-----C-----A-----A-C-----G-AT-----AA-----A-----AA	3828
A_SE.UGSE6594	-----A-----A-----G-----C-----AC-----GT-G-----C-----A-----A-C-----G-A-----AA-----A-----CA	3813
A_SE.UGSE7535	-----A-----A-----G-----C-----A-AC-----GT-----C-----A-----A-C-----G-A-----AA-----A-----AA	3846
A_SE.SOSE7253	-----A-----G-----C-----AC-----T-G-----C-----A-----T-----A-C-----G-AT-----AA-----A-----AA	3833
A_SE.SE8131	-----A-----GG-----C-----AC-----GT-G-----C-----A-----A-C-----G-AT-----AA-----A-----AA	4001
A_UG.U455	-----A-----G-----C-----A-AC-----GT-----C-----A-----A-C-----G-A-----AA-----A-----T-----AA	4075
A_UG.92UG037	-----A-----G-----C-----AC-----GC-----GT-G-----C-----A-----A-C-----G-----AA-----A-----AA	3996
B_CONSENSUS	-----G-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A	4723
B_AU.MBC200	-----G-----C-----C-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----A	4628
B_AU.MBC925	-----G-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----CC-----A-----A-----A-----A-----A	4640
B_CN.RL42	-----G-----C-----CC-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A	4016
B_DE.HAN2	T-----G-----C-----C-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----CCT-----A-----A-----A-----A-----A	4095
B_DE.D31	-----G-----C-----A-C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----A-----A-----A	4175
B_ES.89SP061	-----C-----C-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A	4187
B_GA.OYI	-----G-----C-----A-C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A	4172
B_GB.MANC	-----G-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A	4575
B_GB.CAM1	-----G-----A-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----TG-----T-A-----A-----A-----A-----A-----A	4631
B_NL.ACH320A	-----G-----A-----C-----A-C-----C-----C-----A-----A-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A	4631
B_TW.LM49	-----G-----A-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----C-----A-----A-----TA-----G-----A-----A-----A	4629
B_US.SF2CG	-----G-----A-----C-----A-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A	4636
B_US.DH123	-----G-----A-----C-----A-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----A	4620
B_US.NY5CG	-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----AA-----A-----A-----A	4629
B_US.AD8	-----G-----A-----C-----A-C-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----A	4629
B_US.WCIPR18	-----G-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A	4175
B_US.YU2	-----G-----C-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----AA-----A-----A-----A	4627
B_US.JRCSF	-----G-----C-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----T	4641
B_US.MN	-----G-----G-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----CC-----A-----A-----A-----A	4644
B_US.BCSG3	-----G-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A	4176
B_US.896	-----G-----C-----CC-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A	4628
B_US.WEAU160	-----G-----A-----C-----A-C-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A	4628
B_US.RF	-----G-----A-----C-----A-C-----C-----GT-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A	4146
B_US.WR27	-----G-----A-----C-----A-C-----R-----W-W-----A-----A-----A-----T-----A-----CA-----W-----K-----A-----A	4008
C_CONSENSUS	-----A-----A-----C-----A-AC-----C-----GT-----A-----A-----T-----T-----A-----G-A-----A-----A-----A	4154
C_BR.92BR025	-----A-----A-----C-----A-AC-----C-----GT-----A-----A-----T-----T-----T-----A-----AA-----A-----AA-----A	3967
C_BW.96BW0402	-----A-----A-----C-----A-A-AC-----C-----GT-----C-----A-----T-----T-----A-----A-----G-A-----A-----A	4095
C_BW.96BW1104	-----A-----A-----ACA-AC-----C-----T-----A-----A-----T-----T-----A-----G-A-----A-----A-----A	3989
C_BW.96BW15C02	-----A-----A-----C-----A-A-AC-----G-----C-----GT-----A-----A-----T-----T-----A-----G-A-----A-----A	4096
C_BW.96BW0502	-----A-----A-----C-----CA-AC-----C-----G-GT-----A-----A-----T-----CT-----TA-----G-A-----A-----A	4122
C_BW.96BW16B01	-----A-----A-----C-----A-AC-----C-----GT-----A-----A-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----A	4095
C_BW.96BW1210	-----A-----A-----C-----A-AC-----C-----GT-----C-----A-----T-----T-----T-----A-----CAA-G-A-----A-----A	4001
C_BW.96BW17B03	-----A-----A-----C-----CA-A-----C-----T-----A-----A-----T-----T-----A-----CA-----G-A-----C-----A-----A	3974
C_BW.96BW01B03	-----A-----A-----C-----A-A-AC-----C-----GT-----A-----A-----T-----CT-----A-----G-A-----A-----A-----A	4094
C_ET.ETH2220	-----A-----A-----C-----AC-----G-----C-----GGGT-----A-----T-----T-----C-----A-----AA-----G-A-----AA-----A	4021
C_IN.301999	-----A-----A-----C-----A-A-AC-----C-----GT-----A-----A-----T-----T-----A-----G-A-----AA-----A-----A	4008
C_IN.21068	-----A-----A-----C-----A-AC-----C-----GT-----A-----A-----T-----T-----AA-----G-A-----A-----A-----A	3980
C_IN.301905	-----A-----A-----C-----A-AC-----C-----GT-----A-----A-----T-----T-----A-----G-A-----A-----A-----A	3980
C_IN.301904	-----A-----A-----C-----A-AC-----C-----GT-----A-----A-----T-----T-----A-----G-A-----A-----A-----AA	3980
C_IN.11246	-----A-----A-----C-----A-AC-----C-----GT-----A-----A-----T-----T-----A-----G-A-----A-----A-----A	3971
D_CONSENSUS	-----C-----C-----C-----G-----GT-G-----A-----A-----A-----A-----A-----G-A-----A-----A-----A	4644
D_UG.94UG114	-----G-----A-----C-----C-----G-----GT-G-----A-----A-----T-----A-----C-----G-A-----A-----A-----A	3984
D_CD.NDK	-----G-----A-----C-----C-----G-----GT-G-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A	4164
D_CD.ELI	-----A-----A-----C-----C-----G-----GT-G-----A-----A-----T-----A-----G-A-----A-----A-----A	4175
D_CD.Z2Z6	-----A-----A-----C-----C-----G-----T-G-----A-----A-----T-----A-----G-A-----A-----A-----T-----A	4632
D_CD.84ZR085	-----G-----C-----C-----C-----G-----GT-G-G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----A	4151

B_FR.HXB2	CAGCAGAAACAGGGCAGGAAACAGCATATTTTCTTTTAAAAATTAGCAGGAAGATGGCCAGTAAAAACAATACATACTGACAATGGCAGCAATTTCCACCGGTGCTACGGTTAGGGCCCGCTGTTGGTGGGGCGG	4629
F_CONSENSUS	-----A-----C-C-CA-AC-G-----T-----A-----A-?G-----A-A-----A-----	3941
F1_BE.VI850	-----A-----C-C-CA-A-G-----T-----A-----A-CG-----A-AT-----A-----	3969
F1_BR.93BR020	-----A-A-G-----C-C-C-AC-G-----A-----C-----A-----A-T-----A-----	3957
F2_CM.MP255C	-----A-----C-C-CA-CC-G-----G-T-----A-----A-GT-----A-A-----A-----	3825
F2_CM.MP257C	-----A-G-----C-C-CA-AC-G-----T-----A-----T-----A-GT-----A-A-----A-----	3837
F1_FI.FIN9363	-----A-C-----C-C-CA-AC-G-----TG-----A-----A-CG-----A-A-----A-----	3958
F1_FR.MP411	-----A-----C-C-CA-AC-G-----T-----A-----T-----A-AG-G-A-----A-A-----A-----	3831
G_CONSENSUS	-----A-----C-A-A-----G-----GT-----A-----A-----A-G-A--A-A--A-A-----AA	4596
G_BE.DRCBL	-----A-----C-A-A-----G-----T-----A-----T-----A-G-A--A-A--A-A-----AA	4586
G_FI.HH87932	-----A-----C-CA-AC-----G-G-----GT-----A-----A-G-A--A-A--A-G-C-----A-----	4029
G_NG.92NG083	-----A-----C-A-A-----G-----GTG-----A-----TCC-----T-A-----G-A--A-A--A-A-----AA	3998
G_SE.SE6165	-----A-----C-A-A-----G-----C-GT-----A-T-----A-----G-A--A-A--A-A-----AA	4026
H_CONSENSUS	-----A-----C-A-A-G-C-----C-----TG-----A-----AA-G-----A-A-----A-----	4013
H_BE.VI991	-----A-----C-A-A-G-C-----C-----TG-----A-----AA-G-----A-A-----A-----	4018
H_BE.VI997	-----A-----A-A-G-C-----C-----TG-----A-----C-----AA-A-G-----A-A-----A-----	3953
H_CF.90CF056	-----AA-----C-C-G-G-C-----A-C-----GT-----A-----GA-G-----A-A-----A-----	3976
J_SE.SE91733	-----A-G-----T-A-A-----CG-----G-----A-T-----C-----A-G-G-T-G-A-A-----A-----	3944
J_SE.SE92809	-----A-G-----T-A-A-----C-----GT-----A-----C-----A-G-G-T-G-A-A-----A-----	3943
K_CM.MP535C	-----G-A-A-----C-C-A-AC-----GT-----A-----C-----A-CA-GT-----A-A-----A-----	3825
K_CD.EQTB11C	-----G-A-----C-C-CA-AC-----G-GT-----A-----A-----A-GTA-----A-A-----A-----	3826
CRF01_AE_CONSENSUS	-----A-G-----C-GC-----GT-----C-A-----C-T-----A-C-G-A--AA-A-----CA	4645
CRF01_AE_CF.90CF402	-----A-G-----C-GC-----GGGT-----C-A-----C-T-----A-C-G-A--AA-A-----CA	4665
CRF01_AE_TH.93TH253	-----A-G-----C-GC-----G-----GT-----C-A-----C-T-----A-C-G-A--AA-A-----CA	4616
CRF01_AE_TH.CM240	-----A-G-----C-GC-----C-----GT-----C-A-----C-T-----A-C-G-A--AA-A-----CA	4203
CRF02_AG_CONSENSUS	-----A-G-----C-A-AC-----G-GT-----C-A-----A-----A-G-A--A-A--A-A-----AA	4161
CRF02_AG_DJ.DJ263	-----A-G-----C-A-AC-----G-GT-----C-A-----T-----A-----G-A--A-A--A-A-----AA	3977
CRF02_AG_DJ.DJ264	-----A-G-----C-A-AC-----G-GT-----C-A-----A-----A-G-A--A-A--A-A-----AA	3978
CRF02_AG_NG.IBNG	-----A-G-----C-A-A-----G-GT-----C-A-----A-----A-G-A--A-A--G-A-----AA	4154
CRF03_AB_RU.KAL153	-----A-----C-G-C-----T-----A-----A-----A-A-G-----A-T-----A-----	4398
CRF04_cpx_CONSENSUS	-----A-----C-C-CA-AC-----T-----A-----CC-----A-G-----A-A-----A-----	4625
CRF04_cpx_CY.94CY032	-----A-----C-C-CA-AC-----G-TG-----G-A-----C-CC-----A-G-----A-A-----A-----	3995
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-----A-----T-C-CA-AC-----T-----A-----TC-----A-G-----A-A-----AA	4643
CRF04_cpx_GR.97PVCH	-----A-----C-C-CA-AC-----T-----A-----CC-----A-G-----A-A-----A-----	4646
AC_IN.21301	-----A-A-----C-A-A-AC-----C-GT-----A-----T-T-----A-G-A--A-A-----A-----	3981
AC_RW.92RW009	-----A-A-----C-A-AC-----C-GT-----A-----T-----A-AA--A--AA-A-----A-----	3961
AC_SE.ETSE9488	-----A-G-----C-GC-----G-G-G-----C-A-----G-----A-C-G-A--AA-A-----AA	3825
AC_ZM.ZAM184	-----A-G-----C-A-A-----C-----GT-----A-----GCC-----TA--A--A--A-G-----A-----	3990
ACD_SE.SE8603	-----A-G-----C-A-AC-----GT-G-----C-A-----A-----G-AT-----AA-A-----AA	3948
AD_SE.KESE7108	-----A-A-G-----C-A-AC-----GT-----C-A-----A-----A-C-G-A--AA-A-----A-----	3828
ADH_NO.NOGIL3	-----A-----C-A-AC-----GT-----C-A-----T-----T-A-----G-A--C-AA-A-----A-----	4639
ADU_CD.MAL	-----A-G-----C-A-AC-----GT-G-----C-A-----A-----A-----G-A--AA-A-----AA	4204
AG_NG.92NG003	-----A-G-----C-C-GC-----GT-----C-A-----A-----A-----G-AA-G-AA-A-----AA	3996
AGU_CD.Z321B	-----A-----C-A-A-----G-----GT-G-----C-A-----A-----A-----G-A--A-A-----AA	3843
AGJ_AU.BFP90	-----A-G-----C-A-A-----GTG-----C-A-----T-----A-----G-A--AA-A-----AA	4657
AGJ_ML.95ML84	-----A-G-----C-A-AC-----GTG-----C-A-----T-----A-----A-G-A--AA-A-----AA	3872
AJU_BW.98-2117	-----A-----C-C-GC-----C-GT-----C-A-----T-----A-----A-G-A--AA-A-----A-----	4016
BF_BR.93BR029	-----G-A-----C-----C-----A-----A-----A-----A-A--C-A-----A-----	3981
MO_CM.97CAMP645MO	-----A-A-G-----C-A-A-----T-----C-A-----A-----A-A-G-A--A-A--A-A-----AA	4003
O_CM.ANT70	-----A-A-----T-C-C-G-----C-G-T-C-----T-T-GT-----A-----C-GCCT-----T-AA--A-A--TA-G-A--T-A-----CA	4684
O_CM.MVP5180	-----A-A-----T-C-C-G-----C-----T-C-GT-----A-----ACCT-----T-AA--AG-CA-G-AA--T-A-----A-A-----	4659
N_CM.YBF30	-T-----G-----A-----A-----G-----T-----GTT-----C-----T-----ATC-----TA-----C-T--A-AA--A-----AA	4223
SIVCPZUS	-T-----A-A-G-----C-----A-----C-----T-----GTG-----T-----ATCT-----C-T-AA--AG--A--A--T-C-----A-----	4689
SIVCPZGAB	-T-----G-----A-A-----T-----C-G-----T-----T-----T-C-A-T-----GCCA-----T-AA--G-A--C-A--T-----A-----	4690
SIVCPZANT	-AT--G-----A-AAGT-----C-C-G-----CA-C-----T-----T-C-----AGCT-----AA--AG-A--A-AA--G-A-----TA	4068

Integrase P A 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 Pol



B_FR.HXB2	GAATCAAGCAGGAATTGGAAATTCCTTACAATCCCCAAAGTCAAGGAGTAGTAGAATCTATGAATAAAGAATTAAAGAAAATTATAGGACAGGTAAGAGATCAGGCTGAACATCTTAAGACAGCAGTACAAA	4761
A_CONSENSUS	ATG--C-A-----G-----G-----G-----C-----G-----G-A-----C-----	4262
A_KE.Q2317	AT--C-A-----G-----G-----G-----C-----G-A-----G-A-----C-----A-----	4219
A_SE.UGSE8891	ATG--C-A-----G-C-----G-----G-----C-----G-----A-A-----C-----	3950
A_SE.TZSE8538	ATG--C-A-----A-----G-----G-----C-----G-----G-A-----C-----A-----	3960
A_SE.UGSE6594	AT--C-A-----G-----G-G-----G-----C-----G-----G-A-----C-----A-----	3945
A_SE.UGSE7535	ACG--A-----G-----G-----G-----C-----A-----G-A-----C-----A-----	3978
A_SE.SOSE7253	-T--C-A-----G-----G-----C-----G-----G-A-----C-----	3965
A_SE.SE8131	ATG--C-A--A-----T-----G-----G-----C-----G-----G-A-----C-----G-----	4133
A_UG.U455	AT--C-A-----G-C-----G-----C-----C-G-----C-----G-----G-A-----C-----	4207
A_UG.92UG037	ATG-T--A-----T-----G-----G-----C-----G-----G-G-A-----	4128
B_CONSENSUS	-G-----C-----	4855
B_AU.MBC200	-G-----C-----	4760
B_AU.MBC925	-G-----C-----A-----	4772
B_CN.RL42	-G-----C-----C-----G-----G-----A-----	4148
B_DE.HAN2	-G-----C-----G-----G-----	4227
B_DE.D31	-GG-----C-----A-----	4307
B_ES.89SP061	-G-----C-----A-----G-----A-----	4319
B_GA.OYI	-G-----C-----T-----A-----	4304
B_GB.MANC	-G-----C-----	4707
B_GB.CAM1	-G-----C-----T-----A-----G-----	4763
B_NL.ACH320A	-G-----C-----G-----	4763
B_TW.LM49	-G-----A-----C-----A-----T-----C-----	4761
B_US.SF2CG	-G-----C-----T-----A-----A-----	4768
B_US.DH123	-G-----C-----A-----A-----	4752
B_US.NY5CG	-G-----C-----A-----	4761
B_US.AD8	-G-----C-----G-----	4761
B_US.WCIPR18	-G-----C-----	4307
B_US.YU2	-G-----C-----	4759
B_US.JRCSF	-G-----C-----	4773
B_US.MN	-G-----C-----A-----G-----	4776
B_US.BCSG3	-G-----C-----A-----	4308
B_US.896	-G-----C-----	4760
B_US.WEAU160	-G-----C-----GA-----C-----C-----A-----	4760
B_US.RF	-G-----C-----	4278
B_US.WR27	-G-----N-----C-----W-----C-----G-----A-----	4140
C_CONSENSUS	T--C-A-----G-----C-----G-----G-----A-----G-----C-----	4286
C_BR.92BR025	T--C-A-----G-----A-----C-----G-----A-----G-----C-----	4099
C_BW.96BW0402	T--AC-A-----G-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----	4227
C_BW.96BW1104	T--C-A-----G-----G-----C-----G-----A-----G-----C-----	4121
C_BW.96BW15C02	T--C-A-----G-----G-----C-----G-----A-----G-----C-----	4228
C_BW.96BW0502	T--C-A-----G-----C-----G-----A-----G-----C-----	4254
C_BW.96BW16B01	-C--C-A-----G-----G-----C-----G-----A-----G-----C-----G-----	4227
C_BW.96BW1210	T--C-A-----G-----C-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----	4133
C_BW.96BW17B03	-G--C-----G-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-----	4106
C_BW.96BW01B03	T--C-A-----G-----G-----G-----G-----A-----G-----C-----	4226
C_ET.ETH2220	T--TC-A-----C-----G-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----	4153
C_IN.301999	T--C-A-----G-----C-----G-----G-----A-----G-----C-----G-----	4140
C_IN.21068	T--C-A-----G-----C-----G-----G-----A-----G-----C-----	4112
C_IN.301905	T--C-A-----G-----C-----A-----G-----A-----G-----C-----	4112
C_IN.301904	T--C-A-----G-----G-----G-----A-----G-----C-----	4112
C_IN.11246	T--C-A-----G-----G-----G-----G-----A-----G-----C-----	4103
D_CONSENSUS	T-----A-----	4776
D_UG.94UG114	T-----C-----G-----A-----A-----	4116
D_CD.NDK	-G-----A-----	4296
D_CD.ELI	-T-----A-----	4307
D_CD.Z2Z6	-T--T--A-----G-----A-----G-----T-----	4764
D_CD.84ZR085	-T-----A-----	4283

B_FR.HXB2	GAATCAAGCAGGAATTGGAATTCCTTACAATCCCCAAAGTCAAGGAGTAGTAGAATCTATGAATAAAGAATTAAGAAAAATTTAGGACAGGTAAGAGATCAGGCTGAACATCTTAAGACAGCAGTACAAA	4761
F_CONSENSUS	-T--C-----?-----C-----A-----	4072
F1_BE.VI850	-T--C-A-----C-----A-----G-----C-----A-----	4101
F1_BR.93BR020	-T--C-----GC-----A-----A-----C-----	4089
F2_CM.MP255C	-T--C-----G-----C-----A-----A-----G-----	3957
F2_CM.MP257C	-T--C-----C-----A-----A-----G-----	3969
F1_FI.FIN9363	-T--C-----T-C-----A-----GC-----G-----A-----	4090
F1_FR.MP411	-T--AC-----C-----A-----A-----	3963
G_CONSENSUS	AT--CA-----C-----G-----G-----C-C-?-C-G-----A-----G-----	4727
G_BE.DRCBL	-C---CA-----C-----G-----G-----C-----C-G-----A-----G-----	4718
G_FI.HH87932	AT--T-CA--A-----C-----G-----C-C-G-----C-G-----A-----C-----	4161
G_NG.92NG083	AT--CA-----C-----G-----C-----C-G-----TG-----A-----G-----	4130
G_SE.SE6165	AT--CA-----C-----G-----C-C-G-----C-G-----A-----G-----	4158
H_CONSENSUS	AT--C-A-----G-----G-----C-----C-A-----C-----G-----	4145
H_BE.VI991	AT--C-C-----C-G-----C-----G-C-----C-A-----C-----G-----	4150
H_BE.VI997	AT--C-A-----C-----G-----A-----G-C-----C-A-----C-----G-----	4085
H_CF.90CF056	AT--C-A-----G-----G-----G-C-----C-A--A-----C-----G-----	4108
J_SE.SE91733	AT--A-----C-----C-----A-A-----C-----G-----	4076
J_SE.SE92809	AT--A-----C-----A-A-----C-----	4075
K_CM.MP535C	-TG-----G-----C-----C-----G-----C-A-----	3957
K_CD.EQTB11C	AT--A-----C-----C-----G-G-----C-A-----	3958
CRF01_AE_CONSENSUS	ATG--C-A-----G-C-----G-----C-----G-----G-A-----C-----	4777
CRF01_AE_CF.90CF402	ATG--C-A-----C-----G-----G-----C-----G-----G-A-----C-----	4797
CRF01_AE_TH.93TH253	ATG--CGA-----G-C-----A-----G-----C-----G-----G-G-A-----C-----	4748
CRF01_AE_TH.CM240	ATG--C-A-----G-C-----G-----C-----G-----G-A-----C-----A-----	4335
CRF02_AG_CONSENSUS	ATG--CA-----C-----G-----C-----C-G-----A-----C-----G-----	4293
CRF02_AG_DJ.DJ263	ATG--CA-----C-----G--G-----C-----C-G-----A-----C-----G-----	4109
CRF02_AG_DJ.DJ264	ATG--CA-----C-----G-----C-----G-----C-G-----A-----C-----G-----	4110
CRF02_AG_NG.IBNG	ATG--CA--A-----C-----G-----C-----C-----C-----A-----C-----G-----	4286
CRF03_AB_RU.KAL153	-G-----C-----C-----C-----C-----A-----	4530
CRF04_cpx_CONSENSUS	AT--C-A-----C-----G-----C-----C-G-----A-----C-----G-----	4757
CRF04_cpx_CY.94CY032	AT--C-----C-----C-----G-----C-----G-----A-----C-----G-----	4127
CRF04_cpx_GR.97PVMY	AT--C-A-----G-----C-----G-----G-----C-----C-----A-----C-----	4775
CRF04_cpx_GR.97PVCH	ATG--C-A-----C-----G-----C-----AAG-----C-G-----A-----C-----G-----	4778
AC_IN.21301	-T--C-A-----G-----C-----G-----G-----A-----G-----C-----	4113
AC_RW.92RW009	-T--C-A-----G-----A-----C-----C-----G-----A-----G-----C-----G-----	4093
AC_SE.ETSE9488	AT--C-A-----G-----C-----C-----G-----A-----G-----C-----	3957
AC_ZM.ZAM184	-TG--C-A-----G-----C-----G-----A-----C-----	4122
ACD_SE.SE8603	-TG--C-A-----G-----G-----C-----G-----G-A-----C-----	4080
AD_SE.KESE7108	-T--C-A-----G-----C-----C-----A-----G-A-----C-----A-----	3960
ADH_NO.NOGIL3	AT--T-A-----C-G-----C-----G-----G-A-----C-----R-----	4771
ADU_CD.MAL	AT--A-----C-----G-----C-----G-----G-A-----C-----	4336
AG_NG.92NG003	AT--C-A-----C-----C-----G-----C-G-----A-----C-----G-----	4128
AGU_CD.Z321B	AT--CA--A-----C-----G-----C-----C-G-----A-----C-----A-----G-----	3975
AGJ_AU.BFP90	AT--CA--A-----T-----C-----G-----C-----A-----C-----	4789
AGJ_ML.95ML84	ATG--CA--A-----G-----G-----C-----G-----C-----A-----C-----	4004
AJU_BW.98-2117	-TG--G--A-----G--A-----G-----G-----C-----G-----T-G-A-A-----G-----C-----	4148
BF_BR.93BR029	-G-----A-----G-----A-----G-----G-----G-----	4113
MO_CM.97CAMP645MO	ATG--CA--A-----G-----C-----G-----G-----C-----G-----A-----C-----G-----	4135
O_CM.ANT70	AC--AC-A--T-G-----A-A-T-----A-----G-C-----G-----ATC-----CAG-----G-G-C-A-A-----CT-A-GA-----	4816
O_CM.MVP5180	-C--AC-A--T-G-----G-A-A-T-----A-----G-C-----G-----ATCT-----CAG-----G-G-C-A-A-----G--T-A-A-----	4791
N_CM.YBF30	AT--A-----G-A-----T-----G-----C-----G-----A-----AA-C-----A-----G-----	4355
SIVCPZUS	-C--AC-A--A-G-----A-----A-----G-----C-----AA-C-----G-----A-A-G-----T-A-----T-----G-----	4821
SIVCPZGAB	AC-----A-----T-----A-----G-----G-----CT-A-----GC-----A-----T-G-----A-A-----T-A-A-----	4822
SIVCPZANT	AT--C-A-----A-A-----A-----G-----G-----C-----C-----G-----C-----AA-T-----C-A-A-----AT-A-----GT-----	4200
Integrase	G I K Q E F G I P Y N P Q S Q G V V E S M N K E L K K I I G Q V R D Q A E H L K T A V Q	Pol

B_FR.HXB2	TGGCAGTATTTCATCCACAATTTTAAAAAGAAAAGGGGGG...	ATTGGGGGTACAGTGCAGGGGAAAGAATAGTAGACATAATAGCAACAGACATACAAACTAAAGAATTACAAAAACAATTACAAAAATTC	4890
A_CONSENSUS	T	A	4391
A_KE.Q2317	T	A	4348
A_SE.UGSE8891	T	A	4079
A_SE.TZSE8538	T	A	4089
A_SE.UGSE6594	T	A	4074
A_SE.UGSE7535	T	A	4107
A_SE.SOSE7253	T	A	4094
A_SE.SE8131	T	A	4261
A_UG.U455	T	A	4336
A_UG.92UG037	G	T	4257
B_CONSENSUS			4985
B_AU.MBC200		AT	4889
B_AU.MBC925			4901
B_CN.RL42			4277
B_DE.HAN2			4356
B_DE.D31			4436
B_ES.89SP061			4448
B_GA.OYI	T		4433
B_GB.MANC		G	4836
B_GB.CAM1			4892
B_NL.ACH320A		A	4892
B_TW.LM49		G	4891
B_US.SF2CG		A	4897
B_US.DH123	T		4881
B_US.NY5CG			4890
B_US.AD8		A	4890
B_US.WCIPR18			4436
B_US.YU2			4888
B_US.JRCSF		A	4902
B_US.MN		G	4905
B_US.BCSG3	T		4437
B_US.896			4889
B_US.WEAU160		A	4889
B_US.RF			4407
B_US.WR27		T	4269
C_CONSENSUS	T	A	4415
C_BR.92BR025	T	A	4227
C_BW.96BW0402	T	G	4356
C_BW.96BW1104	T	A	4250
C_BW.96BW15C02	T	A	4357
C_BW.96BW0502	T	A	4383
C_BW.96BW16B01	T	A	4356
C_BW.96BW1210	T	A	4262
C_BW.96BW17B03	T	A	4235
C_BW.96BW01B03	T	G	4355
C_ET.ETH2220	T	G	4282
C_IN.301999	T	A	4269
C_IN.21068	T	A	4241
C_IN.301905	T	A	4241
C_IN.301904	T	A	4241
C_IN.11246	T	A	4232
D_CONSENSUS		A	4905
D_UG.94UG114			4245
D_CD.NDK	T	A	4425
D_CD.ELI		G	4436
D_CD.Z2Z6		A	4893
D_CD.84ZR085	T	G	4412

B_FR.HXB2	TGGCAGTATTTCATCCACAATTTTAAAAAGAAAAGGGGGG...	ATTGGGGGGTACAGTGCAGGGGAAAGAATAGTAGACATAATAGCAACAGACATACAAACTAAAGAATTACAAAAACAATTACAAAAATTC	4890
F_CONSENSUS	T	A	4200
F1_BE.VI850		A	4230
F1_BR.93BR020	A	C	4218
F2_CM.MP255C		A	4086
F2_CM.MP257C		A	4098
F1_FI.FIN9363		A	4219
F1_FR.MP411	G	A	4092
G_CONSENSUS	T	A	4856
G_BE.DRCBL		A	4847
G_FI.HH87932		A	4290
G_NG.92NG083		A	4259
G_SE.SE6165	A	A	4287
H_CONSENSUS		A	4273
H_BE.VI991		A	4279
H_BE.VI997		A	4214
H_CF.90CF056		A	4237
J_SE.SE91733	A	A	4205
J_SE.SE92809	A	A	4204
K_CM.MP535C		A	4086
K_CD.EQTB11C		A	4087
CRF01_AE_CONSENSUS	T	A	4906
CRF01_AE_CF.90CF402		A	4926
CRF01_AE_TH.93TH253	A	A	4877
CRF01_AE_TH.CM240		A	4464
CRF02_AG_CONSENSUS		A	4422
CRF02_AG_DJ.DJ263		A	4238
CRF02_AG_DJ.DJ264		A	4239
CRF02_AG_NG.IBNG		A	4415
CRF03_AB_RU.KAL153		A	4659
CRF04_cpx_CONSENSUS		A	4886
CRF04_cpx_CY.94CY032		A	4256
CRF04_cpx_GR.97PVMY	A	A	4904
CRF04_cpx_GR.97PVCH		A	4907
AC_IN.21301		A	4242
AC_RW.92RW009		A	4222
AC_SE.ETSE9488		A	4086
AC_ZM.ZAM184	A	A	4251
ACD_SE.SE8603		A	4209
AD_SE.KESE7108		A	4089
ADH_NO.NOGIL3		A	4900
ADU_CD.MAL	G	A	4465
AG_NG.92NG003		A	4257
AGU_CD.Z321B		A	4104
AGJ_AU.BFP90		A	4918
AGJ_ML.95ML84		A	4133
AJU_BW.98-2117		A	4277
BF_BR.93BR029	C	A	4242
MO_CM.97CAMP645MO		A	4264
O_CM.ANT70	TG	A	4945
O_CM.MVP5180	C	A	4920
N_CM.YBF30	G	A	4484
SIVCPZUS	T	A	4950
SIVCPZGAB	G	A	4951
SIVCPZANT	GCA	A	4329
Integrase	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 D I Q T K E L Q K Q I T K I	Pol	

B_FR.HXB2	AAAATTTTCGGGTTTATTACAGGGACAGCAGAAAATCCACTTGGAAAGGACCAGCAAAGCTCCTCTGGAAAGGTGAAGGGGCAGTAGTAATACAAGATAATAGTGACATAAAAAGTAGTGCCAAGAAGAA	5019
A_CONSENSUS	-----G-----A-----A--A-----G-C-----T---G---A-----	4520
A_KE.Q2317	-----G-----A-----A-AT-----G-C-----G---A-----	4477
A_SE.UGSE8891	-----G-----A-----A-A-----C-----G-C-----T---G---C-----	4208
A_SE.TZSE8538	-----G-----A-----A-A-----G-C-----T---G---A-----	4218
A_SE.UGSE6594	-----G-----A-----A-A-----C-----T---G---A-----	4203
A_SE.UGSE7535	-----G-----A-----A-A-----G-C-----T---G---A-----	4236
A_SE.SOSE7253	---A-----G-----CA-----A-A-----G-----G-C-C-A-----T---G---A-----	4223
A_SE.SE8131	-----G-----A-----A-G-T-----G-----G-CC-A-----T---G---A-----	4390
A_UG.U455	-----G-C-CA-----A-A-----A-A-----C-----T---G---A-----	4465
A_UG.92UG037	---A-----G-----A-----A-A-----G-----G-C-----T---G---A-----	4386
B_CONSENSUS	-----G-----T-----	5114
B_AU.MBC200	-----G-----	5018
B_AU.MBC925	-----G-----T-----	5030
B_CN.RL42	-----G-----T-----G-----	4406
B_DE.HAN2	-----G-A-T-----T-----	4485
B_DE.D31	-----G-----A-----	4565
B_ES.89SP061	-----G-----T-----	4577
B_GA.OYI	-----G-A-----T-T-----G-----	4562
B_GB.MANC	-----G-----A-----	4965
B_GB.CAM1	-----G-----T-----	5021
B_NL.ACH320A	-----G-----	5021
B_TW.LM49	-----A-A-G-----G-----	5020
B_US.SF2CG	-----A-A-G-C-----T-----	5026
B_US.DH123	-----G-----T-T-----G-----	5010
B_US.NY5CG	-----G-----G-----	5019
B_US.AD8	-----G-----T-----	5019
B_US.WCIPR18	-----G-----T-----	4565
B_US.YU2	-----G-----T-----	5017
B_US.JRCSF	-----A-G-A-----T-----	5031
B_US.MN	-----G-----T-----A-----	5034
B_US.BCSG3	-----A-A-G-----T-----	4566
B_US.896	-----G-----T-----G-----	5018
B_US.WEAU160	-----C-----G-----T-----	5018
B_US.RF	-----G-----AC-----T-----	4536
B_US.WR27	-----Y-----T-----	4398
C_CONSENSUS	-----A-----G-C-TA-----C-A-A-----G---A-----G-G-----	4544
C_BR.92BR025	-----A-----G-C-TA-----C-A-A-----C-----C-----G---A-----G-G-----	4356
C_BW.96BW0402	---C-----A-----C-G-C-TG-----G-----C-A-A-----G---A-----G-G-----	4485
C_BW.96BW1104	-----A-----G-C-TA-----C-----A-----A-----G---A-----G-G-----	4379
C_BW.96BW15C02	-----A-----G-C-TA-----C-A-A-----A-----G---A-----G-G-----	4486
C_BW.96BW0502	-----A-----G-C-TA-----C-A-A-----G-----C-----G---A-----G-G-----	4512
C_BW.96BW16B01	-----A-----G-C-TA-----C-A-A-----C-----G---A-----G-G-----	4485
C_BW.96BW1210	-----A-----G-C-TA-----C-A-A-----	4391
C_BW.96BW17B03	-----A-----G-A-CG-----C-ATG-----C-----G---A-----G-G-----	4364
C_BW.96BW01B03	-----A-----G-C-TA-----C-A-A-----G---A-----G-G-----	4484
C_ET.ETH2220	-----A-----G-C-TA-----C-A-A-----G---A-----G-G-----	4411
C_IN.301999	---C-----A-----G-C-TA-----C-A-A-----G---A-----G-G-----	4398
C_IN.21068	-----A-----G-C-CA-----C-A-A-----G-G-A-----G-G-----	4370
C_IN.301905	-----A-----G-C-CA-----C-A-A-----G---A-----G-G-----	4370
C_IN.301904	-----A-----G-C-CA-----C-A-A-----C-----G---A-----G-G-----	4370
C_IN.11246	-----A-----G-C-CA-----C-A-A-----G---A-----G-G-----	4361
D_CONSENSUS	-----G-----A-----T-----C-----G---A-----	5034
D_UG.94UG114	-----G-----G-----T-----C-----A-----G---A-----	4374
D_CD.NDK	-----G-----A-----T-----C-----G---A-----	4554
D_CD.ELI	-----A-----G-----A-----C-----G-----G---A-----	4565
D_CD.Z2Z6	-----G-----A-----C-----G-----G---A-----	5022
D_CD.84ZR085	-----G-----A-----T-----C-----G-----G---A-----	4541

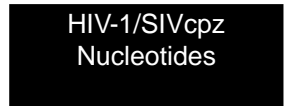
	Vif CDS starts -> (frame 3)	Pol p31 Integrase end, VIF CDS continue <- (frame 2 shift to frame 1)	
B_FR.HXB2	AAGCAAAGATCATTAGGGATTATGAAAACAGATGGCAGGTGATGATTGTGTGGCAAGTAGACAGGATGAGGAT	TAGAACATGGAAAAGTTTAGTAAACACCATATGTATGTTTCAGGGAAAGCTAGGG	5149
A_CONSENSUS	-----G-----	-----C-----	4650
A_KE.Q2317	-----C-----G-----	-----T-----C-----C-----CAA-----A-AAA	4607
A_SE.UGSE8891	-----G-----	-----T-----C-----A-----C-----CAA-----AA-	4338
A_SE.TZSE8538	-----A-----G-----	-----T-----A-----C-----AA-----A-AAA	4348
A_SE.UGSE6594	-----A-----C-----	-----T-----C-----AA-----A-AAA	4333
A_SE.UGSE7535	--T--A--C-----	-----G-----C-----AA-----A-AA	4366
A_SE.SOSE7253	-----C-----	-----C-----C-----T-----C-----A-----AA-----AA-	4353
A_SE.SE8131	-----G-----	-----C-----C-----T-----C-----A-----AA-----GCA-	4520
A_UG.U455	-----A-----	-----C-----T-----C-----C-----CAA-----CAA-	4595
A_UG.92UG037	--T--A--G-----A-----G-----A-----	-----C-----C-----T-----C-----A-----C-----C-----G-----AA-	4516
B_CONSENSUS	-----G-----	-----A-----?-----A-----	5243
B_AU.MBC200	-----G-----	-----A-----	5148
B_AU.MBC925	-----G-----	-----A-----	5160
B_CN.RL42	-G-T-----C-----	-----A-----C-----A-----A-----A-----	4536
B_DE.HAN2	-----GCA-----	-----C-----A-----TG-----C-----A-A	4615
B_DE.D31	-----G-----	-----G-----C-----	4695
B_ES.89SP061	-----G-----	-----A-----	4707
B_GA.OYI	-----G-----	-----AA-----	4692
B_GB.MANC	--T--T-----G-----	-----C-----A-----	5095
B_GB.CAM1	-----G-----	-----C-----G-----A-----A-----A-----	5151
B_NL.ACH320A	-----G-----	-----G-----AAG-----AA-----GA-A	5151
B_TW.LM49	-----A-----G-----	-----G-----C-----T-----A-----AA-----AA-	5150
B_US.SF2CG	-----A-----	-----A-----AA-----AA-	5156
B_US.DH123	-----T-----C-----	-----A-----AA-----A-----	5140
B_US.NY5CG	-----C-----	-----AC-----A-----A-----A-----A-----	5149
B_US.AD8	-----A-----	-----A-----A-----A-----A-----A-----	5149
B_US.WCIPR18	-----A-----	-----A-----	4695
B_US.YU2	-----G-----	-----G-----A-----	5147
B_US.JRCSF	--T--A-----	-----C-----A-----A-----A-----	5161
B_US.MN	-----G-----A-----C-----	-----C-----A-----AA-----AA-	5164
B_US.BCSG3	-----A-----	-----T-----A-----A-----A-----A-----	4696
B_US.896	-----A-----	-----A-----	5148
B_US.WEAU160	-----A-----	-----A-----AA-----A-----	5148
B_US.RF	-----A-----	-----A-----A-----	4666
B_US.WR27	-----A-----	-----WC-----A-----A-----	4528
C_CONSENSUS	-----A-----A-----C-----C-----G-----A-----	-----T-----G-----A-----G-----AT-	4674
C_BR.92BR025	--T--A-----A-----C-----C-----A-----A-----	-----T-----G-----C-----A-----G-----T-	4486
C_BW.96BW0402	--T--A-----C-----C-----G-----A-----	-----T-----G-----C-----A-----AT-	4615
C_BW.96BW1104	--T--A-----C-----C-----G-----	-----C-----G-----T-----A-----G-----AT-	4509
C_BW.96BW15C02	--T--A-----C-----C-----C-----	-----T-----G-----AA-----G-----A-----AT-	4616
C_BW.96BW0502	-----A-----A-----C-----C-----G-----G-----AA-----	-----T-----C-----A-----AAA-----G-----A-----	4642
C_BW.96BW16B01	--T--A-----A-----C-----C-----G-----G-----AA-----	-----A-----T-----A-----G-----A-----A-----GG-----AT-	4615
C_BW.96BW1210	-G-T--A-----A-----C-----G-----C-----G-----AA-----	-----C-----T-----A-----A-----AA-----G-----GAT-	4521
C_BW.96BW17B03	-----C-----G-----A-----G-----	-----T-----A-----A-----G-----A-----	4494
C_BW.96BW01B03	--T--A-----A-----C-----C-----G-----A-----	-----T-----T-----G-----A-----A-----G-----T-	4614
C_ET.ETH2220	-----A-----C-----C-----G-----A-----	-----T-----G-----C-----A-----A-----G-----AT-	4541
C_IN.301999	-----A-----C-----C-----G-----A-----	-----T-----G-----A-----G-----CT-	4528
C_IN.21068	-----A-----A-----C-----C-----G-----A-----	-----T-----C-----A-----G-----AT-	4500
C_IN.301905	-----A-----A-----C-----C-----G-----A-----	-----T-----A-----G-----AT-	4500
C_IN.301904	-----A-----A-----C-----C-----G-----A-----	-----T-----A-----G-----AT-	4500
C_IN.11246	-----A-----A-----C-----C-----G-----A-----	-----T-----A-----G-----AT-	4491
D_CONSENSUS	--T--T-----	-----A-----AA-----ACA	5164
D_UG.94UG114	-----T-----	-----A-----AA-----AA-	4504
D_CD.NDK	--T--T-----	-----AC-----T-----AA-----ACA	4684
D_CD.ELI	--T--T-----	-----A-----AA-----ACA	4695
D_CD.Z226	--T--T-----C-----	-----AA-----CA	5152
D_CD.84ZR085	-----AC-----	-----T-----C-----A-----AA-----AA-	4671

B_FR.HXB2	GATGGTTTATAGACATCACTATGAAAGCCCTCATCCAAGAATAAGTTCAGAAGTACACATCCCCTAGGGGATGCTAGATTGGTAATAACAACATATTGGGGTCTGCATACAGGAGAAAAGACT	5275
A_CONSENSUS	-T-----AGG-----A-G-----A-G-G-----A-----	4776
A_KE.Q2317	-G-----AGG-----A-G-----C-A-G-G-G-----A-----	4733
A_SE.UGSE8891	-T--C-----T-----AGG-----A-G-----A-----G-----G-----A-----	4464
A_SE.TZSE8538	AT-----T-----AGG-----A-G-----A-----G-----A-A-G-G-----G-----A-T-----	4474
A_SE.UGSE6594	AT--G-----T-----AGG-----A-G-----A-----A-A-G-G-----C-----AG-A-----	4459
A_SE.UGSE7535	AT-----TAGG-----A-G-----A-----A-G-G-----G-----A-----	4492
A_SE.SOSE7253	AT-----C-----AGGA-----C-----A-G-G-----A-----	4479
A_SE.SE8131	-T--C-----AGG-----A-G-----C-----C-AA-G-G-----C-----	4646
A_UG.U455	-T-----TAGA-----T-----G-----A-----A-G-G-----A-----	4721
A_UG.92UG037	-T-----AGG-----A-G-C-----A-----A-A-G-G-----G-----A-----	4642
B_CONSENSUS	A-----A-----?	5368
B_AU.MBC200	---GC-----A-----G-A-----A-----A-----	5274
B_AU.MBC925	---G-----A-A-----C-----A-----A-----GT-----	5286
B_CN.RL42	---A-----T-----A-----A-----G-----	4662
B_DE.HAN2	AC--G-----A-----A-----G-----A-----A-----	4741
B_DE.D31	A-----A-----A-----A-----	4821
B_ES.89SP061	---A-----TA-----G-----A-----A-A-----A-----	4833
B_GA.OYI	---A-----A-----G-----CC-----G-----A-----	4818
B_GB.MANC	---C-----A-----A-----A-----G-----T-----G-----A-----A-----	5221
B_GB.CAM1	A-----C-----C-----A-----TA-----G-----G-----C-----A-----G-----	5277
B_NL.ACH320A	---C-----A-----TA-----G-----G-----C-----A-----G-----	5276
B_TW.LM49	---C-----A-----TA-----G-----T-----C-----A-----A-----	5282
B_US.SF2CG	---A-----A-----T-----C-----A-----C-----G-----A-----	5266
B_US.DH123	AC-----TA-----A-----A-----C-----A-----A-----	5275
B_US.NY5CG	A--G-----A-----ATGA-----C-----C-----A-----A-----	5275
B_US.AD8	A-----TA-----A-----A-----A-----	4821
B_US.WC1PR18	---A-----A-----T-----A-----A-----C-----	5273
B_US.YU2	---A-----A-----A-----A-----G-----A-----	5287
B_US.JRCSF	--C-----A-----A-----A-----C-----A-----	5290
B_US.MN	---C-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----	4822
B_US.BCSG3	---C-----C-----A-----A-----A-----A-----G-----	5274
B_US.896	---C-----C-----A-----A-----G-----T-----A-G-A-----A-----	5274
B_US.WEAU160	---C-----C-----A-----A-----G-----T-----C-----AA-G-----	4792
B_US.RF	---N-----AW-----A-AA-----G-----T-----C-----TG-----	4654
B_US.WR27	---C-----AW-----A-AA-----G-----T-----C-----TG-----	4654
C_CONSENSUS	---C-----T-----AGA-----A-G-----T-----G-----A-----A-----T-----A-----T-----	4800
C_BR.92BR025	---A-----T-----AGA-----A-----T-----T-----G-----A-----T-----T-----A-----T-----	4612
C_BW.96BW0402	---C-----T-----AGA-----G-----T-----T-----G-----A-----A-----G-----G-----T-----	4741
C_BW.96BW1104	---C-----T-T-----AGA-----A-G-----T-----T-----G-----A-----A-----T-----T-----	4635
C_BW.96BW15C02	---C-----T-T-----TAGA-----A-G-----T-----T-----G-----A-----T-----GT-----A-----G-----	4742
C_BW.96BW0502	---C-----T-----AGA-----A-G-----T-----T-----A-----A-----A-----T-----A-----T-----	4768
C_BW.96BW16B01	---C-----T-----AGAA-----A-G-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----	4741
C_BW.96BW1210	---C-----T-----AGA-----A-G-----T-----T-----A-----A-----T-----A-----G-----	4647
C_BW.96BW17B03	---C-----T-----TAGA-----A-----T-----T-----G-----A-----A-----T-----C-----T-----	4620
C_BW.96BW01B03	---G-----T-T-----AGA-----A-G-----T-----T-----G-----A-----A-----T-----A-----A-----	4740
C_ET.ETH2220	---G-----T-----C-----AGA-----AGG-----T-----G-----AA-----A-----T-----A-----T-----	4667
C_IN.301999	---C-----T-----AGAA-----A-----T-----T-----G-----A-----A-----GT-----A-----T-----	4654
C_IN.21068	---C-----T-----AGA-----A-G-----T-----A-----G-----A-----A-----GT-----A-----T-----	4626
C_IN.301905	---C-----T-----C-----AGA-----A-G-----T-----T-----G-----A-----A-----GT-----A-----T-----	4626
C_IN.301904	---C-----T-----C-----AGA-----A-G-----T-----T-----G-----C-----A-----GT-----A-----T-----	4626
C_IN.11246	---C-----T-----C-----AGAA-----A-G-----T-----T-----G-----T-----A-----GT-----A-----T-----	4617
D_CONSENSUS	---C-----C-----A-----A-----A-----C-----G-----A-----	5290
D_UG.94UG114	---G-----CT-----AA-----A-----T-----A-----A-----GC-----G-----A-----	4630
D_CD.NDK	---C-----AC-----C-----A-----A-----A-----C-----G-----A-----A-----	4810
D_CD.ELI	---C-----C-----A-----A-----A-----A-----C-----G-----A-----	4821
D_CD.Z226	---C-----C-----C-----A-----T-----A-----A-----TGC-----G-----A-----	5278
D_CD.84ZR085	---C-----C-----C-----A-----T-----A-----A-----C-----G-----A-----	4797

B_FR.HXB2	GATGGTTTTATAGACATCACTATGAAAGCCCTCATCCAAGAATAAGTTCAGAAGTACACATCCCCTAGGGGATGCTAGATTGGTAATAACAACATATTGGGGTCTGCATACAGGAGAAAGAGACT	5275
F_CONSENSUS	-----T-----AGG-----A-?-----A-GA?A-A-A-----?-----T-----	4583
F1_BE.VI850	-----C-----T-C-----AGG-----G-----AA-T-A-A-----G-----CC-----A-----	4615
F1_BR.93BR020	-----T-----AGG-----A-----AACA-GA-A-----C-----G-----T-C-----A-----	4603
F2_CM.MP255C	-----T-----AGG-----A-G-----T-----A-GATT-A-A-----T-C-----A-----T-----	4474
F2_CM.MP257C	-----T-----AGG-----G-----T-----A-GAAT-A-A-C-----T-C-----A-----	4486
F1_FI.FIN9363	-----T-----AGA-----A-----C-----AA-GA-A-----T-----G-----A-----T-----	4604
F1_FR.MP411	AT-----T-T-C-----AGG-----A-----AAA-A-A-G-----T-----	4477
G_CONSENSUS	-C-----T-----AGG-----?G-----A?C-A-G-G-----A-----	5237
G_BE.DRCBL	-C-----T-----TAGG-C-----A-G-----AA-C-A-G-G-----C-A-A-----	5232
G_FI.HH87932	-C-----T-----AGG-----A-G-----AA-C-A-G-GC-----A-----A-----T-----	4675
G_NG.92NG083	-C-----C-----AGG-----G-----A-AC-C-A-G-G-----G-----A-----	4644
G_SE.SE6165	-C-----C-----AGG-----G-----AC-C-A-G-----G-----A-----	4672
H_CONSENSUS	-----G-----T-----A-----G-----T-----G-A-C-----C-----	4658
H_BE.VI991	A-----G-----T-----TA-A-C-----AG-C-----G-----G-A-C-----C-----	4664
H_BE.VI997	-----G-----T-----C-----G-----T-----G-A-T-----C-----	4599
H_CF.90CF056	-----T-----T-T-----A-----G-----T-----AA-G-A-C-----C-----A-----	4622
J_SE.SE91733	A-----C-G-----T-----T-----G-----A-----AG-T-A-G-----A-----T-----	4590
J_SE.SE92809	A-----C-G-----G-----C-----AA-----A-----AG-T-A-----G-----T-----	4589
K_CM.MP535C	-----A-----AGG-----A-----AGAG-A-G-----T-----G-----	4471
K_CD.EQTB11C	-----CG-----C-----AA-----A-----AGA-A-GG-----G-----A-----	4467
CRF01_AE_CONSENSUS	AG-----T-----T-----AG-----AGG-----T-----A?-----A-----G-----?-----AG-----	5289
CRF01_AE_CF.90CF402	A-----T-----T-----AG-----A-G-----AA-----G-----A-----	5311
CRF01_AE_TH.93TH253	AG-----T-----T-----AG-----AGG-G-----T-----AA-----G-----G-----AG-----	5262
CRF01_AE_TH.CM240	AG-----T-----T-----AG-----AGG-C-----T-----AG-----A-----G-----AG-----	4849
CRF02_AG_CONSENSUS	AT-----T-----TAGG-----A-G-----AA-G-G-----G-----	4807
CRF02_AG_DJ.DJ263	AT-----T-----TAGG-----A-G-----AA-G-G-----G-----	4623
CRF02_AG_DJ.DJ264	AT-----T-----G-----TAGG-----A-G-----AA-G-G-----C-----G-----	4624
CRF02_AG_NG.IBNG	-T-----T-----T-----TAGG-----A-G-T-----G-A-G-G-----C-----	4800
CRF03_AB_RU.KAL153	-----G-----A-----AGGA-----A-----A-----	5044
CRF04_cpx_CONSENSUS	-----C-----TAGG-C-----G-----?-----G-A-A-G-G-----GC-----A-----	5270
CRF04_cpx_CY.94CY032	-----A-C-----TAGG-C-----A-G-----T-----G-A-A-G-G-----GC-----G-----CA-----	4641
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-----G-C-----A-----TAGAA-C-----GC-----T-----G-A-A-G-G-----C-----GC-----A-----AG-----	5289
CRF04_cpx_GR.97PVCH	-----CC-----TAGG-C-----G-----A-----C-----A-----G-----AC-----A-----	5292
AC_IN.21301	-----C-----T-----C-----AGA-----A-G-----T-----G-A-A-G-----A-----GT-A-A-----T-----	4627
AC_RW.92RW009	-----T-----T-----AGA-----A-----T-----A-----A-----A-----T-----A-----G-----T-----	4607
AC_SE.ETSE9488	-G-----T-----AGG-----A-C-----T-----A-----A-----T-----T-----A-----T-----	4471
AC_ZM.ZAM184	-T-----C-----AGG-----GG-----G-----G-----G-----A-----G-----CT-----A-----	4636
ACD_SE.SE8603	-T-----S-----C-AGG-----G-----A-A-A-G-G-----A-----C-----A-----	4594
AD_SE.KESE7108	AT-----G-----AGG-----G-----A-----A-----G-----A-----	4474
ADH_NO.NOGIL3	A-----G-T-----AGG-----A-G-----A-----A-----G-----G-----A-----C-----	5285
ADU_CD.MAL	AT-----AGG-----A-G-----A-----A-----G-----A-----A-----	4850
AG_NG.92NG003	AT-----TAGG-----A-G-----G-----A-----G-----	4642
AGU_CD.Z321B	AC-----C-----AA-----A-----C-----AA-----A-----A-----G-----A-----	4489
AGJ_AU.BFP90	-----AA-----C-----AA-----A-----A-----T-----AAG-GA-A-----AA-----A-----	5303
AGJ_ML.95ML84	-----C-----C-TAA-----A-----A-----TG-GA-A-----AA-----A-----	4518
AJU_BW.98-2117	AG-----C-----C-----AA-----A-----T-----AAG-GA-A-----G-----A-----	4662
BF_BR.93BR029	-----G-----A-----T-----TAGA-----A-G-----T-----A-----A-----A-----G-----T-----	4627
MO_CM.97CAMP645MO	AT-----G-----A-----T-----TAGA-----A-G-----T-----A-----A-----A-----G-----T-----	4649
O_CM.ANT70	AC-----GG-C-----T-----TC-AGAA-----G-T-----AGT-----T-T-T-G-----TG-CCATG-A-----G-----C-----AT--ATGC-----G-----TG	5330
O_CM.MVP5180	AC-----CG-----G-----T-----TC-AGGA-----A-G-C-----G-CG-GT-T-T-G-----CAA-----GATA-A-----GG-C-----C-----AT--AATGC-----G-----GG	5305
N_CM.YBF30	-----A-----T-----CA-A-----C-----A-----T-----G-----T-----C-G-A-----A-----G-C-GTC-----T-----G-----AACA-----CAGTCT-----	4869
SIVCPZUS	-----C-C-G-----T-----G-----A-----C-----G-----A-----T-----TA-----ATA-A-A-A-A-----G-----T-----G-----GT--A-A-----CA-----C-----	5335
SIVCPZGAB	-T-----C-----T-----TCA-----A-----A-G-TGC-----T-----A-----A-----TT-CA-AGATT-----T-----AA-----G-----C-----CCT-AAGCC-----G-----C-----	5339
SIVCPZANT	C-----AAG-----T-----ATGA-----C-----AG-A-G-AGA-----T-----A-----CCAACATTG-----AAA-A-----G-----GTG-TC-----AT-A-----ATGT-----C-CCCA-----	4667
Vif	G W F Y R H H Y E S P 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	Vif

B_FR.HXB2	GGCATTGGGTCTCCATAGAATGGAGGAAAAAGAGATATAGCACACAAGTAGACCCCTGAACTAGCAGACCACTAATTCATCTGTATTACTTTGACTGTTTTTCAGACTCTGCTATAAGAAAGG	5407
A_CONSENSUS	---C---T---G---CT---A---A---T---C---G---C---T---C---G---A---C---T---C---G---A---	4908
A_KE.Q2317	---C---T---G---CT---A---A---ACT---C---G---A---C---T---C---G---A---C---T---C---G---A---	4865
A_SE.UGSE8891	---C---T---G---CT---GA---A---T---C---G---C---T---A---A---C---T---C---G---A---	4596
A_SE.TZSE8538	---A---T---G---CTG---GA---A---T---C---G---A---C---Y---A---C---T---C---G---A---	4606
A_SE.UGSE6594	---C---T---G---CTG---T---A---T---C---AG---C---T---C---G---A---C---T---C---G---A---	4591
A_SE.UGSE7535	---C---T---G---CT---A---GA---T---C---G---C---TC---C---T---C---G---A---	4624
A_SE.SOSE7253	---A---T---G---CT---GA---A---T---C---G---A---C---T---C---G---A---C---T---C---G---A---	4611
A_SE.SE8131	---A---T---G---CT---GA---A---T---C---G---C---T---A---C---T---C---G---A---	4778
A_UG.U455	---C---T---G---CTG---A---A---T---C---G---T---C---C---T---A---C---T---G---GA---	4853
A_UG.92UG037	---C---T---G---CT---A---A---T---C---G---T---C---T---A---C---T---G---A---	4774
B_CONSENSUS	-----T-----G-----C-----T-----A-----T-----	5500
B_AU.MBC200	-----T-----G-----C-----T-----A-----T-----	5406
B_AU.MBC925	-----T-----G-----C-----T-----A-----T-----	5418
B_CN.RL42	-----C-----T-----G-----C-----T-----A-----T-----	4794
B_DE.HAN2	-----C-----T-----G-----C-----T-----A-----T-----	4873
B_DE.D31	---A---C---T---C---G---A---C---T---C---G---A---C---T---C---G---A---	4953
B_ES.89SP061	---A---C---T---C---G---A---C---T---C---G---A---C---T---C---G---A---	4965
B_GA.OYI	---C---A---C---T---G---G---C---T---G---C---A---C---T---C---G---A---	4950
B_GB.MANC	---C---A---C---T---G---G---C---T---G---C---A---C---T---C---G---A---	5353
B_GB.CAM1	---C---A---C---T---G---G---C---T---G---C---A---C---T---C---G---A---	5409
B_NL.ACH320A	---C---A---C---T---G---G---C---T---G---C---A---C---T---C---G---A---	5409
B_TW.LM49	---C---A---C---T---G---G---C---T---G---C---A---C---T---C---G---A---	5408
B_US.SF2CG	---C---A---C---T---G---G---C---T---G---C---A---C---T---C---G---A---	5414
B_US.DH123	---C---A---C---T---G---G---C---T---G---C---A---C---T---C---G---A---	5398
B_US.NY5CG	---C---A---C---T---G---G---C---T---G---C---A---C---T---C---G---A---	5407
B_US.AD8	---C---A---C---T---G---G---C---T---G---C---A---C---T---C---G---A---	5407
B_US.WCIPR18	---C---A---C---T---G---G---C---T---G---C---A---C---T---C---G---A---	4953
B_US.YU2	---C---A---C---T---G---G---C---T---G---C---A---C---T---C---G---A---	5405
B_US.JRCSF	---A---C---T---G---G---C---T---G---C---A---C---T---C---G---A---	5419
B_US.MN	---A---C---T---G---G---C---T---G---C---A---C---T---C---G---A---	5422
B_US.BCSG3	---A---C---T---G---G---C---T---G---C---A---C---T---C---G---A---	4954
B_US.896	---A---C---T---G---G---C---T---G---C---A---C---T---C---G---A---	5406
B_US.WEAU160	---A---C---T---G---G---C---T---G---C---A---C---T---C---G---A---	5406
B_US.RF	---A---C---T---G---G---C---T---G---C---A---C---T---C---G---A---	4924
B_US.WR27	---A---C---T---G---G---C---T---G---C---A---C---T---C---G---A---	4786
C_CONSENSUS	---T---ATTG---GA---G---GC---G---G---A---C---T---T---G---C---A---	4932
C_BR.92BR025	---T---ATTG---GA---G---GC---G---G---A---C---T---T---G---C---A---	4744
C_BW.96BW0402	---T---ATTG---GA---G---GC---G---G---A---C---T---T---G---C---A---	4873
C_BW.96BW1104	---T---ATTG---GA---G---GC---G---G---A---C---T---T---G---C---A---	4767
C_BW.96BW15C02	---T---ATTG---GA---G---GC---G---G---A---C---T---T---G---C---A---	4874
C_BW.96BW0502	---T---ATTG---GA---A---A---GC---G---G---G---C---A---C---T---T---G---C---A---	4900
C_BW.96BW16B01	---T---ACTTGGGA---AT---A---GC---G---G---G---C---A---C---T---T---G---C---A---	4873
C_BW.96BW1210	---T---ATTG---GA---C---A---GC---G---G---G---C---A---C---T---T---G---C---A---	4779
C_BW.96BW17B03	---T---ACT---A---G---T---GCT---G---AC---C---T---T---G---C---A---	4752
C_BW.96BW01B03	---T---ATTG---GA---C---A---GC---G---G---A---C---T---T---G---C---A---	4872
C_ET.ETH2220	---T---ATTG---GA---C---A---GC---G---G---A---C---T---T---G---C---A---	4799
C_IN.301999	---T---ATTG---GA---T---A---GC---G---G---A---C---T---T---G---C---A---	4786
C_IN.21068	---T---ATTG---GA---T---A---GC---G---G---A---C---T---T---G---C---A---	4758
C_IN.301905	---T---ATTG---GA---A---A---GC---G---G---A---C---T---T---G---C---A---	4758
C_IN.301904	---T---ATTG---GA---A---A---GC---G---G---A---C---T---T---G---C---A---	4758
C_IN.11246	---T---ATTG---GA---A---A---GC---G---G---A---C---T---T---G---C---A---	4749
D_CONSENSUS	---C---G---GC---G---G---A---C---T---T---G---C---A---	5422
D_UG.94UG114	---C---G---GC---G---G---A---C---T---T---G---C---A---	4762
D_CD.NDK	---C---G---GC---G---G---A---C---T---T---G---C---A---	4942
D_CD.ELI	---C---G---GC---G---G---A---C---T---T---G---C---A---	4953
D_CD.Z2Z6	---C---G---GC---G---G---A---C---T---T---G---C---A---	5410
D_CD.84ZR085	---C---G---GC---G---G---A---C---T---T---G---C---A---	4929

B_FR.HXB2	GGCATTGGGTGAGGAGTCTCCATAGAATGGAGGAAAAAGAGATATAGCACACAAGTAGACCCCTGAACTAGCAGACCAACTAATTCATCTGTATTACTTTGACTGTTTTTCAGACTCTGCTATAAGAAAGG	5407
F_CONSENSUS	-----C-----C-GGG?-G-----G-----A-----GC-G-----G-C-A-A-T-----T-----A-----C-----G-A	4714
F1_BE.VI850	-----C-----C-GGG-AG-----G-----A-----GC-G-G-----G-C-A-A-T-----T-----A-----C-----G-A	4747
F1_BR.93BR020	-----C-----C-GGG-G-----A-----A-----GC-G-----G-C-A-A-T-----T-----A-----C-----G-A	4735
F2_CM.MP255C	-----C-----C-G-A-G-----G-----A-----CT-G-----G-C-A-CG-T-----T-----A-----C-----G-T	4606
F2_CM.MP257C	-----A-----AC-G-A-G-----G-----G-----GCT-G-----C-T-----T-----A-----C-----G-A	4618
F1_FI.FIN9363	-----C-----A-----C-GGG-G-----G-----A-----GC-G-----G-C-A-A-T-----T-----A-----C-----G-A	4736
F1_FR.MP411	-----C-----C-----C-GGGAC-G-----G-----A-----T-----C-G-----G-C-A-A-T-----T-----C-----C-----G-A	4609
G_CONSENSUS	-----A-----T-----G-----C-G-GA-----T-----?-----T-----C-----T-G-C-A-C-----T-----?-----A-----C-----G-A	5367
G_BE.DRCBL	-----C-----G-T-G-----C-GGA-----T-----T-----C-----C-----C-----T-A-T-----A-----C-----G-A	5364
G_FI.HH87932	-----A-----T-----G-----C-G-GA-----T-----A-----T-----C-----T-G-----C-----T-----A-----C-----G-T	4807
G_NG.92NG083	-----A-----C-T-G-T-----C-G-A-----T-----A-----A-CAC-----T-G-----T-----T-----A-----C-----A	4776
G_SE.SE6165	-----A-----T-----G-----G-----C-G-GA-----A-----A-----G-----T-G-----T-G-----C-----T-----T-----A-----C-----G-A	4804
H_CONSENSUS	-----A-C-----AC-G-A-G-----G-----A-----GC-G-----A-C-T-----T-----A-----C-----G-A	4790
H_BE.VI991	-----A-C-----T-----AC-GG-A-G-----G-----A-----C-G-----T-----T-----C-----T-----T-----A-----C-----G-A	4796
H_BE.VI997	-----A-C-----C-----C-G-A-G-----G-----A-----GCT-G-----ACCC-T-----T-----A-----C-----GGGA	4731
H_CF.90CF056	-----A-C-----C-----ACTG-A-G-----G-----G-----GC-G-----A-C-T-----T-----A-----C-----G-A	4754
J_SE.SE91733	-----C-----C-----CGG-A-G-C-A-----A-----A-----GC-G-----A-C-----T-----T-----A-----C-----G	4722
J_SE.SE92809	-----C-----C-----C-G-GA-G-C-A-----A-----A-----GC-G-----A-G-----T-----T-----A-----C-----G	4721
K_CM.MP535C	-----C-----C-----CTG-A-G-C-A-----A-----A-----C-----A-A-T-----T-----A-----AG-----G	4603
K_CD.EQTB11C	-----C-----C-----CT-----AG-C-A-----A-----T-----GC-G-----A-A-----T-----T-----A-----C-----G-A	4599
CRF01_AE_CONSENSUS	-----C-----T-----C-----C-G-GA-A-----A-----A-----T-----C-----G-----AC-A-T-----T-----C-----G-A	5421
CRF01_AE_CF.90CF402	-----C-----T-----C-----C-G-GA-A-G-----A-----A-----T-----C-----G-----C-A-T-----T-----C-----G-A	5443
CRF01_AE_TH.93TH253	-----A-----T-----C-----C-G-GA-A-----A-----T-----C-----A-----G-----AC-A-----T-----A-----C-----G-GA	5394
CRF01_AE_TH.CM240	-----C-----T-----C-----C-G-GA-A-----A-----T-----C-----A-----G-----AC-A-----T-----G-----C-----G-A	4981
CRF02_AG_CONSENSUS	-----C-----T-G-----A-C-G-GA-A-----A-----A-----C-----C-----CT-C-----T-----?-----C-----G-A	4938
CRF02_AG_DJ.DJ263	-----C-----T-G-----A-C-G-GA-A-----A-----A-----T-----C-----C-----CT-C-----T-----G-----A-----C-----G-A	4755
CRF02_AG_DJ.DJ264	-----T-C-----T-G-----A-C-G-GA-A-----C-----A-----C-----G-----CT-C-----T-----A-----A-----C-----G-A	4756
CRF02_AG_NG.IBNG	-----C-----T-G-----A-C-G-A-----A-----A-----CT-----G-----C-----T-----A-T-----A-----C-----A	4932
CRF03_AB_RU.KAL153	-----C-----C-----C-----A-----G-----A-----C-----T-----T-----T-----A-----C-----T	5176
CRF04_cpx_CONSENSUS	-----C-----T-----CT-GA-----T-----T-----C-----G-----A-----C-----T-----T-----A-----C-----G-A	5402
CRF04_cpx_CY.94CY032	-----C-----T-----CTC-GA-----G-----T-----C-----G-----A-----C-----T-----T-----A-----C-----G-A	4773
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-----C-----T-G-----R-----CT-GA-----C-----T-----A-----C-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----G-A	5421
CRF04_cpx_GR.97PVCH	-----C-----T-----G-----CT-GA-----T-----T-----C-----G-----T-----A-----C-----T-----T-----A-----C-----C-A	5424
AC_IN.21301	-----T-----T-----A-----ATTG-GA-----T-----A-----GCT-G-----G-----A-----C-----T-----T-----G-----C-----C-A	4759
AC_RW.92RW009	-----T-----T-----ATTG-GA-----AG-----A-----GC-G-----G-----C-----A-----C-----T-----T-----G-----C-----G-A	4739
AC_SE.ETSE9488	-----T-----T-----ACTGGGA-----A-----A-----GC-G-----G-----A-----C-----T-----T-----G-----C-----G-A	4603
AC_ZM.ZAM184	-----C-----T-G-----C-G-A-G-----T-----A-----T-----G-----T-----C-----T-----T-----A-----C-----G-A	4768
ACD_SE.SE8603	-----CC-----T-G-----CT-GA-AG-----A-----A-----T-----C-CG-----C-----C-----T-----T-----A-----C-----G-A	4726
AD_SE.KESE7108	-----C-----T-G-----CT-GA-----C-----A-----T-----C-AG-----A-----AC-----T-C-A-----A-----C-----G-A	4606
ADH_NO.NOIIL3	-----C-----T-G-----C-G-A-----A-----A-----T-----C-----C-----G-----C-C-----T-----T-----G-----TC-----A	5417
ADU_CD.MAL	-----C-----T-G-----C-G-A-----C-----T-----C-----G-----G-----C-----T-----T-----A-----C-----C-A	4982
AG_NG.92NG003	-----C-----G-----A-C-G-GA-----A-----A-----T-----C-----G-----C-----C-----T-----A-----A-----G-CG-----G-A	4774
AGU_CD.Z321B	-----A-G-----G-----CTG-G-----G-C-A-----A-----C-----GC-G-----A-----A-----C-----T-----T-----A-----C-----G-A	4621
AGJ_AU.BFP90	-----C-----C-----TTG-GA-----A-----A-----AGTA-G-----A-----A-----AC-----T-----T-----A-----C-----G-A	5435
AGJ_ML.95ML84	-----C-----C-----ATTG-A-A-----G-----A-----AGT-G-----A-----A-----C-----T-----T-----A-----C-----G-A	4650
AJU_BW.98-2117	-----C-----C-----C-----ACT-A-A-----G-----G-----GG-G-----A-----A-----C-----T-----A-T-----A-----C-----G-A	4794
BF_BR.93BR029	-----C-----C-----C-GGG-G-----G-----A-----A-----T-----GC-G-----G-----G-C-A-A-----T-----T-----A-----C-----G-A	4759
MO_CM.97CAMP645MO	-----C-----T-G-----G-----TAC-G-GA-----A-----T-----C-----T-----G-----C-----C-----T-----A-----A-----C-----G-A	4781
O_CM.ANT70	AA-----A-T-G-TAGT-----C-TT-T-----AG-----AA-----GA-T-----AC-----AGGA-G-A-----C-----T-----AC-----A-----CA-A-AG-C-G-A	5462
O_CM.MVP5180	AA-----C-----A-T-G-TAGT-----CAAT-C-----GAG-----AA-----GA-T-----T-----AC-----AGGA-G-A-----C-----T-----CACA-----A-----A-----A-----C-----G-A	5437
N_CM.YBF30	-----C-A-A-T-----A-----ACT-GA-A-----C-AG-----A-----T-----T-----A-G-----A-G-----A-----TC-----T-----A-----C-----C-----GC-A	5001
SIVCPZUS	-----C-A-G-T-----A-A-----AC-GGA-CT-----C-AG-----A-----T-----GA-G-----A-----G-----A-----T-----T-----A-----C-----C-----A	5467
SIVCPZGAB	-----A-C-T-----TC-----CTGGATCT-----GT-----G-----G-----T-----CTTCAC-----TAG-T-G-----C-----CTCTC-A-----T-----T-----C-----G-----AA-----C-----C-----GA	5471
SIVCPZANT	-----C-A-A-T-----T-GAG-----ATGTGGA-AG-----T-----G-----A-----AC-----T-----T-----A-G-----A-----C-AA-----T-----CCC-----TCAA-----AG-C-----C-A	4799
Vif	W H L G Q G V S I E W R K K R Y S T Q V D P E L A D Q L I H L Y Y F D C F S D S A I R K	Vif



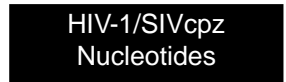
B_FR.HXB2	CCTTATTAGGACACATAGTTAGCCCTAGGTGTGAATATCAAGCAGGACATAACAAGGTAGGATCTCTACAATACTTGGCACTAGCAGCATTAAATA.....ACACCAAAAAAGATA...AAGCCACCTT	5527
A_CONSENSUS	--A-----AG-----T-----T-----A-----GAA-----G-----C-----	5028
A_KE.Q2317	--A-G-----AG-----T-AA-----T-----A-----GAA-----G-----C-----	4985
A_SE.UGSE8891	--A-----G-A-----C-----T-----A-----GAA-----G-----G-----	4716
A_SE.TZSE8538	--A-----AG-----T-----T-----A-----GAA-----G-----C-----	4726
A_SE.UGSE6594	-----AG-----A-----A-----T-----A-----GAG-----G-----G-----G-----C-----	4711
A_SE.UGSE7535	--C-----AG-----T-----C-CA-----C--C-----T-----A-----GAA-----G-----C-----C-----G-----	4744
A_SE.SOSE7253	--A-----G-----TT-----CA-----T-----A-----GAA-----G-----C-----G-----C-----	4731
A_SE.SE8131	--A-----G-GAG-----T-----A-----T-----A-----GAA-----G-----G-----C-----	4898
A_UG.U455	--A-----A-----A-----T-----T-----T-----A-----T-----GAA-----G-----C-----C-----G-----GC-----	4973
A_UG.92UG037	--A-----G-AG-----T-----A-----C-----T-----T-----A-----AA-----G-----TC-----G-----G-----	4894
B_CONSENSUS	--A-----T-----T-----G-----G-----G-----G-----ATA-----	5623
B_AU.MBC200	--A-----A-T-G-----T-----G-----G-----G-----	5526
B_AU.MBC925	--C-----T-G-----T-----G-----G-----G-----	5538
B_CN.RL42	--A-T-----GTG-----T-----T-----T-----G-----G-----A-----C-----C-----G-----	4914
B_DE.HAN2	--A-----GT-----T-----G-----G-----C-----	4993
B_DE.D31	--A-----GT-----G-----T-----G-----G-----G-----	5073
B_ES.89SP061	--A-----T-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----AGATA-----	5088
B_GA.OYI	--A-C-----A-T-----T-----C-----G-----G-----A-----	5070
B_GB.MANC	--A-----T-----G-----G-----C-----	5473
B_GB.CAM1	--A-G-----GAT-----G-----A-----G-----G-----	5529
B_NL.ACH320A	--A-----TG-----T-----A-----A-----	5529
B_TW.LM49	--A-G-----TGT-G-----T-----G-----A-----G-----CA-----	5528
B_US.SF2CG	--A-----T-T-G-----T-----G-----G-----C-----	5534
B_US.DH123	--A-----T-G-----T-----G-----G-----G-----	5518
B_US.NY5CG	--A-----GT-----T-----G-----G-----A-----C-----	5527
B_US.AD8	--A-----T-G-----T-----G-----C-----A-----G-----	5527
B_US.WCIPR18	--A-----T-G-----T-----G-----G-----A-----T-----G-----	5073
B_US.YU2	--A-----T-T-G-----T-----G-----G-----A-----C-----	5525
B_US.JRCSF	--A-----T-----T-----A-----G-----G-----A-----A-----	5539
B_US.MN	--A-----T-G-----T-----TT-----T-----C-----G-----A-----	5542
B_US.BCSG3	--A-----T-----T-----T-----G-----C-A-----G-----G-----	5074
B_US.896	--A-----T-----T-----T-----G-----G-----C-----G-----G-----C-----	5526
B_US.WEAU160	--A-----TT-----TT-----G-----A-----A-----C-----	5526
B_US.RF	--A-C-----T-----T-----G-----C-----A-----C-----	5044
B_US.WR27	--A-G-----GT-----T-----A-----A-----C-----A-----R-----	4906
C_CONSENSUS	--A-----AG-----TT-----C-----T-----A-----GAA-----G-----A-----C-----	5052
C_BR.92BR025	--A-----T-G-----T-----C-----T-----C-----GA-----G-----A-----C-----	4864
C_BW.96BW0402	--A-C-----G-----G-----GA-----G-----A-----G-----	4993
C_BW.96BW1104	-----AG-----TT-----C-----T-----A-----G-----A-----C-----	4887
C_BW.96BW15C02	--A-----AG-----TT-----A-C-----T-----A-----GA-----G-----A-----C-----	4994
C_BW.96BW05C02	--A-----G-A-----TT-----C-----TC-----GA-----G-----A-----C-----G-----	5020
C_BW.96BW16B01	--A-----A-----T-A-A-----TT-A-----A-T-----C-----T-----A-----GA-----G-----A-----	4993
C_BW.96BW1210	--A-----T-----TT-----C-----G-----GA-----G-----AG-----G-----	4899
C_BW.96BW17B03	--A-----G-G-----C-----T-----CC-----A-----C-G-C-----CT-----A-----G-----A-----G-----	4872
C_BW.96BW01B03	--A-----T-T-G-----TT-----C-----C-----T-----A-----G-----A-----G-----G-----	4992
C_ET.ETH2220	--A-----T-T-G-----C-----T-----T-----GA-----G-----AG-----GC-----	4919
C_IN.301999	--A-----T-----TT-----C-----T-----A-----GA-----C-----G-----A-----	4906
C_IN.21068	--A-----T-----TT-----C-----T-----T-----GA-----C-----G-----A-----	4878
C_IN.301905	--A-----T-----TT-----C-----T-----A-----C-----A-----	4878
C_IN.301904	--A-----T-----TT-----C-----T-----C-----GA-----C-----G-----A-----	4878
C_IN.11246	--A-----G-----TT-----C-----T-----A-----GA-----C-----G-----A-----	4869
D_CONSENSUS	--A-----T-----T-----G-----CT-----G-----T-----A-----G-----G-----	5542
D_UG.94UG114	--A-----AG-----TAT-----A-T-----T-----A-----G-----G-----GG-----A-----	4882
D_CD.NDK	--A-----T-----T-----T-----G-----CT-----G-----T-----G-----G-----	5062
D_CD.ELI	--A-----G-T-----T-----G-----C-----G-----T-----A-----G-----C-----	5073
D_CD.Z2Z6	--A-----T-----C-T-A-----G-----G-----CT-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----	5530
D_CD.84ZR085	--A-----T-----T-----CT-----G-----T-----A-----A-----G-----G-----	5049

B_FR.HXB2	CCTTATTAGGACACATAGTTAGCCCTAGGTGTGAATATCAAGCAGGACATAACAAGGTAGGATCTTACAATACTTGGCACTAGCAGCATTAATA.....ACACCAAAAAAGATA...AAGCCACCTT	5527
F_CONSENSUS	--A-----T-G-A-----A-C-----C-----T-----A-----G-T-----?-----C-----G-----	4833
F1_BE.VI850	--A-----T-G-A-----A-C-----T-----C-----T-----A-----G-T-----G-G-----C-----GC	4867
F1_BR.93BR020	--A-----T-A-A-----A-C-----C-----T-----A-----G-T-----C-----G-----G-----	4855
F2_CM.MP255C	--A-----T-G-----T-----A-T-----C-----C-----T-----T-GA-----C-----C-----	4726
F2_CM.MP257C	--A-----G-G-----A-T-----C-----C-----T-----A-----T-----G-----G-----	4738
F1_FI.FIN9363	--A-----T-G-A-----C-----C-----T-----A-----G-----T-T-----G-GC-----G-----	4856
F1_FR.MP411	--A-C-----T-G-A-----A-C-----C-----T-----A-----G-----G-T-----G-C-----G-----	4729
G_CONSENSUS	--A-----A-----?-----T-----T-----T-----T-GAA-----?-----G-----C-G-G-----G-----	5485
G_BE.DRCBL	--A-----A-C-----G-----T-----C-----G-----T-----T-----T-AA-----T-G-G-----G-----C-G-G-----G-----	5484
G_FI.HH87932	--A-----AGA-----A-----T-----T-----T-----T-----GAA-----G-----C-----C-----G-----	4927
G_NG.92NG083	--A-----G-G-----C-C-----T-----T-----TC-----TCGAA-----G-----C-----G-----G-----	4896
G_SE.SE6165	--A-----A-----TC-----T-----T-----T-GAA-----T-----G-----T-----G-GT-----G-----	4924
H_CONSENSUS	--A-----GTG-----T-----C-----C-----AC-----T-----T-----GA-----G-?-----G-----C-----	4909
H_BE.VI991	--TA-----T-G-----T-C-TT-----C-----GA-----T-----T-----GA-----G-----T-----G-----C-----	4916
H_BE.VI997	--A-----GAG-----T-----C-----C-----C-----G-----T-----GA-----G-T-----G-----C-----	4851
H_CF.90CF056	--A-----GTG-----A-----A-C-----C-----AC-----A-----T-----A-----G-G-----G-----	4874
J_SE.SE91733	--A-----A-----C-C-----C-----TC-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----	4842
J_SE.SE92809	--A-----A-----C-C-----C-----TC-----A-----G-----G-----G-----G-----	4841
K_CM.MP535C	--A-----T-G-----T-----G-----CT-----T-----CA-----G-----G-T-----G-GC-----G-----	4723
K_CD.EQTB11C	--C-----T-G-----T-----C-C-----CT-----G-----T-----A-----G-----G-T-----C-----A-----GG	4719
CRF01_AE_CONSENSUS	--A-----AG-----A-G-----C-T-----C-----T-----GAA-----C-----G-----G-----C-----	5541
CRF01_AE_CF.90CF402	--A-----A-----A-----C-----T-----T-----GAA-----C-----A-A-----G-----C-----C-----	5563
CRF01_AE_TH.93TH253	--A-----AG-----A-G-----C-T-----C-----T-----GAA-----C-----G-----G-----C-----	5514
CRF01_AE_TH.CM240	--A-----AG-----A-G-----C-T-----C-----T-----GAA-----C-----G-----G-----C-----	5101
CRF02_AG_CONSENSUS	--A-C-----G-AG-----A-----TC-----A-----T-----T-AA-----G-----GC-----C-----	5058
CRF02_AG_DJ.DJ263	--A-C-----G-AG-----A-----GC-----A-----T-----T-AA-----G-----GGC-----C-----	4875
CRF02_AG_DJ.DJ264	--A-C-----AG-----A-----TC-----A-----T-----T-AA-----G-----GT-----C-----	4876
CRF02_AG_NG.IBNG	--A-----G-A-----A-----T-----G-----T-----GAAT-----T-----G-----G-----C-----C-----	5052
CRF03_AB_RU.KAL153	--A-----T-G-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----C-----	5296
CRF04_cpx_CONSENSUS	--A-----T-G-----T-----T-----T-----TC-A-----T-----T-C-----C-----?	5521
CRF04_cpx_CY.94CY032	--A-----T-G-----T-----T-----T-----CT-----C-----T-----C-----C-----	4893
CRF04_cpx_GR.97PVMY	--A-----T-G-----T-----T-----CC-----T-----TC-A-----T-----T-C-----C-----C-----	5541
CRF04_cpx_GR.97PVCH	--A-----T-T-G-----T-----TG-----T-----TC-A-----T-----T-C-----C-----G-----	5544
AC_IN.21301	--A-----T-----TT-----C-----GA-----C-----AG-----G-----C-----C-----	4876
AC_RW.92RW009	--A-----T-----C-----T-----T-----GA-----G-----A-----C-----C-----	4859
AC_SE.ETSE9488	--A-----T-----C-----T-----T-----GA-----G-----A-----C-----C-----	4723
AC_ZM.ZAM184	--A-----G-A-----T-----T-G-----T-----T-GAG-----G-----G-TT-----C-G-C-----C-----	4888
ACD_SE.SE8603	--A-----G-AG-----A-----C-AC-----T-----A-----GAA-----G-----C-GAG-----	4846
AD_SE.KESE7108	--A-----AG-----A-A-----A-----T-----A-----GAA-----G-G-----CT-----C-----	4726
ADH_NO.NOGIL3	--A-T-----AG-----A-A-----C-----C-----T-----A-----GA-----G-----G-----C-----	5537
ADU_CD.MAL	--A-----T-----T-----T-----T-----G-----T-----A-----A-----G-----C-----G-----	5102
AG_NG.92NG003	--A-C-----G-AG-----A-----A-----TC-----A-----T-----CAA-----G-----C-C-----C-----	4894
AGU_CD.Z321B	--A-----T-G-----T-----T-----TC-----A-----C-----C-----C-----C-----	4741
AGJ_AU.BFP90	--A-----T-G-----T-----T-----TC-----A-----T-----A-----G-G-----G-----A-----	5555
AGJ_ML.95ML84	--A-----TG-----A-----C-----TC-----A-----C-G-----A-----GG-----G-----	4770
AJU_BW.98-2117	--A-----T-----TT-----T-----TC-----AA-----CA-----C-----A-A-----G-----G-----	4914
BF_BR.93BR029	--A-----T-G-A-----T-----G-----A-----A-----A-----G-----	4879
MO_CM.97CAMP645MO	--A-C-----AG-----A-----T-----C-A-----GT-----T-----GAA-----G-----C-GA-----C-----	4901
O_CM.ANT70	--A-CC-----G-G-ACTGA-C-A-----C-CTA-----GTC-----GA-A-----CTGC-A-T-AG-----G-G-----A-G-----G-GC-GG-----T-CC	5582
O_CM.MVP5180	--A-TC-----G-G-G-GCTGA-C-A-----C-TG-----GTC-----GA-A-----T-A-CT-GAA-----G-G-----A-GT-----GA-AT-----T-CC	5557
N_CM.YBF30	--GG-C-----GAGACC-ATTA-----C-----G-C-AC-----CA-C-----TC-A-----A-----C-GGG-G-----GG-G-----G-----C-----	5121
SIVCPZUS	--TG-T-----GAGACC-A-TT-C-AA-----C-CTA-----G-C-T-----C-T-G-----T-----TT-AAG-----C-----G-----GG-AG-GC-A-G-----GA-----C-----	5587
SIVCPZGAB	--TA-----G-GC-T-AGCG-----C-T-----CA-----A-----C-GGC-----CT-----G-T-----C-AA-----T-----T-GAG-G-G-CAT-----GA-----	5591
SIVCPZANT	--AA-CC-----G-A-G-A-ATTGA-ATAC-CC-C-----CA-GAAG-----GTC-----GA-A-----G-G-T-A-----TT-TGTAAGA-CC-----GAATTCAGAGG-TACCCC-----GTTCCA-GAAG-----AG-----	4931
Vif	A L L G H I V S P R C E Y Q A G H N K V G S L Q Y L A L A A L I T P K K I K P P	Vif

	Vpr CDS start -> (frame 1)	Vif Cds end (frame 2) <-	Vpr CDS continued (frame 1 shift to frame 2)	
B_FR.HXB2	TGCCTAGTGTACGAAACTGACAGAGGATAGATGGAACAAGCCCAGAAAGACCAAGGGCCACAGAGGGAGCCACAATGAATGGACACTAGAGCTTTAG.	AGGAGCTTAAGAATGAAGCTGTTAGACATT		5658
A_CONSENSUS	G T AG	G A T	A T C	5159
A_KE.Q2317	G T A A	G T A	T T C	5116
A_SE.UGSE8891	G GT AG C	G T A GG	A C	4847
A_SE.TZSE8538	A T A C	G A T C T T CT G	A C	4857
A_SE.UGSE6594	G T T AG	G A C A T	A T C	4842
A_SE.UGSE7535	G T T AG T G	G C A T	A T C A C	4875
A_SE.SOSE7253	G T AG G	G T T	A T C	4862
A_SE.SE8131	G GT A	G T T	A T C	5029
A_UG.U455	A T A	G A GT GC A G T T G	A C A	5104
A_UG.92UG037	A T AG	G G A T	A T C	5025
B_CONSENSUS		T	G	5754
B_AU.MBC200	G	T	C C	5657
B_AU.MBC925	T	T T		5669
B_CN.RL42	G	T G	GA	5045
B_DE.HAN2	T A A	T C	G	5124
B_DE.D31	G A C	T	G	5204
B_ES.89SP061	A	A A T	C	5219
B_GA.OYI	A	T	G	5201
B_GB.MANC		A T	G	5604
B_GB.CAM1	G	A C T	A G	5660
B_NL.ACH320A	A A	T	A GA	5660
B_TW.LM49	GT A	T C	GA C	5659
B_US.SF2CG	A	T	GA	5665
B_US.DH123	G C	T C	C	5649
B_US.NY5CG	G C	T	A G	5658
B_US.AD8	C A	T G A	A A G	5658
B_US.WCIPR18		G A T	A C	5204
B_US.YU2	AA	G	GA	5656
B_US.JRCSF	A A	T	A	5670
B_US.MN	A	T C G		5673
B_US.BCSG3	A A	T	A A	5205
B_US.896	T	T C	G	5657
B_US.WEAU160	A	T	A G	5657
B_US.RF	A	T C	G C	5175
B_US.WR27	A W	T C	A A G GA A	5037
C_CONSENSUS	A T AGT	G G A T	A C	5183
C_BR.92BR025	A T AGT	G A G A T	A C CGG A C C	4995
C_BW.96BW0402	G T AGT G	G G A T	A C CGG C C C	5124
C_BW.96BW1104	G T AGT	G G A T	A C AC G C C C	5018
C_BW.96BW15C02	G T AGT A C	G G A GT G A	A C C G C C C	5125
C_BW.96BW0502	G T AGT	G G A T	A C C G C C C	5151
C_BW.96BW16B01	C AC T AGT C	G G A T C	A C AC G C G	5124
C_BW.96BW1210	G T GT	G G A A T	A C C G C C C	5030
C_BW.96BW17B03	GCA T AGT	G G A A T	A A C A C C	5003
C_BW.96BW01B03	A T AGT G C	G G A T	A C C G A C	5123
C_ET.ETH2220	GT T AGT A	G G A T G	C C G C C C	5050
C_IN.301999	G T AGT C T	G G A T	C C G C C C	5037
C_IN.21068	A A T AGTG A	T T G G A A T T C G T	C C C C	5009
C_IN.301905	A A T AGT A	T T G G A A T T C G T	C C C C	5009
C_IN.301904	A AA T AGT C	T T G G A A T T C G T	C C C C	5009
C_IN.11246	A A T AGT T	T T G G A A T T C G T	C C G C C C	5000
D_CONSENSUS	G G A A	T T	G	5673
D_UG.94UG114	C GG G A C	GA T	G C	5013
D_CD.NDK	G G A A	G T	G C	5193
D_CD.ELI	G G A A	C G T	G	5204
D_CD.Z226	G GT A A	A T	G	5661
D_CD.84ZR085	C A G A A	G C G T	G C	5180

	Vpr CDS start [-> (frame 1)	Vif Cds end (frame 2) <-]	Vpr CDS continued (frame 1 shift to frame 2)	
B_FR.HXB2	TGCCTAGTGTACGAAACTGACAGAGGATAGATGGAACAAGCCCCAGAACACCAAGGGCCACAGAGGGAGCCACAATGAATGGACACTAGAGCTTTAG		AGGAGCTTAAGAATGAAGCTGTTAGACATT	5658
F_CONSENSUS	-----C-A-----AGT-----?-----G-----T-----		-----G-----AA-----	4961
F1_BE.VI850	-----CCA-----AGT-----C-----G-----G-----T-----		-----G-----AA-----	4998
F1_BR.93BR020	-----CCA-----AGT-----A-C-----G-----A-----T-----		-----T-----T-----	4986
F2_CM.MP255C	-----C-G-----AGT-----C-----T-----		-----T-----T-----	4857
F2_CM.MP257C	-A-----C-G-----AGT-----C-----G-----G-----T-----		-----G-----A-C-----C-----	4869
F1_FI.FIN9363	-----C-A-----AGT-----A-C-----G-----T-G-----T-----		-----G-----A-----C-----C-----	4987
F1_FR.MP411	-----C-A-----AGT-----A-----G-----G-----T-----		-----G-----A-----C-----A-----	4860
G_CONSENSUS	-----G-----T-A?-----A-----G-----A-----A-CT-----G-T-----A-G-----		-----A-----A-----AC-----	5615
G_BE.DRCBL	-----G-----T-A-----A-----G-----G-----A-----A-C-----G-T-----A-G-----		-----A-----A-----AC-----	5615
G_FI.HH87932	-----G-----T-A-----A-----T-----G-----G-----A-----A-CT-----G-T-----A-G-----		-----A-----G-----A-G-----	5058
G_NG.92NG083	-A-----GG-----T-AG-----A-----G-----A-----A-----A-CT-----T-----A-G-----		-----A-----A-----	5027
G_SE.SE6165	-----C-----G-----T-AG-----A-----G-----A-----A-CT-----G-T-----A-G-----		-----A-----A-----	5055
H_CONSENSUS	-----GA-----G-----AGT-----G-----		-----G-----G-----	5040
H_BE.VI991	-----GA-----G-----AGT-----G-----		-----A-----G-----A-----A-G-----	5047
H_BE.VI997	-----AA-----G-----AGT-----G-----		-----A-----G-----C-----G-----	4982
H_CF.90CF056	-----GA-----G-----AGT-----G-----		-----A-----G-----G-----	5005
J_SE.SE91733	-----CA-----AGT-----G-----A-----A-----T-----C-----G-----		-----A-----A-----C-----	4973
J_SE.SE92809	-----CA-----AGT-----G-----A-----A-----T-----C-----G-----		-----A-----A-----C-----	4972
K_CM.MP535C	-----A-----AGT-----G-----A-----A-----T-----A-----G-----		-----GA-----	4854
K_CD.EQTB11C	-----CCA-----AGT-----A-----G-----G-----T-----A-----A-----G-----		-----GA-----	4850
CRF01_AE_CONSENSUS	?-A-----T-A-----A-----?-----A-----A-CT-----T-----A-G-----		-----A-----A-C-----	5670
CRF01_AE_CF.90CF402	-----G-----T-A-----A-----T-----A-----CT-----T-----A-G-----		-----A-----C-----	5694
CRF01_AE_TH.93TH253	-A-A-----T-A-----A-----T-----T-----A-----A-CT-----T-----A-G-----		-----A-----	5645
CRF01_AE_TH.CM240	-----A-----A-----A-----G-----A-----A-CT-----T-----A-G-----		-----A-----	5226
CRF02_AG_CONSENSUS	-----A-----GT-AG-----A-C-----G-----A-----A-GTT-----A-----G-----		-----A-----AC-----G-----	5189
CRF02_AG_DJ.DJ263	-----A-----GT-AG-----A-C-----G-----A-----A-GTT-----A-----G-----		-----A-----AC-----G-----	5006
CRF02_AG_DJ.DJ264	-----A-----GT-AG-----A-C-----G-----A-----A-GTT-----G-----A-----A-----		-----AC-----G-----G-----	5007
CRF02_AG_NG.IBNG	-----G-----GT-AG-----A-C-----AG-----G-----G-----GTC-----A-----G-----		-----A-----AC-----C-----	5183
CRF03_AB_RU.KAL153	-----G-----A-----T-----G-----		-----G-----	5427
CRF04_cpx_CONSENSUS	-----C-----A-----AGT-----G-----G-----A-----A-----A-T-----G-----		-----A-----	5652
CRF04_cpx_CY.94CY032	-----A-----AGTG-----G-----G-----A-----A-----A-T-----G-----		-----A-----G-----	5024
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-----C-----A-----T-AGT-----A-----T-----G-----A-----T-----ACA-----G-----		-----A-----T-----C-----	5672
CRF04_cpx_GR.97PVCH	-----C-----A-----AGT-----G-----G-----A-----A-----A-T-----G-----		-----A-----G-----	5675
AC_IN.21301	-A-----G-----T-AGTT-----T-----G-----G-----A-----T-----C-----		-----A-----C-G-----C-----C-----	5007
AC_RW.92RW009	-----GT-----T-AGT-----A-----G-----G-----A-----T-----CA-----C-----C-G-----		-----C-----C-----	4990
AC_SE.ETSE9488	-----G-----T-AGT-----A-----G-----G-----A-----T-----A-----C-----C-G-----		-----C-----C-----	4854
AC_ZM.ZAM184	-----G-----T-AG-----G-----T-----A-----G-----T-----C-----GTGT-----A-----G-----		-----C-----C-G-----	5019
ACD_SE.SE8603	-----G-----T-AG-----G-----T-----A-----G-----T-----TT-----TGT-----T-----GC-----A-----T-----C-----		-----A-----T-----C-----C-----	4977
AD_SE.KESE7108	-----G-----T-T-A-----G-----T-----A-----T-----TGT-----G-----A-----T-----C-----C-----G-----C-----		-----G-----C-----	4857
ADH_NO.NOIIL3	-----A-----A-----T-AG-----G-----G-----T-----TGT-----A-----G-----A-----C-----G-----		-----C-----G-----	5668
ADU_CD.MAL	-----G-----G-----A-----A-----C-----G-----T-----A-----A-----C-----A-----C-----C-----		-----C-----C-----	5233
AG_NG.92NG003	-A-----A-----GT-A-----A-----G-----G-----TT-----C-----A-----G-----A-----A-----AC-----		-----A-----A-----	5023
AGU_CD.Z321B	-----A-----AGT-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----		-----A-----	4872
AGJ_AU.BFP90	-----CAA-----G-----AGT-----G-----G-----A-----A-----T-----T-----A-----G-----		-----G-----A-----G-----	5686
AGJ_ML.95ML84	-----CAA-----AGT-----G-----G-----A-----A-----T-----T-----A-----G-----		-----A-----A-----G-----	4901
AJU_BW.98-2117	-----CA-----AGT-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----		-----A-----G-----	5045
BF_BR.93BR029	-----C-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----G-----		-----A-----G-----	5010
MO_CM.97CAMP645MO	-----A-----T-A-----A-C-----G-----G-----GGTC-----T-----T-----T-----G-----		-----A-----AC-----	5032
O_CM.ANT70	-A-----C-----CCA-----T-A-----A-----A-----T-----GA-----T-----G-----A-----GCT-----AA-----CTT-----G-----		-----C-----A-----A-----AGCA-----A-----A-----	5713
O_CM.MVP5180	-A-----C-----CCA-----G-T-A-----A-----TG-----A-----T-----G-----A-----GCT-----TT-----CC-----G-----		-----A-----G-----AG-A-----A-----A-----	5688
N_CM.YBF30	-A-----G-----T-----G-----A-----A-----G-----A-----TG-----G-----A-----CT-----T-----G-----		-----A-----AT-A-----A-----GC-----C-----	5252
SIVCPZUS	-A-----G-----T-----T-----A-----TG-----G-----GCC-----A-----A-----T-----G-----G-----T-----TG-----C-----		-----A-----A-----A-----AG-A-----G-----T-----GC-----C-----	5718
SIVCPZGAB	-A-----CG-----C-----T-----A-----A-----G-----T-----CA-----A-----A-----TT-----C-----G-----G-----T-----ACC-----G-----		-----A-----AT-A-----A-----A-----	5722
SIVCPZANT	-C-----C-----GT-----T-----TCT-----A-----A-----GC-----G-----TG-----G-----A-----A-----ATG-----G-----TTGT-----AAC-----		-----A-----AA-----A-----A-----G-----A-----A-----	5062

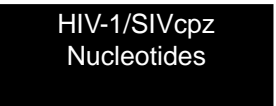
Vpr protein CDS start (frame 1) M E Q A P E D Q G P Q R E P H N E W T L E L L . R E L K N E A V R H Vpr
Vif L P S V T K L T E D R W N K P Q K T K G H R G S H T M N G H \$ Vif protein CDS end



B_FR.HXB2	TTCTTAGGATTGGCTCCATGGCTTAGGGCAACATATCTATGAACTTATGGGGATACTTGGCCAGGAGTGGGAAGCCATAATAAGAATTCTGCAACAACCTGCTGTTTATCCATT . TTCAGAATTGGGTGTC	5788
A_CONSENSUS	-----CCA-----T-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----T-----T-----C-----T-----A-----G-----T-----C-----	5288
A_KE.Q2317	-----CCA-----T-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----T-----T-----C-----A-----G-----T-----C-----	5245
A_SE.UGSE8891	-----CCA-----T-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----C-----A-----T-----T-----C-----T-----A-----G-----T-----C-----	4976
A_SE.TZSE8538	-----CCA-----T-----A-----A-----A-----T-----C-----C-----A-----A-----T-----T-----C-----C-----T-----T-----A-----G-----T-----C-----	4986
A_SE.UGSE6594	-----CCA-----T-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----T-----T-----C-----C-----T-----A-----G-----T-----C-----	4971
A_SE.UGSE7535	-----CCA-----T-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----T-----T-----C-----CA-----A-----G-----T-----C-----	5004
A_SE.SOSE7253	-----CCA-----T-----G-----A-----C-----A-----C-----CC-----A-----T-----T-----G-----C-----T-----A-----G-----T-----C-----	4991
A_SE.SE8131	-----CCA-----A-----A-----A-----T-----CT-----C-----C-----A-----T-----T-----G-----C-----T-----G-----A-----G-----T-----C-----	5154
A_UG.U455	-----CAG-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----AG-----T-----T-----T-----T-----G-----T-----A-----T-----C-----	5233
A_UG.92UG037	-----CCA-----A-----A-----A-----C-----C-----C-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----G-----A-----G-----T-----C-----	5154
B_CONSENSUS	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	5884
B_AU.MBC200	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	5786
B_AU.MBC925	-----CCA-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	5798
B_CN.RL42	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	5174
B_DE.HAN2	-C-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	5253
B_DE.D31	-C-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----C-----GT-----A-----T-----T-----T-----	5333
B_ES.89SP061	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	5348
B_GA.OYI	-----A-----A-----A-----AA-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	5330
B_GB.MANC	-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----C-----A-----A-----A-----T-----C-----T-----T-----T-----	5733
B_GB.CAM1	-----CCA-----T-----CA-----A-----A-----A-----C-----C-----T-----T-----G-----A-----T-----G-----A-----C-----	5789
B_NL.ACH320A	-----CCA-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	5789
B_TW.LM49	-----CCA-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	5788
B_US.SF2CG	-----CCA-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	5794
B_US.DH123	-C-----ACCA-----T-----C-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	5778
B_US.NY5CG	-----A-----A-----AA-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	5787
B_US.AD8	-----CCA-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	5787
B_US.WCIPR18	-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	5333
B_US.YU2	-----CCA-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	5785
B_US.JRCSF	-----C-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	5799
B_US.MN	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	5802
B_US.BCSG3	-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	5334
B_US.896	-C-----A-----A-----A-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	5786
B_US.WEAU160	-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	5786
B_US.RF	-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	5304
B_US.WR27	-----C-----A-----T-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	5166
C_CONSENSUS	-----ACCA-----T-----A-----A-----T-----C-----A-----A-----A-----G-----G-----?-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----C-----	5311
C_BR.92BR025	-----ACCA-----T-----A-----A-----T-----C-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----T-----A-----A-----G-----A-----G-----C-----	5124
C_BW.96BW0402	-----ACCA-----A-----A-----A-----GT-----T-----A-----A-----A-----G-----T-----GC-----C-----C-----A-----A-----T-----C-----	5253
C_BW.96BW1104	-----ACCA-----A-----A-----A-----G-----A-----C-----C-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----T-----A-----T-----C-----	5147
C_BW.96BW15C02	-C-----ACCA-----A-----A-----A-----T-----C-----C-----A-----A-----A-----T-----AT-----A-----A-----T-----T-----CT-----	5254
C_BW.96BW0502	-G-----ACCA-----T-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----TC-----A-----A-----A-----T-----C-----	5280
C_BW.96BW16B01	-----ACCA-----T-----A-----A-----T-----C-----C-----A-----A-----T-----ATTT-----C-----A-----G-----AT-----C-----AC-----	5253
C_BW.96BW1210	-----ACCA-----A-----A-----A-----T-----C-----A-----A-----C-----TGC-----C-----G-----T-----A-----T-----C-----	5159
C_BW.96BW17B03	-----ACCA-----T-----A-----A-----A-----T-----C-----A-----A-----TC-----C-----G-----G-----A-----T-----A-----G-----T-----	5132
C_BW.96BW01B03	-----ACCA-----T-----AA-----A-----T-----C-----C-----A-----T-----G-----A-----TT-----C-----AA-----A-----A-----C-----	5252
C_ET.ETH2220	-----ACCA-----T-----A-----A-----T-----G-----AC-----A-----A-----A-----T-----ATTC-----G-----A-----A-----CT-----	5179
C_IN.301999	-----ACCA-----T-----T-----A-----T-----G-----C-----C-----A-----A-----C-----ATC-----A-----A-----A-----T-----C-----	5138
C_IN.21068	-----ACCA-----T-----A-----A-----T-----G-----C-----C-----A-----A-----C-----ATG-----A-----A-----A-----T-----C-----	5138
C_IN.301905	-----ACCA-----T-----A-----A-----T-----G-----C-----C-----A-----A-----C-----A-----T-----G-----A-----A-----T-----C-----	5138
C_IN.301904	-----ACCA-----T-----A-----A-----T-----G-----C-----C-----A-----A-----C-----A-----T-----G-----A-----A-----T-----C-----	5138
C_IN.11246	-----ACCA-----T-----A-----A-----T-----G-----C-----C-----A-----A-----C-----A-----T-----G-----A-----A-----T-----C-----	5129
D_CONSENSUS	-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----	5802
D_UG.94UG114	-G-----CCA-----T-----A-----C-----A-----T-----T-----C-----C-----C-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----	5142
D_CD.NDK	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	5322
D_CD.ELI	-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----T-----A-----T-----	5333
D_CD.Z2Z6	-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----T-----A-----T-----	5790
D_CD.84ZR085	-----A-----T-----A-----A-----A-----T-----C-----A-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----T-----A-----T-----	5309

B_FR.HXB2	TTCTTAGGATTGGCTCCATGGCTTAGGGCAACATATCTATGAAACTTATGGGGTACTTGGCCAGGAGTGGGAAGCCATAATAAGAATTCTGCAACAACCTGCTGTTTATCCATT . . . TTCAGAATTGGGTGTC	5788
F_CONSENSUS	-----CCA-----A-----A-C-C-----AG-----T-----G-A?-A-----A-----C-----	5088
F1_BE.VI850	-----CCA-----T-C-----C-----A-C-C-----C-----AG-----T-----T-----G-AT-----A-----C-----	5127
F1_BR.93BR020	-----CCA-----A-----A-----A-C-C-----A-----T-----A-C-----G-AT-----A-----C-----	5115
F2_CM.MP255C	-C-----GAA-AT-----A-GT-----A-C-C-----A-----AGG-----T-----A-T-G-----G-A-----A-A-----C-----	4986
F2_CM.MP257C	-----GAG-----A-G-----A-C-C-----AG-----T-----T-----G-A-----A-A-----C-----	4998
F1_FI.FIN9363	-----CCA-TC-----A-----A-T-----A-C-C-----AG-----T-----A-----AT-----G-----A-----C-----	5116
F1_FR.MP411	-----CCA-----T-----A-----A-T-----A-C-C-----A-----T-----T-----G-A-----A-----C-----	4989
G_CONSENSUS	-----CCC-----?-A-----A-G-----A-C-----A-----T-----A-----A-----A-----C-----	5743
G_BE.DRCBL	-----CCC-----T-----T-----A-G-T-----A-C-----AG-----T-----A-----A-----A-----C-----	5744
G_FI.HH87932	-----CCC-----T-----A-----G-----A-C-----A-----G-----T-----T-----A-----A-----C-----	5187
G_NG.92NG083	-----CCC-----A-----A-GT-----A-C-----A-----T-----A-----A-----A-----C-----	5156
G_SE.SE6165	-----C-----T-----A-----G-----A-C-----A-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----	5184
H_CONSENSUS	-----AG?A-----CAA-----A-G-----A-T-C-----A-----?-T-----TT-----C-----A-----T-----C-----	5167
H_BE.VI991	A-----CCA-----T-----A-----A-G-----A-T-C-----AG-----T-----T-----C-----T-----A-----CGCT-----C-----	5176
H_BE.VI997	-----AGAC-----CAA-----A-G-----A-T-C-----A-----G-----C-----G-----TT-----C-----A-----T-----C-----	5111
H_CF.90CF056	-----AG-A-----CAA-----A-G-----A-C-C-----A-----T-----T-----TT-----CG-----A-----T-----C-----	5134
J_SE.SE91733	-----CCA-----T-----A-----GT-----G-----AGC-----A-----A-----A-----C-----G-----A-----AT-----T-----C-----	5102
J_SE.SE92809	-----CCA-----T-----A-T-----A-GT-----AGC-----A-----A-----A-----C-----A-----AT-----T-----C-----	5101
K_CM.MP535C	-----CCA-----AATC-----G-----A-----G-----AC-----A-----C-----T-----T-----AT-----A-----T-----C-----	4983
K_CD.EQTB11C	-C-----CCA-----A-----G-----A-----G-----A-C-----A-----A-----T-----T-----AT-----A-----A-----C-----	4979
CRF01_AE_CONSENSUS	-----CCC-----A-----A-GT-----C-----A-C-----A-----A-----G-----T-----T-----A-----G-----T-----C-----	5799
CRF01_AE_CF.90CF402	-----CCC-----A-----AA-----G-----A-C-----A-----A-----G-----T-----T-----A-----G-----T-----C-----	5823
CRF01_AE_TH.93TH253	-----CCC-----A-----A-----GT-----C-----A-C-----A-----A-----G-----T-----T-----A-----G-----T-----C-----	5774
CRF01_AE_TH.CM240	-----CCC-----A-----A-----GT-----C-----A-C-----A-----A-----G-----T-----T-----GT-----A-----G-----T-----C-----	5355
CRF02_AG_CONSENSUS	-----CCG-----A-----A-----C-----A-----A-----G-----TC-----T-----T-----A-----G-----T-----C-----	5318
CRF02_AG_DJ.DJ263	-----CCG-----A-----A-----C-----A-----A-----G-----TC-----T-----T-----A-----G-----T-----C-----	5135
CRF02_AG_DJ.DJ264	-----CCG-----A-----A-----C-----A-----A-----G-----TC-----T-----T-----A-----G-----T-----C-----	5136
CRF02_AG_NG.IBNG	-----CCG-----A-----A-----C-----A-----A-----G-----TA-----T-----T-----A-----G-----T-----C-----	5312
CRF03_AB_RU.KAL153	-----G-G-----T-----A-----T-----C-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----A-----T-----G-----C-----	5556
CRF04_cpx_CONSENSUS	-----ACCC-----C-----A-----GT-----A-----C-----A-----A-----G-----T-----T-----T-----A-----T-----C-----	5781
CRF04_cpx_CY.94CY032	-----ACCC-----C-----A-----G-----A-----C-----A-----C-----A-----G-----T-----T-----T-----A-----T-----C-----	5153
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-----ACCC-----A-----TC-----A-----GT-----T-----C-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----C-----T-----A-----T-----C-----	5801
CRF04_cpx_GR.97PVCH	-----ACCC-----C-----A-----GT-----A-----CA-----C-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----GT-----G-----A-----G-----T-----C-----	5804
AC_IN.21301	-----CCA-----T-----A-----T-----G-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----A-----A-----T-----C-----	5136
AC_RW.92RW009	-----ACCA-----A-----A-----T-----C-----A-----AGG-----A-----T-----A-----A-----A-----C-----	5119
AC_SE.ETSE9488	-----CCG-----A-----A-----T-----T-----C-----A-----C-----T-----A-----AT-----G-----C-----	4983
AC_ZM.ZAM184	-C-----CAG-----A-----C-----G-----A-----A-----T-----C-----A-----A-----T-----TT-----T-----C-----T-----A-----G-----T-----C-----	5148
ACD_SE.SE8603	-----CCA-----T-----A-----A-----AGC-----A-----A-----T-----T-----T-----G-----A-----G-----T-----C-----	5106
AD_SE.KESE7108	-C-----CCA-----T-----AG-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----T-----T-----G-----C-----A-----A-----G-----T-----C-----	4986
ADH_NO.NOGIL3	-----CC-----A-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----C-----G-----A-----AT-----T-----C-----	5797
ADU_CD.MAL	-----A-----A-----T-----A-----C-----A-----C-----A-----A-----T-----T-----G-----A-----T-----T-----C-----	5362
AG_NG.92NG003	-----T-----A-----A-----T-----A-----C-----C-----A-----A-----T-----T-----AT-----A-----T-----T-----C-----	5141
AGU_CD.Z321B	-----CCA-----A-----A-----T-----T-----A-----C-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----T-----A-----T-----C-----	5001
AGJ_AU.BFP90	-----ACCA-----AA-----A-----GT-----T-----AGC-----A-----T-----TC-----T-----CA-----T-----A-----G-----C-----C-----	5815
AGJ_ML.95ML84	-----ACCA-----AA-----A-----T-----G-----A-----A-----T-----G-----T-----AT-----A-----T-----C-----A-----C-----	5030
AJU_BW.98-2117	-----CA-----A-----C-----A-----G-----C-----A-----C-----A-----T-----TC-----CA-----A-----T-----C-----	5174
BF_BR.93BR029	-----T-----A-----A-----A-----G-----A-----C-----A-----A-----T-----TC-----CA-----A-----T-----C-----	5139
MO_CM.97CAMP645MO	-----CC-----G-----A-----A-----T-----G-----A-----C-----A-----A-----T-----T-----A-----A-----C-----T-----A-----C-----	5161
O_CM.ANT70	-C-----CC-----A-----C-----G-----A-----T-----C-----T-----G-----C-----T-----TATG-----A-----T-----CT-----A-----T-----C-----	5842
O_CM.MVP5180	-C-----CC-----T-----A-----A-----C-----GT-----GT-----C-----T-----G-----A-----C-----A-----TATG-----A-----T-----CT-----A-----A-----C-----	5817
N_CM.YBF30	-A-----A-----A-----G-----A-----C-----A-----A-----C-----C-----AG-----G-----A-----G-----A-----T-----C-----G-----A-----A-----T-----A-----	5381
SIVCPZUS	-----ACCC-----A-----A-----A-----GT-----C-----AGT-----A-----C-----AG-----A-----A-----T-----G-----CT-----A-----TT-----AT-----G-----C-----A-----	5847
SIVCPZGAB	-C-----ACCA-----T-----G-----CAA-----A-----TTC-----T-----C-----A-----A-----T-----A-----G-----C-----CT-----A-----CT-----T-----C-----C-----	5851
SIVCPZANT	-C-----ACA-----CC-----ACAT-----A-----ACA-----AA-----TTGGG-----A-----C-----A-----C-----A-----T-----A-----AG-----C-----G-----TTT-----G-----TTC-----C-----T-----A-----GCT-----CA-----AT-----CAC-----A-----G-----	5190

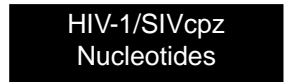
Vpr F P R I W L H G L G Q H I Y E T Y G D T W A G V E A I I R I L Q Q L L F I H # F R I G C Vpr



	Tat CDS start (frame 1) ->	Vpr CDS end <- (frame 3)	
B_FR.HXB2	GACATAGCAGAATAGGCGTT	ACTCGACAGAGGAGAGCAAGAAATGGAGCCAGTAG.....ATCCTAGACTAGAGCCCTGGAAGCATCCAGGAAGTCAGCCTAAAACTGC
A_CONSENSUS	A-----A--AAT	-T--GG--A--TC-	-GG--T-G-----AC-----C--G-----C-----
A_KE.Q2317	A-----A--	-T--C-GG--A--GC-	-G-----C-G-----AC-----T--C--G-----C-----
A_SE.UGSE8891	A-----A--	-T--AG--A--TC-	-GG--T-----AC-----T--G-----GC-----
A_SE.TZSE8538	AC-----A--	-T--GG--A--TC-	-GG--T-----G-----ACA-----C-----C-----C-----
A_SE.UGSE6594	A-----TA-	-T--GG--A--TC-	-G-----T-----AC-----T-----C--G--G-----TC-----
A_SE.UGSE7535	A-----A--	-T--GG--A--TC-	-G-----C-G-----AC-----T-----T-----G-----C-----
A_SE.SOSE7253	-C-----A--	-TC--GG--A--TC-	-GG--T-G-----ACT-----C--C--G-----C-----C-----
A_SE.SE8131A--	-T--GG--A--C-	-GG--T-----AC-----C--C-----C-----C-----
A_UG.U455	A-----A--	-T--C-GG--A--GC-	-G-----G-----AC-----A--C--G-----C-----
A_UG.92UG037	A--C-----A--AAT	-T--GG--A--TC-	-GG--T-G-----C-----C--G-----C-----C-----
B_CONSENSUS	A-----A--	-T-----GAAG-----G-----G-----G-----
B_AU.MBC200	A-----A--	-T--A-----A-----A-----G-----
B_AU.MBC925	A-----A--	-T-----A-----C-----A-----GG-----
B_CN.RL42	A-----A--	-T--A-----T-----T-----G-----
B_DE.HAN2	-C-----A--	-C-----GG--CC-----
B_DE.D31	A-----A--	-C--A-----G-----G-----
B_ES.89SP061	A-----A--	CT--GA-----GG-----
B_GA.OYI	A-----A--	-T-----A-----G-----
B_GB.MANC	-----A--	-T-----T-----T-----T-----G-----
B_GB.CAM1	-----A--	-T--A-----T-----G-----C-----GG-----
B_NL.ACH320A	A-----A--	-T--A-----GAAG-----A-----G-----
B_TW.LM49	A-----A--	-T-----T-----T-----C-----
B_US.SF2CG	A-----A--	-T--A-----GAAAT-----GG-----
B_US.DH123	A-----A--	-T-----A-----G-----
B_US.NY5CG	A-----A--	-T-----G-----G-----
B_US.AD8	A-----A--	-T-----A-----C-----GG-----
B_US.WCIPR18	-----A--A	-T-----C-----C-----GG-----
B_US.YU2	A-----A--	-T--A-----GAAAC-----GG-----
B_US.JRCSF	-----A--	-T-----C-----C-----G-----
B_US.MN	-----A--	-T-----G-----G-----
B_US.BCSG3	-----A--	-A--GA--A-----C-----
B_US.896	-----A--	-T--A-----A-----A-----C-----
B_US.WEAU160	-----A--	-C-----A-----A-----G-----
B_US.RF	A-----A--	-A--A-----G-----
B_US.WR27	-----A--C	-T--A-----T-----T-----G-----
C_CONSENSUS	AG-----A--	-TTG--A-----A-----AC-----C-----
C_BR.92BR025	AG-----C--A--	-CTAA--A-----AC-----C-----
C_BW.96BW0402	AG-----A--	-TTG--A-----T-----A--A-----T-----
C_BW.96BW1104	AG-----A--	-TA-----A--A-----A-----C--G-----C-----
C_BW.96BW15C02	TG-----A--	-TG--G--A--A-----C-----A-----C-----
C_BW.96BW0502	A-----A--	-TTG--A-----A-----AC-----A-----G-----
C_BW.96BW16B01	AG-----A--	-TTG--A-----A-----C-----A-----A-----G-----
C_BW.96BW1210	AG-----A--	-TTG--A-----A-----AC-----T-----A-----T-----
C_BW.96BW17B03	AC-----A--	-C--A--A-----G--T--C-----C-----
C_BW.96BW01B03	A-----A--	-TTG--A-----A-----AC-----C-----G-----
C_ET.ETH2220	AG-----A--	-TTA--A-----AC-----A-----C-----
C_IN.301999	AG-----A--C	-TGG--A-----AC-----C-----G-----
C_IN.21068	AG-----A--	-TTG--C--A--A-----AC-----C-----
C_IN.301905	AG-----A--	-TTG--A-----AC-----C-----
C_IN.301904	AG-----A--	-TTG--C--A-----AC-----C-----
C_IN.11246	AG-----A--	-TTG--C--G--A-----AC-----C-----
D_CONSENSUS	A-----A--	-T-----A-----T-----A-----C-----GG-----
D_UG.94UG114	-----A--	-A-----A--AT-C--AT-----T-----C-----GG--C-----
D_CD.NDK	A-----A--TA-	-T-----A-----T-----AT-----T-----C-----GG-----
D_CD.ELI	A-----A--	-T-----A-----T-----AC-----C-----GG--C-----
D_CD.Z226	A-----A--	-TA-----A-----T-----ACA-----C-----G-----
D_CD.84ZR085	A-----A--	-C-----A-----T-----ACA-----T-----C-----GG-----

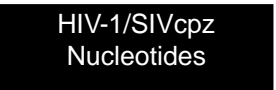
	Tat CDS start (frame 1) ->	Vpr CDS end <- (frame 3)	
B_FR.HXB2	GACATAGCAGAATAGGCGTT	ACTCGACAGAGGAGACAA	5892
F_CONSENSUS	AT	GAAATGGAGCCAGTAG	5192
F1_BE.VI850	AT	ATCCTAGACTAGAGCCCTGGAAGCATCCAGGAAGTCAGCCTAAAACGTC	5231
F1_BR.93BR020	-T	ACT	5219
F2_CM.MP255C	-T	CT	5090
F2_CM.MP257C	-T	CT	5102
F1_FI.FIN9363	AT	AGT	5220
F1_FR.MP411	AT	AGT	5093
G_CONSENSUS	A	AGT	5849
G_BE.DRCBL	A	AGT	5851
G_FI.HH87932	A	AGT	5291
G_NG.92NG083	A	AGT	5260
G_SE.SE6165	A	AGT	5288
H_CONSENSUS	A	AGT	5271
H_BE.VI991	A	AGT	5280
H_BE.VI997	AT	AGT	5215
H_CF.90CF056	A	AGT	5238
J_SE.SE91733	AT	AGT	5206
J_SE.SE92809	AT	AGT	5205
K_CM.MP535C	AC	AGT	5087
K_CD.EQTB11C	AC	AGT	5083
CRF01_AE_CONSENSUS	A	AGT	5904
CRF01_AE_CF.90CF402	A	AGT	5927
CRF01_AE_TH.93TH253	A	AGT	5879
CRF01_AE_TH.CM240	A	AGT	5459
CRF02_AG_CONSENSUS	A	AGT	5422
CRF02_AG_DJ.DJ263	A	AGT	5239
CRF02_AG_DJ.DJ264	A	AGT	5240
CRF02_AG_NG.IBNG	A	AGT	5416
CRF03_AB_RU.KAL153	A	AGT	5660
CRF04_cpx_CONSENSUS	A	AGT	5901
CRF04_cpx_CY.94CY032	A	AGT	5261
CRF04_cpx_GR.97PVMY	A	AGT	5915
CRF04_cpx_GR.97PVCH	A	AGT	5921
AC_IN.21301	AG	AGT	5240
AC_RW.92RW009	-G	AGT	5223
AC_SE.ETSE9488	-G	AGT	5087
AC_ZM.ZAM184	A	AGT	5252
ACD_SE.SE8603	A	AGT	5213
AD_SE.KESE7108	A	AGT	5090
ADH_NO.NOGLI3	AC	AGT	5901
ADU_CD.MAL	A	AGT	5466
AG_NG.92NG003	A	AGT	5245
AGU_CD.Z321B	AG	AGT	5105
AGJ_AU.BFP90	AC	AGT	5919
AGJ_ML.95ML84	A	AGT	5134
AJU_BW.98-2117	AC	AGT	5278
BF_BR.93BR029	A	AGT	5243
MO_CM.97CAMP645MO	A	AGT	5277
O_CM.ANT70	A	AGT	5949
O_CM.MVP5180	A	AGT	5933
N_CM.YBF30	AG	AGT	5482
SIVCPZUS	AT	AGT	5963
SIVCPZGAB	AG	AGT	5955
SIVCPZANT	CT	AGT	5270

Vpr Tat
R_H_S_R_I_G_V...T_R_Q_R_R_A...R_N_G_A_S_R...S_\$ Vpr protein CDS end



	Tat Rev \ / intron start exon end\	Vpu CDS start (ACG start codon in HXB2) -> (frame 2)	
B_FR.HXB2	TCAGACTCATCAAGCTTCTCTATCAAAGCAGTAAGTA.....G..TACATGTAACGCAACCTATAC.....CAATAGTAGCAATAGTAGCATTAGTAGTACCAATAATAATAGCAAT		6120
F_CONSENSUS	---TA---A-C-G-C---?T?TTAA?TA-AG-T---T-TC-?A-T-GTATGTATTATCAATAGT-GC-A--G--C---?A---C---?--		5436
F1_BE.VI850	---AGTG---AA---C---GTGTTAAATA---T---T-TC-TA-T-GT.....T-GC-A--GG--C---A---C---C---C---		5469
F1_BR.93BR020	---TA---A--T-G-C---TTGTTA..A..C-T---T-TC-AA-T-GT.....T-GC-A--GC--C---A---C---A---		5454
F2_CM.MP255C	-A---TA---A-C-G-C---GTA.....T---T-C-T-T-G---T-GC--G--TC--C-TA---C---A---		5318
F2_CM.MP257C	-G-GTA---A-C-G---GTA.....T-TC-T-TCG---T---T---C---ATA---TGC---C---		5330
F1_FI.FIN9363	---A-TA---A-C-G-C---TTGTTAAGTA---GT---T-TC-GA-T-GT.....T-GC-A--A-G---TA---CC---T---		5458
F1_FR.MP411	---GC---A-AA-C-A-C-G---TTA.....TAG-T---T-TCCAA-C-GTATGTATTATCAATAGT-GC-T-TAT---C-TT-A-A---C-AT-G-TG-GTGA-T---		5341
G_CONSENSUS	-A-GA---AA-C-G-C-?G?AATAATTA---T---T-?T-AT-G.....A---TCT---G??-A---T-C-GC---C---		6079
G_BE.DRCBL	-A-GA---A-C-G-C---GAAATAAATA---G-T---AC-G.....A---TCT---GC--A---TCC-GC---C---		6086
G_FI.HH87932	-A-GA---AA-C-G-C---GTAATAATTA---T---T---T-AT-G.....A---TCT---GGC-A---T-C-GC---C---		5529
G_NG.92NG083	-A-GA---AACC-G-C---GTAACAATTA---T---T---GG-CT-G.....A---TCT-A.....C-A---T-C-GC---C-C		5488
G_SE.SE6165	-A-AGGC---A-C-G-C---GAAAAAATTA---T---T---GT-AT-G.....T---T---G---A---T-C-GC---C-C		5526
H_CONSENSUS	G-AGA---AA-C?A-C---.....T---TC?TA-T-A-TTA-?.....T-GG-?---G---G-?C---T-T-C---C---		5494
H_BE.VI991	G---GA---GA-CT-A-C---.....TA-T-A-TATAT-G.....G---G---G---G---TT-T-C---C---		5502
H_BE.VI997	G-AGA---AA-CA-A-C---.....TCCTGC-T...TA---A---T-GG-A-G---G---CC-A---T-T-C---C---		5437
H_CF.90CF056	G-AGA---AA---A---T---TCATA-T...TA---T---T-GG-T-G---G---GC---A---T-T-C---CG---		5463
J_SE.SE91733	-A---A---A-CT-A-C-G---ACTTAATT-A..C-T---T-GT-T-T---A---C---A---A---T-TT-CC-T---		5443
J_SE.SE92809	-G---A---A-CT-A-C-G---AATCAACT-A..C-T---T-AT---T-G---A---C---A---TA---TT-CC-T---		5442
K_CM.MP535C	-A---AC---A-C---CG---G---GTG..CTAAGTAG---T-GTG-CT-G...CAATTTCAATAGT-GC-T---T-G---C-CT-A-T---C-AT---TG-TGGA-C---		5337
K_CD.EQTB11C	-A---A---A---A-C-A-C---GTA..CCAAGTAT---T-GT---T-A.....G---G-AT---C-TT-G---C---GC---C---		5318
CRF01_AE_CONSENSUS	-A-GA---AA-C-A-C---ATA.....A---T---T-?C---T-GG.....A---TAGT---G-C-GA---GC---CT---		6135
CRF01_AE_CF.90CF402	-A-GA---AA---A-C---TTA.....A---T---A---G-TTG---T-G.....AT---CTGT---G-C-GA---GC---C---		6159
CRF01_AE_TH.93TH253	-A-GA---TA-C-A-C-G---ATA.....A---T---T---C---T-GG.....A---TAGT---G-C-GT---GC---CT---		6110
CRF01_AE_TH.CM240	-A-GA---AA-C-A-C---ATA.....A---T---T-AC---T-GG.....A---TAGT---G-C-GA---GC---CT---		5691
CRF02_AG_CONSENSUS	---GA---AA-C-G-C---G---GTAATAATTA---T---G-T---T-T-G.....A---ACT---G-C---T-C-GC---C---		5660
CRF02_AG_DJ.DJ263	---GA---AA-C-G-C---G---GTAATAATTA---AG-G-T---T-T-G.....A---ACT---G-C---T-C-GC---C---		5477
CRF02_AG_DJ.DJ264	---GA-G---AA-C-G---G---GTAATAATTA---T---G-T-A-T-T-G.....A---CT---G-C---C-GC-GC---		5478
CRF02_AG_NG.IBNG	---GA---AA-C-G-C---G---GTAATAATTA..C-T---G-T---T-A.....ACT---G-C---T-C-GC---C---		5653
CRF03_AB_RU.KAL153	---G---T---C---T---T---T---CT-G.....C---C---T-GG---T-GG---C---		5888
CRF04_cpx_CONSENSUS	-AG-GA-G---AA-C-A-C---TTA.....A---T---T-TC-T-CT-GTC?TCCTTG?.....A---CTGG---C-GA---GC---T---		6140
CRF04_cpx_CY.94CY032	CA-GGC---AA-CT-A-C---TTA.....A---T---T-TT-TCTGGG.....A---CTGG---G-C-G---GC---T---T---		5493
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-AG-GA-G---AA-C-A-C---ATA.....A---C-T---T-TC-T-C---GTCCTCCTGG.....A-G-CTGG---AC---GA---C---T---		6156
CRF04_cpx_GR.97PVCH	-AG-GA-G---AA-C-A-C---TTA.....A---T---T-TC-T-CT-GTCATCCTGG.....A---CTGGA---C-GA---G-C---T---		6162
AC_IN.21301	-G-GA---AA-CT-A-G---TC---T---T.....TTAAATTTAAATTATGA-C---G---G---GA---TT---C---		5468
AC_RW.92RW009	-G-AGA---AA-C-A---GTAATAAACA---T---T-ACTT-T-G.....A---CTAT---C-GA---G-GC---C---TG---		5461
AC_SE.ETSE9488	-A-GA---AA-C-A---CTAAATAATA-ATGTA---T..G-TTAC---GCAGAAATAGATT..AT-G-A---G-G---G---CA-A---T---C---G---		5337
AC_ZM.ZAM184	-G-GA---AA-C-A-C---GTAGTAATTA---T---T---T-TT---CT-G.....C-T-GT---G-C-GA---GT---CT---		5490
ACD_SE.SE8603	-A-GA---AA-C-G-CA---TAGTAATT-ATATATGTAATGCAACCTTTAGA---CTGTT---GGC-GA---C---CC---		5451
AD_SE.KESE7108	CA-GA---AA-C-A-C---GTAGTAATTA---T---T---T---T-GTCGCTTCTAC.....AT---CTGT---G-C-GC---GC---C---		5331
ADH_NO.NOIIL3	---GA---A-T-A-C---TCATAAATG---T-T-T-G---T---T---A---G---G---C---A---T-T-C---TC---		6123
ADU_CD.MAL	---G---A-C---C-G---T---TA---T-G.....TG---T---A---GC---A-GC---C---		5694
AG_NG.92NG003	C---GA---AA-C-G-C---G---GTAATACTTA---T---G-T---T-CT-G.....A---CT---C-G-C---GCC---GC---C---		5483
AGU_CD.Z321B	-A-GA---AA-C-G-C---G---GTAACAAT.AA..GT---G-T---TT-T-G.....A---CTT---G-C-A---G-TT-GC---C---		5342
AGJ_AU.BFP90	-A---A---A-C-G---ATAATAATTA-CTA-TG---T---GG-AT-G.....AG---CT---G-C---T-CT-GC---C---		6159
AGJ_ML.95ML84	-A---AC---A-C-G-C---ATAATAATTA---T---T---G-AT-G.....A---TCT---G---G---A---T-CT-GC---C---		5372
AJU_BW.98-2117	-A---A---A-CT-G-CA-G---AAACCAAT.....T---G-T-AG-T---A---C---G---G---A---TT-CT---		5513
BF_BR.93BR029	---CTA---A-C-G-C---TTGTTAAGTAA.....T---T-TC-TA-T-GT.....T-G-A---GTT---C---A---C---C---		5481
MO_CM.97CAMP645MO	---CAGA-A---A-AT-G-C-G---.....AC.G...C---T---G-T---GGG.....ACCAGC-A-T-A---ATTA-TAGT-CTTTGT-GC-TG---AATG---		5499
O_CM.ANT70	---CAGA---A---A-C-G-C---.....AC.G...C---T---T-A---GGG.....ACC-GC---A---ATTA-TAGT-CTTTGC-GT-T---AATG---		6168
O_CM.MVP5180	---CAGA-A-A---A-C-G-C-G---.....AC.G...C-G-T---T-AAGAGA.....ACC-GC---CT-A---T---AGT-CTTTGTGTC-T---AATG---		6155
N_CM.YBF30	-A---G---A-CT-A-C-G---A.....AA.CCTG-A-TATGCTGC-TG.....G-T-CA---G---G---G-T-GC---		5704
SIVCPZUS	-GC-GA-A---A-C---CGC---GCCCTTTGTGC---TGCT---TTGGTTG-A-TAG.....TTA-TAGCATTAGGA-TAGAG-T-T-TTAGTAGTG-TA		6201
SIVCPZGAB	-A-A-A---A---A-C---TATG.....ACTC---T-GT-GG-T-G.....TTC-C...AT-T---GC---A-T-C-TGG.....A---		6174
SIVCPZANT	-G-A-A-A---A-C-G---T---CTCTAATGAC...-ATATATTT-AGTATGC-TTT.....C-T---T---T---T-C---T-G-T---		5496

Vpu protein CDS start N_Q_P_I.....P_I_V_A_I_V_A_L_V_V_A_I_I_I_A_I Vpu



B_FR.HXB2	AGTTGTGTGGTCCATAGTAATCATAGA.....ATAT.....AGGAAAATATTAAGACAA..AGAAAAATAG..ACAGGTTAATTGTAGATA.....CTAATAGAAAG.....AGCAGAAGA	6216
A_CONSENSUS	-----A-T-----GGT-----AA--AA--T-??A--AG-----G-----A--G-----	5741
A_KE.Q2317	--C-----A-T-----GGT-----A-----A-----AG-A-----T-----G-----G-----A-----G-----	5683
A_SE.UGSE8891	-----A-----GGT-----A-----A-----TTGC-A-----G-----T-----AGG-----A-----GT-----	5414
A_SE.TZSE8538	-----A-T-----GG-----G-G-A-----AG-CTGCAA-----G-----G-----G-----A-----G-----	5439
A_SE.UGSE6594	-----A-T-----T-----G-GGG.....GAAG-TTA-GA-G-----A-----A-----G-----A-----G-----	5398
A_SE.UGSE7535	-A---CA-A-T-----GGT-----G-----A-----TTGC-A-A-----AGG-----G-----GG-----G-----A-----GC-----	5442
A_SE.SOSE7253	-----A-A-T-----GGT-----A-----T-GC--AG-----A-----G-----A-----A-----G-----	5432
A_SE.SE8131	-----A-T-----GGGC-----A-----T-AA--G-----C-----A-----A-----G-----	5570
A_UG.U455	--A-----A-T-----GGT-----AAA--AA--T-GC--AG-----A-----T-AA-C-----A-----G-----	5667
A_UG.92UG037	-----A-T-----GGT-----A-----T-GC--AG-----A-----G-----A-----G-----	5595
B_CONSENSUS	-----A-----T-----AA-----A-----G-----A-----G-----	6317
B_AU.MBC200	-----T-----T-----A-----A-----G-----A-----G-----	6214
B_AU.MBC925	-----T-----T-----G-----G-----A-----GT-----	6226
B_CN.RL42	-----A-----C-C-----G-----G-----A-----G-----	5602
B_DE.HAN2	-----A-----G-----T-----A-----C-----	5681
B_DE.D31	-----A-----T-----A-----A-----	5761
B_ES.89SP061	-----T-----AG-----AC-----A-----G-----A-----	5776
B_GA.OYI	-----A-----C-T-----C-----G-----A-----G-----	5758
B_GB.MANC	-----A-----T-----G-----G-----A-----GG-----	6161
B_GB.CAM1	-----A-T-----GT-----AG-----A-C-G-----A-----	6217
B_NL.ACH320A	-----T-----A-----A-----A-----GC-----	6220
B_TW.LM49	-----A-----C-T-----A-----G-----A-----G-----	6216
B_US.SF2CG	-----A-----C-----A-----A-----G-----A-----	6224
B_US.DH123	-----A-----T-----T-A-----A-----AG-----A-----G-----A-----	6206
B_US.NY5CG	-----A-----GT-----C-----G-----G-----A-----A-----G-----	6171
B_US.AD8	-----A-----T-----G-----G-----A-----C-----	6212
B_US.WCIPR18	-----A-----T-----C-G-----T-----A-----G-----	5761
B_US.YU2	-----A-----T-----G-----G-----A-----C-----	6216
B_US.JRCSF	-A-----A-----C-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----	6227
B_US.MN	-----A-----T-----AG-----A-----GC-----	6230
B_US.BCSG3	-----T-----T-----A-----A-A-----A-----GTA-----	5739
B_US.896	-----T-----T-----A-----A-----A-----G-----A-----	6214
B_US.WEAU160	-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----	6214
B_US.RF	-----A-----TGG-----AT-----C-----G-----AA-A-----A-----G-----	5734
B_US.WR27	-----A-----T-----A-----G-----A-----G-----	5591
C_CONSENSUS	-----A-----C-TAT-----T-GG-----T-----A-A-----A-----T-GG-----	5758
C_BR.92BR025	-A-----A-----CTTAT-----T-GG-----T-----G-A-A-----A-----T-AG-----	5574
C_BW.96BW0402	-A-----A-----TAT-----T-GG-----G-----T-----G-A-A-----A-----T-GG-----	5704
C_BW.96BW1104	-----AT-----TATG-----T-GG-----A-----T-----A-----A-----A-----T-GG-----	5594
C_BW.96BW15C02	-----AG-----TAT-----A-----G-----A-----AG-----T-----A-A-----A-----T-GG-----	5697
C_BW.96BW0502	-----AT-----C-TA-----T-G-----G-----G-----G-----AGA-A-----A-----T-GG-----	5720
C_BW.96BW16B01	GA-----AT-----C-TAT-----A-----T-G-----G-----A-----G-----A-----A-----T-GG-----	5693
C_BW.96BW1210	-A-----A-----C-TATC-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----T-GG-----	5609
C_BW.96BW17B03	-----AT-----C-TAT-----A-----T-G-----G-----G-----T-----GA-----G-A-A-----A-----T-G-----	5572
C_BW.96BW01B03	-----AT-----C-TAT-----A-----T-GA-----G-G-G-A-----T-----AG-----A-----C-GG-----	5692
C_ET.ETH2220	-----A-----A-----C-TAT-----T-G-----G-----T-----A-A-----A-----ACT-GG-----	5628
C_IN.301999	-A-----A-----TAT-----A-----T-G-----G-----T-----A-A-----A-----A-----T-GG-----	5594
C_IN.21068	-----A-----TAT-----T-GG-----CA-----G-----T-----A-A-----A-----A-----T-G-----	5566
C_IN.301905	-----A-----A-----TAT-----G-----G-----T-GG-----A-----G-----T-----A-A-----A-----A-----T-GG-----	5566
C_IN.301904	-----A-----AT-----C-TAT-----T-GG-----A-----G-----T-----A-A-----A-----A-----T-GG-----G-----	5566
C_IN.11246	-----A-----A-----TAT-----G-----T-GG-----A-----G-----T-----A-A-----A-----A-----T-G-----	5551
D_CONSENSUS	-----A-----T-----T-----?-----GG-----AA-----G-----T-----T-----A-----G-----	6228
D_UG.94UG114	D_UG.94UG114-----A-T-----T-----G-G-----AA-----T-----AG-----G-----T-----A-----G-----	5570
D_CD.NDK	-----A-----TA-----A-----GG-----AA-----G-----T-----T-----A-----G-----	5750
D_CD.ELI	-----A-----T-----A-----GG-----AA-----AG-----G-----G-----T-----T-----C-----A-----C-----	5761
D_CD.Z2Z6	-----A-----T-----A-----GG-----AA-----G-----T-----TA-----A-----G-----	6218
D_CD.84ZR085	-----A-----T-----C-T-G-----AA-----G-----T-----A-----G-----A-----G-----	5737

B_FR.HXB2	AGTTGTGTGGTCCATAGTAATCATAGA.....ATAT.....AGGAAAATATTAAGACAA..AGAAAAATAG..ACAGTTAATTGATAGA.....CTAATAGAAAG.....AGCAGAAGA	6216
F_CONSENSUS	-----A-T-----TAT-----	5530
F1_BE.VI850	-----A-T-----TAT-----	5565
F1_BR.93BR020	-----A-T-----C-TAT-----	5550
F2_CM.MP255C	-A-----A-T-----TATT-----	5414
F2_CM.MP257C	-A-----A-T-----TAT-----	5426
F1_FI.FIN9363	-A-----A-T-----T-T-----	5554
F1_FR.MP411	---.....T-T-----	5422
G_CONSENSUS	-?-.....A-?-.....T-T-----	6169
G_BE.DRCBL	-----A-T-----T-T-----	6182
G_FI.HH87932	-A-----A-A-----C-TG-C-----	5625
G_NG.92NG083	-A-----AGT-----T-T-----	5584
G_SE.SE6165	-----A-----T-T-----	5622
H_CONSENSUS	-----A-----TAT-----	5590
H_BE.VI991	-----A-----C-TAT-----	5597
H_BE.VI997	-----A-----TAT-----	5533
H_CF.90CF056	-A-----A-----TAT-----	5559
J_SE.SE91733	-TG-----A-T-----GTAT-----	5539
J_SE.SE92809	--G-A-----A-T-----GTAT-----	5538
K_CM.MP535C	-----A-----TAT-----	5418
K_CD.EQTB11C	-A-----A-----CCTATC-----	5414
CRF01_AE_CONSENSUS	-----A-----A-T-----GCT-----	6231
CRF01_AE_CF.90CF402	-----A-----A-T-----GGCT-----	6255
CRF01_AE_TH.93TH253	-----A-----A-T-----GCT-----	6206
CRF01_AE_TH.CM240	-----A-----AA-T-----GCT-----	5787
CRF02_AG_CONSENSUS	-----A-----A-----T-----T-----	5756
CRF02_AG_DJ.DJ263	-----G-----G-----T-----T-----	5573
CRF02_AG_DJ.DJ264	-----G-----A-----G-----T-----	5574
CRF02_AG_NG.IBNG	-----AG-----TAT-----	5749
CRF03_AB_RU.KAL153	-----G-----A-----T-----	5984
CRF04_cpx_CONSENSUS	-A-----A-T-----T-T-----	6235
CRF04_cpx_CY.94CY032	-A-----A-TT-----T-T-----	5589
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-A-A-----A-T-----C-T-A-----	6252
CRF04_cpx_GR.97PVCH	-A-----A-T-----TAT-----	6258
AC_IN.21301	-A-----A-----TATG-----	5564
AC_RW.92RW009	-----A-----A-TT-----C-GGT-----	5557
AC_SE.ETSE9488	-----G-----A-----AT-----C-TAT-----	5433
AC_ZM.ZAM184	-----C-----A-----A-T-----T-T-----	5586
ACD_SE.SE8603	-----C-----A-----T-----GG-----	5547
AD_SE.KESE7108	-----A-----A-----T-----GGT-----	5427
ADH_NO.NOGIL3	-----A-----A-----TAT-----TATT-----	6219
ADU_CD.MAL	-----A-----A-----T-T-----	5790
AG_NG.92NG003	-----A-----A-----T-----AT-----	5563
AGU_CD.Z321B	-----A-----A-----T-----G-----	5428
AGJ_AU.BFP90	-----A-----A-T-----T-T-----C-----	6255
AGJ_ML.95ML84	-----A-----A-----T-----TAT-----C-----	5468
AJU_BW.98-2117	-----A-----A-----TAT-----	5609
BF_BR.93BR029	-----C-----A-----A-T-----C-TAT-----	5577
MO_CM.97CAMP645MO	-----C-----A-----A-AT-----T-T-----	5607
O_CM.ANT70	-A-----T-A-----GGGT-----T-T-----	6276
O_CM.MVP5180	-C-----A-----A-----TGT-----C-T-----	6263
N_CM.YBP30	-A-----A-----C-----G-AT-----C-TAT-----G-----	5800
SIVCPZUS	-TC-----G-----GAC-----AGT-----GC-----GATTGT-----GAGACAA-----AAAATAA-----A-----C-----C-----ACA-----G-----	6313
SIVCPZGAB	TT-----GTATAT-----GGG-----C-----T-----AT-----A-----TGGGG-----A-----GGTATAA-----T-----	6283
SIVCPZANT	-TC-----A-----AC-----T-----CTCT-----AG-----C-----T-----T-----AT-----AG-----G-----CAGC-----ATA-----T-----A-----AG-----A-----C-----A-----GTGTTA-----T-----	5595
Vpu	___V___V___W___S___I___V___I___I___E___Y___R___K___I___L___R___Q___R___K___I___D___R___L___I___D___R___L___I___E___R___A___A___E___D___	Vpu

	Env CDS start (frame 2)			
B_FR.HXB2	CAGTGGCA	ATGAGAGTGAAGGAGA	AAT.ATCAGCACTTGTGGAGATGGGGTGGAGATGGGGCACCATG	CTCCTTGGGATGTTGAT
A_CONSENSUS	T-G-TACAGAGG	TG-A-A-T	A-T	A-T-G-A-A
A_KE.Q2317	T-G-TACAGAGG	TG-A-A-T	C-G-TT	A-T-G-CAA-A
A_SE.UGSE8891	T-G-CACAGATG	TGG-AA	A-T	A-T-G-AA-A
A_SE.TZSE8538	G-TACAGAGG	CTC	A-T	A-T-G-A-A-A
A_SE.UGSE6594	T-G-TACAGAGG	TG	A-T-A	A-T-G-TT-A-A
A_SE.UGSE7535	C-T-G-TACAGAGG	TG-A-A-T	A-T	A-T-G-T-G-A
A_SE.SOSE7253	T-G-CACAAATG	CTGG	A-T-A	A-T-G-A-A
A_SE.SE8131	T-G-CACAGAGG	TG-A-A-T	AC-G-TT	A-T-G-A-A
A_UG.U455	T-G-TACAGAGG	T-CTTG	A-T	A-T-G-T-A-A
A_UG.92UG037	T-G-TAGAGAGG	T-CTTG-G	C-G-TT	A-T-G-A-A
B_CONSENSUS	G-TCAGGAAG	T		
B_AU.MBC200	G-TCAGGAAG	TG		A
B_AU.MBC925	G-TCAGGAAG	T		T-A-A
B_CN.RL42	C-G-TCAGGAAG	T-T-A		
B_DE.HAN2	A-CCAGGAAG	T-G	G-T	A
B_DE.D31	A-TCAGGAAG	T		
B_ES.89SP061	C-TCAGGAAG	T	A-G	A
B_GA.OYI	C-C-G-CCAGGAAG	T-G		
B_GB.MANC	A-TCAGGAAG	T-A	T	
B_GB.CAM1	C-G-TCAGGAAG	TG-G-A	A	A
B_NL.ACH320A	A-CCAGGAAG	T		
B_TW.LM49	G-G-CCAGGATG	TG	T	A
B_US.SF2CG	A-CCAGGAGG	T	T	
B_US.DH123	T-G-TCAGGAAG	T	A-G-T	A
B_US.NY5CG	C-G-CCAGGAAG	T	G	A
B_US.AD8	A-G-TCAGGAAG	T	A-T	
B_US.WC1PR18	A-C-G-CCCAGGAAG	T	T-C	
B_US.YU2	C-C-TCAGGAAG	T	A-G-T	
B_US.JRCSF	G-TCAGGAAG	T	A-G-T-T	CA-A
B_US.MN	G-TCAGGAGG	T-G	G-G	T-A-A
B_US.BCSG3	TCAGGAAG	T		T-A
B_US.896	TCAGGAAG	TGG	G-T-T	
B_US.WEAU160	G-TCAGGAAG	T	A-T	A
B_US.RF	T-TGAGGAAG	TG	A	
B_US.WR27	G-TCAGGAAG	TG	A	
C_CONSENSUS	G-G-TACTGAGG	T-A-A-G	T-T-T-A	GG-T-T-A
C_BR.92BR025	G-G-TACAGAGG	TGGA-A-A-G	T-T-T-A	GG-T-T-G-A
C_BW.96BW0402	T-G-TACAGAGG	TG-A-A-G	T-T-T-A	GG-T-T-A
C_BW.96BW1104	T-G-TCATGAGG	TG-A-A-G	T-A-T-T-A	GG-T-T-C-A
C_BW.96BW15C02	G-G-TACTGAGG	G-TGG-A-A-G	T-T-T-A	GG-T-T
C_BW.96BW0502	T-G-TATTGAAG	TG	T-T-A	GG-T-T
C_BW.96BW16B01	A-C-G-G-TATTGAAG	C-TG-A-A-G	T-AT-T-T-A	GG-T-T-A-A
C_BW.96BW1210	G-G-TATTGAGG	CT-TA-A-G	T-T-T-A	GG-T-T-C
C_BW.96BW17B03	T-G-TATTGAGG	TG-A-A-G	T-T-T-A	GG-T-T-A
C_BW.96BW01B03	G-G-TACTGAGG	T-CA-A-G	T-T-T-A	GG-T-T-A-A
C_ET.ETH2220	A-T-G-TACAGAGG	TG-A-A-G	T-A-T-T-A	GG-T-T-A
C_IN.301999	G-G-TACTGAGG	T-A-A-G	T-T-T-A	GG-T-T-A
C_IN.21068	G-G-TACTGAGG	T-A-A-G	T-GT-T-A	GG-T-T-A
C_IN.301905	G-G-CACTGAGG	T-A-A-G	T-GT-T-A	GG-T-T-A
C_IN.301904	G-G-CACTGAGG	T-A-A-G	T-GT-T-A	GG-T-T-A
C_IN.11246	G-G-CACTGAGG	T-A-A-G	T-GT-T-A	GG-T-T-A
D_CONSENSUS	G-G-TAGAGAGG	TG-AA	A	T
D_UG.94UG114	T-G-CAAAGAGG	T	A-G	C
D_CD.NDK	C-G-AAGAGAGG	TG-AA	A	T
D_CD.ELI	C-G-G-TAGAGAGA	TG-AA-G	A	T
D_CD.Z226	G-G-TAGAGAGG	TG-AA	A	T
D_CD.84ZR085	G-TAAAGAGG	CT-A-C	A	T

6301
5823
5765
5496
5521
5480
5524
5514
5652
5749
5677
6411
6296
6308
5684
5763
5843
5858
5840
6243
6299
6302
6298
6306
6288
6253
6294
5846
6298
6309
6312
5821
6293
6296
5816
5673
5840
5656
5783
5676
5771
5802
5775
5691
5654
5774
5710
5676
5648
5648
5648
5633
6310
5652
5832
5843
6300
5819

Env CDS start (frame 2)

B_FR.HXB2	CAGTGGCA	ATGAGAGTGAAGGAGA	AAT.ATCAGCACTTGTGGAGATGGGGTGGAGATGGGGCACCATG	CTCCTTGGGATGTTGAT	6301
F_CONSENSUS	G-G-TGCAGAGG	TGG	A?-CTTT-A	5611
F1_BE.VI850	G-G-TGCAGAGG	TGG	A-CTTT-A	5647
F1_BR.93BR020	G-G-TGCAGAGG	TGG	AG-CTTT-A	5632
F2_CM.MP255C	G-TGCAGAGG	TGG	AG-CTTT-A	5496
F2_CM.MP257C	A-TGCAGAGG	TGG	G-CT-T-A	5508
F1_FI.FIN9363	G-G-TGCAGAGG	TGG	G-A-CTTT-A	5636
F1_FR.MP411	G-T-TGCAGAGG	CTGG	A-CTTT-A	5504
G_CONSENSUS	A-TGCAGAGG	TGG	A-G-TT	6251
G_BE.DRCBL	A-TGCAGAGG	TGG	A-A-AC-G-TT	6264
G_FI.HH87932	A-TGCAGAGG	TGG	A-G-TT	5707
G_NG.92NG083	A-TGCAGAGG	TGG	A-G-TT	5666
G_SE.SE6165	A-TGCAGAGG	TGGT	A-G-TT	5704
H_CONSENSUS	C-T-CACAGAGG	T-CAAG	T-A	5672
H_BE.VI991	C-T-T-CACAGAGG	T-CAAG	T-A	5679
H_BE.VI997	C-T-T-AG	T-CA-A-G	G-T-T-A	5606
H_CF.90CF056	C-T-T-CACAGAGG	T-CAAG-A	T-A	5641
J_SE.SE91733	T-T-CACAGAGG	G-TGG-T-AG	CT	5621
J_SE.SE92809	T-T-T-CACAGAGG	TGG-AC	G-CT	5620
K_CM.MP535C	T-T-T-TGCAGAGG	TGG-ACA-G	AC-T-T-A	5500
K_CD.EQTB11C	C-G-TGCAGAGG	TGG	A-C-T-T-A	5496
CRF01_AE_CONSENSUS	A-TGCAGATG	TGG-CAA	A-G-TT	6313
CRF01_AE_CF.90CF402	A-TGCAGGAGG	TGG-CAA	A-G-TT	6337
CRF01_AE_TH.93TH253	A-TGCAGATA	TGG-CAA	A-G-TT	6288
CRF01_AE_TH.CM240	A-TGCAGATG	TGG-CAA	A-G-TT	5869
CRF02_AG_CONSENSUS	T-T-G-TGCAGAGG	T-CA-T-A	A-T-G-?	5837
CRF02_AG_DJ.DJ263	T-T-TGCAGAGG	T-CA-T-A	A-T-G-C	5655
CRF02_AG_DJ.DJ264	T-T-TGCAGAGG	T-CA-T-C	A-TG-A	5656
CRF02_AG_NG.IBNG	T-T-TGCAGAGG	T-CA-T-A	T-G-AT	5831
CRF03_AB_RU.KAL153	T-T-TTCAGGAAAG	C-C-T-AT-G-GA-G	T	6057
CRF04_cpx_CONSENSUS	T-T-TGCAGAGG	T-CA	GA-G-TT	6317
CRF04_cpx_CY.94CY032	T-T-TGCAGAGG	T-CA	GA-A-TT	5671
CRF04_cpx_GR.97PVMY	C-T-TGCAGAGG	CTG-CA-G	G-TT-C	6334
CRF04_cpx_GR.97PVCH	T-T-TGCAGAGG	T-CA	GA-G-TT	6340
AC_IN.21301	T-T-TTACTGAGG	T-A-A-G	G-T-A	5646
AC_RW.92RW009	T-T-TCATTTGATG	T-AA	G-A-T	5639
AC_SE.ETSE9488	T-T-TGCAGAGG	G-TG-A-CA-G	T-T-A	5515
AC_ZM.ZAM184	T-T-TTACCGAAG	TGG-A-A-G	T-T-A	5668
ACD_SE.SE8603	T-T-TGCAGAGG	TGG	A-T	5629
AD_SE.KESE7108	T-T-TGCAGAGG	TG-AA-A-T	C-A-T	5509
ADH_NO.NOIIL3	A-T-TGCAGAGG	T-C-A-G	GT-T-A	6301
ADU_CD.MAL	T-T-TGCAGAGG	T-AA-G	TG	5872
AG_NG.92NG003	T-T-TGCAGAGG	TGG-A	C-T-G-TT	5645
AGU_CD.Z321B	A-T-TGCAGAGG	TG-A-A	A-G-TT-C	5510
AGJ_AU.BFP90	A-T-TGCAGAGG	G-TGG-A-A	A-G-TT	6337
AGJ_ML.95ML84	A-T-TGCAGATG	TGG-A-A	A-A-TT	5550
AJU_BW.98-2117	T-T-TCACTGATG	CTGCACAA	CT	5691
BF_BR.93BR029	T-T-TGCAGAGG	TGG	A-CTTT-A	5659
MO_CM.97CAMP645MO	A-T-T-T-A	A-C-T-T-A	AAGAGG	5680
O_CM.ANT70	T-T-T-T-A	A-CA-A-G-A	TC-T	6349
O_CM.MVP5180	A-T-T-T-A	AAG	CC-T	6336
N_CM.YBF30	T-T-T-TGCAGAGTGGTTGGATGGG-ATGAA-A-T	AGAAGAGAGAGAG-CTGGA-CAG--A-CC	G-T-TT-TC-TCTAT	5888
SIVCPZUS	A-T-T-TGCAGAGTGGTTGGATGGG-ATGAGT	AGAAGAGAGAGAG-CTGGA-CAG--A-CC	TATGTT	6375
SIVCPZGAB	T-T-T-T-T	AGAAGAGAGAGAG-CTGGA-CAG--A-CC	T-ATTACA-T--AACAA	6368
SIVCPZANT	-TTA-TATAGATAGTGCATAGAAGAAG--GAA-CC--TACATATT--T-TGGGGT	--GGC-TT-C-AA-CCA	5670

Vpu S G N E S E G E I S A L V E M G V E M G H H A P W D V D Vpu
M R V K E K Y Q H L W R W G W R W G T M L L G M L M Env
|- Envelope gp120, gp160 and signal peptide start

	< - Vpu CDS end	Env signal peptide end gp120 start	
B_FR.HXB2	GATCTGT...	AGTGCTACA...	GAAAAATTGTGGGTACAGTCTATTATGGGGTACCTGTGTGGAAGGAAGCAACCACCACCTCTATTTTGTGCATCAGATGCTAAAGCATATGATACAGAGGTACATAATGT
A_CONSENSUS	A-----	G-----	C-----T-T-C-----A-T-GAG-C-----A-G-----
A_KE.Q2317	AT-----	GTG-----	C-----T-T-C-----GA-T-GA-CT-----G-----AAAG-----
A_SE.UGSE8891	A-T-----	G-----	C-----T-T-C-----A-----GA-C-GAG-CT-----A-----G-----
A_SE.TZSE8538	A-----	A-G-----	C-----T-T-C-----A-T-GAG-C-C-----A-G-----
A_SE.UGSE6594	A-----	T-G-----	C-----T-T-C-----A-----A-T-GAG-C-C-----C-A-G-----
A_SE.UGSE7535	A-----	T-G-----	G-C-----T-T-C-----A-T-GAG-C-----G-----AAAG-----
A_SE.SOSE7253	A-----	CA-G-----	C-C-----T-T-C-----A-T-GAG-C-----C-----A-G-----AA-G-----
A_SE.SE8131	A-----	A-G-----	C-C-----T-T-T-C-----G-----A-C-GAG-C-----C-----G-A-----A-G-----
A_UG.U455	A-T-----	A-A-----	C-C-----G-----C-----A-T-GTT-C-----G-----A-G-----
A_UG.92UG037	A-T-----	A-A-G-----	C-----T-T-C-----A-A-----T-----AT-CT-----G-----A-G-----
B_CONSENSUS	-----	G-AAA-----	-----A-----
B_AU.MBC200	-----	G-----	C-C-----GA-G-----C-----G-----
B_AU.MBC925	-----	G-----	C-----A-----
B_CN.RL42	-----	A-G-----	C-----A-----
B_DE.HAN2	-----	A-----	T-----T-----
B_DE.D31	-----	T-----	G-C-----A-----T-----C-----C-A-----
B_ES.89SP061	-----	AA-G-----	T-----T-----A-----C-----G-----
B_GA.OYI	-----	A-----	T-----T-----A-----C-----G-----C-----
B_GB.MANC	-----	GA-----	C-----T-----A-----T-----C-----C-----GG-----
B_GB.CAM1	-----	G-----	C-----A-----A-----
B_NL.ACH320A	-----	G-----	C-----A-----T-----T-----C-----C-----
B_TW.LM49	-----	A-----	G-----T-----A-----A-----T-----T-----A-----
B_US.SF2CG	-----	G-----	C-----T-----A-----A-----T-----T-----G-----
B_US.DH123	-----	G-----	C-----A-----A-----
B_US.NY5CG	-----	G-----	C-----A-----C-G-----C-----
B_US.AD8	-----	GT-----	T-----T-----A-----
B_US.WCIPR18	-----	A-----	G-----C-----A-----G-----
B_US.YU2	-----	G-----	C-----A-----
B_US.JRCFSF	-----	GT-----	G-----A-----A-----
B_US.MN	-----	A-----	G-----T-----A-----A-----
B_US.BCSG3	-----	A-----	G-AAA-----GG-T-----A-----A-----A-----C-----
B_US.896	-----	G-AAA-----	AC-----A-----GA-----
B_US.WEAU160	-----	G-----	C-----A-----A-----A-----
B_US.RF	-----	G-----	GG-C-----A-----A-----A-----A-----
B_US.WR27	-----	A-----	C-----A-----A-----A-----
C_CONSENSUS	-----	T-----	A-----TGTTG-----GG-C-----A-----AA-T-----C-----G-A-----A-G-----
C_BR.92BR025	-----	T-A-----	A-----TA-GG-----GG-C-----G-A-----A-----C-----G-A-----A-G-----
C_BW.96BW0402	A-----	TAA-----	G-GATG-----G...C-C-----G-----AAG-T-----T-----G-----C-G-----A-G-----
C_BW.96BW1104	-----	T-----	A-----TA-TG-----G-----C-----GA-----AAG-T-----G-A-----A-----
C_BW.96BW15C02	-----	T-----	GGTT-----GG-C-----GA-----G-----T-----C-----G-A-----A-G-----
C_BW.96BW0502	A-----	TA-----	TGTT-----G-----C-----A-----AA-T-----C-----A-----G-----G-----
C_BW.96BW16B01	A-----	TAA-----	A-----TGCT-----G-C-----A-----AA-T-----C-----A-----A-----
C_BW.96BW1210	-----	G-T-----	AAA-----G-CA-----T-----G-----A-----AA-----C-----GGG-----A-----
C_BW.96BW17B03	-----	T-----	TGTTG-----GG-C-----GA-----AA-T-----C-----T-----G-GT-----A-----
C_BW.96BW01B03	-----	C-T-----	A-----TG-TG-----G-----C-----A-----AA-T-----C-----G-A-----A-G-----
C_ET.ETH2220	-----	T-----	A-----GA-TG-----GG-C-----A-----A-----T-----T-----G-C-----A-----
C_IN.301999	-----	A-----	A-----TGTT-----G-----T-----A-----AA-T-----T-----C-----G-A-----A-G-----
C_IN.21068	-----	T-----	A-----TGTT-----G-----C-----A-----AT-T-A-----C-----G-A-----A-G-----
C_IN.301905	-----	T-----	A-----TGTT-----G-----C-----A-----AA-T-----C-----C-----G-G-----G-----
C_IN.301904	-----	T-----	A-----TGTT-----G-----C-----A-----AA-T-----C-----G-A-----A-G-----
C_IN.11246	-----	T-----	A-----GGGG-----A-G-----A-----AA-T-----C-----GG-A-----A-G-----
D_CONSENSUS	-----	C-----	TAT-----G-----?-----T-----T-----G-----A-----T-----A-----A-----C-----A-----
D_UG.94UG114	-----	A-----	T-----G-----G-C-----T-----G-----A-----A-----T-----G-----A-----AG-----C-----CA-----
D_CD.NDK	-----	C-----	G-----G-----G-T-----T-----T-----G-----A-----A-----T-----A-----A-----C-----A-----
D_CD.ELI	-----	C-----	G-----G-----C-----TC-----T-----G-----G-----A-----T-----T-----A-----C-----A-----
D_CD.Z226	-----	C-----	AA-G-----G-----TC-----G-----G-----A-----T-----T-----A-----A-----C-----A-----
D_CD.84ZR085	-----	GACCTAT-----	G-----T-----C-----T-----T-----G-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----C-----A-----

6427
5949
5891
5622
5647
5606
5650
5640
5778
5872
5803
6540
6422
6434
5810
5889
5969
5984
5966
6369
6425
6428
6424
6432
6414
6379
6420
5972
6424
6435
6438
5947
6422
6422
5942
5799
5966
5782
5903
5802
5896
5928
5901
5814
5780
5900
5836
5802
5774
5774
5774
5759
6438
5778
5958
5969
6426
5948

```

< -| Vpu CDS end
|Env signal peptide end gp120 start
B_FR.HXB2 GATCTGT...AGTGTACA...GAAAATTTGGGGTACAGTCTATTATGGGGTACCTGTGTGGAAGGAAGCAACCACCCTCTATTTTGTGCATCAGATGCTAAAGCATATGATACAGAGGTACATAATGT 6427
F_CONSENSUS A-----AAT-A---G-ACA-T-C-----A-----T-----?-----A-G---?----- 5741
F1_BE.VI850 A-----...-A---G-----C-C-----A-----T-----C-----A-G---C-----C- 5773
F1_BR.93BR020 A-----...-A---G-----C-A---T-----A-----T-----C-----T-----A-A---C----- 5758
F2_CM.MP255C A-----AATGC-AA-G-TACA-TG-C-----A-----C-----T-----G-----CC-A----- 5628
F2_CM.MP257C A-----...-G-----T-G-----A-----A-----T-----A-G----- 5634
F1_FI.FIN9363 A-----...-AA--G-G...-TG-C-----A-----A-----A-----T-----C-----T-----A-A---A----- 5762
F1_FR.MP411 A-----...-G-----C-----T-----A-----A-----T-----GT-----G-----A-G---A-G----- 5630
G_CONSENSUS A-T-----CT-----?---T-C-----A-----T-----?AT-----?-----T-----?---AG-T---AAG-----? 6372
G_BE.DRCBL A-T-----...A-----A-----A-----G-A-T---ATG---C-----T-----C---AG-T---AAGT---A 6387
G_FI.HH87932 A-T-----...CT-----A-T-C-----A-----G-A-C---AG-----T-----AG-T---AG---A 5833
G_NG.92NG083 A-T-----...CT-----T-C-----A-----G-A-T---GAT---C-C---C---C---T-----T-----AG-T---T---AAA 5792
G_SE.SE6165 A-T-----...CT-----A-T-T-----T-----A-----G-A-T---GAT-----C-----T-----AG-G-T---AAGC----- 5830
H_CONSENSUS A-----...G-----G-----C-----T-----A-----G-----A-----AA-----C-----G-----G---AAAG----- 5798
H_BE.VI991 A-----...T-GT...-G-C-----A-----G-----A-----AG-T-----C-----C---AAGG----- 5805
H_BE.VI997 A-----...T-A...-G-----G-----C-----T-----A-----G-----A-----AA-----C-----G-----GC---AAAG----- 5732
H_CF.90CF056 A-----...G-----C-----C-----T-----A-----A-----G-----AA-----C-----G-----G---AAAG----- 5767
J_SE.SE91733 A-----...T-----G-----C-----A-----GA-T---AG-----T-----C-----T-----AG-T---AAA----- 5747
J_SE.SE92809 A-----...T-----AG--A-A...-G-C-----A-----A-----T---AG-----T-----C-----T-----AG---T---AAA----- 5746
K_CM.MP535C A-----...CAA-G---C-----A-----A-----AC-----C-----C-----G-AG----- 5626
K_CD.EQTB11C A-----...C---G---A-C-C-----A-----A-----A-----C-----C-----A----- 5622
CRF01_AE_CONSENSUS A-T-----...CT-----C-C-----T-----T-----T-----GA-T---GAT---C-----C-----C---G---A-G---C----- 6439
CRF01_AE_CF.90CF402 A-T-----...CT-----C-C-----T-----T-----T-----GA-T---GAT---TC-----C-----C---TG---A-G---C----- 6463
CRF01_AE_TH.93TH253 A-G-----...CT-----A-C-C-----T-----T---C-----T-----GA-T---GAT---C-----C-----C---G---A-G---C----- 6414
CRF01_AE_TH.CM240 A-T-----...CT-----C-C-----T-----T-----G-----GA-T---GAT---C-----C---G---C---G---A-G---C----- 5995
CRF02_AG_CONSENSUS A-T-----...A-----G-----G-----C-----GAA-?---GAG---C-----G---A----- 5959
CRF02_AG_DJ.DJ263 A-T-----...A-----G-----G-----C-----GAA-C---GAG---C-----G---A----- 5778
CRF02_AG_DJ.DJ264 A-T-----...A-----G-----G-----C-----GA-T---GAA---C-----C---GT---A----- 5779
CRF02_AG_NG.IBNG A-T-----...A-----C-----G-----C-----ACG---GAG---C-----A----- 5954
CRF03_AB_RU.KAL153 A-----...T---A-----T-----A-----AG-AG----- 6183
CRF04_cpx_CONSENSUS A-?-...-CT...-A-?-C-----T-----GA-C---GAG---C-C-----A-----A---A-----A----- 6441
CRF04_cpx_CY.94CY032 A-----...CT...-A-C-C-----T-----GA-C---GAG---C-----A-----G---A---A-----A----- 5797
CRF04_cpx_GR.97PVMY A-T-----...CT...-A-T-C-----T-----GA-C---GAG---T-C-C-----A-----A---A-----A----- 6460
CRF04_cpx_GR.97PVCH A-G-----...CT...-A-G-CA-----T-----GA-C---GAG---AG-CGAW-----A---AA-----A----- 6466
AC_IN.21301 A-----...A---TGGT...-G-C-----T---T---T---C-----A---T---GAG---C-----G---AAAAG----- 5772
AC_RW.92RW009 A-T-----...G...-A-C-C-----T---T---C-----A---C---GAG---CT-----C---AAAAG----- 5765
AC_SE.ETSE9488 A-T-----...T-----T-----T-----A---AA---T-----GG---A---G----- 5641
AC_ZM.ZAM184 A-----...TGGTG...-G-C-----GA---AA---T-----C-----G---G---A---G----- 5794
ACD_SE.SE8603 A-----...GT...-T-----T---T-----A---T---GAG---C-----G---A----- 5755
AD_SE.KESE7108 A-----...T-G...-C-----T---T---C-----A---T---GAG---CT-----G---AAAAG----- 5635
ADH_NO.NOGIL3 A-----...CA...-G-C-----T---A-----G-----A---AA---C-----AA-G----- 6427
ADU_CD.MAL A-----...AT-G...-G-T-----T-----A-----T-----T-----A---A-----CA----- 5998
AG_NG.92NG003 A-T-----...CT...-A-T-C-----A-----G-A-C---GAT---C-----T-----AG---T---AAG----- 5771
AGU_CD.Z321B A-T-----...G-----C-----G-----C-----A-----G-A-C---GAG---C-----T-----AAA----- 5636
AGJ_AU.BFP90 A-T-----...CT-T...-A-G-CA-----T-----G-----C---G-A-T---GAT---T-----AG-C-T---TAAG----- 6463
AGJ_ML.95ML84 A-T-----...C-----AGT---CC-----G-----G-----G-A-T---GAT---A-T---C-----T-----AG-G-T---AAAG---C----- 5676
AJU_BW.98-2117 A-----...CT...-G---CA-----C-----A---G---AG---T-----C-----TA-----AG---T---A-GC---A----- 5817
BF_BR.93BR029 A-----...A-----A-----A-----A-----T---T---C-----A---A---A-C----- 5782
MO_CM.97CAMP645MO CCCC---TTG---CCA-GAC...C---CGC-AT-CA---G---GC-----A---G-A-G---A-C-AGTAT-----T-----CCT-ACAAGC---T---AAG---A----- 5806
O_CM.ANT70 CCCC---TTG---CCT---G...C---GC-A-AT-CA---GC-----G---A---G-A-T---AC-AGTA---C-----T-----CCT-ACAAGC---T---AAAG---A----- 6475
O_CM.MVP5180 CCCC---TTG---TA-GT...A---C---AT-C-----T---C-----A---G-A-G---G-AC-AGTA---C-----T-----CCT-ACAAGC---T---ACAG---A----- 6465
N_CM.YBF30 C-AGGTA...T---GGT-T...-C---CAT---A---G---C-----A---A---GA---GAG---A---T---C-----T-----CC-AG-----CT---C---CA----- 6014
SIVCPZUS A-----CCAGGA...TTG...TCT-GC-A---CT---A-----A-----GA-T---T-GAG---A---CT---C-----C---T---A---G---CA-GCAG---CC---C---CA----- 6498
SIVCPZGAB CCCC---...TTGA-C...TCTG-G-A---A---A-----A-----T---C-T-T-TGA-C-GGTA---C-----C---C---G---C---AG-----CT---A----- 6491
SIVCPZANT A-----T-TATAGAG-AG-GG---G...A-TG---GAC-AT---A---A---TC---A---C---C---GAA-T---G---AC-T-----CA---A---CTCCATGACAAG-----G---C----- 5799

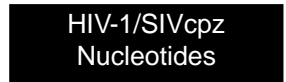
```

HIV-1 Complete Genomes 141

```

Vpu _D_L_...$_ Vpu CDS end
Env I C . S A T . . E K L W V T V Y Y G V P V W K E A T T T L F C A S D A K A Y D T E V H N V Env
signal peptide end /\

```



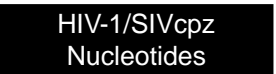
B_FR.HXB2	TTGGGCCACACATGCCTGTGTACCCACAGACCCCAACCCACAAGAAGTAGTATTGGTAAATGTGACAGAAAAATTTTAACATGTGGAAAAATGACATGGTAGAACAGATGCATGAGGATATAATCAGTTTATG	6559
A_CONSENSUS	C-----T-----A-CAT-A-----G-G-----A-----G-----ACA-----C-----	6081
A_KE.Q2317	C-----T-----T-----A-CAT-AC-----G-----A-----G-----CACAC-----C-----	6023
A_SE.UGSE8891	C-----T-----T-----A-AAT-A-----G-G-----A-----G-----ACA-----C-----	5754
A_SE.TZSE8538	C-----T-G-----T-----T-CAT-C-----GG-A-----AG-----G-----ACA-----C-----	5779
A_SE.UGSE6594	A-----T-----A-GCAT-A-----GG-G-C-----A-T-----G-----ACA-----C-----	5738
A_SE.UGSE7535	C-----T-----A-CAT-AA-----G-----T-----G-----ACA-----C-----	5782
A_SE.SOSE7253	A-----T-----C-GCAT-AA-----G-G-----AG-----G-----ACA-----C-----	5772
A_SE.SE8131	C-----T-----T-----T-TAT-A-----G-----A-T-----G-----ACA-----C-----	5910
A_UG.U455	C-----T-----A-AT-----G-A-----A-----T-----A-----C-----	6004
A_UG.92UG037	C-----T-G-----T-----G-----C-AAGA-A-----G-G-----A-----G-----ACA-----C-----	5935
B_CONSENSUS	-----G-----C-----C-----A-----C-----A-----A-----	6672
B_AU.MBC200	-----G-----C-----C-----A-----C-----T-----A-----A-----	6554
B_AU.MBC925	-----G-----C-----AA-----A-----A-----A-----	6566
B_CN.RL42	-----T-----C-----G-----C-----C-----A-----A-----A-----	5942
B_DE.HAN2	-----A-----G-----A-----G-----G-----A-----A-----	6021
B_DE.D31	-----G-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----	6101
B_ES.89SP061	-----A-C-----AAG-----A-----C-----A-----T-----	6116
B_GA.OYI	-----T-----G-----A-----G-----A-T-----A-----A-----A-----	6098
B_GB.MANC	-----C-T-----A-----A-----T-----G-----A-----G-----G-----	6501
B_GB.CAM1	-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----	6557
B_NL.ACH320A	-----C-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----	6560
B_TW.LM49	C-----T-----AC-----G-----A-----C-----C-----A-----T-----A-----	6556
B_US.SF2CG	-----A-----C-----A-----G-----A-----A-----G-----	6564
B_US.DH123	-----T-----A-----C-----CA-----A-----A-----A-----	6511
B_US.NY5CG	-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	6552
B_US.AD8	-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----T-----	6104
B_US.WCIPR18	-----AA-----A-----A-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----	6556
B_US.YU2	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----	6567
B_US.JRCSF	-----A-----A-----GA-----A-----A-----G-----A-----G-----	6570
B_US.MN	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----T-----G-----	6079
B_US.BCSG3	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----T-----G-----	6554
B_US.896	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----	6554
B_US.WEAU160	-----A-----T-----T-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----	6074
B_US.RF	C-----A-----T-----T-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	5931
B_US.WR27	C-----T-----AG-----A-----A-----GG-----A-----D-----K-----	5931
C_CONSENSUS	C-----T-----A-G-T-A-----A-----A-----G-----T-----G-----T-----	6098
C_BR.92BR025	C-----T-----T-----A-G-T-A-----A-----A-----G-----G-----C-----C-----	5914
C_BW.96BW0402	C-----T-T-----GAATC-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----C-----	6035
C_BW.96BW1104	A-----T-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----	5934
C_BW.96BW15C02	C-----T-----A-AGC-AC-----A-----A-----G-----T-----A-----	6028
C_BW.96BW0502	C-----T-----A-T-A-----A-----A-----G-----T-----G-----T-----	6060
C_BW.96BW16B01	C-----T-----A-GA-T-----A-----C-----T-----G-----T-----T-----	6033
C_BW.96BW1210	C-----T-----T-----T-G-T-A-G-----A-----T-----G-----T-----	5946
C_BW.96BW17B03	C-----T-----A-G-T-A-----A-----A-----T-----G-----T-----	5912
C_BW.96BW01B03	C-----T-----GT-T-----A-----A-----G-----T-----A-----	6032
C_ET.ETH2220	C-----GT-TT-----C-----G-----T-G-GT-----A-----G-----G-----C-----	5968
C_IN.301999	C-----T-----T-----A-G-T-A-----A-----A-----GA-T-----G-----C-----	5934
C_IN.21068	C-----T-----A-TA-----A-----A-----GA-T-----G-----	5906
C_IN.301905	C-----T-----A-G-T-A-----A-----A-----GA-T-----G-----	5906
C_IN.301904	C-----T-----A-CCT-G-----A-----A-----GA-T-----G-----	5906
C_IN.11246	A-----T-----A-TCT-----A-----A-----G-----T-----GA-T-----G-----	5891
D_CONSENSUS	C-----T-----G-----A-----A-C-A-----C-----C-----T-----A-----G-----	6570
D_UG.94UG114	C-----T-----A-----A-AA-C-A-A-----C-----C-----T-----A-----G-----G-----	5910
D_CD.NDK	C-----T-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----G-----A-----	6090
D_CD.ELI	C-----T-----G-----A-----A-C-A-----A-----C-----A-----G-----	6101
D_CD.Z2Z6	C-----T-----G-----A-----A-C-A-----A-----C-----G-----A-----G-----	6558
D_CD.84ZR085	C-----T-----A-----A-C-AA-----C-----CA-----G-C-----T-----	6080

B_FR.HXB2	TTGGGCCACACATGCCTGTGTACCCACAGACCCCAACCCACAAGAAGTAGTATTGGTAAATGTGACAGAAAATTTTAACATGTGGAAAAATGACATGGTAGAACAGATGCATGAGGATATAATCAGTTTATG	6559
F_CONSENSUS	C-----T-----TC--A--A--A-----T-----?--A-----A--A--A-----	5872
F1_BE.VI850	-----T-TC-AA--A-----G-T-----A-----A--ACA-----	5905
F1_BR.93BR020	C-----T-----T-----T-----T-----TC--A--A--GG--T-----G--A-----ACA-----	5890
F2_CM.MP255C	C-----T-----T-----T-----T-G-T--G--A-----C--T-----G--A-----T-----CTA-----	5760
F2_CM.MP257C	C-----T-----T-----T-----A-G-----T-G-TC-T-G--AT-----A-----A-----C-A--A-----	5766
F1_FI.FIN9363	C-----T-----T-----T-----CTC-----T-----G-----A--A--A-----	5891
F1_FR.MP411	C-----T-----C-----G--A--TGGC--AA--A-----G-T-----A-----A--A-----	5762
G_CONSENSUS	C-----T-----T-----T-----G-----A--ACTA-?-?-A-----A-----A-----	6502
G_BE.DRCBL	C-----T-----T-----T-----G-----A--AATA--AG--A-----A-----A-----	6519
G_FI.HH87932	C-----T-----T-----G-----GA--CCCC--A-G--A-----G-----A-----	5965
G_NG.92NG083	C-----T-----T-----T-----A--CTA-A-A--A-----A-----G--A-----G-----	5924
G_SE.SE6165	C-----T-----T-----A--A-TA--A--A-----T-----G--A-----G--A-----G-----	5962
H_CONSENSUS	C-----T-----T-----GA-G-C?-A--A--G-?C--T--G-----A-----G--A-----ACA--C-----	5928
H_BE.VI991	A-----T-----T-----A-G-C--A--A--CC--T--GT-----A-----ACA-----	5937
H_BE.VI997	C-----T-----T-----G-----GA-G-CC--C--A--G-C--T--G-C--T-----G-----GACA--C-----	5864
H_CF.90CF056	C-----T-----A-----T-----GA-G-CA--AG--A--G-GC--T--G--A-----G--A-----ACA--C-----	5899
J_SE.SE91733	C-----T-----T-----T--A-----GA-GAGTC--CC--A-----C-----C--G--A-----G-----	5879
J_SE.SE92809	C-----T-----T-----T--A-G-----GA-GAATC--CC--A-----C-----C--G--A-----G-----	5878
K_CM.MP535C	C-----T--C-----G-----AGA--A--A-----C-----A-----G-----ACA-----	5758
K_CD.EQTB11C	C-----T-----T-----G-----T--A--A--A-----A-----A-----G-----ACA-----	5754
CRF01_AE_CONSENSUS	C-----T-----T-----A--CACC--A--A-----A-----A-----G-----G--G-----	6571
CRF01_AE_CF.90CF402	-----T-----T-----A--TACC--A--A-----G-----A-----G-----G--G-----	6595
CRF01_AE_TH.93TH253	C-----T-----A-----A--GCACC--A--A-----A-----A-----G-----G--G-----	6546
CRF01_AE_TH.CM240	C-----T-----T-----A--CACC--A--A-----A-----A-----G-----G--G-----	6127
CRF02_AG_CONSENSUS	C-----T-----T-----T-----A--CAT--AA--A--G-----A-----A-----A-----T--C-----	6091
CRF02_AG_DJ.DJ263	C-----T-----T-----T-----A--CAT--AA--A--G-----A-----A-----A-----T--C-----	5910
CRF02_AG_DJ.DJ264	C-----T-----T-----T-----G-----A--CAT--AA--A--G-----A-----A-----A-----T--C-----	5911
CRF02_AG_NG.IBNG	C-----T-----T-----T-----A--CAT--A--A--G-----A-----A-----A-----T--C-----	6086
CRF03_AB_RU.KAL153	-----T-----T-----G-----G-----A--CC--AA-----G-----A-----A-----T--C-----	6315
CRF04_cpx_CONSENSUS	C-----T-----T-----?--CTC--A?-A-----A-----A-----	6571
CRF04_cpx_CY.94CY032	C-----T-----T-----CTC--A--A--G-C-----A-----A-----	5929
CRF04_cpx_GR.97PVMY	C-----T-----T-----A--T-TC--AA--A--G-C-----A-----A-----	6592
CRF04_cpx_GR.97PVCH	C-----T-----T-----T--CTC--AC--A-----A-----G--AG--C-----A-----	6598
AC_IN.21301	C-----T-----T-----A--CAT--A--A--G-----A-----AG-----G-----ACA--C-----C-----	5904
AC_RW.92RW009	C-----T-----T-----T-----G-----A--CAT--A--A--G-G-----A-----A-----G-----ACA--C-----C-----	5897
AC_SE.ETSE9488	C-----T-----T-----T-----A--AAT--A--A--A-----A-----T-----G-----C-----	5773
AC_ZM.ZAM184	C-----T-----T-----A--T--A--A-----A-----G--T-----A-----	5926
ACD_SE.SE8603	C-----T-----T-----C--T--G-----G-----A-----A-----ACA-----C-----	5887
AD_SE.KESE7108	C-----T-----T-----A--CAT--A--A--C-----A-----A--G-----A-----ACA-----C-----	5767
ADH_NO.NOGIL3	C-----T-----C-----G-----GA--C--AG--A--G-----T-----G-----A-----T-----ACA-----	6559
ADU_CD.MAL	C-----T-----T-----G-----A--A-C--A--C--GGG-----A-----G--G-----A-----	6130
AG_NG.92NG003	C-----T-----T-----GA--ACTC--A--A--C-----A-----A-----	5903
AGU_CD.Z321B	C-----T-----T-----C--AGT--GC-----A-----A-----G-----G-----	5768
AGJ_AU.BFP90	C-----A-----T-----A--TCTC--AA--A-----A-----T-----A-----C-----	6595
AGJ_ML.95ML84	C-----T-----T-----A--CCTC--A--A-----A-----T-----C-----C-----	5808
AJU_BW.98-2117	C-----T-----T-----T-----A-----GA--A-TC--A--A-----A-----G--T-----G-----	5949
BF_BR.93BR029	C-----T-----T-----T-----T-----TC--A--A-----A-----G-T-----A-----A-----ACA-----	5914
MO_CM.97CAMP645MO	C-----AT--A-----T-----CT-----T-----TATCCT--ACAC-----T-C--T-A-----T-----A-----G-T-C-T-T-C-----	5938
O_CM.ANT70	-----AT--A-----T-----T-----CT--T-T--TATCC--CAC-----TG-C--T-A-----T-----A-----G-A-C-T-T-----	6607
O_CM.MVP5180	-----AT--A-----C--T--T-----T-----T-----T-TC-C-A-GC-----T-C--G-T-A-----T-----G--C--A-----A--C--C--T-----G-----	6597
N_CM.YBF30	C-----T-----A--A-----T--T--T-----T-----GC-----ACCC--A--T-----A-----T-----G--A--A--C--A-----A-----T-----C--G-----	6146
SIVCPZUS	-----G--A-----C--T--T-----T-----CAT--CC-----T-----G--G-----G-----A--T--C-----A-----G--A-----T--T--CC-----	6630
SIVCPZGAB	-----G--A-----T-----T-----GT--T--G-----T-TC-TCC--A--T-----TCA-----A--T-----G--C--A-----A--C--T-----C--C-----	6623
SIVCPZANT	A-----A--TACCAGT-----G--A--T-----T--AG-T--TATT...-----TAG-C-C--ACCT--TCTGG-----TGCT-AT-----T-T-----AGT--ACA--A-----GN-ACAA-----T	5928
Env gp120	W A T H A C V P T D P N P Q E V V L V N V T E N F N M W K N D M V E Q M H E D I I S L W	Env

B_FR.HXB2	GGATCAAAGCCCTAAAGCCATGTGTAAAAATTAACCCCACTCTGTGTAGTTTAAAGTGCCTGATTTG.....AAGAATGATACTAATACCAATAGTAGTAGC....	6656
A_CONSENSUS	---C-----G-----T-----C-----C-----?T-T-?CA-AA?ATCACTGTCAAGAAT.....TC-CCA?-A?-C-----C-C-CC-?TATT..	6190
A_KE.Q2317	-----G-----T-----C-----C-----T-T-AA-G-C.....CAAG-GTC-C-----C-G-A.....TAGC..	6111
A_SE.UGSE8891	---C-----G-----T-----C-----C-----T-T-GC.....TC-GTC-CC-AT-GCTC-GTC-CTAAT..	5842
A_SE.TZSE8538	---C-----TA-----T-----C-----C-----G-----T-A-----AT.....T---A-GTC-----CATAGT..	5876
A_SE.UGSE6594	---C-----G-----G-----T-----C-----C-----T-T-C.....--GT---C---CG--GGTC..	5820
A_SE.UGSE7535	---C-----G-----G-----T-----C-----G-----TCACT--AATATCACTGTCAAGAAT.....ATC--GTC-G--GC-AC-A--ATATT..	5891
A_SE.SOSE7253	---CG-----G-----T-----C-----C-----T-T-C.....-A-GCC...-CG-A-CCCAG..	5851
A_SE.SE8131	---C-----C-----G-----T-----C-----CC-----T-T-GCA-CAAT.....GTCAC-G-C-----C-C-CG--TGCC..	6007
A_UG.U455	---C-----G-----G-----T-----C-----CG-----G-T-CA-A-CA-C.....CCAT--AC--C-----AC-AC-C-.....	6098
A_UG.92UG037	---C-----G-----A-----C-----G-----T-----C-----G-T-T-GCT--AAC.....TC-CCA--A--TC-----C-TC-C-.....	6032
B_CONSENSUS	-----C-----T-----A-A-A-?ACTACTAGTA???.?.....GA-G--C--AT-CC-A-----TAGTAC	6787
B_AU.MBC200	-----G-----T-----G--AAGAATGCTACTAAT.....CCA--G--C--AT-CC-A--A---TAGC..	6666
B_AU.MBC925	-----C-----T-----C--ACTCA.....GA-G--C--AT-CC-C-----TAGCGA	6668
B_CN.RL42	---T-----A-----C-----T-----A-----C-----T-----A-----CGATG..	6039
B_DE.HAN2	-----C-----A-----AT.....ATGCC-C--AC--TAGT..	6109
B_DE.D31	-----C-----T-----C-----AT-CC-A--A---TAGTTG	6200
B_ES.89SP061	-----C-----T-----AT.....GGGA-GA-C--A--CC-A--A---TAGTGC	6215
B_GA.OYI	---G-T-----G-TAATACCAGTAGTAGTGT.....G.....GGA-G--C--AT-CC-CA-----TAGT..	6216
B_GB.MANC	---G-T-----ATGTAGGG.....C-----C-----C--ATAATAC	6606
B_GB.CAM1	---TT-----A-G-A-----A--A--C--GG-CC-A-----TGATTG	6653
B_NL.ACH320A	-----C-----T-----T-----GGGA-G--C--AT-CC-C-----TAGC..	6657
B_TW.LM49	---G-----G-----C-----A-----ACT.....CCATGT-A--G-ATG--C-A--C-CTT..	6653
B_US.SF2CG	-----C-----T-----GGGA-GG--C--AT-CC-A-----TAAT..	6661
B_US.DH123	---T-----C-----T-----GA-GG--C--ATTTC-AG-A-G-TACTAA	6645
B_US.NY5CG	-----A-----CC-----T-----CGA-G--C--TATGCC-A-G---TAGT..	6608
B_US.AD8	-----C-----T-----GGGA-GT--C--AT-TC-A--A---TAGT..	6649
B_US.WC1PR18	-----T-----C-----T-----TTAAGA-A-GC--TGTACAA-A-GCTACTAA	6203
B_US.YU2	-----T-----C-----T-----GGA-G--C--AT-CC-C-----TAGC..	6653
B_US.JRCSF	---T-----G-----C-----T-----AA--G-----A--G--C--AT-CC-C---TAGT..	6661
B_US.MN	-----C-----T-----GGA--C--AT-CC-A--A---TACTGC	6669
B_US.BCSG3	-----C-----T-----GA-TTG.....GA-G--C--AT-CC-C---CTAATAC	6181
B_US.896	---G-----C-----T-----A-----AATATCACT.....GA--C--ATCCC-C-----AGC..	6660
B_US.WEAU160	-----A-----C-----T-----A--G--AATGTGACTAATTTG.....G-----TGGA..	6669
B_US.RF	-----C-----T-----GCTAAC.....TT--G-----GT--C-----	6174
B_US.WR27	---T-----C-----C-----G--TGGAATGCTACTAGTACCAG.....T.....GA--C--T--CC-A-----TAAT..	6049
C_CONSENSUS	-----G-----G-----C-----A--T-?AA--G-TAATGGTACCAGTAATA?TA?.....TGCT-?C-?A?-GA-----?T-C-A--A--TA?..	6213
C_BR.92BR025	-----G-----G-----CG--C--G-A-CAGA.....AC-T-G-CTA--AC-A-CT.....	6005
C_BW.96BW0402	-----G-----G-----C-----C--T-A--GG-TAATGGTACCAGTATAGTAG.....T.....GT-CC-G---GGT-CC--A---TAGT..	6153
C_BW.96BW1104	-----G-----G-----C-----C--C--T-AA--G-TACT.....GT-A--GA--CCCT-C-CCAA-A-TTT.....	6031
C_BW.96BW15C02	-----C-----A--T-AA-C-ACAGTACAAACTACAGTAATAC.....C.....TGA-G--C--G-T--AC-A--ATACC..	6146
C_BW.96BW0502	---C-----G-----G-----C-----A--T-GAA--G-T.....--C--C--AT-T--A--C-TG..	6154
C_BW.96BW16B01	---C-----C-----T-AA--G-TAATGTTACC.....G-A-GGG-G--AT-CC-C--TGG-TAAT..	6139
C_BW.96BW1210	---G-----G-----G-----C-----T-T-GCA--AAT.....GT-CC-GA-----A-GCTACC..	6037
C_BW.96BW17B03	-----C-----G-----G-----C-----C--T-AA--GCA.....AC--A--C--ATT-C-A--A---ACA..	6006
C_BW.96BW01B03	-----G-----G-----C-----A--TT--ACC-AC.....A--GG--C--TA--C-GA--ACTA-CAG..	6126
C_ET.ETH2220	---G-----G-----G-----C-----C--T-A--C-A-CAAA.....C--AC--AGGT--A-----T.....	6068
C_IN.301999	-----G-----G-----C-----G-A--T-G--G-ATAATGGTACCAGTAAGGCTAA.....TGCT-CC--A--GT--G-T-CC--A--G-TAAT..	6058
C_IN.21068	-----G-----G-----C-----G-A--T-GAA--G-TAAC.....GT-C--G--A-GG--C--C--AG-C-.....	6006
C_IN.301905	-----G-----G-----CCC-----A--T-AAA--G-T-----T-C-A-GAG--TATG..	5991
C_IN.301904	-----G-----G-----C-----G-A--T-AAA--G-T.....A-A-A-G--GT-CCCAC-A-GAGACC..	6000
C_IN.11246	-----G-----G-----C-CG--G-A--TGGAA--G-T.....ACCCAA--GGT-CCTAC-A-GATGAG..	5985
D_CONSENSUS	-----C-----C-----C-----C-----GAATCG.....TT-?GATC-?-G-?-?-CC-?G-?C-ATAAT..	6668
D_UG.94UG114	---T-----A-----C-----C-----C-----A-C-G-----A-C-G-----CC-A--CC-CA.....	6001
D_CD.NDK	-----A-----T-----C-----C-----GAA.....TT--GGA-C-A-GGC--T-TGG-G-AC-AT..	6178
D_CD.ELI	-----A-----GAA.....TT--GGA-C-A-GGC--T-TGG-G-AC-AT..	6198
D_CD.Z2Z6	-----A-----C-----C-----C-----TA--GAA.....GTGATGAG--GT--CA-TG-AG-ATAAT..	6655
D_CD.84ZR085	---T-----A-----G-----C-----C-----T-----GCATCG.....GA-CAGC--G--AT--C--C-CA.....	6178

B_FR.HXB2GGGAGAATGATAATGGAGAAAGGAGAGATAAAAAACTGCTCTTTCAATATCAGCACAAAGCATAAGAGGTAAGGTGCAGAAAGAATATGCATTTTTTTATAAACTTGATATAAT	6769
A_CONSENSUSAAT-TC-CC?AC-?C-T-?G-A-A-G-----G-C---GAAC-G-A-AAA-----T---T-C-----G-----G	6300
A_KE.Q2317-C-GG-A-GCT-----G-C---GAAC-G-A-AGA-----T---T-C-----G-----G	6209
A_SE.UGSE8891ATC-CC-GTGAC---GC---A-----G-C---GAA-G-A-AG-----T-C---C-C---G---G---G	5952
A_SE.TZSE8538TAT-ATG-C-CC-AC...TGCA-A-G-----G-A-C---GAAC-G-A-AGA-----T-AC-T-C-----G---G	5986
A_SE.UGSE6594-TC-AC-C-C-GAC...-G-A-A-----G-C---GAAC-GT-G-A-ACAA-AC--T-C-T-C-----G-----G	5930
A_SE.UGSE7535A-T-TC-GC-AC-GC...-CG-AG-C-G-G-----G-C---GAAC-A-CAA-----T---T-C-----G---C-G	6001
A_SE.SOSE7253AATGTC-AC-C-C-...-T-T-GA-G-G-----G-C---GAGC-G-A-AAA-----G---T-C-----G	5961
A_SE.SE8131AACCTC-C-GAT-GC-T-----T-C---GAAC-G-A-AAAA-----T-CT-C-----G	6120
A_UG.U455AAT-TC-CAGATGGA-T-GG-A-A-G---T-----G-C---GAAC-A-AAA-----T---T-C-----G	6211
A_UG.92UG037AAT--CTCAG-T-ACAT-G-A-A-----G-C---GAAT-G-A-AAAT-G--G-T---T-C-----G	6145
B_CONSENSUS	?ACTA?TA?TAGTA?TAG?--G?-C-?-?-----C-----A-----A-----C-----G	6912
B_AU.MBC200	A-GA--TGA--AG-----A-----T-C---A-AA-----C-----G	6779
B_AU.MBC925	GACAGTGATGGAGAAG...-AGA-AAG-G-----G-A-----C---A-G-----C-----G	6797
B_CN.RL42GG-----A-----C-----A-AC-----C-----G	6134
B_DE.HAN2	T-G-G-----A-C-----GG-C---A-A-----A-----C-----AC-----G	6219
B_DE.D31	G.....AC-TG-CAGG-GAAAT-----A-----C-----CAC-----G	6314
B_ES.89SP061	TACTAACCCACTAGTAGTA-CG-GGGA-GGA-G-G-----A-----T-----C-G-----A-A-A-----C-----GT-----G	6347
B_GA.OYI	T-GA-C-...AT-----C-C-----A-A-G-C-----C-----G-T	6326
B_GB.MANC	CGCTAGTGGAAAGT...T-G-GC...AT-G-G-A-----CT-A-----A-----T-----C-----G	6726
B_GB.CAM1	GGACAGG...A-GA-GGAGA-A-AT-----A-----G-C---AA-----G-----C-----G	6773
B_NL.ACH320AGTT-A-...-A-----A-----G-A---A-G-A-A-----C---T-----C-----G	6767
B_TW.LM49ACA-TGGA...-A-----A-----G-C---C-AA-----C-----G	6757
B_US.SF2CG	T--A-GAA...GAAATA-----A-----C---A-T-----A-----C---CG-C-A-----G	6771
B_US.DH123	AATCATT...-A-TCA...AT-G-----A-----G-C-A-A-----T-A-----A-A-----GC---C-G-A-----G	6759
B_US.NY5CGGA-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G	6709
B_US.AD8	-A-G-----G-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G	6753
B_US.WC1PR18	TGCCAATAATAGTAGCTGG-AA-AG...-T-----A-----G-C-T-----A-----C-G-----G	6329
B_US.YU2	T-GA-C-...-----A-----A-----A-----C-----C-----G	6763
B_US.JRCSF	-A-G-----G-----A-----C-A-----A-----TC-----G-----G	6771
B_US.MN	TAATAACAATAGTAATAGC-A-G--CA...-AA-GG-A-G-----C-----A-A-----C-C-----G	6798
B_US.BCSG3	CCCTAGTGGTAGC...T-A-A-...-A-G-----A-----G-----G-----T-G-A-AA-----C-----C-A-----G	6295
B_US.896	T-G-----A-----T-----T-----C-----AA-----AA-----C-----A-----G	6770
B_US.WEAU160GA-A-...-G-G-----A-----G-----T-----G-----C-----CT-----AA-----AGAA-----CT-----C-----G	6779
B_US.RFG-CA-G-----C-----A-----C-AG-T-C-----T-G-----A-AC-----A-----C-----G	6287
B_US.WR27A-CCA-----A-----A-----G-----G-----C-----A-----C-----G	6159
C_CONSENSUS	AAGACC?AT-AT-A?-GT-GCAT?--G-----A-----T-----A-C---GAA-----A-AAA-----TG-----C-----G	6329
C_BR.92BR025AT-AC-----GGG-----A-----T-----T-----G-C---GAAG-----A-AGAG-----G-T-C-----C-----G	6109
C_BW.96BW0402GTTTCC...AT-----A-----A-G-G-----T-----A-C---GAGC-----A-AAAACA-C-----AGA-----CG-----G	6257
C_BW.96BW1104-CC-----C-----G-----T-----G-A-C---GAAC-----A-AGAA-C-T-----C-----G	6123
C_BW.96BW15C02-CT-----A-----T-----A-----G-C---GAAC-----A-AAA-C-TG-----C-----G	6241
C_BW.96BW0502ATTGAT-AC...-GTA-T-G-----A-----G-----G-A-C---GAAC-----A-G-AAA-G-----T-C-----C-----G	6264
C_BW.96BW16B01AAGACCTATGAT-AC...AGTGGG-----A-----G-----T-----G-C---GAA-----A-AAAA-C-TG-----C-----G	6252
C_BW.96BW1210TAC-AT-AT...-AAA-T-T-----A-----T-----GCA-C---GAA-----A-CAA-----G-TG-----C-----G	6147
C_BW.96BW17B03AATGTC-CC-GT-GCAT-TT-----A-----G-----T-----A-C---GAAT-----A-AAG-A-A-----AG-----C-----G	6119
C_BW.96BW01B03GA-A-----T-----T-----CA-C---GAA-----A-AAA-----GC-GG-----C-----T-----G	6218
C_ET.ETH2220AAT--TGCC...-T-AT-A-G-----T-----T-----A-C---GAAC-----A-AAAAG-----G-C-----C-----G	6172
C_IN.301999CT-CT-GT...A-TGGG-A-A-C-C-G-T-T-----G-A-C---GAA-G-----A-AA-----GG-TGC-----C-----G	6165
C_IN.21068TAC-ATGA...-GCAT-----G-----A-----T-----GCA-C---GTA-----A-AA-----C-TG-----C-----G	6113
C_IN.301905CA-----A-----T-----GCA-C---GATT-----A-G-AA-----C-TGC-G-----C-----G	6083
C_IN.301904TAC-CTGA...-GC-T-----G-----A-----T-----GCA-C---GAA-----A-G-AA-----C-TG-----C-----G	6107
C_IN.11246	A-C-AT-A-----A-----C-----T-----A-----C-A-C---GAA-----A-G-AA-----TG-----C-----G	6083
D_CONSENSUS	-C-??-CAGAGGA??-----?-?A-G-----A-C---GTAG-----A-A?-A-C-----T-C-----C-----G	6774
D_UG.94UG114-GA-GGC-----A-----C---GAA-----A-AA-A-C-----T-C-G-----C-----G	6090
D_CD.NDK-AGG-A...GAA--G-G-A-A-A-G-----G-----G-----A-----AG-G-C-----T-----C-----G	6276
D_CD.ELI-TC-CT-CA...GA-----G-----G-----G-A-C---GTAC-----A-A-----C-----T-----C-----G	6305
D_CD.Z2Z6AATGTC-CAGAGGAAATA-G...-----G-----A-----CT-----GTAG-----A-ACAA-AC-----T-C-----C-----G	6762
D_CD.84ZR085T-CC--C...G-A-CC-----A-----G-----A-----C---GTAG-----CG-A-----AG-A-C-----T-C-----C-----G	6287

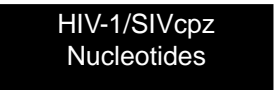
B_FR.HXB2	GGGAGAATGATAATGGAGAAAGGAGAGATAAAAACTGCTCTTTCAATATCAGCACAAGCATAAGAGGTAAGGTGCAGAAAGAAATATGCATTTTTTTATAAACTTGATATAAT	6769
F_CONSENSUS	A-T-CCC--AGGAA-?CC--G-CA-C--T--T--?C--GAAG--?A--AA-T--T-C--C--?--G--	6097
F1_BE.VI850	GTCAGGAAA--CC--G-CA-GC--T--G-C--GAAG--A--AA-T--TT-C--GC--GG--G--	6088
F1_BR.93BR020	C--AGGAA--TCC--AG-CA--C--T--CA-C--GAA--A--CA-T--T-C--C--G--G--	6106
F2_CM.MP255C	C--AGGAA--TCC--AG-CA--C--T--T--G-A-C--GAGC-G-A-A--AA-AG--C-C-G--C--G--G-GA	5967
F2_CM.MP257C	TCG-AG-A-G--T--A-C--GAG--A--CA-A-A--C--C--G--G--G--	5982
F1_FI.FIN9363	CCAAAGC...A-T-CCC--AGGAA--ACC--G-CA-C--T--G-C--GAAG--GA--AA--T-C--GC--G--GA	6104
F1_FR.MP411	A-T-CCC--AGGAA--ACC--G-CA-C--T--G-C--GAAG--GA--AA--T-C--GC--G--GA	5975
G_CONSENSUS	CA??-A-GA?-AC-G-G--AGT?C?-A--A--A-C--GAA--?A--AA-A--?--C-GC--C--G--G--G--	6727
G_BE.DRCBL	A-GAGTAC-G--G-C--G-C--GAAC-G--A--AA-A--GC--C-GC--C--G-AC--G-G--	6711
G_FI.HH87932	AACGA--GC..G--AGTGCCCA--A--A-C--GGAA--A--GAAA-AG--C-GC--C--G--G--	6160
G_NG.92NG083	CAAA...A--A--G-A-C--GAA-GGG--C--AA-A-G--C-GC--C--G--G-GG--	6128
G_SE.SE6165	T-GAT-AC...CC--A--G-A-C--GAA--A--AAAA--C-G--C--G--G--G--	6196
H_CONSENSUS	CAATGCCACTAGC...A-T-?T-??-G??-??G?-?AG-AC--C--T--G-A-CT--GTA--A--CA--T-C--C-C--G--G--G--	6144
H_BE.VI991	AT-TC-AT--GGA--T-CAG-ACA-G--G--G-A-CT--GC--A--AAC--G-T-C--C-C--G-GC--C--G--	6153
H_BE.VI997	CAATGCCACTAGC...A-TCCTTCA...GC-AAT-AT--C--T--G-A-CT--TGTA--A--CA--G-T-C--C-C--G--G--G--	6080
H_CF.90CF056	A-C-T--GA--CAG--G-AC--C--T--G-A-CT--GTAC--A--CA--T-C--C--G--G--G--	6100
J_SE.SE91733	A-TGC--GC-AC-ATAGTCCT-A-ATC-G--G--G-A-CT--GAA--AA--AAG-A-C--C-GC--C--G--AA--G--G--	6089
J_SE.SE92809	GTG--GTAGTCCT-ATATC-G-C--G--A-CT--GAA--AA--AAG-A-C--G-C-GC--C--G--AA--G--G--	6082
K_CM.MP535C	...T--A-C--GAA--A--A--AA-A-A-G--C--C--C--G--G--G--	5965
K_CD.EQTB11C	...T--A-C--GAAC--A--A--AAAA--G-TG-C--C--C--G--G--G--	5976
CRF01_AE_CONSENSUS	AAC-T--AGG--ATATA-C--AT--AG--G--T--T--G-C--GAAC--?A--AA--G-TCC--C--G--G--G--	6786
CRF01_AE_CF.90CF402	AC--A--AAAT-G--AT--CAG--G--T--T--G-C--GAAC--CA--AAA--G-G-TCC--C--G--CGTC--G--G--	6773
CRF01_AE_TH.93TH253	AAC-T-G-AGG--ATATA-C--AG--AG--G--T--T--G-C--GAAC--T-A--AA--G-TCC--C--G--G--G--	6791
CRF01_AE_TH.CM240	AAC-T--AGG--ATATA-C--AT--AG--G--TA--T--G-C--GAAC--C-A--AA--G-TCC--C-C--G--G--G--	6343
CRF02_AG_CONSENSUS	A?C-T-?CT-GTGACAT-C--G--A--G-C--GAAC--A--AAA--TG-C--C--G--G--G--	6315
CRF02_AG_DJ.DJ263	TATCAACAGG...ACC-T-GAT-GTGACAT-C--AG-A--G--G-C--GAAC--A--AAA--TG-C--C--G--G--G--	6147
CRF02_AG_DJ.DJ264	A-C-T-TCT-GGGACAT-C--G--A--T--G-C--GAAC--A--AAA--C--TG-C--C--G--G--G--	6118
CRF02_AG_NG.IBNG	AACCT-CT-GTGACAT--T-G-A--A--C--GAAG--A--AAAA--GATGC--C--G--G--G--G--	6290
CRF03_AB_RU.KAL153	...AA-A-TGATG-A-G--C--GA-C-G--A--A--A-A--C--C--G--G--G--	6516
CRF04_cpx_CONSENSUS	AAT-??-C?G-G-A-A?T-C-A--A--A-C--GAA--A--AA-A--GC--C--G--G--G--	6792
CRF04_cpx_CY.94CY032	-C-CTG--ATT--A-GA--G--A-C--GAA--G-A--AA-A--GC--C--G--A--G--	6124
CRF04_cpx_GR.97PVMY	AATGT--CA...ACC-C-AAC--A-G--A--C--GAA--A--AA-A--CT--GC--C--G--G--G--	6793
CRF04_cpx_GR.97PVCH	AAT-C-CTG-G-A-AGT-C-C-A--A--C--GAAG--A--CA-A--C--C--C--G--G--G--	6826
AC_IN.21301	GC--G--A--A--A--A--C--GAAC--G-A--AGA--G-T--T--C--GG--G--G--	6090
AC_RW.92RW009	AAC-TT-C-GATGACAT--A--A--G-C--GAAT--G-A--AAA--G-TG--T--C--GG--G--	6098
AC_SE.ETSE9488	GCTACCCAC-ATGAT-GCAT-GTG--C-G--T--TC--A--GG-CT-C--GAAC--A--AC--G-TC--T--C--G--G--	5974
AC_ZM.ZAM184	AGTAACAAT-CC--TC-CCA-GACAT-GC-AA--A--G-C--G--G-TGAG--T--G-A-C--TGTT--C-A--AC--AAA-G--A--C-G-TC-A--C--GT-TCA--T--G--	6109
ACD_SE.SE8603	AATGCC-AC-CC--C...CG--A--G--G--G-TGAG--T--G-A-C--TGTT--C-A--AC--AAA-G--A--C-G-TC-A--C--GT-TCA--T--G--	6100
AD_SE.KESE7108	-CC-GT--CAACCT-GTCAGCCC-GTGC--G-A-CT--GCA-C--A--CA--T-C--C--G--G--T--G--	5971
ADH_NO.NOGIL3	-CAGA-T--A--A-TT--AG-G--A-C-C--GTAGG--T-A--AAG...C--AC--C--C--G--G--	6763
ADU_CD.MAL	T-T-AC--A...GAA--AGC-AAAC-CT--A--C--GAA--A--AAAA--C--GC--C--G--G--G--	6355
AG_NG.92NG003	TC-CAGCTGAAT-C--A--T--T--AT--G-C--GAAT--A--CAAAG--AT--T-C--C--G--A--G--	6134
AGU_CD.Z321B	T-G-AGATGATATC-GCAAG-A--A--A-C--GAA--A--A--ACAA--GC--C--G--C--G--	5966
AGJ_AU.BFP90	AGATCATGGAATAAACAAACAAT-AC-CTG-GA-GT--A--A--A--GAA--A--A--AAAA--CG--GC--C--C--G--G--	6835
AGJ_ML.95ML84	...GTTA-T--G--G--G--TCA--T--G-A-C--GAA--A--A--AAAA--CG--GC--C--C--G--G--	6009
AJU_BW.98-2117	AC-CCC--AGGAA--CC--G-CA-C--T--G-C--GAAG--A--CA-T--T-C--C--GG--G--G--	6144
BF_BR.93BR029	TAGTACTATACCCAAGAAGAAA-AT-AC-GC-GCTCAG-G-ACCTTC-G--C-G-TGA--T--GCA-C--GTTT-C-A--AC--AAA-G--A--C-GA-TC-A--GT-TCA--T--G--	6115
MO_CM.97CAMP645MO	C-T--G--G--TGAG--T--G-A-C--TGTT--C-A--AC--AAA-G--A--C-G-TC-A--C--GT-TCA--T--G--	6202
O_CM.ANT70	A-C--A...A-T...G-G-T--TAG--T--G-A-CT--GT-C-C-AC--AAA-G-C-A--C-G-TC-A--C--GT-TCA--T--G--	6784
O_CM.MVP5180	AC-T-GGATAC-AAC-A...G--T--A--GCA-C--TGAGC--C-A--AAA-A-C--TT-CT-TC-G--GT-GAA--G--G--	6792
N_CM.YBF30	TACTGATATA...TCCGCTCT...C-A-G--T--A--T--G-C-CAAT--A--AA-A-AC-G-TC--T-C-A--GT-GAG--C-GG--	6362
SIVCPZUS	AACACCAATAGTAGA...T--C-TG-A--...C--C--G-A--TAAC--T--CAG--G-AT-T-A--A--AAA--A--ATGA-A--CA-A--GGA--C-T--	6819
SIVCPZGAB		6830
SIVCPZANT		6162
Env gp120	...G_R_M_I_M_E_K_G_E_I_K_N_C_S_F_N_I_S_T_S_I_R_G_K_V_Q_K_E_Y_A_F_F_Y_K_L_D_I_I	Env



B_FR.HXB2	ACCAATAGATAAT.....GATACTACC.....AGCTATAAGTTGACAAGTTGTAACACCTCAGTCATTACACAGGCCTGTCCAAAGGTATCCCTTTGAG..	6857
F_CONSENSUS	-----CA-C-----AGTA--A-G?AG?GAA.....GAA--G-C-A-T-A--T-----AC-----T-----T-GG-T..	6192
F1_BE.VI850	-----GC-----A-C-A-G-AGT.....GAA--G-C-A-T-A--T-----AC-----T-----T-GG-T..	6179
F1_BR.93BR020	--A--CA-C-G.....GAT-C-A-GA.....CA-C-GAC-A-T-A--G-TG--AC-----T-----T-GG-T..	6197
F2_CM.MP255C	-----TA-G-----AGTAG-A-TA.....-----C-A-T-----T-TG--ACTG-----T-----T..	6055
F2_CM.MP257C	--A--CA--C-----AGTA--GT.....-----G-C-A-T-A--T-----AC-C-----T-----C---G-----C..	6070
F1_FI.FIN9363	-----CAGC-----A-A-G-AGGGAA.....GAA--G-C-A-T-C--T-----AC-----T-----T-GG-T..	6198
F1_FR.MP411	-----CA--C-----AGCAG-G-GT.....GA--G-C-A-T-A--T-----AC--A--T-----T-GG-T..	6066
G_CONSENSUS	-----TA-?-??A?TA?T?A?AAT.....A?T??GG?A--A--T.....?T--G-C-A-?-?A--TGT--AC--A--T-----A?T--C..	6822
G_BE.DRCBL	-----TA--G-GATGAATAATGAAAAT.....AATGGTACAA--G--A.....T-G--G-C--A--A--TGT--AC--A--T-----A-T-----C..	6823
G_FI.HH87932	-----TA--G--GATAGTAGTAAT.....AGTACAGGTA--TA--GT.....--AT--G-C-A-T-A--TGT--AC--A--T-----GGAT--C..	6269
G_NG.92NG083	-----TAG-----GGGA--AG--T.....T--G-C-A-T-CA--TGT--AC--A--T-----AAT--C..	6219
G_SE.SE6165	-----TA-----G-A-T.....--AT--G-C-A--CA--TGT--AC--C-A--T-----A-T--C..	6281
H_CONSENSUS	-----T--G-??T??AATAAT.....A??AATA??A--G--T.....CAG--G-C-A-T-A--T-----G---A---T---C---G---A..	6243
H_BE.VI991	--AG--T--G-AGGTGAA.....AGAAAATAAAG-GA-AT.....CAT--G-C-A-T-A--T-----G---A---A---T---C---G---A..	6256
H_BE.VI997	G-----T--G-GACTAGTAATAAT.....AATAATAGTA--G--T.....--AG--C--C-A-T-A--C--T-----T---C---T---T---T..	6189
H_CF.90CF056	-----T-----C-----A--G--T.....CAG--G-C-A-T-A--T-----T---C---G---A---A..	6188
J_SE.SE91733	-----TA--G-----C-A-AA.....--T--TTC-A-T-AC--T-----T---A---T-----G--T--C-A..	6177
J_SE.SE92809	-----T--G-----A-C-A-AA.....--AT--TTC-A-T-AC--T-----T---A---A---T-----G--T--C-A..	6170
K_CM.MP535C	G--C-TA--GGC.....GAG-G-A-A--AGTAGTACTGAA--C-G-C-A-T-A--T-----AC-----A-T-----A--A..	6065
K_CD.EQTB11C	G-A--A-GC-A.....TCT--A-T--ATCAATCTGAATCTGAAG--G-C-A-T-A--T-----AC-G-----A-T-----A..	6079
CRF01_AE_CONSENSUS	-----TA--G-AGTGTACAAAATAATAATAACAGTAA?A??A--G--GTAATAATAGTCATGAG--G--A-T-A--T--T-----AG--T-----T..	6912
CRF01_AE_CF.90CF402	--A--TAG--G-AGTGTACAAAATAATAATAACAGTAATACTAG--GGACAAAATAATAGTCAT--AG-T--GA-A-T-CA--T--T-----AG--T-----T..	6923
CRF01_AE_TH.93TH253	--A--GA--G-----A--G--GT.....GAG--G-A-T-A--T-----T-----AG--T-----C..	6859
CRF01_AE_TH.CM240	--A--T--AG-----AAGAAGAC--G--GT.....GAG--G-A-T-A--T-----T-----AG--T-----A---A---T---T..	6437
CRF02_AG_CONSENSUS	--A--TA--G-A.....AGTAGC-A-GT.....CAA--G--A-TC-A--T-----C---A---A---A---G---A---G---A..	6406
CRF02_AG_DJ.DJ263	--A--TA--G-A.....AGT--GC-A-GT.....CAA--G--A-TC-A--C--T-----C---A---A---A---G---A---G---A..	6238
CRF02_AG_DJ.DJ264	--A--TA--G-A.....AGTAGC-A-GT.....CAA--G--A-TC-A--T-----C---A---A---A---G---A---G---A..	6209
CRF02_AG_NG.IBNG	--A--TA--G-A.....AATA--GG--GT.....CAG--G--A-T-A--T-----C---A---T-----A---A---G---A..	6381
CRF03_AB_RU.KAL153	--A-----G-----T-----T-----G---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A..	6598
CRF04_cpx_CONSENSUS	G-----TA--G--AATGTGCCAATTAAT?GTAG?AATA??A?TAG--A--AAGTGAGTATAGGGAG--T--A-T-A--TG--AC--A--T---C---GA-T--C..	6918
CRF04_cpx_CY.94CY032	G-----TA--GC-AGAGTGCCAATTAATGGTAGTAATPAGGAATA--G--AGAA.....GAG--T--A-T-A--G--AC--A--T---C---G--T---T..	6245
CRF04_cpx_GR.97PVMY	G-----TA--G--AATAATAGTACTAATAGTAGGAGA.....AGTAG--A--AAGT.....GA--T--A-T-A--TGT--TC-----A---T---C---A---AAG--A..	6911
CRF04_cpx_GR.97PVCH	G-----TA-----AATGTGCCAATT.....AATAACTACTAG--A--AAGTGAGTATAGGGAG--G--A-TG--T-----CAA-CA-A--T---C---GA-T--G--C..	6948
AC_IN.21301	-----T--GG-AGGTCAGGGT.....AATAGTAGTA--G-GGTTACAAG.....GAG--GA-A-T-A--T-----C---A---A---A---CA-T--A--T..	6202
AC_RW.92RW009	--A--TA--GCAATAGT.....AATAACAGTAG--CA--AT.....CAG--G--A-T-A--T-----C---A---A---T-----C..	6201
AC_SE.ETSE9488	-----C--T--G-GGGGAATAGCAACTCTAAT.....GAGAGTA--AC-ATTATAGT.....GAT--GA-A-T-A--T-----C---A---A---C---T---C..	6092
AC_ZM.ZAM184	--A--T--CCA.....AGTA--A--T.....TG--GAC-A-T--T-----C---CG--A---T-----C..	6200
ACD_SE.SE8603	--A--TA--C-GCAAT.....CAAATA-C-GC-AA.....CAG--GA-A-T-A--T-----C---A---T-----C..	6197
AD_SE.KESE7108	--A--TA--G-AAATCAGTACAATAGTAGT.....AATAATAG--A-AG.....GAG--GA-A-T-A--T-----C---A---G---C---A---A..	6083
ADH_NO.NOIIL3	T-----T--C--AATGAC.....AATAACTCTC-G.....GAG--GAC-A-T-A--T-----A---T---C---GA---A..	6857
ADU_CD.MAL	--A-----G-----AGT--A--GT.....--T--G-C-A-T-A--T-----A---A---T-----A---T---C..	6446
AG_NG.92NG003	-----C--GG.....AATAATAAT-TCT-A-AT.....A--G-C-A-T-A--TGT--AC--A--A---T---G--T---T..	6231
AGU_CD.Z321B	-----T--AG-AAATAGT.....AGTAATGGTA--G--GT.....GAA--GAC-A-T-A--T--T---CA-----T-----A---A---T---A..	6069
AGJ_AU.BFP90	-----T--GGG.....GATAGTA--A--GT.....GAT--GA-A-T-A--TGT--AC--A--A---T---G--T---A..	6929
AGJ_ML.95ML84	-----TA--G--AAT.....GGTA--AC-GT.....CT--GA-A-T-A--T-----AC--A---A---T---G--T---A..	6103
AJU_BW.98-2117	--T--TA--AG--AGG.....CCTA--A--GTAATTATAGT..GAG--TTC-AGT--AG--T--A--A--A---T---G--T---CC-A..	6247
BF_BR.93BR029	-----CAGC--GAT.....AATAGTAGCA--GA--ATAGTAGCAGA..GAA--C--G-C-A-T-A--T-----AC-C---A---T---T-GG--T..	6224
MO_CM.97CAMP645MO	GAA-C-GACA.....GTCACAA--GAC--A.....TG--CA-A-TT-A--T--A--AC--AG--A---T-----A---T---A..	6296
O_CM.ANT70	GGA-C-GA--G-GACAAGCAGCACA.....AATAAGACAA-C-GC-AA.....TG--CA-A-T-A--T--A--AC--C--G--A---T-----A..	6893
O_CM.MVP5180	TAAGG-TA--G-CTCA.....AATGCAGTAA--GGA-A.....CA--T--A--T-A--T--A--A-T--C-AG-----G---AGT-----	6892
N_CM.YBF30	-----CA--GCC.....T--A--AA.....CA--G-C-A-T-A--T--A--CTG-G--A---T---T---ACT-----	6450
SIVCPZUS	T-AT--CA-----AAT.....--C--GAC--T--A--C-----A-C-CT--C-----T-----T---ACC-----	6901
SIVCPZGAB	--AACC--GG.....-G-AC-A.....CA--G-A-TT-A--C--T--TA--C--A--A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A..	6918
SIVCPZANT	GAAGTGTC--GG-C.....AACAA--G--A.....T-----T--C--ATGGCAC--C-----A--ACT--C-----AT-----GA---TCTA-T---A..	6256
Env gp120	-----P_I_D_N.....D_T_T.....S_Y_K_L_T_S_C_N_T_S_V_I_T_Q_A_C_P_K_V_S_F_E.....	Env

B_FR.HXB2	.CCAATCCCATACATTATTGTGCCCGGCTGGTTTTGCGATTCTAAAATGTAATAATAAGACGTTCAATGGAACAGGACCATGTACAAATGTCAGCACAGTACAATGTACACATGGAATTAGGCCAGTAGT	6988
A_CONSENSUS	-----A-----C-----G-----GG-?-GA-----G-----C-AG-----C-----C-A-----	6553
A_KE.Q2317	-----T-----A-----A-----C-----G-----GG-G-GG-----G-----GTT-C-AG-----C-----C-A-----	6431
A_SE.UGSE8891	-----A-----A-----A-----C-----G-C-G-----GA-T-----G-----AG-----T-----C-----C-----	6171
A_SE.TZSE8538	-----T-----T-----A-----G-----GGG-G--AT-----G-----C-AG-----C-----C-AA-----	6214
A_SE.UGSE6594	-----A-----A-----C-----G-----GG-G-TG-----G-G-C-AG-----C-----C-AA-----	6173
A_SE.UGSE7535	-----A-----A-----C-----G-----G-AGA-----G-TG-C-AC-----C-----C-A-----	6235
A_SE.SOSE7253	-----C-----A-----A-----C-----G-----GGG--GA-----G-----C-AC--A-----G-C-----C-A-----	6198
A_SE.SE8131	-----A-----A-----C-----G-----G-AG-TGA-----T-GA-C-GG-----C-----C-----	6378
A_UG.U455	-----A-----A-----G-----GG-CCTGA-----A-G-----C-GG-----C-A--G-----	6433
A_UG.92UG037	-----A-----A-----G-----G--GA-----G-T-C-AG-----C-----C-----	6373
B_CONSENSUS	-----G-----G-----A-----	7159
B_AU.MBC200	-----G-----GAG--A-----A-----A-GG-----C-----	7007
B_AU.MBC925	-----TT-----G-----AG-G-A-A-----A-----T-----A-GG-----C-----	7016
B_CN.RL42	-----T-----A-----A-----G-----C-----A-A-----A-----T-----T-----	6353
B_DE.HAN2	-----A-----A-----T-----G-----G-----A-A-----A-----A-----A-----G-----	6459
B_DE.D31	-----A-----A-----G-----G-----AG-G-----A-----A-----A-C-----	6533
B_ES.89SP061	-----G-----A-T-----G-----G-----A-A-----A-----A-----A-----	6566
B_GA.OYI	-----G-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----	6545
B_GB.MANC	-----A-----A-----G-----C-----A-TG-----A-----A-----A-----	6945
B_GB.CAM1	-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----G-----	6992
B_NL.ACH320A	-----T-----A-----T-----C-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----C-----	7001
B_TW.LM49	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----	6976
B_US.SF2CG	-----A-----AG--A-----G-----T-----T-----A-----	7005
B_US.DH123	-----G-----CG--AA-----G-----T-----T-----AA-----	6978
B_US.NY5CG	-----A-----G-----AG--A-----G-----A-----T-----T-----A-----	6928
B_US.AD8	-----G-----G-----A-----A-----G-----A-----T-----A-----	6972
B_US.WCIPR18	-----G-----G-----A-----A-----G-----A-----T-----A-----	6563
B_US.YU2	-----G-----G-----A-A-----	6976
B_US.JRCSF	-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----	6993
B_US.MN	-----C-----CG--A-A--G--A--T--A-----	7017
B_US.BCSG3	-----AG--A-----T-----T-----A-----A-----	6520
B_US.896	-----T-----G-----G-----G-----C-----A-----T-----C-----A-----G-----	6992
B_US.WEAU160	-----G-----G-----A-----AG--C--A-----C-----A-----	6998
B_US.RF	-----CA-----G-----G-----A-----A-----A-----	6545
B_US.WR27	-----A-----A-----A-----G-----CG--A-----A-----A-----	6384
C_CONSENSUS	-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----C-AT-----A-----G-----	6575
C_BR.92BR025	-----T-----T-----A-----G--A-----G-----A-----C-AT-----A-----G-----C--A-----	6340
C_BW.96BW0402	-----C-----T-----A-----A-----G-----A-----T-----C-AT-----A-----G-----	6482
C_BW.96BW1104	-----T-----TG-----T-----T-----A-----CA-----G-----A-----C-----T-----A-----G-----C-AT--C-----T-----G-----	6351
C_BW.96BW15C02	-----T-----T-----A-----A-----G-----A-C-T-A-----G-----CCAG-----A-----G-----	6460
C_BW.96BW0502	-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----C--A-----G-----C-AT-----T-----G-----G-----A-----G-----	6486
C_BW.96BW16B01	-----T-----C-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----C-AT-----T-----G-----G-----A-----G-----	6480
C_BW.96BW1210	-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----C--T-----A-----	6366
C_BW.96BW17B03	-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----T-----A-----C-----G-----AA--G-----	6356
C_BW.96BW01B03	-----CA-----A-----A-----G-----C--CGG--A-----T-----A-----C-AT-----A-----G-----	6446
C_ET.ETH2220	-----T-----T-----A-----A-----G-----GAG--A-----C-----C-AT-----C-----AA--G-----	6391
C_IN.301999	-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----G--G-----A-----G-----T-----CCAG-----A-----G-----	6408
C_IN.21068	-----C-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----G-----CCAT-----A-----G-----	6356
C_IN.301905	-----C-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----G-GC--A-----G-----A-----CCAT-----T-----A-----	6308
C_IN.301904	-----T-----C-----A-----T-----A-----A-----G-----GG--A-----G-----A-----CCAT-----T-----A-----	6341
C_IN.11246	-----T-----C-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----G-----A-----CCGT--T-----A-----	6302
D_CONSENSUS	-----A-----A-----A-----G-----GAG--A-----C-----C-----	7017
D_UG.94UG114	-----A-----A-----A-----CG--A-----A-----T-----C--A-----G-----G-----A-----G-----	6318
D_CD.NDK	-----T-----A-----A-----A-----G-----GAG--A-----G-----C-----CT-----A-----G-----	6507
D_CD.ELI	-----A-----A-----G-----GAG--A-----C-----C-----	6536
D_CD.Z2Z6	-----A-----A-----G-----GAG--A-G-----C-----C-----	6993
D_CD.84ZR085	-----A-----A-----A-----G-----CG--A-G-----C-----C-A-----T-----G-----	6530

B_FR.HXB2	.CCAATTCCCATACATTATTGTGCCCCGGCTGGTTTTGCGATTCTAAAATGTAATAATAAGACGTTCAATGGAAACAGGACCATGTACAAATGTCAGCACAGTACAATGTACACATGGAATTAGGCCAGTAGT	6988
F_CONSENSUS	-----T-A-----A-----G-----G-----A-G-----G-----G-----C-AG-----?A-----G-----	6322
F1_BE.VI850	-----C-T-----T-A-----A-A-----G-----G-----A-GA-----G-----G-----C-AG-----AA-----G-----	6310
F1_BR.93BR020	-----T-A-----A-----G-----G-----G-A-AT-----CA-----G-----GT-----C-AG-----T-----AA-----G-----	6328
F2_CM.MP255C	-----T-----T-----A-----G-----G-----A-G-----G-----G-----CGA-----G-----A-----G-----	6186
F2_CM.MP257C	-----T-T-----C-----G-----A-----A-----G-----TT-----C-GG-----T-----AA-----G-----	6201
F1_FI.FIN9363	-----T-A-----A-----G-----GG-----A-G-----G-----G-----G-----GG-----G-----G-----	6329
F1_FR.MP411	-----T-A-----A-----T-----G-----GGG-----CCA-G-----G-----G-----C-AG-----G-----G-----	6197
G_CONSENSUS	-----T-A-----T-----G-----GGG-----GA-----A-----A-----T-----A-----G-----	6953
G_BE.DRCBL	-----T-A-----C-----G-----GTGG-----A-----A-----AC-----T-----A-----G-----	6954
G_FI.HH87932	-----C-----T-A-G-----T-----G-----GG-A-----GA-----CA-----T-----A-----G-----	6400
G_NG.92NG083	-----T-A-----T-----G-----GGG-----GA-----A-----A-----T-----A-----G-----	6350
G_SE.SE6165	-----T-AA-----T-----G-----GGG-----GA-----A-----A-----T-----A-----G-----	6412
H_CONSENSUS	-----?-----T-A-----G-----C-----A-----A-----T-----C-----C-----G-----	6373
H_BE.VI991	-----T-A-----G-----C-----GGG-----AA-----T-----C-----C-----G-----	6387
H_BE.VI997	-----C-C-T-----T-A-----T-----G-----C-----A-----T-----A-----A-----G-----	6320
H_CF.90CF056	-----T-A-----C-----G-----C-----A-----A-----TT-----T-----A-----G-----	6319
J_SE.SE91733	-----T-A-----T-----G-----T-----C-----A-----T-----C-----A-----G-----	6308
J_SE.SE92809	-----T-A-----G-----AT-----T-----C-----A-----T-----C-----A-----G-----	6301
K_CM.MP535C	-----A-----C-----G-----GG-----A-----G-----G-----A-----AA-----G-----	6196
K_CD.EQTB11C	-----T-A-----C-----G-----C-----A-----G-----G-----C-----AA-----G-----	6210
CRF01_AE_CONSENSUS	-----T-----A-T-A-----A-----?-----G-----G-----AT-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----G-----	7042
CRF01_AE_CF.90CF402	-----T-----T-A-----A-----A-----G-----G-----AT-----T-----G-----G-----C-----A-----T-----C-----A-----G-----	7054
CRF01_AE_TH.93TH253	-----T-----A-T-A-----A-----A-----G-----G-----AT-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----G-----	6990
CRF01_AE_TH.CM240	-----T-----A-T-A-----A-----T-----G-----G-----AT-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----G-----	6568
CRF02_AG_CONSENSUS	-----A-----A-----G-----G-----A-----G-----C-----AG-----T-----C-----A-----G-----	6537
CRF02_AG_DJ.DJ263	-----A-----G-----A-----G-----G-----A-----G-----T-----C-----AG-----T-----C-----A-----G-----	6369
CRF02_AG_DJ.DJ264	-----A-----A-----G-----G-----A-----G-----C-----AG-----T-----C-----A-----G-----	6340
CRF02_AG_NG.IBNG	-----A-----G-----AGG-----G-----C-----A-----C-----A-----C-----A-----G-----	6512
CRF03_AB_RU.KAL153	-----A-----A-----A-----C-----G-----G-----A-----A-----C-----T-----A-----G-----	6729
CRF04_cpx_CONSENSUS	-----A-----?-----G-----G-----?-----A-----AT-----C-----TT-----G-----C-----T-----G-----C-----T-----A-----G-----	7047
CRF04_cpx_CY.94CY032	-----A-----A-----T-----G-----G-----A-----AT-----C-----TT-----G-----C-----T-----G-----G-----C-----T-----A-----G-----	6376
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-----T-----A-----C-----G-----G-----A-----GA-----T-----T-----C-----A-----T-----G-----G-----C-----T-----A-----G-----	7042
CRF04_cpx_GR.97PVCH	-----T-----C-----A-T-A-----A-----G-----G-----A-----AT-----C-CC-----TT-----GT-----C-----C-----G-----C-----T-----A-----G-----	7078
AC_IN.21301	-----T-----C-----A-T-A-----A-----G-----G-----GG-----A-----G-----C-----AG-----T-----C-----A-----G-----	6333
AC_RW.92RW009	-----A-----C-----T-----AC-----G-----C-----G-----AG-----A-----A-----G-----C-----AG-----C-----A-----G-----	6332
AC_SE.ETSE9488	-----T-----C-----T-----AC-----G-----G-----GG-----GCA-----A-----T-----G-----C-----AT-----G-----C-----C-----A-----A-----	6223
AC_ZM.ZAM184	-----T-----A-----A-----A-----A-----G-----GG-----C-----GAA-----GT-----C-----AG-----T-----T-----G-----A-----	6331
ACD_SE.SE8603	-----T-----A-----A-----A-----A-----G-----GG-----G-----A-----G-----G-----T-----C-----A-----C-----G-----A-----	6328
AD_SE.KESE7108	-----C-----T-----A-----A-----A-----T-----G-----GG-----G-----A-----G-----G-----C-----AG-----T-----C-----C-----A-----	6214
ADH_NO.NOIIL3	-----C-----T-----A-----A-----T-----G-----C-----C-----A-----A-----T-----G-----G-----C-----AG-----AA-----G-----	6988
ADU_CD.MAL	-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----A-----AT-----A-----T-----A-----G-----	6577
AG_NG.92NG003	-----C-----T-----A-----G-----T-----G-----GGGG-----AT-----C-----A-----A-----TT-----AA-----G-----	6362
AGU_CD.Z321B	-----C-----T-----A-----A-----T-----G-----GGG-----G-----GA-----TG-----A-----A-----G-----C-----GG-----C-----A-----G-----	6200
AGJ_AU.BFP90	-----C-----C-----T-----A-----T-----G-----GGG-----GAT-----A-----A-----T-----G-----A-----G-----	7060
AGJ_ML.95ML84	-----C-----C-----T-----A-----T-----G-----GGG-----AT-----A-----A-----T-----A-----G-----	6234
AJU_BW.98-2117	-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----G-----C-----A-----T-----A-----G-----	6378
BF_BR.93BR029	-----T-----A-----G-----A-----C-----CT-----T-----G-----G-----A-----AA-----G-----G-----G-----C-----GG-----AA-----G-----	6355
MO_CM.97CAMP645MO	-----A-----C-----T-----A-----G-----G-----A-----C-----CT-----T-----G-----C-----C-----CAG-----A-----T-----G-----C-----C-----AC-----T-----C-----AC-----	6427
O_CM.ANT70	-----A-----C-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----CT-----T-----G-----C-----GC-----CAGAA-----T-----CA-----C-----G-----CA-----A-----CGGT-----TACT-----C-----AC-----	7024
O_CM.MVP5180	-----C-----C-----T-----AA-----A-----A-----C-----CT-----T-----G-----G-----C-----CAGAC-----T-----C-----T-----CCAC-----A-----TTCAGTG-----TACT-----C-----C-----A-----AC-----	7023
N_CM.YBF30	-----A-----C-----A-----AC-----A-----C-----C-----A-----G-----G-----AGGA-----AC-----T-----G-----AT-----AGC-----G-----T-----T-----A-----A-----GA-----	6581
SIVCPZUS	-----A-----C-----A-----AC-----A-----C-----C-----C-----G-----A-----AGAT-----A-----AG-----GAG-----A-----T-----T-----G-----G-----T-----C-----A-----AA-----G-----	7032
SIVCPZGAB	-----T-----A-----C-----A-----A-----G-----A-----T-----C-----G-----AGAC-----TTCA-----A-----TAA-----T-----A-----T-----G-----T-----AA-----G-----	7049
SIVCPZANT	-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----AT-----G-----G-----G-----AG-----G-----GAT-----T-----CA-----GT-----GATG-----A-----TCAGT-----T-----C-----T-----A-----C-----A-----G-----	6387
Env gp120	-----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-----	Env

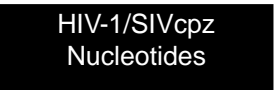


B_FR.HXB2	ATCAACTCAACTGCTGTTAAATGGCAGTCTAGCAGAA...GAAGAGGTAGTAATTAGATCTGTCAATTCACGGACAATGCTAAAACCATAATAGTACAGCTGAACACATCTGTAGAAATTAATTGTACAAG	-> V3 loop start	7117
F_CONSENSUS	-----T-?-C-----C-----TA-A-C-----CAA-A-T-A-T-A-----C-T-TGA-----C-G-----		6450
F1_BE.VI850	-----T-T-----C-----GTA-----C-----CAA-A-T-AA-T-A-----C-T-TGA-----C-G-----		6439
F1_BR.93BR020	-----C-T-T-----C-----G-A-----C-----CAA-A-T-A-T-A-----G-C-T-TGA-----C-G-----		6457
F2_CM.MP255C	-----A-A-C-----C-----C-----TA-A-----AAA-A-A-T-A-A-A-----T-T-T-G-----AT-----G-----G-----		6315
F2_CM.MP257C	-----A-----C-----C-----A-A-GA-----AA-A-T-A-T-A-A-----T-T-A-ATC-----A-----		6330
F1_FI.FIN9363	-----T-T-----C-----T-----G-GTA-A-C-----CAA-C-T-A-T-----A-----T-----C-T-TGA-----C-G-C-----		6458
F1_FR.MP411	-----T-----C-----G-----TA-A-C-----CAA-A-T-A-T-----A-----T-----C-T-TGA-AG-----C-G-----		6326
G_CONSENSUS	-----A-C-G-----T-----?A-A-----AA-?-A-----A-C-GT-----G-----T-T-A-A-----?C-----		7078
G_BE.DRCBL	-----A-C-G-----T-----A-TA-CA-----T-----AA-A-T-A-----C-GT-----G-C-T-T-GG-----C-----		7083
G_FI.HH87932	-----A-C-G-----T-----G-AA-A-----A-A-AA-CA-----A-----A-C-GT-----G-----T-TGA-A-----CG-----GTC-----		6529
G_NG.92NG083	-----A-C-G-----T-----TA-AG-----AA-----A-----A-C-GT-----G-----T-T-ATAG-A-----TC-----		6479
G_SE.SE6165	-----A-AC-G-----T-----G-A-AA-AA-G-----AA-----A-----A-C-GT-----T-T-A-A-----C-----		6541
H_CONSENSUS	-----A-----A-C-----GTG-C-----CA-----AAA-A-T-A-----A-C-A-----T-T-?-C-----?-----CC-----C-----		6503
H_BE.VI991	-----T-----A-C-----GTG-G-----A-----AAA-A-T-A-T-----A-C-A-----T-A-TGA-C-----C-----C-----		6519
H_BE.VI997	-----A-----A-C-----G-C-----CA-----AAA-A-T-A-----A-C-A-----TG-T-GTC-A-----CC-----C-----		6449
H_CF.90CF056	-----A-----A-C-----C-A-CA-----A-AAA-A-T-A-----A-C-A-----T-G-----C-A-----A-C-----CA-----C-----		6448
J_SE.SE91733	-----A-C-----G-----G-CA-A-----AA-A-T-A-----A-----A-----A-T-TGACA-----GTG-----C-----		6437
J_SE.SE92809	-----A-C-----A-----G-CA-A-----AA-CA-T-A-----C-A-----A-----A-T-T-A-A-----GTG-----TAC-----		6430
K_CM.MP535C	-----A-A-----G-----AA-A-T-A-T-----A-A-----A-----T-TGA-A-----C-----		6325
K_CD.EQTb11C	-----T-A-----C-----A-A-T-----G-AA-A-T-AA-G-A-A-----A-----T-TGA-G-----		6339
CRF01_AE_CONSENSUS	-----T-----A-A-C-----AAG-C-AA-----C-----G-C-T-T-A-----C-----C-----		7171
CRF01_AE_CF.90CF402	-----T-----A-A-C-----AAG-C-A-----C-----G-C-T-T-A-----A-----C-----C-----		7183
CRF01_AE_TH.93TH253	-----T-----A-A-A-C-----AA-C-AA-----C-----G-C-TC-TGA-----C-----C-----		7119
CRF01_AE_TH.CM240	-----T-----A-A-C-----AAG-C-AA-----C-----G-C-T-T-A-----C-----C-----		6697
CRF02_AG_CONSENSUS	-----A-----A-----G-----AA-A-AA-----C-A-----T-GTT-GC-----AG-C-----C-----		6666
CRF02_AG_DJ.DJ263	-----A-----A-----G-----AA-A-AA-----C-A-----T-GTT-GC-----AG-C-----C-----		6498
CRF02_AG_DJ.DJ264	-----A-----A-----G-----AA-A-AA-----C-A-----G-T-GT-GC-----AG-C-----T-----		6469
CRF02_AG_NG.IBNG	-----G-A-----G-C-----AA-A-AA-----C-----T-GCT-ATC-----A-----C-----		6641
CRF03_AB_RU.KAL153	-----T-----G-----A-----A-----A-----AGA-C-----G-----		6858
CRF04_cpx_CONSENSUS	-----T-----A-CT-----AC-----G-----AAA-----A-----A-C-----AT-----TGCA-AGG-----A-----C-----		7176
CRF04_cpx_CY.94CY032	-----T-----A-CT-----ACG-----G-----AAA-A-----A-----A-C-----AT-----TGCA-AGG-----A-----C-----		6505
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-----T-----A-CT-T-AC-----G-----C-----AAA-C-----A-----A-C-----AT-----TGCA-AGG-----A-----C-----		7171
CRF04_cpx_GR.97PVCH	-----T-----A-CT-AC-----G-G-----AAA-----A-----C-----AT-----TG-AGG-----A-----CG-----		7207
AC_IN.21301	-----A-A-A-----AA-A-AA-----TC-----AT-----A-TGCTGAGC-----GAG-----C-----		6462
AC_RW.92RW009	-----G-----A-A-----AA-A-T-AA-----C-----A-T-GAGA-----C-----T-----C-----		6461
AC_SE.ETSE9488	-----A-A-----C-T-----AC-G-----AAG-----AA-A-AA-----C-----A-TG-TGAGG-----C-----		6352
AC_ZM.ZAM184	-----G-----A-G-----AG-A-T-A-----C-A-----T-TCTGA-C-----C-----G-----C-----		6460
ACD_SE.SE8603	G-----T-T-----G-----A-A-G-----AA-C-AA-T-----T-----A-----T-TGAGA-----A-----C-----		6457
AD_SE.KESE7108	-----A-----T-----A-----AA-A-AA-----C-----AT-----AT-TGT-AGC-----GAC-----C-----		6343
ADH_NO.NOG1L3	-----A-C-----G-----A-A-----AAA-A-A-T-A-C-----A-----TT-T-TGA-----GC-----C-----T-----		7114
ADU_CD.MAL	G-----A-A-G-----AA-C-----A-----A-----T-TGA-A-----AC-----		6706
AG_NG.92NG003	-----T-A-AC-----T-----G-AA-----AA-CC-----A-----C-GT-----T-T-A-A-----A-----G-----C-----		6491
AGU_CD.Z321B	-----C-----T-----AGG-----AG-C-----T-----T-----TGC-AGC-----A-C-----C-----TG-----		6329
AGJ_AU.BFP90	-----T-A-C-G-----T-----G-A-CA-AC-----A-A-----AA-CA-----A-----A-C-----AT-----G-----T-TCAGC-----GG-----C-----		7189
AGJ_ML.95ML84	-----GT-A-C-G-----T-----T-AA-A-----A-AA-CCA-AA-----C-G-T-----G-----T-T-A-A-----C-----GG-----C-----		6363
AJU_BW.98-2117	-----A-C-G-----G-A-----AA-A-----AA-A-T-AA-----G-----T-A-T-T-ATA-----G-----GTC-----		6507
BF_BR.93BR029	-----T-T-----C-----A-TA-A-C-----CAA-A-T-A-T-----A-----A-T-TGT-----GCCG-----		6484
MO_CM.97CAMP645MO	GAGT-G-----AA-A-----C-G-CA-CT-T-----G-A-AA-AG-----TGGGAAGA-----A-----G-GA-----AT-T-----TACC-A-TTATA-A-A-C-----GAG-----		6556
O_CM.ANT70	-----AGT-----G-AA-A-----G-CA-CT-TA-----G-A-AA-AG-----G-TGG-AAAAG-----A-TTT-----AGG-GA-----AT-C-----GACC-A-----T-TA-CC-----A-C-----G-CC-----GA-----		7153
O_CM.MVP5180	-----AGT-----AA-AC-G-----G-CA-CT-TAG-----A-A-AG-----TGGGAAA-----A-T-A-ATCA-----A-G-AT-----C-----ACC-A-----TC-A-A-C-----G-CC-----C-T-----		7152
N_CM.YBF30	-----C-----GT-AA-CC-----A-CT-ATATC-----T-GAA-T-T-----AA-AT-G-CA-----GTA-TCTG-----T-G-G-----ATG-----TGAGA-A-----GCC-----A-----		6698
SIVCPZUS	GA-T-A-G-CA-AA-----T-----ACT-----AA-A-GTTA-----A-GAAGT-AAA-----TT-----AG-C-TT-----TC-----AT-CTCAGAGGGA-----CA-T-----G-C-----TT-----		7152
SIVCPZGAB	TA-C-----GT-A-TA-T-----A-----T-----T-----G-A-CA-ACTG-A-----GTG-AG-----AAGT-AA-A-----A-----G-TGT-TGG-----AGTAGA-G-A-----TAGTC-A-----CAT-----		7178
SIVCPZANT	GG-----ATGGT-A-A-----A-C-TACCA-AC-----A-CAC TTC-----G-A-TGAA-----GTCGCAAA-AT-ATC-----TGCTTGTA-G-T-T-G-A-AGAATT-GA-AACT-AC-----C-----T-----		6516

Env gp120 _S_T_Q_L_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_Q_L_N_T_S_V_E_I_N_C_T_R Env
 | -> V3 loop start

	V3 loop tip	V3 loop end <-	
B_FR.HXB2	ACCCAACAACATAACAAGAAAAGAATCCGTATCCAGAGA..GGACCAGGGAGACATTTGTTACA...ATAGGAAAAA.....ATAGGAAATATG...	AGACAAGCACATTGTAACATTAGTAGAGC	7231
A_CONSENSUS	---T---T---A---AT-T---TATA---ACA---CTA-G---C---TG-C.....ATA---GG---A.....TG-C---T---	---	6801
A_KE.Q2317	---T---T---A---A.....ACA---CTA-G---C---TG-C.....ATA---GG---A.....TG-C-C---T---	---	6671
A_SE.UGSE8891	---T---T---A---A.....ACA---CTA-G---C---G-C.....ATA---GG---A.....T---G-TG-C-A---A---	---	6411
A_SE.TZSE8538	TGG-----C-A---A.....ACA---CTA-G---C---TG-----GTG---GG---A.....TG-----A---	---	6454
A_SE.UGSE6594	TT-C---C-C-T---A-A---A.....AC-T---CTA---C---TG-T.....ATA-A---G-G---A.....CTG---A---T---	---	6410
A_SE.UGSE7535	---T---C---TG-A-C---A.....A-A-T---CTA-G---C---TG-G.....ATA---GG---A.....TG-C---A-T---	---	6472
A_SE.SOSE7253	---T-G---C---T-A---A.....ACA---CTA-G---C---TG-C.....ATA-C---GG---A.....TG-C---T---	---	6438
A_SE.SE8131	---T---G---T-A---A.....ACA---CTA-GG---G-TG-C.....ATA---GG---A.....-A---TG-C---T---	---	6618
A_UG.U455	TT-----AT-A---GGT-T---TATA---T---ACA---CTA-GT---C-T.....ATA---GG---A.....TG-C---AG	---	6679
A_UG.92UG037	---T---T---G---TG-A---A.....ACA-A---CTA-G---C---TG-T.....ATA---GG---A.....TG-C---G-GT---	---	6613
B_CONSENSUS	---G---G---G---C---T-A---A---A??-CAT?TA---TA---C---G.....ATA---G---A.....-G---T---C-C---A---	---	7405
B_AU.MBC200	---G---G---G---C---T-A---A---A---A-A---TA-G---C---G.....ATA---TG---A.....T---G---G---	---	7247
B_AU.MBC925	---G---G---G---C---T-A---A---A.....A---GGTA---C---G-T.....ATA---G---A.....-G---T---C-C---A---	---	7256
B_CN.RL42	---G---G---G---C---T-A---A---A.....A---GGTA---C---C.....ATA---G---A.....C---CA---	---	6593
B_DE.HAN2	---G---G---G---C---T-A---A---A.....A---GGTA---C---G---G---A.....ATAG---G---A.....T---C---CA---	---	6699
B_DE.D31	---TT---C---G---A---A---A---G-A---TA---A---A.....ATA---G---A.....G---	---	6773
B_ES.89SP061	---T---T---G-G---T-A-A-G-AGGACATGTA---C---A---TA---C---A.....ATA---A-A---A.....G---	---	6812
B_GA.OYI	---C---G---ATCA---A.....CA---C---AA-C.....ATA---G---A.....C---	---	6785
B_GB.MANC	G---G---T---T---ATAC---A.....AG---CA-GT---C-A-GCC.....GTA-C---G---A.....-A---	---	7185
B_GB.CAM1	---T---G---T---AGC---A.....G---A---G---TA-G---C---AC-G.....ATA---G---A.....C---TA---	---	7232
B_NL.ACH320A	---G---T---A---A---A.....A---A---TA-G---C---C.....ATA---G---A.....C---	---	7241
B_TW.LM49	---TAT---A---G---A---GTAT-CATATA---A---T---TAC---GC-A.....ACA---A---A---C---A---	---	7214
B_US.SF2CG	---T---T---A---A.....TA---CA---C---G.....ATA---G---A.....A---	---	7245
B_US.DH123	---G---G---AAC-C-A.....T---TA---C---G.....ATAG---G---A.....A---A---T---	---	7218
B_US.NY5CG	---G---T---AGC---A.....G---A---C-CTA-G---G---A.....ATA---G---A.....C---C---A---	---	7168
B_US.AD8	---G---T---A---A---A.....A---TA---C---G-C.....ATA---G---A.....C---A---	---	7212
B_US.WCIPR18	---G---T---T-C---A.....C---A---TA---C---G-T.....ATA---G---A.....T---C---C---A---	---	6803
B_US.YU2	---G---T---AAA---A.....GTA---C---G.....ATA---G---A.....C---A-A---	---	7216
B_US.JRCSF	G---G---T---A---A---A.....TA---C---G.....ATA---G---A.....C---A---	---	7233
B_US.MN	---T---A---G---A---A---A.....TA---C---AA-T.....ATA---C---A.....	---	7257
B_US.BCSG3	---A---A---C-T---AAC-CG.....T---A---TA---C---G.....ATAG---G---A.....C---	---	6760
B_US.896	---G---GT-ATC---A.....T---TA-G---G---A---C.....ATA---G---A.....	---	7232
B_US.WEAU160	---A---AAC-T-A.....T---C---TA---C---G.....ATA---G---A.....G---C---A---	---	7238
B_US.RF	---G---G---G---T---G---G---A---A---A.....T---A---TA-G---C---C.....ATA---G---A.....G---C---A---	---	6785
B_US.WR27	---GG---G---T---G---G---A---A---A.....TA---TA---C---G-T.....AGAG---G-C-A.....G---T---C---G-CA---	---	6618
C_CONSENSUS	---T---T---AA-G---AGG---T.....ACA-A---CTA-G---C---G.....ATA---G-C-A.....GA-G---	---	6824
C_BR.92BR025	TGG---T---G---T---AA-G---A.....ACA-A---CTA-G---C---G.....ATA---G---A.....A---	---	6580
C_BW.96BW0402	---T---T---G---T---GA-G---A.....ACA-A---CTA-G---C---G-G.....ATA---G-C-A.....T---GA-AG---	---	6722
C_BW.96BW1104	G---T---T---TG-GA-G---A.....ACA-A---CTA-G---C---A-GC.....ATA---G---A.....G---GA-AG---	---	6591
C_BW.96BW15C02	---T---T---G---T---AA-G---A.....ACA-A---CTA-G---C---A---C.....ATA---G-C-A.....GC-G---	---	6703
C_BW.96BW0502	G---T---T---TG-AA-G---A.....ACA-A---CTA-G---C---G.....ATA---G-C-A.....T---T---A---A---	---	6726
C_BW.96BW16B01	---T---T---T---AA-G---A.....ACA-A---CT-G---C---G-C.....ATA---G-C-A.....T---A-G-CT---	---	6720
C_BW.96BW1210	---T---G---T---AA-G---A.....ACA-A---CTA-G---C---G-C.....ATA---G-C-A.....A-G---	---	6606
C_BW.96BW17B03	---T---T---T---CGA-G---AGG---T.....G---ACAGA---CTA-G---G---CG.....ATA---G---A.....G-T---	---	6600
C_BW.96BW01B03	---G---T---G---T---CAA-G---A.....ACA-A---CTA-G---GC---G.....ATA---A---A.....TG---T---T---GA---A---	---	6686
C_ET.ETH2220	---G---T---G---T---AA-G---A.....ACA-A---CTA-G---C---G-C.....ATA---G---A.....GA---A---	---	6631
C_IN.301999	---G---T---G---T---AA-G---A.....ACA-A---CTA-G---C---G.....ATA---G-C-A.....GCT-A---	---	6648
C_IN.21068	---G---T---T---AA-G---A.....ACA-A---CTA-G---C---G-C.....ATA---G-C-A.....G-C-A---	---	6596
C_IN.301905	---T---T---T---AA-G---A.....ACA-A---CTA-G---C---G-C.....ATA---G---G-C-A.....GC-G---	---	6548
C_IN.301904	---T---T---T---AA-G---A.....ACA-A---CTA-G---C---G.....ATA---G-C-A.....A---A---	---	6581
C_IN.11246	---T---T---T---AA-G---A.....ACA-A---CTA-G---C---G.....ATAG---C-A.....A-AG---	---	6542
D_CONSENSUS	G---T---A---C---G-CA-C---A.....T---CA---C-CTA-ATA-C-?-?AAGAAGACA-?-?-TA-A..G---T---T---G---	---	7261
D_UG.94UG114	G---T---T---C---T-CA---A.....T---CA---C-CT---C---GTA---G---A.....G---	---	6555
D_CD.NDK	G---T---AT-----GC---G-CATCG---A.....T---A---CA-T-C-CTA---ATA-C-----AAGAAGAAA-C---T-C-A..G---G---	---	6756
D_CD.ELI	G---T---TC-A---C---CA-C---A.....T---CA---T-C-CTA---T---C---G---TCA-G-TC-TA-A..G---T---T---	---	6773
D_CD.Z226	G---T---GA---T---C---G-CATC---A.....TT---CA---GC-CTA---C---G---ACA-G-A-T-TA-A..G---T---T---A-AA---	---	7230
D_CD.84ZR085	G---T---A---GGA---C---G-CA-C---A.....A---CA---GC-CTA---C---A-GT-T.....ACA-C-A-G-TA-A..G---T---T---G---T---	---	6770

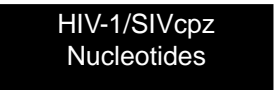
	V3 loop tip	V3 loop end <-	
B_FR.HXB2	ACCCAACAACATAACAAGAAAAGAATCCGTATCCAGAGA...GGACCAGGGAGAGCATTTGTTACA...ATAGGAAAAA.....ATAGGAAATATG...AGACAAGCACATTGTAACATTAGTAGAGC		7231
F_CONSENSUS	-----T-A-A-?-A.....ACA-----CTA-G-----C-?-?G.....ATA-----G-?-A.....-A-G-----G-A		6558
F1_BE.VI850	-----G-T-A-A-T-A.....ACA-A-----CTA-G-----C---GC-----ATA-----G-C-A.....-A-G-----G-A		6550
F1_BR.93BR020	-----ATC-T-A.....AC---T---TA.....C---G-----ATA-----G-C-C.....-A-G-----G-A		6568
F2_CM.MP255C	-----G-G-A---A.....ACA-A-----CT-G-----C---TG-----ATA-----GG-A.....-A-G-T-----A--A		6426
F2_CM.MP257C	-----G-T-A-A-A.....AC-----CTA-G-----C---TG-G....ATA-----G-CA.....-A-G-----GA-AA		6441
F1_FI.FIN9363	-----T-A---A.....ACA-T-----TA-G-----C---G-----ATA-----G-C-A.....-A-G-----G--A		6569
F1_FR.MP411	-----T-A-A-T-A.....ACA-----CTA-G-----C---TG-T....ATA-----G-A.....-A-A-G---T---G-A---A-G--A		6437
G_CONSENSUS	-----T-A-CA---GGA-TT....ACA---G-CTA-G-----C---TG-C....ATA-----G-C-A.....-?-----TG-----AG		7194
G_BE.DRCBL	-----G---TG-AGCA-T.....ACA-----CTA-G-----C---G-----GTA-----G-C-A.....-A-G-----TG---T-GA-		7194
G_FI.HH87932	-----T-A-ACC-----G-ACA---GC-CTA-G-----C---GG-C....ATA-----A.....G-----G-TG---G-AG		6640
G_NG.92NG083	-----T-A-CA-----ACA---G-CTA-G-----C---TG-T....ATA-----G-C-A.....-G-----TG-----AT		6590
G_SE.SE6165	-----TG---G-AA-A---GGGA-TT....ACA-A-G-CTA-G-----C---TGCC....ATA-----G-C-A.....-G-----TG---C-A-AG		6658
H_CONSENSUS	-----T-A-A-T-A.....G-ACA---G-CTA-G-----C---TG-C....ATC-----G-A.....-G-----T-----G-AA		6614
H_BE.VI991	-A-AGG---T---G-----T-A---A.....G-ACA---CTA-G-----C---TG-C....ATC-----G-A.....-G---T-----T-----A		6630
H_BE.VI997	-----T---T-----G-T-A-A-T.....G---CA-----CTA-G-----C---TG-T....ATC-----C-A.....-G-----TG---GA-A		6560
H_CF.90CF056	G-T---T---G-----C-T-A-A-T-A.....G-AC-----CTA-G-----C---TG-C....ATC-----G-A.....-G-----T-----A		6559
J_SE.SE91733	-----T-T-----G-T-A-AC-G.....ACA-TGC-CTACG---C---GG-----ATA-----G-A.....-GA---T-----AA		6548
J_SE.SE92809	-----T-T-----G-G-T-A-AC-G.....ACA-TGC-CTACG---C---G-----ATA-----G-A.....-G-A-----GA-AG		6541
K_CM.MP535C	G-A-----T-A-A-G.....A-A-----CTA-G-----C---TG-T....ATA-----G-A.....-G-----C-----G-A		6436
K_CD.EQTB11C	G-A-G-----T-A-A-A.....A-----CTA-G-----C---TG-C....ATA-----G-A.....-G-G-G-----CG---G		6450
CRF01_AE_CONSENSUS	-----TT---?---C---T-CAAC---A.....AC---T---CTA-G-----C---G-C....ATA-?-T-----G-G---A-G-A-		7280
CRF01_AE_CF.90CF402	-----TT---G---AGT---T---TGCAA-G-A.....AC---T---CCA-----C---C....ATA-AT-TG-A.....-A---T---G-A---A-A-		7294
CRF01_AE_TH.93TH253	-----TT-T---A---C---G-CATC---A.....A---AC---T-C-CTA-G-----C---G-C....ATA-C-----A.....G-A-C-T---G-G---A-G-A-		7230
CRF01_AE_TH.CM240	-----TC-----C---T---AAC---A.....AC---T---CTA-G-----C---G-T....ATA-----A.....-A---T---G-G---A-G-A-		6808
CRF02_AG_CONSENSUS	-----T-----TG-A---A.....CA-A---CTA-G-----C---TG-C....ATA-----GG-A.....-G-----TG-C---T		6777
CRF02_AG_DJ.DJ263	-----T---CA-A---CTA-G-----C---TG-C....ATA-----GG-A.....-G-----TG-----T		6609
CRF02_AG_DJ.DJ264	-----T-----G-TG-G---A.....CA-A---CTA-G-----C---TG-C....ATA-----GG-A.....-A-----TG-C---T		6580
CRF02_AG_NG.IBNG	-----T---TG-A-A---A.....CA-----CTA-G-----C---TG-C....ATA-----GG-A.....-G-----TG-C---A-A		6752
CRF03_AB_RU.KAL153	-----G-T-T-A-A.....TA-G-----C---G-C....ATA-C-----G-A.....-G-----T-A		6969
CRF04_cpx_CONSENSUS	-----T-----TG-A-A---AGGT-T...-G---ACA-A---GGTA-G-----C---TG-----ATA-----G-A.....-G-AA		7293
CRF04_cpx_CY.94CY032	-----TGG-----TG-A-A---A.....G---ACT-A---GGTA-G-----C---TG-----ATA-----G-A.....-G-AA		6616
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-----T-----G-TG-A-A---A.....A-A-A---GGT-G-----C---GG-----GTA-----G-C-A.....-A-----GA-AA		7282
CRF04_cpx_GR.97PVCH	C-TT-----G---GG---TGAA-----GGT-T...-G---ACACA---GGTA-G-----C---T-C....ATAG---G-A.....-C-----G-AG		7324
AC_IN.21301	-----T-----C---T-A---A.....ACA-A---CTA-G-----GT....C....ATA-----GG-A.....-G-----TG-C		6570
AC_RW.92RW009	-----T---TG-----TG-A-A---A.....ACA-----TA-G-----C---TG-C....GTA-----GG-A.....-T-----CTG-C-A-G-A-		6572
AC_SE.ETSE9488	G-TGG-----GG---TG-A-A---A.....ACA---G-CTA-G-----C---TG-C....ATA-C---GG-A.....-A-----TTG-C-A-G-A-		6463
AC_ZM.ZAM184	-----GG-----G---T---CT-T.....ACA-C-CTA-----AT...G-C....ATA-----GG-A.....-T-----GT-C-ACGA-A		6568
ACD_SE.SE8603	-----T-----G-C-T-A---A.....ACA-----CTA-G-----C---TGCC....ATA-C---GG-A.....-G-----TG-C---T		6568
AD_SE.KESE7108	-----T---T-----TG-A-A---A.....A-A-T---CTA-G-----C---TG-C....ATA-----GG-A.....-G-----TG-C---A-T		6454
ADH_NO.NOG1L3	-----ATAGC-----G-----T-A-A---A.....G-ACA---CTA-G-----GC-AGCC....GTC-----G-A.....-G-----C-T---GA-G		7225
ADU_CD.MAL	G-TGGA-----G-G-G-A-A-T.....C---CA---C-CTA-----C---G....ATAG---G-A.....-AG---T-----T---A-GA-A		6814
AG_NG.92NG003	-----T---AA-A.....-T-ACA---G-CTA-G-----C---TG-----A.....G-----A.....		6573
AGU_CD.Z321B	-----T-----T-----T-A-A---A.....AC---C-CTA-C---GA---TG-C....ATA-----G-A.....-G---C---TG-C---AA		6440
AGJ_AU.BFP90	-----GGT-----T---ATCCT-T.....ACA---G-CA-G-----C---TG-C....ATA-----G-A.....-T-----TG-----A		7300
AGJ_ML.95ML84	-----GT-----G---T-A-CCC-T.....CA---G-CTA-G-----C---TG-C....ATA-----G-A.....-T-----TG-----A		6474
AJU_BW.98-2117	-----TGC-----G-T-A-CC-G.....ACA-TGC-CTA-G-----C---GGC....ATAG---G-A.....-G-----TG-----AA		6618
BF_BR.93BR029	-----T-A-CA---A.....AC-----TA-----C---G....ATA-----G-C-C.....-A-G-----G---A		6595
MO_CM.97CAMP645MO	-A-ATGG---TC-GT---GT-C---GAG-A-C---A.....-T---AT---GCCTGG-ACAGC-TG...GC-T-G-GAAAGACAAA-ACAC---C-GGCTCG-GTC---G---CC-GTA---AC-CCT-		6676
O_CM.ANT70	-----AC-A-TAG-C-T...C---GAG---GA-A---A.....-T---AT---GCCTGG-ACAGC-TGGGA---GGG....ACAGC---C-GCTCA---GGC---TT---C---GTA---A-GCCA-		7267
O_CM.MVP5180	-----GAAGGA-TTGCAAGGT-C---GAT---ATA-CA.....-T---AT---TGCGCAG-TGACAC-TAA---G-AGTAAACAAT-C-TC-CCA-GATCA---GGT---TT---CATA---A---AGA-		7275
N_CM.YBF30	G-AGGA-T---G---GG-CAGG-G-AG-A.....-T-CT-TGA---TA-AC.....-A-----ATAG---G-C-T...-T-C---TG-CTC---A-A-		6809
SIVCPZUS	-----AGGA-----GTGGG---ATG-A-AAC-A.....-A-TGA-T---TA-ACATACC-AAG-T...GTAGG---ATGTA.....-G-----CTCA-A-CT		7263
SIVCPZGAB	-----AGGA-----GGG-GAGG-G-AG-A.....-G---A-TGA-C---TA-AT...-A---T...GTAG---G---CC...-TCT-CT-C---G---A-A-G-GA-		7289
SIVCPZANT	-----AGGA---T-GG---GT-G-ATC-A-AA-A.....-----A-TGA-T---CTA-AC...G---A-T...GCA-C---G-C-CT...-GA---GTTC---CAG-C-A---AGA-		6627
Env gp120	-----P-N-N-N-T-R-K-R-I-R-I-Q-R...-G-P-G-R-A-F-V-T...-I-G-K...-I-G-N-M...-R-Q-A-H-C-N-I-S-R-A		Env



B_FR.HXB2	AAAATGGAATAACCTTTAAACAGATAGCT.....AGCAAATTAAGAGAACAATTTGGAAATAAT.....AAAACAATAATCTTTAAGCAATCCTCAGGAGGGGACCCAGAAATTTGTAAC	7342
F_CONSENSUS	-C-----?-----A-G-AAG.....GCAG-G---AG?CT-T-?AAT-?-C-----AA---C?C-----T-----AC--T	6663
F1_BE.VI850	-C-----G-GG-GT-TG-AAG.....GCAG-----AGTCG-T-CCCT-----C-G---AA---C-----T-----AC--T	6661
F1_BR.93BR020	-C-----GG---G-GC-A-G-AAG.....GCA-G---G-GTCTT-T-CCCT-----GC-----AA---CTC-----T-----AC--G	6676
F2_CM.MP255C	-CTG---G-A-----A-TG-AG-.....G-AG-G-C-A-A---C-CAACTTC-----T-G-GC-----TTC-----TGT-----AC--	6531
F2_CM.MP257C	-C-G---T-G-----T-A-----CAG-G-C-A---C---A-AAT--A-----G-GGG---C-A-C---AG-----T-T-----AC--	6546
F1_FI.FIN9363	-C-----A-----G-C-GAG-AAG.....GCAG-G---AGCTT-T-AAT-----CAA---CTC-----T-----AC--T	6674
F1_FR.MP411	-C-----G---A-AA-C---G-CAA.....GAA-G---C-G-CT-TT-AAT--A-----AA---C-----T-----AC--T	6542
G_CONSENSUS	-----?G-G-?G---GA-TG-CA?A.....GCAC-C---GA--ATC--AAT---GCAGC-----G-AC---C---CTC---TG---T-----AC--	7305
G_BE.DRCBL	-----G-G-GC---GGG-TG-CCAG.....GCA-C---CAG---T-C-ATT-----G-GC---GAA---CTC---T-----T-----AC--	7302
G_FI.HH87932	---T---G---TGA-G-GA-G-AAA.....GCAC-C---A--ATC--AAC-----G-C---C---G-CTC-TG---T-----AC--	6745
G_NG.92NG083	-----GGG-G-TG---GA-TG-CA-A.....GCAC-GC---GA--ATC-A-AAT-----G-AC-C---CTC-TG---T-----AC--	6698
G_SE.SE6165	-----AG-GG-C---C-GA-TG-C-----GCAG-C---G-GA--ATC--AAT-G-GCAGC-----G-G-AC-C---CTC-TG---T-----AC--	6772
H_CONSENSUS	?-?-?-G---C---C-G-T-----CAC---G-A?-T-C-AC-----G-G-AC---T---A-C-CA-----ATG-G-A?-	6719
H_BE.VI991	-C-----G-G-C---C-CA-G-ATC-----C---G--AGCT-C-AC-----T---AC-A-C-C-G-----TAT--G-A-	6738
H_BE.VI997	G-----G---C---C-G-T-----CAC---TA-T-C-TC-----G-T---T---A-C-CA-----TG-G-AC-	6668
H_CF.90CF056	-G-C-----G---C-C-G-T-----CAC---G--AT-C-GAAC-----G---G---C-AA-----ATG-G-AG-	6667
J_SE.SE91733	-G-T-----G-----CGTAGAG-----AA-C---C---AAT-----GA---CATC-C-----AT-----AC--	6653
J_SE.SE92809	-G-T---G-----CGTAGAG-----CA-C---C---AAT-----A---CATC-C-----TAT-----G-	6646
K_CM.MP535C	-----C-TG---GCAGAG-AAG.....GAA-GC---A---T-AAG--GGA-----C-T-C-T-TAAACCA-C-AA-C-----A-----C--	6547
K_CD.EQTB11C	-C-G-----A---G---C-AG-AAG.....AAG---G-A---C-AAC-A-----A---C-A-C-----C-G-CAC--G	6555
CRF01_AE_CONSENSUS	-----AGT-----G-A-----GAA---A-G-C---AAT???-CA-----?G---G---C-A-C-C-----A-T-T-----AC--T	7387
CRF01_AE_CF.90CF402	-----AG-A-----G-A-A-----A---A-G-C-CC-AATGGG-CA-----TG---G---CGA-C-----A-T-----CAC--T	7405
CRF01_AE_TH.93TH253	-----AGT---T-G-A-----GAA---A-G-C-AAT-----GG-AC---G-C---C-A-----A-T-T-----AC--T	7338
CRF01_AE_TH.CM240	-----AGT-----G-A-----GAA---A-G-C-AAT-----G---G---C-A-C-C-----A-T-T-----AC--T	6913
CRF02_AG_CONSENSUS	-G-----A---C---G-G---CAC---G-G-C-AAC-C-----C-----GCTA-CC-----TAT-----AC--	6885
CRF02_AG_DJ.DJ263	-G-----GA---C---G-G---CAC---GA-G-C-AAC-----C-----GCTA-C-----TAT-----AC--	6714
CRF02_AG_DJ.DJ264	-G-----GA---C---G-G---TAC---GA-G-C-AAC-----C-----GCTA-CC-----TAT-----AC--	6685
CRF02_AG_NG.IBNG	-G-----A---C-T-G-T-----CAC---AGACGT-C-AAG-C-----CC-----GCTA-CC---T-----TGT-----AC--	6860
CRF03_AB_RU.KAL153	-----A---A-----T-----T---A-----G-----G-----T-----T-----T	7077
CRF04_cpx_CONSENSUS	TG-T---G-A---C-A---T-----GAAG---A---C-CCCT-----?A---GCT-C---G-----T-----AC--	7400
CRF04_cpx_CY.94CY032	TG-T---G-G---C---GT---AG-----GAAG---G-A-AG-TC-CCCT-----T-----GCT-C-C-GT-----T-----AC--	6724
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-G-T---CA---C-A---T-----GATG---A---C-CCCT-----AC---CA---GCT-C---AG---GT-----AC--	7390
CRF04_cpx_GR.97PVCH	TG-T---G-AG---C-GA-G-T-----GTA---A---C-CCCT-----A---T-----T---G---AC--	7432
AC_IN.21301	-G-----AG---CA---G-----AAC---A---T-C---TG-C-----AA---GCTA-T-----T-T-----CAC--	6678
AC_RW.92RW009	-----GA---C-A-G-A-----GAA---TC-CT-C---AG-C-T-----C---T---A-C-----G---TTT-----AC--	6683
AC_SE.ETSE9488	-----A---C-CA-G-T-----CAC-G---A---T-C---TG-----C-----CC-CC-----TGT---G-AC--	6571
AC_ZM.ZAM184	-----GC---C-A-G-----AAC---CA-A-CT-C-CCCT-C-----G---GCTA-C---T-----T-----AC--	6676
ACD_SE.SE8603	-G-----A---C---G-----AA---G---C-CTC-AAC-G-----C-GA---T---A-C-C-----TTT-----AC--	6676
AD_SE.KESE7108	-GC-----G---C---G-T-----TAC---AG-T-T---AAC-C-----G---A---CTA-C-----T-T-----CAC--	6562
ADH_NO.NOGIL3	--GT---TG-G-C---C-CA-AG---C-----CAC---R-C---C-A-T-----C---T-C---CGC---G-----TAT---G-AC--	7333
ADU_CD.MAL	-G-----G---A---C---G-----GTA---C---G-AGC-TTC-AAC-A-----C-A---T---TTC-----T-----AC--	6922
AG_NG.92NG003	...-C-GG-G-TG---C-GA-G-CAG.....GCAC-C---GA-C-GGTC-AAC-----GT---C---CTC---G-----T-----AC--	6674
AGU_CD.Z321B	-G-----G-G-A---TCCA-G-----GCAC---A---C---T---CAAGA.....C-GAT-----GCTA-C-----TGT-----AC--	6554
AGJ_AU.BFP90	--T---CAG-T-TAC-GG-G-AG-GAAG.....GTA---C---GA---GTT---AAT---C-----C-CAC---C---TC---TG---T-----AC--	7408
AGJ_ML.95ML84	-GC-----GG-G---G---C-GA-TG-GA.....GAA---C---A-C---TCC-AAT-----CG-AC---C---T-C---TG---T-----AC--	6579
AJU_BW.98-2117	G-C---CCG---CC-C-TA-G-A-----GCA---C---AG---T-C-AAT-----C-----GAA---C-A-C-G-AAGC-C-----T-----A-G-	6723
BF_BR.93BR029	-----G-G-G---G-A-G-AGG.....GCA-G---AGCCT-T-CCCT-----GC-----AA---CTC-----T-----AC--T	6703
MO_CM.97CAMP645MO	TG-----CA-GAG-C---G-A-C-----GAA---GT-T---GA-CTGATGAACAAT-CAGG-AATACTGATAAT-CT---G-G-A---C---T---TAG-A-T---T-A-T---GG-ATCCTT	6802
O_CM.ANT70	TG-T---GGA-A-TA-----A-C-----GAA---GT-T---GA-CT-GT-AACAAT-CAGG-AGT.....TT-AC-G-CA---C---T---CAG-AGC---T-A-T---GG-AAACCA	7384
O_CM.MVP5180	TGT---G-A---TG-CC-C---A-C-----ATA---GT-T---ATCTTGT-AACCA-CAG-GAAT.....GTT---C-----A---C-GCAG-A-TAGT---T-A-TG---G-AAACCA	7392
N_CM.YBF30	-CT---G-ACCA-TG-GG---TAGA-C-AGA.....GAGG-A---AGA---ATCC-G-G-A-CAAC.....T---CT-C-GGGC-CGAG-GAGGAAT-A---A---T---G-GAC-CA	6923
SIVCPZUS	G-C---G-G---ACAGAG---T-C-CTTTA.....GAG-TA-T-AA-AG---GC-AACCTG-CA.....AGG-GAG-A-TT-C-AATG---A---G---G---A	7371
SIVCPZGAB	C-C-----CGA--GG-GG-G-AG-AAA...AAGGCTTTAGC-ACCTC-TC-A-TCGAAC-GCA.....GCC-AC---CAC-C-CAG-G---T---A-T---GG-CAC-CA	7403
SIVCPZANT	GCT---G-AC-AG-ACGT---CA-A-C---AGCAGTCTTTCGGG-GCATT-GA--A--G-A-AC--C--AAAC.....-TG-G-A---CAA-ATG-AC--T-CA--AT--A--T--T--G-AAA-GT	6750
Env gp120	___K_W_N_N_T_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_G_D_P_E_I_V_T	Env

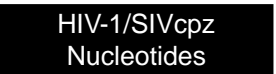
B_FR.HXB2	GCACAGTTTTAATTGTGGAGGGGAATTTTTCTACTGTAATTCACACCAACTGTTTAAATAGTACTTGGTTTT.....AATAGTACTTGG.....AGTACTGA	7432
A_CONSENSUS	A-T-----A-----T-----A-T-GGC-----C-----A?-.AAC--GAC-ACA?-CAGG?GTCAGAC-GCAC	7006
A_KE.Q2317	A-T-----A-----T-----A-T-GGCT-----C-----T--GT--A-A-CACTTGGGAATGAC----	6875
A_SE.UGSE8891	A-T-----A-----T-----A-T-GGC-----AA-.GGC-C-GAC-GCAT-CAGAAGTTA-A-GCAC	6621
A_SE.TZSE8538	A-T-C-G-----G-A-----CA-T-GGC-A-----C-----C-.AGC--GCC-GCGA-CCGATGTCA-A-GCAC	6664
A_SE.UGSE6594	A-T-----AA--A-----T-----A-T-AGC-----C-C-G-AG-.AACG--AC-ACACTCAGGGGTCA-A-GCAC	6620
A_SE.UGSE7535	A-T-----A-----T-----A-T-GGC-----C-ATT-G-.AAT-GC-C-AGAT-AATGACAATGCC-GCAG	6682
A_SE.SOSE7253	A-T-----A-----C-----T-----A-T-GGC-----C-----AGC...CAA--GAC...ACTGGGGTATCA-A-GCAC	6642
A_SE.SE8131	A-T-----A-----T-----A-T-GGT-----G-----AGC...CAA--GAC...ACTGGGGTATCA-A-GCAC	6807
A_UG.U455	A-T-C-----A-----T-C-CA-T-GGC-----C-T-----G-A-----GAC-CA-	6805
A_UG.92UG037	A-T-----C--A-----T-----A-T-GGC-----C-T-----G-A-----G-C-GCAT	6802
B_CONSENSUS	A-----AA-.TTT-G-----AATAGTAATGA-----G	7623
B_AU.MBC200	A-----AA-.ATT-----AATGA-----G	7454
B_AU.MBC925	-----C--T-----G-----GA-----GAA--GT-ATG	7451
B_CN.RL42	-----A-T-----G-----GA-----G	6779
B_DE.HAN2	-----C-----A-----A-----AG	6891
B_DE.D31	-----G-----GA-----A-	6959
B_ES.89SP061	-----C-----AA-.GGT-C-GCATGG-----T-AA-	7007
B_GA.OYI	-----A-T-----T-----AATGA--AC	6971
B_GB.MANC	T-T-----T-----G-----AATGA--AG	7380
B_GB.CAM1	-----A--G-----C-----C-G.TTT-G-----AATGA--AG	7436
B_NL.ACH320A	-----G-----GA--G-----AATGT-----	7439
B_TW.LM49	-----G-C-----AA-.GCT-CC-----TTGA-	7409
B_US.SF2CG	-----A-----A-----A-A-AGG.TTA-----CAC	7440
B_US.DH123	-----C-----A-A-A-----AATG-----	7404
B_US.NY5CG	-----GA-----G-----C-G.TTT-----AATGA-----	7372
B_US.AD8	-----AA-.TTT-G-----A-TTAAC	7416
B_US.WC1PR18	A-----T-----T-----A-T-----AA-.AAT-C--A-A-	6996
B_US.YU2	A-----A-----AATGA--AG	7399
B_US.JRCSF	-----AATGA--AG	7419
B_US.MN	-----A-T-C-----G-----AAT-A--TG	7449
B_US.BCSG3	-----T-----G-----GC-.GGG--A-----AATAGT...-G--	6967
B_US.896	-----A-G-----GT--G	7418
B_US.WEAU160	-----G-----C-GC-A-----G--TG	7436
B_US.RF	T-----A-----	6971
B_US.WR27	-----	6810
C_CONSENSUS	A-T-C-----A-A-----T-C-A-T-A?-----A-ACA-G...TCT-?-A-ACATG...AAT--A--	7029
C_BR.92BR025	A-T-C-----A-A-----T-C-A-T-AGC-----G-----C-.C-G.TTT-CC-A-----G--AAG	6840
C_BW.96BW0402	A-T-C-----A-A-----T-----A-T-AG-T-----GAG-GC-ACAGC...TTT-----GAG-GCC-	6914
C_BW.96BW1104	A-T-C-----A-G-----T-C-A-T-A-----GA-----CATACAT	6768
C_BW.96BW15C02	A-T-C-----A-A-----T-C-A-T-A-----C-G-AT-----G-C-----TA-AG	6895
C_BW.96BW0502	A-T-C-----A-A-----T-CG-CA-T-----A-ACAG...CCC-G-TT-A-----G--A-	6924
C_BW.96BW16B01	A-T-CCC-----CA-A-----T-C-A-T-A-----A-AC-----AGAC...AAT--A--	6918
C_BW.96BW1210	A-T-C-----A-----T-C-A-T-----A-AC-----A-ACATG.....	6796
C_BW.96BW17B03	A-T-C-----A-G-----T-C-A-T-AT-----A-AC-----A-AC...AATG--A-G	6794
C_BW.96BW01B03	A-T-C-----A-A-----T-T-CG-A-T-G-----A-ACA-G...TCT-----G--A--	6878
C_ET.ETH2220	A-T-C-----A-----T-C-A-T-A-C-----C-A-----ACTA-----GAACTGTT	6817
C_IN.301999	A-T-C-----A-----T-C-A-T-AGC-----G-----C-.C-G.TTT-CC-A-----G--AAG	6840
C_IN.21068	A-T-C-----A-A-----T-C-A-T-GGC-----G-A-ACA-G...CCT-GA-AAA-----A-TC	6797
C_IN.301905	A-T-C-----A-A-----T-----A-T-GGC-----G-A-AC-----T-G-A--	6734
C_IN.301904	A-T-C-----A-A-----T-----A-T-GGC-----G-A-AC-----CAT-ATC	6767
C_IN.11246	A-T-C-----A-A-----T-----A-T-GGC-----A-ACA-G...-G-----GGT-CATACAT	6734
D_CONSENSUS	A-----C-----C-----A-T-GG-----A-----T?-G-GCATGG...AA?-A-G-??	7458
D_UG.94UG114	A-----C-----C-----A-T-AG-----A-----A-G-A-----A-G--	6747
D_CD.NDK	A-----TGC-----C-C-----A-T-AG-----A-----CAG-----A-G-AC	6948
D_CD.ELI	A-----C-----C-----A-T-GG-----A-----T-G-GCATGG...AAT-A-T-AC	6974
D_CD.Z2Z6	A-----C-----A-T-GG-----A-----G-T-G-----AAATCAGAATG	7425
D_CD.84ZR085	A-----C--A--T-GG-----G-A-----TAT-A-G	6956

B_FR.HXB2	GCACAGTTTTAATTGTGGAGGGGAATTTTCTACTGTAATTCACACAACACTGTTTAATAGTACTTGGTTT.....AATAGTACTTGG.....AGTACTGA	7432
F_CONSENSUS	---T-----A--A-----C--A--T--GG-----CACACAAGAGTAAATGAC--A-?	6743
F1_BE.VI850	---T-----A--A-----CG--A--T--GG-----CACACAAGAGTAAATGAC--A-?	6727
F1_BR.93BR020	---T-A-----ATG--A-----A--GATG-----GAC--AA-	6742
F2_CM.MP255C	---T-----A--A-----AC--CA--T--GG-----GAA--A--	6597
F2_CM.MP257C	A--T-----A--A-----C--CA--TATT-----CACACAAGAGTAAATGAC-T-CT	6627
F1_FI.FIN9363	---T-----A--A-----C--A--T--T-----A--A--T	6740
F1_FR.MP411	---T-----A--A--G--C-----CG--A--T--GG--T-----	6600
G_CONSENSUS	A--T---C---A--A--?---T---A--T--GG---TCA-GC-----AAT-A?-T?A?	7376
G_BE.DRCBL	A--T---C---A--A--?---T---A--T--GG---A-----AAT---TATT	7371
G_FI.HH87932	A--T-----A--G--A-----T---A--T--GG-----AATGAG--CAT	6814
G_NG.92NG083	A--T---C---A--A--G---T---C---A--T--GG-----AAT-A--T-AG	6767
G_SE.SE6165	A--T---C--T---A--A--G---T---A--T--GGC-----TCA-GC-----CTGTTGAG	6844
H_CONSENSUS	A--T-----A--A-----T--C--A--T--GGG-----G--ACC-----G?AC-ATACCAATGAC-C--A--A-	6817
H_BE.VI991	A--T-----A--A--G---T--C--A--A--T-----C--ACC-----C-GC-ATACCAATGAC-CCTA-A-	6837
H_BE.VI997	A--T-----C--A--A---T--C--A--T--GGG-----G--ACC-----C-G-GGAC-----A--T--A-	6752
H_CF.90CF056	A--T-----A--A---T--C--A--T--GGG-----G-----G-A-TGCA-----C--A--T-	6751
J_SE.SE91733	A--T-----A--A---T---A--T--AC---C---G-----G--GAG-A-----AC-T-A-	6737
J_SE.SE92809	A--T-----A--A---A--T---A--T--A---C---G-----G--AG-A-----C--T--	6730
K_CM.MP535C	---TG-----C--A-----C--A--A-----	6605
K_CD.EQTB11C	---T---C---A--A---C---G--A--T--G-CAC-G--G-----	6613
CRF01_AE_CONSENSUS	---TCA-----A-----T--C--A--??-----A-----CA-A-----TAG-A--CAT-CAGGAG...G-A-A-?	7480
CRF01_AE_CF.90CF402	---TCA-----A-----T--C--A--GC-----A-A-----G-A--CAT-CAGGAG...G-A-A-?	7493
CRF01_AE_TH.93TH253	---TCA-----T--A-----T--C--A--G-----A-----C-----TA-----G-A-A-A-	7416
CRF01_AE_TH.CM240	---TCA-----A-----T--C--A--A-----A-----C-----CTA-----G-A-A--	6991
CRF02_AG_CONSENSUS	A--T-----A-----T--C--A--T--GG-----C--GA-----C-A-?-----AACAGC-??-A-?C	6976
CRF02_AG_DJ.DJ263	A--T-----A-----T--C--A--T--GG-----C-----C-----GATAACAGCTCA-A-C-	6810
CRF02_AG_DJ.DJ264	A--T-----A-----T--C--A--T--GG-----C-----G-----ACA-CTTA-----A-CACAC	6772
CRF02_AG_NG.IBNG	A--T-----A-----T--C--A--T--A-----C-----GA-----C-A-----C--C-	6947
CRF03_AB_RU.KAL153	-----A-----A-----C-----G-----	7155
CRF04_cpx_CONSENSUS	A--T--C-----C--A--T--G?-----A-ACA-G...?TT-----AAAT-----A?-AA-	7490
CRF04_cpx_CY.94CY032	A--T--C-----AA--A-----T--C--A-----C-----ACACA-G...CAA--G--A-----AC-T-AC	6814
CRF04_cpx_GR.97PVMY	A--T---CGGCT---C--A--T--G-C-----G--A-ACA-G...GTT---AA-AC-----GAA--AA-	7480
CRF04_cpx_GR.97PVCH	A--T--C-----C--A--T--GG-----A-ACA-G...TTT-----AAAT-----G--AA-	7525
AC_IN.21301	A--T-----A--A-----T---A--T--GGC-----G-C-----G-C-----C--TGC-	6759
AC_RW.92RW009	A--T-----A--A-----T---A--T--GGCT-----C--C--AG-----A--A-----AATG-C--CTG	6770
AC_SE.ETSE9488	A--T-----A-----G-----T---G--A--T--GGG-----C--C-----CCGTT-A-	6646
AC_ZM.ZAM184	A--T-----A-----A-----T--C--A--T--A-C-----A-AC-----CC-----AAT---A--	6760
ACD_SE.SE8603	A--T-----A-----T---A--T--GGC-----C-----G-A-----A-GGCAG	6754
AD_SE.KESE7108	A--T-----A-----T---A--T--GGC-----C-----AA...AAC-C-GAC-GCAT-CAGGAGTCACA-GCAC	6664
ADH_NO.NOIIL3	A--T-----C--A-----T--C--A--T-----T-----AA-----AA-----CA--CAG	7411
ADU_CD.MAL	A-----A-----A-----T--A-----A-CAG-----A-----G--G-AAG	7006
AG_NG.92NG003	A--T-----A--A-----T---A--T--GG-T-----A-----GAAT-A-G	6740
AGU_CD.Z321B	A--T-----A-----T--C--A--T--GGC-----C-----A-----A--GCAC	6632
AGJ_AU.BFP90	A--T-----A--A--C-----T---A--T--A-C-----CAT-AGACC-G...TTT-----AC--CTC	7489
AGJ_ML.95ML84	A--T-----A--A-----T---A--T-----G--AT	6645
AJU_BW.98-2117	A--T--C-----A--A--C-----T---A--T--GG-T-----ATCATTA-T-AATGAGACT--A--	6810
BF_BR.93BR029	---T-----A--A-----C--A--T--GG-----A--T--GG-----AATGAC--A-T	6769
MO_CM.97CAMP645MO	C-TACA-----CAT--A--G--C-----T---CA--T-TGGGA-----TA--C-TT-CA...TGT--AG-A...ACTAACTGT-CCCA-T	6898
O_CM.ANT70	TTTACAC---C--CAT--A--C--T--T---CA--G-TA-GA-----TA--C-TT-CA...TGT--CG-A...CC--CTG	7471
O_CM.MVP5180	TTTACA---C--CAT--A--C--T--T---CA--T-TGGGA-----CTA-----TTA-C...CT---AAA-TCCGGATGCCAGGAGAT	7491
N_CM.YBF30	CTTA-TG-C---A--A--G-----T---CA--TT-CA--T-A-----GAGGAA-TAC...AACG-G-CA...AACG-G-CA...	7002
SIVCPZUS	TATG-TGC-----A-----T--T---A--TT-CC-A-----C-TG--C-ACAAC...AAT-CCGAC-ACACC...	7456
SIVCPZGAB	T--T-TG-----A-----T---A--T-GC---A-A--C-----G-C-----AC-T-AC	7472
SIVCPZANT	---TT-G-----CCA--A---C--T--T---G--AT---CTTG---C--GCC--A-AC...CGG-A-AC...	6826
Env gp120	__H_S_F_N_C_G_G_E_F_F_Y_C_N_S_T_Q_L_F_N_S_T_W_F..._N_S_T_W..._S_T_E	Env



B_FR.HXB2	ATCAAATATTACAGGGCTGCTATTAACAAGAGATGGTGGTAATAGC...AAC.....AATGAGTCCGAGATCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAGTGAATTATATAA	7678
A_CONSENSUS	-----C-----A-A?-----G-?-AT-----AGT.....AAT-G-A-AAAT--A-C-----	7253
A_KE.Q2317	-----C-----A-A-----G-----A--GGAT.....TAAAT--A-C-----	7115
A_SE.UGSE8891	-----C-----A-AA-----G-----GAT.....AAGT--A-----G-----C-----	6843
A_SE.TZSE8538	-----C-----AA-----G-G-AT.....AGT.....ACAAAT--A-C-----	6895
A_SE.UGSE6594	-----C-C-----A-AA-----A...GAT...GC-GGG.....AAAT--A-C-----G-----	6848
A_SE.UGSE7535	-----C-----A-AT-----A-----T-----AGT.....G-ACAAAT--A-C-----A-T-----	6919
A_SE.SOSE7253	-----C-----A-G-----GGT-GTT.....G-ACAAAT--A-C-----A-----A-----	6873
A_SE.SE8131	-----C-----A-A-----G-----GGTA-CT.....AAT-CAA-TAAT--A-C-----C-----	7056
A_UG.U455	-----C-----A-A-----G-----C-A-----T-----CAA-AAAT--C-----A-----	7108
A_UG.92UG037	-----C-----A-AA-----GGT-AT...-G-----G-CAGT--A-C-----T-----	7039
B_CONSENSUS	-----A?GAG--AACAA??ACCAAG-----A-----	7880
B_AU.MBC200	-----G-----GG-T...-T-----G-CAC-GT--C-----	7700
B_AU.MBC925	-----C-----C-----CCC-GA...-T-----A-CA-T-----	7697
B_CN.RL42	-----T-----A-----AT...G-A-----AGC-GCCCA--C-----	7028
B_DE.HAN2	-----A-----GAT.....AGT-G-ACCA-----G--A-----A-----	7137
B_DE.D31	-----A-----A-AT...-G-----GAC-C--A-----C-----G--A-----	7202
B_ES.89SP061	-----A-----T-A...-C-G-----ACC-CACCA-----T-----G-----A-----	7253
B_GA.OYI	-----G-----G-A...-C-----ACG-C-G-AT--A-----C-----C-----	7214
B_GB.MANC	-----AT-----CT...-TACTACT...GGG-CACCA--C-----A-----	7635
B_GB.CAM1	-----GAG...-G-A-----A-----A-----	7676
B_NL.ACH320A	-----GGA-GAG-----AAG-C--G-A-T-----A-T-----	7682
B_TW.LM49	-----A-G-----G-----CA-AT...-G-----G-----GT--G-----A-----T-----A-----	7649
B_US.SF2CG	-----CA-AT...GTA.....ACT--CA--G-----	7680
B_US.DH123	-----C-----G-A-----GCAGCA--A-----	7647
B_US.NY5CG	-----G-AA...-G-G-----AAC-G-ACCA-----	7612
B_US.AD8	-----A-----A-----A-----C-----AAT--TA-----C--T-----	7665
B_US.WCIPR18	-----C-----GAT...-C-TAACAGAACCGAG--C-G-AA-----C-----A-----	7244
B_US.YU2	-----GGA...-CG-----C-G-A-T-----C-----	7639
B_US.JRCSF	-----A-AT...-G-G-----G-----AT-----C-----	7665
B_US.MN	-----A-----GGA...-CGGAC...ACG-C--CA-----	7698
B_US.BCSG3	-----G-T-----ACC--ACCA-----C-----	7210
B_US.896	-----C-----A-----A-----T-----CT.....GAG-C--A-T-----	7667
B_US.WEAU160	-----T-A-----G-----T...-G-A-----GAG-CC--A-----A-----A-----T-----	7682
B_US.RF	-----A-----G--G-AGAT...-CA.....ACT--ACTA-A-----T-----A-----	7220
B_US.WR27	-----G-----G-----G-GACCA-----R-----C-----	7053
C_CONSENSUS	-----C-----A-A-----GG-C-T-----A-A-AGAGGAA--TAA?ACAGAGACA--?-A-A-----A-----	7285
C_BR.92BR025	-----C-----AT-A-----C-G-----C-G-----A-----CAG-T...-TG.....C-----CA-A-----A-----G-----A-----	7015
C_BW.96BW0402	-----C-----A-A-----G-C-T-----A-A-C-CT...-GG.....AAT-----A-A-A-----G-----A-----	7157
C_BW.96BW1104	-----C-----A-A-----G-C-T-----A...-G-AG-----C-----A-----CA-----C-----	7005
C_BW.96BW15C02	C-G-G-C-----A-A-C-----GG-C-T-----A-CTTAGAT...-TATCACC.....A-A-----A-----ACA-----A-----A-----	7135
C_BW.96BW0502	-----G-----C-----AT-A-----G-C-T-----A-A-A-CA...GGT.....CCA-----CA-A-----A-----G-----C-----A-----	7161
C_BW.96BW16B01	-----C-----A-A-----GGT-C-T-----A-G-AGTAGAG--TAACACA.....G-A-A-----A-----A-----T-----C-----	7161
C_BW.96BW1210	-----C-----A-A-----GGT-C-T-----A-C...-ACATCT...G-AA-CATA--CA-----G-----A-----A-----	7035
C_BW.96BW17B03	-----C-----A-A-----C-G-----C-T-----A-A-GTA...-CT.....GGC--ACAA-A-----CA-----A-----	7032
C_BW.96BW01B03	-----T-A-----G-----C-T-----A-GCTA...-TAGGAGC...ACAG-G--C-A-----A-----	7124
C_ET.ETH2220	-----C-----A-A-----C-G-----C-T-----A-CC-AGAG...CCA.....CAT-GCACAAAA--A-----A-----	7057
C_IN.301999	-----C-----A-A-----GGTGC-T-----A-A-GAG-T...-TGATACA...GAG--A-TA-A-----A-----	7083
C_IN.21068	-----C-----A-A-----GGT-C-T-----A-AG-AGA-AAA--TAATACAGAGACA--A-A-G-----CA-----	7049
C_IN.301905	-----C-----A-A-----GGT-C-T-----A-A-CAGAG...GCA.....AC-A-A-----CA-----	6968
C_IN.301904	-----C-----A-A-----GGT-C-T-----A-AGCAGAGGCA--G.....ACA--A-TA-A-----CA-----	7010
C_IN.11246	-----C-----AA-A-----GGA-C-T-----A-GTCAG-G...TCA.....GCA-A-----CA-----	6980
D_CONSENSUS	-----A-----G-----GCA-AT...-T-----AGT-G-?CTAAT--C-----	7697
D_UG.94UG114	-----A-AT-G-----GCA-TT...-T-----AGT-GCC--AAT--C-----AA-----C-----	6996
D_CD.NDK	-----A-----G-----GCA-AT...-T-----G-TCTCAT--C-A-----	7182
D_CD.ELI	-----A-----G-----TA-AT...-T-----G-ACTAA--C--T-----	7214
D_CD.Z2Z6	-----AT-----G-----CA-AT...-T-----G-TCTAA--C-----	7671
D_CD.84ZR085	-----A-----G-----GC-AT...-T-----C-C-AAT--C-C--T-----A-----C-----	7199

B_FR.HXB2	ATCAAATATTACAGGCGTCTATTACAAGAGATGGTGGTAATAGC...AAC.....AATGAGTCCGAGATCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAGTGAATTATATAA	7678
F_CONSENSUS	C-----T-A-----G-----C-G??T...-T.....?ATA?T-G-?-A-T-----C-----G-----?-----AA-----C-----	6984
F1_BE.VI850	C-----TT-A-----G-----GAG.....-G-A-CATT-----C-----AG-----A-----AA-----C-----	6955
F1_BR.93BR020	C-----T-----G-----CTG-AT.....-G-ACTAAT-----C-----G-----A-----AA-----C-----	6982
F2_CM.MP255C	C-----C-----T-A-----G-----A-----GGAT...-TT.....-G-C-G-AAA-----TC-----AT-----A-----C-----	6837
F2_CM.MP257C	C-----C-----T-A-----G-----T-----GG-GG-A...-T.....-C-----G-----G-----A-----C-----	6870
F1_FI.FIN9363	C-----T-----G-----C-G-T...-T.....AATAAT-G--T--T-----C-----G-----G-----AA-----C-----	6974
F1_FR.MP411	C-----C-----C-A-----G-----C-G-T...-T.....GATACT--AG-A-T-----CT-----AG-----A-C-----AA-----C-----	6845
G_CONSENSUS	C-----C-----A-AA-----G-----G--A?..-?AATACAAATGCA-G??-AGT-----?-----?-----AAA-----	7624
G_BE.DRCBL	-----C-----A-AA-----G-----GG-A...-T.....GCACTAGT-----C-----A-----A-----A-----	7617
G_FI.HH87932	-----C-----A-A-----G-----A--GCT...-AAT.....GCA-G--A-T-----C-----C-----A-----A-----	7048
G_NG.92NG083	-----C-----AT-AA-----G-----A...-T.....GAC-G-ACAGAG-----C-----C-----A-----A-----	7004
G_SE.SE6165	C---GC-----A-AA-----G-----G--AT...-AATACAAATACA-G--AGT-----C-----C-----A-----A-----	7096
H_CONSENSUS	-----GC-----A-AA-----G-----TTT-C-AG-?-?G??..-T.....CA-TAAT-TT-C-----C-----A-----A-----	7051
H_BE.VI991	-----A-AA-----G-----TTT-CC-G.....-AT...-T.....CAA-TAAT-TT-C-----C-----A-----A-----	7077
H_BE.VI997	-----AT-AA-CC-G--TTAT-C-AA-A--GG-A...-T.....TAAT-TT-C-----C-----A-----A-----	6992
H_CF.90CF056	-----A-AA-----G-----TT-C-AG--CGCG...TCT.....GCA-AAATT-T-C-----C-----A-----A-----	6997
J_SE.SE91733	-----AT-AT-----G--C-T--A-A-C-G...-TGGCAGT...GAG--GCA-T-----C-----AC-----A-----AA-T-----	6992
J_SE.SE92809	-----AT-A-----G--C-T--A-A-C--GGGG--TGGCAGT...GAG--GCA-T-----C-----AC-----A-----A-----	6985
K_CM.MP535C	C-----AA-A-----G-----AT...-CT.....C-TAAT-----C-----C-----C-----G-----	6838
K_CD.EQTB11C	-----AA-A-----G-----GA...-T.....AATACT-GGACTGAG-----C-----C-----A-----C-----	6861
CRF01_AE_CONSENSUS	-----AA-A-----G-----GT-AT...-T??TCAG...AC?--?A-TAA?-----C-----A-C-A-A-----	7724
CRF01_AE_CF.90CF402	-----AA-A-----G-----G--T-AT...C-AAATCAG...ACT-CA-AAAT-----C-----C-----A-----A-----	7741
CRF01_AE_TH.93TH253	-----AA-A-----G-----GG-G-T...-TGGT...ACG-A-TGAG-----C-----GA-C-A-----A-----	7662
CRF01_AE_TH.CM240	-----AA-A-----G-----GT-AT...-T.....CG-TAA-----C-----A-C-A-A-----	7231
CRF02_AG_CONSENSUS	-----C-----A-A-----G-----A-G-G-AT...-T.....G-ACAAAT-----C-----G-----	7211
CRF02_AG_DJ.DJ263	-----C-----A-A-----C-----A-G-G-AT...-T.....G-ACAAAT-----C-----G-----C-----	7053
CRF02_AG_DJ.DJ264	-----C-----A-A-----G-----A-G-G-AT...-T.....G-ACAAAT-----CT--G-----	7012
CRF02_AG_NG.IBNG	T-----C-----A-A-----G-----A-G-AT...-T.....G-ACAAAT-A-C-G-----	7184
CRF03_AB_RU.KAL153	-----A-----A-----G-----CCAG...-G.....TTA-----T-T-A-----	7398
CRF04_cpx_CONSENSUS	C---G-----AA-AA-----G-----?-AT...-TAATAATGAG??T-?-??AAT-----C-----C-----	7738
CRF04_cpx_CY.94CY032	C---G-----AA-AA-----G-----C-AT...-T.....A-T-----C-----C-----	7048
CRF04_cpx_GR.97PVMY	TCA-GT-----AA-AA-----G-----A-----GT.....GAT-C--GCAAT-----C-----C-----	7726
CRF04_cpx_GR.97PVCH	C---G-----AA-AA-----G-----TA-T...-TAATAATGAGACT--TAAT-----C-C-----C-----T-C-----	7777
AC_IN.21301	-----C-----A-AA-----G-----AAA-G--T...-AGTACA.....GAT-A-----	7005
AC_RW.92RW009	-----C-----A-A-----G-----A--AT...-T.....C-ACAA-T-A-C-----T-----C-----	7010
AC_SE.ETSE9488	-----C-----A-A-----G-----G--AT...-TT...ACA.....AAT-A-C-----CA-----	6889
AC_ZM.ZAM184	-----C-----AA-AA-----GT-----G--C-T...GGGAACAGT...ACC--G-A-T-----C-----	7003
ACD_SE.SE8603	-----C-----AT-AA-----G-----G--AT...-C.....G-ACAAAT-A-C-A-----C-----	7000
AD_SE.KESE7108	-----C-----A-A-----G-----GGG-AT...-AGC.....ATAAAT-CA-C-----C-----	6895
ADH_NO.NOGLI3	-----A-AA-----G--T--CA-K-----C-TG...TCTGCA--AA-TTT-----C-----A-----	7654
ADU_CD.MAL	-----A-----A-----T-----GTGAC...AAT-G--CAAT-----C-----A-----T-----	7258
AG_NG.92NG003	C-----AT-----G-----GGT-AT...-T.....C-GAAAT-----C-----	6971
AGU_CD.Z321B	C-----AA-AA-----G-----TGGG--AT...-T.....CA-CAAAT-----C-----	6878
AGJ_AU.BFP90	-----C-----AA-AA-----G-----G...-AT...G-G.....TCAGT-A-C-----C-G-----	7726
AGJ_ML.95ML84	-----C-----A-A-----G-----G...-CT...-T.....C-ACCAGT-----A-----A-----G-----	6882
AJU_BW.98-2117	-----AT-----G--C-T-----G--AT-CA...-TAATACT...GAA-A-----T-----C-----AC-----A-----A-----	7056
BF_BR.93BR029	C-----T-A-----G-----C-G-AT...-T.....C-GAC-GAG-----C-----G-----A-----AA-----C-----	6997
MO_CM.97CAMP645MO	C-----C-A-T-AA-A-TC-CA-TTG--AAGCCATGG-A...-GA...AGTGGGCAC-CA-TGA-ACC-CA-T-----AAT-----A-----AA-T-TA-----C-----G-TC-----	7153
O_CM.ANT70	G-----C-A-T-AA-A-CC-CA-TG--AACACATGG-A...-G.....AGC-CA-CAAT-TA-CA-T-----AAT--G-----C-----AA-T-TA-----C-----G-TC-----	7720
O_CM.MVP5180	T-C-C-A-T-AA-A-TC-CAGTT--CAACCATGG-AT...TC.....CA-GTGAAA-T-CAC-T-----A-T--G-----AA-T-TA-----C-----A--G--C-----	7734
N_CM.YBF30	C-----T-A-----G-TC-GA-TATAG--GCC-GA...-T.....CCA-GAAACA-AG-ATAT--CTC-----A-C-----GTTA-TCTC-----CAA-G-G-----	7223
SIVCPZUS	C-----A-G-AA-A-TC-TGAC-T-AGCATAA-CGCAGT...-TAAAC...GAT-G-AG-AATATA-CAG-G-TG--AC-----C-----CTTTA--A-A-----C-----	7680
SIVCPZGAB	T-T-C-----T-A-T-C-----TTC--CAC-CC-GTG-CT...-TAAAC...AAC-G-GTAA-CT-CA-T-----AC-----A-C-----AA-T-T-----GC-----	7700
SIVCPZANT	T-C-GC--A--T--AA-TA-G--G.....-A--CAA-TATAT...-TAA-T-TT-AAG-GTC---CT-C-A---GC---C-A---GCG--G--G-CC-G	7047
Env gp120	_S_N_I_T_G_L_L_L_T_R_D_G_G_N_S...N.....N_E_S_E_I_F_R_P_G_G_G_D_M_R_D_N_W_R_S_E_L_Y_K	Env



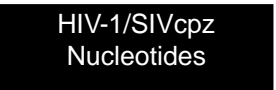
	Rev Responsive Element (RRE) Stem I	Env gp120 end \ / Env gp41 start	
B_FR.HXB2	ATATAAAGTAGTAAAAATTGAACCATTAGGAGTAGCACCCACC...AAGGCCAAAGAGA.....AGAGTGGTGCAGAGAGAAAAAAGAGCAGTG...GGA...ATAGGAGCTTTG...TTCCTTGG		7786
A_CONSENSUS	G-----C-----	G-----T-----C-----G-C-----A-----	7361
A_KE.Q2317	G-----G-----C-----T-----G-----	G-----T-----G-C-----G-C-----A-----	7223
A_SE.UGSE8891	G-G-----C-----A-----	G-----A-T-----G-C-----A-----	6951
A_SE.TZSE8538	-----CC-----	-----G-----G-T-----A-----	7003
A_SE.UGSE6594	G-----C-----C-----G-----	G-----T-----C-----G-C-----A-----	6956
A_SE.UGSE7535	-----C-----	-----T-----G-C-----A-----	7027
A_SE.SOSE7253	G-----C-----G-----G-----	G-----T-----C-G-----A-----A-----	6981
A_SE.SE8131	G-----C-----C-----C-----	G-----T-----C-G-C-----G-A-----T-----	7164
A_UG.U455	G-----C-----G-----G-----	G-----T-----C-----A-C-----	7216
A_UG.92UG037	G-G-----C-----G-----	G-----T-----AC-----C-G-----G-A-----A-----	7147
B_CONSENSUS	-----	-----ATG-----A-----TTG-----	7994
B_AU.MBC200	-----T-----T-----	-----G-----TTG-----	7811
B_AU.MBC925	-----A-----T-----	-----C-----	7805
B_CN.RL42	-----G-----	-----ACG-----A-----	7139
B_DE.HAN2	-----	-----G-----ATGC-----A-----	7248
B_DE.D31	-----	-----CTGC-G-----G-----	7313
B_ES.89SP061	-----	-----A-----ATA-----A-----C-----	7364
B_GA.OYI	-----G-----A-----	-----G-----ATGC-----A-----	7325
B_GB.MANC	-----G-----A-----	-----ATGC-----A-----	7746
B_GB.CAM1	-----	-----GCG-----C-----	7787
B_NL.ACH320A	-----G-----	-----G-----	7790
B_TW.LM49	-----G-----C-----G-----G-----	-----	7757
B_US.SF2CG	-----A-----A-----	-----ATAG-----A-----	7791
B_US.DH123	-----G-G-----A-----	-----G-----	7755
B_US.NY5CG	-----G-----	-----GCGC-----C-----	7723
B_US.AD8	-----	-----ACA-----A-----	7776
B_US.WCIPR18	-----A-----	-----ACGT-----G-----	7355
B_US.YU2	-----	-----C-----	7747
B_US.JRCSF	-----	-----A-----	7773
B_US.MN	-----C-----	-----C-----	7803
B_US.BCSG3	-----C-----	-----A-----C-----	7318
B_US.896	-----G-----A-----	-----G-----ACA-----A-----	7775
B_US.WEAU160	-----	-----ATGC-----A-----	7793
B_US.RF	-----G-----G-----G-----G-----T-----G-----	-----ACA-----A-----	7331
B_US.WR27	-----D-----M-----K-----W-----S-----	-----GTA-----T-A-----	7164
C_CONSENSUS	G-G-A-G-G-T-A-G	G-G-T-GT-G	7396
C_BR.92BR025	G-G-A-A-T-G-A-G	G-G-G-G	7123
C_BW.96BW0402	G-G-A-A-T-G-GA-G	G-G-G-G	7265
C_BW.96BW1104	G-G-A-G-C-T-A-G	G-G-G-G	7113
C_BW.96BW15C02	G-G-A-G-G-G-T-G-A-G	G-G-G-G-C	7243
C_BW.96BW0502	G-G-A-G-G-T-G-A-G	G-G-G-G	7269
C_BW.96BW16B01	G-G-A-G-G-T-A-G	G-G-G-G	7269
C_BW.96BW1210	G-G-A-G-G-A-T-GA-A-G	G-G-G-G	7143
C_BW.96BW17B03	G-G-A-G-C-T-GC-A-G	G-G-G-G	7140
C_BW.96BW01B03	G-GG-A-G-T-GG-A-G	G-G-G-G	7232
C_ET.ETH2220	G-G-A-G-C-T-C-A-G	G-G-G-G-C-C	7162
C_IN.301999	G-G-A-G-G-T-A-A-G	G-G-G-G-AGTG	7194
C_IN.21068	C-G-G-G-A-G-T-T-CA-A-G	G-G-G-G	7157
C_IN.301905	G-G-A-G-G-T-A-G-A-G	G-G-G-G	7076
C_IN.301904	G-G-A-G-T-T-CA-A-G	G-G-G-G	7118
C_IN.11246	G-G-C-G-G-T-G-A-A-G	G-G-G-G	7088
D_CONSENSUS	-----C-----	-----G-A-----G-----A-A-----C-----A-----	7804
D_UG.94UG114	-----C-----A-----TC-----G-----GC-----G-----AG-A-----A-A-----C-G-----C-----	-----G-A-----A-A-----C-----G-----	7104
D_CD.NDK	-----A-----	-----G-A-----A-A-----C-----G-----	7290
D_CD.ELI	G-----C-----C-----	G-----G-----A-A-----T-----A-----	7322
D_CD.Z226	G-----G-----C-----T-----G-----	G-----G-----A-A-----C-----A-----	7779
D_CD.84ZR085	-----C-----	-----G-A-----A-A-----C-----A-----	7307

Rev Responsive Element, RRE, continues [The symbol ! Indicates A, C, and G protected by Rev binding in an RNA footprinting assay (Charpentier(1997))

	Stem I	Stem IIA!!	Stem IIIB	Stem IIB'!!!	Stem IIC	Stem IIC'	Stem IIA'	Stem III-IV	Stem III-	
B_FR.HXB2	G...TTCTTGGGAGCAGCAGGAAGCACTATGGGCGCAGCCTCAATGACGCTGACGGTACAGGCCAGACAATTATTGCTGGTATAGTGCAGCAGCAGACAATTGCTGAGGGCTATTGAGGCGCAACAGCA									7915
A_CONSENSUS	-----A-----		G-G-A			C	A-A-G		A-T	7490
A_KE.Q2317	-----A-----		A-G-A			C	A-A		A-T	7352
A_SE.UGSE8891	-----A-----		G-A		G	C	A-A-G	T	A-T	7080
A_SE.TZSE8538	-----A-----		G-G-A			Y	A-A-G		A-T	7132
A_SE.UGSE6594	-----A-----		G-G-A			C	GA-A-GT	A	A-T	7085
A_SE.UGSE7535	-----A-----		G-G-A			C	A-A-G		A-TT	7156
A_SE.SOSE7253	-----A-----		G-G-A		A	C	A-A-GT		A-T	7110
A_SE.SE8131	-----A-----		G-G-A				A-A		A-T	7293
A_UG.U455	-----A-----	T	G-G-A				A-G-C		A-T	7345
A_UG.92UG037	A-A-T	A	G-G-A		A	C	A-A-G		A-T	7276
B_CONSENSUS	-----G-----									8123
B_AU.MBC200	-----G-A-----							C		7940
B_AU.MBC925	-----G-A-----							C		7934
B_CN.RL42	-----G-A-----				G		GA			7268
B_DE.HAN2	-----CGG-C-----						A		A	7377
B_DE.D31	-----CGG-G-----				G					7442
B_ES.89SP061	-----G-----									7493
B_GA.OYI	-----CGG-G-----							C		7454
B_GB.MANC	-----CGG-A-----							C		7875
B_GB.CAM1	TGG-C			A				C		7916
B_NL.ACH320A	-----G-A-----									7919
B_TW.LM49	-----G-C-A-----							C	A	7886
B_US.SF2CG	TG-T									7920
B_US.DH123	-----G-A-----								A	7884
B_US.NY5CG	-----G-G-----			A	A				A	7852
B_US.AD8	-----G-A-----				T			C		7905
B_US.WCIPR18	-----G-A-----				T			C	A	7484
B_US.YU2	-----G-A-----							C		7876
B_US.JRCSF	-----CGG-A-----						A			7902
B_US.MN	-----G-G-----				T				C	7932
B_US.BCSG3	-----G-G-T-----									7447
B_US.896	-----CGG-G-----				G-T			C		7904
B_US.WEAU160	-----G-G-----				T			C		7922
B_US.RF	-----G-A-A-----				C					7460
B_US.WR27	-----G-A-A-----			A					A	7293
C_CONSENSUS	-----G-G-A-----				G		A	A-G	A	7525
C_BR.92BR025	-----C-A-----			T		G		A-G	A	7252
C_BW.96BW0402	-----G-G-A-----					C		A-G	A	7394
C_BW.96BW1104	-----G-G-A-----					C-G		A-G	A	7242
C_BW.96BW15C02	-----G-G-A-----			C		G	A	A-G	A	7372
C_BW.96BW0502	-----G-G-A-----	T			T	G		A	C	7398
C_BW.96BW16B01	-----G-G-A-----				G			A-G	AA	7398
C_BW.96BW1210	-----A-A-----							A-G	A	7272
C_BW.96BW17B03	A	A	A			A		G	C	7269
C_BW.96BW01B03	C	A	G	C				A-G	C	7361
C_ET.ETH2220	-----G-A-----					G		A-G	AA	7291
C_IN.301999	-----G-G-A-----					G		A-G	A	7323
C_IN.21068	-----G-G-A-----					G		A-G	A	7286
C_IN.301905	-----G-G-A-----			C		G		A-G	A	7205
C_IN.301904	-----G-G-A-----					G		A-G	A	7247
C_IN.11246	-----G-G-A-----					G		A-G	A	7217
D_CONSENSUS	-----G-G-?G-----				G			A	A	7932
D_UG.94UG114	-----A-G-----				TG	C		GG	A	7233
D_CD.NDK	-----G-G-----					G	A			7419
D_CD.ELI	-----G-CGG-G-----						A			7451
D_CD.Z226	-----G-CGG-T-----					G				7908
D_CD.84ZR085	-----G-G-----					G			A	7436

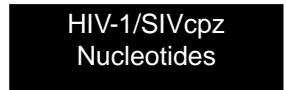
Rev Responsive Element, RRE, continues [The symbol ! Indicates A, C, and G protected by Rev binding in an RNA footprinting assay (Charpentier(1997))

	Stem I	Stem IIA!!	Stem IIIB	Stem IIB'!!!	Stem IIC	Stem IIC'	Stem IIA'	Stem III-IV	Stem III-	
B_FR.HXB2	G...	TTCTTGGGAGCAGCAGGAAGCACTATGGGGCAGCCTCAATGACGCTGACGGTACAGGCCAGACAATTATTGCTCTGGTATAGTGCAGCAGCAGACAATTTGCTGAGGGCTATTGAGGGCGCAACAGCA								7915
F_CONSENSUS	..T	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	7217
Fl_BE.VI850	..T	-----GA-----G-----	-----G-----G-----A-----	-----G-----G-----A-----	-----A-----A-----A-----	-----A-----A-----A-----	-----A-----A-----A-----	-----A-----A-----A-----	-----A-----A-----A-----	7192
Fl_BR.93BR020	..T	-----T-----	-----G-----A-----	-----G-----A-----	-----A-----A-----A-----	-----A-----A-----A-----	-----G-----C-----	-----A-----A-----	-----A-----A-----	7219
F2_CM.MP255C	..T	-----	-----G-----GG-----C-----	-----C-----	-----A-----C-----	-----A-----A-----A-----	-----A-----G-----C-----	-----A-----A-----	-----A-----A-----	7074
F2_CM.MP257C	..T	-----	-----C-----	-----G-----G-----A-----	-----A-----C-----	-----A-----A-----A-----	-----A-----G-----C-----	-----AA-----	-----A-----A-----	7107
Fl_FI.FIN9363	..T	-----A-----C-----	-----G-----G-----C-----A-----	-----A-----	-----A-----	-----A-----A-----A-----	-----A-----A-----	-----C-----CA-----	-----A-----A-----	7211
Fl_FR.MP411	A...	-----	-----AC-----A-----	-----G-----G-----A-----	-----C-----	-----A-----	-----A-----	-----C-----CA-----	-----A-----A-----	7082
G_CONSENSUS	..T	-----A-----	-----G-----G-----A-----	-----T-----	-----C-----	-----A-----A-----A-----	-----A-----G-----	-----A-----A-----	-----A-----G-----	7859
G_BE.DRCBL	..T	-----A-----A-----	-----G-----G-----A-----	-----T-----	-----C-----	-----A-----A-----A-----	-----A-----G-----	-----A-----A-----	-----A-----G-----	7854
G_FI.HH87932	..T	-----A-----	-----G-----G-----A-----	-----T-----	-----G-----	-----C-----	-----A-----A-----A-----	-----A-----A-----	-----A-----G-----	7285
G_NG.92NG083	..T	-----A-----	-----G-----G-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----C-----	-----A-----A-----A-----	-----A-----A-----	-----A-----G-----	7241
G_SE.SE6165	..T	-----A-----	-----G-----G-----A-----	-----T-----	-----C-----	-----A-----	-----AGG-----C-----	-----A-----A-----	-----A-----G-----	7333
H_CONSENSUS	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----G-----	-----	-----A-----	-----A-----G-----	-----A-----AC-----	-----A-----AC-----	7288
H_BE.VI991	..T	-----	-----G-----T-----A-----T-----	-----	-----	-----A-----	-----A-----G-----	-----A-----AC-----	-----A-----AC-----	7314
H_BE.VI997	..T	-----	-----G-----A-----	-----G-----	-----	-----A-----	-----A-----G-----	-----A-----AC-----	-----A-----AC-----	7229
H_CF.90CF056	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----G-----	-----	-----A-----	-----A-----G-----	-----A-----AC-----	-----A-----G-----	7234
J_SE.SE91733	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----T-----	-----G-----	-----C-----	-----A-----A-----G-----	-----A-----AN-----A-----	-----A-----A-----	7229
J_SE.SE92809	..T	-----	-----A-----T-----	-----G-----G-----A-----	-----T-----	-----G-----	-----C-----	-----A-----A-----G-----	-----A-----A-----	7222
K_CM.MP535C	A...	-----	-----G-----G-----A-----	-----	-----	-----A-----	-----A-----A-----G-----	-----A-----A-----	-----A-----A-----	7075
K_CD.EQTB11C	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----	-----	-----A-----	-----A-----A-----G-----	-----A-----A-----	-----A-----A-----	7098
CRF01_AE_CONSENSUS	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----	-----	-----A-----	-----A-----A-----G-----	-----A-----A-----	-----A-----G-----	7961
CRF01_AE_CF.90CF402	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----	-----	-----A-----	-----A-----A-----G-----	-----A-----A-----	-----A-----G-----	7978
CRF01_AE_TH.93TH253	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----	-----	-----A-----	-----A-----A-----G-----	-----A-----A-----	-----A-----G-----	7899
CRF01_AE_TH.CM240	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----	-----	-----A-----	-----A-----A-----G-----	-----A-----A-----	-----A-----G-----	7468
CRF02_AG_CONSENSUS	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----	-----	-----A-----	-----A-----G-----	-----A-----T-----	-----A-----A-----	7448
CRF02_AG_DJ.DJ263	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----T-----	-----	-----A-----	-----A-----G-----	-----A-----T-----	-----A-----A-----	7290
CRF02_AG_DJ.DJ264	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----	-----	-----A-----	-----A-----G-----	-----A-----T-----	-----A-----A-----	7249
CRF02_AG_NG.IBNG	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----GCGG-----	-----	-----C-----C-----	-----A-----G-----	-----AA-----	-----A-----T-----	7421
CRF03_AB_RU.KAL153	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----	-----	-----A-----	-----T-----C-----	-----AA-----	-----A-----A-----	7635
CRF04_cpx_CONSENSUS	-TTG	-----	-----G-----G-----A-----	-----	-----	-----C-----	-----A-----G-----	-----C-----	-----A-----T-----	7977
CRF04_cpx_CY.94CY032	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----	-----	-----C-----C-----	-----A-----G-----	-----C-----	-----A-----T-----	7285
CRF04_cpx_GR.97PVMY	CTTG	-----	-----G-----G-----A-----	-----	-----G-----G-----	-----T-----C-----	-----A-----G-----	-----C-----	-----A-----T-----	7966
CRF04_cpx_GR.97PVCH	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----C-----	-----	-----A-----	-----A-----G-----	-----C-----	-----A-----T-----	8014
AC_IN.21301	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----	-----	-----C-----	-----A-----A-----G-----	-----A-----A-----	-----A-----T-----	7242
AC_RW.92RW009	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----	-----	-----C-----	-----A-----A-----G-----	-----A-----A-----	-----A-----T-----	7247
AC_SE.ETSE9488	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----	-----	-----C-----	-----GA-----A-----G-----	-----A-----A-----	-----A-----T-----	7126
AC_ZM.ZAM184	..T	-----	-----G-----A-----	-----	-----C-----G-----	-----	-----A-----A-----G-----	-----C-----A-----	-----A-----T-----	7240
ACD_SE.SE8603	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----GCA-----	-----	-----G-----	-----C-----	-----A-----A-----	-----A-----T-----	7237
AD_SE.KESE7108	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----	-----	-----C-----	-----A-----A-----G-----	-----A-----A-----	-----A-----T-----	7132
ADH_NO.NOIIL3	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----	-----	-----C-----	-----A-----A-----G-----	-----AA-----	-----A-----AC-----	7891
ADU_CD.MAL	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----C-----	-----	-----G-----C-----	-----A-----A-----	-----A-----	-----A-----	7495
AG_NG.92NG003	..T	-----	-----G-----GG-----A-----	-----	-----T-----	-----C-----	-----A-----A-----G-----	-----A-----	-----A-----G-----A-----	7208
AGU_CD.Z321B	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----	-----T-----T-----	-----C-----	-----A-----A-----G-----	-----C-----	-----A-----T-----	7115
AGJ_AU.BFP90	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----	-----T-----	-----C-----	-----A-----A-----G-----	-----A-----	-----A-----G-----	7963
AGJ_ML.95ML84	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----	-----T-----	-----C-----	-----A-----A-----G-----	-----A-----	-----A-----G-----	7119
AJU_BW.98-2117	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----	-----	-----G-----	-----A-----A-----G-----	-----A-----	-----A-----T-----	7296
BF_BR.93BR029	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----	-----C-----	-----C-----	-----A-----A-----	-----T-----	-----A-----	7234
MO_CM.97CAMP645MO	..T	-----	-----GG-----CA-----G-----	-----	-----A-----CACACT-----GA-----AAG-----	-----	-----G-----CC-----	-----A-----A-----A-----	-----AC-----C-----G-----	7402
O_CM.ANT70	..T	-----	-----GG-----CA-----G-----	-----	-----A-----CACACT-----GC-----AAG-----	-----	-----G-----CC-----	-----A-----A-----A-----	-----AC-----C-----G-----	7969
O_CM.MVP5180	..T	-----	-----GG-----CAG-----	-----	-----G-----A-----CACAGTG-----C-----AAG-----	-----	-----G-----CC-----	-----A-----G-----AC-----	-----C-----G-----A-----	7986
N_CM.YBF30	..T	-----	-----G-----G-----A-----	-----	-----C-----GAC-----	-----A-----G-----	-----A-----	-----T-----T-----C-----T-----	-----A-----A-----A-----	7463
SIVCPZUS	..T	-----	-----A-----G-----AGT-----	-----	-----C-----	-----A-----G-----	-----A-----	-----T-----C-----	-----A-----A-----A-----	7920
SIVCPZGAB	..T	-----	-----GG-----G-----A-----	-----	-----C-----G-----GC-----	-----G-----	-----A-----	-----T-----C-----T-----	-----AA-----A-----A-----	7952
SIVCPZANT	T...	-----	-----G-----AG-----	-----	-----C-----A-----GA-----T-----GY-----CCA-----	-----	-----T-----A-----A-----	-----GC-----C-----	-----CAA-----C-----A-----A-----A-----G-----A-----	7293
Env gp41	..	-----	-----F-----L-----G-----A-----A-----G-----S-----T-----M-----G-----A-----A-----S-----M-----T-----L-----T-----V-----Q-----A-----R-----Q-----L-----L-----S-----G-----I-----V-----Q-----Q-----Q-----N-----N-----L-----L-----R-----A-----I-----E-----A-----Q-----Q-----H-----							Env



	Stem III-IV'	Stem V	Stem V'	Stem I'		
B_FR.HXB2	TCTGTTGCAACTCACAGTCTGGGGCATCAAGCAGCTCCAGGCAAGAATCCTGGCTGTGGAAAGATACCTAAAGGATCAACAGCTCCTGGGGATTGGGGTTGCTCTGGAAAACCTATTTCACCACCTGCTGT					8047
A_CONSENSUS	-----A-----G-----T--A-----G-----A--A-----C-----C-----AA--					7622
A_KE.Q2317	-----A-----G-----T--A-----G-----G-----A--A-----C-----C-----AA--					7484
A_SE.UGSE8891	-----A-----G-----T--A-----CA--G-----G-----A--A-----C-----C-----A--					7212
A_SE.TZSE8538	-----A-----G-----T--A-----G-----T-----G-----A--A-----C-----C-----AA--					7264
A_SE.UGSE6594	-----A-----G-----T--A-----T--A-----C-----A--A-----C-----C-----AA--					7217
A_SE.UGSE7535	-----A-----G-----T--A-----G-----A-----C-----A--A-----C-----C-----A--					7288
A_SE.SOSE7253	-----A-----T-----T--A-----G-----A-----C-----A--A-----C-----C-----AA--					7242
A_SE.SE8131	-A--AG--G-----T--A-----G--A-----T--A--A-----C-----GA--C-----AA--					7425
A_UG.U455	-----A-----T-----T--A-----G-----G-----C-----A--A-----C-----G--C-----A--					7477
A_UG.92UG037	-----A-----T-----T--A-----G-----G-----C-----A--A-----C-----C--C--AA--					7408
B_CONSENSUS	-----A-----G-----T--A-----G-----A-----C-----A--A-----C-----C-----					8255
B_AU.MBC200	-----C-----C-----G-----C-----G-----A-----C-----A-----CA--					8072
B_AU.MBC925	-----C-----C-----G-----A-----G-----A-----C-----A-----A--					8066
B_CN.RL42	-----C-----G--T-----A-----A-----C-----A-----A-----					7400
B_DE.HAN2	-----A-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----A-----A--					7509
B_DE.D31	-----G-----G-----A-----G-----T-----A-----C-----A-----A--					7574
B_ES.89SP061	-----C-----A-----G-----G-----G-----A-----T-----A-----A-----					7625
B_GA.OYI	C-----G-----G-----A-----C-----G-----G-----A-----C-----A-----					7586
B_GB.MANC	-----G-----A-----C-----A-----C-----A-----C-----C-----					8007
B_GB.CAM1	-----G-----G-----A-----A-----C-----A-----C-----C-----					8048
B_NL.ACH320A	-----G-----G-----C-----A-----C-----A-----AAC--					8051
B_TW.LM49	CA-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----AAC--					8018
B_US.SF2CG	-----G-----G-----A-----A-----C-----A-----A-----					8052
B_US.DH123	-A-----G-----C-----C-----A-----A-----C-----A-----					8016
B_US.NY5CG	-----G-----G-----AA-----A-----C-----A-----A-----					7984
B_US.AD8	-----G-----G-----A-----A-----C-----C-----A-----					8037
B_US.WCIPR18	-A-----G-----G-----A-----A-----C-----A-----A-----					7616
B_US.YU2	C-----G-----G-----A-----A-----C-----A-----A-----					8008
B_US.JRCSF	-A-----G-----G-----A-----A-----C-----A-----A-----					8034
B_US.MN	-A-----G-----G-----A-----T-----A-----A-----					8064
B_US.BCSG3	-----G-----G-----C-----G-----A-----A-----A-----					7579
B_US.896	-A-----G-----C-----G-----G-----A-----A-----T-----					8036
B_US.WEAU160	-----CG-----A-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----					8054
B_US.RF	-----G-----C-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----					7592
B_US.WR27	-A-----G-----C-----A-----G--T-----G-----A-----G-----A-----					7425
C_CONSENSUS	-----A-----G-----T-----A-----G-----A--A-----C-----C-----					7657
C_BR.92BR025	-----A-----G-----T-----T--A-----G-----A--A-----G-----C-----					7384
C_BW.96BW0402	-A-----G-----T--A-----A--G--T-----A--A-----C-----C-----AA--					7526
C_BW.96BW1104	-A-----G-----T-----A--G-----A--A-----C-----C-----C-----					7374
C_BW.96BW15C02	-A-----T-----T-----G--T-----A--A-----C-----G-----A-----					7504
C_BW.96BW0502	-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----C-----C-----					7530
C_BW.96BW16B01	-----G-----T--A-----A--G-----A--A-----C-----C--G--C--C-----					7530
C_BW.96BW1210	-A-----T-----T--A-----G--G-----C--A-----G--G-----A-----C-----AA--					7404
C_BW.96BW17B03	-A-----T-----T-----G-----C-----G-----A-----C-----C-----T-----					7401
C_BW.96BW01B03	CA-----G-----T-----A--G-----CA--A-----G-----A-----C-----AA--					7493
C_ET.ETH2220	-A-----G-----G-----T-----A--G-----A--A-----C-----G-----C-----					7423
C_IN.301999	-----G-----G-----T-----A--G-----A--A-----C-----C-----					7455
C_IN.21068	-----G-----G-----T-----A--G-----A--A-----C-----C-----					7418
C_IN.301905	-----G-----G-----T-----A--G-----A--A-----C-----C-----T-----					7337
C_IN.301904	-----G-----G-----T-----A--G-----A--A-----C-----C-----T-----					7379
C_IN.11246	-----G-----T-----A--A--G-----A--A-----C-----C-----T-----					7349
D_CONSENSUS	-----G-----T--A-----A-----A-----A-----A-----A-----AA--					8064
D_UG.94UG114	-----G-----T--A-----C-----A-----A-----A-----A-----AA--					7365
D_CD.NDK	-----G-----T--A-----G-----G-----A-----A-----A-----AA--					7551
D_CD.ELI	-----G-----T--A-----A-----A-----A-----A-----A-----AA--					7583
D_CD.Z226	-----G-----T--A-----A--G-----A-----A-----A-----A-----					8040
D_CD.84ZR085	-----G-----T--A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----					7568

	Stem III-IV'	Stem V	Stem V'	Stem I'																																									
B_FR.HXB2	TCTGTGCAACTC	CAGTCTGGGGCAT	CAAGCAGCTCCAGGCAAGAT	CCTGGCTGTGGAAAGATACCTAAAGGATCAACAGCTCCTGGGGATTGGGGTTGCTCTGGAAA	ACTCATTTCACC	ACTGCTGT	8047																																						
F_CONSENSUS	-----G-----	-----T-A-----	-----G-----	-----A-----	-----C-----	-----AA-----	7349																																						
F1_BE.VI850	-----G-----	-----T-A-----	-----G-----	-----A-----	-----C-----	-----AA-----	7324																																						
F1_BR.93BR020	-----G-----	-----T-A-----	-----G-----	-----A-----	-----C-----	-----AA-----	7351																																						
F2_CM.MP255C	-----G-----	-----T-A-----	-----T-----G-----	-----A-----	-----C-----	-----AA-----	7206																																						
F2_CM.MP257C	-----G-----	-----T-A-----	-----G-----	-----C-----	-----A-----	-----C-----	7239																																						
F1_FI.FIN9363	-A-----G-----	-----T-A-----	-----G-----	-----A-----	-----C-----	-----A-----	7343																																						
F1_FR.MP411	-----G-----	-----T-A-----	-----G-----	-----T-----A-----	-----A-----	-----C-----	7214																																						
G_CONSENSUS	-----G-----	-----T-A-----	-----G-----	-----C-----	-----A-----	-----C-----	7991																																						
G_BE.DRCBL	-----G-----	-----T-A-----	-----G-----	-----C-----	-----A-----	-----C-----	7986																																						
G_FI.HH87932	-----G-----	-----T-A-----	-----G-----	-----C-----	-----A-----	-----C-----	7417																																						
G_NG.92NG083	-----G-----	-----T-A-----	-----T-----G-----	-----A-----	-----G-----	-----C-----	7373																																						
G_SE.SE6165	-----G-----	-----T-A-----	-----C-----	-----A-----	-----A-----	-----C-----	7465																																						
H_CONSENSUS	-A-----G-----	-----G-----	-----T-----T-----A-----	-----G-----	-----A-----	-----C-----	7420																																						
H_BE.VI991	-A-----G-----	-----G-----	-----T-----T-----A-----	-----G-----	-----A-----	-----C-----	7446																																						
H_BE.VI997	CA-----G-----	-----G-----	-----TG-----T-----A-----	-----G-----	-----A-----	-----C-----	7361																																						
H_CF.90CF056	-A-----G-----	-----G-----	-----T-----T-----A-----	-----G-----	-----C-----	-----G-----	7366																																						
J_SE.SE91733	-----A-----	-----G-----	-----T-----	-----G-----	-----A-----	-----A-----	7361																																						
J_SE.SE92809	-----A-----	-----G-----	-----T-----	-----G-----	-----A-----	-----A-----	7354																																						
K_CM.MP535C	-----A-----	-----G-----	-----T-----	-----G-----	-----A-----	-----A-----	7207																																						
K_CD.EQTB11C	AA-----A-----	-----G-----	-----T-----	-----G-----	-----A-----	-----G-----	7230																																						
CRF01_AE_CONSENSUS	-----G-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	-----A-----	-----A-----	8093																																						
CRF01_AE_CF.90CF402	-----G-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	-----A-----	-----A-----	8110																																						
CRF01_AE_TH.93TH253	-----G-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	-----A-----	-----A-----	8031																																						
CRF01_AE_TH.CM240	-----G-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	-----A-----	-----A-----	7600																																						
CRF02_AG_CONSENSUS	-A-----G-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	-----C-----	-----G-----	7580																																						
CRF02_AG_DJ.DJ263	-A-----G-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	-----C-----	-----T-----	7422																																						
CRF02_AG_DJ.DJ264	-A-----G-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	-----C-----	-----G-----	7381																																						
CRF02_AG_NG.IBNG	-A-----G-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	-----C-----	-----GA-----	7553																																						
CRF03_AB_RU.KAL153	-----G-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	-----C-----	-----G-----	7767																																						
CRF04_cpx_CONSENSUS	-----AG-----	-----G-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	-----C-----	8109																																						
CRF04_cpx_CY.94CY032	-----AG-----	-----G-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	-----C-----	7417																																						
CRF04_cpx_GR.97PVMY	G-----AG-----	-----G-----	-----G-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	8098																																						
CRF04_cpx_GR.97PVCH	-----C-----	-----A-----	-----G-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	8146																																						
AC_IN.21301	-----A-----	-----G-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	-----C-----	7374																																						
AC_RW.92RW009	-A-----AA-----	-----G-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	-----C-----	7379																																						
AC_SE.ETSE9488	-T-----A-----	-----G-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	-----C-----	7258																																						
AC_ZM.ZAM184	-A-----A-----	-----G-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	-----C-----	7372																																						
ACD_SE.SE8603	-A-----A-----	-----G-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	-----C-----	7369																																						
AD_SE.KESE7108	-A-----A-----	-----G-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	-----C-----	7264																																						
ADH_NO.NOIIL3	-A-----A-----	-----G-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	-----C-----	8023																																						
ADU_CD.MAL	-----A-----	-----G-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	-----C-----	7627																																						
AG_NG.92NG003	-----A-----	-----G-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	-----C-----	7340																																						
AGU_CD.Z321B	-----A-----	-----G-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	-----C-----	7247																																						
AGJ_AU.BFP90	-----A-----	-----G-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	-----C-----	8095																																						
AGJ_ML.95ML84	-----A-----	-----G-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	-----C-----	7251																																						
AJU_BW.98-2117	C-----AG-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	-----A-----	-----C-----	7428																																						
BF_BR.93BR029	-----G-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	-----A-----	-----C-----	7366																																						
MO_CM.97CAMP645MO	AT-----C-----	-----AGG-----	-----AT-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	7534																																						
O_CM.ANT70	AT-----C-----	-----AGG-----	-----AT-----	-----TR-----	-----A-----	-----T-----	8101																																						
O_CM.MVP5180	CT-----C-----	-----AGGT-----	-----AT-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	8118																																						
N_CM.YBF30	-T-----T-----	-----A-----	-----T-----	-----A-----	-----G-----	-----T-----	7595																																						
SIVCPZUS	-T-----A-----	-----AT-----	-----T-----	-----T-----	-----A-----	-----C-----	8052																																						
SIVCPZGAB	C-----A-----	-----AT-----	-----A-----	-----AG-----	-----A-----	-----A-----	8084																																						
SIVCPZANT	-----C-----	-----A-----	-----G-----	-----T-----	-----G-----	-----AG-----	7425																																						
Env gp41	L	L	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	Env



	End RRE			
B_FR.HXB2	GCCTTGGAATGCTAGTTGGAGTAAT	AAATCTCTGGAACAGATTGGAATCACACGACCTGGATGGAGTGGGACAGAGAAATTAACAATTACACAAGCTTAATACA	8152
F_CONSENSUS	---C---CT	-----	---AT---TG-----?---A---T-----?-----A---A---G---G-----T---A?AC---T	7450
F1_BE.VI850	---C---CT	-----	---A---G-----A---T-----A---AG---G---G-----T---A---A---T	7429
F1_BR.93BR020	---C---CT	-----	---T---GG-----GGGA---T-----A---A---GG---G-----T---AAGA---T	7456
F2_CM.MP255C	A-GC---CT	-----	---TAT---TG---C---G---CA---T---T-----C-----A---A---G---G-----AAAC---T	7311
F2_CM.MP257C	---CT	-----	---AA---TG---A---GGAA---T---A-----A---A---AG---G---GG-----GA---AC---T	7344
F1_FI.FIN9363	---C---CT	-----	---A---TG-----A---T-----C-----A---A---G---G-----T---AAAC---T	7448
F1_FR.MP411	---C---CA	-----	---AT---TG-----CA---T-----C-----A---A---G---G-----T---A---AC---T	7319
G_CONSENSUS	---C---C?	-----	---TATA---TG-----G---A---T---T-----A---A---A---G-----G-----TA---CAC?---T	8092
G_BE.DRCBL	---C---CA	-----	---TATA---TG-----G---GA---T---T-----A---A---A---G---G-----G-----TA---CAC---T	8091
G_FI.HH87932	---C---C	-----	---A---TATA---TG---C---G---A---T-----AC---A-----G-----G-----CAACA---T	7522
G_NG.92NG083	---C---CA	-----	---TATA---TG-----G---A---T---T---C---A---A---A---G---C-----CAACAC---T	7478
G_SE.SE6165	---C---C-T	-----	---TATA---TG---A---G---A---T---T---A---A---A---G---C-----TA---CA---T	7570
H_CONSENSUS	---C---CT	-----	---?TG---A---G---CA---T---T-----A---A-----T---A---C-----GAGGA---T	7524
H_BE.VI991	---CT	-----	---TG---A---G---CA---T---T-----A---C-----GATGA---T	7551
H_BE.VI997	---CT---C	-----	---CTG---A---G---CA---T---T-----T---C---G-----GAGG---T	7466
H_CF.90CF056	---CT	-----	---A---A---AGTG---A---C---G---CA---T---T-----A---T---A---C---G-----GAGGA---T	7471
J_SE.SE91733	---C	-----	---TAT---GG---C---G---GA---T-----AC---A---A---G-----G---AA---T	7466
J_SE.SE92809	---C	-----	---TAT---GG---C---G---GA---T-----AC---A---A---G-----G---AA---T	7459
K_CM.MP535C	---C---CT---C	-----	---TG---G-----CA---T-----A---A---G---GG-----T---GA---AC---T	7312
K_CD.EQTB11C	---C---CT---C	-----	---A---AGTG-----G---GA---T-----C-----A---AG---G---GT---C---T---AC---T	7335
CRF01_AE_CONSENSUS	---C---CT---C---C	-----	---G---TAT---G-----CA---T---A---A---A---G-----G-----A---CA---T	8198
CRF01_AE_CF.90CF402	---CT---C	-----	---TAT---GCT-----CA---T---A---A---A---T-----G---A-----A---CA---T	8215
CRF01_AE_TH.93TH253	---C---A---CT---C---C---G	-----	---G---TAT---G-----G---CA---T---A---A---A---G-----G-----A---CA---T	8136
CRF01_AE_TH.CM240	---C---CT---C---C	-----	---G---T---T---G-----CA---T---A---A---A---G-----G-----A---CA---T	7705
CRF02_AG_CONSENSUS	A-C---CT	-----	---A---TATA---TG---C---A---G---A---T-----C---C---A---T---A---G-----G-----GA---A---T	7685
CRF02_AG_DJ.DJ263	A-C---CT	-----	---A---TATA---TG---C---A---G---A---T-----C---C---A---T---A---G-----G-----GA---A---T	7527
CRF02_AG_DJ.DJ264	A-C---C	-----	---A---TATA---TG---C---A---G---A---T-----C---C---A---T---A---G-----G-----GA---A---T	7486
CRF02_AG_NG.IBNG	A-C---CT---C	-----	---A---T---TA---TG---C---A---G---A---T-----AC---A---G---A---G-----G-----GA---A---T	7658
CRF03_AB_RU.KAL153	---A	-----	---C---A---TG-----A---A---T-----A-----T-----G---T---T	7872
CRF04_cpx_CONSENSUS	---CT	-----	---TATA---TG---T---A---G---CA---T---T-----C---C---A---T---A-----CAAA---T---T	8214
CRF04_cpx_CY.94CY032	A---CT	-----	---TATA---TG---T---A---G---CA---T---T-----T---C---A---T---A-----CAAA---T	7522
CRF04_cpx_GR.97PVMY	---CT	-----	---TAT---A---A---A---G---CA---T---T-----C---C---A---T---A-----GAAA---T---T	8203
CRF04_cpx_GR.97PVCH	---C---CT	-----	---TATA---TG---T---A---GGCA---T---T-----C---C---A---T---A-----CAAA---T---T	8251
AC_IN.21301	---C---C	-----	---AAA---GG---A---G---GA---T-----C---C---A---T---A-----G-----GA---A---T	7479
AC_RW.92RW009	---C---CT	-----	---GA---A---C---GG---A---A---G---A---T-----CA---C---A---T---A-----GG-----CAAA---T	7484
AC_SE.ETSE9488	---C---CT	-----	---AGTA---A---A---G---A---T---T---C---A---T---AG-----G-----CAAA---TT	7363
AC_ZM.ZAM184	---C---CT	-----	---GA---A---TG-----G---CA---A---T---T---C---A---A-----G-----CAAA---T	7477
ACD_SE.SE8603	---C---CT	-----	---A---A---C---G---A---A---C---GA---T---T-----C---C---A---T---A---G-----G-----CAAA---T	7474
AD_SE.KESE7108	---C---CT	-----	---TG---AGTG---A---CA---T---T-----C---C---A---T---A-----G-----CA---A---T	7369
ADH_NO.NOIIL3	---CT	-----	---A---TG---C---R---CA---T---T-----A---C-----G-----T---GAGGAG---T	8128
ADU_CD.MAL	---CT	-----	---G---A---TG---C-----A---T---T-----C-----A---A-----G-----G---A---T	7732
AG_NG.92NG003	---CA	-----	---TAT---GG-----G---A---T-----AC---A---A---G---G---C---G-----CAACA---T	7445
AGU_CD.Z321B	---CT---C---C	-----	---A---AGTG---T---A---G---CA---A---T-----C---A---A---T---A---G---G-----CAAG---T	7352
AGJ_AU.BFP90	---TC---CA	-----	---A---TAT---TG---A---GG---A---T-----A---A---T---G-----G-----CAACA---T	8200
AGJ_ML.95ML84	---C---C	-----	---G---A---T---TA---TG---A-----A---T-----A---A---T---G-----G-----CAACA---T	7356
AJU_BW.98-2117	---C---A---CT	-----	---TATA---TG-----G---AA---T-----G---C-----G---G-----G---G---T---GA---AC---T	7533
BF_BR.93BR029	---C---CT	-----	---A---GA---C---GGGA---T-----A---A---G---G-----G-----T---A---GA---T	7471
MO_CM.97CAMP645MO	A-AA---CAGG---CA---CA---C	AAAT---CTAA---T---A---TTCA-----G---AA---TCTA---A---CA---A---TCAGC---G---A---G---CATA---GCTC---GCC---T	7642
O_CM.ANT70	AAAA---AGA---CA---TAGGA	AAAC---AGC-----G---CAC---TTA---A---CA---A---TC---GC---G---A---G---CATA---GCTC---ACC---T	8200
O_CM.MVP5180	AAAA---CA---ATCA---TCAGGA	AGAT---TAA---GAT---CAGT-----G---CA---CTT---A---CA---C---A---CA---C---C---A---GTA---GCTC---A---T---T	8226
N_CM.YBF30	---AG---C---C---C	-----	AAAT---CC---TAT---TACA---C-----A---TTTTA-----CAAC---A---TGAGA---G---A---GA---C---TT---G---TG---C---TTT	7703
SIVCPZUS	---A---CC-----C	-----	AAACCTC---CTAT---TGCT-----GGCA---TCTA---T---CAA---A-----A---G---A---GA---C---TT---G---TACT---TTT	8160
SIVCPZGAB	---CAACTC---CC---GGGAGC	---T---CACA---TG---C-----GGGA---TCTA---A---CA---C---A---T---A---TT---G---GTCT---C-----G---GAA---TTT	8192
SIVCPZANT	---AA---TCC---GTA---CTTCAACGAAACATGTGCAAGAAGAACAGC---GTGA---A---AC---TGT	---G---AA---T---T---A---CAA---A-----TT---G---AC---G-----CA---G---ACAG---T---T	7557
Env gp41	P_W_N_A_S_W_S_N	K_S_L_E_Q_I_W_N_H_T_T_W_M_E_W_D_R_E_I_N_N_Y_T_S_L_I_H	Env

B_FR.HXB2	CTCCTTAATTGAAGAATCGCAAAACCAGCAAGAAAAGAATGAACAAGAATTATTGGAAATTAGATAAAATGGGCAAGTTTGTGGAAATGGTTTAAACATAACAAATGGCTGTGGTATATAAAATTATTCATAAT	8284
A_CONSENSUS	TAAAC-----G-----G-----C-----G-C-G-----A-C-----G-----T-----A-----A-----T-----	7858
A_KE.Q2317	TAGC-----G-----G-----A-G-----G-G-C-G-----A-C-----G-----G-----T-----A-----A-----T-----	7721
A_SE.UGSE8891	TAGTC-----A-G-----G-----C-----C-G-C-G-----A-C-----G-----T-----A-----A-----T-----	7449
A_SE.TZSE8538	TAGGC-----G-----G-----C-----A-C-G-C-G-----C-----G-----T-----GA-----G-A-----T-----	7501
A_SE.UGSE6594	TGA-C-C-----G-----G-----T-----C-----C-G-C-G-----A-C-----G-----G-----C-----G-A-----	7454
A_SE.UGSE7535	TCAAC-----A-----G-----G-----C-----A-C-G-C-----A-A-C-----C-----G-----T-----C-----G-A-----T-----	7525
A_SE.SOSE7253	TAAAC-----G-----G-----C-----C-G-C-----A-C-----G-----G-----A-----A-----T-----	7479
A_SE.SE8131	TCAAC-----T-----G-----A-G-----G-C-G-----A-C-----G-----G-----T-C-C-----A-----T-----	7662
A_UG.U455	TCAAC-----G-----G-----G-----T-----C-----C-G-C-G-----A-C-----A-----CT-----T-G-C-----TG-----	7714
A_UG.92UG037	TGAGC-----G-T-----G-----G-----A-----C-----C-----G-G-C-G-----C-----G-----T-----A-----A-----T-----	7645
B_CONSENSUS	-A-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----	8492
B_AU.MBC200	-A-----G-----C-----G-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----	8309
B_AU.MBC925	-A-----C-----G-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----	8303
B_CN.RL42	-A-A-----G-----A-----T-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----	7637
B_DE.HAN2	TA-----C-----A-----G-----G-----G-----G-----A-----G-----T-----A-----A-----	7746
B_DE.D31	-A-----G-----G-----GA-----G-----A-----A-----G-----G-----T-----C-----A-----	7811
B_ES.89SP061	-AA-----A-----A-----G-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----A-----	7862
B_GA.OYI	-A-----G-----A-G-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----G-A-----	7823
B_GB.MANC	-A-----C-----A-G-T-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----T-----A-----	8244
B_GB.CAM1	-A-----G-----A-----A-----C-----G-----CG-----G-----G-----A-----A-----	8285
B_NL.ACH320A	-A-----A-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----	8288
B_TW.LM49	-AA-----C-----A-----G-----G-----C-----A-----G-----C-----C-----G-----A-----G-A-----	8255
B_US.SF2CG	-A-----C-----G-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----T-----C-----GA-----	8289
B_US.DH123	-AA-----G-----G-----A-----C-----A-----G-----G-----G-----T-----C-----A-----	8253
B_US.NY5CG	-A-----G-----G-T-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	8221
B_US.AD8	-A-A-----G-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	8274
B_US.WCIPR18	-A-----G-----A-----G-----C-----G-----C-----G-----C-----A-----A-----	7853
B_US.YU2	-A-----C-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----	8245
B_US.JRCSF	-A-C-----G-T-----A-----G-----G-----GG-----A-----A-----A-----	8271
B_US.MN	-A-C-A-----A-----C-----A-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----	8301
B_US.BCSG3	-AA-----G-----G-----CA-----C-----C-----C-----C-----A-----	7816
B_US.896	TGA-----C-----A-----C-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----G-----G-----	8273
B_US.WEAU160	-AA-----G-----A-----A-----G-----G-----G-----A-----C-----G-----T-----C-----A-C-----	8291
B_US.RF	-AA-----C-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----C-----G-----G-----C-A-----G-A-----	7829
B_US.WR27	-AG-----C-----C-----G-----G-----G-----A-----G-----A-----G-----C-----G-----C-A-----A-----M-----	7662
C_CONSENSUS	-AGG-GC-----C-----G-----A-----A-G-T-----A-C-----G-C-GT-----AA-A-C-----G-----A-----	7893
C_BR.92BR025	-AGG-GC-----C-----G-----A-----G-C-----A-C-----G-C-G-----CA-A-C-----C-----GG-----A-----A-----	7621
C_BW.96BW0402	-AGG-GC-----C-----G-----A-----A-G-T-----C-A-C-----G-C-GT-----AAC-A-C-----GG-----A-----T-----A-----	7763
C_BW.96BW1104	-AGG-GC-----TC-----G-----C-----A-G-T-----C-A-C-----G-C-GT-----CA-A-C-----G-----G-----T-----A-----	7611
C_BW.96BW15C02	-AGG-GC-----A-----G-----C-A-----A-G-T-----A-C-----G-C-GT-----AAC-A-C-----G-----T-----A-----	7741
C_BW.96BW0502	-AGG-GC-----A-----G-----G-A-----A-G-T-----A-C-----G-C-GT-----CA-A-C-----G-----G-----A-----	7767
C_BW.96BW16B01	-AGG-GC-----A-----G-----G-A-----A-G-T-----C-A-C-----G-C-GT-----AAT-----C-----AA-----A-----	7767
C_BW.96BW1210	-AGG-GC-----G-T-C-----G-----C-A-----A-----C-----C-A-C-----G-C-GT-----A-C-----T-----A-----	7641
C_BW.96BW17B03	-AGG-GC-----G-----A-----G-----G-----A-----G-----C-----G-C-GT-----A-C-A-----GC-----T-----T-----A-----	7638
C_BW.96BW01B03	-AGG-GC-----TC-----C-----G-----A-----A-----T-----A-C-----G-C-GT-----CA-A-C-----G-----C-----A-----	7730
C_ET.ETH2220	-AAT-----GC-----TC-----G-----C-----A-----A-----T-----C-A-C-----G-C-----A-A-C-----A-----A-----	7660
C_IN.301999	TAGG-----GC-----G-C-----G-----GA-----A-G-T-----A-C-----G-C-GT-----A-----C-----G-----T-----G-----	7692
C_IN.21068	-AGG-GC-----G-----G-----G-----A-----A-G-T-----A-CT-----G-C-GT-----AA-A-C-A-----G-----G-----	7655
C_IN.301905	-AGG-GC-----C-----G-----A-----A-G-T-----A-C-----G-C-GT-----AA-A-C-A-----G-----G-----	7574
C_IN.301904	-AGG-GC-----C-----G-----A-----A-----T-----A-C-----G-C-GT-----AA-A-C-A-----G-----G-----A-C-----	7616
C_IN.11246	-AGG-C-----C-A-----T-----G-----G-----A-----T-----A-C-----G-C-GT-----AA-A-C-A-----G-----G-----	7586
D_CONSENSUS	-AG-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----G-----G-----C-----A-----A-----	8301
D_UG.94UG114	-AG-----C-----T-----T-----G-----A-----C-----A-----G-----C-----C-----G-----C-----A-----	7602
D_CD.NDK	-AG-----G-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----	7788
D_CD.ELI	TAG-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----G-----G-----C-----A-----A-----	7820
D_CD.Z2Z6	TAGA-----G-----C-----C-----A-----A-----G-----C-----G-----G-----C-----A-----A-----	8277
D_CD.84ZR085	-AA-----G-----T-----A-----A-----A-----G-----C-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----	7805

B_FR.HXB2	CTCCTTAATTGAAGAATCGCAAAACCAGCAAGAAAAGAATGAACAAGAATTATTGGAAATTAGATAAAATGGCGCAAGTTTGTGGAAATTGGTTTAAACATAACAAATGGCTGTGGTATATAAAATTTATTCATAAT	8284
F_CONSENSUS	-AGG-----?-----G-----G-----C-----G-----C-----?-----C-----?-----G-----?-----C-----?-----A-----A-----T-----	7577
F1_BE.VI850	-AAA-G-----G-A-----G-----C-----C-----C-----G-----T-----C-----C-----A-----A-----A-----	7561
F1_BR.93BR020	-AGG-----C-----G-----G-----A-----C-----G-----C-----C-----G-----C-----G-----C-----A-----A-----A-----	7588
F2_CM.MP255C	-AG-----TG-----G-----G-----G-----G-----C-----C-----AC-----C-----G-----TCT-----C-----T-----C-----A-----	7443
F2_CM.MP257C	-AGA-----AGTG-A-----T-----G-----G-----G-----C-----G-----C-----G-----AC-A-----C-----TCT-----GA-----T-----C-----G-----A-----	7476
F1_FI.FIN9363	-ATG-----A-----G-----G-----G-----CG-----G-----G-----G-----C-----G-----AT-----C-----G-----G-----T-----C-----T-----A-----A-----	7580
F1_FR.MP411	-AGG-----G-----G-----A-----G-----C-----G-----C-----G-----G-----G-----G-----T-----A-----A-----A-----	7451
G_CONSENSUS	-AG-C-?-----G-----G-----C-----C-----G-----C-?-----G-----G-----?-----?-----A-----A-----?-----A-----T-----	8219
G_BE.DRCBL	-AG-C-G-----C-----T-----G-----A-----G-----C-----C-----G-----CC-----G-----C-----G-----G-----CT-----C-----A-----G-----A-----TG-----	8223
G_FI.HH87932	-AG-C-----G-----G-----A-----G-----C-----A-----C-----G-----C-----T-----C-----G-----G-----A-----A-----A-----T-----	7654
G_NG.92NG083	-AG-C-G-----G-----G-----G-----C-----C-----G-----C-----G-----G-----G-----T-----A-----A-----G-----A-----	7610
G_SE.SE6165	-AG-C-----C-----A-----G-----G-----C-----C-----CC-----G-----CC-----G-----GG-----GA-----A-----A-----T-----	7702
H_CONSENSUS	-AGA-GC-----TC-----C-----G-----C-----A-----C-----G-----C-----C-----G-----GT-----A-----A-----A-----	7656
H_BE.VI991	-AGA-GC-----TC-----C-----G-----C-----C-----A-----C-----G-----C-----A-----C-----A-----GT-----G-----A-----	7683
H_BE.VI997	-AGA-GC-----CTC-----C-----G-----C-----T-----A-----C-----G-----C-----AC-----C-----G-----C-----A-----	7598
H_CF.90CF056	-AGG-GC-----TC-----C-----G-----G-----G-----C-----A-----C-----G-----C-----C-----C-----G-----T-----C-----A-----	7603
J_SE.SE91733	-AGTC-----G-----A-----G-----CT-----A-----G-----C-----C-----G-----C-----G-----A-----A-----T-----C-----C-----A-----	7598
J_SE.SE92809	-AGTC-----G-----A-----G-----T-----A-----C-----C-----G-----C-----G-----A-----A-----T-----C-----C-----A-----	7591
K_CM.MP535C	TAAG-----A-----C-----G-----T-----T-----C-----G-----C-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----A-----	7444
K_CD.EQTB11C	TAGG-----G-----T-----A-----G-----C-----C-----G-----C-----G-----C-----G-----G-----T-----A-----A-----A-----	7467
CRF01_AE_CONSENSUS	TGAGA-C-AC-----G-----G-----G-----A-----G-----T-----G-----A-----G-----C-----C-----G-----G-----?-----A-----T-----	8329
CRF01_AE_CF.90CF402	TGAGC-C-AC-----GG-----G-----G-----A-----G-----T-----G-----A-----C-----G-----C-----G-----C-----G-----GG-----A-----T-----	8347
CRF01_AE_TH.93TH253	TGAGA-C-AC-----G-----G-----GA-----A-----G-----C-----G-----A-----G-----C-----G-----GG-----A-----A-----T-----	8268
CRF01_AE_TH.CM240	TGAGA-C-AC-----G-----A-----G-----C-----G-----A-----G-----T-----G-----A-----G-----C-----G-----G-----A-----T-----	7837
CRF02_AG_CONSENSUS	TAATC-----G-----G-----C-----C-----G-----C-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----A-----A-----A-----	7817
CRF02_AG_DJ.DJ263	TAATC-----G-----G-----TAATC-----C-----G-----CC-----A-----C-----G-----GG-----A-----A-----A-----	7659
CRF02_AG_DJ.DJ264	TAATC-----G-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----C-----G-----A-----C-----A-----C-----A-----A-----	7618
CRF02_AG_NG.IBNG	TAATC-----G-----G-----G-----C-----G-----C-----G-----C-----G-----C-----A-----G-----G-----A-----A-----G-----A-----T-----	7790
CRF03_AB_RU.KAL153	-AAT-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----C-----G-----C-----G-----G-----T-----A-----A-----A-----	8004
CRF04_cpx_CONSENSUS	TGAG-C-----G-----G-----G-----G-----C-----CC-----G-----C-----G-----A-----C-----G-----T-----A-----A-----T-----	8346
CRF04_cpx_CY.94CY032	TGGG-C-----A-----G-----G-----G-----C-----CC-----G-----C-----G-----CC-----G-----G-----A-----A-----A-----	7654
CRF04_cpx_GR.97PVMY	TGA-GC-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----CC-----G-----C-----G-----A-----C-----G-----G-----T-----C-----A-----T-----	8335
CRF04_cpx_GR.97PVCH	TGAG-C-----G-----T-----G-----G-----G-----G-----C-----CC-----T-----C-----G-----G-----A-----C-----C-----T-----A-----A-----	8383
AC_IN.21301	TCA-C-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----C-----C-----G-----C-----G-----GA-----C-----G-----T-----A-----T-----	7611
AC_RW.92RW009	TAGTC-----G-----G-----G-----C-----C-----C-----G-----C-----G-----A-----C-----G-----T-----A-----A-----	7616
AC_SE.ETSE9488	TGATC-----G-----T-----G-----G-----C-----C-----G-----C-----G-----C-----G-----C-----G-----T-----A-----G-----A-----	7495
AC_ZM.ZAM184	-CAGC-C-----G-----C-----G-----G-----G-----C-----C-----C-----C-----A-----G-----G-----GA-----A-----A-----	7609
ACD_SE.SE8603	TATGC-GC-----C-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----C-----G-----C-----G-----G-----G-----T-----A-----G-----A-----T-----	7606
AD_SE.KESE7108	TCAAC-----G-----G-----T-----C-----C-----C-----G-----C-----G-----C-----C-----G-----G-----G-----A-----G-----A-----T-----	7501
ADH_NO.NOIIL3	-AGG-GC-----TC-----T-----G-----CR-----A-----C-----A-----C-----G-----C-----C-----A-----G-----T-----T-----G-----A-----T-----	8260
ADU_CD.MAL	-AA-----G-----T-----G-----A-----G-----C-----G-----C-----G-----G-----T-----A-----A-----A-----G-----A-----	7864
AG_NG.92NG003	-AG-C-----G-----G-----G-----C-----C-----C-----G-----C-----G-----C-----C-----G-----T-----A-----A-----T-----	7577
AGU_CD.Z321B	TAA-C-C-----G-----C-----TA-----AGG-----C-----C-----G-----C-----A-----C-----G-----T-----A-----A-----A-----T-----	7484
AGJ_AU.BFP90	---C-----CT-----CT-----G-----G-----C-----C-----G-----C-----G-----A-----C-----TC-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----	8332
AGJ_ML.95ML84	-AG-C-----G-----GT-----G-----G-----C-----C-----G-----C-----G-----A-----C-----TC-----G-----CT-----C-----A-----C-----A-----T-----	7488
AJU_BW.98-2117	-AGTC-----G-----G-----A-----G-----C-----C-----TCT-----G-----C-----G-----C-----C-----G-----T-----A-----G-----A-----	7665
BF_BR.93BR029	TAGG-----G-----G-----G-----G-----C-----C-----G-----C-----C-----C-----G-----T-----A-----A-----A-----	7603
MO_CM.97CAMP645MO	TGAAGA-AC-A-G-A-TA-----G-----T-----C-----GA-----A-----G-----GC-----A-----G-----G-----TTC-----A-----T-----C-----C-----GG-----T-----A-----T-----	7774
O_CM.ANT70	TGAGGA-AC-A-GG-A-GTA-----G-----C-----A-----GA-----A-----G-----GC-----G-----G-----CTC-----A-----T-----C-----G-----T-----A-----T-----	8332
O_CM.MVP5180	TGATGA-AC-C-G-A-G-A-----G-----T-----A-----C-----G-----GC-----G-----G-----CTC-----C-----T-----G-----T-----A-----T-----A-----GCT-----	8358
N_CM.YBF30	TGGAC-T-A-C-GG-A-G-A-----GA-----C-----CA-----GA-----TC-----C-----G-----C-----AC-----C-----GC-----GGT-----T-----A-----A-----GCT-----	7835
SIVCPZUS	TAGTC-T-A-C-G-A-G-A-----GA-----T-----CA-----A-----TC-----C-----G-----C-----T-----C-----A-----C-----G-----T-----T-----C-----A-----TT-----	8292
SIVCPZGAB	TGGTC-GT-A-G-G-A-TCA-----A-----G-----A-----AGG-----CC-----G-----C-----C-----C-----G-----G-----T-----A-----A-----T-----C-----T-----	8324
SIVCPZANT	TAATA-CT-AC-AT-G-A-TG-G-A-----G-----GA-----A-----A-----G-----AT-----C-----C-----AGCTCA-----A-----G-----C-----A-----A-----A-----T-----T-----	7689

Env gp41 S L I E E S Q N Q Q E K N E Q E L L E L D K W A S L W N W F N I T N W L W Y I K L F I M Env

	Tat Rev intron end \ / Tat Rev exon 2 start (Tat frame 3,										
B_FR.HXB2	GATAGTAGGAGGCTTGGTAGGTTAAGAATAGTTTTGCTGCTACTTTCTATAGTGAATAGAGTTAGGCAGGGATATTCACCATTATCGTTTCAGACCCACCTCCCA...	ACCCCGAGGGGA...	CCCGACAG	8410							
A_CONSENSUS	AA A G G A A C T G TAC	-A A T	T	7984							
A_KE.Q2317	AA A G G A A C T G TAC	-A A T	T	7847							
A_SE.UGSE8891	AA A A GA A A C T G C T TAC	-G AG T	T	7575							
A_SE.TZSE8538	AA A A G G G A A C T T A TAC	-A AG AT	T	7627							
A_SE.UGSE6594	AA A G G A A C T G C T TAC	-A AG T	T	7580							
A_SE.UGSE7535	A G G A A G C T G A T TAC	-A A AT	T	7651							
A_SE.SOSE7253	AA A GT G TA A C T G TAC	GA A T	T	7605							
A_SE.SE8131	AA C G A G A A C TC G C T TAC C	G A AT	T	7788							
A_UG.U455	AA A A G A C TC G C TTGC	T AGA T	T G	7840							
A_UG.92UG037	C AA A G G A A C CC TAC G	A A T	T	7771							
B_CONSENSUS	A G C	G A C	T	8619							
B_AU.MBC200	A A C	G A	T	8435							
B_AU.MBC925	A C AT G	G T	G	8429							
B_CN.RL42	A A G A A C G A A G T	G A	G	7763							
B_DE.HAN2	A G C G A A T	G AA C	C	7873							
B_DE.D31	A T C G A G	G	T	7937							
B_ES.89SP061	A A T C G G G	G AG	T	7988							
B_GA.OYI	A C G	A	T	7949							
B_GB.MANC	A A T C G A	G	T	8370							
B_GB.CAM1	A T AA A A A T C G A G T	GTT A	T	8411							
B_NL.ACH320A	A A A A T C G	G	T	8414							
B_TW.LM49	A A G C	G	A	8381							
B_US.SF2CG	A G C G A G	GT	T	8415							
B_US.DH123	A CAG C G T	G T	T	8379							
B_US.NY5CG	T AA A C G	G A	T	8347							
B_US.AD8	A A A A C G A	G	T	8400							
B_US.WCIPR18	A C A A C G	G	T	7979							
B_US.YU2	A T C G T A	G T A	T	8371							
B_US.JRCSF	A T C C T	G AA	T	8397							
B_US.MN	A C G G G C	GTT	T	8427							
B_US.BCSG3	A A C G	G T	T	7942							
B_US.896	A A C G A T	G T	T	8399							
B_US.WEAU160	A A A C A C G A	G	T	8417							
B_US.RF	A C A G C	G	T	7955							
B_US.WR27	AA A G R RC	A T	T	7788							
C_CONSENSUS	A A G C C T G TTAC G	A A	T	8019							
C_BR.92BR025	A A G C A C G TTAC	A A	T	7747							
C_BW.96BW0402	G AA A CG C C G TTAC	A A	T	7889							
C_BW.96BW1104	G A G A A C G A C T G A C TTAC	A A	T	7737							
C_BW.96BW15C02	A C G A G C C T TTAC G	A A T	T	7867							
C_BW.96BW0502	A A G C TTAC G	A A A	T	7893							
C_BW.96BW16B01	AA C G A G C T G A TTAC	A A	T	7893							
C_BW.96BW1210	AA A G C T G TTA	G A	T	7767							
C_BW.96BW17B03	A A G G C T G A TTAC	A A	T	7764							
C_BW.96BW01B03	C A G C T C G C TTAC AG	A AG	T	7856							
C_ET.ETH2220	G TG A A G TTA	CA	T	7786							
C_IN.301999	A A G C T G A TTAC G	A AG	T	7818							
C_IN.21068	A A GA C T G TTAC G	A CG	T	7781							
C_IN.301905	A A G C C T G TTAC G	A AG	T	7700							
C_IN.301904	A A G C C T G CTAC G	A AG	T	7742							
C_IN.11246	A A G C C T G CTAC G	A AG	T	7712							
D_CONSENSUS	A G ? A C T G A T	G	T	8426							
D_UG.94UG114	A G G A C T G A T	G A	T	7728							
D_CD.NDK	A C A G G A C T G A T	GT	T	7914							
D_CD.ELI	A A G T A C T G T	G	T	7946							
D_CD.Z2Z6	A A G T A C T G A T	G	T	8403							
D_CD.84ZR085	A A A A G C T T	G	T	7931							

Tat Rev intron end \ / Tat Rev exon 2 start (Tat frame 3,

B_FR.HXB2	GATAGTAGGAGGCTTGGTAGGTTTAAAGATAGTTTTTGGCTGACTTTCTATAGTGAATAGAGTTAGGCAGGGATATTCACCATATCGTTTTTCAGACCCACCTCCCA...ACCCCGAGGGGA...CCCGACG	8410
F_CONSENSUS	-----A-C-----G-----A-----A-----C-----T-G-A-A-----TTA-----G-----	7703
F1_BE.VI850	-----G-----A-C-----A-----A-----A-----C-----T-G-A-A-----TTA-----G-----	7687
F1_BR.93BR020	-----A-C-----A-G-----A-----A-----C-----T-G-A-----TA-----G-----A-----	7714
F2_CM.MP255C	-----A-A-----A-A-----G-----G-----A-----C-----T-G-A-A-----TTA-----A-----	7569
F2_CM.MP257C	-----A-----A-----A-----A-----G-----A-A-----C-----T-G-A-G-----TTA-----A-T-----A-----	7602
F1_FI.FIN9363	-----A-----A-C-----G-----A-----A-----C-----T-G-A-A-----TTA-----G-----C-A-----	7706
F1_FR.MP411	-----AA-A-C-----G-----A-----A-----C-----T-G-A-A-----TTA-----G-----	7577
G_CONSENSUS	-----T-AA-----A-----A-----C-----T-G-?-?-?-----TTAC-AC...CA-A-A-----	8343
G_BE.DRCBL	-----T-AA-----A-----A-----C-----T-----C-----TT-AC...CA-A-A-----	8349
G_FI.HH87932	-----TC-AA-A-----A-----A-----G-----A-----G-----C-----T-G-T-C-----TTAC-AC...CA-A-A-----	7780
G_NG.92NG083	-----T-AA-----A-----A-----C-----T-G-----C-----TTAC-AT...CA-A-C-A-----	7736
G_SE.SE6165	-----T-AA-----A-----A-----C-----T-G-A-----TTAC-AC...CA-A-A-----	7828
H_CONSENSUS	-----T-AA-?-A-----G-----A-----C-----T-G-T-----TTA-G...-A-C-----	7781
H_BE.VI991	-----TA-AA-C-----G-----A-----C-----TC-G-T-A-----TTA-G...-A-A-C-----	7809
H_BE.VI997	A-----CT-A-----G-----A-----AGG-----G-----C-----T-G-T-----TTA-G...-A-C-----	7724
H_CF.90CF056	-----T-AA-----A-----G-----A-----C-----T-G-T-----TTG-G...-A-AC-----	7729
J_SE.SE91733	-----A-----AA-----A-----G-----A-----C-----T-G-A-----TTA-T...-A-A-C-A...G-----	7724
J_SE.SE92809	-----A-----T-AA-----A-----G-----A-----C-----T-G-A-----TTA...-A-A-C-A...G-----	7717
K_CM.MP535C	-----A-----A-----C-----G-----G-----A-----C-----C-----T-G-A-----TTA-----T-----G-A-----	7570
K_CD.EQTB11C	-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----C-----C-----T-G-A-C-----TTAC...-G-----	7593
CRF01_AE_CONSENSUS	-----T-AA-----A-----G-----A-----C-----T-G-T-C-----CTAC-AT...CAT-A-A-GAA-----	8458
CRF01_AE_CF.90CF402	A-----T-AA-----A-----G-----A-----C-----T-G-C-----TTAC-AC...CAG-A-A-----	8473
CRF01_AE_TH.93TH253	-----T-AA-----A-----G-----A-----C-----T-G-T-C-----CTAC-AT...CAT-A-GGAA-----	8397
CRF01_AE_TH.CM240	-----T-AA-----A-----G-----A-----C-----T-G-T-C-----CTTC-AT...CAT-A-A-A-----	7963
CRF02_AG_CONSENSUS	-----T-AA-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----C-----TTAC-AC...CA-A-A-----	7943
CRF02_AG_DJ.DJ263	-----T-AA-----G-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----C-----TTAC-AC...CA-A-A-----	7785
CRF02_AG_DJ.DJ264	-----T-AA-----G-----C-----G-----A-----G-----A-----G-----C-----T-----A-----TTAC-AC...CA-A-A-----	7744
CRF02_AG_NG.IBNG	-----T-AA-----G-----A-----A-----A-----C-----T-G-----C-----TTAC-AC...CA-A-A-----	7916
CRF03_AB_RU.KAL153	-----T-AA-----A-----A-----G-----A-----G-----G-----A-----G-----	8130
CRF04_cpx_CONSENSUS	-----A-----C-----A-----G-----A-----A-----C-----T-G-T-G-----TTA-ACA-AAC-----	8475
CRF04_cpx_CY.94CY032	-----A-----C-----A-----G-----A-----A-----C-----T-G-T-G-----TTA-ACA-AAC-----T-----	7783
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-----A-----A-----G-----A-----G-----C-----T-G-T-CG-----TTA-ACA-A-A-C-----	8464
CRF04_cpx_GR.97PVCH	-----A-----C-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----T-G-T-----TTA-----AAC-A-----GA-----	8509
AC_IN.21301	-----A-AA-A-----A-----G-----G-----A-A-----C-----T-G-----C-G-----TAC...-A-AG-----T-----	7737
AC_RW.92RW009	-----AA-----A-----G-----C-----A-----C-----C-----T-----TTA-----A-----	7742
AC_SE.ETSE9488	-----AA-----A-----A-----G-----A-----A-----C-----TC-----T-----TAC...-A-AG-----	7621
AC_ZM.ZAM184	A-----A-----A-----A-----A-----G-----A-----C-----T-G-A-----T-CTAC...CA-AGA-T...T-----	7735
ACD_SE.SE8603	-----AA-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TC-----TAC...-A-AGA-----GT-----	7732
AD_SE.KESE7108	A-----AA-----A-----G-----T-----A-----A-----C-----T-G-A-----TAC...-A-A-AT...T-----	7627
ADH_NO.NOG1L3	-----TG-A-C-----G-----C-----A-----C-----T-G-T-----TTA-G...-A-AC-----G-----	8386
ADU_CD.MAL	AG-----AA-----A-----G-----T-----A-----C-----TC-G-----G-----T-----A-----CCA-----	7993
AG_NG.92NG003	-----T-AA-----A-----G-----A-----C-----T-G-A-C-----TTAC-AC...CA-A-A-----	7703
AGU_CD.Z321B	-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----C-----T-G-T-C-----TTAC-AC...CA-A-A-----	7610
AGJ_AU.BFP90	-----AA-----A-----G-----GA-----C-----C-----T-G-----G-----TTA...-A-A-C-----G-A-----	8458
AGJ_ML.95ML84	-----AA-----A-----G-----G-----C-----G-----C-----T-G-----G-----TTA...-A-AGC-A-----GT-----	7614
AJU_BW.98-2117	-----AA-----A-----A-----G-----A-----A-----C-----T-G-A-G-----TTA...-A-A-C-A-----GT-----	7791
BF_BR.93BR029	-----A-----C-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-G-A-A-----G-T-----G-A-----A-----	7729
MO_CM.97CAMP645MO	C-----CAC-AA-GG-G-----T-----A-GATA-----AA-----G-ACA-----CA-CC-C-A-----C-A-AT...CA-A-CC-A-----G-A-AGC-----	7900
O_CM.ANT70	C-----CAC-A-----GG-G-----G-TA-CA-GATA-----AA-----A-ACA-----CA-CC-C-----A-----T-C-AA-AT...CA-AAGA-A-----G-A-GA-C-----	8458
O_CM.MVP5180	C-----G-----CAC-AA-----A-----G-TA-A-GATA-----AA-C-----G-ACA-----CA-CC-C-----G-----T-CTG-----CA-G-CA-A-----G-A-A-C-----	8484
N_CM.YBF30	-----C-----A-T-----CA-----CA-AAG-ATA-----A-AA-----A-AGCA-----T-CC-T-----G-----TTA...-AG-A-----A-----	7961
SIVCPZUS	AG-----C-A-----A-----AA-C-----T-----AGG-TGA-----T-----AC-----AGCA-A-----T-----T-CC-C-----A-----TTT-----AA-TC-----A-----	8418
SIVCPZGAB	-GC-----AA-CA-----G-----TA-----A-GA-A-----TT-C-AG-----C-GG-----C-C-----TC-C-----G-----TTA...-GT-A-----A-----AA-GA-----	8450
SIVCPZANT	-----CTA-T-----AC-----TT-GC-----TAT-G-----AG-TGCT-A-GA-AG-----CAT-TC-G-A-----T-CTAC-A-----A-A-CA-AT...-A-GCA-----	7815

Env gp41

I V G G L V G L R I V F A V L S I V N R V R Q G Rev CDS intron/exon D P P P Q . . P E G T . R Q Rev Env
Y S P L S F Q T H L P . . T P R G . . P D R
Tat CDS intron/exon -P T S Q . . P R G D . P T

	Tat CDS end (frame 3)	
Rev frame 1)<-	Tat end <-	
B_FR.HXB2	GCCCGAAGGAATAGAAAGAAGGTGGAGAGAGACAGAGACAGATCCATTTCGATTAGTGAACGGATCCTTGGCACTTATCTGGGACGATCTGCGGAGCCTGTGCCTCTTCAGCTACCACCGCTTGAG	8539
A_CONSENSUS	---G-A-C-----CA-G-----G-----G-----T--A-----GC-----	8113
A_KE.Q2317	---A-C-----A-----CA-G-----G-----G-----T--A-----GCT-----C-A-----	7976
A_SE.UGSE8891	---G-A-C-----CA-A-----G-----C-----T--A-----GC-----C-CA-----T-----G--A-----	7704
A_SE.TZSE8538	---G-A-C-----CA-G-----G-----G-----T--A-----GC-----	7756
A_SE.UGSE6594	---G-A-C-----CA-G-----G-----G-----T--A-G-----GC-----A-----A-----	7709
A_SE.UGSE7535	---G-A-C-----CA-G-----G-----C-G-----T--AA-G-----GC-----G--A-----	7780
A_SE.SOSE7253	---AG-A-C-----CA-G-----G-----G-----G-----T--A-----GC-----A-----T-----	7734
A_SE.SE8131	---G-A-C-----CA-G-----G-----C-----C-G-----T--A-----G-----GC-----A-----G-----	7917
A_UG.U455	---A-G-A-C-----CA-G-A-----G-----C-----G-----T--A-----GA-----GC-----C-----A-----	7969
A_UG.92UG037	---G-A-C-----CA-G-----G-----G-A-C-----G-----G-----T--A-----GC-----C-----A-----	7900
B_CONSENSUS	---C-----C-----T-----A-----C-----	8748
B_AU.MBC200	---CC-----C-----T-----A-----T-----C-----	8564
B_AU.MBC925	---C-----GAGA-----G-----T-----A-----T-----TG-----C-----A-----	8558
B_CN.RL42	---C-----C-----T-----T-----T-----G-----A-----	7892
B_DE.HAN2	---A-C-----G-----G-----G-----T-----A-----T-----C-----G-----	8001
B_DE.D31	---C-----C-----A-----T-----A-----C-----A-C-----CT-----	8066
B_ES.89SP061	---C-----GG-A-----G-----T-----A-----A-----T-----C-----	8117
B_GA.OYI	---C-----GAA-----G-----T-----A-----	8078
B_GB.MANC	---G-----C-----G-----C-----C-----T-----A-----CG-----A-C-----T-----	8499
B_GB.CAM1	---C-----C-----G-----C-----GGG-----A-----CT-----T-----A-----C-----	8540
B_NL.ACH320A	---C-----C-----T-----A-----GG-----	8543
B_TW.LM49	---A-----C-----C-----GAA-----C-----G-----T-----T-----A-----A-----T-----C-----	8510
B_US.SF2CG	---C-----C-----G-----T-----T-----A-----A-----G-----	8544
B_US.DH123	---C-----C-----C-----G-----C-----G-----T-----T-----A-----A-----C-----T-----C-----CG-----T-----	8508
B_US.NY5CG	---C-----C-----GGA-C-----T-----T-----A-----C-----	8476
B_US.AD8	---C-----C-----C-----G-----G-----G-----T-----T-----A-----T-----C-----	8529
B_US.WC1PR18	---A-----CC-C-----C-----GAGATC-----G-----T-----T-----A-----A-----T-----C-----T-----A-----	8108
B_US.YU2	---C-----C-----GG-C-----G-----T-----C-----T-----A-----A-----T-----C-----A-----T-----	8500
B_US.JRCFSF	---C-----C-----GGA-A-----T-----T-----A-----T-----C-----T-----	8526
B_US.MN	---C-----C-----C-----GG-----C-----T-----T-----A-----A-----T-----C-----T-----A-----	8553
B_US.BCSG3	---C-----C-----GG-----T-----T-----A-----T-----	8071
B_US.896	---C-----GG-C-----G-----T-----T-----AA-----T-----T-----T-----A-----A-----CT-----T-----	8528
B_US.WEAU160	---C-----GGAA-----G-----T-----T-----AA-----T-----C-----A-----CT-----T-----	8546
B_US.RF	---C-----G-----GGCG-TGC-----T-----T-----A-----T-----C-----T-----C-----AG-----CT-----T-----	8084
B_US.WR27	---C-----C-----T-----A-----C-----C-----T-----TA-----A-----C-----C-----T-----C-----AG-----CT-----T-----	7917
C_CONSENSUS	---T-G-A-C-----CA-----G-----T-----A-----GC-----C-----A-----	8148
C_BR.92BR025	---T-G-----C-----CA-----G-----T-----A-----GCG-----C-----T-----A-----	7876
C_BW.96BW0402	---TT-G-----C-----CA-----G-----T-----A-----G-----C-----A-----A-----	8018
C_BW.96BW1104	---T-----A-----C-----CA-----A-----A-----G-----T-----A-----GC-----T-----T-----A-----	7866
C_BW.96BW15C02	---T-G-A-C-----CA-----G-----AC-A-----T-----A-----GC-----C-----A-----A-----	7996
C_BW.96BW0502	---T-G-A-C-----CA-----G-----C-----G-----T-----A-----G-----GC-----C-----T-----A-----	8022
C_BW.96BW16B01	---T-G-A-C-----CA-----G-----G-----C-----T-----A-----G-----GC-----C-----	8022
C_BW.96BW1210	---T-----A-----C-----CA-----G-----G-----T-----A-----GC-----C-----A-----	7896
C_BW.96BW17B03	---T-----A-----C-----G-----CA-----G-----G-----T-----A-----GC-----C-----A-----A-----CTT-----A-----	7893
C_BW.96BW01B03	---T-G-A-C-----CA-----A-----A-----C-----T-----AC-----G-----T-----A-----A-----C-----T-----A-----	7985
C_ET.ETH2220	---T-G-----C-----CA-----G-----A-----C-----T-----A-----A-----T-----T-----C-----A-----A-----C-----T-----	7915
C_IN.301999	---T-G-A-C-----CA-----A-----A-----C-----G-----T-----A-----GC-----C-----A-----	7947
C_IN.21068	---T-G-A-C-----CA-----A-----G-----T-----A-----T-----C-----A-----A-----	7910
C_IN.301905	---T-G-A-C-----CA-----A-----A-----G-----T-----A-----GC-----C-----A-----A-----	7829
C_IN.301904	---T-G-A-C-----CA-----G-----A-----C-----T-----A-----G-----GC-----C-----A-----	7871
C_IN.11246	---T-G-A-C-----G-CA-----AC-T-----T-----A-----G-----GC-----C-----A-----	7841
D_CONSENSUS	---C-----C-----G-----G-----T-----CA-----G-----GC-----A-----A-----	8555
D_UG.94UG114	---C-----C-----G-----G-----G-----TA-----CA-----T-----A-----A-----T-----	7857
D_CD.NDK	---A-----C-----C-----G-----G-----TA-----T-----T-----C-----A-----A-----	8043
D_CD.ELI	---C-----C-----G-----G-----G-----GC-----T-----C-----C-----	8075
D_CD.Z226	---C-----C-----G-----G-----G-----T-----CA-----C-----A-----A-----	8532
D_CD.84ZR085	---A-----CA-----GT-C-----G-----T-----CA-----A-----A-----	8060

Tat CDS end (frame 3)

Rev frame 1)<-| Tat end <-|

B_FR.HXB2	GCCCGAAGGAATAGAAGAAGGTGGAGAGAGAGACAGACAGATCCATTGATTAGTGAACGGATCCTTGGCACTTATCTGGGACGATCTGCGGAGCCTGTGCCTCTTCAGCTACCACCGCTTGAG	8539
F_CONSENSUS	-----G-----G-----CA-?-A-----G-G?------?-T--A-T-GC-----C--A-A-----G--A-----	7829
F1_BE.VI850	-----C-----G-----CA-G-A-----G-G-C-----C--T--A-T-GC-----C--A-A-----G--A-----	7816
F1_BR.93BR020	-----C-----G-----CA-G-A-----G-GA-----C--T--A-T-GC-----C--A-A-----G--A-----	7843
F2_CM.MP255C	-----G-----C-----CC-----GA-----G--T--AC-----C-----C-A-----TCT-----G--A-----	7698
F2_CM.MP257C	-----G-----C-----CA-A-----CA-----G--T--A-----GC-----CT-CA-----G-----T-----	7731
F1_FI.FIN9363	-----C-----G-----CA-G-A-----G-G-----T--A-T-G-----CT-A-A-----G--A-----	7835
F1_FR.MP411	-----C-----G-----CA-----A-----G-----T--T-G-G-----C--A-A-----G--A-----	7706
G_CONSENSUS	-----?-----C-----G-----?-----CA-----G-----G-----T--A-G-GC-----C--A-----	8470
G_BE.DRCBL	-----C-----C-----G-----CA-----G-----G-----T--A-G-GC-----C--A-----	8478
G_FI.HH87932	-----A-----C-----G-----CA-A-----G-----T--A-T-GC-----C--A-----	7909
G_NG.92NG083	---T--G-AA-CC-----G-----C--CA-----C-----G-----T--A-G-GC-----C-----T-----	7865
G_SE.SE6165	-----G-----C-----G-----C-CA-G-----G-AG-G-----G-----T--AC-G-----C--C-----	7957
H_CONSENSUS	-----C-----C-----CA-----G-----G-----T--AC-?-G-----C--C-----G--T-----	7909
H_BE.VI991	---AG--A-----C-----C-CA-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	7938
H_BE.VI997	-----C-----C-----CA-----G-----G-----T--AC-GA-G-----C--C-----G--T-----	7853
H_CF.90CF056	-----C-----G-----C-CA-----G-GA-----C-----T--AC-G-G-----C--C-----CA-----G--T-----	7858
J_SE.SE91733	-----G-----C-----G-----CA-G-AC-----G-----T--A-T-GC-----C-----T-----A-----	7853
J_SE.SE92809	---G-----C-----G-----CA-G-AC-----G-----T--C-A-T-GC-----C-----A-----T-----A-----	7846
K_CM.MP535C	A-----C-----C-----CA-A-A-----AG-----G--C-T-A-G-GC-----C-----A-----G-AA-----	7699
K_CD.EQT811C	A-----C-----G-----CA-A-----G-GA-----C--G-T-A-T-GC-----A--A-----G--A-----	7722
CRF01_AE_CONSENSUS	A-----A-----C-----G-----C-CA-G-----G-G-----G-----T--A-G-GC-----A-----	8587
CRF01_AE_CF.90CF402	-----A-----C-----A-----CA-G-----AA-G-----G-----T--A-G-GC-----C-----	8602
CRF01_AE_TH.93TH253	A-----A-----C-----G-----C-CA-G-----G-G-----G-----T--A-G-GC-----A-----	8526
CRF01_AE_TH.CM240	A-----A-----C-----G-----C-CA-G-----AG-G-----G-----T--A-G-GC-----A-----	8092
CRF02_AG_CONSENSUS	A-----A-----C-----G-----C-CA-A-----G-G-----G-----T--A-G-GC-----A-----	8072
CRF02_AG_DJ.DJ263	A-----A-----C-----G-----C-CA-----AGGG-----G--T--A-G-GC-----A-----	7914
CRF02_AG_DJ.DJ264	---A--C-----G-----CA-A-----G-G-----C--G--T--A-G-GC-----A-----	7873
CRF02_AG_NG.IBNG	A-----A-----C-----G-----CA-A-----G-G-----G-----T--A-G-GC-----A-----	8045
CRF03_AB_RU.KAL153	-----A-----C-----A-----C-----A-----T--A-----C--A-----T-----T-----A-----	8259
CRF04_cpx_CONSENSUS	-----C-----C-----CA-----AG-----C-----T--C-----C-----A-----T-----G--A-----	8604
CRF04_cpx_CY.94CY032	---G-----C-----C-----C-CA-----AG-----C-----T--C-----C-----A-----G--A-----	7912
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-----C-----G--GC-----C-CA-----AT-GA-----C-----T--C--G-----C-----A-----G-AA-----	8593
CRF04_cpx_GR.97PVCH	-----C-----C-----C-CA-----AG-----G--T--C-----C-----A-----A-----	8638
AC_IN.21301	---G-A-----C-----A-----CA-G-A-----G-----G-----T--A-----T-----	7866
AC_RW.92RW009	---T--G-----C-----CA-----G-----G-----T--A-G-GC-----C--A-----T-----A-----	7871
AC_SE.ETSE9488	---G-A--CC-----CA-----G-----G-----G-----T--A-G-GC-----C-----	7750
AC_ZM.ZAM184	---G-A-----C-----G-----CA-G-----G-----G-----T--A-G-GC-----A-----	7864
ACD_SE.SE8603	---G-A-----C-----G-----CA-G-----C-G-----T--A-G-GC-----A-----	7861
AD_SE.KESE7108	---A--C-----G-----CA-----AC-----G-----A-G-----T--A-A-GC-----C-----	7756
ADH_NO.NOIIL3	-----C-----C-----CA-----MA-----G-----G-----T--C-----G-A-----A--C-----A-----G--T-----	8515
ADU_CD.MAL	-----A-----C-----G-----CA-----G-----A-----G-----T--CA-----C-----A-----A-----T-----	8122
AG_NG.92NG003	---A--C-----G-----CA-----AG-G-C-----G-----T--A-----GC-----C-----A-----A-----	7832
AGU_CD.Z321B	-----C-----G-----CA-----C-----G-----G-----T--AC-----GC-----A-----A-----T--T-----A-----	7739
AGJ_AU.BFP90	---G-A-----C-----G-----CA-G-AC-----G-----G-----T--A-----GC-----A-----T-----A-----	8587
AGJ_ML.95ML84	---G-----C-----G-----CA-G-A-----G-----G-----T--A-----GC-----C-----A-----A-----	7743
AJU_BW.98-2117	---G-----C-----G-----CA-G-A-AC-----G-----G-----T--A-----GC-----A--C--A-----A-----T-----G-----A-----	7920
BF_BR.93BR029	-----C-----C-----G-----CC-G-A-----G-GA-----T--A-T-G-----C--A-----A-----G--A-----	7858
MO_CM.97CAMP645MO	---A-G-----C--G-----G-----AG--G-----GCC-AG-TG--A-CC-CGCC-C-A-----T--C-----GT-G-ACACG--C--C-----CAA-AGT-T-G-GG--T-----T-----	8029
O_CM.ANT70	---A-G-A-----C--G-----G-----AGA-G-----GCC--G-GG--A-CC-CGCC-C-A-----G--T-----C-----GT-G-ACACG--C--CA-A-CAA-AATAT-G-GG-CT-----T-----	8587
O_CM.MVP5180	---A-G-A-----C--G-----G-----AG-----GCC-AG-GG-CAGCC--GCCACCA-----T--CA--AGT-G-ACACG--CA--CAA-AAT-T-G-GG-CT-----T-----	8613
N_CM.YBF30	---A--A-----C-----G--GC-T-----CA-----G-----G-----T--CA-T-----G-----G--C-----A-----TGA-----CT-----C-----	8090
SIVCPZUS	---A-----C-----G--C-----A-A-C-----AC-T-----A-CGA-----C--G-----T--A-----G-----A-----T-----A-----CCTGA-----CT-----A-----GA	8547
SIVCPZGAB	---T--G--A-----C--C-----G-----C-----CA-----AG-----AG-GA-----G--A--G-----C-----C--C--A--A-----G-GA-T-GG-----GA-----C	8579
SIVCPZANT	---A--A-----AG-----AGA-A-----GAT--G-GG-GGGCC--GCA-C-----G--T--C-----CT-G-----	7898

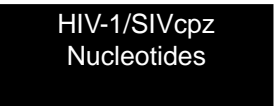
Rev
Env gp41

A R R N R R R R W R E R O R Q I H S I S E R I L G T Y L G R S A E P V P L O L P P L E
P E G I 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
 G P K E \$ K K K V E R E T E T D P F D \$ Tat end in most strains
 Tat sequence continues for others

Rev
Env

B_FR.HXB2	AGACTTACTCTTGATTGTAACGAGGATTGTGGAACCTTCTGGGA	CGCAGG	GGGTGGGAAGCCCTCAAATATTGGTGGAAATCTCCTACA	8626
A_CONSENSUS	CA-----CCG-----C-----CAC	-----C-----	AGTCTCAAGGGGTTGAGA...CTG-----G-----G-CT-?-GTT	8223
A_KE.Q2317	CA-----CTG-----C-----	-----A-C-----	AGTCTCAAGGGGCTGAGA...CTG-----G-A-----G-CT-?-----GTC	8084
A_SE.UGSE8891	CA-----G-----C-----CAC	-----A-T-----	CTCAGGGGCTGAGA...CTG-----G-G-----G-CT-AA-----T-TC	7812
A_SE.TZSE8538	G-CA-----CTG-----C-----CAG	-----A-G-----	-----G-----G-CT-?-----GGT	7843
A_SE.UGSE6594	A-----A-----CCG-----C-----CAC	-----A-T-----	CTCAAGGGGTTGAGA...CTG-----G-----G-CT-G-----GTT	7817
A_SE.UGSE7535	A-----A-----CCG-----C-----CAC	-----A-T-----	CTCAAGGGATTGAGA...CTG-----G-----G-CT-?-----GTT	7888
A_SE.SOSE7253	-C-CA-----CC-----C-C-----	-----A-C-----	AGTCTCAAGGGGTTGAGA...CTG-----G-----G-CT-G-----C-T-?-----T	7842
A_SE.SE8131	CA-A-C-----CC-----	-----AGG-A-----	CTCAAG-----CT-G-----T-GTT	7992
A_UG.U455	CGC-----G-----AGC-----	-----C-----	AGCCCTCAAGGGACTGAGA...CTG-----G-G-----G-CT-?-----T-G-T	8077
A_UG.92UG037	CA-----C-G-----C-----	-----A-C-----	AGTCTCAAGGGGTTGAGA...CTG-----GA-----G-CT-G-----GTT	8008
B_CONSENSUS	-----C-----	-----A-----	TGG????CT????G?G?..AGG-----T-----T-----G-----	8845
B_AU.MBC200	-----A-----	-----G-----	-----T-----G-----	8651
B_AU.MBC925	-----G-A-----	-----T-----	-----G-----	8645
B_CN.RL42	-----G-A-----AC-----	-----T-----	-----G-----	7979
B_DE.HAN2	-----C-G-----	-----T-----	-----G-----	8088
B_DE.D31	-----G-----	-----T-----	-----G-----	8153
B_ES.89SP061	-----A-----G-----	-----T-----G-----	-----G-----	8204
B_GA.OYI	-----C-----C-G-----	-----AT-----G-----	-----G-----	8165
B_GB.MANC	-----G-A-----	-----T-----	-----G-----	8586
B_GB.CAM1	-----G-----	-----T-----	-----G-----	8627
B_NL.ACH320A	-----G-----	-----T-----	-----G-----	8630
B_TW.LM49	-----C-G-----C-----A-----G-----	-----A-----	-----T-----G-----	8597
B_US.SF2CG	-----G-----	-----TGGAACTTCTGGGACGCAGG	-----CT-----C-T-----G-----	8631
B_US.DH123	-----G-----	-----T-----	-----G-----	8595
B_US.NY5CG	-----G-----	-----T-----	-----G-----	8563
B_US.AD8	-----G-----	-----G-----	-----C-----	8616
B_US.WCIPR18	-----C-----	-----G-T-----	-----C-----	8195
B_US.YU2	-----C-----C-G-----	-----AT-----G-----C-----	-----C-----	8587
B_US.JRCSF	-----A-----G-----	-----T-----	-----G-----G-----	8613
B_US.MN	-----C-----	-----T-----	-----G-----	8640
B_US.BCSG3	-A-----A-----G-----	-----TGGAACTTCTGGGACGC..AGG	-----T-----G-----G-----	8158
B_US.896	C-----C-----A-----	-----T-----	-----T-----G-----	8615
B_US.WEAU160	-----A-----GT-----	-----T-----	-----T-----G-----	8633
B_US.RF	-----C-----G-----	-----GAT-----	-----G-----	8171
B_US.WR27	CA-A-G-G-C-G-AGCG	-----C-----	AGTCTCAGGGGACTACAG...AGG-----T-----CT-G-A-G---TG-G-	8004
C_CONSENSUS	A-A-A-C-G-AGCG	-----C-----	AGCCTCAGGGGAATACAG...AGA-----AT-----T-G-----T-G-AGGC---TG-G-	8256
C_BR.92BR025	CA-A-AG-G-C-G-AGCA-C-G	-----C-----	AGTCTCAGGGGACTACAG...AAG-----A-----T-G-T-CT-G-A-G---TG-G-	7984
C_BW.96BW0402	CACA-AG-GAC-G-AGCG	-----C-----	AGTCTCAGGGGACTCCAG...AGG-----AT-----T-G-----CT-G-A-G---TG-G-	8126
C_BW.96BW1104	A-A-G-GAC-G-AG-G	-----C-----	AGTCTCAGGGGACTACAG...AGG-----T-----T-G-----CT-G-A-G---TG-G-	7974
C_BW.96BW15C02	CA-A-C-G-A-AG-GT	-----AG-----	-----T-----T-----CT-G-A-GC---TG-G-	8104
C_BW.96BW0502	CA-A-G-A-C-GT-AG-G	-----C-----	AGTCTCAGGGGACTACAG...AGG-----T-----CT-G-A-GC---TG-G-	8109
C_BW.96BW16B01	CCA-A-G-G-C-G-A-CA-A	-----C-----	AGTCTCAGGGGACTACAG...AGG-----T-----CT-G-A-G---TG-G-	8109
C_BW.96BW1210	CA-----C-G-----C-----A-C-A	-----AG-C-----	AGTCTCAGGGGCTACAG...AGG-----T-----CT-G-A-GC---TGGS-	8004
C_BW.96BW17B03	CA-A-G-GA-G-AGCG-T-T	-----C-----	AGACTCAGGGGAATACAG...AGG-----A-----T-G-----CT-G-A---TG-G-T	8001
C_BW.96BW01B03	A-----C-G-----CA-----	-----C-----	AGTCTCAGGGGACTACAG...AGG-----A-----T-----CT-G-A-GC---TG-G-	8093
C_ET.ETH2220	CA-A-AG-G-C-GT-AGCG	-----C-----	AGTCTCAGGGGACTACAG...AGG-----T-----CT-G-A-G---TG-G-	8023
C_IN.301999	CA-A-AG-G-C-G-AG-GC	-----C-----	AGTCTCAGGGGACTACAG...AGG-----T-----CT-G-A-G---TG-G-	8055
C_IN.21068	CA-A-AG-GA-G-AG-G	-----AC-----	AGTCTCAGGGGACTACAG...AGA-----A-----G-----T-----CT-G-A-G---TG-G-	8018
C_IN.301905	CA-A-AG-G-C-G-AG-G	-----AC-----	AGTCTCAGGGGACTACAG...AGA-----T-----CT-G-A-G---TG-G-	7937
C_IN.301904	CA-A-AG-G-C-G-AG-G	-----A-AC-----	AGTCTCAGGGGACTACAG...AGA-----T-----CT-G-A-G---TG-G-	7979
C_IN.11246	A-----A-----C-G-----	-----T-----	-----CT-G-A-G---TG-G-	7949
D_CONSENSUS	A-----A-----C-G-----	-----A-----	-----CT-----G-----	8642
D_UG.94UG114	C-A-A-A-C-G-----	-----CAT-----	-----CT-----C-----G-----	7944
D_CD.NDK	A-----A-----C-GT-----A-----	-----CAT-----	-----CT-----C-----G-----	8130
D_CD.ELI	A-----A-----C-G-----G-----	-----CAT-----	-----CT-----C-----G-----	8162
D_CD.Z2Z6	A-----A-----A-----C-G-----	-----CAT-----	-----CT-----C-----G-----	8619
D_CD.84ZR085	A-----A-----A-----C-G-----	-----CAT-----	-----CT-----C-----G-----	8147

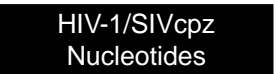
B_FR.HXB2	AGACTTACTCTTGTATTGTAACGAGGATTGTGGAACTTCTGGGA	.CGCAGG	.GGGTGGGAAGCCCTCAAATATTGGTGGAAATCTCCTACA	8626					
F_CONSENSUS	CA-A-A-C-G-?	.CAG	T-GGCCTGAGGGG?CTGA?G	AGG	CT-?	AC?	7929		
F1_BE.VI850	CA-A-A-C-G		GGCCTGAGG	AGG	T	CT-G	ACG-G	7903	
F1_BR.93BR020	CA-A-A-C-G		GGGCTGAAG	AGG		CT-G	AC	7930	
F2_CM.MP255C	A-A-C-G-C	.CAG	GTG-AA	GGG		CT-	ACG-	7785	
F2_CM.MP257C	A-CA-A-A-C-G-C	.CAA	TG-AA	AGG	T	CT-	CGC-	7818	
F1_FI.FIN9363	CA-A-A-C-G		GGACTGAGG	AGG		CT-G	CA-A	7922	
F1_FR.MP411	CA-A-A-C-G-A-C	.CAG	TA-C	AGG	A	CTA	C-GC	7793	
G_CONSENSUS	CA-C-G-CG		?C	AG?CTCAAGGGACTGAGA	CTG	G	T	GTT	8576
G_BE.DRCBL	CA-C-G-CG		AC	AGTCTCAAGGGACTGAGA	TTG		T	GTT	8586
G_FI.HH87932	CA-A-C-G-CG		A-AC	AGTCTCAAGGGACTGAGA	CTG	G-G	T	GTT	8017
G_NG.92NG083	G-G-C-G-A-CG		C	AGCCTCAAGGGACTGAGA	CTG	G	G-C-T	GTT	7973
G_SE.SE6165	CCA-G-C-CA		C	AGCCTCAAGGGACTGAGA	CTG	GT-T	T	GTT	8065
H_CONSENSUS	G-GT-C	G	A-A		A	GT	T	GTT	7996
H_BE.VI991	C-G-C	G	A-A			CT-CT-G	G-T	8025	
H_BE.VI997	C-TA-C	G	A-A		AA	G	CCT	T	7940
H_CF.90CF056	A-GT-C	G	A-A		A		CTC	T	7945
J_SE.SE91733	CG-C-G-C	G-AC	T		GAT		CT-GT	TG	7940
J_SE.SE92809	CG-C-G-C	G-AC	T		GAT		CT-GT	TG	7933
K_CM.MP535C	A-A-A-G-CC	AAG	TG		GGG-T		CT	TG	7786
K_CD.EQTB11C	G-A-CG-C	CAG	TG-A		GGGA-T		CCT	T	7809
CRF01_AE_CONSENSUS	CA-C-G-C		A-C	AGTCTCAAGGGACTGAGA	CGG	G	CT-G	GTT	8695
CRF01_AE_CF.90CF402	CA-C-G-C		A-C	AGTCTACAGGGACTGAGA	CGGA	G	CT-G	GTC	8710
CRF01_AE_TH.93TH253	CA-C-G-C		A-C	AGTCTCAAGGGACTGAGA	CGG	G	CT-G	GTT	8634
CRF01_AE_TH_CM240	AC-C-G-CG		A-C	AGTCTCAAGGGACTGAGA	CGG	G	CT-G	GTT	8200
CRF02_AG_CONSENSUS	TG-C-GT-GC		A-C	AGTCTCAAGGGACTGAGA	CTG		CT-G	?C	8179
CRF02_AG_DJ.DJ263	TG-C-GT-GC		A-C	AGCCTCAAGGGACTGAGA	CTG		CT-G	T	8022
CRF02_AG_DJ.DJ264	TG-C-GT-GC		A-C	AGTCTCAAGGGACTGAGA	CTG-T		CT-G	GAC	7981
CRF02_AG_NG.IBNG	A-C-G-C		A-AC	TGCTCAAGGGACTGAGA	CTG	G	CT	TA	8153
CRF03_AB_RU.KAL153	C-G							TC	8346
CRF04_cpx_CONSENSUS	A-A-G-C	G	ATA			G	CT	G-T	8691
CRF04_cpx_CY.94CY032	A-A-G-C	G	ATA			G	CT	G-T	7999
CRF04_cpx_GR.97PVMY	A-A-G-A-C	G	ATA			G-A	G	G-T	8680
CRF04_cpx_GR.97PVCH	A-A-C-G-C	G	A-A			G	CT	G-T	8725
AC_IN.21301	CA-CC-A-C		A-C	AGTCTCAAGGGTTGAGA	CTG	G	CT	GGT	7974
AC_RW.92RW009	A-C-G-CG		C	AGTCTCAGGGACTACAG	AGG	A	T-G	TG-G	7979
AC_SE.ETSE9488	CA		A-C	AGTCTCAAGGGACTGAGA	CTG	G	CT	T-G	7837
AC_ZM.ZAM184	T-GCA-C-G-C		A-C	AGTCTCAAGGGACTGAGA	CTG	G	GC-CTA	T-GTT	7972
ACD_SE.SE8603	A-CTG					AA	CT	G	7948
AD_SE.KESE7108	A-A-C-G-A	CGC	A-G				CCT	G	7843
ADH_NO.NOIIL3	C-G-C-AC-T-G		A			GA	CCT-G	T-G	8602
ADU_CD.MAL	A-C						CT	G	8209
AG_NG.92NG003	G-C-G-CA-CA-C-A		C	AGTCTCCAGGGACTGAGA	CTG	G-G	CT	GTT	7940
AGU_CD.Z321B	GCGCA-C-G-C-GAC-ATC					GA-T	CCT-G	TG-GAT	7826
AGJ_AU.BFP90	CGG-C-G-C-A					AT	CT-G	GA-TG	8674
AGJ_ML.95ML84	CG-C-G-C-AC					GAT	CCT	G-GTG	7830
AJU_BW.98-2117	CGC-C-G-C-CAC					GAT	G-CT-G	TGCC-T	8007
BF_BR.93BR029	CA-A-A-C-G	.CAG	CTG	AAG			CT-CT-G	GCG-T	7945
MO_CM.97CAMP645MO	CA-G-A-CAGGGA-CCA-CAG-GA-CAGTTA		CTTGGACTGTGGAT-CT-G			GACAGAAGATAATTA-T-TTG-G-AT	CCTATC-G-AGC	8137	
O_CM.ANT70	GCA-CAGGGA-CCA-A-G-GA-CAGCTA		A-GCTTGGACTGTGGAT-CTAG			GGCAGAAGATAATTA-T-TTG-G-AT	TGCAGC-G-AAC	8695	
O_CM.MVP5180	CA-A-A-CAGGGA-CCG-C-GA-C-CTAC		CTGGGACTGTGGAT-CT-G			GACAAAAGACAATT-TTG-T-G-CT	TG-AGC-G-AA-G	8721	
N_CM.YBF30	C-AC-G-G-C-C		CAGAGTCTCA			GGACTGCAACTACTGAATGAACCTCAGAACACACTT		8198	
SIVCPZUS	G-A-A-C-G-G-CA-AC-A-C		CAGAACATCAACAAGG-ACTG			CAACTGTTGAATGAACTCAGA		8655	
SIVCPZGAB	AG-GC-GC-A-GTG-ACAAC-CA-GACGT		CATCTAATACTT-A-CCTC			AGACTGCTACGGGAGAGACTGTGCTGCT-G		8687	
SIVCPZANT								7898	
Rev	R_L_T_L_D_C_N_E_D_C_G_T_S_G_#	#_O_#	#_V_G_S_P_O_I_L_V_E_S_P_T	Rev					
Env	D_L_L_L_I_V_T_R_I_V_E_L_L_G	R_R	G_W_E_A_L_K_Y_W_W_N_L_L_Q	Env					



	<- Rev CDS end	
B_FR.HXB2	GTATTGGAGTCAGGAACTAAAGAATAGTGTCTGTTAGCTTGCCTAATGCCACAGCCATAGCAGTAGCTGAGGGGACAGATAGGGTTATAGAAGTAGTACAAGGAGCTTGTAGAGCTATTCGCCACATACCTAG	8758
A_CONSENSUS	-----G--G-----A-T-----A-AT---TG-A--T-A-----GCT-----A-G--A-AT-G-----T-----	8355
A_KE.Q2317	A-----G--G-----A-T-----A-ATC-AG-TG-A--T-A-----GCT-----A-C--A-AT-G-----C-T-----GT	8216
A_SE.UGSE8891	A-----G--G-----ACT-----A-AT---TG-A--T-A--T-A-----G-T-----A-G--TT-----TT-----	7942
A_SE.TZSE8538	-----T-G-----A-T-----A-----TG-A--T-A-----GCT-----T-G--A-CT-----TTA-----GT	7975
A_SE.UGSE6594	A-----G--G-----A-T-----A-AT---TG-A--A-----GCT-----A-----A-AT-G-----T--T-----	7949
A_SE.UGSE7535	A-----G--G-----G-----A-AT---G-TG-A--T-A-----GCT-----C--A-----A-G-T-A-AT-G-----T--T-----	8020
A_SE.SOSE7253	-----G-----ACT-----A--T--T-TG-A--C--A-----GCT-----G-----T-A--A-AT-G-----T-A-----	7974
A_SE.SE8131	-----T-G-----T-----A--T--T-TG-CA--T-A-----GCT-----A-G--A-AT-G-----T--T-----	8124
A_UG.U455	-----G--G-----A-T-----A-CT---TG-C--TGT-AG-----G-T--T-----A-G--AC-AT-G-----T-A-----	8209
A_UG.92UG037	-----G--G-----A-T-----A-AT---TG-A--T-A-----GCT-----G-----AC--A-GCT-G-----T-A-----	8140
B_CONSENSUS	-----G-----A-----T-----T-----T-----	8977
B_AU.MBC200	-----G-----A-----T-----T-----T-----	8783
B_AU.MBC925	-----T-----A-G-----T-----T-----T-----	8777
B_CN.RL42	-----C-----C-----T-----A-T-T-----T-----A-----A-----A-----T-----C	8111
B_DE.HAN2	-----T-----A-G-----T-----T-----T-----C-----A-----A-----G-----T-----C	8220
B_DE.D31	-----C-----C-----T-----T-----T-----C-----A-----T-----A-----T-----GT	8285
B_ES.89SP061	A-----T-----C-----C-----T-----A-----T-----A-----T-----T-----	8336
B_GA.OYI	-----C-----TCA-----C-----T-----T-----A-----A-----A-----T-----T-A-T-----	8297
B_GB.MANC	-----TT-----TT-----TT-----T-C-----A-----A-----G-----A--T-G-----GT	8718
B_GB.CAM1	-----G-----T-----T-TG-A--T-T-----A-----A-----G-----A--T-G-----T-----GT	8759
B_NL.ACH320A	-----T-----T-----T-----T-----T-----G-----A-----G-----T-----GT	8762
B_TW.LM49	-----T-----G-----C-----T-----A-----C-----A-----A-----T-----T-----C	8729
B_US.SF2CG	-----T-----G-----C-----T-----A-----C-----A-----A-----T-----A-----A-----	8763
B_US.DH123	-----G-----G-----T-----C-----T-----G-----A-----A-----A-----T-----A-----G-----T-----A-----C	8727
B_US.NY5CG	-----G-----A-----T-----T-----TG-----A-----C-----A-----AT-----G-G-----C-----T-----C-----	8695
B_US.AD8	-----G-----G-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----G-----T-----A-----C	8748
B_US.WCIPR18	-----C-----C-----T-----T-----T-----AA-----A-----T-----A-----C-----G-----C-----T-----C-----	8327
B_US.YU2	-----T-----C-----T-----T-----A-----A-----T-----A-----T-----G-----TT-----GT	8719
B_US.JRC5F	-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----T-----A-----G-----T-----C-----	8745
B_US.MN	-----G-----T-----T-----T-----C-G-----A-----G-----T-----C-----	8772
B_US.BCSG3	-----C-----A-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----	8290
B_US.896	A-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C	8747
B_US.WEAU160	-----C-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----	8765
B_US.RF	-----G-----G-----G-----A-C-----C-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----AT-CT-----T-----TT-----	8303
B_US.WR27	-----G-----T-----G-----A-G-----A-TC---TG-A--T-A-----A-----A-----A-----C-----G-----A-----AT-T-----C-----TT-----C-----	8136
C_CONSENSUS	-----G-----TA-GT-----A-G-----A-TC---TG-A--T-A-----A-----A-----A-----A-----CA-----A-----AT-G-----C-----T-----A-----	8388
C_BR.92BR025	A-----G-----TA-G-----A-G-----A-TC---TG-CA-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----AT-----CT-TA-----C-----	8116
C_BW.96BW0402	-----G-G-TA-G-----A-G-----A-TC---TG-A--A-----A-----A-----AA-----T-GA-----A-----AT-G-----C-----A-----C-----	8258
C_BW.96BW1104	-----G-----T-----A-G-----AC---TC-T-AG-T--T-A-----G-----A-----A-----G-----A-----A-----AT-A-----T-----T-----A-----T-----	8106
C_BW.96BW15C02	-----G-----TA-G-----A-G-----A-TC---TG-A--T-A-----A-----A-----A-----A-----T-CA-----A-----AT-----	8236
C_BW.96BW0502	-----G-----TA-G-----A-G-----CA---ATC---TG-A--T-A-----A-----A-----A-----A-----CT-CA--TT-A-AT-----C-----A-----	8241
C_BW.96BW16B01	-----G-----T-----A-G-----A-TC---TG-A--T-A-----A-----A-----A-----A-----C-----AC-----T-----T-----C-----A-----	8241
C_BW.96BW1210	-----G-----T-----G-----A-G-----A-AT---TG-A--A-----A-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----AT-----C-----A-----T-----	8136
C_BW.96BW17B03	-----G-----T-----G-----A-G-----A-ATC---TG-A--T-T-A-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----AT-----C-----T-----A-----C-----	8225
C_BW.96BW01B03	-----G-----T-----G-----A-G-----A-ATC---T-----A-----A-----T-----G-----A-----A-----AT-----T-----A-----A-----AT-G-----T-----CT-----A-----	8155
C_ET.ETH2220	-----G-----ATA-G-----A-GG-----A-TC---TG-TT-----A-----G-----A-----A-----AA-----T-----T-----A-----AT-----C-----A-----C-----	8187
C_IN.301999	-----G-----T-----G-----A-G-----A-ATC---TG-AGA-T-----A-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----AT-----C-----A-----	8150
C_IN.21068	-----G-----T-----G-----A-G-----A-TC---T-TG-AT-T-----A-----A-----A-----AA-----T-----A-----AT-----C-----A-----	8069
C_IN.301905	-----G-----T-----G-----A-G-----A-TC---TG-AT-T-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----C-----A-----	8111
C_IN.301904	-----G-----T-----G-----A-G-----A-C---GC---TG-AT-T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----	8081
C_IN.11246	-----G-----T-----G-----A-G-----AG-----?TG-A--T-A-----A-----A-----A-----C-----G-----TTA-----C-----?	8772
D_CONSENSUS	-----T-----G-----G-----AG-----C-T-T-----A-----T-----A-----C-----C-----G-----A-----GT-----TTA-----GT	8076
D_UG.94UG114	-----T-----G-----G-----AG-----TG-A--T-A-----A-----A-----A-----A-----C-----G-----TTA-----G-----C-----	8262
D_CD.NDK	-----G-----G-----C-----AG-----T-TG-A--T-A-----A-----A-----A-----A-----C-----G-----TTA-----C-----	8294
D_CD.ELI	-----G-----G-----C-----AG-----TG-A--T-A-----A-----A-----A-----A-----C-----G-----TT-----C-----C-----	8751
D_CD.Z2Z6	A-----G-----G-----C-----AG-----TG-A--T-A-----A-----A-----A-----A-----C-----G-----TT-----C-----C-----	8279
D_CD.84ZR085	A-----GA-----G-----A-----G-TG-----A-----A-----A-----A-----CA-----AGGA-----A-----G-G-TT-----C-----C-----	8279

	<- Rev CDS end	
B_FR.HXB2	GTATTGGAGTCAGGAACTAAAGAATAGTGTGTTAGTCTCAATGCCACAGCCATAGCAGTAGCTGAGGGGACAGATAGGGTTATAGAAGTAGTACAAGGAGCTTGTAGAGCTATTCCGCCACATACCTAG	8758
F_CONSENSUS	-----?-----A-----?---T-T---A-----A-----?-----A?-----TT-G---A---G-----G---T-A-----	8056
F1_BE.VI850	-----A-C---C-T-T---A-----A-----T-----A-----AA-----TT-G---A---G-----G---T-A-----	8035
F1_BR.93BR020	-----G-----A-----T-----A-----T-----A-----A-----CTT-G---A---G-----G---T-A-----	8062
F2_CM.MP255C	-C-----G---G---T-----A---TC-AT-TG-A---T---A-----A-----AA-C-----TT-G---A---G-----G-C-T-----	7917
F2_CM.MP257C	-----G-----A---TC--T-GG-AGA---A-----A---A-----AA-C-----A-TT-G---A---G-----G---T-A-----	7950
F1_FI.FIN9363	-----A-----T-T---A-----A---T-----A-----A-----A-----CTT-G---A---GT-----G---T-A-----	8054
F1_FR.MP411	-----A-----T---A-----A---T-----A-----A-----A-----TT-G---A---G-----G---T-A-G-----	7925
G_CONSENSUS	-----G---G-----A---AT---TG---A-A-T---A-----A-CT-----C---A-----G-----T-A-----C	8708
G_BE.DRCBL	-----GC---G-----A---AT---TG---A-A-T---A-----A-CT-----C---A-----G-----G---T-A-----C	8718
G_FI.HH87932	-----G---G---G-----A---AT---TG---A-A-T---A-----A-CT-----A-----C---C---T---G---T---TTA-----C-C	8149
G_NG.92NG083	-----G---G-----A---AT---TG---A-A-T---A-----AC---A-C-----C---A-----A-----T-A-G-----C	8105
G_SE.SE6165	-----G-CAG-----A---T---TG---A-AGT---A-----A-TT-----C---A-----C---T-A-----C	8197
H_CONSENSUS	-----G-A-----A---AT---T---CA---A-----A-----A-----A-----G---A-----G-----T-----	8128
H_BE.VI991	-----G-A-----G-----A---T---A---T---A---T---A-----T-----A-----A-----C---G---A-----G-----C---T-----	8157
H_BE.VI997	-----G-A-----A---AT---T---CA---A-----T-----A-----AA-----A---G---A-----G-----G---T-----	8072
H_CF.90CF056	A-C---G-A-----A---GAT---T---CA---A-----A-----A-----G---A-----T-A---G---A-----G-----T-----	8077
J_SE.SE91733	-----G-G-----A---T---T---A-----A-----A---A-----AA-C-----A---C-----A-----T-----TT-----	8072
J_SE.SE92809	-----G-G-----A---T---T---A-----A-----A---A-----AA-C-----A---C-----A-----T-----TT-----	8065
K_CM.MP535C	-----G-----CA-----T---A-----A-----GA---A-----AA-----A---G---A-----T-----T-A-TT-----	7918
K_CD.EQTB11C	-----G-----GA-----CA---A-----T---A-----A-----A---A-----AA-C-----GA---T-CA-----T-----T-A-TT-----	7941
CRF01_AE_CONSENSUS	A-----G-C-----A-T-----A-TCT---TG---T---A-----G-G-T-----A---C-----G---C---T-----	8827
CRF01_AE_CF.90CF402	A-----GT-----GA-T-----A-CT---TG---T---A---A-----G-G-T-----A---C---A-----G---C---T---T-----	8842
CRF01_AE_TH.93TH253	A-----G-C-----A-T-----A-TCT---T-TG---TTT---AG---TG---G-G-T-----C-----C-----G---C---T-----	8766
CRF01_AE_TH.CM240	A-----G-C-----A-T-----A-TCT---TG---T-----T-----C---G-G-T-----C-----C-----G---C---T-----	8332
CRF02_AG_CONSENSUS	A-C---G-----A---AT---TG---A-A-T---A-----A-CT---C---A-----A---G---A---T-G-----A-----	8311
CRF02_AG_DJ.DJ263	A-C---G-----A---AT---TG---A-A-T---AT-----A-TT---C---A-----A---G---A---T-G-----T-A-----	8154
CRF02_AG_DJ.DJ264	A-C---G-G-----A---AT---TG---A-A-T---A-----A-CT---C---A-----A---G---A---T-G-----TA-----GT	8113
CRF02_AG_NG.IBNG	A-C---GT-----A---AT---T---A-A-T---A---T-----A-CT---A-C-----A---G---A---TGG-----A-----	8285
CRF03_AB_RU.KAL153	-----T-----G-----A---ATC---A-AGG---A---T---A-----G-T-----A---G---A---TT-----G---TA-----	8478
CRF04_cpx_CONSENSUS	-----G-A-----G---G-----A---AT---TG---A-----A-----A-----A-----C---GA-----G---A-----	8823
CRF04_cpx_CY.94CY032	-----G-A-----GA-----A---AT---T-T---A-----A-----A-----A-----C---GA-----T---A-----	8131
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-----G-A-----G---G-----A---T---TG---A-----AG-----A-----A-----C---G---GA---AT-----T-A-T-----	8812
CRF04_cpx_GR.97PVCH	-----G-A-----G---G-----A---AT---TG---A-----A-----A-----A---C-----C---GA-----A-----	8857
AC_IN.21301	A-----G---G-----A-T-----A-AG---G-TG---A---T---A---T-----GCT-----A-----A---G---AT-G-----T-----	8106
AC_RW.92RW009	-----G---T-----A-GG-----A-ATC---TG---A-----A---T-----A---A-----T---A---A---AT-A-C-----CTATA-----	8111
AC_SE.ETSE9488	A-----G-C-G-----GA-T-----A-C-AT---TG---A---T---A-----AC---AGCT-----C---G---A---AT-----T-A-----	7969
AC_ZM.ZAM184	A-----G-----T-G-----A---T---A---TG---A---T---A-----T-----A-----A---G---A---C-----C---A---T-----C	8104
ACD_SE.SE8603	-----T-----A---A---T-T---A---T---A-----T-----A-----A---G---A---AT-G---G---C---T-A---C-----	8080
AD_SE.KESE7108	A-----T-----G-A-T-----A---T---G-TG---AG-T---A---T-----GCT-----A---G---G---AT-G-----T-----	7975
ADH_NO.NOG1L3	-----G-A-----A---AT---T---CA---A-----A-----A-----A---G---A---A---G-A-----G---T-----	8734
ADU_CD.MAL	A-----G-----G-----A---T---A---A-----A-----A---C-----A---G---A---TT-G-----T-----	8341
AG_NG.92NG003	-----G---G-----A---AT---A-TG---A-A-T---A-----A-CT---C-----C-----T---A-----	8072
AGU_CD.Z321B	C-C---G-----A---AT---TG---A-AGT---A-----CT-----A-----A---G-----T---T-A-----A-----	7958
AGJ_AU.BFP90	T-----G-A-----C-----A---T---AT-TG---AG---A-----A-CT-----GC-----A---AT---T-----T---TTA---G-----	8806
AGJ_ML.95ML84	T-----G-A-----A---T---AA-TG---A-A---A-----A-CT-----A-----A---T-----G---TTA-----	7962
AJU_BW.98-2117	A-----G-GAG-----A---T---G---A---T---A---A-----A-CA-----A---C-----A---C---T---G---G---TT-----GT	8139
BF_BR.93BR029	-----A-----T---A-----A---T-----A-----A-----A-----A---C-----A---C---T---G---G---TTA---G-----	8077
MO_CM.97CAMP645MO	A-C---CT---A---T-GC-----C---ACA---A-A---AG---A---CTT---AG-GA---T---CA-TT---T---C---TA-A---TTT---GGA---A-GATAG-A---G-GA---A-TTA---T-CC---A-	8269
O_CM.ANT70	A-C---CTA---A---T-GC-----ACA-----AG-CA-ACCTT---AG-G---CA-TT---T---CG-CA-A---C-C---GGA---A---ATAG-A---C---GA---TA---C---A-	8827
O_CM.MVP5180	A---CTA---A---T-G---A-----ACA-A-C---TG---A-T-TT---AG-GT---T---CA-TT---T---CG-CA-C---CTT---GTC---A---ATAG-ACA---GAT-C-TT---C---A-	8853
N_CM.YBF30	A---G-AA---A---GT---G-G-----A-C---T---A---A---T---T---T---A---A---A-----A---T---C---A---ATAG-A---G-GA---ATTA-----C---A-	8330
SIVCPZUS	T-C---GCAAG---G---AGT---ACA-----AT-AG---A---A---T-----A---A---T---AA-----T---AC-AG-A-GCTC-T-CT---G---ATA-----A-	8787
SIVCPZGAB	A-----G-AA---G---A-T-----A-A---C---TG---A---T---T-----A---A---T-----AA-A-----CTT-T---TTA-ACT---AT---A-AA---C-----	8819
SIVCPZANT		7898

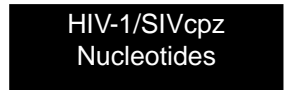
Rev V_L_E_S_G_T_K_E_\$ Rev CDS end
 Env gp41 Y_W_S_Q_E_L_K_N_S_A_V_S_L_L_N_A_T_A_I_A_V_A_E_G_T_D_R_V_I_E_V_V_O_G_A_C_R_A_I_R_H_I_P_R Env



	Env CDS gp41, gp160 end (frame 2) <-	Nef CDS start -> (frame 3)	
B_FR.HXB2	AAGAATAAGACAGGGCTTGGAAAGGATTTTGTCTATAAG	ATGGGTGGCAAGTGGTCAAAAAGTAGTGTGATTGGATGGCCTACTGTAAGGGAAAGAATGAGACGAGCT	8865
A_CONSENSUS	C T GC C	CA AG G GAG T A A	8462
A_KE.Q2317	C A GC C	G CA AG G GAGA T C	8323
A_SE.UGSE8891	GC A AA GC A C	G CA AG G G AG T G GC A	8049
A_SE.TZSE8538	C T GC C	G A CAAGAG T GAG T A A G A A	8082
A_SE.UGSE6594	C C GC C	C CA AG G GAGA T	8056
A_SE.UGSE7535	T G T GC C	G AA AG G GAG T A T	8127
A_SE.SOSE7253	T T GA GC A T	A CA AG G G GAG C GC A AGA	8081
A_SE.SE8131	T T GC A C	AAT G T G GAG T A A	8219
A_UG.U455	C A A GC C	C AG CAGAG G A GAG T A GA A	8316
A_UG.92UG037	C G C GC A C	AA G T CA AG G GAG T A A A	8247
B_CONSENSUS	GC GCAGC	C G GACCCAGC	9097
B_AU.MBC200	GC	TCGCGC	8884
B_AU.MBC925	T GC A	A AT	8884
B_CN.RL42	A A GC A	CA A T G A	8218
B_DE.HAN2	G G A GC A	T G G A A A	8321
B_DE.D31	A GC C	A G G G A A	8392
B_ES.89SP061	A GC A	T AAA A A	8443
B_GA.OYI	GC	T A AG A AG	8404
B_GB.MANC	T A A AGC A	AAA C C GG T G A CA	8833
B_GB.CAM1	A A C A	C C GG T G A CA	8866
B_NL.ACH320A	B_NL.ACH320A GC A GCAGC	C C GG T G A CA	8874
B_TW.LM49	A TC GC A	C A ACC T A A A A	8836
B_US.SF2CG	T C C	C A GG T G A	8870
B_US.DH123	G T A GC C	T GT G G G G T G A	8834
B_US.NY5CG	A A C C	C A G G A A A A	8802
B_US.AD8	C C	C A GC C	8855
B_US.WCIPR18	GC	C G G G	8434
B_US.YU2	AGC	C A GC C	8826
B_US.JRCSF	GC	CA CC T	8852
B_US.MN	GC	A C C	8876
B_US.BCSG3	C C	C TG A GG A G	8397
B_US.896	C GC	A G CAGAG AG A	8854
B_US.WEAU160	A GC	A TA C GT G G A A	8872
B_US.RF	A GC G A	C AGA GG G A CA AA	8410
B_US.WR27	A G	C GG G A D	8243
C_CONSENSUS	T GCAGC A A	G ? C A AG G A A AGACCAGCAGT	8505
C_BR.92BR025	C T GCAGC A A	GAA A T ACAG G C G A A	8223
C_BW.96BW0402	T GCAGC A A	G C A AG G A A A	8365
C_BW.96BW1104	T CAGC A A	G A AAA A AA A C A A	8213
C_BW.96BW15C02	G T GCAGC A A	G C A AG G A A A A	8343
C_BW.96BW0502	T GCAGC A A	G T C G A A A AGACCAGCAGT	8353
C_BW.96BW16B01	C T GCAGC A C	G G A A A	8333
C_BW.96BW1210	T GCAGC AG A	G GGG C AAT GTCA AA C G A T A A A	8231
C_BW.96BW17B03	T GCAGC A A	G A G A AG A A A A	8239
C_BW.96BW01B03	AT T GCAGC A A A	G A T C A AG T G A A A A	8332
C_ET.ETH2220	GCAGC A A	G C AT T C CAG A G A A A	8262
C_IN.301999	T TAGC A A	G T C CA AG G A C A	8294
C_IN.21068	T GCAGC A A	G T C CA AG GA A A G A	8257
C_IN.301905	T GCAGC A A	G T C CA AG G A A G	8176
C_IN.301904	T GCAGC A A	G T C CA AG GA A A G A	8218
C_IN.11246	T GCAGC A A	G T C CA AG GAGA A G A	8188
D_CONSENSUS	A GC A A	A A AG G A A A A GATCCAAGGGA	8889
D_UG.94UG114	C G GC A A	C A AG G A A A	8183
D_CD.NDK	C C A	A T AG G A A A A	8369
D_CD.ELI	A TC A T A	A A AG G A A A A	8401
D_CD.Z226	A C T C	GA A AG G A A A	8858
D_CD.84ZR085	T A GC A	A A AG G A A A A GATCCAAGGGA	8397

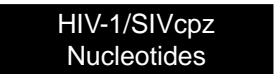
	Env CDS gp41, gp160 end (frame 2) <-	Nef CDS start -> (frame 3)	
B_FR.HXB2	AAGAATAAGACAGGGCTTGGAAAGGATTTTGTCTATAAG.....	ATGGGTGGCAAGTGGTCAAAAAGTAGTGTGATTGGATGGCCTACTGTAAGGGAAAAGAAATGAGACGAGCT.....	8865
F_CONSENSUS	-----G-A-----GC-----A-----	-----A-AG-----G-?-	8162
F1_BE.VI850	-----GCA-----GC-----G-A-----	-----G-----C-A-AG-----G-----G-----A-A-C-----	8142
F1_BR.93BR020	-----GC-----A-----	-----A-AG-----G-A-----G-A-C-----	8169
F2_CM.MP255C	-----TGCT-----T-----	-----A-AG-----A-----GC-A-----	8024
F2_CM.MP257C	-----TC-T-----AGC-----A-----	-----A-AG-----G-A-----A-GC-A-----	8057
F1_FI.FIN9363	-----A-AG-A-----GC-----A-----A-----	-----A-AG-----G-A-----C-C-----	8161
F1_FR.MP411	-----G-----A-----G-----A-----	-----T-----A-AG-----G-----A-GA-C-----	8032
G_CONSENSUS	-----G-----A-----A-----AGC-----A-----	-----A-----CA-AG-----?GAG-----A-----A-A-C-----	8814
G_BE.DRCBL	-----G-----A-----A-----AGC-----A-----	-----AAA-----G-AA-AGC-----CGAG-----C-A-----A-CAC-----	8825
G_FI.HH87932	-----G-----A-----A-----AGC-----A-----	-----A-----A-----A-----G-G-----A-----A-A-C-----	8247
G_NG.92NG083	-----G-----A-----A-----AGC-----A-----	-----G-----CA-AG-----CAGA-----A-----A-A-----	8212
G_SE.SE6165	-----G-----A-----A-----AGC-----A-----	-----A-----CA-AG-----CGAG-----A-----AAC-A-C-----	8304
H_CONSENSUS	-----T-----T-----?	-----C-----A-----A-----A-AGG-G-----G-----A-G-----	8235
H_BE.VI991	-----T-----T-----GC-----C-----	-----A-----A-----A-----G-T-----A-AG-G-----G-----A-G-A-----	8265
H_BE.VI997	-----C-----T-----T-----	-----A-----A-----A-----A-AG-G-----G-----A-G-----	8180
H_CF.90CF056	-----T-----T-----A-GC-----T-----	-----A-----A-----A-----GA-GG-G-----T-----A-----G-----	8185
J_SE.SE91733	-----T-----A-----AGC-----A-----	-----GAA-----CAG-----C-----G-----GCTCCT.....	8173
J_SE.SE92809	-----T-----A-----AGC-----A-----	-----GAA-----CAG-----C-----G-----G-----	8160
K_CM.MP535C	-----TC-C-----AGC-----A-----A-----	-----A-AG-----G-A-----A-----	8025
K_CD.EQTb11C	-----T-----AC-----A-----A-----	-----A-AG-----T-----AA-A-----	8048
CRF01_AE_CONSENSUS	-----C-----A-----GC-----C-----	-----A-----CA-AG-G-----CAG-C-----A-AG-A-A-----CCTGTAGCAGA	8945
CRF01_AE_CF.90CF402	-----C-----A-----GC-----C-----	-----A-----T-CA-AG-G-----CAG-C-----A-G-A-A-----CCTGTAGCAGA	8960
CRF01_AE_TH.93TH253	-----C-----A-----GC-----C-----	-----A-----CA-AG-G-----CAG-C-----A-AG-A-A-----	8873
CRF01_AE_TH.CM240	-----C-----A-----C-----C-----	-----AA-T-----CA-AG-G-----CAG-C-----A-AG-A-A-----	8439
CRF02_AG_CONSENSUS	-----C-----TC-C-----GC-----C-----	-----C-----CA-AG-G-----AG-T-----A-AG-A-C-----	8418
CRF02_AG_DJ.DJ263	-----C-----TC-T-----GC-----C-----	-----A-----C-CA-AG-G-----AG-T-----A-AG-A-C-----	8261
CRF02_AG_DJ.DJ264	-----C-----A-TC-C-----GC-----C-----	-----C-----C-CT-AG-G-----AG-T-----A-T-AGA-C-----	8220
CRF02_AG_NG.IBNG	-----C-----C-----GC-----C-----	-----C-----CA-AG-G-----AG-T-T-A-----A-A-C-----	8392
CRF03_AB_RU.KAL153	G-----C-----GCA-----A-GC-----A-----C-----	-----G-----A-----CA-AG-G-----CAG-T-----A-----CCT.....	8588
CRF04_cpx_CONSENSUS	-----C-----T-----AGC-----T-----A-----	-----A-----A-T-A-----C?-AG-?-G-GA-----G-----CGAGCTGAGCC	8940
CRF04_cpx_CY.94CY032	-----C-----C-----T-----AGC-----T-----A-----	-----A-----A-----A-----CA-AG-----GAGA-----G-----CGAGCTGAGCC	8249
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-----C-----C-----T-----AGC-----T-----A-----	-----A-----AAAT-A-----AG-G-----G-----CGAGCTGAGCC	8919
CRF04_cpx_GR.97PVCH	G-----C-----T-----AAGC-----T-----A-----	-----A-----T-A-----CT-AG-G-----G-GA-----G-----CGAGCTGAGCC	8975
AC_IN.21301	-----C-----A-----AGC-----C-----	-----T-----C-----C-AG-G-----GAG-T-----A-----TA-----	8213
AC_RW.92RW009	C-----C-----T-----GCAGC-----A-----A-----	-----AA-----T-----CCAG-A-----G-----A-----C-A-G-A-A-----	8218
AC_SE.ETSE9488	-----C-----C-----GCC-----C-----	-----CA-A-A-----CAGA-T-----G-----A-G-CA-----	8076
AC_ZM.ZAM184	-----T-----T-----GC-----A-G-----A-----	-----A-----CA-AG-G-----GAA-T-----G-----A-A-A-----	8211
ACD_SE.SE8603	-----T-----T-----GC-----A-----A-----	-----A-----A-----T-----A-AG-A-----G-----A-----A-----	8187
AD_SE.KESE7108	-----T-----T-----C-----GC-----A-----C-----	-----CA-AG-G-----GAG-T-----T-----	8082
ADH_NO.NOIIL3	-----T-----A-----T-----Y-----CA-----	-----A-----A-AG-G-----G-A-----A-----G-----	8842
ADU_CD.MAL	-----T-----T-----C-----GC-----C-----	-----CA-AG-A-----AGA-T-----A-----A-----	8448
AG_NG.92NG003	-----G-----A-----A-----AGC-----A-----	-----A-----A-----CA-AG-----CG-G-----G-----A-----A-A-C-----	8179
AGU_CD.Z321B	-----C-----A-----A-----AGC-----A-----	-----AAA-----A-----G-----T-----CAG-----G-----A-----A-C-----	7995
AGJ_AU.BFP90	-----A-----A-----T-----AGC-----A-----A-----	-----A-----A-----G-----CC-AG-----CAG-----A-----A-A-C-----	8901
AGJ_ML.95ML84	-----A-----A-----GGCA-----AGC-----A-----A-----	-----GA-----C-----C-A-A-----GCAG-----AG-----CCT.....	8069
AJU_BW.98-2117	-----T-----T-----GC-----A-----A-----	-----A-----A-----AG-G-----G-A-----T-A-----A-A-C-----	8248
BF_BR.93BR029	-----T-----T-----GC-----A-----A-----	-----AAA-GCA-T-GG-C-G-----AAT-T-AG-----G-AG-A-----A-----A-A-TCCCCTAAGCC	8184
MO_CM.97CAMP645MO	G-----T-----T-----A-----A-----G-----AT-G-----C-----	-----AAA-GCA-T-AG-----G-----AAT-TGAG-----G-AG-A-----A-----A-AGAACTTTCCC	8387
O_CM.ANT70	G-----T-----T-----A-----A-----G-----AT-G-----C-----	-----AAA-GCA-T-AG-----G-----AAT-TGAG-----G-AG-A-----A-----A-AGAACTTTCCC	8945
O_CM.MVP5180	-----T-----A-----TGCA-----A-----C-----AG-G-----C-----	-----GAATGCA-----AGC-----C-AAT-TGCA-----T-AGAA-----A-----T-----T-CTCCTGTATCC	8971
N_CM.YBF30	-----C-----A-----C-----A-----AGCAC-----A-----	-----AAAG-TT-----G-----C-----CC-AG-A-----AGAAA-C-A-----A-----CAAACGCAAGAACCC	8448
SIVCPZUS	-----T-----G-----A-----C-----A-----G-----A-----GC-----AT-----	-----AA-----T-----G-----CA-AG-A-----AGAA-C-AA-C-----T-----A-A-CAGACA.....	8898
SIVCPZGAB	GC-C-----A-----GC-----AGC-----A-----T-----C-----ACTGCATTAAG-----AAC-----A-----T-----C-----G-----A-----GAG-----C-----AAG-----A-----GGA-----		8938
SIVCPZANT			7898

Env gp41 R I R O G L E R I L L \$ Envelope CDS gp41 and gp160 end
 Nef CDS start M G G K W S K S S V I G W P T V R E R M R R A Nef



B_FR.HXB2GAGCCAGCAGCA..GATAGGGTG.....GGAGCAGCATCTCGAGACCTGGAAAAACATGGAGCAATCACAAGTAG	8933
A_CONSENSUSCCT-----AGGA-AG-A-AA??C?AGC?CCTACAGCAGCAACAGGAGTA-----T--A--TT-A-T-----G-----C--	8559
A_KE.Q2317CCT-----..CCAG-A-A..-----T--A--T-A-T-----G-----A	8391
A_SE.UGSE8891CCT-----..A-AG-A-A..-----T--A--TT-A-T-----G-----C--	8117
A_SE.TZSE8538CCT-----..A-AG-A-A..-----T--A--TT-A-T-G-----G-----C--	8150
A_SE.UGSE6594CCTT-----..-CA..-----T--A--TT-A-CT-----G-----C--	8127
A_SE.UGSE7535CCT-----..ACAG-A-A..-----T--A--TT-A-T--T-----G-----C--	8195
A_SE.SOSE7253CTTG-----..AGAG-A-A..-----T--A--TT-A--T-----G-----C--	8149
A_SE.SE8131-G--TC-----..CTCATACTCCAGCTCCTACAGCAGCAACAGGAGTA-----T--A--TT-A-----C--	8311
A_UG.U455CCTG-----..A-AG-A-A..-----T--A--TT-A-T--T-----G-----C--	8384
A_UG.92UG037CCTA-----..AGG-A--AACAAGACAAGCCCCTACAGCAGCAAAAGGAGTA-----T--A--TT-A-T-----G-----C--	8348
B_CONSENSUS	AGAAGAGGGGAGAAAGAAACAAGCT.....GCA--G--AGACGAGCTGAGCCAGCAGCAGATGGGGTG-----T-----	9223
B_AU.MBC200-C--GG-A..AGA--AGA..CGAGCTGAGCCAGCAGCAGATGGGGTA-----G-----C--	8979
B_AU.MBC925-G-----..-----G-----A-----C-----	8952
B_CN.RL42-G--A-----..-----T-----	8286
B_DE.HAN2-T-AGC-----..CA-----..GCA..GATGGGGTG-----A-----	8395
B_DE.D31-GG-----..-----T-----	8460
B_ES.89SP061-G-----..-----T-----	8511
B_GA.OYI-C-ACAGCCACTGAGCCAGCAGCAGAGGGGGTG-----T-----	8487
B_GB.MANC	AGAAGAGGGGAGAAAGAAACAAGCT.....-GG-----..-----T-----T-----	8926
B_GB.CAM1-CG--T--G-----..CCAGCAGCAGAGGGGGTG-----T--A--T-----	8946
B_NL.ACH320A-G-----..-----T-----G-----	8942
B_TW.LM49GCA--G-----..-----T-----G-----	8907
B_US.SF2CG-CG--T--G-----..CCAGCAGCAGATGGGGTG-----T-----	8950
B_US.DH123-G-----..TCGTGAGCCAGCAGTAGGGGGTG-----G-----	8917
B_US.NY5CG-A-----..-G-----..T-----T-----G-----C-----	8870
B_US.AD8-G-----..-G-----..G-----G-----C-----	8923
B_US.WCIPR18-G-----..-G-----..T-----G-----G-----	8502
B_US.YU2-A-----..-A-AA--AGACGAGCTGAGCCAGCAGCAGATGGGGTG-----T-----G-----	8924
B_US.JRCSF-A-----..-AGACAACTGAGCCAGCAGCAGTAGGGGGTG-----T-----C-----	8950
B_US.MN-A-----..-TGAGCTAGCAGCAGATGGGGTG-----C-----C-----	8953
B_US.BCSG3-G-----..-T-A-----..-----T-----	8465
B_US.896-A--T-A--CCA-----..GCAGCAGATGGGGTG-----T-----CG-G-----T-----	8931
B_US.WEAU160-AG-----..-----T-----T--C-----A-----	8940
B_US.RF-G-----..-----T-----G-----A-----	8478
B_US.WR27-GG-----..-----T-----A-----	8311
C_CONSENSUS	A?A??????AAC?GAGAGAGAAGCA.....-GG-A-A..G??CAGC?GCAGAGGGAGTA-----G--A--T-A-T--T--C-T--C--	8607
C_BR.92BR025-GG-A-A..-----C--G--A--TCA-T--T-C-G--C-G--C--	8288
C_BW.96BW0402-GG-A-A..-----A--G--A--T-A-T--G--C-T--CC--	8433
C_BW.96BW1104-GG-A-A..GGAGCAGCAGCAGAGGGAGTA-----T--A--T-A-T-G--G--C-T--C--	8302
C_BW.96BW15C02-GG-A-A..-----G--A--T-A-T--T--T--C-T--C--	8411
C_BW.96BW0502	AGAGGGGAGAACT.....-T-----..-GG-A-A..-----A--T-A-T--T--C-T--C--	8434
C_BW.96BW16B01-A-A..-----..GG-A-A--T-A-T--G-A--C-T--C--	8386
C_BW.96BW1210-A-T-----..GAGCCAGCGGCAGAGGGAGTA--GT-----AA--T-A-G-----GC-T--C--	8311
C_BW.96BW17B03	.AATCCACTAACAGAGAGAAGCA.....-AG-----..GTGGGAGTA--T-----G--A--T-A-T-----C-T--TCC--	8331
C_BW.96BW01B03-GG-A-A..-----T--A--T-A-T--T--C-T--CC--	8400
C_ET.ETH2220-CT-----..-GG-A-A..-----G--A--T-A-C--T--G--C-T--C--	8330
C_IN.301999-AG-A-A..-----G--A--T-A-T--T--C-T--C--	8362
C_IN.21068-GG-A-A..-----G--A--T-A-T-G-T--C-T--C--	8325
C_IN.301905-A-----..-AG-A-A..-----G--A--T-A-T--T--C-T--C--	8244
C_IN.301904C--G--G--G--AG-A-A..-----G--A--T-A-T--T--C-T--C--	8286
C_IN.11246C-----..-G-A-A..-----G--A--T-A-T--T--C-T--C--	8256
D_CONSENSUS	AAGAAGAAGACCT.....-T-----GCA--G--A-----T-----G-----	8973
D_UG.94UG114-AG-----..-----T-----C--G-----G-----C-----	8251
D_CD.NDK-T-----..-G--A-----..-----T-----G-----	8437
D_CD.ELIA-T-----..-G--A-----..-----T-----G-----	8469
D_CD.Z2Z6-T-----..-G--A-----..-----T-----G-----	8926
D_CD.84ZR085	AAGAAGAAGACCT.....GCA--G-----..-----T-----G-----G-----	8478

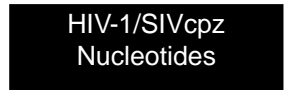
B_FR.HXB2GAGCCAGCAGCA..GATAGGGTG.....GGAGCAGCATCTCGAGACCTGGAAAAACATGGAGCAATACAAGTAG	8933
F_CONSENSUSCCTCCA?C?.....CCT?.....CCTCCAGCAGCAGAAGGGGTG.....TG--A--T-A-?-G-GG-G---T---C--	8256
F1_BE.VI850CCTA-----AG-----TG-----T-A-C-G-GG-----T---C--	8210
F1_BR.93BR020CCTCCAACC.....CCT-----GG-----TG--A--T-A--G-GG-G---T---C--	8246
F2_CM.MP255CGAAGGGGTG--GAA--TG--A--A--T-A-C-----G---T---C--	8080
F2_CM.MP257CGAAGGGGTG.....TG--A--T-A-T--G--G---T---AC--	8113
F1_FI.FIN9363CCT.....CCAG-----AG-----TG--A--T-A--G-GG-G---T---C--	8232
F1_FR.MP411CCTCCAGCAGCAGAAGGGGTG.....TG--A--T-A-T-GG-GA-G--G-T---C--	8100
G_CONSENSUSCCAATAAGA.....CCT?-----AG-A-A.....CCTCCAGCAGCAGAAGGGGTG.....TG--A--TT-A-?T-GG-----C--	8901
G_BE.DRCBLCCTG-----AG-A-A.....T--A--TT-A-T-GG-----C--	8893
G_FI.HH87932CCAATAAGA.....C-AA-CC--C--CA-----GCAGAAGGGGTG.....T--A--TT-A-CT-GG-----C--	8330
G_NG.92NG083CCTGT-----AG-A-A.....T--A--TT-A-CT-GG-----C--	8280
G_SE.SE6165CCTA-----AG-A-A.....T--A--TT-A-T-GG-----C--	8372
H_CONSENSUSAG--A--A.....TG-----TT--T-G-G?-G-G-----TC-A	8302
H_BE.VI991AG--A--A.....TG--A--TT-A-T-G-G-----TC-A	8333
H_BE.VI997C-----G--A--A.....T-----T--T-G-GA-G-G-----TC-A	8248
H_CF.90CF056-A--T-----AG--A--A.....TG-----TT--T-G-GC-G-G-----T--A	8253
J_SE.SE91733-CT-----G--A--A.....TG--A--TT--CT-G-----C--	8241
J_SE.SE92809CCC-----CT-----G--A--A.....TG--A--TT--CT-G-----C--	8231
K_CM.MP535CCGA.....CCAG--AC.....AG-GTGGGAACACAACCAGCAGCAGACGGGGTG.....T--A-----CT-G--G-G-----C--	8120
K_CD.EQTB11CCCT.....CCAG--AT.....GGGGTG.....T--A-----T--G-G-----C--	8116
CRF01_AE_CONSENSUS	AGAAAGG.....CAAACCT.....CCT-----AG-A-A.....T--A--T-A-T-----G-A-----C--	9026
CRF01_AE_CF.90CF402	AGAAAGG.....CAAACCT.....CCTG-----AG-A-A.....T--A--T-A-T-----G-A-----C--	9041
CRF01_AE_TH.93TH253CCT-----AG-A-A.....T--A--T-A-T-----G-A-----C--	8941
CRF01_AE_TH.CM240CCT--A-----AG-A-A.....T--A--T-A-T-----A-----C--	8507
CRF02_AG_CONSENSUSCCT-----ACAG-A-A.....A-----TT-A-T-G-----	8486
CRF02_AG_DJ.DJ263CCT-----ACAG-A-A.....A-----TT-A-T-G-----	8329
CRF02_AG_DJ.DJ264CCT-----ACAG-A-A.....A-----TT-A-T-G-----	8288
CRF02_AG_NG.IBNGCCTA-----ACAG-A-A.....A-----TT-A-T-G-----C--	8460
CRF03_AB_RU.KAL153-CT--G-----AGAG-A-A.....C--T--A--TT--T-GT-----G-----C--	8656
CRF04_cpx_CONSENSUS	AGCAAGAATGAGGCGAGCTCAAGCT.....-CAG-A-A.....TG--A--T--C-----G-----?C--	9032
CRF04_cpx_CY.94CY032	AGAAAGAATGAGGCGAGCTCAAGCT.....-CAG-A-A.....TG--A--T--C-----G-----T--A	8342
CRF04_cpx_GR.97PVMY	AGC.....TCGAGCT.....-TAG-A-A.....TG--A--T-A-C--T--G-----CC--	8997
CRF04_cpx_GR.97PVCH	AGC.....AGCTCAAGCT.....-CAG-A-A.....TG--A--T--C-----G-----C--	9056
AC_IN.21301CCTG-----CCAG-A-A.....T--A--TT-A-T-----G-T-----	8281
AC_RW.92RW009-GG-A-A.....G--A--A--C--T--G--C--T-----	8286
AC_SE.ETSE9488CCT-----ACAG-A-A.....TG--A--T--A--T-----C--	8144
AC_ZM.ZAM184CCT-----AG-A-A.....TG--A--TT-A-CTGC--G-----G-----C--	8279
ACD_SE.SE8603-GG-A-A.....G--A--T-A-T--T--G--C--G-----C--	8255
AD_SE.KESE7108CGTG-TC-TT-----CAGCACCA.....GGAGTA.....T--A--TT-A-T-----T-----	8156
ADH_NO.NOGIL3-AG-A-A.....G-----TT--T-G-G--G-----R--TC-A	8910
ADU_CD.MALCCC--A--A--ACAG-A-A.....GGAGCAGTATCTCAA-AT--T--A--TT-A-T--T-G-----GC-G-----C--	8531
AG_NG.92NG003CCT-----A--GAG-----TA-----C--A--T-A-CT-GG-----C--	8244
AGU_CD.Z321BCCACCAACA.....-AAG-----AG-A-A.....TG--A--TT--T-G-----G-----C--	7995
AGJ_AU.BFP90CCGCCAACA.....-AGG-----AG-A-A.....TG--A--TT--T-C-----G-----C--	8978
AGJ_ML.95ML84-AG-----AG-A-A.....TG--A--TT--T-C-----G-----C--	8146
AJU_BW.98-2117-CT-----GG-A-A.....TG--A--TT--T-G-----G-----C--	8316
BF_BR.93BR029CCT-----AG-----TG--A--T-A--G-GG-G---T---C--	8252
MO_CM.97CAMP645MO	TGATCCATTGGGAAAAACTTCCCCTGAGCCT--A--TGT--T..CC-G-A-A.....CA-ATC--CA-G--AT-A-C-GC-AGA--GG-AC---TC	8486
O_CM.ANT70-A--TGC-----CC-G-A-A.....CAGATC--CA-G--AT-A-C-GCTAGA--GG-AC---TC	9020
O_CM.MVP5180C-A--TGT-----CC-G-A-A.....T-TC--CA-G--GT-A-C-CTAGA--G-G--AT---TC	9043
N_CM.YBF30	AGCA.....-TAGAGC-----TAG-A-CA.....T--A--T-A-CT--T-GA-G-C-----C-TA--	8520
SIVCPZUSACAG-----AG-A-A.....C-T-TC--A--T-A-C-G-----G-T---T-C--	8966
SIVCPZGABCCAA-----GG-A-A.....A--TT--GAAG--A--G--C-----T---T--	9006
SIVCPZANT	7898
NefE P A A . D R V G A A S R D L E K H G A I T S S	Nef



B_FR.HXB2	CAATACAGCAGCTACCAATGCTGCTGTGCTGCCTAGAACACAGAGGAGGAGGAGGTGGGTTTTCCAGTCACACCTCAGGTACCTTTAAGACCAATGACTTACAAGGCAGCTGTAGATCTTAG	9059
A_CONSENSUS	?-----T-TATA-ATC-CC-AG--C-----G---G-----A--GATGAG--A-C-----GG-A-?-C-----G---?G---C--	8688
A_KE.Q2317	G-----TATA-ATC-CC-AG-AC-----G---G-----C-----T-A-C-----GG-A-A-----C-----G---G---C--	8511
A_SE.UGSE8891	-----TATA-ATC-CC-AG--C-----G---G-----A-----A-C-----GG-A-----C-----G---G---C--	8237
A_SE.TZSE8538	T-----TATA-ATC-CC-AG--CA--G-G-----C-----A-C-----AG-A-----C-----T-----G---T-T-C--	8270
A_SE.UGSE6594	-----CATA-AT-CC-AG--C-T-----G---G-----A-----A-C-----GG-A-A-----C-----G---G---C--	8247
A_SE.UGSE7535	-----TATC-ATC-CC-AG--C-T-----G---G-----C-----G-A-C-----GG-A-A-----C-----T---G---C-G-C--	8315
A_SE.SOSE7253	T-----T-TA-ATC-CC-AG-----G-----A-----A-C-----GG-A-T-----G---C-G-C--	8269
A_SE.SE8131	T-----TATC-ATC-CC-AG--CA-----G-----CAC-A--AGATGAG--A-C-----GG-A-A-----G---C-G-C--	8437
A_UG.U455	T-----T-T-----T-----CAG-----G---G-----A-GA-----C-A-C-C-----T-GG-A-----T---T-T-C--	8510
A_UG.92UG037	-----T-TA-ATC-CC-AG--C-T-----G---G-G-----A-A-----A-C-----G-A-----C---G-----T---T-C--CG-	8468
B_CONSENSUS	-----T-----A-----G??GAG-----G-----T-----	9353
B_AU.MBC200	-----A-----A-----GGG-----A-----G-----	9108
B_AU.MBC925	-----A-A-----A-----A-T-----A-----	9078
B_CN.RL42	-----T-----G-----G---C-----	8412
B_DE.HAN2	-----A-AT-C-----A-----A-A-----G-A-----G---T-----	8521
B_DE.D31	-----C-----T-----A-----T-----G-----	8586
B_ES.89SP061	T-----A-A-----A-----A-----G-----G---GT-----	8637
B_GA.OYI	-----T-----A-----T-A-----G-----G---T-----	8613
B_GB.MANC	-----T-----A-----G-----T-----G---CT-G-----	9052
B_GB.CAM1	-----T-----A-----C-----G-----G---T-----A-----	9072
B_NL.ACH320A	-----T-----A-----T-A-----A-----G---T-----	9068
B_TW.LM49	-----T-----A-----A-----G-----A-----GA-----G---A-T-----	9033
B_US.SF2CG	-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----	9076
B_US.DH123	-----A-----T-----T-----C-A-----GAG-----G---A-----C-T-----T-----A-----	9046
B_US.NY5CG	-----T-----AA-----C-----G-----A-CG-----A-G-----	8996
B_US.AD8	-----A-AT-----A-----A-----G-----A-----	9049
B_US.WCIPR18	-----T-----A-----C-----A-----A-----G-----G---T-----	8628
B_US.YU2	-----T-----A-----C-----A-----G-----C-----A-G-----	9050
B_US.JRCSF	-----A-----A-----T-T-----T-----A-----G-----A-----	9076
B_US.MN	-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----	9079
B_US.BCSG3	-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----	8591
B_US.896	-----TA-A-----A-AT-----G-----GA-----A-----G-----	9051
B_US.WEAU160	-----T-AG-AT-----A-C-T-----T-A-----T-----G-----G---GCAT-----	9060
B_US.RF	-----AT-----CA-----T-----GATGAG-----G-----G---T-----T-----	8610
B_US.WR27	-----T-----A-----A-----G-----A-----G-----A-----G-----T-----G---AT-C-----C--	8437
C_CONSENSUS	-----?CA-C-AT-----A-----G---G-----AGAA...A-A-C-----G-----G---T-----G---AT-C-----C--	8735
C_BR.92BR025	GC-C-T-C-AT-----A-----G---G---C-----AGAA...A-C-----G-----T-----TA-C-----C--	8417
C_BW.96BW0402	-----C-C-A-----A-----G-----G-----AGAA...A-C-----G-----T-----A-----C-----C--	8562
C_BW.96BW1104	-----C-C-C-AT-----A-----G-----G-----A...A-A-C-C-----G-----G---T-----AT-C-G-----C--	8428
C_BW.96BW15C02	-----CT-C-AT-----A-----CAGAT...A-A-C-----G-----G---T-----G---A-----C--	8540
C_BW.96BW05C02	-----AGCA-C-AT-----A-----G---G-----AGGA...T-A-C-----G-----G---T-A-G---AT-C---G--	8563
C_BW.96BW16B01	-----ACATC-AT-----GC-T---TGCCCCGCA-G-G---A-T...A-A-C-----G-----G---T-A-AT-T---C--	8512
C_BW.96BW1210	-----C-C-C-AT-----C-CA-----A-T-G-----AGAG...A-A-C-----G---C-----G---A-G---AT-C---C--	8440
C_BW.96BW17B03	-----C-T-----AT-----A-----GC-----CGAA...A-A-C-----G-----G---T---AT-C---C--	8460
C_BW.96BW01B03	G-C-----ACA-C-AT-----A-----GAG---G---A-AGGA...A-C-----G-----G---T---G---AT-C---CG-	8529
C_ET.ETH2220	-----C-C-C-AT-----C-A-----G---G-----AGAA...A-C-----G-----T---AT-C---C--	8459
C_IN.301999	-----ACA-C-T-----A-----GAG---G-----AGAA...A-A-C-----G-----G---TT---G---AT-C---C--	8491
C_IN.21068	-----ACA-C-T-A-----AGAA...GA-A-C-----G-----G---TT---G---AT---C--	8430
C_IN.301905	-----ACA-C-T-----A-----T-----GAG---G-----AGAA...A-A-C-----G-----G---T---G---AT-T---C--	8373
C_IN.301904	-----ACATC-T-CC-A-----T-----GA---G-----AGAA...A-C-C-----G-----G---TT---A-A-T---C--	8415
C_IN.11246	-----ACA-C-T-----A-----GAG-A-G-----AGAA...A-A-C-----G-----G---TT---G---AT-T---C--	8385
D_CONSENSUS	-----AG-T-----C-----A-AGCGAG...C-----G-----A-A-----	9102
D_UG.94UG114	-----CAG-T-----A-----C-----G-A-----A-A-----G-----A-----A---G---C---A--	8377
D_CD.NDK	-----AG-T-----A-A-C-----A-----G-----AGCGAG...C-----T-G-----A-A-----T---C--	8566
D_CD.ELI	-----AG-T-----AC-----A-----AGCGAC...C-----G---C-----A-A-----C---C--	8598
D_CD.Z2Z6	-----AGG-G-----T-----AC-----A-----AGCGAG...C-----G-----A-G---GT-----	9055
D_CD.84ZR085	-----A-----T-----C-----G-----G-A-----CGAG...C-----G-----G-----	8607

B_FR.HXB2	CAATACAGCAGCTACCAATGCTGCTGTGCTGCTAGAACACAAGAGGAGGAGGAGGTGGGTTTTCCAGTCACACCTCAGGTACCTTTAAGACCAATGACTTACAAGGCAGCTGTAGATCTTAG	9059
F_CONSENSUS	-----T?G-----T-C-AC-TG-----G-----?-----A-A-C-----G-----T-----C-----	8380
F1_BE.VI850	-----TAG-A-----T-C-AC-TG-----G-----A-A-C-----G-----C-T-----C-----	8336
F1_BR.93BR020	-----TAG-----AT-C-AC-TG-----G-----A-C-----A-A-C-----G-----C-T-G-----C-----	8372
F2_CM.MP255C	-----CAGG-A-----T-AC-TG-----G-----A-A-----A-----G-----T-----C-----C-----	8203
F2_CM.MP257C	-----T-GG-----T-AC-TG-----G-----G-----A-----A-----G-----T-----CC-G-----C-----	8236
F1_FI.FIN9363	-----T-G-----T-C-AC-TG-----G-----C-----A-A-C-----G-C-----T-G-----T-T-----C-----	8358
F1_FR.MP411	-----T-----T-C-AC-TG-----G-----T-----A-A-C-----G-----T-----TT-----C-----	8226
G_CONSENSUS	-----?-C-A?-C-A-----G-----CTCA-----A-C-----G-A-?-G-----T-----T-T-----C-----	9027
G_BE.DRCBL	A-----GC-----C-A-----G-----CTCA-----A-C-----G-A-----T-----T-----GT-T-----C-----	9022
G_FI.HH87932	-----A-C-AT-----C-C-A-----G-G-----A-----TTCA-----A-C-----T-G-A-A-----G-G-----C-T-----T-T-----C-----	8459
G_NG.92NG083	-----A-C-A-----C-A-----G-----CTCA-----T-A-C-----G-----G-A-----G-----T-----T-T-----C-----	8409
G_SE.SE6165	-----C-AT-----C-A-----G-----CTCA-----A-A-C-----G-----A-A-----G-----TT-----GT-----T-T-----C-----	8501
H_CONSENSUS	T-----T-----T-C-A-GCC-----G-----?-?-GAG-----A-A-C-----GG-?-C-T-----G-----T-T-----C-----	8428
H_BE.VI991	T-----C-T-----T-AT-----AC-CC-----G-----A-AGAG-----A-A-C-----GG-G-----C-T-----G-----T-T-----C-----	8462
H_BE.VI997	T-----T-----T-C-A-GT-----G-----C-GAG-----A-A-C-----GG-C-----C-T-----C-G-----C-----	8377
H_CF.90CF056	T-----T-----T-CG-A-GCC-----G-----C-G-GAG-----A-A-C-----GG-----C-T-----G-----T-T-----C-----	8382
J_SE.SE91733	-----A-----A-AC-----G-----ACA-----T-A-----G-----W-A-----A-----A-G-----T-T-----C-----	8367
J_SE.SE92809	-----A-----A-AC-----G-----ACA-----A-A-----A-----A-----A-----G-----T-----C-----	8357
K_CM.MP535C	-----TT-CAC-AT-----C-A-----G-----G-A-----A-A-----G-----A-----T-----T-T-----CG-----	8246
K_CD.EQTB11C	-----T-----TTC-AT-----C-A-----G-----G-A-C-----C-----C-----G-----A-----T-----T-T-----GG-----	8242
CRF01_AE_CONSENSUS	T-----TATA-AT-----A-----T-----GAG-----A-A-----A-----A-C-----GG-G-----C-----T-----T-T-----C-----	9146
CRF01_AE_CF.90CF402	T-----TATA-AT-----A-AA-----T-----G-----G-----A-----A-C-----GG-G-----C-----T-----T-T-----C-----	9161
CRF01_AE_TH.93TH253	T-----TATG-AT-----A-----T-----GAG-----A-----G-----A-C-----GG-G-----C-----T-----T-T-----C-----	9061
CRF01_AE_TH.CM240	T-----TATAGAT-----A-----T-----GAG-----C-----A-C-----TG-G-----C-----T-----G-----T-T-----C-----	8627
CRF02_AG_CONSENSUS	T-----AA-----T-----A-----A-----A-----A-C-----GG-A-----G-----T-----G-----T-C-----CG-----	8611
CRF02_AG_DJ.DJ263	T-----A-----T-----A-----A-----A-----A-C-----GG-A-----G-----T-----AT-C-----CG-----	8455
CRF02_AG_DJ.DJ264	T-----AA-----T-----A-----C-----A-----A-C-----AG-A-----G-----T-----G-----T-C-----CG-----	8414
CRF02_AG_NG.IBNG	T-----CAA-----T-CC-----A-----G-----T-----A-T-A-C-----GG-A-----G-----G-----T-----G-----C-----C-----	8586
CRF03_AB_RU.KAL153	T-----AT-----A-----C-----G-G-G-----A-----G-----A-C-----GG-G-----G-----G-----A-----T-----G-----T-C-----C-----	8782
CRF04_cpx_CONSENSUS	-----T-----C-ACAAA-----G-----A-----AGAG-----A-C-----GG-A-----TT-----A-----?-C-----	9160
CRF04_cpx_CY.94CY032	-----T-----C-ACAAA-----G-----A-----AGAA-----A-----A-----G-----C-TT-----A-G-----T-----C-----	8471
CRF04_cpx_GR.97PVMY	-----T-----C-ACAAA-----G-----G-A-----AGAG-----A-C-----GG-A-----T-----A-----T-----C-----	9126
CRF04_cpx_GR.97PVCH	-----T-----C-ACAAA-----T-----G-----A-----TGAG-----A-C-----GG-A-----TT-----A-----CC-----C-----	9185
AC_IN.21301	T-----T-TA-A-C-CC-AG-----C-T-----G-C-G-----A-----A-----A-C-----GG-A-A-----C-----G-----T-----A-----AT-----C-----	8401
AC_RW.92RW009	-----C-----C-CAGC-A-----A-----G-----G-----A-----AAAC-----A-A-C-----G-----G-----T-----A-----A-----T-----C-----	8415
AC_SE.ETSE9488	T-----TATA-ATC-CC-AG-AA-----A-----G-CG-G-----A-----GAG-----A-A-C-----GG-A-----C-----G-----T-----A-----G-----C-----G-----	8267
AC_ZM.ZAM184	T-----CA-----T-----C-A-----G-G-----G-----A-----G-GAG-----A-A-C-C-----AG-A-----C-----G-----G-----C-----	8408
ACD_SE.SE8603	-----C-----TCA-C-AT-----C-A-----G-----G-----A-----AGAG-----A-C-----G-----A-----A-----T-----A-----C-----C-----	8384
AD_SE.KESE1108	T-----TATA-ATC-CC-AG-----C-T-----G-----G-----A-----C-----T-----A-C-----G-----GG-A-----A-----C-----G-----C-----	8276
ADH_NO.NOGL13	T-----CTT-C-----T-----AT-----T-----AC-CC-----G-----A-----A-----A-----A-----GG-----A-----C-----T-----G-----G-----C-----	9036
ADU_CD.MAL	--G-C-----AT-----AG-----A-----A-C-CC-----A-G-----C-----A-C-----CGT-----T-----A-----G-----T-----T-----C-----	8651
AG_NG.92NG003	-----CAA-----AT-----C-----A-----C-----A-----TTCA-----A-C-----G-----AA-----G-----T-----T-----CT-----C-----	8373
AGU_CD.Z321B	-----A-----A-----C-----G-G-----ACA-----A-----A-----A-C-----G-----G-----T-----A-----T-----T-----T-----C-----	7995
AGJ_AU.BFP90	-----T-A-----A-----C-----T-G-----ACA-----T-----A-----A-C-----G-----G-----TT-----A-----GT-----T-----T-----C-----	9104
AGJ_ML.95ML84	-----C-----A-----A-----AC-----ACA-----A-CAGAA-----A-C-----T-AG-C-----T-----G-----CT-----T-----C-----	8272
AJU_BW.98-2117	-----T-G-----AT-----C-----AC-TG-----G-----G-----A-----A-----A-C-----G-----G-----T-----G-----C-----T-----C-----	8448
BF_BR.93BR029	-----C-----TC-TCAA-A-----AA-CCT-----A-TC-----AGT-CC-A-----T-AGAA-----A-A-C-C-----A-G-----A-----G-----C-----G-----C-----T-----A-----G-----AT-----T-----C-----	8378
MO_CM.97CAMP645MO	-----C-----TC-TCAA-A-----A-CCT-----A-TC-----AGT-CC-A-----A-----A-----AG-----A-----G-----C-----G-----C-----T-----A-----G-----AT-----T-----C-----	8615
O_CM.ANT70	-----C-----TC-TCAA-A-----A-CCT-----A-TC-----CAGC-CA-A-----T-----T-A-C-C-----A-G-----A-----G-----C-----G-----C-----T-----A-----G-----AT-----T-----C-----	9146
O_CM.MVP5180	-----C-----TC-TCAA-A-----A-CCT-----A-TC-----TAG-AC-AT-----AAAG-ATA-----T-----A-A-AGAG-----A-A-C-----ACGC-----A-----G-----A-----C-----T-----ACAG-----T-----T-----TC-----	9169
N_CM.YBF30	A-----C-----CAG-A-----CCAAA-----CTG-----A-----T-----T-AGATGACTA-TC-TGAAAGT-----A-A-C-C-----T-----TCGC-----A-----A-----G-----C-----ACA-----AT-----C-----T-----AG-----	8649
SIVCPZUS	G-----C-----CC-----AG-----T-----CAAA-----CTA-----T-----G-A-ATG-----CA-T-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----G-----A-----T-----AACG-----T-----A-----T-----T-----TC-----	9098
SIVCPZGAB		9132
SIVCPZANT		7898
Nef	_____N T A A T N A A C A W L E A Q E E E E V G F P V T P Q V P L R P M T Y K A A V D L S	Nef

<-| Nef premature end in HXB2



B_FR.HXB2	CCACTTTTTAAAGAAAAGGGGGGACTGGAAGGGGCTAATTCACCTCCCAAAGAAGACAAGATATC...CTTGATCTGTGGATCTACCACACACAAGGCTACTTC...CCTGATTAGCAGAACTACACACCAGG	9185
A_CONSENSUS	-----T--T--T--AGG-A-----A-----G-----G-----T-----G-----T-----	8814
A_KE.Q2317	-----A-----T--T--G--T--TAGG-A-----A-----G-----G-----T-----G-----T-----	8637
A_SE.UGSE8891	-----T--T--T--AGGC-G-----G-----A--G-A--A-----T-----G-----T-----C-----	8363
A_SE.TZSE8538	-----T--T--CT--AGG-AG--G--G-----T--G-G-A-----Y-----G-----T-----	8396
A_SE.UGSE6594	-----T--T--T--AGG-AG-----A-----T--G-C--T-----T-----G-----T-----	8373
A_SE.UGSE7535	-----T--T--G--T--A-G-A-----A-----T--G-C-----T-----G-----T-----	8441
A_SE.SOSE7253	-----T--T--T--AG-----A-----G--A-----C-----G-----T-----	8395
A_SE.SE8131	-----T--T--T--AGG-A-----G--A-----G-----G-----T-----C-G--T-----	8563
A_UG.U455	-TT-----T--T-----A-G-A-----A-----G--G--T-----A-T-----G-----T-----	8636
A_UG.92UG037	-TT-----T--T-----A-G-A-----A-----G-----G-----T-----G-----T-----	8594
B_CONSENSUS	-----T-----A-----TC-----G-----G-----G-----G-----G-----	9481
B_AU.MBC200	-----T--T--GA-----G-----G-----G-----G-----G-----	9234
B_AU.MBC925	-----T-----AG-----G-----G-----G-----G-----G-----	9204
B_CN.RL42	-----G-----T-----G-----T-----G-----G-----G-----G-----	8538
B_DE.HAN2	-----T--T--C--A-----G-----G-----G-----G-----G-----	8647
B_DE.D31	-----G-----A-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----	8712
B_ES.89SP061	-----TGG--G-A-----C-----T--G-C-----G-----G-----G-----	8763
B_GA.OYI	-----T-----G-A-----T-----G--T-----T-----G-----G-----	8739
B_GB.MANC	-----G-----G--T-----A--G--C-----C--G-----G-----G-----G-----	9178
B_GB.CAM1	-----A-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	9198
B_NL.ACH320A	-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	9194
B_TW.LM49	-----G-A--G-----G--T-----A--A-G--A-G--A--TC-----T-----G-----G-----	9161
B_US.SF2CG	-----TGG--G-----G-----C-----G--T--A-----C--G-----G-----T-----	9202
B_US.DH123	-----T-----G-A-----G-----C-----G--T--A-----C--G-----G-----	9172
B_US.NY5CG	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	9022
B_US.AD8	-----T-----G-A-----G-----G-----G--T-----G-----G-----	9175
B_US.WCIPR18	-----G-----G--T-----AG-----C-----G-----T-----G-----G-----	8754
B_US.YU2	-----CA-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	9176
B_US.JRCSF	-----T--T--T--A--G-A-----C-----G-----G-----G-----G-----	9202
B_US.MN	-----T--T--T--AG-----C-----G-----G-----G-----G-----	9205
B_US.BCSG3	-----TT-----C-----G-----G-----G-----	8717
B_US.896	-----G-----G-A-----G-----G-----T-----A--G-----G-----	9177
B_US.WEAU160	-----T-----T-----A-----G-----T-----T-----G-----G-----	9185
B_US.RF	-----T-----G-GTT--G-A-----G-----G--T-----C--G-----G-----	8736
B_US.WR27	-----T-----G-A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	8563
C_CONSENSUS	-TT-----T--T--TA-G-A--G--G-----T--G--T-----?-----G--A-----G-----	8860
C_BR.92BR025	-TT-----G-----T--T--TA-G-A--G--C-----T--G--TA-----T-----G--A-----G-----	8543
C_BW.96BW0402	-TT-----A-----T--TA-G-A--G-----T--A--G--TA-----G-----G--A-----G-----	8688
C_BW.96BW1104	-TT-----T-----T--AGG-A--G--G-----T--G--T-----T-----C--G--C-----G-----	8554
C_BW.96BW15C02	-TT-----T--T--T--CG-A--G--A-----T--G--T-----T-----G--C-----G-----	8666
C_BW.96BW0502	-TT-----T--G--T--A-G-A--G--A-----T--G--T-----T-----C--G--A-----G-----	8689
C_BW.96BW16B01	-TT-----T--T--T--TA-G-A-----C-----T--G--TA-----G--T--C-----G--A-----G-----	8638
C_BW.96BW1210	-TT-----T--T--T--TA-G-A-----A-----T--G--A-----T-----C--G--ATG-----G-----	8566
C_BW.96BW17B03	-TT-----T-----T--TA-G-A-----G-----T--G--T--T-----T-----G--A-----G-----	8586
C_BW.96BW01B03	-TT-----T-----T--TA-G-A--G--G-----T--G--TA-----GC-----G--A-----G-----	8655
C_ET.ETH2220	-T-----T-----T--A-G-A--G--G--G--T-----T--G--TA-----T-----G--A-----G-----	8585
C_IN.301999	-TT-----T-----T--TA-G-A--G--G-----T--G--T-----T-----G--A-----G-----	8617
C_IN.21068	-TT-----T-----T--TA-G-A--G--G-----T--G--T-----T-----G--A-----G-----	8556
C_IN.301905	-TT-----T-----T--TA-G-A--G--G-----T--G--T-----T-----G--A-----G-----	8499
C_IN.301904	-TT-----T-----T--TA-G-A--G--G-----T--G--T-----T-----C--G--A-----G-----	8541
C_IN.11246	-TT-----T-----T--A-G-A--G--G-----T--G--T-----T-----C--G--A-----G-----	8511
D_CONSENSUS	-----?--TGG--?--G-A--G-----T--G--?-----?T-----G--A-----G-----	9224
D_UG.94UG114	-----T--G--TGG--CG-A-----G-----T--G-----T-----G--A--T-----G-----	8503
D_CD.NDK	-----TGG--A-G-A-----G-----T--G--A-----AT-----C--G--A-----G-----	8692
D_CD.ELI	-----TGG--A--AG-----G-----T--G--A-----AT-----G--A-----G-----	8724
D_CD.Z2Z6	-----TGG--A--AG-----G-----T--G--A-----AT-----G--A-----G-----	9081
D_CD.84ZR085	-----G-A-----G--T-----G-A-----T--G-----T-----G--A-----G-----	8733

B_FR.HXB2	CCACTTTTTAAAGAAAAGGGGGGACTGGAAGGGCTAATCACTCCCAAAGAAGACAAGATATC...CTTGATCTGTGGATCTACCACACACAAGGCTACTTC...CCTGATTAGCAGAACTACACACCAGG	<- Nef premature end in HXB2	9185
F_CONSENSUS	T-----T-----T-----A-G-A-----G-----G-?	C-----G-----	8506
F1_BE.VI850	T-----T-----T-----A-G-A-----GG-----C-----	G-----T-----	8462
F1_BR.93BR020	T-----T-----T-----A-G-----G-----	G-----	8498
F2_CM.MP255C	T-----T-----T-----A-G-A-----G-----	G-----T-----	8329
F2_CM.MP257C	T-----T-----T-----AGG-A-----A-T-----T-----	G-----	8362
F1_FI.FIN9363	T-G---CN-N-----T-W-T-----A-G-A-----G-----	C-T-----	8485
F1_FR.MP411	T-----T-----T-----A-G-A-----A-----	G-----T-----	8352
G_CONSENSUS	--TT-----T-----T-----A-G-A-----?	C-? G-TA-T-A-T-----A-G-----	9151
G_BE.DRCBL	--TT-----T-----G-T-----A-G-A-----G-----	C-A G-T-T-A-T-----A-G-----	9148
G_FI.HH87932	--TT-----T-----T-----A-G-A-----C-----	CT-A G-TA-T-A-T-----A-G-----	8585
G_NG.92NG083	--TT-----T-----T-----A-G-----C-----	A G-TA-T-A-T-----A-G-----	8535
G_SE.SE6165	--TT-----T-----T-----A-G-A-----G-----	C G-A-T-A-----A-G-----G-----	8627
H_CONSENSUS	--T-----T-----T-----A-G-A-----G-----	T-A G-TA-----C-G-----	8554
H_BE.VI991	--T-----T-----T-----A-G-A-----G-----	T-A G-TA-----C-G-T-----	8588
H_BE.VI997	--T-----T-----T-----A-G-A-----G-----	T-A G-TA-G-----T-----G-----	8503
H_CF.90CF056	--T-----T-----T-----A-GCA-----G-C-----	T-A G-TA-----C-G-----	8508
J_SE.SE91733	--TT-----T-----T-----A-G-A-----G-----	G-TC-TA-----C-G-A-----	8493
J_SE.SE92809	--TT-----T-----T-----A-G-A-----G-----	G-TC-TA-----C-G-A-----	8483
K_CM.MP535C	--TT-----T-----T-----A-G-A-----A-----	G-T-T-----T-T-----C-G-A-----	8372
K_CD.EQTb11C	--TT-----T-----T-----A-G-----G-----	G-T-T-----T-----G-A-----	8368
CRF01_AE_CONSENSUS	--TT-----T-----T-----A-G-A-----G-----	CT-A G-TA-T-----T-----G-A-----	9272
CRF01_AE_CF.90CF402	--TT-----T-----T-----A-G-----G-----	CT-A G-C-A-T-----G-A-----	9287
CRF01_AE_TH.93TH253	--TT-----T-----G-T-----A-G-A-----G-----	CT-A G-T-T-----T-----G-T-----	9187
CRF01_AE_TH.CM240	--TT-----T-----T-----A-G-A-----G-----	CT-A G-TA-T-----T-----G-A-----	8753
CRF02_AG_CONSENSUS	--TT-----T-----T-----A-G-A-----G-G-----	G-T-----A-T-----A-G-----	8737
CRF02_AG_DJ.DJ263	--TT-----T-----T-G-T-----A-G-A-----G-G-----	G-T-----A-T-----A-G-----	8581
CRF02_AG_DJ.DJ264	--TT-----T-----T-----A-G-A-----G-G-----	G-T-----A-T-----A-G-----T-----	8540
CRF02_AG_NG.IBNG	--TT-----T-----T-----A-G-A-----A-----	G-TA-----A-T-----A-G-----	8712
CRF03_AB_RU.KAL153	--TT-----T-----T-----A-G-A-----A-----	G-T-----G-----	8893
CRF04_cpx_CONSENSUS	--TT-----T-----T-----A-G-A-----G-----	G-TA-----T-----G-A-----	9286
CRF04_cpx_CY.94CY032	--TT-----T-----T-----A-G-A-----G-----	G-T-----T-T-----C-G-T-----	8597
CRF04_cpx_GR.97PVMY	--TT-----T-----T-----A-G-A-----G-----	G-TA-----T-----G-A-----	9252
CRF04_cpx_GR.97PVCH	--TT-----T-----T-----A-GCA-----G-----	G-TA-----T-----G-A-----	9311
AC_IN.21301	--TT-----T-----T-----AGG-A-----A-----	G-T-----T-----G-C-----G-----	8527
AC_RW.92RW009	--TT-----T-----T-----TA-G-A-----G-----C-----	G-T-----G-TA-----G-A-----	8541
AC_SE.ETSE9488	--TT-----T-----T-----T-----CA-----C-----	G-TA-----G-----T-----	8393
AC_ZM.ZAM184	--TT-----T-----T-----T-----G-----G-----A-----	G-----G-----T-----	8534
ACD_SE.SE8603	--TT-----C-----T-----T-----TA-G-A-----G-----C-----	T-----G-TA-----T-----G-A-----T-----	8510
AD_SE.KESE7108	--TT-----T-----T-----T-----AGG-A-----GCT-C-----	G-----TT-----G-ATGT-----	8402
ADH_NO.NOGLL3	--TT-----T-----T-----T-----A-G-A-----G-T-----	G-C-TA-----T-T-----C-G-----	9162
ADU_CD.MAL	--TT-----T-----T-G-TGG-----C-A-----	G-----G-----T-----G-----T-----	8777
AG_NG.92NG003	--TT-----T-----T-----T-----TA-G-A-----C-----	C-A-G-TA-T-----A-----A-G-----T-----	8499
AGU_CD.Z321B	--TT-----T-----T-----T-----A-G-A-----G-G-----	G-----TA-----T-T-----G-A-----	7995
AGJ_AU.BFP90	--TT-----T-----T-----T-----A-G-A-----C-----	G-----T-----T-T-----G-A-----	9230
AGJ_ML.95ML84	--TT-----T-----T-----T-----A-G-A-----G-----	A G-TA-----T-T-----C-G-A-----G-----	8398
AJU_BW.98-2117	--TT-----T-----T-----T-----A-G-A-----G-----	G-----G-----T-----G-----	8574
BF_BR.93BR029	--TT-----T-----T-----T-----A-G-A-----G-----	G-----G-----T-----G-----	8504
MO_CM.97CAMP645MO	--TT-----A-----T-----T-----CTGAG-----GC-----G-----	G-T-G-A-TA-----T-G-A-T-C-----C-----G-----	8741
O_CM.ANT70	--TT-----A-----T-----T-----T-----A-----GC-----A-----	G-----T-G-TA-----T-G-A-T-----G-----	9272
O_CM.MVP5180	--TT-----A-----T-----T-----T-----TAG-----GC-----A-----	G-----C-----A-T-----T-G-A-T-----G-----TGT-----G-----	9295
N_CM.YBF30	--TT-----T-----T-----G-TGG-----AG-----A-----G-----T-----	A-C-C-----G-T-----AT-C-----C-G-----T-----	8775
SIVCPZUS	--TT-----T-----G-T-T-----AG-----G-----	A-C-G-T-----T-----AAT-----C-G-----T-----C-----	9224
SIVCPZGAB	A-----T-----G-T-----AGG-----G-----	C-C-G-----T-----T-----C-G-----A-----	9258
SIVCPZANT			7898

Nef H F L K E K G G L E G L I H S Q R R Q D I . L D L W I Y H T Q G Y F . P D \$ Q N V T P G Nef
 Nef premature stop in HXB2

B_FR.HXB2	GCCAGGG...GTCAGATATCCACTGACCTTTGGATGGTCTACAAGCTAGTACCAGTTGAGCCAGATAAGATA...GAAGAGGCCAATAAAGGAGAGAACACCAGCTTGGTTACACCTTGTGAGCCTGCATGG	9311
F_CONSENSUS	...GA...T...GG-G...A...G...A-T...?...CA-AA	8632
F1_BE.VI850	...A...G...T...T...AG-G-G...A...G...A-T...CA-AA	8588
F1_BR.93BR020	...A...A-G-G...T...C...GG-G...A...G...A-T...C...CA-AA	8624
F2_CM.MP255C	...A...C...T...T...GG-G...A...G...A-T...A-A...A	8455
F2_CM.MP257C	...CC-T...T...T...GG-G...A...G...A-T-T...A...A	8488
F1_FI.FIN9363	G...G...C...G...T...GG-G...A...G...A-T...C...CA-AA	8612
F1_FR.MP411	...A-T-TC-T-T...T...T...G-G...A...G...A-T...C...AA-AA	8478
G_CONSENSUS	...ACT-CTC...G...T...A...A-G-T...CAG-G...G-A...?...A-TC-A...CA-CT-A	9276
G_BE.DRCBL	...ACT-GTC...G...T...A-G...A-G...TCAG-G...G-A...G...A-C...CA-CT-A	9274
G_FI.HH87932	...AC-CT...G...CT...A...G-T...CAGT-G...G-A...C-C-A...A-TC-A...CA-TT-G-A	8711
G_NG.92NG083	...ACT-CTC...G...T...A...A-G-C...CAG...G-A...G...T-TC-A...CA-CT-A	8661
G_SE.SE6165	...ACT-TC-C...G...T...A...A-G-T...CAG-G...G-A...A-TC-A...CA-CT-A	8753
H_CONSENSUS	...AG...C...G...T...A...A-T-C-GG-G...A...G...A...C...A-T-A	8680
H_BE.VI991	...AG...C...G...T...A...G...A-T-C-GG-TG-G...A...G...A...A-T-AA	8714
H_BE.VI997	...AGG-C-C...G...T...A...A...A-T-C-GG-G...AG-G...A-T-C-C-T...A-AT-A	8629
H_CF.90CF056	...AG-T-C...G...T...AA-T-C-GG-G...C...G...A...C...CA	8634
J_SE.SE91733	...AC-B-C-T-A...T...T...T...AGCG-AG...G-A-T-G...A-T-C...C-CAT-A	8619
J_SE.SE92809	...A-C-T-A...T...T...T...AGCG-AG...G-A-T-G...A-A-T-C...CA-AT-A	8609
K_CM.MP535C	...A...C...G...T...T...CAG-AG...A...CAG...G...A-T-C...CA-A-A-A	8498
K_CD.EQTB11C	...A...C...T...T...AGAG-AG...A-T-C-G...A-T-C...A-A-A	8494
CRF01_AE_CONSENSUS	...A...C...TGT...T...C...AGAG-AG...G-A-C...A-A-T-C...CA-A	9398
CRF01_AE_CF.90CF402	G...C...TGT...T...T...T...AGAG-AG...G-A-C...A-A-T-C...CA-A	9413
CRF01_AE_TH.93TH253	...A...C...TGT...T...A...C...AGAG-AG...G-A-C...A-A-T-C...CA-A	9313
CRF01_AE_TH.CM240	...A...TC...TGT...T...T...C-A-AGAG-AG...G-A-C...A-A-T-C...CA-A	8879
CRF02_AG_CONSENSUS	...A...ACT-C...G...T...A...A...A-G-T...CAG-G...G-A...A-T-A...CA-CT-T-A	8863
CRF02_AG_DJ.DJ263	...A...ACT-C...G...T...C...A...A-A-T...CAG...G-A...G-A...A-T-A...CA-CT-T-A	8707
CRF02_AG_DJ.DJ264	...A...ACT-C...G...T...A...A...A-G-T...CAG-G...G-A...A-T-A...CA-CT-T-A	8666
CRF02_AG_NG.IBNG	...ACT-TC...G...T...A...A-G-T...CAG-G...G-A...G...A-T-A...CA-CT-T-AA	8838
CRF03_AB_RU.KAL153	...A-T-TC-A-A...G...C...C-C-G-AG...CAG-G...A-C-A...A-AT-AA-C	9018
CRF04_cpx_CONSENSUS	A...AG-TC-TG...T...T...A-T-C-GG-G-G...C-G...A-T-T-C-G...A-A-A	9412
CRF04_cpx_CY.94CY032	A...AG-TC-TG...T...T...A-T-C-GG-G-G...C-G...T-T-C-G...A-A-A	8723
CRF04_cpx_GR.97PVMY	A...AC-TC-TG...T...T...A-T-C-GG-G-G...AAT-C-GC...G-A-T-T-C-G...A-A-A	9378
CRF04_cpx_GR.97PVCH	A...AG-TC-TG...T...T...A-T-C-GG-G-G...G...G...A-T-T-C-G...A-A-A	9437
AC_IN.21301	A...C...A-A...T...T...C...AGGG-AG...A...CCGG...AG-A-T-T-C...T-A	8653
AC_RW.92RW009	A...C...A-A...T...T...G...C...AGGG-AG...A...G...G...A-T-AC...C-A	8667
AC_SE.ETSE9488	...A...C-G-A-A...T...T...A-T...G-AG...G...T-C-G...A-C-C...A-T-AA	8519
AC_ZM.ZAM184	...AC-TC-A-A...T...T...T-TC-G-G...T-C-G-G-G...A...A...A-AT-AA	8660
ACD_SE.SE8603	A...AC...C...C...T...G...C...AGGG-AG...G...G...A-T...C...A-T-A	8636
AD_SE.KESE7108	A...AC-TC-A-A...T...T...T...G-AG...GA-T-C-G-G...CT-A-C-C-A...GA-AT-T-AA	8528
ADH_NO.NOGIL3	...AG-T-C...T...T...A-C-C-GG-G-G...A...G-T...A-T...A-T-AA	9288
ADU_CD.MAL	...A-T-TC...C...TT-T...A-GAGT...GG-AG...G...G...A-T-TC...A-T-AA	8903
AG_NG.92NG003	...ACT-TC...A-C-G...T-A...A-G-T...CAG...G-A...G...A-T-A...A-CT-AA	8625
AGU_CD.Z321B		7995
AGJ_AU.BFP90	...AC-TC...T...T...T...GG-AG...ACTT-C...A-T-C...CA-AT-A	9356
AGJ_ML.95ML84	...A...C-T-T...G...C-T...AGGG-AG...A-AT-C...A-T-C...CA-A	8524
AJU_BW.98-2117	...AC-TC-TT...T...T...T...A-GG-AG...A...G...A-T...C...CC-T-A	8700
BF_BR.93BR029	...AC...A-G...T...C...GG-G...A...G...A-T...C...CA-AA	8630
MO_CM.97CAMP645MO	A...A...ACT-TC...A...TA-TT...GTCAGA-C-G-GC-GAA-CTA-GA-CC-GT-T-TG-T-TGC-CA-G-T-A-CTT-AAC	8870
O_CM.ANT70	A...A...AC-G-TC...A...TG-TT-A...GTCAGA-AG-GC-GAAAG-CTA-GA-C-T-T-GGG-T-ATC-CC-G-T-A-CAT-TGCC	9401
O_CM.MVP5180	A...A...CCT-TC...A...TG-TT-A-G...GTCAGA-AG-GC-GAGAG-CT-GT-C-AAT-AG-TG-T-TC-TC-T-A-CTT-TAAT	9424
N_CM.YBF30	...A...A-T...C-CG-A...T-A...T-GTCAG-T-AG-AG...T...G...C...ATGC-C-C...CA-AT-T-AA	8901
SIVCPZUS	T...A...A...C-A-A-A-G...TT-T...C-TC-CACAGA-GG-AG...GC...T...C-A-TAC-C-G...CA-T-A	9350
SIVCPZGAB	A...A...ACA-TC...CTGT...T-A...G-CC-GACAGAG-GC-G...C-A...G...T...A-T-C...G-T-CA-AT-T-A	9384
SIVCPZANT		7898
Nef	_P_G...V_R_Y_P_L_T_F_G_W_C_Y_K_L_V_P_V_E_P_D_K_I...E_E_A_N_K_G_E_N_T_S_L_L_H_P_V_S_L_H_G	Nef

	TCF-1 alpha binding	Nef CDS end <- (frame 2)	
B_FR.HXB2	GATGGATGACCCGGAG...AGAGAAGTGTTAGAGTGGAGGTTTACAGCCGCCTAGCATTTTCATCACGTGGCCCGAGAGCTGCATCCGGAGTACTTC...AAGAAGCTG.....CTGACATCGAGCTTGC		9429
A_CONSENSUS	A-----TGAA-----ACA--AT--A-----G--C-AA-A--AGA--?------T-A...-AG--AAAGACTG-----CA--AG--		9065
A_KE.Q2317	A-----TGAA-----A--A--A-----G--C-AA-A--AGA-----GG-A...-G-----CA--AG--		8879
A_SE.UGSE8891	A-----TGA-----ACA--AT--A-----G--C-CACA--AGA--A--T-A-----T-A...-AG-----CA--AG--		8607
A_SE.TZSE8538	A-----TGA-----ACA--AT--A-----AAG-G--AA-G--AGA--AT-----T-A...-AG-----CA--AG--		8640
A_SE.UGSE6594	A-----TGAA-----A--A--A-----G--C-AA-A--T-A--T-C--AAA-----T-A...-AG-----CA--AG--		8617
A_SE.UGSE7535	A-----TGA-----A--A--AA-----G--C-AA-A--AGA--A-----T-A...-AG-----CA--AG--		8685
A_SE.SOSE7253	A-----TGAA-----A--ACA--AG--C-----G--AAGA--AGA--A--A-----T-A...-AG-----CA--AG--		8637
A_SE.SE8131	A-----TGAA-----GACA--AT--A-----CC--A--G--A--A--AGA--TTC-----T-A...-AG-----A--T--CA--AG--		8807
A_UG.U455	AG-A--TGAA-----A--ACA--AT--A-----TAC--G--AA--A--AGA--TTAT-----T--AT...-AG--AAAGACTG-----CA--AG--		8886
A_UG.92UG037	A-----TGA-----A--ACA--AG--A-----A--G--CGAGTA--AAA--AA-----TT-A...-AG-----CA--GAG--		8838
B_CONSENSUS	-----?-----T-----?-----A-----G-----AAA?ACTG-----T-----		9729
B_AU.MBC200	A-----G-----A-----A-----C-----T-----		9478
B_AU.MBC925	G-----C--C--A-----A-----G-----G-----T-----		9448
B_CN.RL42	AGCT-----C--AT--A-----T-----A--C--A-----A-----CA-----AG-----T--T-----		8782
B_DE.HAN2	--CA--G--A-----A-----A-----AT-----AA-----A-----AG-----C--T--T-----		8873
B_DE.D31	A-----T-----A--G--A-----A-----AAAGACTG-----T--T-----		8964
B_ES.89SP061	-----G-----A-----TA-----T--C--C--G--A-----A-----G-----CT-----T-----		9007
B_GA.OYI	-----A-----A-----T-----A-----G-----A-----G-----A-----AG-----T-----		8983
B_GB.MANC	-----A-----A-----T-----A-----C--C--A--C--GAT-----A-----AG-----G-----T-----		9422
B_GB.CAM1	-----A-----A-----AC--AT--A-----A-----AA-----T-----A-----AG-----T-----		9442
B_NL.ACH320A	-----C-----T-----A-----AC--G--AGA-----A-----A-----G-----Y-----Y-----T-----		9438
B_TW.LM49	-----A-----G--T--A-----A-----AAA-----A-----A-----AG-----T-----		9405
B_US.SF2CG	-----G--G-----A-----T-----AAA-----A-----A-----AG-----T-----		9446
B_US.DH123	A-----G-----A-----GCT--A-----T-----A-----A-----A-----C-----AT-----		9416
B_US.NY5CG			9022
B_US.AD8	A-----A-----GC--A-----A-----A-----A-----AG-----T--T-----		9419
B_US.WC1PR18	-----G-----A-----T-----A-----A-----AAA-----T--A-----G-----T-----T-----		8998
B_US.YU2	A-----G-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----T-----		9417
B_US.JRCSF	A-----C-----A-----AG--T--A-----AAG-----G-----A-----G-----C-----T-----		9446
B_US.MN	-----C-----T-----A--C-----A-----G--TTAT-----A-----A-----C-----AT-----		9448
B_US.BCSG3	-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----		8961
B_US.896	AG-A--A--T-----C-----T-----C-----C-----A-----A-----AAGCTG-----CT-----AT-----		9420
B_US.WEAU160	-----AT-----A-----A--AT--A-----AAA-----A-----T-----AG-----T--T-----		9429
B_US.RF	-----A-----A-----T-----A-----C-----C-----AA-----A-----AG-----T--T-----		8980
B_US.WR27	-----A-----T-----A-----AA--T-----A-----A-----A-----A-----TT-----		8807
C_CONSENSUS	A--G--TGAAC--C...--A--A--A-----T-A?--CGCAGA--A--C--A-----T-A--AAC--AG-----CA--AGGGA--		9105
C_BR.92BR025	A--G--TT--AC--C...--A--C--A-----T--T--CG--AGA--A--C--A-----T--A...-AG-----T--CA--AG--ACA		8787
C_BW.96BW0402	A--G--TG--T--C...G--A--AG--A-----T--A--CACAGA--A--C--A-----T--A...-AG-----CA--A....		8927
C_BW.96BW1104	A--A--TGAAC--C...--A--A--A-----T--AA--CGCAGA--C--C--A-----TT--A...-AG-----CA--A....		8791
C_BW.96BW15C02	A--A--T--A--T...--A--A--AT--A-----T--A--CGCAGA--A--C--A-----A--T--A...-AG-----CA--A....		8905
C_BW.96BW0502	A--G--TGAAC--C...G--A--A--A-----T--AA--CGCAGA--A--C--AT-----T--A...-AG-----CA--GAGGGA--		8933
C_BW.96BW16B01	A--T--A--A...--A--A--A-----T--A--CGCAGA--A--C--A-----T--A...-AG-----CA--GA....		8877
C_BW.96BW1210	A--A--G--TG--C...--A--A--A-----TC--CGCAGA--TC--A--T--AAA-----T--A...-AG-----CA--A....		8805
C_BW.96BW17B03	A--G--TG--A--C...--C--A--A-----GT--TTCT--AT--T--CGCA--A--C--A-----T--A...-AG-----CA--A....		8825
C_BW.96BW01B03	A--G--TGAAC--C...--A--A--A-----T--AA--CGCAGA--A--C--A-----T--AT...-AG-----CA--A....		8894
C_ET.ETH2220	A--G--TGAAC--C...--A--A--A-----T--A--CGCAGA--A--C--A-----T--A...-AG-----CA--CGGGA--		8829
C_IN.301999	A--G--TGAAC--C...--GC--A-----A--CACAGA--A--C--A-----T--A...-AG-----CA--A....		8856
C_IN.21068	A--G--TGACC--C...--AC--A--G--T--A-----T--AA--CACAGA--AG--C--A-----TT--A--AAC--AG-----CG--AGGGA--		8803
C_IN.301905	A--G--TGAAC--C...--A--AG--A-----T--AA--CACAGA--AA--C--A-----T--A...-AG-----CA--A....		8738
C_IN.301904	A--G--TGAAC--C...--A--C--A--A-----T--TA--CACAGA--AG--C--A-----TT--A...-AG-----CA--A....		8780
C_IN.11246	A--A--TGACC--C...--A--AT--A-----AA--CACAGA--A--A--C--T--A-----TT--A...-AG-----CA--A....		8742
D_CONSENSUS	A-----G-----?-----?-----A--A--A-----G--G--AA--??--A?--?--A...-A?-----?-----T-----		9458
D_UG.94UG114	A-----G-----T-----T-----A--A--A-----G--A--AA--AA--AT--AAA-----T-----AG-----T-----		8747
D_CD.NDK	A-----G-----C-----AT--A--A--A-----C--G--G--AA-----T--A...-AG-----T--C-----		8936
D_CD.ELI	A-----G-----C-----A--A--A-----A--A-----G--G--AA-----A-----T--A...-A-----A--C-----T-----		8968
D_CD.Z226			9081
D_CD.84ZR085	A--G--GA-----AG-----T-----A--A-----A--A-----G--G--AA--AA--AAA--T-----C...-		8975

	TCF-1 alpha binding	Nef CDS end <- (frame 2)	
B_FR.HXB2	GATGGATGACCCGGAG...AGAGAAGTGTAGAGTGGAGGTTTACAGCCGCTAGCATTTTCATCACGTGGCCCGAGAGCTGCATCCGGAGTACTTC...AAGAAGCTG...CTGACATCGAGCTTGC		9429
F_CONSENSUS	A---G-TGAA-C...-----AC-GA?A---A-----G-C-GAGA-A-A-A-AGA-----T-A...C-AG-----AGACTG-----CA--A---		8755
F1_BE.VI850	A---G-TGAA-C...-----AC-GAG---A-----A---G-C-GAGA-A-A-A-AGA-----T-A...C-AG-----AGACTG-----CA--A---		8712
F1_BR.93BR020	A---G-TGAA-C...-A-----AC-GA-A---GA-----T-G-C-GAGA-A-A-A-AGA-----A...C-AG-----AGACTG-----CA--A---		8748
F2_CM.MP255C	A---G-TGAA-C...-----AGA---A-----A-----C-GAGA-A-A-A-AGA-----TT-A...C-AG-----AGACTG-----CA--A---		8555
F2_CM.MP257C	A---G-TGAC-C...-AG-----A---CA-----GC-GAGA-TA-A-A-AGA-----A...-AG-----AGACTG-----CA--A---		8588
F1_FI.FIN9363	A---G-TGAA-C...-----AC-GA-A---A-----G-C-GA-A---A-A-A-AGA-----T-A...CGAG-----AGATTG-----CA--A---		8736
F1_FR.MP411	A---G-TGAA-C...-----AC-GAGA-GA-----T-T-G-----AGA-A-A-A-AAA-----T---T-AT...C-A-----AGACTG-----CA--A---		8578
G_CONSENSUS	A---G-GAA-C...-----C-G-TA---A-----TA-----CGGAGA-C-A-----A...-AG-----AGACTG-----CA--A---		9394
G_BE.DRCBL	A---G-GAA-T...G-----C-G-TA---A-----TA---G-----CGGAGA-T-A-----A...-AG-----AGACTG-----CA--A---		9392
G_FI.HH87932	A---G-GA-C...-----C-GATA---A-----TA-----CGGAGA-C-A-----T-AT...-AG-----AGACTG-----CA--A---		8829
G_NG.92NG083	A---G-TGAA-C...-----C-G-TA---A---A---TA-----CGGAGA-C-A-----A...-AG-----AGACTG-----CA--A---		8779
G_SE.SE6165	A---G-GAA-C...-----C-G-T---A-----TA-----CGGAGA-A-A-----A...-AG-----AGACTG-----CA--A---		8871
H_CONSENSUS	A---G-TGAA-C...-----C-GAT---A-----T-A-----GACA-A?A---AA---AA---T-A...-AG-----AGACTG-----CA--A---		8796
H_BE.VI991	A-A-G-T-A...-----AC-AT---A-----T-A---C-CACA-ACA-AAA-----T-A...-AG-----AGACTG-----CA--A---		8832
H_BE.VI997	A---G-GAA...G-----C-GAT---A-----T---C-CACA-ACA-AAA-----T-A...-AG-----T-CA--AGA-T---		8747
H_CF.90CF056	A---G-TGAC-G...-----C-GAT---AA-----T-A-----GACA-T-----TAAA-----A...-AG-----CA--AGA---		8748
J_SE.SE91733	A-A-G-TGAA-A...-----C-A---A-----TC-----CGGAGA-A-A-----A-----TT-A...-AG-----AA--AG-T---		8737
J_SE.SE92809	A-A-G-TGAA-A...-----C-----TC-----CGGAGA-A-A-----TT-A...-AG-----AA--AG-T---		8727
K_CM.MP535C	A---G-TGAAC-C...-----A-A---AT---A-----TTC-----CGAAGA-A-A-----C---A...-AG-----AGACTG-----CA--A---		8598
K_CD.EQT811C	A---G-TGAAC-C...-----A-A---A-----TTC-G-----CGAA-A-T-A-----A...-AG-----AGACTG-----CA--A---		8594
CRF01_AE_CONSENSUS	A-A-G-GAA-A...-----C-GAT---A-----TGC-----CGAAGA-A-A-----A-----A...-AT...-AG-----AA--AG-C---		9516
CRF01_AE_CF.90CF402	A-A-TGAT-A...-----C-AT---A-----TTC-----CGAAGA-A-A-T-----C-A-----A...-AG-----A---AA--AG-C---		9531
CRF01_AE_TH.93TH253	A-A-G-GAA-A...-----C-GATA---A-----TGC-----CGAAGA-A-A-----A-G-A-----T-AT...-AG-----AA--AG---		9429
CRF01_AE_TH.CM240	A-A-G-GAA-A...-----C-GAT---A-----TGC-----CGAA-A-A-----A-A-----A...-AT...-AG-----AG--AG---		8995
CRF02_AG_CONSENSUS	A---G-GAA-C...-----AC-G-TC---A-----TA-G-----?GCAGA-A?A-T-----A...-AG-----CA--AG---		8979
CRF02_AG_DJ.DJ263	A---G-GAA-C...-----AC-G-TC---A-----TA-G-----CGCACA-AGA-T-----A...-AG-----CA--AG---		8825
CRF02_AG_DJ.DJ264	A---G-GAA-C...-----AC-G-TC---A-----TA-G-----AGAAGA-A-A-----G-----T-AT...-AG-----CA--AG---		8784
CRF02_AG_NG.IBNG	A---G-GAC-T...-----C-GATC---A-----TA-A-G-----CAGA-ACA-TA-----A...-AG-----CA--AG---		8956
CRF03_AB_RU.KAL153	A---G-TGA-A...-A-----AT---A-----T-G-TC-AACA-AGA-----T-A...-AG-----CA---C---		9134
CRF04_cpx_CONSENSUS	A---G-TGAA...-----A-A---A-----T-----ACA-A-A-A-----T-A...-AG-----CA--AG---		9530
CRF04_cpx_CY.94CY032	A---G-TGAA...-----A-A---A-----T---G-----ACA-G-A-----TT-A...-AG-----CA--AG---		8841
CRF04_cpx_GR.97PVMY	A---G-TGAA...-----C-A---A-----T-TG-----ACAGA-A-----T-A...-AG-----CA--AG---		9496
CRF04_cpx_GR.97PVCH	A---G-TGAA...-----A-A---A-----T-----CA-A-A-A-----T-A...-AG-----CA--AG---		9543
AC_IN.21301	A---G-TGAAT-C...G-----A-C---A-----T-A-----ACA-A-CAA-----C---GA-----T-A...-AG-----CA-A---		8766
AC_RW.92RW009	A---G-TGA-C...-----C-A---A-----T-A-----CACAGA-A-----C---A-----T-AT...-AG-----CA-A---		8780
AC_SE.ETSE9488	A---G-TAA-A...-----GAC-G-T-----T-T-G-----C-AA-A-C-----AA-----T-A...-AG-----CA--AG---		8637
AC_ZM.ZAM184	A-A-G-G-T...-----A-AG---A-----T-T-A-G-----C-GAGA-AGA-----T-T-A...-AG-----T---CA--AGC---		8778
ACD_SE.SE8603	A-A-G-TGAA-C...-A-----A-AG---A-----T-AG-----CGCAGA-A-----C-A-----T-A...-AG-----CA--GAG---		8754
AD_SE.KESE7108	A---G-TGA...-----A-A---CA-----TC-----G-C-AA-A-T-----AA-----T-A...-AG-----CA--AG---		8646
ADH_NO.NOGIL3	A---G-TGAA...-R-----C-AT---A-----A-----A-A-AGA-----A-T-A...-AG-----CA--AA---		9406
ADU_CD.MAL	A---G-G-A-A...-----C-A-A---A-----A-----C-AAGA-AGA-A-----A-AA-----A...-AG-----CA--AG---		9021
AG_NG.92NG003	CC---A-TG---C...-----C-G-TA---A-----TA-----CGGAGA-A-A-----A-AA-----AT...-G-----CA--AG---		8743
AGU_CD.Z321B			7995
AGJ_AU.BFP90	AGCA-G-TGAA-A...-----A-----A-----TC-----AGGAGA-A-A-A-AAA-----TT-A...-AG-----AG-CTGC--A		9474
AGJ_ML.95ML84	A---G-TGAA-A...-----AT---A-----TC-----CGGAGA-ACA-----A-----TT-A...-AG-----A-----		8633
AJU_BW.98-2117	A-A-TGAA-C...-----AT---A-----TCA-----CGGAGA-T-A-A-AAA-----TT-A...-AG-----AA-C---GA		8818
BF_BR.93BR029	A---G-TGAA-C...-----A-AC-GC-----A-----A-----G-----A...-G-----T---T-T		8748
MO_CM.97CAMP645MO	CT-T-GA-TT-AC-T...-G---A-C-GA-A---CAA-----T-ATCA-----GCAGCACC-T-T-TATGATAACC-C-A---CT---TCAC---G---AA...AACTG---C-C-GA-A		8997
O_CM.ANT70	AT-T-A-TA-AC-T...-A---A-AC-GAT---A-----T-ATCT---GCAACACC-T-T-TATGATAACT-C-A---CT---CAG---G---AA...AAACTG---C-GA-A		9529
O_CM.MVP5180	AGCT-G-TG-AC-C...G-G---GA-AC-A-A---CA-----T-ATCAT---GC---AACA-TA-A---TGC-AAA---C-A---CT---CCC---T-A...AACTG---CT---		9531
N_CM.YBF30	AGCA---TGATC-T...-A-----G-T---C-A-----TC-----AGAAGA-T-A-AA-----TT-A...-AG-----AG-GA---TA		9019
SIVCPZUS	A---A-TGAAC-T...G-C---C---ATC---CA-----CTGAA-G---TCGGAGA---AGA-TAA-----A-----CGG---CTGA---GCTGTAAAC-GCG---GGCCGAA-AA		9479
SIVCPZGAB	-----A-TGA---C...-A---G-C---G-TC---C-C-----A-G-G-C---AAGA-TA-T---A-AA-----A...-AG-----T-TAGA---G---		9499
SIVCPZANT			7898

Nef M D D P E . . R E V L E W R F D S R L A F H H V A R E L H P E Y F . . K N C . . . \$ Nef protein CDS end

See Pohlmann, J Virol 72(7): 5589-5598 (1998) and similar publications for information on this enhancer region.
NF-kappa-B II NF-kappa-B-I SP1-III SP1-II SP1-I

B_FR.HXB2	TAC.....	AAGGGACTTCCGCTGGGACTTTCC	.AGGGAGG	.CGTGGCTGG	.GCGGGACTGGGGAGTGGC	GA.GCCCTCAG.ATCCTGC	9510
A_CONSENSUS	-GACAG.....	GCTGA.C-G	AG-----	T--TT--	AGT-----	T-.A-----	9156
A_KE.Q2317	GTTGA.CTG	AG-----	T--TT--	AGT-----C-.A-----	8963
A_SE.UGSE8891	-GACAG.....		AG-----	T--TT--	AGT-----	T-.A-----	8690
A_SE.TZSE8538	-GACA.....		AG-----	T--TT--	AGT-----	T-.A-----	8722
A_SE.UGSE6594	-GACA.....		AG-----	T--TT--	AGT-----	T-.A-----	8699
A_SE.UGSE7535	-GACA.....		AG-----	T--TT--	AGT-----	T-.A-----	8767
A_SE.SOSE7253	GCTGA.C-G	AG-----	T--TT--	AGT-----	T-.A-----	8721
A_SE.SE8131	-GACT.....		AG-----	T--TT--	AGT-----	T-.A-----	8889
A_UG.U455	GCTGA.C-G	AG-----	T--TT--	AGT-----	T-.A-----	8970
A_UG.92UG037	-GACT.....		AG-----	T--TT--	AGT-----	T-.A-----	8920
B_CONSENSUS	---AAA.....		AG-----	T--TT--	AGT-----	TGGGGAGTGGC	9825
B_AU.MBC200	---AA.....		AG-A-----				9560
B_AU.MBC925	---AA.....		AG-----				9530
B_CN.RL42	---AA.....			A-----	C-----	GT-----	8863
B_DE.HAN2	---AA.....			A-----		TGGGGAGTGGC	8965
B_DE.D31	---AA.....			A-----			9045
B_ES.89SP061	---AA.....						9088
B_GA.OYI	AG-----				C-----		9064
B_GB.MANC	---AA.....		AG-----	A-----	C-----		9504
B_GB.CAM1	---AA.....		AG-----	T-----			9524
B_NL.ACH320A	---AA.....		AG-----				9520
B_TW.LM49	---AA.....		A-----	G-----	C-----	R--G-R-----	9485
B_US.SF2CG	---AA.....					T-----	9526
B_US.DH123	---AG.....				C-----		9497
B_US.NY5CG		9022
B_US.AD8	---AA.....						9500
B_US.WC1PR18	---AA.....		-T-----	G-----			9079
B_US.YU2	---AA.....			A-----			9498
B_US.JRCSF	---AA.....						9526
B_US.MN	---AA.....			T-----	C-----		9529
B_US.BCSG3	---AA.....		GA-----		C-----		9042
B_US.896	---AA.....			T-----	C-A-----		9501
B_US.WEAU160	A-----	G-----	AT-----	A-----		9510
B_US.RF			T-----			9061
B_US.WR27	CTACAA.....						8889
C_CONSENSUS	-TTC????????AGAGGGACTTCCGCT	A-----	G-----	A-----	T-----	T-----	9199
C_BR.92BR025	A-GACTGCTGACACA.....	A-----	G-----	A-----	A-----	C-----	8879
C_BW.96BW0402	GGGACTTCCGCT	A-----	G-----	AA-----	T-----	9013
C_BW.96BW1104	GGAACTTCCGCC	A-----	G-----	A-----	T-----	8878
C_BW.96BW15C02	GGGACTTCCGCT	A-A-----	G-----	A-----	T-----	8991
C_BW.96BW0502	-TTCGCTGACATAAGAGGGACTTCCGCT	AA-----	G-----	A-----	T-----	AT-----	9037
C_BW.96BW16B01	GGGACTTCCGCT	A-----	G-----	A-----	T-----	8963
C_BW.96BW1210	GGGACTTCCGCT	A-----	G-A-----	A-----	A-GA-----	8892
C_BW.96BW17B03	GGGACTTCCGCT	A-----	G-----	A-----	T-G-----	8912
C_BW.96BW01B03	GGGACTTCCGCT	AG-----	G-----	A-----	T-----	8979
C_ET.ETH2220	-TTC.....	C-----	GCC-----	A-----	A-----	A-G-----	8910
C_IN.301999	GGGACTTCCGCT	A-----	G-G-----	A-----	T-----	8941
C_IN.21068	-TTC.....	C-----	GCT-----	A-----	A-----	T-----	8883
C_IN.301905	GGGACTTCCGCT	A-----	G-----	A-----	T-----	8824
C_IN.301904	GGGACTTCCGCT	A-----	G-----	A-----	T-----	8866
C_IN.11246	GGGACTTCCGCT	A-----	G-----	A-----	T-----	8828
D_CONSENSUS				?	T-.A-----	9538
D_UG.94UG114			AA-AG-----		T-.A-----	8827
D_CD.NDK				T-----	T-.A-----	9017
D_CD.ELI			A-----		T-.A-----	9049
D_CD.Z226		9081
D_CD.84ZR085		8975

	TATA box	3' LTR U3 end	3' LTR R repeat start	Poly-A signal R repeat end	3' LTR	3' LTR U5 start	
B_FR.HXB2	ATATAAGCAGCTGCTTTTGCCTGTACTGGGTCCTCTGGTTAGACCAGATCTGAGCCTGGGAGCTCTCTGGC.	TA	ACTAGGGAACCCACTGCTTAA.	GCCTCAATAAA..GCTTGCCTTGAG.TGCTTCAA		9637	
		TAR element	stem	bulge	loop	stem	
A_CONSENSUS	-----C-----	T-----	-----	-----	-----	-----	G---?-- 9282
A_KE.Q2317	-----C-----	T-----	-----	-----	-----	-----	G-G 9089
A_SE.UGSE8891	-----CC-T-----	T-----	-----	-----	-----	-----	G-G 8785
A_SE.TZSE8538	-----C-T-----	T-A-----	-----	-----	-----	-----	G-A 8816
A_SE.UGSE6594	-----C-T-----	T-G-----	-----	-----	-----	-----	G-G 8791
A_SE.UGSE7535	-----C-----	T-----	T-----	-----	A-----	-----	G-A 8859
A_SE.SOSE7253	-----C-----	T-----	A-----	-----	A-----	-----	G-A 8813
A_SE.SE8131	-----C-C-----	T-----	-----	-----	-----	-----	G-G 9015
A_UG.U455	-----C-----	T-----	-----	-----	-----	-----	G-G 9097
A_UG.92UG037	-----C-C-T-----	T-G-----	-----	-----	-----	-----	G-G 8999
B_CONSENSUS	-----	-----	-----	-----	-----	-----	G 9952
B_AU.MBC200	-----	-----	-----	-----	-----	-----	G 9685
B_AU.MBC925	-----	-----	-----	-----	-----	-----	G 9657
B_CN.RL42	-----A-----	A-C-----	-----	-----	-----	-----	G 8985
B_DE.HAN2	-----C-----	C-----	-----	-----	-----	-----	G 9076
B_DE.D31	-----	-----	-----	-----	-----	-----	G 9074
B_ES.89SP061	-----	T-----	-----	-----	-----	-----	G 9214
B_GA.OYI	-----	A-C-----	C-----	-----	-----	-----	G 9190
B_GB.MANC	-----	-----	-----	-----	-----	-----	G 9631
B_GB.CAM1	-----	-----	-----	-----	-----	-----	G 9591
B_NL.ACH320A	-----	A-----	C-----	-----	-----	-----	G 9631
B_TW.LM49	-----C-----	-----	C-----	-----	-----	-----	G 9612
B_US.SF2CG	-----	-----	-----	-----	-----	-----	G 9653
B_US.DH123	-----C-----	-----	A-----	-----	-----	-----	G-A 9622
B_US.NY5CG	-----	-----	-----	-----	-----	-----	G 9022
B_US.ADB	-----	-----	-----	-----	-----	-----	G 9627
B_US.WCIPR18	-----G-----	A-----	-----	-----	-----	-----	C 9205
B_US.YU2	-----	-----	-----	-----	A-----	-----	G 9624
B_US.JRCSF	-----	-----	-----	-----	-----	-----	G 9540
B_US.MN	-----C-----	-----	-----	-----	-----	-----	G 9656
B_US.BCSG3	-----	-----	-----	-----	-----	-----	G 9168
B_US.896	-----	-----	-----	-----	-----	-----	G 9628
B_US.WEAU160	-----	-----	-----	-----	-----	-----	G 9637
B_US.RF	-----	-----	T-----	-----	-----	-----	G 9128
B_US.WR27	-----	A-G-----	-----	-----	N-----	-----	CCT 9011
C_CONSENSUS	-----C-----	A-G-----	-----	-----	T-----	-----	G-GCATC 9326
C_BR.92BR025	-----C-----	A-G-----	-----	-----	T-G-----	-----	G-GCATC 8959
C_BW.96BW0402	-----	-----	-----	-----	-----	-----	G 9032
C_BW.96BW1104	-----	-----	-----	-----	-----	-----	G 8897
C_BW.96BW15C02	-----	-----	-----	-----	-----	-----	G 9010
C_BW.96BW0502	-----	-----	-----	-----	-----	-----	G 9056
C_BW.96BW16B01	-----	-----	-----	-----	-----	-----	G 8981
C_BW.96BW1210	-----	-----	-----	-----	-----	-----	G 8911
C_BW.96BW17B03	-----C-----	-----	-----	-----	-----	-----	G 8931
C_BW.96BW01B03	-----	-----	-----	-----	-----	-----	G 8998
C_ET.ETH2220	-----C-T-----	C-----	A-G-----	-----	T-G-----	-----	G 9031
C_IN.301999	-----C-----	-----	A-G-----	-----	T-----	-----	G-GCAT 9067
C_IN.21068	-----C-----	-----	A-G-----	-----	T-----	-----	G 9002
C_IN.301905	-----C-----	-----	A-G-----	-----	T-----	-----	G-GCATC 8951
C_IN.301904	-----C-----	-----	A-G-----	G-----	T-----	-----	G-GCA 8991
C_IN.11246	-----C-----	-----	A-G-----	-----	A-GT-----	-----	G-GCATC 8955
D_CONSENSUS	-----	-----	T-----	-----	-----	-----	G 9665
D_UG.94UG114	-----C-----	T-----	AC-----	-----	G-A-----	-----	G 8952
D_CD.NDK	-----C-----	-----	T-----	-----	T-----	-----	G 9143
D_CD.ELI	-----	-----	T-----	-----	-----	-----	G 9176
D_CD.Z2Z6	-----	-----	T-----	-----	-----	-----	G 9081
D_CD.84ZR085	-----	-----	T-----	-----	-----	-----	G 8975

Extensive secondary structure in this region		3' LTR U5 end	
See Rizvi, J Virol 67: 2681-88 (1993)			
B_FR.HXB2	GTAGTGTGTGCCCGTCTGTTGTG.TGACTCTGGTAACTAGAGATCCCTCAGACCCTTTTAGTCAGTGTGGAAAA.TCTCTAGCA.....		9719
A_CONSENSUS	-----? - ? .-----AC-?--A-?--AA-----		9359
A_KE.Q2317	-----AC-C--A-G---AA-----		9169
A_SE.UGSE8891			8785
A_SE.TZSE8538			8816
A_SE.UGSE6594			8791
A_SE.UGSE7535			8859
A_SE.SOSE7253			8813
A_SE.SE8131	C.....		9016
A_UG.U455	-----A-T-----AC-A--A-T--AA-----		9178
A_UG.92UG037			8999
B_CONSENSUS	-----A-----G?G..		10037
B_AU.MBC200	-----		9767
B_AU.MBC925	-----		9739
B_CN.RL42	-----		8985
B_DE.HAN2			9076
B_DE.D31			9074
B_ES.89SP061			9214
B_GA.OYI			9190
B_GB.MANC	-----A.....		9655
B_GB.CAM1			9591
B_NL.ACH320A			9631
B_TW.LM49	-----A-----		9694
B_US.SF2CG	-----A-----G....		9737
B_US.DH123	-----A-----		9704
B_US.NY5CG	-----		9022
B_US.AD8	-----GTG..		9712
B_US.WCIPR18	-----		9205
B_US.YU2	-----		9706
B_US.JRCSF	-----A--G-----T-----G-----		9540
B_US.MN	-----		9738
B_US.BCSG3	-----G-----A-CC--T--A-----GGG..		9168
B_US.896	-----G-----A-CC--T--A-----GGG..		9713
B_US.WEAU160	-----A-----G....		9720
B_US.RF			9128
B_US.WR27			9011
C_CONSENSUS			9326
C_BR.92BR025			8959
C_BW.96BW0402			9032
C_BW.96BW1104			8897
C_BW.96BW15C02			9010
C_BW.96BW0502			9056
C_BW.96BW16B01			8981
C_BW.96BW1210			8911
C_BW.96BW17B03			8931
C_BW.96BW01B03			8998
C_ET.ETH2220			9031
C_IN.301999			9067
C_IN.21068			9002
C_IN.301905			8951
C_IN.301904			8991
C_IN.11246			8955
D_CONSENSUS			9665
D_UG.94UG114			8952
D_CD.NDK			9143
D_CD.ELI			9176
D_CD.Z226			9081
D_CD.84ZR085			8975

Extensive secondary structure in this region
See Rizvi, J Virol 67: 2681-88 (1993) 3' LTR U5 end|
GTAGTGTGTGCCCGTCTGTTGTG.TGACTCTGTGTAAC TAGAGATCCCTCAGACCCCTTTTAGTCAGTGTGGAAAA.TCTCTAGCA.....

B_FR.HXB2
F_CONSENSUS
F1_BE.VI850
F1_BR.93BR020
F2_CM.MP255C
F2_CM.MP257C
F1_FI.FIN9363
F1_FR.MP411
G_CONSENSUS
G_BE.DRCBL
G_FI.HH87932
G_NG.92NG083
G_SE.SE6165
H_CONSENSUS
H_BE.VI991
H_BE.VI997
H_CF.90CF056
J_SE.SE91733
J_SE.SE92809
K_CM.MP535C
K_CD.EQTBI1C
CRF01_AE_CONSENSUS
CRF01_AE_CF.90CF402
CRF01_AE_TH.93TH253
CRF01_AE_TH.CM240
CRF02_AG_CONSENSUS
CRF02_AG_DJ.DJ263
CRF02_AG_DJ.DJ264
CRF02_AG_NG.IBNG
CRF03_AB_RU.KAL153
CRF04_cpx_CONSENSUS
CRF04_cpx_CY.94CY032
CRF04_cpx_GR.97PVMY
CRF04_cpx_GR.97PVCH
AC_IN.21301
AC_RW.92RW009
AC_SE.ETSE9488
AC_ZM.ZAM184
ACD_SE.SE8603
AD_SE.KESE7108
ADH_NO.NOIIL3
ADU_CD.MAL
AG_NG.92NG003
AGU_CD.Z321B
AGJ_AU.BFP90
AGJ_ML.95ML84
AJU_BW.98-2117
BF_BR.93BR029
MO_CM.97CAMP645MO
O_CM.ANT70
O_CM.MVP5180
N_CM.YBF30
SIVCPZUS
SIVCPZGAB
SIVCPZANT

??-??-?-AC-C--AT---AA-.-.-.-.-GT...
-AC-C--AT---AA-.-.-.-.-GT...
CA--CC.....
C.....
C.....
C.....
CA--CCG.....
CA--CCG.....
--G-----?----GT-A.G-----?--AC-C--A-T-A--AA-.-.-.-.-
--G-----GT-A.G-----AC-C--A-T-A--AA-.-.-.-.-
--G-----A----GT-A.G-----T-AC-C--A-T-A--AA-.-.-.-.-
-----A-TGTG-----
-----A-TGTG-----
C.....
-----AC-C--A-----A-----
-----A-----T-----G-A-----GCGGC-G-G-C-T.....
-----TAGACTCTG-TA-CTAGA-----TAC-CG--A-----AAA-.-.-.-.-
-C-----T-A-----CAA.CC-----GT-----
TA-C-AGAGAT--C--A-AAC-CT-A-AAG-A-GTGAA-ATCTCTAGCAGTGG-GC.....
-C-----TA--A--CA-.AC-----TTAAA---.T---CAA-G---A-----

9719
8975
8903
8968
8555
8588
8925
8578
9703
9707
9047
8987
9074
9019
9056
8955
8953
8953
8943
8598
8594
9826
9843
9720
9203
9225
9002
8961
9201
9350
9733
9050
9699
9543
8981
8992
8813
8990
8955
8822
9666
9229
8966
7995
9775
8697
9103
8954
9309
9754
9793
9182
9788
9811
7898

INTENTIONAL BLANK