Sequences in the *Gag* Alignment

COMMON NAME	LOCUS	ACC #	FIRST AUTHOR	REFERENCE
SUBTYPE A:				
U455	HIVU455	M62320	Oram,J.D.	ARHR 6, 1073 (1990)
BZ126B	HIVBZ126B	L22083	Louwagie,J.J.	ARHR 10, 561 (1994)
IBNG	HIVIBNG	L39106	Howard,R.M.	ARHR 10: 1755 (1994)
VI59	HIVVI59	L11795	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
VI310	HIVVI310	L11786	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
VI57	HIVVI57	L11794	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
K112	HIVK112	L11768	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
K88	HIVK88	L11773	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
K29	HIVK29	L11770	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
K7	HIVK7	L11772	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
K98	HIVK98	L11775	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
K89	HIVK89	L11774	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
VI32	HIVVI32	L11788	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
VI415	HIVVI415	L11791	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
CI4	HIVCI4	L11757	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
LBV23	HIVLBV23	L11777	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
TN2431	HIVTN2431	L03702	McCutchan,F.E.	ARHR 8, 1887 (1992)
TN245	HIVTN245	L11762	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
TN240	HIVTN240	L11761	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
CI20	HIVCI20	L11755	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
CI59	HIVCI59	L11759	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
LBV2310	HIVLBV2310	L11779	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
CI51	HIVCI51	L11758	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
IC144	HIVIC144	L11767	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
DJ258	HIVDJ258	L11763	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
TN238	HIVTN238	L11760	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
UG266	HIVUG266	L11798	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
SUBTYPE B:				
SF2	HIVSF2	K02007	Sanchez-Pescador,R.	Science 227, 484 (1985)
BZ167	HIVBZ167	L11752	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
PH153	HIVPH153	L11781	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
PH136	HIVPH136	L11780	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
TB132	HIVTB132	L03697	McCutchan,F.E.	ARHR 8, 1887 (1992)
BZ190	HIVBZ190	L11753	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
LAI	HIVLAI	K02013	Wain-Hobson,S.	Cell 40, 9 (1985)
HXB2R	HIVHXB2R	K03455	Starcich,B.	Science 227, 538 (1985)
MN	HIVMN	M17449	Gurgo,C.	Virol. 164, 531 (1988)
JH31	HIVJH31	M21137	Komiyama,N.	ARHR 5, 411 (1989)
JRCSF	HIVJRCSF	M38429	Koyanagi,S.	Nature 348, 69 (1990)
JRFL	HIVJRFL	M74978	O'Brien,W.A.	Nature 348, 69 (1990)
OYI	HIVOYI	M26727	Wain-Hobson,S.	AIDS 3: 707 (1989)
NY5CG	HIVNY5CG	M38431	Theodore,T.	PNASU 83: 5038 (1986)
NL43	HIVNL43	M19921	Buckler,C.E.	JVI 59: 284 (1986)
CDC41	HIVCDC41	M13136	Desai,S.M.	PNAS 83, 8380 (1986)
HAN	HIVHAN	U43141	Sauermann,U.	ARHR 6, 813 (1990)
CAM1	HIVCAM1	D10112	McIntosh,A.	Unpublished (1991)
RF	HIVRF	M17451	Starcich,B.R.	Cell 45, 637 (1986)
D31	HIVD31	U43096	Dietrich,U.	Unpublished (1992)
UG280	HIVUG280	L11802	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
YU2	HIVYU2	M93258	Li,Y.	JVI 65, 3973 (1991)
BCSG3C	HIVBCSG3C	L02317	Ghosh,S.K.	Virol. 194, 858 (1993)
P896	HIVP896	M96155	Collman,R.	JVI 66, 7517 (1992)
3202A12	HIV3202A12	U34603	Guillon,C.	ARHR 11, 1537 (1995)
3202A21	HIV3202A21	U34604	Guillon,C.	ARHR 11, 1537 (1995)

GAG46	HIVGAG46	U29413	Yoshimura,F.K.	Unpublished (1995)
MANC	HIVMANC	U23487	Zhu,T.	Nature 3745, 503 (1995)
GAG314	HIVGAG314	U29404	Yoshimura,F.K.	Unpublished (1995)
GAG22	HIVGAG22	U29255	Yoshimura,F.K.	Unpublished (1995)
GAG15	HIVGAG15	U29246	Yoshimura,F.K.	Unpublished (1995)
WEAU160	HIVWEAU160	U21135	Ghosh,S.	Unpublished (1995)
SUBTYPE C:				
UG268	HIVUG268	L11799	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
SM145	HIVSM145	L11803	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
ZAM18	HIVZAM18	L03705	McCutchan,F.	JAIDS 5, 441 (1992)
ZAM19	HIVZAM19	L03706	McCutchan,F.E.	JAIDS 5, 441 (1992)
ZAM20	HIVZAM20	L03707	McCutchan,F.	JAIDS 5, 441 (1992)
DJ259	HIVDJ259	L11764	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
VI313	HIVVI313	L11787	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
SUBTYPE D:				
ELI	HIVELI	K03454	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
Z2Z6	HIVZ2Z6	M22639	Theodore, T.	Unpublished (1988)
NDK	HIVNDK	M27323	Spire,B.	Gene 81, 275 (1989)
VI205	HIVVI205	L11785	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
G109	HIVG109	L11765	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
K31	HIVK31	L11771	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
UG274	HIVUG274	L11801	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
UG270	HIVUG270	L11800	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
SE365	HIVSE365	L11797	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
VI203	HIVVI203	L11784	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
SUBTYPE F:				
VI174	HIVVI174	L11782	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
VI69	HIVVI69	L11796	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
BZ162	HIVBZ162	L11751	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
VI325	HIVVI325	L11789	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
BZ163B	HIVBZ163B	L22086	Louwagie,J.J.	ARHR 10, 561 (1994)
SUBTYPE G:				
LBV217	HIVLBV217	L11778	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
VI191	HIVVI191	L11783	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
JV831	HIVJV831	U13212	Abimiku,A.G.	ARHR 10, 1581 (1994)
SUBTYPE H:				
VI525	HIVVI525	L11792	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
VI557	HIVVI557	U09666	Janssens,W.	ARHR 10, 877 (1994)
HYBRIDS:				
AD_K124	HIVK124	L11769	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
AD_MAL	HIVMAL	K03456	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
AD_CI32	HIVCI32	L11756	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
AD_G141	HIVG141	L11766	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
AG_VI35	HIVVI354	L11790	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
AG_LBV1	HIVLBV105	L11776	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
BF_BZ20	HIVBZ200	L11754	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
SUBTYPE O:				
ANT70C	HIVANT70C	L20587	Vanden Haesevelde,M.	JVI 68, 1586 (1994)
MVP5180	HIVMVP5180	L20571	Gurtler,L.G.	JVI 68, 1581 (1994)
CPZ:				
CPZGAB	SIVCPZGAB	X52154	Huet,T.	Nature 345, 356 (1990)
CPZANT	SIVCPZANT	U42720	Vanden Haesevelde,M.	Virol. In Press (1996)

Subtype E is not currently represented in GAG. The sequences K124, MAL, CI32, G141, VI354, LBV105, and BZ200 have been identified as likely hybrids in this region. They are presented with respect to a duplicate of the subtype A consensus.

```
          p17 ->           /<-       nls        ->/
              /<-    membrane binding     ->/
CONSENSUS-A   mGARaSvLsggkLDawekIrLRPgGkKkYrlKHlvwAsreLerFaLnPslLeTaegcqqimeQlqsalkT     70
U455          ----------K---S----------N----------------K-T---G-----------LG---P--Q-     70
BZ126B        ----------------------------Q--M-----------K--------------R--IG---P--P-     70
BNG           ------------------------------------------------G----------L--------R-     70
VI59          I--------E-----$-----------Q-------$--K--------------T------I----P----     68
VI310         --------------K------------Q------------------------T------I----P----     70
VI57          ------------------------------------------------------T------L----P----     70
K112          ------------------------------I-----------K----------T----------------     70
K88           ------------------------------M----------D----------------------------     70
K29           ------------------------------M----------------------T------I----P----     70
K7            I----------Q--R$-----------------------------------T-R--------------     69
K98           ----T--------------------N-R-K---I--------------G----T-------K------Q-     70
K89           --------------T--------------K-----------------------T-----------P----     70
VI32          ------------------------------M----------D-----------K----------E-----     70
VI415         -------------------------R----M----------D------G-----------L----P----     70
CI4           ------------------------------M---I--G---------------T-------A--------     70
LBV23         -----------------R------------M-----------------G------------G---T--Q-     70
TN243         -------------------------R----M-----------------G-----------I-----T---     70
TN245         -------------------------R---KM-----------------G-------R---IR----T---     70
TN240         -------------------------R----------------------F----------I-----T---     70
CI20          ------------------------------------------------------G----L-----AH-R-     70
CI59          ------------------------------------------------G-----D----L--------R-     70
LBV2310       --------------S-------------------------------G----------L--------R-     70
CI51          ------I-------S----------R-Q-------------------------------I---------     70
IC144         ------------------------------------------------GF---------L------T---     70
DJ258         --------------S-------------------------------G----------L--------G-     70
CM238         --------T----------------R---KI-----------------G----V------I-----T---     70
UG266         ----V----E-----$-------E-----K-----$------K----------T----R-L----P--Q-     68

CONSENSUS-B   MGARASVLSgGeLDrWekIrLRPgGkkkYkLKHiVWASreLERFavnpgLLEtseGCRqIlgQLqpsLqT     70
SF2           --------------K-----------------------------------------------------     70
BZ167         ------------------------------R---V-------------------AA---------------     70
PH153         -----------K-----------------Q---------------------------------H-A---     70
PH136         -----------------R-----------------------------------G------E----A---     70
TB132         -----------Q----K------------R---------------------------------------     70
BZ190         -----------K--K------------R-Q-----------------------A----------------     70
LAI           ---------------------------------------------------------------------     70
HXB2R         ---------------------------------------------------------------------     70
MN            -----------------N---------------V-----------------------------------     70
JH31          ------------------------------------------------S----------------------     70
JRCSF         ------------------------------R----------------------S---------------K-     70
JRFL          -----------K--K--------------R--------------------S-----------L-A-K-     70
OYI           --------------K--------------Q---------------I----------------------K-     70
NY5CG         --------------K------------Q-R-------------------------------R--------     70
NL43          --------------K------------Q----------------------------------------     70
CDC41         ---------------------------Q-R---------K--------------K---------------     70
HAN           -------------K--------------Q-----------------------------M---------     70
CAM1          --------------K------------------------------------------------------     70
RF            -----------K--K--------R---R--------------------S----A------------A---     70
D31           ------------------------------R---------------------------------------     70
UG280         ---------------------------------------------------------------------A---     70
YU2           ---------A----K------------Q-R----------------D-----------------------     70
BCSG3C        -----------K--K------------------L--------------------A----------------     70
P896          ------------------------------------------------S----------------S----     70
3202A12       -------------------Q-----SQR-------------------------A------------A---     70
3202A21       --------------K------------R-------------------------A------------A---     70
GAG46         -----------------------E---R--------------------------------V--------     70
MANC          -----------K--------------------------------T--L-------------V--------     70
GAG314        ------------------------------Q-------------------------D-----------A---     70
GAG22         --------------K--------------Q------------------S----------------A---     70
GAG15         -----------Q--A--------------R--------M--------------AA------N--------     70
WEAU160       -------------------------N-----------------------------------------     70
```

HIV1 GAG

```
          p17 ->           /<-       nls        ->/
              /<-    membrane binding     ->/
CONSENSUS-C   MGARASiLrGgKLD?WEkIrLrPGGkKhYMiKHLVWASRELerFALnpgLLETseGCkqIikqLqPalQT     69
UG268         ------V-------T----K-------C--M----------G-----S------------M---------     70
SM145         --------------A--R-------------------------------------------M---------     70
ZAM18         --------K-----T-------------------------------------------------SI--     70
ZAM19         --------x-----A-------------------------------------------------------     70
ZAM20         --------------K-------------------------------------AD------R--H-----     70
DJ259         ----------E---A----K-----R-R--L------------K-----S------------R--------     70
VI313         --------------T--R-K-K--------M---------------D-------Q--RE---K-------     70

CONSENSUS-D   MGARASVLsGGkLD?WEkIrLRPGgkKKY?LKHivWASRELeRfalNPGLLETseGCkQIigQLqPaiqt     68
ELI           --------------K--------------R-------------Y--------------------------     70
Z2Z6          --------------A--------------R---L--------------------D-------------R-     70
NDK           --------------T--R-----------A---LI---------T---------------------S---     70
VI205         --------------Q---------KS---R-----------K---------------R---E--------     70
G109          -----------Q--A--R-----------Q-----------------------A-------E--H-NL-S     70
K31           --------------E----Q-----H---K---------------I-------P------M---H-----     70
UG274         --------------E----------N---K---------------I--------------M------LK-     70
UG270         --------------E----------N---K---L--------------------------M-----S---     70
SE365         -----------Q--R--------------K---------------------------R------------     70
VI203         --------T-----S--------------R-------------------------------E----S---     70

CONSENSUS-F   MGARASVLSGGKLDaWEKIrLRPGGkKKYrlKHLvWASRELERFAinPgLLETsEGCrkIIgQLQpSLQT     70
VI174         --------------------Q----------M---------------D------P-----------T----     70
VI69          ------------------------R---KM---I----------LD----------------------     70
BZ162         ------------------------------------------------------------Q#-----------     69
VI325         --------------T----------S-------------------L--S----T----Q--R--------     70
BZ163B        ------------------------------S---------------------------Q-------S----     70

CONSENSUS-G   MGARASVLSGGKLD?WEKIRLRPGGKK?YR?KHLVWASRELE?FALNPGLLETTEGCQQI??QLQP?LQT     63
LBV217        --------------E------------K--M-----------R-----------------LQ----S---     70
VI191         --------------A------------Q--I-----------K-----------------MR----A---     70

CONSENSUS-H   MGARASVLSGG?LDAWEKIRLRPGGKK?YRLKHLVWASRELERFALNP?LL?T?EGCLQ?IEQLQPALKT     64
VI525         -----------R---------------Q--------------------G--E-S-----I----------     70
VI557         -----------K---------------K--------------------D--D-A-----L----------     70

CONSENSUS-O   MGA?ASVLTGSKLDAWE?IRL?PGSKK?YRLKHLVWASRELER?ACNP?LLETAEG?E?LLQQLEPALKT     62
ANT70         ---S-------------Q---K-----K---------------F----E-------N-K-----------     70
MVP51         ---R-------------R---R-----A---------------Y----G-------T-Q-----------     70

CONSENSUS-A   mGARaSvLsggkLDawekIrLRPgGkKkYrlKHlvwAsreLerFaLnPslLeTaegcqqimeQlqsalkT     70
AD_K124       ------------------------------------------------------T------------S---     70
AD_MAL        ------------------------------------------------G----G------------T---     70
AD_CI32       -----------R-----------------K-----------------------S-----LI--F--T-G-     70
AD_G141       --------------D----Q-----T-R-K---I------------D------S---K--LG---P----     70
AG_VI354      ------I---------KR-----------QI--I-----K--K-----G--K------------------     70
AG_LBV105     --------------T---------------M-----------------G-----------L----PSV--     70
BF_BZ200      -----------E--K------------A-K---I-----------V--G----S---RK-IG---PS-Q-     70

CONSENSUS-CPZ MGA?ASVL?G?KLD?WE??RLRPGG?K?YM?KHLVWA??EL?RFA????L?E??EGC?K???QL?P????     42
CPZGAB        ---R----T-G---R--KV------R-R--M------SR--E---CDPG-M-SK---T-LLQ--E-ALKT     70
CPZANT        ---G----R-E---T--SI------K-K--I------RS--Q---LSSS-L-TS---E-AIH--S-SIEI     70
```

```
                                                /<- nls ->/
CONSENSUS-A   g?eElkSLfNtvatLycvHqrIdvkDtKeAldkiEeiqnKskqk??????tqqaaA..?T.gs?..sskv    126
U455          -T---R--Y----V-----------------N----M---N--R.......------..N-.--........    124
BZ126B        -T--IR--Y----V--Y-----E-------------E---H---.......--H---..D-.--...--..    126
BNG           -S---------I---W-------I---------M----------......V--T--..A-.--...-...    125
VI59          -T---R----A--V---------I------------M-------.......------..N-.-N...-N--    126
VI310         -T---R-----I-V--------E---------------------.....K---E-..D-..N..----    127
VI57          -T-----------V--------E-----D---------K-----.......------..D-.-N..----    128
K112          -T---R--------------------------------------.......------..D-.E-..----    128
K88           -T---R--------------------------------------.......------..D-.-N..----    128
K29           -T---R----------------E---A---------L-------.......------..A-.-N..----    128
K7            -T---R--Y----------RQ-E---------------------.......------..D-.-N..----    127
K98           -T---R--Y-----------------------------------......E------..D-.-N..----    128
K89           -T---R---------W----Q-N-----------------N---.......------..D-.-N...N---    128
VI32          -T--I---Y----V-F--------------------K------......A------..D-.-N...-G--    128
VI415         -T--I---Y----------------------------K--N---.......------..G-.-N...--N-    128
CI4           -T---R--Y---------------------------------Q........-----..D-.-N...-RQ-    126
LBV23         -T------H----V------------------R-----K---HQ.......------..D-.-N...G---    128
TN243         -S-------------W------E-------------V----Q--.......------..G-.--..----    128
TN245         -S----------V--W------E-------------V----Q--.......------..G-.--..----    128
TN240         -S-------------W------E-------------V----Q--.......------..G-.--..----    128
CI20          -S---------I---W-------I-----------V------...........T--..A-.--...-...    120
CI59          -S--------AI-V-W-------I---------L--V-------.......------..A-.--...G...    125
LBV2310       -S---------I---W-----------------L----------.......------..A-.--...-...    125
CI51          -S---R---------W-------I--------------S-Q-K........------..A-.--...-...    123
IC144         -S--V------I-----I-----IR-------------------.......------..V-.--...-...    125
DJ258         ESK-----Y--I-V-W-------I-----------AV-------.......------..A-.--...-...    125
CM238         -S-------------W------E-------------V----Q--.......------..G-.--..----    128
UG266         -A---R--Y----V--------EI------------M-------.......------..N-.-N...-N--    126

CONSENSUS-B   GsEElrSLyNtvAtlYCvHQrIevkDTKEALdKiEEEQnkSkkK......aqqaaa??dt.gn???ssqv    128
SF2           ----------------------D--------E------------......------AAG-.--..----    130
BZ167         --------------------K-D-R------E-V--------E-......------.A-A.-T..----    129
PH153         -T------------------N----------E---------N--.......------..--.-S...C---    128
PH136         -----K--H-----------K-D--------E------------.......------..--.--...K---    128
TB132         -----------I-V------K----------E------------.......------..N-.E-..----    128
BZ190         -----K--F-A--V------Q------------------I----.......T-----..--.--...N---    128
LAI           -----------------------I--------------------.......------..--.-H..----    128
HXB2R         -----------------------I--------------------.......------..--.-H...-N--    128
MN            -----K--------------K--I-------E------------.......------..--.--RGN----    131
JH31          -----K--F----------------------E------------.......------..--.--...--K-    128
JRCSF         -----T-----------------I-------E------T--M--.......------..--.--..----    128
JRFL          ------------------------------E------A-----........E---..--.--..----    126
OYI           ----I---------------K-----------------------.....---T--..--.--..----    128
NY5CG         ----R---F----V--------D---------------------.......------..--.--..----    128
NL43          -----------I-V--------D---------------------.......------..--.--...N---    128
CDC41         ------------------------R--------------------.......------..--.--..----    128
HAN           --------------------K------------V-----N----.........---E--..-A.--...RN--    128
CAM1          --------------------K-D--------E------------.......------..G-.--..----    128
RF            -----K----A---------N---R-------------------.......------..--.--...G---    128
D31           --------F-----------------------------------.......--P--R..-A.--...N---    128
UG280         --------F-------------D---------------------.......E------..G-.--..----    128
YU2           --------------------K----------E------------.......------..--.--..----    128
BCSG3C        -----K-----I-V------M-D--------E-------N----.......------..--.--..----    128
P896          -----K--------------------------------------.......------..--.--..----    128
3202A12       --------F----V------------------------------.......------..--.--..----    128
3202A21       --------F----V------------------------------.......------..--.--..----    128
GAG46         ------------------------------E------------.......------..G-.--..----    128
MANC          -----K-------V------G----------------------.......--P---..--.--..----    128
GAG314        -----K--------------K-D----------V-----R----.......------..--.--...--K-    128
GAG22         -----K--H----V--------D--------E------------.......------..N-.--...-N-I    128
GAG15         -----K--F----VH-------D---------------------.......----V-..-A.--...N---    128
WEAU160       -------------V------K-----------------------.......------..--.E-...RN--    128
```

HIV1 GAG

```
                                                /<- nls ->/
CONSENSUS-C   GTeELrSL?NtVatLyCVH??IevrDTKEaLDkieEEQNK?QQK??....Tqqaka.aD?.Gk......V    120
UG268         --D-----Y----------KG-------------------I---......-..ET-..-K.--.......-    123
SM145         --------F----------EK-------------------S---.....------.--..--.......-    125
ZAM18         -----K--F---V--W---ED-T---------RL------S---TK...------.--..-Q......-    127
ZAM19         -----K--H-A--V-----Kx-T------x--R-------C---.....-----E.--..--.......-    125
ZAM20         --------Y----------AG-----------E-------C---.....-----T.--..--.......-    125
DJ259         --------Y----------AR--IQ---------------C---.......--K-ET.--K.--.......-    126
VI313         --K--I--H----------EK--I----------K-----S---.....----A-.--N.--.......-    126

CONSENSUS-D   GseelkSL?NTvATLYCVHerIeVkdTKEAleKmEEEqnKSKkK???...aQQatA..Dt.rn...ssQV    125
ELI           -T---R--Y----------KG-D---------------------.....----A-..--.G-...N---    128
Z2Z6          -----R--F---------------------------------N-K.....----A-..-A.G-...N---    129
NDK           ----IR--Y---------------------V-------------......T---A-..----------    125
VI205         --K-I---F----------K-------------L----------R.....----A-..--.K-.------    129
G109          ---D----Y----------N------------------------AQQ...------..--.--...-N--    131
K31           ----I---Y----------AG-K-TN-----D-I----T-----.........---E--..--.--.------    128
UG274         ----I---F-------------K-T------D-I----T-----......------..--.--.--------    128
UG270         ----V---F-------------K-A------D-I----T-----.....------..--.--.--------    128
SE365         -----R--Y--I--------K---------V------R------.....V------..-S.G-...N---    128
VI203         -T------F----------Q-----------D-L----------.....------..--.--.--------    128

CONSENSUS-F   GSEELrSLyNTvavLYfVHQrvEvkDTKEALdKLEEEQNKSqQK......tqQ?aA..dK.G.......V    123
VI174         --------F--IV---Y------I-------E------------.....---.--..--.-.-------    123
VI69          --------------------K----------E------------......K--V--..--.-.-------    124
BZ162         ----------------------------------------------.....-K-A--..--.-.-------    123
VI325         -----K--F---VT--C----I-IR----------------K--.....A--ET-..N-.-.-------    124
BZ163B        ----------------------------------------------.....-K-A--..--.-.-------    124

CONSENSUS-G   GTEE?KSL?N??A?L?C?HQrIevKDTkEALeEVEKaQknSQQk......?Qqa??..e?.Gn...ssqV    110
LBV217        ----L---F-AV-V-W-I----G-------------R-------.....I--....DK.-D...N---    126
VI191         ----I---Y-TI-T-Y-V-----I---Q---Q-------K----.....T-T.....-E.--.------    125
TAIG                                 x---------------R----.....T---AS..-K.--.------     36
JV831                              x---------------I------E......I---AK..NE.-----NP-     38

CONSENSUS-H   GTEELQSLFNLLA?LYCVHQRID?KDTKEAL?K??E?QN??Q??......TQQAT?..DK.??...??K?    106
VI525         -------------V---------I-------S-IE-V--NR-QK.....-----A..--.EK...DK-V    128
VI557         -------------T---------V-------E-LK-A--KS-NR.....-----G..--.GN...GN-I    128

CONSENSUS-O   GS??L?SLWNAI?VLWCVHNR??I?DTQQAIQKLKEV.M?SRKS...A?AAKE.....?T..S...?RQ?    106
ANT70         --DS-Q------V--------YK-G------------.-G----...-D---.....D-..-...A--A    126
MVP51         --ED-K------A--------FD-R------------.-A----...-E---.....E-..-...P--T    126

CONSENSUS-A   g?eElkSLfNtvatLycvHqrIdvkDtKeAldkiEeiqnKskqk??????tqqaaA..?T.gs?..sskv    126
AD_K124       -T--IR----A--V--------E-------------M------.....-------..D-.-N..----    128
AD_MAL        -S--I---Y--------------------------------R--TQQAAAA------..A-.KN....-S-    134
AD_CI32       -S---R--Y--I---W---R--EI--------------------TQQAAAA.-----..A-.--N......    130
AD_G141       -S------Y----------A--EI------------------.----------..A-.--...R-ST    124
AG_VI354      -S------------------K-N---------------------.....-------..A-.EN..----    128
AG_LBV105     -S---R------V--L------E-R-----I-------------.....-------..D-.--...-N-G    128
BF_BZ200      -S---R--Y----V---A--K---------------E-D---K-......A------..D-.-N..----    128

CONSENSUS-CPZ ?S????SLFNT??VLWC?H??????DT??A????K??????Q??T?S??????G?????????????????     61
CPZGAB        G-EGLR-----LA----I-SDITVE--QK-LEQL-RHHGEQ-SK-E-NSGSRE-GASQGASASAGI....    136
CPZANT        R-PEII-----IC----V-KGEKIK--EQ-VKTV-MKVMQT-AE-G-SQTASR-MLLRLLLLNKQWCQRH    140
```

```
                 p17 \/ p24
CONSENSUS-A   ????SqNYPIVQNaqgQm?hQ?lSPrTLnAwVKviEekaFspEVIPmFsaLSEGATpQdLNmMLNiVgGH    190
U455          ....--------------PV--A------------V-D----------------------------V----    190
BZ126B        ....--------------V--AI-----------V--------------------------T---T----    192
BNG           ....----------K---T--SM---------------G-------------------------------    191
VI59          ....--------------IV--A---K----$---V--------------E---------------V----    191
VI310         ....-H------------V--S---------------R-------------------------------    193
VI57          ....--------------I--AV-----------------------------------------------    194
K112          ....--------------I--N------------------------------------------------    194
K88           ....--------------I--T------------------------------------------------    194
K29           ....--------------T--S------------------------------------------------    194
K7            ....-----------R--I--N--------$----------L-------------------V--------    192
K98           ....--------------I--N--------------------------------------V--------    194
K89           ....--------------IL-T------------------------------------------------    194
VI32          ....--------------I--S------------------------T-----------------------    194
VI415         ....--------------I--AI-----------------------------------------------    194
CI4           ....--------------V--SI-----------------------------------------------    192
LBV23         ....--------------I--A-----------A--------------T---------------------    194
TN243         ....--------------V--P------------V---G-N-----------------------------    194
TN245         ....--------------A--P------------V---G-N-----------------------------    194
TN240         ....--------------A--P------------V---G-N-----------------------------    194
CI20          ....--------------T--SM-------------------------T---------------------    186
CI59          ....--------------T--PM-------------------------T---------------------    191
LBV2310       ....--------------T--PM-----------------------------------------------    191
CI51          ....--------------T--SI----------A---R-------------------------------    189
IC144         ....--------------T--PI-----------------------------------------------    191
DJ258         ....--------------V--PM-------------------------T---------------------    191
CM238         ....--------------V--P------------V-K-G-N-----------------------------    194
UG266         ....---------T-R--TY-A--------$---V---------------------S--------V-E--    191

CONSENSUS-B   ....SqNYPIVQnlqGQMVHQaiSPRTLNAWVKVvEEKAFSPEVIPMFsALsEGAtPQDLNTMLNTVGGH    194
SF2           ....------------------------------------------------------------------    196
BZ167         ....---------M--------------------I-----------------------------------    195
PH153         ....---------I------------------------------------------------------    194
PH136         ....--------K---------L----------------------------------------------    194
TB132         ....---------M------------------------------------------------------    194
BZ190         ....----------------------------------------------A------------------    194
LAI           ....---------I------------------------------------------------------    194
HXB2R         ....---------I------------------------------------------------------    194
MN            ....---------IE-----------------------------------------------------    197
JH31          ....---------I------------------------------------------------------    194
JRCSF         ....------------------------------I----------------------------------    194
JRFL          ....---------M------------------------------------------------------    192
OYI           ....-----------------P----------------------------A------------------    194
NY5CG         ....------------------------------------------------------------------    194
NL43          ....------------------------------------------------------------------    194
CDC41         ....------------------------------I-------------A---------------------    194
HAN           ....------------------------------------------------------------------    194
CAM1          ....------------------------------------------------------------------    194
RF            ....------------------------------------------------------------------    194
D31           ....-----------------P------------------------------------------------    194
UG280         ....---------I------------------------------------------------------    194
YU2           ....------------------------------------------------------------------    194
BCSG3C        ....-R-------I------------------------------------------------------    194
P896          ....---------I------------------------------------------------------    194
3202A12       ....------------------------------------------------------------------    194
3202A21       ....-----------------L----------------------------------------------    194
GAG46         ....---------I-------PL----------------------------------------------    194
MANC          ....-H---------------S--------------------------------I--------------    194
GAG314        ....------------------------------------------------------------------    194
GAG22         ....------------------------------------------------------------------    194
GAG15         ....------------------------------------------------------------------    194
WEAU160       ....-----------------L-----------I----------------------------------    194
```

HIV1 GAG

```
                  p17 \/ p24
CONSENSUS-C   ....SQNyPIVQNLQGQMvHQaiSPRTLNAWVKVIEeKAfSpe?IPMFTALSEGATPQDLNTMLNTVGGH    185
UG268         ....------------------L--------------------V--------------------------    189
SM145         ....----------------------------------------I--------------------------    191
ZAM18         ....--------------I-----------------G------I--------------------------    193
ZAM19         ....----------------------------------x-----..........................    163
ZAM20         ....---F------------------------------L-QRI--------------------------    191
DJ259         ....---F-------------PL--------------------V--------------------------    192
VI313         ....-----------------PM--------------------V--------------------------    192

CONSENSUS-D   ....SQNYPIVQNLQGQMVHQaiSPRTLNAWVkVIEEKaFsPEViPMFsALSEGATPQDLNtMLNTvGGH    191
ELI           ....------------------------------------------------------------------    194
Z2Z6          ....------------------------------------------------------------------    195
NDK           ....------------------------------------------------------------------    191
VI205         ....----------------------------E-----------T------------------------    195
G109          ....------------------L-----------------N-------A-----------------A---    197
K31           ....-----------------VM-----------------------------------------------    194
UG274         ....----------------------------------------------T---------------------    194
UG270         ....-------------------------------------------------------A--------    194
SE365         ....------------------L---------------D---------T---------------------    194
VI203         ....------------------L-----------------N----------------------------    194

CONSENSUS-F   ....SQNYPIVQNlQGQMVHQ?iSPRTLNAWVKVIEEKAFSPEVIPMFSALseGATPQDLNTMLNTVGGH    188
VI174         ....-----------------A-----------------------------------------------    189
VI69          ....-----------------A-----------------------------------------------    190
BZ162         ....-----------------S-----------------------------------------------    189
VI325         ....---------M-------PL----------------------------AD-----------------    190
BZ163B        ....-----------------S-----------------------------------------------    190

CONSENSUS-G   ....SQNYPIVQnaQGQm?HQ?isPRTLNAWVKVvEEKaFSPEVIPMFSALSEGATPQDLNtmlNTVGGH    174
LBV217        ....--------------V--P-----------------------------------------------    192
VI191         ....--------------V--PLT----------I---N------------------------------    191
TAIG          ....--------xI---PI--A-------------------------------------I$S------    101
JV831         ....--------------I--A-----------------------------------------------    104

CONSENSUS-H   ....SQNYPIVQNAQGQ?VHQAISPRTLNAWVKVVEEKAFSPEVIPMFSALSEGATPQDLNAMLN?VGGH    170
VI525         ....-------------M-------------------------------------------T----    194
VI557         ....-------------P-----------------------------------------------I----    194

CONSENSUS-O   ....?QNYPIV?NAQGQMVHQAISPRTLNAWVKAVEEKAFNPEIIPMFMALSEGA??YDINTMLNAIGGH    168
ANT70         ....G------S-----------------------------------------IS-------------    192
MVP51         ....S------T-----------------------------------------VP-------------    192

CONSENSUS-A   ????SqNYPIVQNaqgQm?hQ?lSPrTLnAwVKviEekaFspEVIPmFsaLSEGATpQdLNmMLNiVgGH    190
AD_K124       ....--------------I--S-----------------------------------------------    194
AD_MAL        ....--------------I--AI----------------------------------------------    200
AD_CI32       ....---------L----V--A-------------------------T------------T---T----    196
AD_G141       ....--------------V--AI----------------------------------------------    190
AG_VI354      ....--------------V--AM---------------G-------------------N--I-----K--    194
AG_LBV105     SQNV---------V----V--PV-----D---------G-N----------------------------    198
BF_BZ200      ....---------L----V--AI-----------V--------------------------T---T----    194

CONSENSUS-CPZ ??????NYP????A?G???HQ???PRTLNAWVK?VEEK?F?PEVIPMFSALSEGA?P?D?NTMLNAVG?H    107
CPZGAB        ....SG---LVQN-Q-QMV--AIS---------V----A-S--------------L-Q-V--------G-    202
CPZANT        LSGEGR---IIVD-G-IAR--PLT---------C----N-N--------------T-H-L--------D-    210
```

```
CONSENSUS-A   QAAMQMLKdtINeEAAewDr?HPVhAgPippgQmREPrGSDIAGtTStlqEqigwmTs...NPPiPVGdI    256
U455          --------------------L---------------------------V--------G...---------    257
BZ126B        -------------------GV-------------------------------------...-------E-    259
BNG           --------------------V-------------------------------------...-------E-    258
VI59          -----------------$--L-----R----------K---------------R$--G...---------    256
VI310         --------------------V---Q---V-----------------------------...---V---E-    260
VI57          --------------------L---------------------------P---------...---------    261
K112          --------------------L---------------------------P---------...---------    261
K88           --------------------L---------------------------P---------...---------    261
K29           --------------------L---------------------------P--------G...---------    261
K7            -----------------$--L---------------------------P---LQ----...---------    258
K98           --------------------L---------------------------P---LQ----...---------    261
K89           --------------------L---------------------------P---L-----...---------    261
VI32          ---------A------G---L---------------------------P---------...---------    261
VI415         --------------------L---------------------------T----A---G...---N-----    261
CI4           ------------G-------V---------L---------------------------...---V---E-    259
LBV23         --------------------V---Q---Y----L---------------A---Q----...---------    261
TN243         --------E-----------V-------------------------------------N...---------    261
TN245         --------E-----------V-------------------------------------N...---------    261
TN240         --------E-----------V-------------------------------------N...---------    261
CI20          --------------------V-------------------------------------...---V---E-    253
CI59          --------------------V---Q----------------------N----------...-------E-    258
LBV2310       --------------------V---------------------------N----------...-------E-    258
CI51          --------------------T-----------------------V-------------...---T---E-    256
IC144         --------------------V---------------------------N---$------...-------E-    257
DJ258         --------------------V-------------------------------------...---------    258
CM238         --------E-----------V-------------------------------------N...---------    261
UG266         -----------------$--L---Q-R---------------------V---VR$---...-------E-    256

CONSENSUS-B   QAAMQMLKeTINEEAAewDRlHPvhAGPiaPGQMREPRGSDIAGtTSTLQEQIgWmTn...NPPiPVGeI    261
SF2           --------------------V-------------------------------------...---------    263
BZ167         --------D-----------------------------------------------...-------K-    262
PH153         -------------------------------------------------------...---------    261
PH136         ----------------------------V--------------------------...---------    261
TB132         -------------------------------------------------------I-H...---------    261
BZ190         -------------------------------------------------------...---------    261
LAI           --------------------V-------------------------------------...---------    261
HXB2R         --------------------V-------------------------------------...---------    261
MN            ------------------------T------------------------------...---------    264
JH31          -----------------------AQ------------------------------S...---------    261
JRCSF         -------------------------------------------------------...---------    261
JRFL          -------------------------------------------------------...---------    259
OYI           -------------------------------------------------------...---------    261
NY5CG         -------------------------------------------------------H...---------    261
NL43          -------------------------------------------------------H...---------    261
CDC41         -------------------------------------------------------...---T-----    261
HAN           -------------------------------------------------------...---------    261
CAM1          -------------------------------------------------------...---------    261
RF            -------------------------------------------------------...---------    261
D31           -------------------------------------------------------...---------    261
UG280         -------------------------------------------------------...---------    261
YU2           -------------------------------------------------------...---------    261
BCSG3C        ------------------------Q---V-----------------------------...---------    261
P896          ------------------------Q---V-----------------------------...---------    261
3202A12       --------------------V-----------------------------------...---------    261
3202A21       -------------------------------------------------------H...---------    261
GAG46         ----------------D-----------V-----------------------------...---------    261
MANC          ----------------------------V-----------------------------...---------    261
GAG314        ----------------------------V---------------S-------------...---------    261
GAG22         -------------------------------------------------------...---------    261
GAG15         ----------------------------V-----------------------------...---------    261
WEAU160       -----------------------------------------------------A----...---------    261
```

HIV1 GAG

```
CONSENSUS-C   QAAMQMLKDTINEEAAEWDRlHPVhAGPvAPGQmRePRGSDIAGTTStLQEQIaWMT?...NPPiPVGdI    251
UG268         ------------------------------------------------------N---S...-------E-    256
SM145         ------------------------Q----------D---------------------S...---------    258
ZAM18         ----------------------------N----L-----------------------N...---V-----    260
ZAM19         ..................................------------------------N...---V-----    197
ZAM20         --------------------I-------------------------------------A...---V---E-    258
DJ259         ----------------------------I------------------N---------S...---------    259
VI313         ------------------------Q--------I-----------------------N...---------    259

CONSENSUS-D   qAAMQMLKETIneEAAEWDRlHPvHAGPiAPGQMREPRGSDIAGTTStLQEQi?WMTs...NPPIPVgeI    257
ELI           -------------------------------------------------------A----...---------    261
Z2Z6          -------------------------------------------------------A----...---------    262
NDK           ------------D---------------V------------------------A----...---------    258
VI205         H----------I-------------------------------------------A----...------KK-    262
G109          -------------------------------------------------------A---A...---------    264
K31           ------------------------A-----------------------------G---N...---------    261
UG274         --------------------V--------------------------------G----...---------    261
UG270         ------------------------------------------------I----VG----...---------    261
SE365         -------------------------------------------------------G---N...---------    261
VI203         -------------------------------------------------------G----...---------    261

CONSENSUS-F   QAAMQMLKDTINEEAAEWDRLHPvqAGPiPPGQiREPRGSDIAGTTSTLQEQIqWMTs...NPPvPVGeI    255
VI174         ------------------------------------------------------------N...---------    256
VI69          ------------------------H---N----M------------------------...---I---D-    257
BZ162         ------------------------A-----------------------------------...---------    256
VI325         ------------------------H--------M-------------------T----...---------    257
BZ163B        ------------------------------------------------------------...---------    257

CONSENSUS-G   QAAMQMlKDTINeEAAEWDRIHP?QAGPIpPGQIR?PrGSDIAGTTSTLQEQIRWMTS...NPPIPVGeI    239
LBV217        ------------------------Q-----------D----------------------...---------    259
VI191         ------------------------P-----------E----------------------...-------D-    258
TAIG          ------S----------------P-----A-----D----------------------...---------    168
JV831         ------------D----------Q-----------E-S--------------------...---------    171

CONSENSUS-H   QAAMQ?LKDTINEEAAEWDR?HPVHAGPIPPGQMREPRGSDIAGTTSTLQEQIAWMT?...NP?IPVGDI    233
VI525         -----I--------------L-----------------------------------G....--A------    261
VI557         -----M--------------V-----------------------------------S....--P------    261

CONSENSUS-O   QGALQVLKEVINEEA?EWDRTHPP??GPLPPGQIREPTGSDIAGTTSTQQEQI?WTTR.??N??IPVGDI    229
ANT70         ---------------V--------PV--------------------------H----..P-QP------    260
MVP51         ---------------A--------AM---------------------------I-----.GA-.S------    260

CONSENSUS-A   QAAMQMLKdtINeEAAewDr?HPVhAgPippgQmREPrGSDIAGtTStlqEqigwmTs...NPPiPVGdI    256
AD_K124       --------N-----------L---------------------------P---------...---------    261
AD_MAL        ----------------D---V-------------------------------------...---------    267
AD_CI32       --------------------V--------A----------------------A---N...-------E-    263
AD_G141       ----------------D---T-------A----------------------------...-------E-    257
AG_VI354      --------------------I---Q------S-I--------------T--------G...-------K-    261
AG_LBV105     --------------------T---R-----------------------------I--...---V-----    265
BF_BZ200      --------E--------$--L--------A---------------------------N...-------E-    260

CONSENSUS-CPZ QGAMQVLKEVINEEAAEWDRLHPTHAGP???GQLREP?GSDIAGTTST?QEQ??W??????N???PVGD?    160
CPZGAB        ----------------------------IAP------R----------L---IG-TTA...-PPI----V    269
CPZANT        ----------------------------VQA------T----------V---MQ-MSTPQQ-GGV----I    280
```

```
                                        /<-     MHR      ->/
CONSENSUS-A   YkrwIiLGLNKIVRMYSPvSILDirQgPKEPFrdYVdrFfKtLRAeqAtQeVKnwMTeTLLvQNANPDCK    326
U455          -R-------------------------------------------------D-------------------    327
BZ126B        ---------------------------------------------------------D------------    329
BNG           -----V-------------------------------------------------------------------    328
VI59          -R---------------------V--R-----K--------I----------------------------    326
VI310         ------------------------------------------------A-------------------    330
VI57          ------------------------K---------------V------S-D-------------------    331
K112          ------------------------K----------------------------G----------------    331
K88           -----------------------VK----------------------------G----------------    331
K29           ------------------------K----------------------------G-------I--------    331
K7            --------------------------R--------------A------S-D--G$---------------    327
K98           ------------------------K----------------A-----------G----------------    331
K89           ------------------------K-------------------------D------------------    331
VI32          ------------------------K----------------------------G----------------    331
VI415         ------------------T----VK----------------I-----------G----------------    331
CI4           -R--------------------------------------C-------------------I--------    329
LBV23         -RK-----------------------------------------------D-------------------    331
TN243         ------------------I--------------------Y------------------------------    331
TN245         ---------------------------------------Y------------------------------    331
TN240         ---------------------------------------Y------------------------------    331
CI20          -----V-------------------------------------------------------------------    323
CI59          -----V-----------------------------------------$-------------------------    327
LBV2310       -----V-----------------------------------V--------------------------------    328
CI51          --K----------------------------------------------------------------------    326
IC144         -----V--------------------------------------------S---------------------    327
DJ258         ------------------------------------------------------------------------    328
CM238         ------------------I--------------------Y------------------------------    331
UG266         -R-$----------------------E-----KE---K------------D---$----------------    324

CONSENSUS-B   YKRwIIlGLNKIVRMYSPtSILDIrQGPKEpFRDYVDRFYKTLRAEQAsQeVKNwmTETlLVqNaNPDCK    331
SF2           -----------------------------------------------------D-------------------    333
BZ167         ------------------I------------------------------D-------------------    332
PH153         -----------------------------------------------------D-------------------    331
PH136         ------M-----------------K-----------------------------------------------    331
TB132         ------------------------------------------------------------------P-------    331
BZ190         ------M-----------------K--------------------------------------S-----    331
LAI           ------------------------------------------------------------------------    331
HXB2R         ------------------------------------------------------------------------    331
MN            ------------------S-----------------------------------RT---------------    334
JH31          ------------------S-----------------------------------------------------    331
JRCSF         ------------------V-----------------------------T----------------------    331
JRFL          ------------------------------------------------------------------------    329
OYI           -----------------------------------------------------D-------------------    331
NY5CG         ------------------------------------------------------------------------    331
NL43          ------------------------------------------------------------------------    331
CDC41         ------------------I-----------------------------------------------------    331
HAN           ------------------------K----------------------T----------------------    331
CAM1          ------------------------------------------------------------------------    331
RF            ------------------I------------------------------D--------F----------    331
D31           ------------------------------------------T-----------------------------    331
UG280         ------------------------K-------------------------------------S-----    331
YU2           ------------------------------------------------------------------------    331
BCSG3C        ------------------S-----------S-------------------------------------    331
P896          ------------------S-----K-----------------------------------------------    331
3202A12       ------------------------------------------------------------------------    331
3202A21       ------------------------------S-------------------------------------    331
GAG46         ------------------A-----------------------------------------------------    331
MANC          ------------------------------------------------------------------------    331
GAG314        ------------------A-----------------------------------------------------    331
GAG22         -----------------------------------------------------D-------------------    331
GAG15         ------------------------------------------------------------------------    331
WEAU160       ------------------V-----------------------------T----------------------    331
```

HIV1 GAG

```
                                    /<-     MHR      ->/
CONSENSUS-C   YKRWIILGLNKIVRMYSPVSILDIkQGPKEPFRDYVDRFFKTLRAEQAtQDVKNWMTdTLLVQNANPDCK    321
UG268         ------------------------------------------------------------------------    326
SM145         ------------------------------------------------------------------------    328
ZAM18         ------------------------------------------------------------E------------    330
ZAM19         ------------------------R-----------------------------------E------------    267
ZAM20         ------------------------R-----------------------------------------------    328
DJ259         ------------------------R----------------------S----------------------    329
VI313         ------------------------------------------------------------------------    329

CONSENSUS-D   YKrWIIlGLNKIVrMYSPVSILDIRQGPKePFRDYVDRFYKTLRAEQAsQdVKnWMTETLLVQNANPDCk    327
ELI           ------V-----------------------------------------------------------------    331
Z2Z6          ------------------------------------------------------E--G----------------    332
NDK           ------------------------------------------------------------------------    328
VI205         -------------K---------------K---------------------------------------    332
G109          --K---M-----------------------------------------------------------------    334
K31           ------------------------------------------------------------------------    331
UG274         ------------------------------------------------------------------------R    331
UG270         ------------------------------------------------------------------------    331
SE365         ------------------------------------------------T-E-------------------    331
VI203         ------------------------------------------------T-E-------------------    331

CONSENSUS-F   YKRWIILGLNKIVRMYSPVSILDIrQGPKEpFRDYVDRFFKTLRAEqATQEVKgWMTDTLLvQNANPDCk    325
VI174         ------------------------------------------------------------------------    326
VI69          ---------------------------------------------E--------------I--------    327
BZ162         ------------------------------------------------------------------------    326
VI325         ------------------------K-----S----------------------N----------------    327
BZ163B        ------------------------------------------------------------------------Q    327

CONSENSUS-G   YKRWIILGLNKIVRMYSPVSILDIRQGPKEPFRDYVDRFFKTLRAEQATQ?VK?WMTDTLLVQNANPDCK    307
LBV217        ------------------------------------------------D--N----------------    329
VI191         ------------------------------------------------E--G----------------    328
TAIG          ------------------                                                      186
JV831         ----------------------------                                            199

CONSENSUS-H   YKRWIILGLNKIVRMYSPVSILDI?QGPKEPFRDYVDRFFK?LRAEQATQ?VK?WMTDTLLVQNANPDCK    299
VI525         ------------------------K----------------T--------D--N----------------    331
VI557         ------------------------R----------------A--------E--G----------------    331

CONSENSUS-O   YRKWIVLGLNKMVKMYSPVSILDI?QGPKEPFRDYVDRFYKTLRAEQATQEVKNWMTETLLVQN?NPDCK    297
ANT70         ------------------------K---------------------------------------A-----    330
MVP51         ------------------------R---------------------------------------S-----    330

CONSENSUS-A   YkrwIiLGLNKIVRMYSPvSILDirQgPKEPFrdYVdrFfKtLRAeqAtQeVKnwMTeTLLvQNANPDCK    326
AD_K124       ------------------------K----------------------------G----------------    331
AD_MAL        ------------------------------------------------------------------------    337
AD_CI32       ----------------------------------------Y--------S----------------------    333
AD_G141       ------------------------------------------------------------------------    327
AG_VI354      --K$-----------------------------E--N--------K--------$----------------    329
AG_LBV105     ------------------------K-------------------------D------D------------    335
BF_BZ200      ---$--------------T--------------------Y--------S----------------------    329

CONSENSUS-CPZ Y?RW?I?GLNKVVR?Y?PVSIL?I?QGPKEPFRDYVDRFYKT?RAEQASQ?VK?WMT?TLL?QNANPDCK    218
CPZGAB        -R--V-L-------M-C-----D-R-----------------L-------E--N---D---V--------    339
CPZANT        -K--I-M-------x-S-----E-K-----------------I-------P--A---E---I--------    350
```

```
                                                                                  Zn-motif
                                          p24 \/  \/     'p2'     \/ p7           /<-
CONSENSUS-A   sILraLg?gAtLeEMMTacQgVggPgHKArvLAEAmSqv...q???n??.iMmQrGnf.rgqkr?iKCFN    384
U455          -------P--------------------------------...-Q.TS...---------.--PR-.-----    388
BZ126B        -------P--------------------------------...-N.ASPN.---------.-S---.-----    392
BNG           -------T--------------------------------...-Q.A-...V--------.---RT.-----    389
VI59          ---KR-RVR--------------------K-----I---...-Q.TS...---------.K----.-----    387
VI310         ---K---T-----------------S----I-------A...-H.T-...--I-----.K----.-----    391
VI57          -------T-----------------S-------------...-Q.P-...---------.---RG.-----    392
K112          ----G--T----------------------I--------...-H.T-...---------.-----.-----    392
K88           -------T--------------------------------...-H.T-...---------.-----.-----    392
K29           -------A----------S--------------------...-H.T-...---------.-----.-----    392
K7            ---K---T-----------------S---K--------A...-Q.T-...---------.K---T.-----    388
K98           ---K---T--------------------------------...-Q.A-...---------.-----.-----    392
K89           -------T--------------------------------...-H.T-...---------.-----.-----    392
VI32          -------P-----------------------------H-...-Q.A-...-------I.--G$KR-----    392
VI415         T------T--------------------------------...-H.T-...---------.K--R-.-----    392
CI4           -------T--------------------------------...-H.T-...----K---.-----.-----    390
LBV23         T------A--------------------------------...-H.T-...V--------.-----.-----    392
TN243         ---K---T-----------------S-----------HA...-H.A-...---------.K----.-----    392
TN245         ---K---S-----------------S-----------HA...-H.A-...---------.K----.-----    392
TN240         ---K---T-----------------S-----------HA...-H.AT...---------.K----.-----    392
CI20          -------P--------------------------------...-Q.S-...---------.---RT.-----    384
CI59          -------P--------------------------------...-Q.S-...---------.G--RT.-----    388
LBV2310       -------PA-------------------------------...-Q.T-...---------.---RT.-----    389
CI51          -------P---------S----------------------...-Q.S-...---------.---RT.-----    387
IC144         T------P--------------------------------...-Q.S-...---------.---RT.-----    388
DJ258         -------P---------S----------------------...-Q.S-...------D-.---RT.-----    389
CM238         ---K---T-----------------S-----------HA...-Q.AS...---------.K---G.-----    392
UG266         ------RPK-----------R-R--S---Q---------...-Q.TS...---------.K----.-----    385

CONSENSUS-B   TILKALGPaATLEeMMtACQGVGGPgHKARvLAEAMSqv...tn?s.at?iMmQrGnf.rnqrKtvKCFN    394
SF2           ----------------------------------------...--.P.-N.--------.-----------    396
BZ167         ----------------------------------------...P-S-.--.----K---.-----I-----    396
PH153         ---------------------------------------A...--.-.--.M-L-----.--T--------    394
PH136         -------------------------S-------------...--.-.--.A-------.-----I-----    394
TB132         ----------------------------------------...--.-.--.----K-K-.-----I-----    394
BZ190         ----------------------------------------...--.-.--.--------.-----------    394
LAI           ----------------------------------------...--.-.--.--------.-----I-----    394
HXB2R         ----------------------------------------...--.-.--.--------.-----I-----    394
MN            ----------------------------------------...--.-.--.--------.-----II----    397
JH31          ----------------------------------------...--.-.T-.--------.-----II----    394
JRCSF         ----------------------------------------...--.P.--.--------.-----N-----    394
JRFL          ----------------------------------------...--.P.--.--------.-----I-----    392
OYI           ----------------------------------------....-.-.V-.V---K---.K----------    393
NY5CG         ----------------------------------------...--.P.--.--I-----.---K-------    394
NL43          --------G-------------------------------...--.P.--.--I-K---.-----------    394
CDC41         ----------------------------------------...--.-.--.---------.-R-G-------    394
HAN           ----------------------------------------...-G.-.-A.--------.-----------    394
CAM1          ----------------------------------------...--.-.--.--------.-----------    394
RF            -------------------------S----I--------...--.-.--.--L-K---.-D---I-----    394
D31           ----------------------------------------...--.-.--.V-------.-----------    394
UG280         ----------------------------------------...--.P.VN.----N---.-----I-----    394
YU2           ----------------------------------------...--.-.--.--------.-----------    394
BCSG3C        --------G-------------------------------...--.-.--.--------.-----------    394
P896          --------G-------------------------------...--.-.--.--------.-----------    394
3202A12       ----------------------------------------...--.-.--.--------.-----------    394
3202A21       --------G-------------------------------...--.-.--.--------.-----I-----    394
GAG46         --------G-------------------------------...--.-.-N.--------.-----V-----    394
MANC          -------------------------S----I--------...--.-.--.--------.-----------    394
GAG314        ---------------------------------------I...--.-.-ATT-------.-----II----    395
GAG22         ----------------------------------------...--.-.T-.-------D.------.I----    393
GAG15         ---------------------------------------A...--.-.--.--------.-----------    394
WEAU160       --------G----D--------------------------...--.T.--.M-------.-SP---I----    394
```

HIV1 GAG

```
                                                                                  Zn-motif
                                          p24 \/  \/     'p2'     \/ p7           /<-
CONSENSUS-C   TILRALGPgAsLEEMMTACQGVGGPsHKARVLAEAMSQa...nn.?n...imMQrsNF.KGpkrivKCFN    382
UG268         -------------------------G-------------...--.I-...--------.------I----    388
SM145         -------------------------A-------------...--.I-...-L---G--.--S--------    390
ZAM18         --------A-T-----------------------------...--.T-...-L------.-----S-----    392
ZAM19         --------A-T-----------------------------...-S.Tx...x-------.---Rx------    329
ZAM20         ----------T---------------------------T...-S.A-...V----G--.-----T-----    390
DJ259         ----------------------------------------...T-.T-...----K---.---RKTI----    391
VI313         -------------------------G-------------...--.I-...----K---.------I----    391

CONSENSUS-D   tILKALGP?ATLeEMMTACQgVGgPsHKARVLAEAMSQa...tn.snta.imMQrgNF.KGprkiiKCFN    390
ELI           --------Q-------------------------------...--.-V-T.A-------.-----------    395
Z2Z6          --------Q-------------------------------...--.-AA-.V-------.-----T-----    396
NDK           --------Q----------------G------------V...-G.-A--.V-------.-----S-----    392
VI205         --------Q---K-------E------------------...-S.-A--.VI------.---K-------    396
G109          --------A-------------------------------...-S.--A-.----K---.-----VV----    398
K31           --------G----------------G-------------....-.G---.--------.--Q--------    394
UG274         --------G-------------------------------...--.A---.--------.-----------    395
UG270         --------A-------------------------------...S-.A-A-.-----A--.---KRN-----    395
SE365         N-------G--------------E---------------...-S.-AA-.--------.--Q---V----    395
VI203         --------G-------------------------------...--.T-V-.--------.---KR------    395

CONSENSUS-F   TILKAlGPGAtLEEMMTACQGVGGPGHKARvLAEaMSQa...TN.??a?.ImMQksNF.KGQRrivKCFN    386
VI174         ----------------------------------------...--.TA-A.--------.-----------    390
VI69          -----M-----------------------------T----...--...-A.--------.-----T-----    389
BZ162         ----------------------------------------...--...-T.-L------.-----------    388
VI325         ----------S-------------------I-------V...--...TT.----RG--.----K-I----    389
BZ163B        -----------                                                              338

CONSENSUS-G   TIL?ALGPGATLEEMMTACQGVGGP?HKARVLAEAMSQA...SG.?A?A.?MMQK??F.KGP???IKCF?    360
LBV217        ---K---------------------S-------------...--.T-T-.I----GN-.---RKN----D    393
VI191         ---R---------------------G-------------...--.V-A-.M----SG-.---KRT----N    392

CONSENSUS-H   ?IL?ALG?GASIEEMMTACQGVGGP?HKA?VLAEAMSQV?..TN.??A?.?MMQKGNF.KGQRRI?KCFN    353
VI525         N--K---T-----------------S---R---------...--.TH-A.I-------.------V----    395
VI557         T--R---Q-----------------G---K---------N..--...-V.M-------.------I----    394

CONSENSUS-O   QILK?LGP?ATLEEMMVACQGVGGPTHKA??LAEAMA?AQQDLKGGYTA.VFMQRGQN.P?RKG?IKCFN    358
ANT70         ----S---G--------------------RV------T-----------.--------.-I---T-----    398
MVP51         ----A---E--------------------KI------S-----------.--------.-N---P-----    398

CONSENSUS-A   sILraLg?gAtLeEMMTacQgVggPgHKArvLAEAmSqv...q???n??.iMmQrGnf.rgqkr?iKCFN    384
AD_K124       -------A-----------------S------------A...TNNI-AA.V--------.K-P-KI-----    396
AD_MAL        T--K---P-----------------S------------A...TN.STAA.---------.K----.-----    400
AD_CI32       ---K---P-------------------------------...-Q.S-...---------.K--RKFV----    395
AD_G141       T------P-------------------------------...-N.A-...----K---.K----.-----    388
AG_VI354      T---G--A----K-------E--E---------------...HN.TS...---------.K---K.-----    390
AG_LBV105     T------P--S-----------------------------...-H.P-...---------.K----I-----    397
BF_BZ200      T--K---PA-------S--------------------$-...TN.S.AA.---------.-N-RKTV----    391

CONSENSUS-CPZ ?ILKALG?GA?LEEM?TACQGVGGP?HKARVLAEAM?????.?Q.????.VF?Q?G?G??G?KR??KCFN    262
CPZGAB        Q------P--T----M---------S----------SMVQ..N-.GRAD.--F-K-Q-.A-P--KI----    404
CPZANT        H------T--S----L---------A----------ASANN.A-..GTA.--L-R-N-NR-G--PL----    416
```

```
                                                pol cds ->
                Zn-motif ->/      /<-Zn-motif ->/    p7 \/     'p1'      \/ p6
CONSENSUS-A     CGkEGHlArNCrAPrKkGCwKCgkEGHQmKdCT.?e.rQANFlgkiwpSsKG.RPgNFpQsRp.......    443
U455            --------K-----------------------..-.------------N--.----------.......    447
BZ126B          ---------------------------------..-.------------H--.-----L-N--.......    451
BNG             -----------K----R----------------..-.---------------.----------.......    448
VI59            -------------------$--R----------..-.---------------.----------.......    445
VI310           -----------------------N---------..-.------------T--.-------N-L.......    450
VI57            ---------------------------------..-.---------------.----------.......    451
K112            ----------------R----------------..-.---------------.-------N-L.......    451
K88             ---------------------------------..-.G-------------.-------N-L.......    451
K29             ---------------------------------..D.--------L------.-------N-L.......    451
K7              -------------------$--R-----L----..-.------RR-$-----.----------.......    445
K98             ---------------------------------..-.-------R-------.----------.......    451
K89             ------------------------------E--..-.-------R-------.-------N-L.......    451
VI32            ---------------------------------.N-.------------N--.----------.......    452
VI415           ---------------------------------..-.----------S----.----------.......    451
CI4             ---------------------------------..-.---------------.----------.......    449
LBV23           ---------------------------------..-.---------------.----------.......    451
TN243           -----------------------R---------..-.------------N--.----------.......    451
TN245           --R------------------------------..-.------------N--.----------.......    451
TN240           --R------------------------------..-.------------N--.----------.......    451
CI20            -----------K----R----------------..-.---------------.----------.......    443
CI59            -----------K----R----------------..-.---------------.-------G--.......    447
LBV2310         -----------K----R----------------..-.---------------.----------.......    448
CI51            -----------K-----------R---------..-.---------------.----------.......    446
IC144           -----------K---------------------..-.---------------.--R------T.......    447
DJ258           -----------K---------------------..-.------------T--.----------.......    448
CM238           --R------------------------------..-.------------N--.----------.......    451
UG266           -----------K--K----$--K-----I----..-.------K--------.--R-------.......    443

CONSENSUS-B     CGKeGHiAkNCrAPRkkGCWkCGkEGHQmkdCt.?e?RQANFLGKiWpShKG.RpgNFlQsRp???????    453
SF2             --------------------R--R---------..-.------------Y--.----------.......    455
BZ167           --------------------------------S..-.------------Y--.----------.......    455
PH153           --------R--K-----------R---------..-.---------------.----------.......    453
PH136           -----------------------R---------..-.---------------.----------.......    453
TB132           --------------------R------------..-.---------------.----------.......    453
BZ190           --------------------------------S..-.---------------.----------.......    453
LAI             --------R-----------------------..-.------------Y--.----------EPTAPPF    460
HXB2R           ------T-R-----------------------..-.------------Y--.----------.......    453
MN              ----------------R----------------..-.------------C--.-.R--P---T.......    455
JH31            ------L-R-----------------------N..-.------------S--.----------.......    453
JRCSF           --------R---------------------E--..-.------------Y--.----------.......    453
JRFL            --------R-----------------------..-.------------Y--.----------.......    451
OYI             -----------------------R---------..-.---------------.-------N--.......    452
NY5CG           ---------------------------------..-.---------------.----------.......    453
NL43            ---------------------------------..-.---------------.----------.......    453
CDC41           --------R--K-----------R---------..-.---------------.----------.......    453
HAN             --------R-----------------------..-.---------------.----------.......    453
CAM1            ---V----------------------------N..-.---------------.----------.......    453
RF              ---V-----------------------------.N-G---------------.----------.......    455
D31             ---------------R-----------------..-.------------Y--.-------R--.......    453
UG280           ---V----------------------------N.N-.------------Y--.----------.......    454
YU2             ---------------------------------..-.---------------.----------.......    453
BCSG3C          --------R--K----R----------------..-.---------------.-----P---L.......    453
P896            ---------------------------------..-.---------------.----------.......    453
3202A12         --------R-----------------------..-.---------------.----------.......    453
3202A21         --------R-----------------------..-.---------------.----------.......    453
GAG46           --------R-----------------------..-.---------------.----------.......    453
MANC            ---------------R-----------------..-.---------------.----------.......    453
GAG314          ------L---------------------I----..-.--------T---L--.----------.......    454
GAG22           ------L-R-------R------Q------E-P..G.---------------.-------N--.......    452
GAG15           --------R-------------------I#---..-.------------S--.----------.......    452
WEAU160         --------R--------------Q---------..-.----------S-Q--.-----P---L.......    453
```

HIV1 GAG

```
                                                  pol cds ->
                Zn-motif ->/      /<-Zn-motif ->/    p7 \/     'p1'      \/ p6
CONSENSUS-C     CGKEGHiArnCRAPRKKGCWKCG?EGHQMKDCT..E.RQANFLGKIWPs?KG.RPGNFLQsRP???????    439
UG268           ------L----------------R---------..-.-----------PN--.----------.......    447
SM145           -----------------------K---------..-.------------H--.-------N--EPTAPPA    456
ZAM18           --------K--------------K---------..-.------------H--.----------EPTAP..    456
ZAM19           --------KI-------------x---------..-.------------H--.----------.......    388
ZAM20           -----------------------R---------..-.------------Q--.-------N--EPTAPPA    456
DJ259           ------L----------------R---------..-.------------N--.----------.......    450
VI313           ------L----------------K---------..-.------------Y--.-------N--.......    450

CONSENSUS-D     CGkEGHiAkNCrAPrkkGCwkCGkEGHQmKdCT..e.RQANFLGkiWPShKG.rPGNFlQSRp.......    449
ELI             --------------------R-------L----..-.-------R-------.----------.......    454
Z2Z6            ---------------R------------L----..-.---------------.----------.......    455
NDK             ------T----------------R---------..-.---------------.----------.......    451
VI205           --------------K--------R----I----..-.------------L--.----------.......    455
G109            --R-------------R----------------..-.------------N--.----------.......    457
K31             ------L----------------R---------..-.-------RL---R--.G---------.......    453
UG274           ------------------------------E--..-.---------------.---------L.......    454
UG270           ------L------------$---R----I----..-.---------------.----------.......    453
SE365           --------R--K-----------Q---------..G.------------S--.-----P----.......    454
VI203           ------L--------------------------..-.---------------.----------.......    454

CONSENSUS-F     CGkeGHiAknCRAPRKKGCWKCGrEGHQMKDCT..E.rQANFLGKIWPSnKG.rPGNFLQsRP.......    445
VI174           --------R-----------------------..-.---------------.----------.......    449
VI69            ------V--------------------------..-.---------------.----------.......    448
BZ162           ---T-----------------------------..-.G-----------H--.-------N--.......    447
VI325           --R------H-------------K---------..-.---------------.K---------.......    448

CONSENSUS-G     CGKEGHLARNCRAPRK?GCWKCG?EGHQMKDCT..E.RQANFLG?IWPSHKG.RPGNFLQ?R?.......    414
LBV217          ----------------R------K---------..-.-------K-------.-------N-P.......    452
VI191           ----------------K------R---------..-.-------R-------.-------I-T.......    451

CONSENSUS-H     CGKEGH?ARNCRAPRKKGCWKCG?EGHQ?KDCT..E.RQANFLGKIW???KG.RPGNFLQSRP.......    406
VI525           ------I----------------R----M----..-.----------PSS--.----------.......    454
VI557           ------L----------------K----L----..-.----------SPN--.----------.......    453

CONSENSUS-O     CGKEGHIA?NCRAPRK?GCWKCGQEGHQMKDC?..NG?QANFLGKYWPPGGT.RPGNYVQ???.......    411
ANT70           --------R-------K---------------R..--K--------------.-------RPA.......    458
MVP51           --------K-------R---------------K..--R--------------.-------KQV.......    458

CONSENSUS-A     CGkEGHlArNCrAPrKkGCwKCgkEGHQmKdCT.?e.rQANFlgkiwpSsKG.RPgNFpQsRp.......    443
AD_K124         ------I-K-------R------R---------..-.------------H--.-----L----.......    455
AD_MAL          --------------------------------..-.------------H--.-----L----.......    459
AD_CI32         ------I-K-----------------------..-.-----I---------.----------.......    454
AD_G141         --------------------------------..-.------------N--.----------.......    447
AG_VI354        -----------K----------------I-N--..K.------------N--.-----L-N--.......    449
AG_LBV105       --------------------------------..-.---------------.-----L---T.......    456
BF_BZ200        ------I-K--------------R---------..-.------------N--.-----L-N--.......    450

CONSENSUS-CPZ   CGKEGH?ARNCKAPRRKGCWRCGQEGHQ?K?C???????VNFLGK??P???G?RPGNFVQ?????.....    306
CPZGAB          ------L---------------------M-D-T..G.RQ------GW-SRS-.-------NRT.......    463
CPZANT          ------T---------------------L-N-PATNTGK------PT-TWW-C-------KEEVV.....    481
```

```
                    vpr binding                                                  vpr binding
                      /<-->/              \/ (minor)        (minor) \/    /<- ->/
CONSENSUS-A   .......EPtAPpAE.......?f?gmgeeit.s?....pkqeqkd..??ke??ppl?slKSlFGNDplS    484
U455          .......--------.......I-.----KM-.-P....A---L--....R-QT.--V------------    492
BZ126B        .......--------.......S-.RFE##T-.-A....----L--....R-#..-$FP#--x           483
BNG           .......--------.......S-.------P.PS....-Q--PR-....-GLY---T----------$    492
VI59          .......--------.......IL.RIRK-M-.-P....-----T..........-SI----            477
VI310         .......--------.......S-.----D--.-S....Q--------....R-HP---V----            488
VI57          .......--------.......L-.------A.-P....---------....RGQG---V----            489
K112          .......--------.......I-.-----MA.-P....---------....R-QT--SI----            489
K88           .......--------.......IC.------A.-P....-----R-....R-QT---V----            489
K29           .......--------.......I-.--------.-P....---------....R-QA---T----            489
K7            .......--------.......I-.RIE---A.-P....----------....--QP.-SV----            482
K98           .......--------.......I-.--------.-P....---------....R-QP.--V----            488
K89           .......--------.......IC.------A.-P....S--------....R-Q..ASI----            487
VI32          .......--S-----.......I-.------A.-P....---------....R-QSQ--V----            490
VI415         .......--------.......IV.---G--..-P....----------....R-QA---V----            486
CI4           .......--------.......LL.--------.-S....----------....R-QP.-SI----            484
LBV23         .......--------.......MIF--------.-P....--K-------....R-QPL-SV----            490
TN243         .......--------.......DW.-R---T-.-L....L----------....--DP---V----------     495
TN245         .......--------.......NW.--------.-L....L----------....--HP---V----            489
TN240         .......--------.......NW.--------.-L....----------....--HP---V----            489
CI20          .......--------.......S-.--R----.-S....----PR-....-GLY---A----            481
CI59          .......--------.......N-.--E-Q--.-S....----PR-....-GLY---T----            485
LBV2310       .......--------.......S-.--------.-S....----PR-....-GLY---T----            486
CI51          .......--------.......S-.-L-----.-S....LQ--PR-....-GLY---A----            484
IC144         .......--------.......S-.--E-KT-.-S....-Q--PR-....--LY---T----            485
DJ258         .......-----L--.......S-.--------.-P....----PRE....QGLY---T----            486
CM238         .......--------.......NW.--------.-L....L----------....--HP---V----            489
UG266         .......--------.......IL.R-K--M-.-P....---K--------....--QT.--I----            480

CONSENSUS-B   ??..???EPtAPpee.......sf.rfgeetttps????qkqepid...?kelY?plasLrsLFGnDPsS    499
SF2           .......--------.......--.-----K----....----------....----.--T------------    501
BZ167         .......--------.......I-.----------....----TK-....----.-----K-            493
PH153         .......--------.......--.--R------P....----------....----.-S---KL            491
PH136         .......--------.......--.----------....----------....----.-----K-            491
TB132         .......------A-.......--.----------....----T--....----.--TA-K-------     497
BZ190         .......--------.......--.----------....-----V-....Q-K-.---A---            491
LAI           LQ..SRP-------.......--.-S-V-------....----------....----.--T------------    511
HXB2R         .......--------.......--.-S-V-----P....----------....----.--T------------    499
MN            .......--------.......--.----------YQKQEK---T--....-D--.-----K-------L-    505
JH31          .......--------.......--.----------....-----R-....----.----------------    499
JRCSF         .......--------.......--.------A---QKQE-------....----.--T------------    503
JRFL          .......-------K.......--.------A---....----------....--M-.--T------------    497
OYI           .......------A-.......--.G--------P....----------....-G--.--T------------    498
NY5CG         .......--------.......--.----------....----------....----.----------S----    499
NL43          .......--------.......--.----------....----------....----.----------S----    499
CDC41         .......--------.......--.---D-------....-----R-....----.----------------    499
HAN           .......--------.......--.----A-A.--....----------....----.-----K----S----    498
CAM1          .......--------.......--.-----K----....----------....----.----------------    499
RF            .......--------.......--.-------.--....----K--....----.-----K---------    500
D31           .......--------.......--.------A--F....----------....----.----------------    499
UG280         .......--------.......--.--V-------....----L--....----.SS-----            492
YU2           .......-----S--.......-V.----------....----------....----.----------S----    499
BCSG3C        .......--------.......--.----------P....----RE-....--M-.----------------    499
P896          .......--------.......--.----------....----------....----.----------------    499
3202A12       .......--------.......--.--------.TP....SQKQEPR...D----.----------------    499
3202A21       .......--------.......--.----------....-----R-....----.----------------    499
GAG46         .......--S-----.......--.------M--P....----------....----.--T------------    499
MANC          .......--------.......--.----------A....----------....----.------P---------    499
GAG314        .......--------.......--.----------....----------....Q-R-.----------------    500
GAG22         .......--------.......--                                                    462
GAG15         .......-------K.......--                                                    462
WEAU160       .......--------.......--.--R-------....----------....----.--T--K---------    499
```

HIV1 GAG

```
                                                                                p6 terminus
                                                                                (80%)    /
                     vpr binding                                          vpr binding
                       /<-->/            \/ (minor)        (minor) \/    /<- ->/
CONSENSUS-C   ???????ePtAppAE???????SF.rF.EetT.pa....pkQEpkd?????e???PLtsLkSLFGNDPx     479
UG268         .......--------PTAPPAE--.--.-G--.-P....--------....R-...--I----            488
SM145         ESFRVRP--------.......--.--.----.--....----L-E.................            495
ZAM18         .....RP--------.......--.--.----.--....-N-----....R-...-------            492
ZAM19         .......x-x-xx--.......--.--.----.x-....-N-----....R-...--------------     429
ZAM20         ENFR....-------.......--.--.----.--....-----R-....SPTGE---A---            496
DJ259         .......--------.......--.G-.--P-.-P....Q---L--KEPYK-...---A-R-            488
VI313         .......--------.......--.--.----.-S....--------....K-...-------            484

CONSENSUS-D   .......EPTAPPAe.......SF.GFGEeit.Ps....qKQEqKd????kEly.PlasLkSLFGNDPls    494
ELI           .......--------.......--.-------.--....-------....----.--T------------    499
Z2Z6          .......--------.......--.-------.--....-------....----.-STA----------L    500
NDK           .......--------.......--.-------.--....-------....----.-------------S-    496
VI205         .......-------K.......--.-------.--....-------....---N.--T----            492
G109          .......--------.......--.-----M-.-P....-------KEKD----.--T--R-            498
K31           .......--------.......--.-------.--....-------....--M-.-------            490
UG274         .......--------.......--.----K--.--....-------....--PC.-------            491
UG270         .......--------.......--.-------.--....-------....----.-S-A---            490
SE365         .......--------.......--.-----T-.--....-------....----.-------            491
VI203         .......--------.......--.-----KA.--....A---P-E....---.-V-----            490

CONSENSUS-F   .......EPtAPPAE.......sF.GF?EEIt.PS....PkQEqKd....eglypPLaSLKS            482
VI174         .......--------.......--.--G----.--....------G....------------            487
VI69          .......--S----.......--.--R----.--....-------....---S--------            486
BZ162         .......--------.......--.--R---N.--....------E....------------            485
VI325         .......--------.......N-.--G----.--....-R--T--....KEQGS--T----            486

CONSENSUS-G   .......EP?APPAE.......??.???EEI?.?S....PKQEP??....KELY?PL?SLKS            440
LBV217        .......--S----.......SL.GFG---A.P-....-----.....----.--T----            487
VI191         .......--T-----.............---T.S-....-----RD....----P--V----            484

CONSENSUS-H   .......EPTAPPAE.......SF.GFGEEMT.P?....PKQE??D....?E..?PL?SLKS            436
VI525         .......--------.......--.-------.-S....----PR-....K-..P--A----            490
VI557         .......--------.......--.-------.-P....----RK-....A-..S--T----            489

CONSENSUS-O   .......?PSAPPME.............E?VK.?Q....ENQ?QKG..???ELY.PFASLKSLFGTDQ$     444
ANT70         .......H------------------E--.G-....---E---..GPN---.-------------      498
MVP51         .......S------------------A--.E-....---S---..DQE---.--------------     498

CONSENSUS-A   .......EPtAPpAE.......?f?gmgeeit.s?....pkqeqkd..??ke??ppl?slKSlFGNDplS    484
AD_K124       .......--------.......S-.-F-----.PS....Q---P--....--LY.--A-V--            492
AD_MAL        .......--------.......S-.-F----K.PS....Q----------LY.--A---------Q--    504
AD_CI32       .......--------.......S-.--E---A.-S....----PG-....-GLY---A----            492
AD_G141       .......--S----.......S-.-F-----.PS....Q-------..KD--LY.--A----            486
AG_VI354      .......--------.......S-.-F----A.PS....-RP-PRE....--RY.--T----            486
AG_LBV105     .......--S----.......S-.-F---V-.PS....-------....--LY---T----            494
BF_BZ200      .......--------.......S-.-F---M-.PS....--------....EGLY---A--R-            488

CONSENSUS-CPZ .......EPTAPPIE.......?Y.??QEE?K.??....?K?????....??L?PP??SLKSLFG?D??S    332
CPZGAB        .......--------.......S-.GY---E-.SQ....E-KEGES.....S-Y--.T-------S-PS-    507
CPZANT        .......--------.......I-...---H-.RT....Q-GLKGE....EE-.--SY-------K-Q$     522
```

```
                 p6 terminus
                / (80%)
CONSENSUS-A    Q                                                    485
U455           -                                                    493

CONSENSUS-B    q$                                                   500
SF2            -                                                    502
LAI            -                                                    512
HXB2R          -                                                    500
MN             -                                                    506
JH31           P                                                    500
JRCSF          -                                                    504
JRFL           -                                                    498
OYI            -                                                    499
NY5CG          -                                                    500
NL43           -                                                    500
CDC41          -                                                    500
HAN            -                                                    499
CAM1           -                                                    500
RF             -                                                    501
D31            -                                                    500
YU2            -                                                    500
BCSG3C         -                                                    500
P896           --                                                   500
3202A12        --                                                   500
3202A21        --                                                   500
GAG46          -                                                    500
MANC           --                                                   500
GAG314         -                                                    501
WEAU160        --                                                   500
```

HIV1 GAG

```
CONSENSUS-D   Q                                                    495
ELI           -                                                    500
Z2Z6          -                                                    501
NDK           -                                                    497

CONSENSUS-A   Q                                                    485
AD_MAL        -                                                    505

CONSENSUS-CPZ Q                                                    333
CPZGAB        -                                                    508
```

```
          p17 ->           /<-       nls        ->/
              /<-    membrane binding     ->/
CONSENSUS-A   mGARaSvLsggkLDawekIrLRPgGkKkYrlKHlvwAsreLerFaLnPslLeTaegcqqimeQlqsalkT     70
CONSENSUS-B   -----------e--r--------------k---i-----------v--g----s---R--lg---ps-q-     70
CONSENSUS-C   ------i-r-----?------------h-Mi-----------------g----s---k--ik---P--Q-     69
CONSENSUS-D   --------------?--------------?---i--------------G----s---k--ig---P-iq-     68
CONSENSUS-F   ---------------------------------------------i--g----s---rk-Ig---pS-Q-     70
CONSENSUS-G   --------------?------------?--?-----------?-----G----T------??---P?-Q-     63
CONSENSUS-H   -----------?---------------?--------------------?--?-?---L-?I----P----     64
CONSENSUS-O   ---?----T-S------?---?--S--?---------------?-C--?-------?E?LLQ--EP----     62
CONSENSUS-CPZ ---?----?-?---?--??------?-?-M?------??--?---????-?-??---?K???--?P????     42

                                                  /<- nls ->/
CONSENSUS-A   g?eElkSLfNtvatLycvHqrIdvkDtKeAldkiEeiqnKskqk??????tqqaaA..?T.gs?..sskv    126
CONSENSUS-B   -s---r--y-------------e-------------E-----k-......a-----??d-.-n-??--q-    128
CONSENSUS-C   -T---r--?----------??-e-r-----------E---?Q----....----k-.aD?.-k......-    120
CONSENSUS-D   -s------?----------e--e--------e-m--E-----k------...a---t-..D-.rn.....Q-    125
CONSENSUS-F   -S---r--y----v--f----vE----------L--E----q--......---?--..dK.-.......-    123
CONSENSUS-G   -T--?---?-??-?-?-?----e--------eEV-Ka-kn-Q--.......?---??..e?.-n.....q-    110
CONSENSUS-H   -T---Q----LL-?---------?-------?-??-?--??Q??......----T?..DK.??...??-?    106
CONSENSUS-O   -S??-?--W-AI?V-W---N-??I?--QQ-IQ-LK-V.M?-RKS...A-AAKE.....--..-...?RQ?    106
CONSENSUS-CPZ ?S????-----??V-W-?-??????--??-????K??????Q??T-S---???G????-????-??????     61

                 p17 \/ p24
CONSENSUS-A   ????SqNYPIVQNaqgQm?hQ?lSPrTLnAwVKviEekaFspEVIPmFsaLSEGATpQdLNmMLNiVgGH    190
CONSENSUS-B   ....---------l----V--ai-----------v---------------------------T---T----    194
CONSENSUS-C   ....---------L----v--ai--------------------?----T------------T---T----    185
CONSENSUS-D   ....---------L----V--ai---------------------------------------t---T----    191
CONSENSUS-F   ....---------l----V---i-----------------------------------T---T----    188
CONSENSUS-G   ....------------------i-----------v---------------------------t---T----    174
CONSENSUS-H   ....-------------?V--AI-----------V--------------------------A---?----    170
CONSENSUS-O   ....?------?------V--AI----------AV-----N--I----M------??Y-I-T---AI---    168
CONSENSUS-CPZ ----??---????-?-??----??---------?V---?-?--------------?-?-?-T---A--?-    107

CONSENSUS-A   QAAMQMLKdtINeEAAewDr?HPVhAgPippgQmREPrGSDIAGtTStlqEqigwmTs...NPPiPVGdI    256
CONSENSUS-B   --------e-----------l--------a---------------------------n...-------e-    261
CONSENSUS-C   --------------------l-------vA-----------------------a---?...---------    251
CONSENSUS-D   --------E-----------l--------A----------------------?----...-------e-    257
CONSENSUS-F   --------------------L---q--------i-------------------q----...---v---e-    255
CONSENSUS-G   --------------------I--?Q--------I-?-----------------R----...-------e-    239
CONSENSUS-H   -----?-------------------------------------------------A---?...--?------    233
CONSENSUS-O   -G-L-V--EV-----?----T--P??--L----I---T----------Q----?-T-R.??-??------    229
CONSENSUS-CPZ -G---V--EV----------L--T----???--L---?----------?---??-??????-???----?    160

                                    /<-     MHR      ->/
CONSENSUS-A   YkrwIiLGLNKIVRMYSPvSILDirQgPKEPFrdYVdrFfKtLRAeqAtQeVKnwMTeTLLvQNANPDCK    326
CONSENSUS-B   ------------------t--------------------Y--------s---------------------    331
CONSENSUS-C   ------------------------k--------------------------D------d------------    321
CONSENSUS-D   ----------------------------------------Y--------s-d--------------------    327
CONSENSUS-F   -------------------------------------------------------g---D------------    325
CONSENSUS-G   ---------------------------------------------------?--?---D------------    307
CONSENSUS-H   ------------------------?----------------?--------?--?---D------------    299
CONSENSUS-O   -RK--V-----M-K----------?--------------Y------------------------?-----    297
CONSENSUS-CPZ -?--?-?----V--?-?-----?-?--------------Y--?-----S-?--?---?---?--------    218

                                                                                Zn-motif
                                          p24 \/  \/     'p2'     \/ p7           /<-
CONSENSUS-A   sILraLg?gAtLeEMMTacQgVggPgHKArvLAEAmSqv...q???n??.iMmQrGnf.rgqkr?iKCFN    384
CONSENSUS-B   T--K---Pa------------------------------...tn-s.at?--------.-n-rKtv----    394
CONSENSUS-C   T------P--s--------------s------------a...nn.--...-----s--.K-p--iv----    382
CONSENSUS-D   t--K---P?----------------s------------a...tn.s-ta.---------.K-prki-----    390
CONSENSUS-F   T--K---P------------------------------a...TN.-?a-.----ks--.K--R-iv----    386
CONSENSUS-G   T--?---P-----------------?------------A...SG.-A-A.?---K??-.K-P??-----?    360
CONSENSUS-H   ?--?------SI-------------?---?---------?..TN.-?A-.?---K---.K--R-I?----    353
CONSENSUS-O   Q--K?--P?-------V--------T---??-----A?AQQDLKGGYTA.VF----QN.P?R-G------    358
CONSENSUS-CPZ ?--K------?----?---------?----------?????.?Q.-?--.VF?-?-?G??-?---?----    262

                                                 pol cds ->
              Zn-motif ->/      /<-Zn-motif ->/    p7 \/     'p1'      \/ p6
CONSENSUS-A   CGkEGHlArNCrAPrKkGCwKCgkEGHQmKdCT.?e.rQANFlgkiwpSsKG.RPgNFpQsRp.......    443
CONSENSUS-B   ------i-k------------------------.--?------------h--.-----l----???????    453
CONSENSUS-C   ------i----------------?---------..-.------------?--.-----L----???????    439
CONSENSUS-D   ------i-k------------------------..-.------------h--.-----l----.......    449
CONSENSUS-F   ------i-k--------------r---------..-.------------n--.-----L----.......    445
CONSENSUS-G   ----------------?------?---------..-.-------?----H--.-----L-?-?.......    414
CONSENSUS-H   ------?----------------?----?----..-.----------???--.-----L----.......    406
CONSENSUS-O   ------I-?-------?------Q--------?..NG?-------Y--PGGT.----YV-???.......    411
CONSENSUS-CPZ ------?----K---R----R--Q----?-?-??-????V-----??-???-?-----V-?????.....    306
```

HIV1 GAG CONSENSUS

```
                    vpr binding                                        vpr binding     p6 ter-
minus
                      /<-->/            \/ (minor)        (minor) \/    /<- ->/     / (80%)
CONSENSUS-A   .......EPtAPpAE.......?f?gmgeeit.s?....pkqeqkd..??ke??ppl?slKSlFGNDplSQ   485
CONSENSUS-B   ??..???------e-.......s-.rf---t-tps????q---pi-...---lY?--a--r-------s--$  500
CONSENSUS-C   ???????--------???????S-.rF.--t-.pa....----p--??--?---?--t----------x     479
CONSENSUS-D   ......--------.......S-.-F-----.Ps....q------??----ly.--a-------------   495
CONSENSUS-F   .......--------.......s-.-F?----.PS....-------....egly---a----            482
CONSENSUS-G   .......--?----.......-?.???---?.?S....----P??....--LY?-------            440
CONSENSUS-H   .......--------.......S-.-F---M-.P-....----??-....?-..?-------            436
CONSENSUS-O   .......?-S---M-.............-?VK.?Q....EN-?--G..--?-LY.-FA-------T-Q$     444
CONSENSUS-CPZ .......------I-.......-Y.??Q--?K.?-....?-?????....??L---?--------?-??--   333
```