

II

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Introduction	123
HIV-1 phylogenetic tree	124
Table of features annotated in the HIV-1/SIVcpz complete genome alignments	125
Table of sequences in HIV-1/SIVcpz complete genome alignments	127
Notes on full-length HIV-1/SIVcpz complete genomes	130
Nucleotide alignment of HIV-1/SIVcpz complete genomes	146

Alignment of HIV-1/SIVcpz Genomes

At the time of publishing there were 789 HIV-1 and 7 SIVcpz sequences longer than 7000 nucleotides available at the database. Since last year that is almost a doubling of complete, or nearly complete, genomes. In total, there were 111950 HIV-1 sequences in the database.

The goal in selecting sequences to include in the published Compendium alignment was to display a representative sample of the genetic variation of the HIV-1 world in the limited space of two pages per alignment. The basis for this was considering phylogenetic trees including all sequences as well as removing known duplicates and close clone sequences from the same isolates or patients, thereby creating a non-redundant set. As mentioned in the general introduction, with more subtypes and in particular CRFs being detected and described by full genome sequencing, the trend is towards only being able to show the available reference sequences from each such epidemiological unit. In the alignment most subtypes and CRFs are represented by four or more sequences to illuminate their genetic variation.

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

At the bottom of the alignment, protein sequences, based on the HXB2 sequence are indicated; the HIV genome has many overlapping coding regions, and all are shown. For more complete annotation of functional domains, see the protein sequence alignments in Part IV.

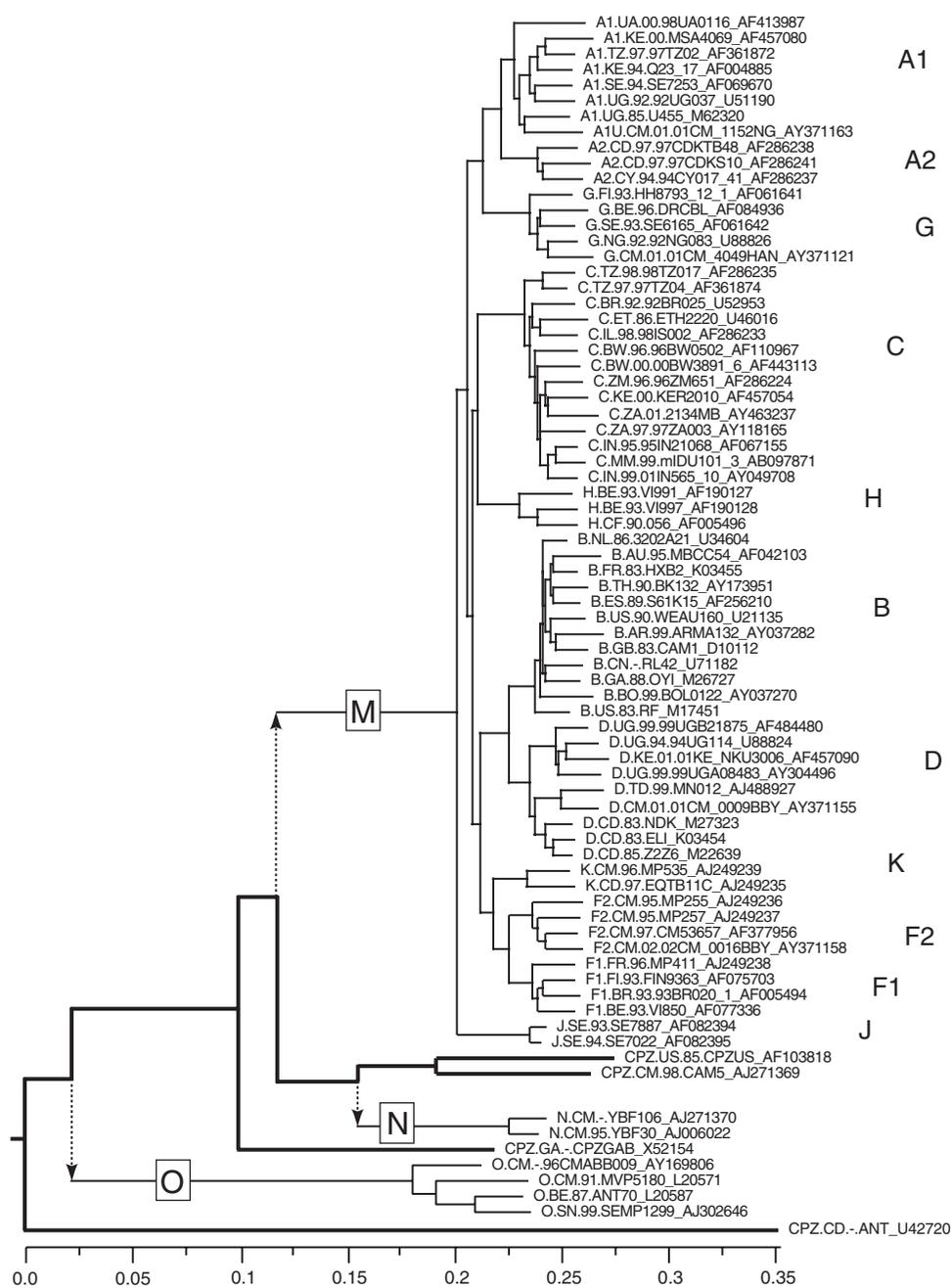


Figure 1. Phylogenetic tree of HIV-1 and SIVcpz. The tree shows the SIVcpz part in bold, the likely cross-species transmissions as dashed arrows, and the resulting three groups (M, N and O) of HIV-1 in fine lines. The subtypes and sub-subtypes of HIV-1 M are identified on the right. The scale bar at the bottom shows genetic distance according to an F84 model with relative rates. The tree was constructed from a gapstripped version of the DNA alignment in this section of the compendium, leaving 4553 unambiguously aligned positions. Also, known recombinant forms of HIV-1 were omitted. A neighbor joining tree, calculated using DNADIST (F84 model) and NEIGHBOR in the PHYLIP package, was used as a guide to calculate relative site rates. The relative site rates were estimated using a generalized version of DNArates (Korber et al, Science 2000) with eight categories (0.133; 0.287; 2.373; 6.826; 19.634; 56.472; and 115.653). Finally, these rates were given to fastDNAm1 (version 1.2.2) and a maximum likelihood tree was inferred from the gapstripped alignment (transition/transversion ratio = 2). The tree space was searched by both Jumble and Global Rearrangements (G 3 3). The tree was rooted according to a tree of all primate lentiviruses (see section IV) and visualized using TreeEdit (version 1.0) and Adobe Illustrator.

Features of HIV-1 annotated in the alignment that follows

DNA	Page	Protein
5' LTR U3 start	146	
TCF-1 α	150	
NF-kB-I, II	152	
SpI, II, III	152	
TATA Box	154	
5' LTR U3 end V R repeat begins	154	
mRNA start site	154	
Poly-A signal	154	
5' LTR repeat end V U5 start	156	
5' LTR U5 end	156	
Lys tRNA primer binding site	156	
Gag binding loops	158	
	160	Gag-Pol start
	168	p17 V p24
	178	p24 V p2
	180	p2 V p7
	180	gag-pol TF
	182	p7 V p1
ribosome slip site	182	
	184	p1 V p6
	188	gag-pol TF V pol protease
	188	Gag end
	188	Pol protease start
	192	protease V p51 RT
	212	p51 RT V p15 RNase H
	218	p15 RNaseH V p31 integrase
	230	Vif start
	323	Vif start, Pol end
	240	Vpr start
	240	Vif end
	244	Tat ex1 start
	244	Vpr end
	246	Rev ex1 start
	248	Tat ex1 end, Rev ex1 end
	248	Vpu start
	252	Env signal peptide start
	254	Vpu end, gp120 Env start
	268	V3 loop start, V3 tip
	270	V3 loop end
Rev res. element start, Stem I	280	gp120 V gp41
Stem IIA, IIIB, IIB', IIC, IIC', IIA'	282	
Stem III-IV', V, V', I'	282	
Stem V, V', I', Rev res. element end	284	
	290	Tat ex2 start Rev ex2 start
	292	Tat ex2 end
	294	Subtype C Rev ex2 end
	296	Rev ex2 end
	298	Env end

	298	Nef start
polypurine tract	304	
3' LTR U3 start	304	
	310	Nef end
TCF-1 α binding	310	
NF-k-BII	310	
NF-k-BI, SPI-III, II, I	312	
TATA box	312	
poly-A signal	314	
3' LTR U3 end V repeat start	314	
3' LTR repeat end V 3' LTR U5 start	314	
3' LTR U5 end	316	

References

- [Carr96] J.K. Carr, M.O. Salminen, C.Koch, D.Gotte, A.W. Artenstein, P.A. Hegerich, D.S. Burke, F.E. McCutchan. Full-length sequence and mosaic structure of a human immunodeficiency virus type 1 isolate from Thailand. *J Virol* **70**:5935–43, 1996.
- [Charpentier97] B.Charpentier, F.Schultz, M.Rosbash. A dynamic *in vivo* view of the HIV-1 Rev-RRE interaction. *J Mol Biol* **266**:950–962, 1997.
- [Estable96] M.C. Estable, B.Bell, A.Merzouki, J.S. Montaner, M.V. O'Shaughnessy, I.J. Sadowski. Human immunodeficiency virus type 1 long terminal repeat variants from 42 patients representing all stages of infection display a wide range of sequence polymorphism and transcription activity. *J Virol* **70**:4053–62, 1996.
- [Gao96] F.Gao, D.L. Robertson, S.G. Morrison, H.Hui, S.Craig, J.Decker, P.N. Fultz, M.Gerard, G.M. Shaw, B.H. Hahn, P.M. Sharp. The heterosexual human immunodeficiency virus type 1 epidemic in Thailand is caused by an intersubtype (A/E) recombinant of African origin. *J Virol* **70**:7013–29, 1996.
- [Kollmus94] H.Kollmus, A.Honigman, A.Panet, H.Hauser. The sequences of and distance between two cis-acting signals determine the efficiency of ribosomal frameshifting in human immunodeficiency virus type 1 and human T-cell leukemia virus type II *in vivo* *J Virol* **68**:6087–91, 1994.
- [Le89] S.Y. Le, J.H. Chen, J.V. Maizel. Thermodynamic stability and statistical significance of potential stem-loop structures situated at the frameshift sites of retroviruses. *Nucleic Acids Res* **17**:6143–52, 1989.
- [LeGrice89] S.F. Le Grice, R.Ette, J.Mills, J.Mous. Comparison of the human immuno-deficiency virus type 1 and 2 proteases by hybrid gene construction and trans-complementation. *J Biol Chem* **264**:14902–8, 1989.
- [Montano97] M.A. Montano, V.A. Novitsky, J.T. Blackard, N.L. Cho, D.A. Katzenstein, M.Essex. Divergent transcriptional regulation among expanding human immunodeficiency virus type 1 subtypes. *J Virol* **71**:8657–65, 1997.
- [Reil93] H.Reil, H.Kollmus, U.H. Weidle, H. Hauser. A heptanucleotide sequence mediates ribosomal frameshifting in mammalian cells. *J Virol* **67**:5579–84, 1993.
- [Tozser91] J.Tozser, I.Blaha, T.D. Copeland, E.M. Wondrak, S.Oroszlan Comparison of the HIV-1 and HIV-2 proteinases using oligopeptide substrates representing cleavage sites in gag and gag-pol polyproteins. *FEBS Lett* **281**:77–80, 1991.
- [Zhang97] L.Zhang, Y.Huang, H.Yuan, B.K. Chen, J.Ip, D.D. Ho. Genotypic and phenotypic characterization of long terminal repeat sequences from long-term survivors of human immunodeficiency virus type 1 infection. *J Virol* **71**:5608–13, 1997.

Table 1. Table of sequences included in the HIV-1/SIVcpz complete genome alignments.

Name	Accession	Country	Author	Reference
B.FR.83.HXB2	K03455	France	Wong-Staal, F	<i>Nature</i> 313 (6000):277–84 (1985)
A1.KE.00.MSA4069	AF457080	Kenya	Dowling, WE	<i>AIDS</i> 16 (13):1809–20 (2002)
A1.KE.94.Q23_17	AF004885	Kenya	Poss, M	<i>J Virol</i> 72 (10):8240–51 (1998)
A1.SE.94.SE7253	AF069670	Sweden	Laukkanen, T	<i>AIDS</i> 13 (14):1819–26 (1999)
A1.TZ.97.97TZ02	AF361872	Tanzania	Hoelscher, M	<i>AIDS</i> 15 (12):1461–70 (2001)
A1.UA.00.98UA0116	AF413987	Ukraine	Masharsky, AE	Unpublished
A1.UG.85.U455	M62320	Uganda	Oram, JD	<i>ARHR</i> 6 (9):1073–8 (1990)
A1.UG.92.92UG037	U51190	Uganda	Gao, F	<i>J Virol</i> 70 (3):1651–67 (1996)
A2.CD.97.97CDKS10	AF286241	D.R.C.	Gao, F	<i>ARHR</i> 17 (8):675–88 (2001)
A2.CD.97.97CDKTB48	AF286238	D.R.C.	Gao, F	<i>ARHR</i> 17 (8):675–88 (2001)
A2.CY.94.94CY017_41	AF286237	Cyprus	Gao, F	<i>ARHR</i> 17 (8):675–88 (2001)
B.AR.99.ARMA132	AY037282	Argentina	Carr, JK	<i>AIDS</i> 15 (15); F41–7 (2001)
B.AU.95.MBCC54	AF042103	Australia	Oelrichs, RB	<i>ARHR</i> 14 (9):811–4 (1998)
B.BO.99.BOL0122	AY037270	Bolivia	Carr, JK	<i>AIDS</i> 15 (15); F41–7 (2001)
B.CN.-.RL42	U71182	China	Graf, M	<i>ARHR</i> 14 (3):285–8 (1998)
B.ES.89.S61K15	AF256210	Spain	Yuste, E	<i>J Virol</i> 74 (20):9546–52 (2000)
B.GA.88.OYI	M26727	Gabon	Huet, T	<i>AIDS</i> 3 (11):707–15 (1989)
B.GB.83.CAM1	D10112	U.K.	McIntosh, AAG	PhD diss., Univ. Cambridge (1989)
B.NL.86.3202A21	U34604	Netherlands	Guillon, C	<i>ARHR</i> 11 (12):1537–41 (1995)
B.TH.90.BK132	AY173951	Thailand	Hierholzer, J	<i>ARHR</i> 18 (18):1339–1350 (2002)
B.US.83.RF	M17451	U.S.A.	Starcich, BR	<i>Cell</i> 45 (5):637–48 (1986)
B.US.90.WEAU160	U21135	U.S.A.	Tozser, J	<i>FEBS Lett</i> 281 (1–2); 77–80 (1991)
C.BR.92.92BR025	U52953	Brazil	Gao, F	<i>J Virol</i> 70 (3):1651–1667 (1996)
C.BW.96.96BW0502	AF110967	Botswana	Novitsky, VA	<i>J Virol</i> 73 (5):4427–32 (1999)
C.BW.00.00BW3891_6	AF443113	Botswana	Novitsky, VA	<i>J Virol</i> 76 (11):5435–51 (2002)
C.ET.86.ETH2220	U46016	Ethiopia	Salminen, MO	<i>ARHR</i> 12 (14):1329–39 (1996)
C.IL.98.98IS002	AF286233	Israel	Rodenburg, CM	<i>ARHR</i> 17 (2):161–8 (2001)
C.IN.95.95IN21068	AF067155	India	Lole, KS	<i>J Virol</i> 73 (1):152–60 (1999)
C.IN.99.01IN565_10	AY049708	India	Khurana, S	Unpublished
C.KE.00.KER2010	AF457054	Kenya	Dowling, WE	<i>AIDS</i> 16 (13):1809–20 (2002)
C.MM.99.mIDU101_3	AB097871	Myanmar	Takebe, Y	<i>AIDS</i> 17 (14):2077–2087 (2003)
C.TZ.97.97TZ04	AF361874	Tanzania	Hoelscher, M	<i>AIDS</i> 15 (12):1461–70 (2001)
C.TZ.98.98TZ017	AF286235	Tanzania	Rodenburg, CM	<i>ARHR</i> 17 (2):161–8 (2001)
C.ZA.97.97ZA003	AY118165	South Africa	Gao, F	Unpublished
C.ZA.01.2134MB	AY463237	South Africa	Korber, BT	Unpublished
C.ZM.96.96ZM651	AF286224	Zambia	Rodenburg, CM	<i>ARHR</i> 17 (2):161–8 (2001)
D.CD.83.ELI	K03454	D.R.C.	Alizon, M	<i>Cell</i> 46 (1):63–74 (1986)
D.CD.83.NDK	M27323	D.R.C.	Spire, B	<i>Gene</i> 81 (2):275–84 (1989)
D.CD.85.Z2Z6	M22639	D.R.C.	Srinivasan, A	<i>Gene</i> 52 (1):71–82 (1987)
D.CM.01.01CM_0009BBY	AY371155	Cameroon	Kijak, GH	<i>ARHR</i> 20 (5):521–30 (2004)
D.KE.01.01KE_NKU3006	AF457090	Kenya	Dowling, WE	<i>AIDS</i> 16 (13):1809–20 (2002)
D.UG.94.94UG114	U88824	Uganda	Gao, F	<i>J Virol</i> 72 (7):5680–98 (1998)
D.TD.99.MN012	AJ488927	Chad	Vidal, N	<i>JAIDS</i> 33 (2):239–46 (2003)
D.UG.99.99UGB21875	AF484480	Uganda	Harris, ME	<i>ARHR</i> 18 (17):1281–90 (2002)
D.UG.99.99UGA08483	AY304496	Uganda	Kijak, GH	<i>ARHR</i> 20 (5):521–30 (2004)
F1.BE.93.VI850	AF077336	Belgium	Laukkanen, T	<i>Virology</i> 269 (1):95–104 (2000)
F1.BR.93.93BR020_1	AF005494	Brazil	Gao, F	<i>J Virol</i> 72 (7):5680–98 (1998)
F1.FI.93.FIN9363	AF075703	Finland	Laukkanen, T	<i>Virology</i> 269 (1):95–104 (2000)

F1.FR.96.MP411	AJ249238	France	Peeters, M	<i>ARHR</i> 16 (2):139–51 (2000)
F2.CM.02.02CM_0016BBY	AY371158	Cameroon	Kijak, GH	<i>ARHR</i> 20 (5):521–30 (2004)
F2.CM.95.MP255	AJ249236	Cameroon	Peeters, M	<i>ARHR</i> 16 (2):139–51 (2000)
F2.CM.95.MP257	AJ249237	Cameroon	Peeters, M	<i>ARHR</i> 16 (2):139–51 (2000)
F2.CM.97.CM53657	AF377956	Cameroon	Carr, JK	<i>Virology</i> 286 (1):168–81 (2001)
G.BE.96.DRCBL	AF084936	Belgium	Debyser, Z	<i>ARHR</i> 14 (5):453–9 (1998)
G.CM.01.01CM_4049HAN	AY371121	Cameroon	Kijak, GH	<i>ARHR</i> 20 (5):521–30 (2004)
G.FI.93.HH8793_12_1	AF061641	Finland	Salminen, MO	<i>ARHR</i> 8 (9):1733–42 (1992)
G.NG.92.92NG083	U88826	Nigeria	Gao, F	<i>J Virol</i> 72 (7):5680–98 (1998)
G.SE.93.SE6165	AF061642	Sweden	Carr, J	<i>Virology</i> 247 (1):22–31 (1998)
H.BE.93.VI991	AF190127	Belgium	Janssens, W	<i>AIDS</i> 14 (11):1533–43 (2000)
H.BE.93.VI997	AF190128	Belgium	Janssens, W	<i>AIDS</i> 14 (11):1533–43 (2000)
H.CF.90.90CF056	AF005496	C.A.R.	Murphy, E	<i>ARHR</i> 9 (10):997–1006 (1993)
J.SE.93.SE7887	AF082394	Sweden	Laukkanen, T	<i>ARHR</i> 15 (3):293–7 (1999)
J.SE.94.SE7022	AF082395	Sweden	Laukkanen, T	<i>ARHR</i> 15 (3):293–7 (1999)
K.CD.97.EQTB11C	AJ249235	D.R.C.	Peeters, M	<i>ARHR</i> 16 (2):139–51 (2000)
K.CM.96.MP535	AJ249239	Cameroon	Peeters, M	<i>ARHR</i> 16 (2):139–51 (2000)
01_AE.TH.90.CM240	U54771	Thailand	Laukkanen, T	<i>J Virol</i> 70 (9):5935–43 (1996)
01_AE.CF.90.90CF4071	AF197341	C.A.R.	Anderson, JP	<i>J Virol</i> 74 (22):10752–65 (2000)
01_AE.JP.93.93JP_NH1	AB052995	Japan	Sato, H	<i>J Virol</i> 75 (12):5604–13 (2001)
01_AE.TH.93.93TH9021	AF164485	Thailand	Chang, SY	<i>ARHR</i> 15 (18):1703–6 (1999)
02_AG.NG.-.IBNG	L39106	Nigeria	Howard, TM	<i>ARHR</i> 10 (12):1755–7 (1994)
02_AG.SE.94.SE7812	AF107770	Sweden	Laukkanen, T	Unpublished
02_AG.CM.97.97CM_MP807	AJ286133	Cameroon	Montavon, C	<i>JAIDS</i> 23 (5):363–74 (2000)
02_AG.FR.91.DJ264	AF063224	France	Laukkanen, T	<i>Virology</i> 247 (1):22–31 (1998)
02_AG.CM.02.02CM_1677LE	AY371140	Cameroon	Kijak, GH	<i>ARHR</i> 20 (5):521–30 (2004)
03_AB.BY.00.98BY10443	AF414006	Belarus	Masharsky, AE	Unpublished
03_AB.RU.97.KAL153_2	AF193276	Russia	Liitsola, K	<i>AIDS</i> 12 (14):1907–19 (1998)
03_AB.RU.98.RU98001	AF193277	Russia	Liitsola, K	<i>Scand J Infect Dis</i> 32 (5):475–80 (2000)
04_cpx.CY.94.CY032	AF049337	Cyprus	Gao, F	<i>J Virol</i> 72 (12):10234–41 (1998)
04_cpx.GR.91.97PVCH	AF119820	Greece	Nasioulas, G	<i>ARHR</i> 15 (8):745–58 (1999)
04_cpx.GR.97.97PVMY	AF119819	Greece	Nasioulas, G	<i>ARHR</i> 15 (8):745–58 (1999)
05_DF.BE.-.VI1310	AF193253	Belgium	Laukkanen, T	<i>Virology</i> 269 (1):95–104 (2000)
05_DF.BE.93.VI961	AF076998	Belgium	Laukkanen, T	<i>Virology</i> 269 (1):95–104 (2000)
05_DF.ES.99.X492	AY227107	Spain	Casado, G	<i>ARHR</i> 19 (8):719–25 (2003)
06_cpx.AU.96.BFP90	AF064699	Australia	Oelrichs, RB	<i>ARHR</i> 14 (16):1495–500 (1998)
06_cpx.ML.95.95ML127	AJ288982	Mali	Montavon, C	<i>ARHR</i> 15 (18):1707–12 (1999)
06_cpx.ML.95.95ML84	AJ245481	Mali	Montavon, C	<i>ARHR</i> 15 (18):1707–12 (1999)
06_cpx.SN.97.97SE1078	AJ288981	Senegal	Montavon, C	<i>ARHR</i> 15 (18):1707–12 (1999)
07_BC.CN.-.CNGL179	AF503396	China	McClutchan, FE	<i>ARHR</i> 18 (15):1135–40 (2002)
07_BC.CN.97.97CN001	AF286226	China	Rodenburg, CM	<i>ARHR</i> 17 (2):161–8 (2001)
07_BC.CN.97.CN54	AX149771	China	Shao, Y	Patent: WO 0136614-A 125
07_BC.CN.98.98CN009	AF286230	China	Rodenburg, CM	<i>ARHR</i> 17 (2):161–8 (2001)
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	AY008715	China	Piyasirisilp, S	<i>J Virol</i> 74 (23):11286–95 (2000)
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	AY008716	China	Piyasirisilp, S	<i>J Virol</i> 74 (23):11286–95 (2000)
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	AY008717	China	Piyasirisilp, S	<i>J Virol</i> 74 (23):11286–95 (2000)
08_BC.CN.98.98CN006	AF286229	China	Rodenburg, CM	<i>ARHR</i> 17 (2):161–8 (2001)
09_cpx.GH.96.96GH2911	AY093605	Ghana	McCutchan, FE	Unpublished
09_cpx.SN.95.95SN1795	AY093603	Senegal	McCutchan, FE	Unpublished
09_cpx.SN.95.95SN7808	AY093604	Senegal	McCutchan, FE	Unpublished
09_cpx.US.99.99DE4057	AY093607	U.S.A.	Brodine, SK	<i>AIDS</i> 17 (17):2521–2527 (2003)

10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	AF289548	Tanzania	Kouliniska, IN	<i>ARHR</i> 17 (5):423–31 (2001)
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	AF289549	Tanzania	Kouliniska, IN	<i>ARHR</i> 17 (5):423–31 (2001)
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	AF289550	Tanzania	Kouliniska, IN	<i>ARHR</i> 17 (5):423–31 (2001)
11_cpx.CM.02.02CM_4118STN	AY371153	Cameroon	Kijak, GH	<i>ARHR</i> 20 (5):521–30 (2004)
11_cpx.CM.96.4496	AF492623	Cameroon	Wilbe, K	<i>ARHR</i> 18 (12):849–856 (2002)
11_cpx.FR.99.MP1298	AJ291719	France	Montavon, C	<i>ARHR</i> 18 (3):231–6 (2002)
11_cpx.GR.-.GR17	AF179368	Greece	Paraskevis, D	<i>ARHR</i> 16 (9):845–55 (2000)
12_BF.AR.97.A32989	AF408630	Argentina	Thomson, MM	<i>J Gen Virol</i> Jan; 83 (Pt 1):107–19 (2002)
12_BF.UY.99.URTR23	AF385934	Uruguay	Carr, JK	<i>AIDS</i> 15 (15); F41–7 (2001)
12_BF.AR.99.ARMA159	AF385936	Argentina	Carr, JK	<i>AIDS</i> 15 (15); F41–7 (2001)
12_BF.UY.99.URTR35	AF385935	Uruguay	Carr, JK	<i>AIDS</i> 15 (15); F41–7 (2001)
13_cpx.CM.02.02CM_3226MN	AY371154	Cameroon	Kijak, GH	<i>ARHR</i> 20 (5):521–30 (2004)
13_cpx.CM.96.1849	AF460972	Cameroon	Wilbe, K	<i>ARHR</i> 18 (12):849–856 (2002)
13_cpx.CM.96.4164	AF460974	Cameroon	Wilbe, K	<i>ARHR</i> 18 (12):849–856 (2002)
14_BG.ES.00.X475	AF423758	Spain	Delgado, E	<i>JAIDS</i> 29 (5):536–43 (2002)
14_BG.ES.99.X397	AF423756	Spain	Delgado, E	<i>JAIDS</i> 29 (5):536–43 (2002)
14_BG.ES.00.X477	AF423759	Spain	Delgado, E	<i>JAIDS</i> 29 (5):536–43 (2002)
14_BG.ES.00.X623	AF450097	Spain	Delgado, E	<i>JAIDS</i> 29 (5):536–43 (2002)
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	AF529572	Thailand	Tovanabutra, S	<i>ARHR</i> 19 (7):561–567 (2003)
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	AF529573	Thailand	Tovanabutra, S	<i>ARHR</i> 19 (7):561–567 (2003)
15_01B.TH.99.99TH_R2399	AF530576	Thailand	Tovanabutra, S	<i>ARHR</i> 19 (7):561–567 (2003)
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	AF516184	Thailand	Viputtijul, K	<i>ARHR</i> 18 (16):1235–7 (2002)
16_A2D.KE.00.KISII5009	AF457060	Kenya	Dowling, WE	<i>AIDS</i> 16 (13):1809–20 (2002)
16_A2D.KR.97.97KR004	AF286239	Korea	Gao, F	<i>ARHR</i> 17 (8):675–88 (2001)
N.CM.-.YBF106	AJ271370	Cameroon	Ayouba, A	<i>AIDS</i> 14 (16):2623–5 (2000)
N.CM.95.YBF30	AJ006022	Cameroon	Simon, F	<i>Nat Med</i> 4 (9):1032–7 (1998)
O.BE.87.ANT70	L20587	Belgium	Vanden Haesevelde, M	<i>J Virol</i> 68 (3):1586–96 (1994)
O.CM.-.96CMABB009	AY169806	Cameroon	Yamaguchi, J	<i>ARHR</i> 19 (11):979–988 (2003)
O.CM.91.MVP5180	L20571	Cameroon	Gurtler, LG	<i>J Virol</i> 68 (3):1581–5 (1994)
O.SN.99.SEMP1299	AJ302646	Senegal	Toure-Kane, C	<i>ARHR</i> 17 (12):1211–6 (2001)
CPZ.CD.-.ANT	U42720	D.R.C.	Vanden Haesevelde, M	<i>Virology</i> 221 (2):346–50 (1996)
CPZ.CM.98.CAM5	AJ271369	Cameroon	Muller-Trutwin, MC	<i>J Med Primatol</i> 29 (3-4); 166–72 (2000)
CPZ.GA.-.CPZGAB	X52154	Gabon	Huet, T	<i>Nature</i> 345 (6273):356–9 (1990)
CPZ.US.85.CPZUS	AF103818	U.S.A.	Gao, F	<i>Nature</i> 397 (6718):436–41 (1999)

Table 2. Notes on full-length HIV-1/SIVcpz complete genomes that appear in the alignment

Name	Accession	Country	Author	Reference
B.FR.83.HXB2	K03455	France	Wong-Staal, F	<i>Nature</i> 313 (6000):277–84 (1985)
<p>This sequence was from provirus cloned lambda phage and is derived from IIIB isolate related to LAI. This clone has been extensively studied. Sequence for [25] kindly provided in computer readable form by L.Ratner, 19-AUG-1986. The HXB2R sequence is being used as a reference genome for all the HIV entries because it has been derived from a demonstrably infectious clone. Hence not all of the sites references above were concerned with this isolate. Since the earliest appearance of this sequences in the HIV database and in GenBank (prior to the 1987 publication of [3]), the 5' LTR only is shown with annotation of differences from [1] so as to facilitate coordination with [3] and with the latest information on splice sites. Revisions were made by [5], [6], and [7] with approval of the principal author of [3]. These affect restriction site analyses, in particular upstream of the gag cds start and in the envelope cds; the latter affect the RRE sequence at 7266. Many of the revisions bring the HXB2 sequence closer to the BH10 sequence, yet these were the differences receiving possible the more recent HXB2 sub clones are BH10 contaminants. Be that as it may, HXB2 clones currently in use have a sequence most closely approximated by the sequence below. For a full comparison of the IIIB/LAV sibling sequences, see Part III page 25 of the 1990 Compendium. 2 additional changes to the sequence of HXB2R were made per Marvin Reitz (personal correspondence) 6/91: the t at site 8383 was changed to c , and the g at site 8427 was changed to a . The vpU cds not annotated below do not possess a start codon in the normal position (bases 5608 to 5610; ACG). Schwartz et. Al., <i>J.Virol.</i> 64: 2519-2529, state that HXB2 does not produce vpU protein (it remain an infectious clone). The minimal continuous RRE (CAR) of 204 nt is defined by [7] to start coordinate 7327. Dr. Seth Pincus et al. [8] report a dingle base deletion after codon 686 of the envelope gene in an E variant set of clones, which results in premature termination of translations and the surface of infected cell. This sequences is from the French isolate LAI (formerly BRU) which is also referred to as IIIB. (Wain-Hobson85). Also see (Alizon86), (Lukashov95b) and (WainHobson91). GenBank accession numbers K02013, L23090-L23103, X01762, L48380-L48399, M64178-M64233, M64406-M64415 and M64768-M64775, AF033819. Other sequences which are of this type include: PV22, K08083; MFA, M33943 (Stevenson90); un-named, Z11530; and HXB, K03455, M15654; TH4, L31963; MCK1, D86068; PM213, D86069; F23CG, Z11530; and HXB, K03455, M38432, M64775 and M14100. The variation of the IIIB isolate in culture was studied by (Lockey96), GenBank accession numbers U54647, U54649, U87984, U54653, U654655, U54657, U54659, U54665, U54655, U54681, U54683, U54685 and U54689. The variation of IIIB/LAI in 9 years of infection in a chimpanzee has been studied by Fultz et al. unpublished, GenBank accession numbers U56866-U56833 and U56888 U56899. The IIIB/LAI isolate of HIV-1 has also been extensively studied in cases such as the infected lab worker. See for example (Reitz94), (Pincus94) U12030 U12055. The tropism of isolates from the lab worker for primary PBMCs and failure to grow in T-cell lines was localized to the V3-loop by Lishan Su et al.(Su97). Recombinant virus pNL4-3, with envelope from LAI(BRU) and gag-pol from NY5 has also been studied: (Adachi86) GenBank accession number M19921, (Duensing 95) GenBank accession number L42371 and (Salminen95) Genbank accession number U26942. Other Genbank entries with IIIB-LAI sequences can be found in the patented sequences section and in the cloning vector section (for example U19867 and A00647). Primary reference: Wain-Hobson S, Sonigo P, Danos O, Cole S, Alizon M. Nucleotide sequence of the AIDS virus, LAV. <i>Cell</i> 1985 Jan;40(1):9-17. Also see: Lukashov VV, Goudsmit J. Increasing genotypic and phenotypic selection from the original genomic RNA populations of HIV-1 strains LAI and MN (NM) by peripheral blood mononuclear cell culture, B-cell-line propagation and T-cell-line adaptation. <i>AIDS</i> 1995 Dec;9(12):1307-11. Wain-Hobson S, Vartanian JP, Henry M, Chenciner N, Cheynier R, Delassus S, Martins LP, Sala M, Nugeyre MT, Guetard D, et al. LAV revisited: origins of the early HIV-1 isolates from Institut Pasteur. <i>Science</i> 1991 May 17;252(5008):961-5. The NCBI REFSEQ for HIV-1 is also a clone of HXB2, but it lacks the first 454 bases of this sequence, and has the Vpu start codon (defective ACG in this sequence) corrected to ATG. See entries with accession numbers NC_001802 and AF033819.</p>				
A1.KE.00.MSA4069	AF457080	Kenya	Dowling, WE	<i>AIDS</i> 16 (13):1809–20 (2002)
<p>This sample was taken year 2000 at the Coast General Hospital, Kenya from an individual from Monbasa.</p>				
A1.KE.94.Q23_17	AF004885	Kenya	Poss, M	<i>J Virol</i> 72 (10):8240–51 (1998)
<p>This subtype A sequence was derived from a woman from Mombasa, Kenya, who had been recently infected with HIV-1. The blood sample was drawn in June13, 1994. An env gene fragment from a PCR amplification from an earlier blood sample (July 1993) was published in Poss, M., et al. (<i>ARHR</i> 13(6):493-499(1997)). The full length sequence was kindly released prior to publication by M. Poss and colleagues, U. Washington. Many env sequences from this same patient are available with accession numbers AF004893 and AF047979-AF048346.</p>				

- A1.SE.94.SE7253 AF069670 Sweden Laukkanen, T *AIDS* **13**(14):1819–26 (1999)
This subtype A sequence is from a 27 year old male living in Sweden, who is thought to have been infected in Somalia via heterosexual contact. The patient was CDC stage C3 when sampled in 1994. The virus is NSI and uses the CCR5 coreceptor. The patient's CD4 count was zero. Virus was cocultured with donor PBMC before PCR amplification and direct sequencing. Small sections of the 5' and 3' LTRs are not included in this sequence.
- A1.TZ.97.97TZ02 AF361872 Tanzania Hoelscher, M *AIDS* **15**(12):1461–70 (2001)
Sampled from an asymptomatic person in November 1997 in Mbeya Town in Tanzania. Mbeya Town is located along the Transafrican Highway, close to the borders of Malawi and Zambia.
- A1.UA.00.98UA0116 AF413987 Ukraine Masharsky, AE Unpublished
Source of HIV-1 isolate 98UA0116 was blood sample from HIV-1 infected 28-year-old woman from Kiev, Ukraine. She was found to be seropositive in 1998 and was presumed to be infected parenterally as intravenous drug user (IDU). Blood sample was obtained in 2000 as a part of large-scale molecular epidemiological survey in countries of the former Soviet Union (FSU): Ukraine, Belarus and Russia. Within the framework of this survey all samples were serotyped using gp120 V3 mimicking peptides and selected ones were genotyped by sequencing V3-V5 env and p17/p24 gag genome regions. According to these tests isolate 98UA0116 belonged to subtype A which was one of two prevalent HIV-1 variants among IDUs in countries of the FSU. Full-length genome of this isolate was obtained by amplifying eight overlapping subgenomic fragments from PBMCs DNA using nested PCR. Amplified fragments were cloned and sequenced. This is the second cloned and sequenced full-length genome of subtype A HIV-1 isolate from the FSU after isolate 97BL006 (GenBank accession number AF193275).
- A1.UG.85.U455 M62320 Uganda Oram, JD *ARHR* **6**(9):1073–8 (1990)
This sequence is from the 1985 Ugandan isolate U455. It was cloned in phage, and has defective env, vpr, and vpu. The env ORF in this sequence is interrupted by an in-frame stop codon beyond the COOH end of the V5 region. This sequence clusters with subtype A HIV-1.
- A1.UG.92.92UG037 U51190 Uganda Gao, F *J Virol* **70**(3):1651–67 (1996)
This sequence is from a complete genome PCR amplified from proviral DNA. The patient was a 31 year old asymptomatic female from Entebbe, Uganda. 92UGO37 is one of a set of three complete genomes from a study linking the HIV-1 epidemic in the heterosexual population in Thailand to an A/E recombinant. It is obtained through the WHO Global Programme on AIDS (WHO Network, *ARHR* **10**:1327-1344 (1994)) and comes from an asymptomatic 31-year old female from Entebbe, Uganda; she had not taken any anti-retroviral therapy prior to sampling. The risk factor for infection was heterosexual contact. The isolate 92UGO37 was established and propagated by short term cocultivation with normal donor lymphocytes and then the near full length genome was PCR amplified and sequenced. 92UGO37 is subtype A. An LTR sequence is available under accession number U51287 and an additional env/nef sequence with accession number U09127. There is an inframe stop codon in pol at position 3144 in this clone. The isolate from which this sequence was derived is NSI and uses CCR5 or CCR8 (Bjorndal, A. et al., *J Virol* **71**:7478 (1997) and Rucker, J., et. al., *J Virol* **71**: 8999-9007 (1997). See also: Gao F. et al., *J Virol* **70**: 7013-7029 (1996). This sequence was kindly made available prior to publication, and is now published (Gao F., et al., *J Virol* **72**(7):5680-5698 (1997)). Biotypes were determined by MT-2 syncytium assay; however, both syncytium-inducing (SI) and non-syncytium-inducing (NSI) variants may be present in the viral "swarm" for each isolate. Recent studies indicate that NSI isolates contain predominantly CCR5-using variants while most SI isolates contain both CXCR4 (SI) and CCR5 (NSI) variants. Some SI isolates may contain dual-tropic variants that use both CXCR4 and CCR5 co-receptors. The isolate 93UG037 is available from the NIH AIDS Reagent program, and is NSI R5.
- A2.CD.97.97CDKS10 AF286241 Congo Gao, F *ARHR* **17**(8):675–88 (2001)
This sample was obtained during a molecular epidemiological study survey in Kinshasa, DRC, in April 1997.
- A2.CD.97.97CDKTB48 AF286238 Congo Gao, F *ARHR* **17**(8):675–88 (2001)
This sample was obtained during a molecular epidemiological study survey in Kinshasa, DRC, in April 1997. This sequence is from a primary culture of virus obtained from a patient suffering from tuberculosis.
- A2.CY.94.94CY017_41 AF286237 Cyprus Gao, F *ARHR* **17**(8):675–88 (2001)
This sequence was obtained from a 35 year old female AIDS patient from Nicosia, Cyprus (HO17). Her husband and child and the husband's sexual partner were also infected with this strain, which may have originated in the UK. The sequence is from a primary isolate.

- B.AR.99.ARMA132 AY037282 Argentina Carr, JK *AIDS* **15**(15); F41–7 (2001)
Isolated from PBMC from a 23-year-old man from Buenos Aires in 1999; patient was probably infected by heterosexual contact; CDC Stage A2; subtype: B.
- B.AU.95.MBCC54 AF042103 Australia Oelrichs, RB *ARHR* **14**(9):811–4 (1998)
Isolate MBCC54. Biological source: Peripheral blood cultured with donor PBMC on 21/6/95 from Sydney Blood Bank Cohort member C54 (Deacon, N.J. *Science* **270**, 988–991 (1995)). Patient is a Caucasian male infected at age 56 in July 1984 via blood transfusion. He was still asymptomatic in 1995. Virus isolation: Donor PBMC co-culture. Sequencing: Full-genome PCR was performed directly on patient PBMC lysate and sequence derived from smaller overlapping PCR products. Sequence shows previously described deletions in the *nef*/LTR region. All other open reading frames are intact and the nucleic acid sequence clusters within subtype B in p17, pol and env. Viral phenotype: Monocytotropic.
- B.BO.99.BOL0122 AY037270 Bolivia Carr, JK *AIDS* **15**(15); F41–7 (2001)
Isolated from PBMC from a 32-year-old woman from La Paz (Bolivia) in 1999; patient was infected by heterosexual contact; subtype: B.
- B.CN.-.RL42 U71182 China Graf, M *ARHR* **14**(3):285–8 (1998)
RL42 was isolated from an asymptomatic IVDU, infected by needle sharing, in Dehong prefecture of Yunnan province South of China. This is near the Laos and Thailand golden drug triangle. The isolate was generated by Prof. Dr. Shao Yiming from the Chinese Academy of Preventive Medicine, Beijing, China. This sequence is of the Thai B' subtype (a subset of subtype B), which is the most prevalent subtype of HIV-1 found in the Yunnan province of Southwest China.
- B.ES.89.S61K15 AF256210 Spain Yuste, E *J Virol* **74**(20):9546–52 (2000)
Sequence S61K15 comes from sample S61, clone K15, isolated from an individual plaque. Several clones were generated from this sample to study expression of genetic and phenotypic variants and fitness loss as the result of virus passages. The sample was taken in 1989 from a 4 year old boy in Madrid, Spain, who manifested symptoms at stage P2CD2. Sample S61 was isolated by coculture on MT-4 cells (see Sanchez-Palomino et al, 1993 *J Virol* **67**:2938).
- B.GA.88.OYI M26727 Gabon Huet, T *AIDS* **3**(11):707–15 (1989)
This sequence is derived from the Gabonese isolate OYI, designated elsewhere as isolate 397, was obtained from a healthy HIV-1 infected individual presenting a typical Western Blot. This sequence is from a lambda phage clone, the cloned provirus being functionally defective. The *vpu* gene does not have a start codon. Phylogenetic analysis reveals that the sequence is closely related to the North American isolate SF2 and the European virus HAN (across the genome). This is the first report of a virus from Africa that clusters with North American rather than Zairean viruses: OYI and SF2 differ by approximately 7% in envelope. The single C → S substitution at residue 22 of the OYI tat protein renders it inactive, but may not account for the avirulence of the virus. 5 sibling sequences for OYI(397), each 59 bases long, are available (see the 1989 HIV Database Compendium page I-A-181).
- B.GB.83.CAM1 D10112 U.K. McIntosh, AAG PhD diss. University of Cambridge (1989)
This sequence is from the British isolate CAM1. It has a defective *vpu* gene. GenBank accession numbers D10112, D00917 (secondary). The sample date is September 1983 (Abraham Karpas, Nov. 2001 e-mail to Una Smith). Dissertation author McIntosh is Alison Agnes Gibson McIntosh, evidently supervised by Abraham Karpas.
- B.NL.86.3202A21 U34604 Netherlands Guillon, C *ARHR* **11**(12):1537–41 (1995)
This sequence is from a complete genome of a macrophage tropic, NSI clone, from an isolate taken from the PBMC of a patient who was in transition from NSI to SI phenotype bulk phenotype. An SI isolate from the same patient has also been completely sequenced, ACH320.2A.1.2 The patient, isolates and phenotype of the molecular clones are described in Groenink, M, *J Virol* **65**:1968–1975 (1991).
- B.TH.90.BK132 AY173951 Thailand Hierholzer, J *ARHR* **18**(18):1339–1350 (2002)
Genome sequence lacks part of non-coding region.
- B.US.83.RF M17451 United states Starcich, BR *Cell* **45**(5):637–48 (1986)
RF (also designated HAT because the virus was isolated from a patient of Haitian descent) is among the first

isolates, and is among the commonly used reference and vaccine study strains. The sequence is from the full-length lambda phage clone HAT-3, from isolate RF, cultured in HUT-78 cells. RF is from a 28 year old symptomatic Haitian male, who moved to the U.S. at age 25, in 1980 and was sampled in 1983, shortly before his death in December 1983. He had no history of IV drug use, homosexuality or blood transfusions. In October 1983 he had 20 lb weight loss, giardia with diarrhea, thrush, and diffuse lymphadenopathy. His CD4/CD8 ratio was 0.08. Primary culture from a November 1983 blood sample was co-cultured on HUT-78 cells. This RF clone sequence has defective gag and vpu genes. The sequenced clone did not have the base 'a' at position 640 required for gag translation. Two differences in the restriction map arise in comparison to an earlier published map for lambda-HAT (Hahn, B.H. et al., *PNAS USA* **82**, 4813, 1985): i) a Bgl-II site is found at position 193 of the sequence and ii) the HindIII site reported by Hahn et al. at position 2000 is not present in this sequence. See also: Reitz M., et al., *ARHR* **8**:1950 (1992).

- B.US.90.WEAU160 U21135 U.S.A. Tozser, J *FEBS Lett* **281**(1-2); 77–80 (1991)
 Sequence kindly provided prior to publication by Sajal K. Ghosh, UAB, Birmingham. A cytopathic HIV-1 virus was cloned from an acutely infected patient in 1990. The clone WEAU 1.60 is replication competent and upon transfection produces highly cytopathic T-cell tropic virus. The clone and the viral isolate from which it was derived are syncytium-inducing (SI). Genbank accession number U21135. The WEAU 1.60 clone was obtained from a coculture of the patient's PBMCs, first with normal donor PHA-stimulated lymphocytes for 14 days, then with the H9 T-cell line for another 14 days. The patients' blood specimen was obtained 15 days after the onset of clinical symptoms of acute (primary) infection, and 35 days after a single sexual encounter with a partner whose virus was proven phylogenetically to be responsible for the transmission event. The patient is identified as "Patient #1" in *N. Engl. J. Med.* **324**: 954–960 (1991) and as "WEAU 0575" in *Science* **259**: 1749–1754 (1993). The patient is also discussed in Borrow et al., *Nat Med*, **3**:205–11 (1997). The WEAU 1.60 clone has been completely sequenced from a plasmid. It appears to group with subtype B viruses. There is a deletion of a single T at position 9069, resulting in a frameshift mutation and premature termination of nef. The frameshifting deletion in nef was NOT present in the patients' unclutured PBMCs where instead there is a "T". The nef gene was not interrupted in 10 of 10 clones analyzed by PCR sequencing from the uncultured PBMCs. It has been sequenced in its entirety by two different labs (G. Shaw and L. Hood) with 100% concordance.
- C.BR.92.92BR025 U52953 Brazil Gao, F *J Virol* **70**(3):1651–1667 (1996)
 This sequence is from a PCR clone from a primary isolate that is part of a set obtained through WHO Global Programme on AIDS (WHO Network, ARHR 10:1327-1344 (1994)). It is from a 23 year old male hemophilia patient from Porto Alegre, Brazil. He had seroconverted more than 1.2 months prior to the date this blood sample was collected in 1992. He was asymptomatic, and had not taken any anti-retroviral therapy prior to sampling. 92BR025 was established and propagated by short-term co-cultivation with normal donor lymphocytes, and then the near full length genome was PCR amplified and sequenced. The HIV isolate exhibited an NSI phenotype, when assayed by the WHO. The full length genome is clone 8, 92BR025.8. This clone has two inframe stop codons in pol at positions 2141, and 3115, and a frame shift mutation at position 4131. Additional env, nef and ltr region sequences are available from this isolate: U09126, U09132, U51282, and U15121. The isolate 92BR025 is available from the NIH AIDS Reagent program, and is NSI R5. A small region of Gag, beginning very near the junction of p1/p6 (position 2131 in the HXB2R K03455 genome; 1471 in this genome) and ending before the end of p6 (position 2237 in HXB2R; position 1579 in this genome) was discovered to be subtype B at the HIV Database. This region includes 3 indels that are highly indicative of either subtype B or C, that contribute to the B-like nature of this region in 92BR025, but which would be overlooked if gapstripping were used prior to bootscanning.
- C.BW.96.96BW0502 AF110967 Botswana Novitsky, VA *J Virol* **73**(5):4427–32 (1999)
 This subtype C sequence is from Botswana. It has 4 NF-Kappa B binding sites where most subtype C have 3, and most other subtypes have just 2. It was kindly provided as a reference strain prior to publication by Dr. Vlad Novitsky, and is part of a study of multiple 23 full length C subtype sequences from Gaborone, Botswana, from eight individuals, sampled in 1996. Two full length sequences from this patient are available: AF110967-AF110968
- C.BW.00.00BW3891_6 AF443113 Botswana Novitsky, VA *J Virol* **76**(11):5435–51 (2002)
 Genome sequence lacks part of non-coding region. Sample was collected in Gaborone, Botswana year 2000. Sequence comes from cocultured PBMC extracted DNA.
- C.ET.86.ETH2220 U46016 Ethiopia Salminen, MO *ARHR* **12**(14):1329–39 (1996)
 ETH2220 is the first reported (almost full length) subtype C sequence from Ethiopia. The patient from which this

clone was obtained was taken in 1986. In its genomic organization this clone closely resembles subtype A, B, and D isolates except that the core promoter contains three potential binding sites for the transcription factor NF-κB instead of containing two. This is a feature that was preserved in other Ethiopian C subtype samples, as well as C viruses from Zambia. This sequence was cloned as a PCR amplified near full length genome, and has a defective tat gene.

- C.IL.98.98IS002 AF286233 Israel Rodenburg, CM *ARHR* **17**(2):161–8 (2001)
This sequence is part of an international survey of subtype C, based mostly on isolates obtained by the UNAIDS and NIAID networks for isolation and characterization of HIV. DNA was isolated from PBMC after short-term coculture. The samples included CRF07 and CRF08 BC recombinants.
- C.IN.95.95IN21068 AF067155 India Lole, KS *J Virol* **73**(1):152–60 (1999)
A small section of the 5' LTR sequence present in the 21068 virus is not included in this sequence. It is derived from primary PBMC coculture taken Feb. 18, 1995 from a 21 year old man from Pune in Maharashtra State, India who seroconverted in 1994. His only identified risk factor for HIV infection was genital ulcer disease. This sample is available in plasmid form through the NIH AIDS Research and Reference Reagent Program and is named p95IN21068.
- C.IN.99.01IN565_10 AY049708 India Khurana, S Unpublished
Additional clones from the same individual are presented in GenBank Accession Numbers AY047909, AY047910, and AY047911 obtained from 34 yr. old female probably infected during multiple transfusion 4–6 months prior to collection of blood on August 17, 1999; patient suffered from pulmonary tuberculosis and was on anti-tuberculosis drugs for 3 months at the time of blood collection
- C.KE.00.KER2010 AF457054 Kenya Dowling, WE *AIDS* **16**(13):1809–20 (2002)
Sample comes from a blood bank at Kericho District Hospital, Kenya in year 2000. An erratum to the publication was published in *AIDS* 2002 16(15): 2104.
- C.MM.99.mIDU101_3 AB097871 Myanmar Takebe, Y *AIDS* **17**(14):2077–2087 (2003)
- C.TZ.97.97TZ04 AF361874 Tanzania Hoelscher, M *AIDS* **15**(12):1461–70 (2001)
Sampled from an asymptomatic person in November 1997 in Mbeya Town in Tanzania. Mbeya Town is located along the Transafrican Highway, close to the borders of Malawi and Zambia.
- C.TZ.98.98TZ017 AF286235 Tanzania Rodenburg, CM *ARHR* **17**(2):161–8 (2001)
This sequence is part of an international survey of subtype C, based mostly on isolates obtained by the UNAIDS and NIAID networks for isolation and characterization of HIV. DNA was isolated from PBMC after short-term coculture. The samples included CRF07 and CRF08 BC recombinants.
- C.ZA.01.2134MB AY463237 South africa Korber, BT Unpublished
Genome sequence lacks part of non-coding region.
- C.ZA.97.97ZA003 AY118165 South africa Gao, F Unpublished
- C.ZM.96.96ZM651 AF286224 Zambia Rodenburg, CM *ARHR* **17**(2):161–8 (2001)
This sequence is part of an international survey of subtype C, based mostly on isolates obtained by the UNAIDS and NIAID networks for isolation and characterization of HIV. DNA was isolated from PBMC after short-term coculture. The samples included CRF07 and CRF08 BC recombinants.
- D.CD.83.ELI K03454 Congo Alizon, M *Cell* **46**(1):63–74 (1986)
This sequence is of a phage clone derived from the Zairean isolate ELI. ELI was recovered in 1983 from a 24 year old woman with AIDS. All reading frames in this sequence are intact. This sequence is from the Zairean isolate ELI. The complete genomic sequence and an infectious clone are available. In the 1995 Compendium (pages III-45 and III-47), ELI was listed as an unlikely D/A mosaic, with only gp41 being weakly A-like. Entry with accession number M27949 is from this same isolate.

- D.CD.83.NDK M27323 Congo Spire, B *Gene* **81**(2):275–84 (1989)
The NDK virus was isolated from a Zairean man residing in France. He had AIDS and infected his wife; she infected her lover. The cytopathicity of this virus was found not to be localized to env, and might be regulated by regions of gag, vpr and env. Kindly provided prior to publication by J.-C. Chermann, Pasteur Institute, Marseille.
- D.CM.01.01CM_0009BBY AY371155 Cameroon Kijak, GH *ARHR* **20**(5):521–30 (2004)
- D.KE.01.01KE_NKU3006 AF457090 Kenya Dowling, WE *AIDS* **16**(13):1809–20 (2002)
Sample was taken 2001 from a blood bank at Rift Valley Provincial Hospital, Kenya.
- D.TD.99.MN012 AJ488927 Chad Vidal, N *JAIDS* **33**(2):239–46 (2003)
This sample was taken from a native of Chad between 1999 and 2000 attending the National Hospital of N'Djamena, the main health center in Chad. DNA was extracted from primary PBMC.
- D.UG.94.94UG114 U88824 Uganda Gao, F *J Virol* **72**(7):5680–98 (1998)
Sample 94UG114 was obtained from an asymptomatic 31-year-old man from Butuku, Uganda as part of the WHO/UNAIDS study. He had not taken any anti-retroviral therapy prior to sampling. His risk factor for infection was heterosexual contact. The near full length genome was PCR amplified from a short term culture of a PBMC sample and sequenced. The isolate from which this sequence was derived is NSI by an MT-2 assay. This sequence was kindly made available prior to publication by Feng Gao. Biotypes were determined by MT-2 syncytium assay; however, both syncytium-inducing (SI) and non-syncytium-inducing (NSI) variants may be present in the viral “swarm” for each isolate. Recent studies indicate that NSI isolates contain predominantly CCR5-using variants while most SI isolates contain both CXCR4 (SI) and CCR5 (NSI) variants. Some SI isolates may contain dual-tropic variants that use both CXCR4 and CCR5 co-receptors. The isolate 94UG114 is available from the NIH AIDS Reagent program, and is NSI R5.
- D.UG.99.99UGB21875 AF484480 Uganda Harris, ME *ARHR* **18**(17):1281–90 (2002)
One of a set of complete genomes from 46 patients from Uganda. These sequences are from volunteers from Rakai district, 37 of whom are enrolled in cohort studies; they were referred by an AIDS surveillance program or an STD clinic. Another nine sequences were obtained from anonymous discard samples. Of the set, more than half were subtype D; 15% were subtype A; and a quarter were AD recombinants with unique mosaic patterns. A few AC and CD recombinants were also found.
- D.UG.99.99UGA08483 AY304496 Uganda Kijak, GH *ARHR* **20**(5):521–30 (2004)
- F1.BE.93.VI850 AF077336 Belgium Laukkanen, T *Virology* **269**(1):95–104 (2000)
Small sections of the 5' and 3' LTRs are not included in this sequence. This sequence was isolated from a Belgian man in 1993 whose wife was infected in Zaire (now called the Dem Rep of the Congo). This sequence was kindly provided prior to publication by J. Carr et al. This sequence was originally classified as subtype F, but because F is readily subdivided into two distinct categories, it has been reclassified as subtype F1. See Triques et al, *Virology*. 259(1):99-109 (1999).
- F1.BR.93.93BR020_1 AF005494 Brazil Gao, F *J Virol* **72**(7):5680–98 (1998)
This sequence was originally classified as subtype F, but because F is readily subdivided into two distinct categories, it has been reclassified as subtype F1. See Triques et al, *Virology*. 259(1):99-109 (1999). This sample is part of a set of sequences generated through the WHO Global Programme on AIDS (WHO Network, *ARHR* 10:1327-1344 (1994) and came from an asymptomatic HIV seropositive bisexual contact. The isolate 92BR020 was established and propagated by short term co-cultivation with normal donor lymphocytes, and then the near full length genome was PCR amplified and sequenced. The isolate 92BR020 was described as syncytium inducing (SI) using an MT-2 assay. An envelope gene sequence from this isolate is described in Gao, F., et al., *J Virol* 70:1651-1657 (1996). This sequence was kindly made available prior to publication, and was eventually published in Gao, F. et al., *J Virol* 72(7):5680-98 (1998). There were no defective genes. A summary of isolates with known co-receptor usage can be found in the HIV database reviews.

- F1.FI.93.FIN9363 AF075703 Finland Laukkanen, T *Virology* **269**(1):95–104 (2000)
The virus was isolated in 1993 from a Finnish male who claims that he was most likely infected in Finland in 1985 by a Kenyan woman, however, he had multiple partners. This sequence was originally classified as subtype F, but because F is readily subdivided into two distinct categories, it has been reclassified as subtype F1.
- F1.FR.96.MP411 AJ249238 France Peeters, M *ARHR* **16**(2):139–51 (2000)
Prior to 1999, the F subtype was made up of 3 distinctive clusters and very diverse viruses. Triques and colleagues have defined a new subtype K, and broken F into two subclusters, F1 and F2. This sequence is a complete genome reference for F1. This isolate was from a French patient who believes he was infected when deployed in Chad or Yugoslavia.
- F2.CM.02.02CM_0016BBY AY371158 Cameroon Kijak, GH *ARHR* **20**(5):521–30 (2004)
- F2.CM.95.MP255 AJ249236 Cameroon Peeters, M *ARHR* **16**(2):139–51 (2000)
Prior to 1999, the F subtype was made up of 3 distinctive clusters and very diverse viruses. Triques and colleagues have defined a new subtype K, and broken F into two subclusters, F1 and F2. This sequences is a complete genome reference for F2.
- F2.CM.95.MP257 AJ249237 Cameroon Peeters, M *ARHR* **16**(2):139–51 (2000)
Prior to 1999, the F subtype was made up of 3 distinctive clusters and very diverse viruses. Triques and colleagues have defined a new subtype K, and broken F into two subclusters, F1 and F2. This sequences is a complete genome reference for F2.
- F2.CM.97.CM53657 AF377956 Cameroon Carr, JK *Virology* **286**(1):168–81 (2001)
This sample came from a 40 year old male in Douala, a large seaport city in Cameroon. He was infected heterosexually and had a VL=307,000 RNA copies/ml.
- G.BE.96.DRCBL AF084936 Belgium Debyser, Z *ARHR* **14**(5):453–9 (1998)
Clinical details are discussed in *ARHR* 14(5):453-9 (1998) and the analysis of the complete genome is in Oelrichs et al., *ARHR* 15(6):585-9 (1999). A pregnant 26 year old women was sampled who had lived in Zaire (now called the Dem Rep of the Congo) until 1993, then moved to Belgium. She was diagnosed with AIDS and had a low CD4 when sampled in 1996. Her G subtype virus was not detected by Amplicor Monitor or Nasba RNA kits, although she was found to have a high viral load by branched DNA. The sequence was kindly provided prior to publication by R. Oelrichs et al. This complete genome sequence shows the same pattern of phylogenetic associations as 92NG083 (U88826), HH8793 (AF061640) and SE6165 (AF061642). These four (and other subtype G sequences) form their own clade (subtype G) when the complete gag, pol or env genes are included in the analysis. However, all G subtype genomes have some ambiguous A/G regions in the central part of the genome in a phylogenetically indistinct region in the the accessory gene region from the beginning of vif to the beginning of vpu. The coordinates of this region are 5055 to 6297 on HXB2, and there are several subtypes which become difficult to resolve unambiguously in this region: A, G, and the circulating recombinant forms which resemble the prototypes AE(CM240) and AG(IbNG) (pers. comm., Jean Carr). Of particular note is that a region of gp41 from these viruses clusters with the AE and IbNG circulating recombinant forms. See J. Carr et al *Virology* 247:22-31 (1998) and F. Gao et al *J Virol* 72(7):5680-5698 (1998) for analyses of the other genomes with this pattern. At this time (Jan. 1999) it is not clear whether the AE(CM240)circulating recombinant form is AEG triple recombinant, or if the above four genomes are AEG triple recombinant, or if an evolutionary anomaly rather than recombination is the basis for this pattern.
- G.CM.01.01CM_4049HAN AY371121 Cameroon Kijak, GH *ARHR* **20**(5):521–30 (2004)
- G.FI.93.HH8793_12_1 AF061641 Finland Salminen, MO *ARHR* **8**(9):1733–42 (1992)
Sections of the 5' and 3' LTRs are not included in this sequence. This sample was taken in Finland in June 1993 (Jean Carr, Pers. Communication)
- G.NG.92.92NG083 U88826 Nigeria Gao, F *J Virol* **72**(7):5680–98 (1998)
This sequence is from a PCR clone from a primary culture from the NSI isolate 92NG083; the sample was taken in 1992 from an AIDS patient from Jos, Nigeria. The isolate was originally called JV1083, but was renamed 92NG083

to be consistent with WHO nomenclature. The full length clone has an altered initiation codon at position 157, an inframe stop codon at position 360 in gag, and a vpu frameshift mutation at position 5462.

- G.SE.93.SE6165 AF061642 Sweden Carr, J *Virology* **247**(1):22–31 (1998)
 Siblings sequences from the same blood sample:L40743, L40761, L40752 Set: Two female sex partners of this individual. Set_IDs:L40744, L40745, L40753, L40754, L40762, L40763. Sections of the 5' and 3' LTRs are not included in this sequence. This patient (6165) was infected in Congo and moved to Sweden. He had tested HIV positive (ELISA and Western Blot) approximately 18 months prior to infecting patient 6167 via heterosexual intercourse and 19 months prior to infecting patient 6168, also via heterosexual intercourse. He had low (35 per ul) CD4 count and dermatological problems but no AIDS defining illness at the time of sampling in 1993. The molecular epidemiology of this patient and the persons he infected was published in Leitner et al, *Virology* 1995, 209:136-146.
- H.BE.93.VI991 AF190127 Belgium Janssens, W *AIDS* **14**(11):1533–43 (2000)
 This sequence was isolated from a Belgian man who lived with his Belgian wife in the DRC for 20 years. The wife died of AIDS in 1990. The route of infection was unknown for both.
- H.BE.93.VI997 AF190128 Belgium Janssens, W *AIDS* **14**(11):1533–43 (2000)
 This virus was isolated from a Belgian man with multiple sexual contacts in the DRC.
- H.CF.90.90CF056 AF005496 C.A.R. Murphy, E *ARHR* **9**(10):997–1006 (1993)
 This sequence clusters with available HIV-1 subtype H sequences in phylogenetic analysis, and is the first available full length H subtype sequence. The isolate comes from Bangui, in the Central African Republic, and was sampled in 1990, from an asymptomatic individual, who had no anti-retroviral therapy. The isolate had an NSI phenotype by an MT-2 assay, and the sample was obtained from the Pasteur Institute, Bangui. The isolate 90CF056 was established and propagated by short term cocultivation with normal donor lymphocytes, and then the near full length genome was PCR amplified, cloned and sequenced. The isolate was at one point designated 90CR056, but was changed to 90CF056 as CR stands for Costa Rica, and CF for Central African Republic. The first genetic characterization of this virus isolate (an env V3 sequence designated 4056, GB accession number L11497, Murphy et al., *ARHR* 9:997-1006 (1993)) left the subtype designation as unclassified, but a second study of this env region sequence classified it as subtype H (W. Janssens, *ARHR* 10:877-879 (1994)). This sequence was kindly made available prior to publication, and was the first subtype H full length genome available (Gao, F. et al., *J Virol* 72(7):5680-98 (1998))The patient was heterosexual, asymptomatic, and the biological phenotype of the isolate was NSI. There were no defective genes in the sequence.
- J.SE.93.SE7887 AF082394 Sweden Laukkanen, T *ARHR* **15**(3):293–7 (1999)
 This sequence is from a male who was infected in Sweden between 1993 and 1994. Blood for sequencing was drawn in 1994. He was asymptomatic with a CD4 count of 567. The sequence was kindly provided prior to publication by M. Salminen. This sequence is from the same individual as SE7887 described by T. Leitner et al *ARHR* 11(8):995-997 (1985), see accession numbers L41176 and L41178 for env and gag genes from this individual.
- J.SE.94.SE7022 AF082395 Sweden Laukkanen, T *ARHR* **15**(3):293–7 (1999)
 This sequence is from a woman who was infected in Zaire (now called the Democratic Republic of the Congo) between 1981 and 1986. Blood for sequencing was drawn in 1993. She was asymptomatic with a CD4 count of 184. The sequence was kindly provided prior to publication by M. Salminen. This sequence is from the same individual as SE7022 described by T. Leitner et al *ARHR* 11(8):995-997 (1985), see accession numbers L41177 and L41179 for env and gag genes from this individual. Other examples of subtype J have been found in Gambia, see accession numbers U33099, U33100, and U33102.
- K.CD.97.EQTB11C AJ249235 Congo Peeters, M *ARHR* **16**(2):139–51 (2000)
 Prior to 1999, the F subtype was made up of 3 distinctive clusters and very diverse viruses. Triques and colleagues have defined a new subtype K, and broken F into two subclusters, F1 and F2. This sequences is a complete genome reference for subtype K.
- K.CM.96.MP535 AJ249239 Cameroon Peeters, M *ARHR* **16**(2):139–51 (2000)
 Prior to 1999, the F subtype was made up of 3 distinctive clusters and very diverse viruses. Triques and colleagues have defined a new subtype K, and broken F into two subclusters, F1 and F2. This sequences is a complete genome reference for subtype K.

- 01_AE.CF.90.90CF4071 AF197341 C.A.R. Anderson, JP *J Virol* **74**(22):10752–65 (2000)
In a study of the origins of subtype E, or CRF01, four full length genomes were obtained, two from Thailand, two from the Central African Republic. While several previous studies discussed the recombinant nature of this clade of viruses, Anderson et al. questioned this conclusion, noting the regions designated A and E form distinct subclusters, but are monophyletic. The nature of the origins of CRF01 remains controversial. This sequence was derived from end point diluted proviral DNA, amplified using nested PCR, from a sample from an AIDS patient in Bangui, the Central African Republic taken in 1990.
- 01_AE.JP.93.93JP_NH1 AB052995 Japan Sato, H *J Virol* **75**(12):5604–13 (2001)
The 93JP-NH1, previously named NH1, has been characterized genetically and biologically as one of five HIV-1 subtype E (CRF01-AE) sequential isolates from an intra-familial infection case in Japan (Sato, H, et al. *J. Virol.*73:3551-3559 (1999) and Sato, H, et al. *J. Virol.*74:5357–5362 (2000)). It was isolated in June 1993 from an index case (NH1) who had developed AIDS. It is sensitive to RT inhibitors (AZT, ddI, ddC, 3TC, d4T, nevirapine), as well as the protease inhibitors (IDV, APV, NFV, SQV, and RTV). The 93JP-NH1 was passaged in human PBMCs and MT2 cells prior to cloning with lambda phage vector. There are 38 sequences for this patient, all taken in 1993, estimated PSC24: 2 complete genomes, 1 gag, 1 pol rt, 34 env.
- 01_AE.TH.90.CM240 U54771 Thailand Laukkanen, T *J Virol* **70**(9):5935–43 (1996)
Blood from an asymptomatic heterosexual 21-year-old Thai man was transported from Thailand to the USA where PBMCs were separated and co-cultivated with PHA-stimulated donor PBMCs. DNA from p24 antigen-positive culture was used to amplify the proviral DNA. The complete genomic sequence of the provirus was determined by the compilation of three clones containing different parts of the viral genome. CM240 is an example of a Thai subtype E virus, which is a mosaic of a clade A virus and clade E virus, with the gag gene (and other regions) of subtype E viral genome falling within clade A in phylogenetic analysis. This is the pattern of A-E sequences found through out Asia and Africa, and no full length E subtype reference strain has been identified (as for 93TH253). Carr et al., provide detailed analysis of the breakpoints, and point out that the A/E mosaic genomes have a natural pseudotype structure where the external envelope protein spikes on the virion essentially are contributed by the E subtype, and the rest of the viral proteins have a subtype A origin. See also the env sequence from the same isolate (L14572), Mascola J., et al., (*JID* 169:48-54 (1993)).
- 01_AE.TH.93.93TH9021 AF164485 Thailand Chang, SY *ARHR* **15**(18):1703–6 (1999)
This sample came from a seropositive individual living in Chiang Mai, Thailand. The sequence appears to share some sequence features with subtypes A and G near the primer-binding site, but not with subtype B.
- 02_AG.CM.97.97CM_MP807 AJ286133 Cameroon Montavon, C *JAIDS* **23**(5):363–74 (2000)
This sequence was obtained in a study documenting the high prevalence of CRF02_AG (IbNG-like) viruses in West and West Central Africa, between 60-84% of viruses from this region were IbNG-like. 219 viruses were sequenced in env and gag, and most were associated with CRF02_AG phylogenetically and shared a common breakpoint structure. This was one of three full length sequences obtained.
- 02_AG.CM.02.02CM_1677LE AY371140 Cameroon Kijak, GH *ARHR* **20**(5):521–30 (2004)
- 02_AG.FR.91.DJ264 AF063224 France Laukkanen, T *Virology* **247**(1):22–31 (1998)
A small section of LTR sequence present in the DJ263 virus is not included in this file. Carr et al. states that this virus was from a French foreign legion soldier assigned to peace-keeping duties in Djibouti, referencing Louwagie et al (*J Virol* 69(1):263-271 (1995)). However the Louwagie paper does not mention the French soldiers and only states that the blood sample was from Djibouti. The sample was isolated in 1991. There are several sequences which share AG recombination breakpoints with IbNG, and are essentially the same recombinant recirculating form, CRF02_AG; IbNG is the prototype, sharing a similar structure with DJ264 and DJ263.
- 02_AG.NG.-IBNG L39106 Nigeria Howard, TM *ARHR* **10**(12):1755–7 (1994)
HIV-1 IbNg was isolated from the PBMCs of an apparently healthy 23 year old man from Nigeria. The patient's PBMCs were cocultured with PHA-stimulated donor PBMCs from an HIV sero-negative donor. After confirming HIV infection in the culture, a mixture of cells and culture supernatant were used to infect a second culture of donor PBMCs, with fresh PHA-stimulated PBMCs added on days 4 and 6. The cultured cells were harvested on day 8 and

cytoplasmic RNA was harvested. RT-PCR was used to amplify the complete HIV-1 genome in 5 overlapping segments. The partial env gene sequence (U48628) was originally designated subtype A (Howard, T., et al., ARHR 10:1755-1757 (1994)); as was the full length genome. The full length sequence was eventually shown to be an A/G recombinant with multiple cross-over points (Gao F, et al., J. Virol 70:7013 (1996)). The breakpoints are mapped in (Robertson, D., et al., part III pages 25-30 of the 1997 compendium). The IbNg sequence has a 16 bp insertion within the Lys-tRNA primer binding site, just 3' of the 5' LTR. It also has a single nucleotide deletion in tat cds at position 5449. See also the entry with accession number U48628, which is from another isolate taken from this same individual. There are many sequences which share recombination breakpoints with IbNG, and are essentially the same recombinant circulating form; IbNG is the prototype for CRF02_AG, and shares a similar structure with DJ264 and DJ263 (Carr et al., Virology 247:22-31 (1998)).

02_AG.SE.94.SE7812 AF107770 Sweden Laukkanen, T Unpublished

03_AB.BY.00.98 AF414006 Belarus Masharsky, AE Unpublished
BY10443

Source of HIV-1 isolate 98BY10443 was blood sample from HIV-1 infected 27-year-old man from Mogilev, Belarus. He was found to be seropositive in 1998 and was presumed to be infected parenterally as intravenous drug user (IDU) in Kaliningrad, Russia. Blood sample was obtained in 2000 as a part of large-scale molecular epidemiological survey in countries of the former Soviet Union (FSU): Ukraine, Belarus and Russia. Within the framework of this survey all samples were serotyped using gp120 V3 mimicking peptides and selected ones were genotyped by sequencing V3-V5 env and p17/p24 gag genome regions. According to these tests isolate 98BY10443 was gagA/envB recombinant and presumably belonged to circulating recombinant form CRF03-AB which was one of two prevalent HIV-1 variants among IDUs in countries of the FSU. Full-length genome of this isolate was obtained by amplifying seven overlapping subgenomic fragments from PBMCs DNA using nested PCR. Amplified fragments were cloned and sequenced. This is the third cloned and sequenced full-length genome of CRF03-AB HIV-1 isolate from the FSU and the world over after isolates KAL153 and 98RU001 (GenBank accession numbers AF193276, AF193277).

03_AB.RU.97. AF193276 Russia Liitsola, K AIDS 12(14):1907-19 (1998)
KAL153_2

This is the first complete genome sequence of the gag-A/env-B circulating recombinant form which is common among IV drug users in the Kaliningrad region of Russia, and so is considered the prototype of CRF03_AB. The non-recombinant subtype A and subtype B parents of this recombinant are common in southern Ukraine and in Russia. A gag gene sequence from this same patient is available with accession number AF082414. This sequence was kindly provided by Mika Salminen in 1998 as a CRF03 reference strain, prior to the published description.

03_AB.RU.98.RU98001 AF193277 Russia Liitsola, K Scand J Infect Dis 32(5):475-80 (2000)

This sequence is subtype A/B recombinant of the CRF03_AB form for which the Kaliningrad sequence KAL153 is a prototype (accession AF193276). The sample was taken in Kaliningrad from a male IVDU in 1998.

04_cpx.CY.94.CY032 AF049337 Cyprus Gao, F J Virol 72(12):10234-41 (1998)

This sample, like others in this study (see also subtypes A, B, C, and F) were collected in February 1994 from the AIDS clinic in Nicosia, Cyprus. Patient HO31 was a 24 year old asymptomatic female known to have been HIV seropositive for at least 5 years. Patient HO32 was a 35 year old asymptomatic male, also seropositive for at least 5 years. Both were IVDUs who had lived in Greece and used IV drugs there, before moving to Cyprus. DNA was extracted from patient PBMCs and PCR amplified. Products were cloned and sequenced. Two env gene clones from HO32 and one from HO31 were sequenced (accession numbers U28672, U28673 and U28685). Complete genome is only available for HO32 (CY032). For patient information see Kostrikis, L.G. et al (J Virol 69:6122-6130 (1995)). This sequence has the same genetic recombination breakpoints as PVCH and PVMY, and 94CY032 is the prototype of the circulating recombinant form. The Gao et al. 1998 paper characterizes this subtype in greater detail, presenting the first published account of this full length genome. The analysis of C2-V3 env gene sequences confirmed that 94CY032.3 was closely related to sequences previously classified as subtype I. However, the remainder of its genome various regions in which 94CY032.3 was significantly clustered with either subtype A or subtype G. Only regions in vpr, nef, and the middle portions of pol and env, formed independent lineages roughly equidistant from all other known subtypes. Since these latter regions most likely have a common origin, Gao et al. classified them all as subtype I, and report that 94CY032 represents a triple recombinant (A/G/I) with at least 11 points of recombination crossover. Since subtype I is now obsolete and has been found to consist of segments of subtype K as well as regions of unknown or undefined subtype, the designation for this CRF should be AGHKU.

- 04_cpx.GR.91.97PVCH AF119820 Greece Nasioulas, G *ARHR* **15**(8):745–58 (1999)
The sequence was isolated from patient GR11 (accession AF049292) is from the same patient as 97PVCHAF049292. The patient was a 32 year old male IVDU with symptoms (CDC stage B3) in 1991, when sampled. He is no longer living. For patient information see information on patient GR11 in Nasioulas, G. et al. (*ARHR* 14(8):685-90 (1998)). This sequence has the same genetic recombination breakpoints as CY032 and PVMY, and is one of the circulating recombinant forms of which CY032 is the prototype.
- 04_cpx.GR.97.97PVMY AF119819 Greece Nasioulas, G *ARHR* **15**(8):745–58 (1999)
The sequence was isolated from a 13 year old whose mother and father were IVDUs. The isolate is also called GR84. This sequence has the same genetic recombination breakpoints as CY032 and PVCH, and is one of the circulating recombinant forms of which CY032 is the prototype. See the previous entry for more information on the mosaic pattern.
- 05_DF.BE.-.VI1310 AF193253 Belgium Laukkanen, T *Virology* **269**(1):95–104 (2000)
This sequence is subtype D/F recombinant and is one of the CRF05_DF circulating recombinant form. Another genome of this form is available with accession number AF076998. CRF05_DF sequences have been found in individuals with links to the Democratic Republic of the Congo; VI1310 was isolated from a woman who was infected by a man who traveled frequently in the DRC.
- 05_DF.BE.93.VI961 AF076998 Belgium Laukkanen, T *Virology* **269**(1):95–104 (2000)
Small sections of the 5' and 3' LTRs are not included in this sequence. This sequence seems to be recombinant/ mosaic between subtypes D and F. Another sequence of the env gene from this same patient is available with accession number X96530. CRF05_DF sequences have been found in individuals with links to the Democratic Republic of the Congo; VI961 was isolated from the partner of a seropositive man from the DRC.
- 05_DF.ES.99.X492 AY227107 Spain Casado, G *ARHR* **19**(8):719–25 (2003)
Genome sequence lacks part of non-coding region. This sequence comes from a sample taken in 1999 as part of a study on genetic diversity in Galicia, Spain, originally studied on pol and V3 sequences (Thomson et al, *AIDS* 2001 **15**:509).
- 06_cpx.AU.96.BFP90 AF064699 Australia Oelrichs, RB *ARHR* **14**(16):1495–500 (1998)
HIV-1 from Burkina Faso, identified in Australia. The patient is a 32 year old African male who acquired the infection heterosexually in 1991. The patient was diagnosed in August 1996 at which time he had a CD4 count of 125. This sequence was derived by PCR directly from patient PBMCs when therapy-naive. The genome of this virus is a mosaic between subtypes A, G and J. The LTR is subtype J, a segment of about 950 bp at the beginning of gag is subtype A, the remainder of gag and part of the protease sequence are subtype G. Most of the pol gene cannot be assigned to a subtype. The mid-genome accessory region is mostly subtype J. gp120 is subtype G. The 3' region of gp41, the third exons of tat and rev, and the nef gene are subtype J. The subtype G protease region clusters tightly in phylogenetic analysis, with three sequences from the Ivory Coast (accession numbers AF000482, AF000491 and AF000492), indicating that this is possibly a circulating recombinant form with 4 isolates from 2 different countries obtained to date (Aug 1999); BFP90 is now considered the prototype isolate of CRF06_cpx.
- 06_cpx.ML.95.95ML127 AJ288982 Mali Montavon, C *ARHR* **15**(18):1707–12 (1999)
This sequence was submitted with 95ML84, (AJ245481), and classified as the same CRF, however no details are provided about the source or phylogeny in the Montavon et al. paper. The sample is from a sex worker.
- 06_cpx.ML.95.95ML84 AJ245481 Mali Montavon, C *ARHR* **15**(18):1707–12 (1999)
This sequence is AGJK recombinant with an identical mosaic pattern to BFP90, the prototype for CRF06, with accession number AF064699. This sequence is from a sample collected as part of a survey of female commercial sex workers in Bamako, Mali in 1995. The sample was taken from a 35 year old woman with no signs of illness, whose blood was seropositive for both HIV-1 and HIV-2. Montavon et al. note that HIV-2 sequences of the HIV-2 subtype A form were sequenced from this patient, but no database entry has yet been created and also that sequences from 95ML84 were analyzed in Peeters et al *ARHR* 14(1):51-58 (1998) and classified as subtype G. But the closest sequence among those was labeled 95ML74 and is only 89% identical to this sequence, and there is no ML84 in that publication. The authors have been contacted for further clarification of this issue (04/14/00). This CRF is found in several West African nations, Senegal, Mali, and Burkina Faso.

- 06_cpx.SN.97.97SE1078 AJ288981 Senegal Montavon, C *ARHR* **15**(18):1707–12 (1999)
This sequence is noted in Montavon et al. to be most closely associated with the CRF06_cpx virus AJ245481 from Mali, ML84. CRF06 is found in several West African nations, Senegal, Mali, and Burkina Faso. They present in depth characterization of the sample from Mali, and note that SE1078 is similar.
- 07_BC.CN.-.CNGL179 AF503396 China McClutchan, FE *ARHR* **18**(15):1135–40 (2002)
Genome sequence lacks part of non-coding region. Circulates mainly among IDU in China.
- 07_BC.CN.97.97CN001 AF286226 China Rodenburg, CM *ARHR* **17**(2):161–8 (2001)
This sequence is reported (Feng Gao and Yiing Shao, personal communication to HIV-DB) to be from the same blood sample (also known as C54) as the sequences with accession numbers AX149647, AX149672, AX149771 and AX149898. The four AX- entries are 100% identical to each other in the env gene region and 98% identical to this sequence. The other CRF07_BC genome available at this time (Sept 2001) is AF286230 from sample CN-009 and is 97% identical to each of these 5 sequences in the env gene.
- 07_BC.CN.97.CN54 AX149771 China Shao, Y Patent: WO 0136614-A
This sequence, and the CN001 sequence with accession number AF286226 are both derived from the same blood sample.
- 07_BC.CN.98.98CN009 AF286230 China Rodenburg, CM *ARHR* **17**(2):161–8 (2001)
This sequence is part of an international survey of subtype C, based mostly on isolates obtained by the UNAIDS and NIAID networks for isolation and characterization of HIV. DNA was isolated from PBMC after short-term coculture. The samples included CRF07 and CRF08 BC recombinants.
- 08_BC.CN.97.97CNGX_6F AY008715 China Piyasirisilp, S *J Virol* **74**(23):11286–95 (2000)
This sequence is the first complete genome available for the CRF08_BC circulating recombinant form. The genome is mostly subtype C, with two regions of subtype B.
- 08_BC.CN.97.97CNGX_7F AY008716 China Piyasirisilp, S *J Virol* **74**(23):11286–95 (2000)
This Chinese isolate is from an unrelated male IDU in Baise. He was in the asymptomatic phase of HIV-1 infection when samples were collected in July 1997. Since the Chinese surveillance system discovered that the epidemic of HIV-1 infection in Guangxi occurred during 1996 to 1997, it is estimated that the duration of infection in these five subjects was probably less than 2 years. The subject had a history of needle sharing.
- 08_BC.CN.97.97CNGX_9F AY008717 China Piyasirisilp, S *J Virol* **74**(23):11286–95 (2000)
Although this sequence was initially labeled as subtype C, Rodenburg et al in *ARHR* **17**(2): 161–168 (2001) found that isolate 98CN006 (accession AF286229) is B/C recombinant, and analysis at LANL HIV-DB shows that 97CNGX-9F has the same form, and is closely related to 98CN006. This sequence has thus been re-labeled as a B/C intersubtype recombinant, June 12, 2001.
- 08_BC.CN.98.98CN006 AF286229 China Rodenburg, CM *ARHR* **17**(2):161–8 (2001)
This sequence is part of an international survey of subtype C, based mostly on isolates obtained by the UNAIDS and NIAID networks for isolation and characterization of HIV. DNA was isolated from PBMC after short-term coculture. The samples included CRF07 and CRF08 BC recombinants.
- 09_cpx.GH.96.96GH2911 AY093605 Ghana McCutchan, FE Unpublished
Genome sequence lacks part of non-coding region.
- 09_cpx.SN.95.95SN1795 AY093603 Senegal McCutchan, FE Unpublished
Genome sequence lacks part of non-coding region.
- 09_cpx.SN.95.95SN7808 AY093604 Senegal McCutchan, FE Unpublished
Genome sequence lacks part of non-coding region.

- 09_cpx.US.99.99DE4057 AY093607 U.S.A. Brodine, SK *AIDS* **17**(17):2521–2527 (2003)
Genome sequence lacks part of non-coding region.
- 10_CD.TZ.96. AF289548 Tanzania Koulinska, IN *ARHR* **17**(5):423–31 (2001)
96TZ_BF061
This sequence was isolated from a perinatally infected infant from Dar es Salaam, Tanzania in 1996, and was part of a set of full length HIV-1 genomes characterizing CRF10_CD.
- 10_CD.TZ.96. AF289549 Tanzania Koulinska, IN *ARHR* **17**(5):423–31 (2001)
96TZ_BF071
This sequence was isolated from a perinatally infected infant from Dar es Salaam, Tanzania in 1996, and was part of a set of full length HIV-1 genomes characterizing CRF10_CD.
- 10_CD.TZ.96. AF289550 Tanzania Koulinska, IN *ARHR* **17**(5):423–31 (2001)
96TZ_BF110
This sequence was isolated from a perinatally infected infant from Dar es Salaam, Tanzania in 1996, and was part of a set of full length HIV-1 genomes characterizing CRF10_CD.
- 11_cpx.CM.02.02CM_ AY371153 Cameroon Kijak, GH *ARHR* **20**(5):521–30 (2004)
4118STN
- 11_cpx.CM.96.4496 AF492623 Cameroon Wilbe, K *ARHR* **18**(12):849–856 (2002)
This genome lacks part of non-coding region. It has been classified by the authors as belonging to the CRF11_cpx circulating recombinant form. The sample was taken from a nontransmitting mother at delivery in Cameroon in 1996. The corresponding virus isolate was R5 tropic.
- 11_cpx.FR.99.MP1298 AJ291719 France Montavon, C *ARHR* **18**(3):231–6 (2002)
This is one of three full-length genome sequences with a similar mosaic structure from epidemiologically unlinked individuals from Cameroon (97CM-MP818) and the Central African Republic (99CF-MP1298 and 99CF-MP1307). Phylogenetic and recombinant analysis confirmed that the three strains had a similar complex recombinant genome, which is now designated CRF11-cpx. This new CRF is composed of successive fragments of subtype A, G, J, and CRF01-AE. The previously reported GR17 virus from a Greek patient infected in the Democratic Republic of Congo (DRC) has a similar structure and should be considered as the prototype strain of CRF11-cpx. This new CRF circulates in Cameroon, Central African Republic, Gabon, and DRC, although the exact prevalences remain to be determined. This patient attended a hospital in Montpellies, France, but was originally from the Cantral African Republic, and probably infected there. The sample was taken in 1999.
- 11_cpx.GR.-.GR17 AF179368 Greece Paraskevis, D *ARHR* **16**(9):845–55 (2000)
This subject that this sequence was isolated from was born in 1971 in Zaire, probably infected heterosexually in the DRC in 1991, and moved to in Greece in 1992. The genome is thought to be a mosaic of A/G/E/J.
- 12_BF.AR.97.A32989 AF408630 Argentina Thomson, MM *J Gen Virol* **83**(Pt 1):107–19 (2002)
Genome sequence lacks part of non-coding region. This sequence is a CRF12_BF. The sample was taken 1999 from a 32 year old male in Buenos Aires, Argentina.
- 12_BF.AR.99.ARMA159 AF385936 Argentina Carr, JK *AIDS* **15**(15); F41–7 (2001)
This sequence comes from a sample from a heterosexual 26 year old female from Argentina. She had CDC stage A2 at time of sampling in 1999 and she had a HCV coinfection. This sequence is part of a set of South American isolates from various countries. It is one of the reference strains for CRF12_BF.
- 12_BF.UY.99.URTR23 AF385934 Uruguay Carr, JK *AIDS* **15**(15); F41–7 (2001)
This sequence came from a sample derived from a 55 year old male commercial sex worker in 1999 in Uruguay. This sequence is part of a set of South American isolates from various countries. It is one of the reference strains for CRF12_BF.

- 12_BF.UY.99.URTR35 AF385935 Uruguay Carr, JK *AIDS* **15**(15):F41–7 (2001)
Sample comes from a 31 year old male commercial sex worker in Uruguay, sampled in 1999. This sequence is part of a set of South American isolates from various countries. It is one of the reference strains for CRF12_BF.
- 13_cpx.CM.02. AY371154 Cameroon Kijak, GH *ARHR* **20**(5):521–30 (2004)
02CM_3226MN
- 13_cpx.CM.96.1849 AF460972 Cameroon Wilbe, K *ARHR* **18**(12):849–856 (2002)
Sample comes from a non-transmitting mother in Cameroon, taken at delivery in 1996. Viral load at sampling was 4.9 log copies/ml. The corresponding isolate was R5 tropic. This genome sequence lacks part of non-coding sequence. It has been classified by the authors as belonging to the CRF13_cpx circulating recombinant form. The authors describe the CRF13_cpx recombinant genomic structure as being derived from subtypes A, CRF01_AE, CRF11_cpx, G, J and unclassified.
- 13_cpx.CM.96.4164 AF460974 Cameroon Wilbe, K *ARHR* **18**(12):849–856 (2002)
Sample comes from a non-transmitting mother in Cameroon, taken at delivery in 1996. Viral load at sampling was 4.7 log copies/ml. The corresponding isolate was R5 tropic. This genome sequence lacks part of non-coding sequence. It has been classified by the authors as belonging to the CRF13_cpx circulating recombinant form. The authors describe the CRF13_cpx recombinant genomic structure as being derived from subtypes A, CRF01_AE, CRF11_cpx, G, J and unclassified.
- 14_BG.ES.00.X475 AF423758 Spain Delgado, E *JAIDS* **29**(5):536–43 (2002)
Sample from a male IDU taken 2000 in Vigo, Spain. Genome sequence lacks part of non-coding region. This CRF appears to be a locally circulating form in Spain (Galicia) and Portugal.
- 14_BG.ES.00.X477 AF423759 Spain Delgado, E *JAIDS* **29**(5):536–43 (2002)
Sample from a male IDU taken 2000 in Vigo, Spain. Genome sequence lacks part of non-coding region. This CRF appears to be a locally circulating form in Spain (Galicia) and Portugal.
- 14_BG.ES.00.X623 AF450097 Spain Delgado, E *JAIDS* **29**(5):536–43 (2002)
Sample from a Portuguese heterosexual male taken 2000 in Pontevedra, Spain. Genome sequence lacks part of non-coding region. This CRF appears to be a locally circulating form in Spain (Galicia) and Portugal.
- 14_BG.ES.99.X397 AF423756 Spain Delgado, E *JAIDS* **29**(5):536–43 (2002)
Sample from a male IDU taken 1999 in Pontevedra, Spain. Genome sequence lacks part of non-coding region. This CRF appears to be a locally circulating form in Spain (Galicia) and Portugal.
- 15_01B.TH.02. AF529572 Thailand Tovanabutra, S *ARHR* **19**(7):561–567 (2003)
02TH_OUR1331
Sample taken from a 26 year old heterosexual male in Chiang Mai, Thailand in January 2002.
- 15_01B.TH.02. AF529573 Thailand Tovanabutra, S *ARHR* **19**(7):561–567 (2003)
02TH_OUR1332
Sample from a 44 year old heterosexual and IDU female in Chiang Mai, Thailand taken in January 2002. At time of sampling she had a CD4 cell count of 1.
- 15_01B.TH.99.99TH AF516184 Thailand Viputtijul, K *ARHR* **18**(16):1235–7 (2002)
_MU2079
This sequence is a CRF15_01B circulating recombinant form, i.e. a recombinant between CRF01_AE (majority of genome) and subtype B (primarily in the env region). The sample was obtained in 1999 from a 28 year old female sex worker in Bangkok, Thailand, who had late-stage AIDS.
- 15_01B.TH.99. AF530576 Thailand Tovanabutra, S *ARHR* **19**(7):561–567 (2003)
99TH_R2399
Sample from a 23 year old heterosexual female from Rayong, Thailand taken in September 1999.

- 16_A2D.KE.00. AF457060 Kenya Dowling, WE *AIDS* **16**(13):1809–20 (2002)
KISII5009
AF457060 and AF286239 are two complete genomes representative of the CRF16_A2D circulating recombinant form.
- 16_A2D.KR.97. AF286239 Korea Gao, F *ARHR* **17**(8):675–88 (2001)
97KR004
This sequence is from a 1997 blood sample from Yosoo, Korea. It is sub-subtype A2 in some regions and subtype D in other regions of the genome. The blood sample was from a 33 year old female sex worker who lived in Yosoo, and was first diagnosed with AIDS February 1997 with CD4+ T-cell count less than 30. She died of AIDS in October, 1997. She reported having clients from many continents, including Africa. AF457060 and AF286239 are two complete genomes representative of the CRF16_A2D circulating recombinant form.
- N.CM.-.YBF106 AJ271370 Cameroon Ayouba, A *AIDS* **14**(16):2623–5 (2000)
YBF106 is from a 51 year old male patient with AIDS, from the central part of Cameroon. He was found to be HIV-seropositive in October, 1997 and died of AIDS in December, 1998.
- N.CM.95.YBF30 AJ006022 Cameroon Simon, F *Nat Med* **4**(9):1032–7 (1998)
YBF30 was isolated from a 40 year old woman who had never traveled outside Cameroon. She presented with *Histoplasma capulatum* infection of the colon in May, 1995 and died of AIDS (cachexia, neurological involvement and suspected disseminated histoplasmosis) in December, 1995. YBF30 was isolated from a May, 1995 blood sample and YBF31 from a December 1995 blood sample. YBF30 and YBF31 are greater than 98% identical to each other and less than 85% identical to HIV-1 M group, HIV-1 O group and SIV-CPZ sequences. The authors propose labeling this and similar viruses as N (between M and O, and also non-O non-M) group HIV-1. The N group designation is based upon sero-epidemiological surveys in Cameroon, and another sequence (YBF105 not yet submitted to the databases) which indicate that more than one patient is infected with this clade of HIV-1. 700 stored sera collected between 1988 and 1997 were serologically tested, with a peptide-based EIA. 611 (87%) were reactive with M-group. 65 (9%) were reactive with O group. 8 were indeterminate. 16 (2%) were reactive with SIV-CPZ and not M or O group, 3 of these were strongly reactive with YBF30 peptides. A partial Pol gene was sequenced for one (YBF105). YBF30 uses CCR5 as a co-receptor, and was also tested on cell lines expressing CCR2b and CCR3 and did not utilize these coreceptors. YBF30 grew on chimpanzee PBMCs, but did not replicate in T-cell lines (MT-2 and HUT78). YBF30 infection of cells was entirely blocked by RANTES alone or in combination with MIP-1alpha and MIP-1beta.
- O.BE.87.ANT70 L20587 Belgium Vanden Haesevelde, M *J Virol* **68**(3):1586–96 (1994)
ANT70 was isolated from the first O group infection discovered, and the very divergent LTR sequence was published in 1990 (de Leys, R., et al., *J Virol* **64**:1207-1216 (1990)). The isolate came from CDC stage II infected 19 year old female with unusual serological reactivity, who progressed to CDC stage III before publication. A husband and wife were infected with an O group HIV-1. The wife seroconverted in March, 1987. Both the husband and wife were originally from Cameroon, and living in Belgium. The husband was CDC stage III at the time virus was isolated from the wife for sequencing. The wife had a CD4:CD8 ratio of 0.25. Supernatant from the original coculture of wife PBMCs plus PHA-stimulated donor PBMCs, was used to infect MOLT4 clone 8cells and MT-4 cells. Syncytia were formed in both these cell lines. After several weeks culture, chronically infected cell lines were obtained that shed virus, and supernatant from these stable lines were used for viral RNA isolation. HIV-1 O group viruses have the same genetic organization as HIV-1 M group viruses. For a review see Korber, B., et al., *Human Retroviruses and AIDS Database, Part III*, 41-56 1996.
- O.CM.-.96CMABB009 AY169806 Cameroon Yamaguchi, J *ARHR* **19**(11):979–988 (2003)
Genome sequence lacks part of non-coding region.
- O.CM.91.MVP5180 L20571 Cameroon Gurtler, LG *J Virol* **68**(3):1581–5 (1994)
This isolate was derived from a Cameroonian woman, sampled in 1991, who died of AIDS in 1992. The viral isolate MVP-5180 was grown in several human T-cell lines and the monocytic U937 line. The isolate MVP5180 is available from the NIH AIDS Reagent program, and is SI R5X4. A summary of isolates with known co-receptor usage can be found in the HIV database reviews.

- O.SN.99.SEMP1299 AJ302646 Senegal Toure-Kane, C *ARHR* **17**(12):1211–6 (2001)
Sequence from spouse2 of a Senagalese man (patient 98SE-42HALD) with 2 wives. This woman, who previously had lived in Cameroon, was apparently the source of infection of both her husband and his first wife (isolate 99SE-MP1300).
- CPZ.CD.-.ANT U42720 Congo Vanden Haesevelde, MM *Virology* **221**(2):346–50 (1996)
CPZANT is a simian immunodeficiency virus, phylogenetically linked to HIV-1. It was isolated from a captured wild chimpanzee from Zaire. This is the third SIV strain linked to HIV-1, after SIVCPZ-GAB (X52154) and SIVCPZ-GAB2 (U11495) were isolated from chimps in Gabon. Another chimpanzee virus was sequenced in 1998, and published in 1999 with accession number AF103818 (CPZ-US). The chimpanzee viral sequences are genetically more closely related to the HIV-1 sequences derived from infected humans than are HIV-2 strains or other SIVs. SIVCPZ-ANT is considered to be an outgroup of HIV-1 and is used to suggest the possibility of various introductions of HIV-1 into the human population. In 2002, B. Hahn et al reported (*Science* **295**[5554]: 465 2002) sequencing of virus from another *Pan troglodytes schweinfurthii* chimp. That sequence is available with accession number AF382822, and is more closely related to this *schweinfurthii* sequence, than to sequences from other chimpanzees or humans. The Hahn paper labels the CPZ-ANT chimpanzee as ch-No.
- CPZ.CM.98.CAM5 AJ271369 Cameroon Muller-Trutwin, MC *J Med Primat* **29**:166–72 (2000)
This genome is from a wild-caught infant chimpanzee of the *Pan troglodytes troglodytes* subspecies. Cam5 was captured at age less than one year, in 1998 in the central province of Cameroon, and was housed for just a short while at the Yaounde Zoo because he died with diarrhea soon after arrival. He is believed to have been infected in the wild. His mother was killed by hunters. An env gene sequence from the same isolate is available with accession number AF135498. CAM5 grows on human PBMC and uses CCR5 as a co-receptor.
- CPZ.GA.-.CPZGAB X52154 Gabon Huet, T *Nature* **345**(6273):356–9 (1990)
SIV-CPZ isolate GAB1 is from a *Pan troglodytes troglodytes* subspecies of chimpanzee. The viruses isolated from *Pan troglodytes troglodytes*, such as GAB1, US, CAM3 and CAM5 are more closely related to HIV-1 M and N group viruses than are SIVs from *Pan troglodytes schweinfurthii* (see CPZ-ANT accession number U42720). In at least some regions of the genome, the HIV-1 O group viruses are close to equidistant between SIV-CPZ from *troglodytes* and SIV-CPZ from *scheinfurthii* chimpanzees. Also see CPZGAB2, U11495 for a sequence fragment from an additional chimpanzee caught in Gabon.
- CPZ.US.85.CPZUS AF103818 United states Gao, F *Nature* **397**(6718):436–41 (1999)
This full length molecular clone of a simian immunodeficiency virus, which infected an African wild-caught chimpanzee (Marilyn) who was the only chimpanzee identified as virus infected during a serosurvey of 98 chimpanzees in 1985. Marilyn had never been used in AIDS research and had not received human blood products after 1969. She died in captivity in 1985 after giving birth to stillborn twins. The complete genome was sequenced from 4 overlapped PCR fragments, amplified in 1998 from spleen tissues frozen at autopsy in 1985. Recovery of infectious virus from the frozen tissue was attempted but unsuccessful.



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	/ 5' LTR U3 start	
B.FR.83.HXB2	.TGGAAGGGCTAATTCACCTCCCAACGAAGACAAGATATCCTTGATCTGTGGATCTACCACACACAAGGCTACTTCCCTGATTAGCAGAACTACACACCA.GGGCCAGGG.ATCAGATATCCACTGACCTT	127
A1.KE.00.MSA4069	0
A1.KE.94.Q23_17	0
A1.SE.94.SE7253	0
A1.TZ.97.97TZ02	0
A1.UA.00.98UA0116	---T---T---CT---A-GAA---A-----G---T-----T-----G---T-T-C-----T---TC---A-A-	127
A1.UG.85.U455	0
A1.UG.92.92UG037	0
A2.CD.97.97CDKS10	0
A2.CD.97.97CDKTB48	0
A2.CY.94.94CY017_41	0
B.AR.99.ARMA132	0
B.AU.95.MBCC54	0
B.BO.99.BOL0122	0
B.CN.-.RL42	0
B.ES.89.S61K15	-----TGG--GAA-----G-C-----G-----	127
B.GA.88.OYI	0
B.GB.83.CAM1	C-----A---T-----A-----G-----G-----A-	128
B.NL.86.3202A21	-----T-----A-----G-----G-----	127
B.TH.90.BK132	0
B.US.83.RF	0
B.US.90.WEAU160	-----T-----AA-----G-----T-----G-----CT---C---TG--	127
C.BR.92.92BR025	0
C.BW.00.00BW3891_6	0
C.BW.96.96BW0502_	0
C.ET.86.ETH2220	0
C.IL.98.98IS002	0
C.IN.95.95IN21068	0
C.IN.99.01IN565_10	0
C.KE.00.KER2010	0
C.MM.99.mIDU101_3	0
C.TZ.97.97TZ04	0
C.TZ.98.98TZ017	0
C.ZA.01.2134MB	0
C.ZA.97.97ZA003	0
C.ZM.96.96ZM651	0
D.CD.83.ELI	0
D.CD.83.NDK	0
D.CD.85.Z226	-----TGG--AA-A---C-----T---G---A-----AT-----G-----	127
D.CM.01.01CM_0009BBY	0
D.KE.01.01KE_NKU3006	0
D.TD.99.MN012	0
D.UG.94.94UG114	0
D.UG.99.99UGA08483	0
D.UG.99.99UGB21875	0
F1.BE.93.VI850	0
F1.BR.93.93BR020_1	0
F1.FI.93.FIN9363_	0
F1.FR.96.MP411	0
F2.CM.02.02CM_0016BBY	0
F2.CM.95.MP255	0
F2.CM.95.MP257	0
F2.CM.97.CM53657	0
G.BE.96.DRCBL	0
G.CM.01.01CM_4049HANA---C-A--G---TA-T--CA---A-T-----A---G-----CT---TC-----C-	89
G.FI.93.HH8793_12_1	0
G.NG.92.92NG083	0
G.SE.93.SE6165	0
H.BE.93.VI991	0
H.BE.93.VI997	0
H.CF.90.056	0
J.SE.93.SE7887	0
J.SE.94.SE7022	0
K.CD.97.EQTB11C	0
K.CM.96.MP535	0





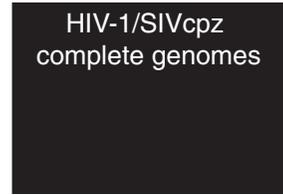
HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	TGGATGGTGCTACAAGCTAGTACCAGTTGAGCCAGAGAAGTTAGAAGAAGCCAACAAA...GGAGAGAACACCAGCTTGTACACCCTGTGAGCCTGCATGGAATGGATGACCCGGAGAGAGAAGTGTTA	254
A1.KE.00.MSA4069	0
A1.KE.94.Q23_17	0
A1.SE.94.SE7253	0
A1.TZ.97.97TZ02	0
A1.UA.00.98UA0116	---G-----C---CTG-CG-----G---CAG-G...---A---C-A-----A-AT--AA--C-----TGA--A-A-----	254
A1.UG.85.U455	0
A1.UG.92.92UG037	0
A2.CD.97.97CDKS10	0
A2.CD.97.97CDKTB48	0
A2.CY.94.94CY017_41	0
B.AR.99.ARMA132	0
B.AU.95.MBCC54	0
B.BO.99.BOL0122	0
B.CN.-.RL42	0
B.ES.89.S61K15	---A-T-T-----G-----G-----G---TG-...---A-----G---G-----A-----	254
B.GA.88.OYI	0
B.GB.83.CAM1	---T-----C-G-----G---T---A-----G-----A-----A-----G-----A-----A-----AC--	255
B.NL.86.3202A21	---T-----A-----A-----G---TG-...---A-----A-----A-----G-----C-----	254
B.TH.90.BK132	0
B.US.83.RF	0
B.US.90.WEAU160	---T-----G-A-----G-----T-TG-...---A-----A-----G-----AT--A-----A-----	254
C.BR.92.92BR025	0
C.BW.00.00BW3891_6	0
C.BW.96.96BW0502	0
C.ET.86.ETH2220	0
C.IL.98.98IS002	0
C.IN.95.95IN21068	0
C.IN.99.01IN565_10	0
C.KE.00.KER2010	0
C.MM.99.mIDU101_3	0
C.TZ.97.97TZ04	0
C.TZ.98.98TZ017	0
C.ZA.01.2134MB	0
C.ZA.97.97ZA003	0
C.ZM.96.96ZM651	0
D.CD.83.ELI	0
D.CD.83.NDK	0
D.CD.85.Z226	---T-G-----T---CG-G-G-----G---CTG-...---C-A-T-----AT--A-----G---A-----	254
D.CM.01.01CM_0009BBY	0
D.KE.01.01KE_NKU3006	0
D.TD.99.MN012	0
D.UG.94.94UG114	0
D.UG.99.99UGA08483	0
D.UG.99.99UGB21875	0
F1.BE.93.VI850	0
F1.BR.93.93BR020_1	0
F1.FI.93.FIN9363	0
F1.FR.96.MP411	0
F2.CM.02.02CM_0016BBY	0
F2.CM.95.MP255	0
F2.CM.95.MP257	0
F2.CM.97.CM53657	0
G.BE.96.DRCBL	---G-----T---A-G-----A-G---T---TCAG-G---G-----T---...---A---TC-A-----CA-CT--A-----G---GAA--C-----C-G	216
G.CM.01.01CM_4049HAN	0
G.FI.93.HH8793_12_1	0
G.NG.92.92NG083	0
G.SE.93.SE6165	0
H.BE.93.VI991	0
H.BE.93.VI997	0
H.CF.90.056	0
J.SE.93.SE7887	0
J.SE.94.SE7022	0
K.CD.97.EQTB11C	0
K.CM.96.MP535	0





B. FR. 83. HXB2	TGGATGGTGCTACAAGCTAGTACCAGTTGAGCCAGAGAAGTTAGAAGAAGCCAACAAA...GGAGAGAACCACCCAGCTTGTACACCCCTGTGAGCCTGCATGGAATGGATGACCCGGAGAGAGAAGTGTTA	254
01_AE.CF.90.90CF4071	-----T-----AGAG-AG---G-G-A--T---...--A---A-T-TC-----CA---A-----A-G--TGAA--A-----C-G	179
01_AE.JP.93.93JP_NH1	-----T-----C---A-AG-AG---G-G-A-----...A---A---A-T-C-----CA---A-----GAA--A-----C-G	254
01_AE.TH.90.CM240	-----G-----T-----C-A--GAGTAG---G-G-A-----...A---A---A-T-C-----CA---A-----A-G--GAA--C-----C-G	0
01_AE.TH.93.93TH9021	-----G-----T-----C-A--GAGTAG---G-G-A-----...A---A---A-T-C-----CA---A-----A-G--GAA--C-----C-G	256
02_AG.CM.02.02CM_1677LE	0
02_AG.CM.97.97CM_MP807	0
02_AG.FR.91.DJ264	0
02_AG.NG.-.IBNG	0
02_AG.SE.94.SE7812	0
03_AB.BY.00.98BY10443	---G-----T-----C-C---A-G-AG-----G---CAG-G...-----A---C-A-----A-AT--AA--C-----TGAA--A-A-----	254
03_AB.RU.97.KAL153_2	0
03_AB.RU.98.RU9800I	0
04_cpx.CY.94.CY032	0
04_cpx.GR.91.97PVCH	---T-----T-----A-T---C-G-G-G---G---TG-...-----A-T-T---C-G---A-A---A-----G-TGAA-----A-----	255
04_cpx.GR.97.97PVMY	---T-----T-----A-T---C-G-G-G---AT-CTGC-...-----G---A-T-T---C-G---A-A---A-----G-TGAA-----C-----	254
05_DF.BE.-.VI1310	0
05_DF.BE.93.VI961	0
05_DF.ES.99.X492	0
06_cpx.AU.96.BFP90	-----T-----G-G-----CTT-CT--...-----A-T-C-----CA-AT--A-----GCA--G--TGAA--A-----	254
06_cpx.ML.95.95ML127	-----G-----C-T---AG-G-AG-----AA-CT--...-----A---C-----CA-T--A-----GC--G--TGAA--AG-----C-----	254
06_cpx.ML.95.95ML84	-----T-----T-G-----C-T---A-G-AG-----G-AG-CT--...-----G---C-----CA-T--A-----G-----T-A-A-----	0
06_cpx.SN.97.97SE1078	-----T-----T-G-----C-T---A-G-AG-----G-AG-CT--...-----G---C-----CA-T--A-----G-----T-A-A-----	254
07_BC.CN.-.CNGL179	0
07_BC.CN.97.97CN001	0
07_BC.CN.97.CN54	0
07_BC.CN.98.98CN009	0
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	0
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	0
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	0
08_BC.CN.98.98CN006	0
09_cpx.GH.96.96GH2911	0
09_cpx.SN.95.95SN1795	0
09_cpx.SN.95.95SN7808	0
09_cpx.US.99.99DE4057	0
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	0
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	0
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	0
11_cpx.CM.02.02CM_4118STN	0
11_cpx.CM.96.4496	0
11_cpx.FR.99.MP1298	-----T-----T-----T---AG-G-AG---G-G---TG-...-----A---TC-C---T---CA-AT--AA-----TGAA--AG-----	254
11_cpx.GR.-.GR17	0
12_BF.AR.97.A32989	0
12_BF.AR.99.ARMA159	---G-----T-----C---T-G-G---A-G---TG-...-----A-T---C-----CA---AA-----A--TGAA--C-----AC-G	254
12_BF.UY.99.URTR23	G-G-----T-----C---G-G---A-G---G-...-----A-T---G---CA---AA-----A-G--TGAA--C-A-----AC-G	254
12_BF.UY.99.URTR35	---G-----T-----C---C-G-G---A-G---TG-...-----A-T---C---CA---AA-----G--TGA--A-----AC-G	254
13_cpx.CM.02.02CM_3226MN	0
13_cpx.CM.96.1849	0
13_cpx.CM.96.4164	0
14_BG.ES.00.X475	0
14_BG.ES.00.X477	0
14_BG.ES.00.X623	0
14_BG.ES.99.X397	0
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	0
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	0
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	0
15_01B.TH.99.99TH_R2399	0
16_A2D.KE.00.KISII5009	0
16_A2D.KR.97.97KR004	0
N.CM.-.YBF106	0
N.CM.95.YBF30	0
O.BE.87.ANT70	-----TG-TT--A-----GTCAGA---AG-GC---AG-CTAGGAG-TACAT-T---GGG-T-ATC-CC-G--T--A-CAT-TGCC-----T-T-A--TA-AC-T-A---A-AC-G	258
O.CM.-.96CMABB009	0
O.CM.91.MVP5180	-----TG-TT--A-G-----GTCAG---AG-GC---GAG-CTGGT-TACAAAT-AG-TG-T--TC-TC---T--A-CTT-TAAT-----GCT--G--TG-AC-CG-G--GA-AC--	258
O.SN.99.SEMP1299	---G---TA-TT--T-----GTCAGA--CTG--GC---G---CTAGGA--CAAGT-T---GGG-T--C-CC-G--T--A-CTT--AAC-----CT-T-A---AACCC-CG-GC--A-AC-G	258
CPZ.CD.-.ANT	0
CPZ.CM.98.CAM5	0
CPZ.GA.-.CPZGAB	-----T---A---G-CC-GACAGAG---C-G---C-----TG-...-----T---A-T-C---G-T---CA-AT-T-A---G---A--TGA--C-A---G--C-G	254
CPZ.US.85.CPZUS	---GC-----TT--T---C-TC-CACAGA---G-AG---GCGG---T---...-----C-A-A-TAC-C-G---CA-T--A-----A--TGAAC-TG-C-----C-	254





HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B.FR.83.HXB2	GAGTGGAGGTTTGACAGCCGCTAGCATTTCATCACATGGCCCGAGAGCTGCATCCG.....	- TCF-1 alpha - GAGTACTTC...AAGAACTGC.....TGACATCGA.....	338
A1.KE.00.MSA4069	0
A1.KE.94.Q23_17	0
A1.SE.94.SE7253	0
A1.TZ.97.97TZ02	0
A1.UA.00.98UA0116	AT-----A-----T-----G--TC-AACA-----GA-----	-----TT-A-----AG-----	348
A1.UG.85.U455	-----CA--CTGCTGACAT	0
A1.UG.92.92UG037	0
A2.CD.97.97CDKS10	0
A2.CD.97.97CDKTB48	0
A2.CY.94.94CY017_41	0
B.AR.99.ARMA132	0
B.AU.95.MBCC54	0
B.BO.99.BOL0122	0
B.CN.-.RL42	0
B.ES.89.S61K15	-TA-----C-C-G-----A-----G-----C-----	338
B.GA.88.OYI	0
B.GB.83.CAM1	AT-----A-----AA-----T-A-----AG-----	339
B.NL.86.3202A21	-----T-----A-----G-----	338
B.TH.90.BK132	0
B.US.83.RF	0
B.US.90.WEAU160	AT-----A-----AAA-----G-A-----T-----AG-----	338
C.BR.92.92BR025	0
C.BW.00.00BW3891_6	0
C.BW.96.96BW0502_	0
C.ET.86.ETH2220	0
C.IL.98.98IS002	0
C.IN.95.95IN21068	0
C.IN.99.01IN565_10	0
C.KE.00.KER2010	0
C.MM.99.mIDU101_3	0
C.TZ.97.97TZ04	0
C.TZ.98.98TZ017	0
C.ZA.01.2134MB	0
C.ZA.97.97ZA003	0
C.ZM.96.96ZM651	0
D.CD.83.ELI	0
D.CD.83.NDK	0
D.CD.85.Z2Z6	A-----A-----A-----A-----G-A-----A-----T-A-----AG-----C-A-----	338
D.CM.01.01CM_0009BBY	0
D.KE.01.01KE_NKU3006	0
D.TD.99.MN012	0
D.UG.94.94UG114	0
D.UG.99.99UGA08483	0
D.UG.99.99UGB21875	0
F1.BE.93.VI850	0
F1.BR.93.93BR020_1	0
F1.FI.93.FIN9363	0
F1.FR.96.MP411	0
F2.CM.02.02CM_0016BBY	0
F2.CM.95.MP255	0
F2.CM.95.MP257	0
F2.CM.97.CM53657	0
G.BE.96.DRCBL	-T-----AA-----TA-----CGGAGA-----A-----A-----AG-----CA-----	300
G.CM.01.01CM_4049HAN	0
G.FI.93.HH8793_12_1	0
G.NG.92.92NG083	0
G.SE.93.SE6165	0
H.BE.93.VI991	0
H.BE.93.VI997	0
H.CF.90.056	0
J.SE.93.SE7887	0
J.SE.94.SE7022	0
K.CD.97.EQTB11C	0
K.CM.96.MP535	0





		- TCF-1 alpha -	
B.FR.83.HXB2	GAGTGGAGGTTTGACAGCCGCTAGCATTTCATCACATGGCCCGAGAGCTGCATCCG.....	GAGTACTTC...AAGAACTGC.....	TGACATCGA..... 338
01_AE.CF.90.90CF4071	AT----A-----TTC-----CGAAGA-----A-----A.....	-----A-...-AG-----	-----AA----- 263
01_AE.JP.93.93JP NH1	AT----A-----TGC-----CGAA-A-----A-----AA-----A.....	-----T-AT...-AG-----	-----AA----- 338
01_AE.TH.90.CM240	0
01_AE.TH.93.93TH9021	AT----A-----TTC-----CGAA-A-----A-----G-----A.....	-----AT...-GAG-----	-----AA----- 340
02_AG.CM.02.02CM 1677LE	0
02_AG.CM.97.97CM_MP807	0
02_AG.FR.91.DJ264	0
02_AG.NG.-.IBNG	0
02_AG.SE.94.SE7812	0
03_AB.BY.00.98BY10443	AT----A-----T-----G--TC-AAACA-----GA-----	-----T-A-...-AG-----	-----CA--CTGCTGACGT 348
03_AB.RU.97.KAL153_2	0
03_AB.RU.98.RU9800I	0
04_cpx.CY.94.CY032	0
04_cpx.GR.91.97PVCH	A-----A-----T-----CA-A-----A-----	-----T-A-...-AG-----	-----CA----- 339
04_cpx.GR.97.97PVMY	A-----A-----T-TG-----ACAGA-----	-----T-A-...-AG-----	-----CA----- 338
05_DF.BE.-.VI1310	0
05_DF.BE.93.VI961	0
05_DF.ES.99.X492	0
06_cpx.AU.96.BFP90	A-----A-----TC-----AGGAGA-----A-----AAA-----	-----TT-A-...-AG-----	-----AG-CTGCTGACAA 347
06_cpx.ML.95.95ML127	AT----A-----TC-----CGAAGA-----A-----	-----C-TT-A-...-AG-----	-----AA----- 338
06_cpx.ML.95.95ML84	0
06_cpx.SN.97.97SE1078	AT----A-----TC-----G-----CGGAGA-----A-----A-----A-----	-----TT-AT...-AG-----	TGACAGCC-C--AA--CTGCTGACAA 356
07_BC.CN.-.CNGL179	0
07_BC.CN.97.97CN001	0
07_BC.CN.97.CN54	0
07_BC.CN.98.98CN009	0
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	0
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	0
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	0
08_BC.CN.98.98CN006	0
09_cpx.GH.96.96GH2911	0
09_cpx.SN.95.95SN1795	0
09_cpx.SN.95.95SN7808	0
09_cpx.US.99.99DE4057	0
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	0
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	0
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	0
11_cpx.CM.02.02CM_4118STN	0
11_cpx.CM.96.4496	0
11_cpx.FR.99.MP1298	AT----A-----TC-----CGAA-A-----A-----	-----C-T-A-...-AG-----	-----CA----- 338
11_cpx.GR.-.GR17	0
12_BF.AR.97.A32989	0
12_BF.AR.99.ARMA159	ATA---A-----G--GC-AAGA---T-A---A-----AAA-----A.....	GAGTGTGT-TA-AGA-...TGAG-----	-----CA--GACTGCTGAC 354
12_BF.UY.99.URTR23	-TA-----A-----G--C-GAGG---A--A-----AGA-----GAGTACTACCAAGACTGAGACTGCT-CACAGAGAGTGCTG-----	-----CA--GAGTCTGAC 375	
12_BF.UY.99.URTR35	C-----A-----A-----G--CGGAGA---A--A-----AAA-----T.....	GAGTTCT-CA-AGA-...TGAG-----	-----CA--GAGTCTGAC 354
13_cpx.CM.02.02CM_3226MN	0
13_cpx.CM.96.1849	0
13_cpx.CM.96.4164	0
14_BG.ES.00.X475	0
14_BG.ES.00.X477	0
14_BG.ES.00.X623	0
14_BG.ES.99.X397	0
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	0
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	0
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	0
15_01B.TH.99.99TH_R2399	0
16_A2D.KE.00.KISII5009	0
16_A2D.KR.97.97KR004	0
N.CM.-.YBF106	0
N.CM.95.YBF30	0
O.BE.87.ANT70	AT----A-----T--ATCT---GCAACACC--TG-T--TATGATAACT--C--A.....	GAGCTCTTCC--A-GGA-...T-A--ACTGC.....	-----C-GA-GATTGCTGAC 362
O.CM.-.96CMABB009	0
O.CM.91.MVP5180	A-A--CA-----T--ATCAT--GC--AAACA--T--A---TGC-AAA--C--A.....	GAGCTCTTC.....CCC--G-AAC.....	-----C-----C 338
O.SN.99.SEMP1299	A-A--CA-----T--ATCA--GCAGCACC--TG-T--TATG-TAACCA-C--A.....	GAGCTCTTTA-CA-GGA-...T-A-----	-----C-GA-GATTGCTGAC 361
CPZ.CD.-.ANT	0
CPZ.CM.98.CAM5	9
CPZ.GA.-.CPZGAB	-TC--C-C-----A-G--G--C--AAGA--T--T--A---A-AA-----	GAGTACTAC.....-AG---A.....	CTTT-GACT.GGCGCATGC 347
CPZ.US.85.CPZUS	ATC--CA-----CTGAA--G--TCGAGA---GA--TAA-----A.....	GAGTACTTC.....CG-----A.....	-----G-TGTA-CGCGCAGCC 348



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	NF-kappa-B-II	NF-kappa-B-I	Sp1-III	Sp1-II	Sp1-I	
B.FR.83.HXB2GCTTGCTACAA.....GGGACTTTCCG.....CTG.....GGGACTTTCCA.....GGGAGGCGTGGCCTGGGCGGGACTGGGGAGTGGCGAG.....	419
A1.KE.00.MSA4069	0
A1.KE.94.Q23_17	0
A1.SE.94.SE7253	0
A1.TZ.97.97TZ02	0
A1.UA.00.98UA0116	GA.....AG----GAC.....G.....T---TT---AGTC.....T-A.....	431
A1.UG.85.U455	0
A1.UG.92.92UG037	0
A2.CD.97.97CDKS10	0
A2.CD.97.97CDKTB48	0
A2.CY.94.94CY017_41	0
B.AR.99.ARMA132	0
B.AU.95.MBCC54	0
B.BO.99.BOL0122	0
B.CN.-.RL42	0
B.ES.89.S61K15T--AC--A.....	419
B.GA.88.OYI	0
B.GB.83.CAM1T--AC-A.....G.....T.....	421
B.NL.86.3202A21T--AC-A.....G.....	420
B.TH.90.BK132	0
B.US.83.RF	0
B.US.90.WEAU160-T--T--AC-A.....A.....G.....-AT.....A.....	419
C.BR.92.92BR025	0
C.BW.00.00BW3891_6	0
C.BW.96.96BW0502	0
C.ET.86.ETH2220	0
C.IL.98.98IS002	0
C.IN.95.95IN21068	0
C.IN.99.01IN565_10	0
C.KE.00.KER2010	0
C.MM.99.mIDU101_3	0
C.TZ.97.97TZ04	0
C.TZ.98.98TZ017	0
C.ZA.01.2134MB	0
C.ZA.97.97ZA003	0
C.ZM.96.96ZM651	0
D.CD.83.ELI	0
D.CD.83.NDK	0
D.CD.85.Z2Z6T--T--AC-A.....G.....A.....T-A.....	419
D.CM.01.01CM_0009BBY	0
D.KE.01.01KE_NKU3006	0
D.TD.99.MN01Z	0
D.UG.94.94UG114	0
D.UG.99.99UGA08483	0
D.UG.99.99UGB21875	0
F1.BE.93.VI850	0
F1.BR.93.93BR020_1	0
F1.FI.93.FIN9363	0
F1.FR.96.MP411	0
F2.CM.02.02CM_0016BBY	0
F2.CM.95.MP255	0
F2.CM.95.MP257	0
F2.CM.97.CM53657	0
G.BE.96.DRCBLAG----GAC-AG.....-CT.....G-----C-----A--G-----T-A.....	384
G.CM.01.01CM_4049HAN	0
G.FI.93.HH8793_12_1	0
G.NG.92.92NG083	0
G.SE.93.SE6165	0
H.BE.93.VI991	0
H.BE.93.VI997	0
H.CF.90.056	0
J.SE.93.SE7887	0
J.SE.94.SE7022	0
K.CD.97.EQTB11C	0
K.CM.96.MP535	0

152

HIV-1/SIV cpz Complete Genomes





	NF-kappa-B-II	NF-kappa-B-I	Sp1-III	Sp1-II	Sp1-I	
B.FR.83.HXB2GCTTGCTACAA...GGGACTTTCCG.....CTG.....GGGACTTTCCA.....GGGAGGCGTGGCCTGGGCGGGACTGGGGAGTGGCGAG.CCCTCAGA			419
01_AE.CF.90.90CF4071AG--TA--ACT...A-----CCG.....	G--A--T-----AGT-----T-A-----			344
01_AE.JP.93.93JP NH1AG--T--.A-CT..A-----	G-----T-----G-----AGT-----T-A-----			419
01_AE.TH.90.CM240						0
01_AE.TH.93.93TH9021AG--T--.A-CT..A-----	GG--A--T-----TG-----AGT-----TT-A-----A-			422
02_AG.CM.02.02CM 1677LE						0
02_AG.CM.97.97CM_MP807						0
02_AG.FR.91.DJ264						0
02_AG.NG.-.IBNG						0
02_AG.SE.94.SE7812						0
03_AB.BY.00.98BY10443	GA.....AG----GAC...A-----	G-----T--ATT-----AGT-----T-A-----			431
03_AB.RU.97.KAL153_2						0
03_AB.RU.98.RU9800I						0
04_cpx.CY.94.CY032						0
04_cpx.GR.91.97PVCHAG----GAC-A.A-----CC.....	G-----C-----A--GT-----T-A-----			423
04_cpx.GR.97.97PVMYAG----GAC-A.A-----CC.....	G-----C-----A-AGT-----T-A-----			422
05_DF.BE.-.VI1310						0
05_DF.BE.93.VI961						0
05_DF.ES.99.X492						0
06_cpx.AU.96.BFP90	AGA.....AG--T--AT...G-----	T-----G-----T-A-----			431
06_cpx.ML.95.95ML127AG--T--AC...G-----	G--T--A-----G-----T-A-----A-AC			419
06_cpx.ML.95.95ML84						0
06_cpx.SN.97.97SE1078AGAAG--T-GAC...A-----	G-----G-----T-A-----A--			441
07_BC.CN.-.CNGL179						0
07_BC.CN.97.97CN001						0
07_BC.CN.97.CN54						0
07_BC.CN.98.98CN009						0
08_BC.CN.97.97CNGX_6F						0
08_BC.CN.97.97CNGX_7F						0
08_BC.CN.97.97CNGX_9F						0
08_BC.CN.98.98CN006						0
09_cpx.GH.96.96GH2911						0
09_cpx.SN.95.95SN1795						0
09_cpx.SN.95.95SN7808						0
09_cpx.US.99.99DE4057						0
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061						0
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071						0
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110						0
11_cpx.CM.02.02CM 4118STN						0
11_cpx.CM.96.4496						0
11_cpx.FR.99.MP1298AG--A--GAC...A-----	G-----T-----GT-----T-A-----			420
11_cpx.GR.-.GR17						0
12_BF.AR.97.A32989						0
12_BF.AR.99.ARMA159ACAGAAGAAT--A...A-----	A-G-CG-GCCAGA--T-----TCA-----			439
12_BF.UY.99.URTR23	ACAGA...AGAAT--A...A-----	A-G-CG-GCCAGA--T-----TCA-----			460
12_BF.UY.99.URTR35ACAGAAGAAT--A...A-----	A-G-CG-GCCAGA--T-----TTA-----			439
13_cpx.CM.02.02CM 3226MN						0
13_cpx.CM.96.1849						0
13_cpx.CM.96.4164						0
14_BG.ES.00.X475						0
14_BG.ES.00.X477						0
14_BG.ES.00.X623						0
14_BG.ES.99.X397						0
15_01B.TH.02.02TH OUR1331						0
15_01B.TH.02.02TH OUR1332						0
15_01B.TH.99.99TH MU2079						0
15_01B.TH.99.99TH R2399						0
16_A2D.KE.00.KISII5009						0
16_A2D.KR.97.97KR004						0
N.CM.-.YBF106						0
N.CM.95.YBF30						0
O.BE.87.ANT70	ACTGT.....-A-----AGCAAAGA--CTGACACTGCG-----	A-T-G-AG-GACAGG-----TTC-----T-A-----			454
O.CM.-.96CMABB009						0
O.CM.91.MVP5180	ACTGC.....AGA--CTGACACTGCG-----	GC-T-G-AG-GATAAG-----TTC-----T-A-----			427
O.SN.99.SEMP1299	ACTGC.....-AGCAGAGA--CTGACACGGCG-----	GT-T-G-AG-GAC-AG-----TTC-----T-A-----			454
CPZ.CD.-.ANT						0
CPZ.CM.98.CAM5	CAGTAGAAACTGCTGACA-----TAA.....	A-G--GAG-CT-A-----A--CGTG-TTTC-----			95
CPZ.GA.-.CPZGAB	GCACAAGAAGCTGCTGACTCTGC-----A.....A.....	GG-A--T-GTCGGGA-----GT-----T--TTG-----			439
CPZ.US.85.CPZUS	GCAATAAAACTGCTGACTG...A-----TA.....A.....	AGGGACGTTCCAAGGGG-T-G...TC.A-----ACA--C--TTTTA-----A-			446



	TATA Box	5' LTR U3 end	/ +1 mRNA start site	5' LTR R repeat begin	Poly-A signal	
B.FR.83.HXB2	TCCTGCATATAAGCAGCTGCTTTTTCGCTGTACTGGGTCCTCTGGTTAGACCAGATCTGAGCCTGGGAGCTCTCTGGCTAACTAGGGAACCCACTGCTT	TCCTGCATATAAGCAGCTGCTTTTTCGCTGTACTGGGTCCTCTGGTTAGACCAGATCTGAGCCTGGGAGCTCTCTGGCTAACTAGGGAACCCACTGCTT	TCCTGCATATAAGCAGCTGCTTTTTCGCTGTACTGGGTCCTCTGGTTAGACCAGATCTGAGCCTGGGAGCTCTCTGGCTAACTAGGGAACCCACTGCTT	TCCTGCATATAAGCAGCTGCTTTTTCGCTGTACTGGGTCCTCTGGTTAGACCAGATCTGAGCCTGGGAGCTCTCTGGCTAACTAGGGAACCCACTGCTT	TCCTGCATATAAGCAGCTGCTTTTTCGCTGTACTGGGTCCTCTGGTTAGACCAGATCTGAGCCTGGGAGCTCTCTGGCTAACTAGGGAACCCACTGCTT	547
			TAR element stem	buldge	loop	TAR element stem
01_AE.CF.90.90CF4071	-G-----A-----C-----C-T-----T-G-----G-----C-----G-A-----					471
01_AE.JP.93.93JP_NH1	-G-----A-----C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----					547
01_AE.TH.90.CM240A-----C-----C-----T-----A-----T-----A-----G-----C-----A-----A-----					94
01_AE.TH.93.93TH9021	-G-----A-----C-----C-C-T-----A-----T-----A-----G-----C-----G-A-----C-A-T-----					550
02_AG.CM.02.02CM_1677LE					0
02_AG.CM.97.97CM_MP807					0
02_AG.FR.91.DJ264					0
02_AG.NG.-.IBNGG-GGA-----					76
02_AG.SE.94.SE7812					0
03_AB.BY.00.98BY10443	-G-----C-----T-----G-----					558
03_AB.RU.97.KAL153_2					0
03_AB.RU.98.RU98001					0
04_cpx.CY.94.CY032					0
04_cpx.GR.91.97PVCH	-G-----A-----C-----C-----G-----G-----G-TA-----T-----C-----					544
04_cpx.GR.97.97PVMY	-G-----C-----C-----A-----GCT-----					549
05_DF.BE.-.VI1310					0
05_DF.BE.93.VI961					0
05_DF.ES.99.X492					0
06_cpx.AU.96.BFP90	-G-----A-----C-----C-C-T-----T-C-----T-----A-G-AG-----					559
06_cpx.ML.95.95ML127	-G-----A-----C-----C-C-T-----T-C-----T-----A-G-AG-----					547
06_cpx.ML.95.95ML84					0
06_cpx.SN.97.97SE1078	-G-----A-----C-----C-C-T-----T-C-----T-----A-G-AG-----					569
07_BC.CN.-.CNGL179					0
07_BC.CN.97.97CN001					0
07_BC.CN.97.CN54					0
07_BC.CN.98.98CN009					0
08_BC.CN.97.97CNGX_6F					0
08_BC.CN.97.97CNGX_7F					0
08_BC.CN.97.97CNGX_9F					0
08_BC.CN.98.98CN006					0
09_cpx.GH.96.96GH2911					0
09_cpx.SN.95.95SN1795					0
09_cpx.SN.95.95SN7808					0
09_cpx.US.99.99DE4057					0
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061					0
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071					0
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110					0
11_cpx.CM.02.02CM_4118STN					0
11_cpx.CM.96.4496					0
11_cpx.FR.99.MP1298	-G-----A-----C-----C-C-T-----A-----T-G-G-A-----					548
11_cpx.GR.-.GR17					0
12_BF.AR.97.A32989C-----C-----A-----T-----G-----					114
12_BF.AR.99.ARMA159	-G-----C-----C-----A-G-----TA-----G-----					567
12_BF.UY.99.URTR23	-G-----C-----C-----A-G-----T-----G-----					588
12_BF.UY.99.URTR35	-G-----C-G-Y-C-----A-G-----T-----GG-----					567
13_cpx.CM.02.02CM_3226MN					0
13_cpx.CM.96.1849					0
13_cpx.CM.96.4164					0
14_BG.ES.00.X475					0
14_BG.ES.00.X477					0
14_BG.ES.00.X623					0
14_BG.ES.99.X397					0
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331					0
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332					0
15_01B.TH.99.99TH_MU2079					0
15_01B.TH.99.99TH_R2399					0
16_A2D.KE.00.KISII5009					0
16_A2D.KR.97.97KR004					0
N.CM.-.YBF106--GC--T--G-----T-----TA-----G-----A-----					107
N.CM.95.YBF30-C-C-T--T--C-G-----TA-----G-----					107
O.BE.87.ANT70	AG-----C-----C-----T-----C-----GG-TAGAG-----G-----C-----C-----CTCTAGCT-----G-----CG-----					581
O.CM.-.96CMABB009					12
O.CM.91.MVP5180	-G-----C-----CC-T-----C-----TAG-TAGAG-----G-----C-----C-----CTCTAGCT-----G-----CG-----					554
O.SN.99.SEMP1299	-G-----C-----ACC-T-----C-----GG-TAGAGA-----G-----C-----C-----CTCTAGCT-----G-----CG-----					581
CPZ.CD.-.ANT					0
CPZ.CM.98.CAM5	AG-----C-----C-----T-----GT-----T-G-----TA-----C-G-----A-----					222
CPZ.GA.-.CPZGAB	AG-----T-----C-----T-----T-CAC-G-----T-----A-C-GTG-A-----TA-----					567
CPZ.US.85.CPZUS	GA-----A-----C-----C-----T-----C-C-----AA-----C-----GTGTA-----					572



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	5' LTR R repeat end \	5' LTR U5 start	Extensive secondary structure in this region. See Rizvi, <i>J Virol</i> 67:2681-8(1993)	5' LTR U5 end \	Lys tRNA primer binding site	
B.FR.83.HXB2			TTCAAGTAGTGTGCCCCGTCTG.TTGTGTGACTCTGGTAACTAGAGATCCCTCAGACCC..TTTGTAGTCAGTGTGG...AAAATCTCTAGCAGTGGCGCCCGAACAGGG.....			651
A1.KE.00.MSA4069						0
A1.KE.94.Q23_17				A..C-C--A-G-		120
A1.SE.94.SE7253						0
A1.TZ.97.97TZ02						0
A1.UA.00.98UA0116				T..A..C-C--G--A..		661
A1.UG.85.U455				G..-A-T--A..A..		120
A1.UG.92.92UG037					..-ACTTGAAAAGCGA..AAGTAA	19
A2.CD.97.97CDKS10						0
A2.CD.97.97CDKTB48						0
A2.CY.94.94CY017_41					..TTGAAAAGCGAA..AAGTAA	17
B.AR.99.ARMA132						0
B.AU.95.MBCC54						11
B.BO.99.BOL0122						0
B.CN.-.RL42						28
B.ES.89.S61K15						650
B.GA.88.OYI						197
B.GB.83.CAM1						653
B.NL.86.3202A21						652
B.TH.90.BK132						2
B.US.83.RF						165
B.US.90.WEAU160						651
C.BR.92.92BR025						1
C.BW.00.00BW3891_6						26
C.BW.96.96BW0502_6						138
C.ET.86.ETH2220						30
C.IL.98.98IS002						0
C.IN.95.95IN21068						29
C.IN.99.01IN565_10						31
C.KE.00.KER2010_3						0
C.MM.99.mIDU101_3						29
C.TZ.97.97TZ04						0
C.TZ.98.98TZ017						0
C.ZA.01.2134MB						100
C.ZA.97.97ZA003						0
C.ZM.96.96ZM651						0
D.CD.83.ELI						197
D.CD.83.NDK						195
D.CD.85.Z2Z6						651
D.CM.01.01CM_0009BBY						0
D.KE.01.01KE_NKU3006						0
D.TD.99.MN01Z						0
D.UG.94.94UG114						0
D.UG.99.99UGA08483						0
D.UG.99.99UGB21875						0
F1.BE.93.VI850						2
F1.BR.93.93BR020_1						0
F1.FI.93.FIN9363_3						0
F1.FR.96.MP411						0
F2.CM.02.02CM_0016BBY						0
F2.CM.95.MP255						0
F2.CM.95.MP257						0
F2.CM.97.CM53657						0
G.BE.96.DRCBL						635
G.CM.01.01CM_4049HAN						0
G.FI.93.HH8793_12_1						52
G.NG.92.92NG083						17
G.SE.93.SE6165						53
H.BE.93.VI991						29
H.BE.93.VI997						0
H.CF.90.056						0
J.SE.93.SE7887						0
J.SE.94.SE7022						0
K.CD.97.EQTB11C						0
K.CM.96.MP535						0

156

HIV-1/SIV cpz Complete Genomes



	5' LTR R repeat end \ U5 start	5' LTR U5 start	Extensive secondary structure in this region. See Rizvi, <i>J Virol</i> 67:2681-8(1993)	5' LTR U5 end	- Lys tRNA primer binding site	
B.FR.83.HXB2	TTCAAGTAGTGTGTCGCCGTCG	TTGTGTGACTCTGGTAACTAGAGATCCCTCAGACCC	TTTGTAGTCAGTGTGG	AAAATCTCTAGCAGTGGCGCCCGAACAGGG	651
01_AE.CF.90.90CF4071	--A--G-----	-----GA-AG-----A..C-CA--A-T-A-A..	-----	-----ACTTGAAAGCGA.AAGTTAA	593
01_AE.JP.93.93JP.NH1	--A--G-----	-----GT-AG-----A..C-C--A-T-AA-A..	-----	-----ACTTGAAAGCGA.AAGTTAA	669
01_AE.TH.90.CM240	--A--G-----	-----GT-AG-----A..C-C--A-T-A-A..	-----C-----	-----CACTCGAAAGCGAAAGTTAA	217
01_AE.TH.93.93TH9021	--A--G-----	-----GT-AG-----A-A-----A..C-C--A-T-A-A..	-----	672
02_AG.CM.02.02CM.1677LE	0
02_AG.CM.97.97CM.MP807	0
02_AG.FR.91.DJ264	-----ACCCGGAAG.....TTAA	15
02_AG.NG.-.IBNG	-----A-----A..C-C--A-T--A..	-----ACTTGACGG.....TAA	191
02_AG.SE.94.SE7812	-----ACTTGAAGT.....TAA	38
03_AB.BY.00.98BY10443	--T-----	-----A-----A..C-C--A-G--AA..	662
03_AB.RU.97.KAL153_2	0
03_AB.RU.98.RU9800I	29
04_cpx.CY.94.CY032TTGAAAGTGAA.....AGTTA	16
04_cpx.GR.91.97PVCHA..C-C--A-T--A-AA..	-----T-----C-----	-----ACTTGAAAGTGA.AAGTTAA	667
04_cpx.GR.97.97PVMY	-----G--T-----A..C-C--A-G--A-A..	-----ACCCGAAAGTGA.AAGTTAA	671
05_DF.BE.-.VI1310	27
05_DF.BE.93.VI961	-----A.....	3
05_DF.ES.99.X492	3
06_cpx.AU.96.BFP90	--AT-----A..C-C--A--A..	-----ACTTGAAAGCGA.AAGTTAA	681
06_cpx.ML.95.95ML127	--AC-----A..CGC--G-G--	-----ACTTGAAAGCGA.AAGTTAA	668
06_cpx.ML.95.95ML84	0
06_cpx.SN.97.97SE1078	--T-----	-----G--T-----A..C-C--AAG--A..	-----ACCCGAAAGCGA.AAGTTAA	691
07_BC.CN.-.CNGL179	0
07_BC.CN.97.97CN001	0
07_BC.CN.97.CN54	0
07_BC.CN.98.98CN009	0
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	0
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	0
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	0
08_BC.CN.98.98CN006	0
09_cpx.GH.96.96GH2911	0
09_cpx.SN.95.95SN1795	0
09_cpx.SN.95.95SN7808	0
09_cpx.US.99.99DE4057	0
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061CC-----T.....	29
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071CC-----	28
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110CC-----	28
11_cpx.CM.02.02CM.4118STN	0
11_cpx.CM.96.4496	19
11_cpx.FR.99.MP1298	--T-----	-----A-----	-----C-----	651
11_cpx.GR.-.GR17	0
12_BF.AR.97.A32989	218
12_BF.AR.99.ARMA159	-----A-T-----	-----C-----	671
12_BF.UY.99.URTR23	-----TA-----	-----A.....	692
12_BF.UY.99.URTR35	671
13_cpx.CM.02.02CM.3226MN	0
13_cpx.CM.96.1849	29
13_cpx.CM.96.4164	29
14_BG.ES.00.X475A..C-C--AAT--A..	-----	99
14_BG.ES.00.X477A..C-A--AAK--A..	-----	99
14_BG.ES.00.X623A..C-C--AT--	-----	98
14_BG.ES.99.X397A..C-C--AT--A..	-----	99
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	0
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	0
15_01B.TH.99.99TH_MU2079T-A-TC-CCCTT-----	-----	60
15_01B.TH.99.99TH_R2399ACTTGAAAGCGAA..AGTTAA	19
16_A2D.KE.00.KISII5009	0
16_A2D.KR.97.97KR004	-----T-A--T-AAAGTA.....A	16
N.CM.-.YBF106	-A-----G-----	-----A-CA--CG-A-----C-----	-----TTA.CCA-AGACTGA--A.....	-----S-----	209
N.CM.95.YBF30	-A-----G-----	-----A-CA--CG-A-----C-----	-----A..C-AGACTGA--A.....	209
O.BE.87.ANT70	.AG--C-----T-A-----CA-C--GT-----T-A..C--AGACTGAA-CA.....	681
O.CM.-.96CMABB009	.AT--C-----T-----CA-C--GT-----T-A..C--AGACTGAA-CA.....	112
O.CM.91.MVP5180	.AG--C-----T-A-----CA-C--GT-----T-A..C--AGACTGAA-CA.....	654
O.SN.99.SEMP1299	.AG--C-----T-A-----C--C--T-----T-A..CG-AGACTGAG-CA.....	681
CPZ.CD.-.ANT	0
CPZ.CM.98.CAM5	C-TG--C-----TA-CA--CA-----A-A.A--A--AGT-----	325
CPZ.GA.-.CPZGAB	--TG--C-----TA--A--CA-AC-----TTAAA--A-----A.....	670
CPZ.US.85.CPZUS	--T-----	-----TA-C..-CA-----	-----A-T..C--A-AAGTAG-----	674



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

Gag p7 nucleocapsid binds these loops, see DeGuzman, *Science* 279:384-8
 Packaging signal secondary structure, see Harrison, *J Virol* 72:5886-96

B.FR.83.HXB2ACCT...GAAAGCGAAAGGGAAACCAGAGG..AGCT.....CTCTCGACGCA..GGACTCGGCTTGCTGA.AGCGC.GCACGGCAAGAGGGCGA.GGGG.CGGC...GACTGGTGAGTACGCC	754
A1.KE.00.MSA4069TC.....TT.....A...T.....G-T--A--A-----A-----	0
A1.KE.94.Q23_17TC.....TT.....A...T.....G-T--A--A-----A-----	219
A1.SE.94.SE7253TC.....TT.....A...T.....G-T--A--A-----A-----	0
A1.TZ.97.97TZ02TC.....TT.....A...T.....G-T--A--A-----A-----	0
A1.UA.00.98UA0116TC.....TT.....A...T.....G-T--A--A-----A-----	760
A1.UG.85.U455TC.....TT.....A...T.....G-T--A--A-----A-----	219
A1.UG.92.92UG037	TAGGG--TC.....A-----TT.....A...AAGC...T--T-----G-T--A--A-----A-----	126
A2.CD.97.97CDKS10T-TTTC-----TA-----G-A...T-----A-----G-T--A-----AA--A--G-----	0
A2.CD.97.97CDKTB48T-TTTC-----TA-----G-A...T-----A-----G-T--A-----AA--A--G-----	100
A2.CY.94.94CY017_41	CAGGG--TC.....TT.....T-----T-----G-T--A-----AA--A--G-----	122
B.AR.99.ARMA132T-----A-----	0
B.AU.95.MBCC54T-----A-----	114
B.BO.99.BOL0122T-----T-G-----A-----A-----	0
B.CN.-.RL42T-----T-G-----A-----A-----	130
B.ES.89.S61K15T-----A-----	754
B.GA.88.OYIT-----T-----T-G-----T-----A-----	299
B.GB.83.CAM1T-----A-----TAG-----G-----A-----	756
B.NL.86.3202A21GC-----A-----C-----G-----C-----	755
B.TH.90.BK132A-----A-----	105
B.US.83.RFA-----TAG-----A-----G-----AC-----	268
B.US.90.WEAU160C-----TAG-----A-----G-----AC-----	754
C.BR.92.92BR025T-----TA-G-----A-----T--A-T-----A-----G-----	103
C.BW.00.00BW3891_6T-----TA-G-----A-----T--A-T-----A-----G-----	128
C.BW.96.96BW0502A-----TA-----A-----T-----A-T-----A-----G-----G-----	240
C.ET.86.ETH2220A-----T-G-----A-----T--A-T-----A-----	132
C.IL.98.98IS002A-----T-G-----A-----A-----T--A-T-----A-----	98
C.IN.95.95IN21068C-----TA-G-----A-----A-----T--A-T-----A-----	131
C.IN.99.01IN565_10C-----TA-G-----A-----A-----T--A-T-----A-----G-----	133
C.KE.00.KER2010C-----TA-G-----A-----T--A-T-----A-----G-----	0
C.MM.99.mIDU101_3C-----TA-G-----A-----T--A-T-----A-----G-----	131
C.TZ.97.97TZ04T-----TA-G-----C-----A-----T--A-T-----A-----G-----	0
C.TZ.98.98TZ017T-----TA-G-----C-----A-----T--A-T-----A-----G-----	100
C.ZA.01.2134MBT-----A-----TA-G-----A-----T--A-T-----A-----G-----G-----	202
C.ZA.97.97ZA003T-----TA-----A-----A-----T--A-T-----A-----G-----G-----	101
C.ZM.96.96ZM651T-----TA.G-----A-----T--A-T-----A-----G-----G-----	99
D.CD.83.ELITAG-----A-----T-----	300
D.CD.83.NDKTAG-----A-----A-----A-----	298
D.CD.85.Z2Z6TAG-----A-----A-----A-----C-----T-----	754
D.CM.01.01CM_0009BBYTAG-----A-----A-----	0
D.KE.01.01KE_NKU3006TAG-----A-----A-----	0
D.TD.99.MN012TAG-----A-----A-----	0
D.UG.94.94UG114TAG-----A-----A-----A-----GAA-----T-----	101
D.UG.99.99UGA08483TAG-----A-----A-----A-----GAA-----T-----	0
D.UG.99.99UGB21875TAG-----A-----A-----A-----GAA-----T-----	0
F1.BE.93.VI850T-----TAG-----A-----A-----GG-----T--AA-----A-----	105
F1.BR.93.93BR020_1TA-----A-----AA-----T--A-----A-----	99
F1.FI.93.FIN9363TAG-----A-----A-----T--A-----A-----	97
F1.FR.96.MP411TAG-----A-----A-----T--A-----A-----	0
F2.CM.02.02CM_0016BBYTAG-----A-----A-----T--A-----A-----	0
F2.CM.95.MP255TAG-----A-----A-----T--A-----A-----	0
F2.CM.95.MP257TAG-----A-----A-----T--A-----A-----	0
F2.CM.97.CM53657TAG-----A-----A-----T--A-----A-----	0
G.BE.96.DRCBL	TAGGG--TC.....TT.....A--T-----G-T--A--A-----A-----	739
G.CM.01.01CM_4049HAN	TAGGG--TC.....TT.....A--T-----G-T--A--A-----A-----	0
G.FI.93.HH8793_12_1	CAGGG--TC.....A-----TT.....A--T-----G-T--A--A-----A-----	156
G.NG.92.92NG083	TAGGG--TC.....A-----TT.....A--T-----G-T--A--A-----A-----	121
G.SE.93.SE6165	CAGGG--TC.....A-----TT.....A--T-----G-T--A--A-----A-----	157
H.BE.93.VI991T-----CA-----A-----T--A-----A-----G.T-----	134
H.BE.93.VI997T-----T-----T-----TA-----A-----T-----G.C-----	75
H.CF.90.056T-----T-----T-----TA-----A-----T-----G.C-----	100
J.SE.93.SE7887T-----T-----T-----TA-----A-----T-----	74
J.SE.94.SE7022T-----T-----T-----TA-----A-----T-----	74
K.CD.97.EQTB11CT-----T-----T-----TA-----A-----T-----	0
K.CM.96.MP535T-----T-----T-----TA-----A-----T-----	0



Gag p7 nucleocapsid binds these loops, see DeGuzman, *Science* 279:384-8
 Packaging signal secondary structure, see Harrison, *J Virol* 72:5886-96

B.FR.83.HXB2ACCT....GAAAGCGAAAGGGAAACCAGAGG..AGCT.....CTCTCGACGCA..GGACTCGGCTTGCTGA.AGCGC.GCACGGCAAGAGGCCA.GGGG.CGGC...GACTGGTGAGTACGCC	754
01_AE.CF.90.90CF4071	CAGGG--TC.....TT.....A..T.....C.....G-T..A-G-A.....A-A.....	698
01_AE.JP.93.93JP.NH1	TAGGG--TC.....TT.....A..T.....G-T..A-A.....A.....	773
01_AE.TH.90.CM240	TAGGG--TC.....TT.....A..T.....G-T..A-A.....A.....	321
01_AE.TH.93.93TH9021	TAGGG--TC.....TT.....A..T.....C-G-T..A-A.....-AC..G.....	776
02_AG.CM.02.02CM.1677LE	0
02_AG.CM.97.97CM.MP807	0
02_AG.FR.91.DJ264	TAGGG--TC.....TT.....A..A.....G.....G-T..A-A.....A.....	120
02_AG.NG..IBNG	TAGGG--TC.....TT.....A..A.....G.....G-T..A-A.....A.....	296
02_AG.SE.94.SE7812	TAGGG--TC.....TT.....A..A.....G.....G-T..A-A.....A.....	143
03_AB.BY.00.98BY10443-T.....TT.....A..T.....G-T..A-A.....A.....T.....	761
03_AB.RU.97.KAL153_2-T.....TT.....A..A.....G-T..A-A.....A.....	0
03_AB.RU.98.RU98001-T.....TT.....A..A.....G-T..A-A.....A.....	128
04_cpx.CY.94.CY032	ATAGG--TC.....TT.....A..T.....G-T..A-A.....A.....	120
04_cpx.GR.91.97PVCH	TAGGG--TC.....G--TT.....A..T.....G-T..A-A.....A.....	771
04_cpx.GR.97.97PVMY	TAGGG--TC.....G--TT.....A..T.....G-T..A-A.....A.....	775
05_DF.BE..VI1310-T.....A.....TAG--A..AA.....A.....TA.....T	130
05_DF.BE.93.VI961C-T.....A.....TAG--A..AA.....A.....TA.....T	106
05_DF.ES.99.X492-T.....A.....TA.....A.....TA.....T	104
06_cpx.AU.96.BFP90	TAGGG--TC.....TT.....A..T.....G-T..A-A.....A.....	785
06_cpx.ML.95.95ML127	TAGGG--TC.....TT.....A..T.....G-T..A-A.....A.....	772
06_cpx.ML.95.95ML84	0
06_cpx.SN.97.97SE1078	TAGGG--TC.....TT.....A..T.....G-T..A.....C.....	796
07_BC.CN..CNGL179	0
07_BC.CN.97.97CN001A.....TA-G.....A.....T..A-T.....A.....	100
07_BC.CN.97.CN54	0
07_BC.CN.98.98CN009T.....TA-G.....A.....T..A-T.....A.....	100
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	0
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	0
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	0
08_BC.CN.98.98CN006T.....TA-G.....A.....T..A-T.....A.....	100
09_cpx.GH.96.96GH2911	0
09_cpx.SN.95.95SN1795	0
09_cpx.SN.95.95SN7808	0
09_cpx.US.99.99DE4057	0
10_CD.TZ.96.96TZ.BF061TAG--A.....A.....A.....AC.....T	132
10_CD.TZ.96.96TZ.BF071-T.....TAG--A.....A.....A.....AC.....T	131
10_CD.TZ.96.96TZ.BF110-T.....TAG--A.....A.....A.....AC.....T	131
11_cpx.CM.02.02CM.4118STN	0
11_cpx.CM.96.4496-T.....TA-G.....A..T.....N.....T.....G-T..A-A.....A.....T.....	121
11_cpx.FR.99.MP1298-T.....TA-G.....AA..T.....G-T..A-A.....A.....G.....	754
11_cpx.GR..GR17-T.....T.....G-T..A-G-A.....A.....G.....	69
12_BF.AR.97.A32989-T.....TAG--A..A.....C.....C.....	321
12_BF.AR.99.ARMA159-T.....TAG--A.....A.....A.....	774
12_BF.UY.99.URTR23-TA.....TAG--A..A.....A-G.....A.....	793
12_BF.UY.99.URTR35-T.....TA.....A..A.....G.....A-G.....A.....	772
13_cpx.CM.02.02CM.3226MN	0
13_cpx.CM.96.1849-G.....CT.....A..T.....A.....G.....	130
13_cpx.CM.96.4164-T.....A.....CT.....A..T.....A.....G.....	130
14_BG.ES.00.X475	CAGGG--TC.....TT.....A..T.....AG-T..A-A.....A.....	201
14_BG.ES.00.X477	TAGGG--TC.....TT.....A..T.....AG-T..A-A.....A.....G.....	204
14_BG.ES.00.X623	TAGGG--TC.....TT.....A..T.....AG-T..A-A.....A.....	203
14_BG.ES.99.X397	CAGGG--TC.....TT.....A..T.....AG-T..A-A.....A.....T.....	204
15_01B.TH.02.02TH.OUR1331	0
15_01B.TH.02.02TH.OUR1332	0
15_01B.TH.99.99TH.MU2079	TAGGG--TC.....TT.....A..T.....G-T..A-A.....A.....	164
15_01B.TH.99.99TH.R2399	TAGGG--TC.....G--TT.....A..T.....G-T..A-A.....A.....G.....	123
16_A2D.KE.00.KISII5009	0
16_A2D.KR.97.97KR004	TAGGG--T.....TT.....A..A.....A-G.....T.....	119
N.CM..YBF106-T.....A.....TAG--G--CTGAA.....A.....C-T-G..T..A-A-A-G.....G.....AGT--A	312
N.CM.95.YBF30-T.....A.....TAG--G--CTGAA.....A.....C-T-G..T..A-A-A-G.....G.....AGT--A	311
O.BE.87.ANT70-T.....T.....T.....G-A..AAA.....A-CTC--AC-G--AGC-G..T..A-C-CT.....A-AACT-A.CAGAG.....	786
O.CM..96CMABB009-T.....T.....TA.....G-A..AAA.....A-CTC--AC-G--AGC-G..T..A-CT-CT.....A-GACT-ACAAGAG.....	219
O.CM.91.MVP5180-GC.....T.....T-G--G-A..AAA.....A-CTC--AC-G--AGC-G..T..A-CT-CT.....A-AACT-ACAAGAG.....	761
O.SN.99.SEMP1299-G.....A.....T.....G-A..AAA.....A-CTC--AC-G--AGC-G..T..A-C-CT.....A-AACT-ACA--GG.....	788
CPZ.CD..ANT-GG--TT.....ACAGAAA-CTGT.....CA.....TC.....C.....GTA--GA.....AG.....CTT	91
CPZ.CM.98.CAM5-T.....T.....AAG--CTGA.....TC.....C.....A.....T..A-G-A-T.....C..ACT-C.T.....	426
CPZ.GA..CPZGAB-T.....TA.....G--CTGAA.....C.....C.....T..A-A.....A.....	770
CPZ.US.85.CPZUS-T.....A.....TAC--CTGAAA.....TC.....G.....C.....T..A-A-A-G.....C-AACT...C-GA.....	776



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

end packaging loops -|| Gag and Gag-Pol CDS start

B.FR.83.HXB2	AAAAA.....TTTGTACTAGCGGA.GGCTAGAGAAG.....GAGAGA.GATGGGTGCGAGAGCGTCAGTATTAAGCGGGGAGAATTAGATCGATGGGAAAAAATTCG	848
A1.KE.00.MSA4069-A-----T-----A-----GC-----G--G-----	53
A1.KE.94.Q23_17	--T.....T-----A-----C-----GC-----G-----	312
A1.SE.94.SE7253T-----A-----GC-----G-----	55
A1.TZ.97.97TZ02A-----AC-----G--G-----	55
A1.UA.00.98UA0116	T--GGA....T-----A-----GC-----G-----	856
A1.UG.85.U455	T---T....T-----A-----AA-A-----TC-----G-----	315
A1.UG.92.92UG037	-T.....T-----T-----A-----GC-----G-----	218
A2.CD.97.97CDKS10	0
A2.CD.97.97CDKTB48	T---T....T-----A-----G-----C-----A-----AGCT-----G-----	195
A2.CY.94.94CY017_41	T--T....T-----A-----A-----G-----C-----A-----GCT-----G-----	217
B.AR.99.ARMA132G-----AA-----G-----	53
B.AU.95.MBCC54	---T.....A-----A-----G-----	208
B.BO.99.BOL0122G-----T-C-----G-----AA-----G-----	53
B.CN.-.RL42A-----C-----C-----A-----	220
B.ES.89.S61K15G-----G-----A-----	847
B.GA.88.OYIT-----AA-----	394
B.GB.83.CAM1	-TTT.....AA-----	850
B.NL.86.3202A21	---T....T-----AA-----G-----	850
B.TH.90.BK132A-----C-----A-----G-----	199
B.US.83.RF	G---.....C-----A-----CAA-----G-----	362
B.US.90.WEAU160	G---.....G-----A-G-----	847
C.BR.92.92BR025	-TTTT....TA-----A-----A-C-----A-----GCT-----G--AA	198
C.BW.00.00BW3891_6	--TTT....TA-----A-C-----A-----AA-----A-----	224
C.BW.96.96BW0502	-TTTT....TA-----A-----A-C-A-A-----AA-----A-----	335
C.ET.86.ETH2220	-TTTT....TA-----A-----A-C-A-A-----GCC-----AA	228
C.IL.98.98IS002	-TTTT....TA-----A-----AA-C-A-A-----AC-----A-----	194
C.IN.95.95IN21068	-TTT....TA-----A-----A-----AA-----A-----	226
C.IN.99.01IN565_10	-TTTT....TA-----A-----A-C-----A-----AA-----A-----	229
C.KE.00.KER2010A-----A-----A-----GC-----A-----	53
C.MM.99.mIDU101_3	-TTTT....TA-----A-----A-----A-----AA-----A-----	227
C.TZ.97.97TZ04A-----A-----A-----AC-----A-----	55
C.TZ.98.98TZ017	-TTTT....TA-----A-----A-----A-----GC-----G-G-----A-----	196
C.ZA.01.2134MB	-TTTT....TA-----A-----A-C-A-A-----AA-----G-----A-----	298
C.ZA.97.97ZA003	-TTT....TA-----A-----A-A-A-----AA-----A-----	197
C.ZM.96.96ZM651	-TTT....TA-----A-----A-----A-----AA-----A-----	195
D.CD.83.ELI	---T.....A-----AA-----	394
D.CD.83.NDK	G---T....A-----A-----AC-----G-----	392
D.CD.85.Z226A-----A-----G-----GC-----G-----	848
D.CM.01.01CM_0009BBYA-----A-----G-----GC-----G-----	53
D.KE.01.01KE_NKU3006T-----A-----GA-----	53
D.TD.99.MN012A-----GA-----G-----GA-----G-----	66
D.UG.94.94UG114	---A...T-----A-----A-----GA-----	197
D.UG.99.99UGA08483A-----A-----GA-----	53
D.UG.99.99UGB21875A-----A-----GA-----	53
F1.BE.93.VI850	G--TTTT..TT-----A-----A-----GA-----A	203
F1.BR.93.93BR020_1	---T....A-----A-----GC-----	191
F1.FI.93.FIN9363	---T....T-----A-----C-----GC-----	189
F1.FR.96.MP411A-----GC-----G-----	59
F2.CM.02.02CM_0016BBYA-----GAC-----G-----	53
F2.CM.95.MP255A-----GC-----	59
F2.CM.95.MP257A-----GC-----	59
F2.CM.97.CM53657A-----GAT-T-----	53
G.BE.96.DRCBL	---T.....A-----GCT-----G-----	833
G.CM.01.01CM_4049HANA-----TCT-----	53
G.FI.93.HH8793_12_1	---CT.....S-----S-----A-----GC-----	250
G.NG.92.92NG083	-T.....T-----G-----G-----A-----TCT-----	214
G.SE.93.SE6165	-T.....T-----G-----G-----C-----A-----GCT-----	251
H.BE.93.VI991	G---TTTTTA-----A-----GCT-----G-----	234
H.BE.93.VI997	G---TTTTTA-----CG-----ACT-T-----G-----	175
H.CF.90.056	-TTTT....G-----C-----A-----GCT-----G-----	195
J.SE.93.SE7887	---T...AT-----A-----T-----A-----GAT-----	171
J.SE.94.SE7022	---TA..TT-----A-----T-----A-----CGAT-----	172
K.CD.97.EQTB11CT-----A-----CAA-----A	59
K.CM.96.MP535A-----GC-----G-----	59





	AAAAA TTTTGACTAGCGGA.GGCTAGAAG GAGAGA.GATGGGTGCGAGAGCGTCAGTATTAAGCGGGGAGAATTAGATCGATGGGAAAAAATTCG	end packaging loops - / Gag and Gag-Pol CDS start	
B.FR.83.HXB2	----	----	848
01_AE.CF.90.90CF4071	-----T-----	-----T-----A-----GC-----G-----	791
01_AE.JP.93.93JP.NH1	-----T-----	-----T-----A-----GC-----G-----	865
01_AE.TH.90.CM240	-----T-----	-----T-----A-----GC-----G-----	413
01_AE.TH.93.93TH9021	-----T-----	-----T-----A-----GC-----G-----	868
02_AG.CM.02.02CM.1677LE	-----T-----	-----T-----A-----GC-----G-----A-----	53
02_AG.CM.97.97CM.MP807	-----T-----	-----T-----A-----GC-----G-----	22
02_AG.FR.91.DJ264	-----T-----	-----T-----A-----TC-----G-----	212
02_AG.NG.--.IBNG	-----T-----	-----T-----A-----GC-----G-----	388
02_AG.SE.94.SE7812	-----T-----	-----T-----A-----GC-----G-----	235
03_AB.BY.00.98BY10443	T--GA...T-----A-----	-----A-----GC-----G-----	857
03_AB.RU.97.KAL153.2	-----T-----	-----A-----GC-----G-----	80
03_AB.RU.98.RU98001	T--GA...T-----	-----A-----GC-----G-----	224
04_cpx.CY.94.CY032	---TT-----	-----T-----A-----GC-----G-GG-----	214
04_cpx.GR.91.97PVCH	---TT-----	-----T-----A-----G-----GC-----G-GG-----	865
04_cpx.GR.97.97PVMY	-----T-----	-----T-----AG-----GC-----G-G-----	868
05_DF.BE.--.VI1310	---T-----	-----A-----GC-----G-----	224
05_DF.BE.93.VI961	---C-----G-----	-----A-----GC-----G-----	200
05_DF.ES.99.X492	---T-----	-----T-----A-----GC-----G-----	198
06_cpx.AU.96.BFP90	-----T-----	-----T-----A-----GA-----G-----	876
06_cpx.ML.95.95ML127	-----A-----C-----A-----	-----A-----GA-----G-----	865
06_cpx.ML.95.95ML84	-----T-----	-----A-----G-----GA-----G-----	85
06_cpx.SN.97.97SE1078	---TTTT...TG-----	-----T-----A-----GA-----G-----	892
07_BC.CN.--.CNG1179	-----AA-----S-----A-----	-----A-----A-----A-----AA-----A-----	75
07_BC.CN.97.97CN001	---TT...TA-----	-----A-----A-----A-----AA-----A-----	195
07_BC.CN.97.CN54	-----T-----	-----A-----A-----A-----AA-----A-----	53
07_BC.CN.98.98CN009	---TT...TA-----	-----A-----A-----A-----AA-----A-----	195
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	-----T-----	-----A-----A-----A-----AA-----A-----	55
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	-----T-----	-----A-----A-----A-----AA-----A-----	61
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	-----T-----	-----A-----A-----A-----AA-----A-----	55
08_BC.CN.98.98CN006	---TTT...TA-----	-----A-----A-----A-----AA-----A-----	195
09_cpx.GH.96.96GH2911	-----C-----T-----	-----A-----GC-----G-----	59
09_cpx.SN.95.95SN1795	-----T-----	-----T-----A-----CAA-----G-----	59
09_cpx.SN.95.95SN7808	-----G-----T-----	-----A-----AC-----G-----	59
09_cpx.US.99.99DE4057	-----A-----	-----A-----GC-----G-----	53
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	---T...T-----	-----A-----GA-----G-----	227
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	---T...T-----	-----A-----GA-----G-----	225
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	G---T...T-----G-----	-----A-----GA-----CA-----	225
11_cpx.CM.02.02CM.4118STN	-----T-----	-----A-----TC-----G-----	53
11_cpx.CM.96.4496	---T...T-----	-----A-----GA-----GA-----G-----	217
11_cpx.FR.99.MP1298	---A...TT-----A-----A-----	-----C-----A-----GC-----G-----	851
11_cpx.GR.--.GR17	---A...T-----	-----A-----GC-----G-----	165
12_BF.AR.97.A32989	---T-----	-----G-----A-----	415
12_BF.AR.99.ARMA159	-----T-----	-----A-----	868
12_BF.UY.99.URTR23	---C-A...T-----	-----A-----	889
12_BF.UY.99.URTR35	G---A...T-----	-----A-----	868
13_cpx.CM.02.02CM.3226MN	-----T-----	-----A-----A-----A-----	53
13_cpx.CM.96.1849	---TT...T-C-----	-----A-----AA-----	226
13_cpx.CM.96.4164	---TT...T-C-----	-----A-----AA-----	226
14_BG.ES.00.X475	-T-----	-----A-----GC-----	295
14_BG.ES.00.X477	-T-----	-----A-----GC-----	298
14_BG.ES.00.X623	-T-----	-----A-----GC-----G-----	297
14_BG.ES.99.X397	-T-----	-----A-----GC-----	298
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	-----T-----	-----T-----A-----GC-----	74
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	-----T-----	-----T-----A-----TC-----	81
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	-----T-----	-----T-----A-----GC-----	256
15_01B.TH.99.99TH_R2399	-----T-----	-----T-----A-----GC-----	215
16_A2D.KE.00.KISII5009	-----A-----	-----A-----GC-----A-----	53
16_A2D.KR.97.97KR004	G---T...T-----A-----	-----A-----GC-----	215
N.CM.--.YBF106	-----G-----T-----C-----AAAG...TAG-----G-----	-----G-----CA-----A-----A-----GC-----TA	407
N.CM.95.YBF30	-----G-----T-----C-----AAAG...TAG-----G-----	-----G-----CA-----A-----A-----TC-----TA	406
O.BE.87.ANT70	-----G-----T-----C-----ACCTAGGGGAAGGGCGAAGTCTCTAGGG--GA-----T-----T-----G-----G-----CA-----AA-----CA-----G-----GC-----C-----A-----	-----G-----GC-----	900
O.CM.--.96CMABB009	-----A-----G-----T-----C-----ACCTAGGGGAAGGGCGAAGTCTCTAGGG--R-----GA-----T-----G-----G-----CA-----AA-----TA-----G-----GC-----C-----T-----A-----	-----G-----GC-----	333
O.CM.91.MVP5180	-----A-----G-----T-----C-----ACCTAGGGGAAGGGCGAAGTCTCTAGGG--GA-----T-----T-----G-----G-----CA-----A-----TA-----G-----GC-----CG-----A-----	-----G-----GC-----	875
O.SN.99.SEMP1299	-----A-----G-----T-----C-----ACCTAGGGGAAGGGCGAAGTCTCTAGGG--GAG-----T-----G-----G-----CA-----A-----CA-----G-----GC-----C-----A-----	-----G-----GC-----	902
CPZ.CD.--.ANT	C-TTTT...G-----T-GCTA-T-AGC-A...TCCTAGGGGAAGGTCTGAACTCTAGGAAACAG--A-----A-----G-----G-----T-----T-----G-----G-----A-----AGA-----GC-----AC-----GT-----CA-----	-----G-----GC-----	212
CPZ.CM.98.CAM5	---TTTA...T-----C-----T-----G-----ACCTAGGGGAAGGGCGAAGTCTCTAGGG--AGAG-----CG-----A-----CG-----G-----GCT-----G-----A-----	-----G-----GC-----	544
CPZ.GA.--.CPZGAB	-----T-----T-----T-----ACCTAGGGGAAGGGCGAAGTCTCTAGGG--GAGA-----TC-----CA-----A-----C-----G-----G-----	-----G-----GC-----	885
CPZ.US.85.CPZUS	-----C-----A-----T-----G-----ACCTAGGGGAAGGGCGAAGTCTCTAGGG--AGAG-----TC-----G-----CA-----CG-----GCT-----G-----	-----G-----GC-----	890

M G A R A S V L S G G E L D R W E K I R
 \ Gag, Gag-Pol,
 Gag p17 Matrix start



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	GTTAAGGCCAGGGGAAAGAAAAATATAAAATAAACATATAGTATGGGCAAGCAGGGAGCTAGAACGATTTCGAGTTAATCCTGGCCTGTTAGAAACATCAGAAGGCTGTAGACAAATACTGGGACAG	978
A1.KE.00.MSA4069	-----G--G-----T-----A-G--A--T--C--C-----T-----A-----A--CA-----A--AA----	183
A1.KE.94.Q23_17	-----G-A-G-G--C-A-----G-CA--T--C--C-A--T-----G--C--A--CA-----A--A-A-	442
A1.SE.94.SE7253	-----G-A-G-----C-----G--A--T--C--C-A--T-----A--A--CA-----A--A-	185
A1.TZ.97.97TZ02	-----G-A-G-----T-----G--A--T--C--C-A--T-----G-----A--CA-----A--A-	185
A1.UA.00.98UA0116	-----G-A-----CC-----G--A--GC--C-A--TC-----G-----A--CA-----A--A-	986
A1.UG.85.U455	-----C-----G-C-G-----T-----G--AA--A--C--C-----T-----G-----A--CAG-----A	445
A1.UG.92.92UG037	-----G-----C-----G--A--T--C--C-A--T-----A-----A--CA-----A--A--A-	348
A2.CD.97.97CDKS10	0
A2.CD.97.97CDKTB48	-----G-C-G-----T-----G--AA--T--A--C--C--CA--T-----GA-AC--A-----G--T--T--G--A	325
A2.CY.94.94CY017_41	-----G-C-G-----T-G-----G--GAA--T--A--C-----T-----C--G--A-----A-AA-G--	347
B.AR.99.ARMA132	-----C-----C-----C-----C-----G-----	183
B.AU.95.MBCC54	-----C-----C-----C-----C-----G-----	338
B.BO.99.BOL0122	-----C-----C-G-----A-----T-----C-----T-----GG-----A-----	183
B.CN.-.RL42	-----G-----C-----C-----C-----A-----	350
B.ES.89.S61K15	-----G-----T-----C-----A-----A-----A-----	977
B.GA.88.OYI	-----C--C-----T-----A-----T-----	524
B.GB.83.CAM1	-----C-----C-----C-----C-----G-----	980
B.NL.86.3202A21	-----G-----T-----T-----G-----G-----C-----	980
B.TH.90.BK132	-----C-----G-----G-----A-----G-----	329
B.US.83.RF	-----A-----G-----G-----T--T--C--A--T-----G--G--G-----	492
B.US.90.WEAU160	-----T-----C-----C-----C-----	977
C.BR.92.92BR025	-----A-----C--C--TGA-G--CC--C-----G--A--T--C--G-C-----T--G--C--C-----A-----A--AA--	328
C.BW.00.00BW3891_6	-----TGC-----CT-----G--A--T--C--CT-----T--G--T--C-----A-----A--ACA--	354
C.BW.96.96BW0502_6	-----C--T--TGC--G--C-----G--G--T--C--C-----T--G-----A-----A--AA--	465
C.ET.86.ETH2220	-----C--C--TGC--G--CC--C-----A-----G--AA--T--C--C--A--T-----T--C-----A-----A--TAA--	358
C.IL.98.98IS002	A-----A-----A-----CGC--TGC--C-----G--CA--T--C--C--T--T-----A--G--A--A--	324
C.IN.95.95IN21068	-----CGC--TGC--CC-----G--CA--T--C-----T--G--G-----A-----A--AAA--	356
C.IN.99.01IN565_10	-----CGC--TGA--CT-----G--A--T--C--C-----T--G--G-----A-----A--AAA--	359
C.KE.00.KER2010	A-----C--T--GGC--CC-----G--A--T--C--C-----T--G-----A-----A--AAA--	183
C.MM.99.mIDU101_3	-----C--C--TGC--CC-----G--A--T--C--C-----T--G-----A-----A--AAA--	357
C.TZ.97.97TZ04	-----C--C--TGA--CC-----A--G--A--T--C--C--T--T--G-----A-----A--AAA--	185
C.TZ.98.98TZ017	-----A-----GT--GGA--CC-----A--G--CA--T--C--C--T--T--G-----A-----A--AA--	326
C.ZA.01.2134MB	-----G--C--T--TGC--T--G--CT--A-----G--A--T--C--C--CT-----T-----G-----A-----A--AA--	428
C.ZA.97.97ZA003	-----G--C--T--TGC--C-----G--A--T--C--C-----T-----A-----A-----A--C--	327
C.ZM.96.96ZM651	-C-----G--C--TGA--CC-----G--A--T--GC--C-----T-----A-----A--AA--	325
D.CD.83.ELI	-----C-----A-----G--C-----AT--C-----T-----A-----A--A--G--	524
D.CD.83.NDK	-----C-----A-----GC--C-----T--GA-----TA--C-----T--G-----A-----A--A--	522
D.CD.85.Z226	-----C-----A-----G--C-----C-----T--C-----T--G-----A-----A--A--	978
D.CM.01.01CM_0009BBY	-----C-----CGC--GG--GGC-----T--C-----T--G-----G-----A-----A--AA--C--	183
D.KE.01.01KE_NKU3006	-----C-----T--C--G--GC-----T--A-----T--T--G-----C-----A-----A--	183
D.TD.99.MN012	-----C-----G--GGC-----T--C-----T--G-----T-----C--A-----A--T--	196
D.UG.94.94UG114	-----C-----G--GC-----C-----T-----A-----A--AA--	327
D.UG.99.99UGA08483	-----GC-----C--C--G--G--C-----T--C-----T-----A-----A--A--	183
D.UG.99.99UGB21875	-----C-----CC-----C-----AT--C-----T-----G--C-----A-----A--A--	183
F1.BE.93.VI850	-----G-----G--A--G--C--A-----T--C--G-----TC-----CA--A-----A--AA--	333
F1.BR.93.93BR020_1	-----G-----G--C-----C-----T--C--G--A-----TC-----C--A-----A--A--	321
F1.FI.93.FIN9363	-----G-----C-----G--A-----C-----T--A--AG-----TC-----CA--A-----A--C--	319
F1.FR.96.MP411	A-----A--G-----G--A--G--G--C-----T-----T-----G-----A--TC-----C-----A-----A--AA--	189
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----G--A--G-----GGC-----A-----T--C-----T--G--A-----A-----A--A--A--	183
F2.CM.95.MP255	-----A--G-----G--GGC-----C-----A-----T--C-----A-----T-----A-----AGA-----A--A--A--	189
F2.CM.95.MP257	-----G-----G-----GGC--G-----A-----A-----T--C-----T--G--A-----AGA-----A--A--A--	189
F2.CM.97.CM53657	-----G-----G-----GGC--G-----A-----A-----T--C-----T--G--AAG-----A-----A--A--A--	183
G.BE.96.DRCBL	---G-----G-----G--A--G-----T-----G--CA--T--C--C-----T-----G-----T--CA--A-----A--C--	963
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----C--C--G-----C--C--G-----A--G--GA--T--C--C-----A--T-----G-----A-----CAG--GC--A-----	183
G.FI.93.HH8793_12_1	SC-G-C-----G--G--C--G-----C-----A--A--G--GA--T--C--C-----T-----G-----T--CA-----A--A--C--	380
G.NG.92.92NG083	-----G-----G-----C-----A--G--GGA--T--C--C--G--A--T-----G-----T--GTG-----A--AA--	344
G.SE.93.SE6165	---G-----G-----TC-----A-----C-----G--GA--T--C--C-----A--T-----G-----T--CA-----A--A--	381
H.BE.93.VI991	-----G-----G-----GGC-----C--G-----G--A--T--C--C--C--A--T-----G-----T-----CCA-----A-----	364
H.BE.93.VI997	-----G-----G-----GGC-----C-----A-----G--A--T--C--C--C-----T-----T--G-----CT-----A--A--A--	305
H.CF.90.056	-C-----G-----GGC-----C-----T-----G--A--T--C--C--C-----T-----C-----CT--G--A--A--A--	325
J.SE.93.SE7887	---G-----G-----GGA--G--C-----G--CA--T--C--C-----TC--GT--G--A-----CA-----A--T--	301
J.SE.94.SE7022	---G-----C-----GGA-----C-----G--CA--T--C--C-----TC--GT--G--A-----CA-----A--T--	302
K.CD.97.EQTB11C	---C-----C-----GGC-----C-----T-----C--C--AA--T-----G--GT-----C--G-----A--AA--A--	189
K.CM.96.MP535	---C-----C-----C--G-----C-----T-----C--C--C-----T-----G--A-----C--G-----A--AAC--A--	189





B. FR. 83. HXB2	GTTAAGGCCAGGGGAAAGAAAAATATAAATATAACATATAGTATGGGCAAGCAGGAGCTAGAACGATTTCGCAGTTAATCCTGGCCTGTAGAAACATCAGAAGGCTGTAGACAAATACTGGGACAG	978
01_AE.CF.90.90CF4071	-----G-C-G-----CT-----A-----C-----C-----T-----G-----A--CA---T--T-A-AG---	921
01_AE.JP.93.93JP NH1	---C-----GGA-G-----T-----A--T--A-----C-----C-----T-----G-----A--CA---A-A-A---	995
01_AE.TH.90.CM240	---GC-----GA-----GGC-G-----T-----A--T--A-----C-----C-----A--T--T-----G-----A--CA---A-A-A---	543
01_AE.TH.93.93TH9021	---C-----GAATG-AC-T-----A--T--A-----T--A--C-----T-----T-----G-----A--CA---A-A-A---	998
02_AG.CM.02.02CM 1677LE	-----G-C-----C-----G-CA---T--C-----C-----T-----G-----C--A---T--A---A---	183
02_AG.CM.97.97CM MP807	---C-----G-C-----C-----A-G-A-----T--C-----C-----T-----G-----A--CA---G--A---A---	152
02_AG.FR.91.DJ264	-----C-----G-C-----C-----G-A-----C-----C-----T-----G-----A--CA---GT--A--AA---	342
02_AG.NG.-.IBNG	-----G-C-----C-----G-A-----C-----C-----T-----G-----G--A--CA---C--A---A---	518
02_AG.SE.94.SE7812	-----G-C-----C-----A--T-G--A-----C-----C-----T-----G-----A--CA---C--A---A--A	365
03_AB.BY.00.98BY10443	-----A-----CC-----G-A-----GC--C--A--T-----A--CA-----AG---	987
03_AB.RU.97.KAL153 2	-----G-----G-A-----CC-----G-A-----GC--C--A--T-----A--CA-----A---	210
03_AB.RU.98.RU98001	A-----G-A-----CC-----G-A-----GA--C--A--T-----A--CA-----A---	354
04_cpx.CY.94.CY032	-----G-C-G-----C-----A--T-G--A-----C-----C-----T-----G-----A--CA---T--A---A---	344
04_cpx.GR.91.97PVCH	-----G-C-G-----C-----T-G--A-----C-----C-----T-----G-----G--A--CA---T--A---A---	995
04_cpx.GR.97.97PVMY	-----G-----G-A-----C--A-----A--T-G--A-----C-----C-----T-----G-----A--CAG--T--A---A---	998
05_DF.BE.-.VI1310	---C-----A-----G-----G-C-----T-----T-----C-----T-----G-----A-----A-AA-C---	354
05_DF.BE.93.VI961	---C-----A-----G-----G-C-----C-----A-----T-----G-----A-----A-A-C---	330
05_DF.ES.99.X492	---C-----A-----G-----G-C-----C-----T-----C-----T-----G-----A-----A-AA---	328
06_cpx.AU.96.BFP90	---C-----A-G-----CC-----G--A-----A-----C-----T-----G-----A--CA--G--A-A-AG---	1006
06_cpx.ML.95.95ML127	-----G-C-G-----CT-----G--A-----T--C-----C--A--T-----G-----A--CA--G--A--A---	995
06_cpx.ML.95.95ML84	-----G-A-G-----CC-----G--A-----T--C-----C-----T-----C-----A--CA--G--A--A---	215
06_cpx.SN.97.97SE1078	-----G-C-G-----CT-----G-CA-----C-----C-----T-----G-----A--CAG--G--A-A-A---	1022
07_BC.CN.-.CNGL179	-----C-C-----TGC-----CC-----G--A-----T--C-----C-----T-----G-----A--AA---	205
07_BC.CN.97.97CN001	-----C-C-----TGC-----CC-----G--A-----T--C-----C-----T-----G-----A--AA---	325
07_BC.CN.97.CN54	-----C-C-----TGC-----CC-----G--A-----T--C-----C-----T-----G-----A--AA---	183
07_BC.CN.98.98CN009	-----GC-C-----TGC-----CC-----G--A-----T--C-----C-----T-----G-----A--AA---	325
08_BC.CN.97.97CNGX 6F	-----A--C-C-----TGC-----CC-----G--A-----T--C-----C-----T-----G-----AG-----A-AAA---	185
08_BC.CN.97.97CNGX 7F	-----A--C-C-----TGC-----CC-----G--A-----T--C-----C-----T-----G-----AG-----A-AAA---	191
08_BC.CN.97.97CNGX 9F	-----A--C-C-----TGC-----CC-----G--A-----T--C-----C-----T-----G-----AG-----A-AAA---	185
08_BC.CN.98.98CN006	-----C-C-G-----TGC-----CC-----G--A-----T--C-----C-----T-----G-----AG-----A-AAA---	325
09_cpx.GH.96.96GH2911	---A-----G-A-G--G--C-----T-G--A-----G-----A--C-----A--G--G--CA-----T--A---	189
09_cpx.SN.95.95SN1795	-----C-----A-G--G--C-----G--A-----C-----A--T-----G-----G--CA-----A--A---	189
09_cpx.SN.95.95SN7808	-----G-----G-A-G--C-----G--A-----C-----A--T-----A-----G--CA--A-----A---	189
09_cpx.US.99.99DE4057	-----C-----G-A-G--C-----A-----A-----C-----A--T-----G-----G--G--CA-----A---	183
10_CD.TZ.96.96TZ BF061	---C--C-----C-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----A-----A--A---	357
10_CD.TZ.96.96TZ BF071	---C-----G-C-----T-----A-----T-----C-----T-----A-----A--A---	355
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	A---C-----G-C-----T-----A-----T-----C-----T-----A-----A--A---	355
11_cpx.CM.02.02CM 4118STN	-----GT-----GGC-G-----T-G-----G--A-----C-----T-----GG-----A--CA-----A-AG--A	183
11_cpx.CM.96.4496	---G-----G-----GGC-----G-----G--A-----C-----C--A--T-----GAY-----A--CA-----A--A	347
11_cpx.FR.99.MP1298	---G-----C-----GGC-G--G--C-----G--A-----C-----C--A--T-----G-----A--CA-----T-----A	981
11_cpx.GR.-.GR17	-----G-----GGC-----C-----G--A-----C-----C--A--T-----GG-----A--A-----A--A	295
12_BF.AR.97.A32989	---C-----G-----A-----A-----A-----A-----C--A-----A--A-----	545
12_BF.AR.99.ARMA159	---G-----G-----A-----A-----A-----A-----C--A-----TA--A-----	998
12_BF.UY.99.URTR23	-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----C--A-----A--A-----	1019
12_BF.UY.99.URTR35	-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----C--A-----A--A--C-----	998
13_cpx.CM.02.02CM 3226MN	-----C-----A-G-----C-----A--G--GA--T--C-----C-----TC-----G-----T--CA-----A-AA---	183
13_cpx.CM.96.1849	---G-----G-----G--G--A-G--C-----A--G--GA--T--C-----C-----T-----A-----T--CA-----A---	356
13_cpx.CM.96.4164	---G-----G-----G--G--A-G--C-----A--G--GA--T--C-----C-----C-----T-----A-----T--CA-----T--C---	356
14_BG.ES.00.X475	---G-----G-A-R-----T-----G--A-----T--C-----C-----T-----G-----T--CA-----A---	425
14_BG.ES.00.X477	---G-----G-A-G-----T-----G--A-----T--C-----C-----A--T-----A-----T--CA-----A---	428
14_BG.ES.00.X623	---G-----C-----T-----G--TA--T--C--C-----A--T-----G-----T--CA-----A---	427
14_BG.ES.99.X397	---C-G-----G-A-G-----T-----G--A-----T--C-----C-----A--T-----G-----G--T--CA-----A--A---	428
15_01B.TH.02.02TH OUR1331	---C-----GGA-G-----T-----A--T-G--A-----T--C-----C--A--T-----A--CAG-----A-A-A---	204
15_01B.TH.02.02TH OUR1332	---C-----T-----T-----A--T-G--A-----T--A--C--A--T-----G-----A--CA-----A-A-A---	211
15_01B.TH.99.99TH MU2079	---C-----A-----G-----C-----A-----T-G--A-----A--C--A--T-----T-G-----A--CA-----A--A---	386
15_01B.TH.99.99TH_R2399	---C-----A-----T-----GGA-----T-----A--T--A-----C-----C-----T-----G-----A--CA-----A-A-A---	345
16_A2D.KE.00.KISII5009	---C-----A-----G-C-----C-----C--T-----T-----C-----T-----A-G--G-----A--A--A---	183
16_A2D.KR.97.97KR004	---C-----A-----G-C-----C-----C--T-----A-----C-----T-----A--G-----A--A--A---	345
N.CM.-.YBF106	T--G-----C-G--G-----T-----G--A-----TTG--C--A--T--CA--G--C--G--GA--T-----GCC--GT--A-AAAC--A	537
N.CM.95.YBF30	T--G--A-----C-G-A-G-----T-----G--A-----TTG--C--A--T--CA--G--C--G--G--C-----GCCA--GT--AAAT--A	536
O.BE.87.ANT70	---A-----ATCT--A--G-----G-C-----CT-----A-----G--A-----TG-----AG--AC-----TG-----G--TAA--GAGA--GC--G--ACAG---	1030
O.CM.-.96CMABB009	---A-----ATCT--A--GC--C-----G-C-----T-----A-----G--CA-----TG-----AG--A-----TG-----G--AA--GAG--GC--GT--ACAG---	463
O.CM.91.MVP5180	---A-----ATCT--A--GGC-----GGC-----T-----A-----G--A-----TG-----T--A-----TG-----TAC--GAG--C--G--ACAG---	1005
O.SN.99.SEMP1299	---A-----AT--T--A--G-----C-G--C-----T-----G--CA-----A-----TG-----AG--AC-----TG-----G--AA--GAGA--C--GT--ACAG---	1032
CPZ.CD.-.ANT	---C--TC---C--T--C-----G--C--TGA-----C--G--T-----ATC-----GC--G--T--T--GC--C--GCT--CTC---TC-----T--GA--A--GGCTA--CCAT--A	342
CPZ.CM.98.CAM5	---C---M-----A-----TGA--G-----T-----G--A-----T--TTG--C-----T--AA--G--G-----G--T-----A--GA--A--TC-----AAA---	674
CPZ.GA.-.CPZGAB	---C--T---C-----GA-----G-----TGA--G-----T-----G--A-----TG--G--C--C--G--AA--G-----GTAAG-----A-----CTA--T--GT--ACA--A	1015
CPZ.US.85.CPZUS	---C--T--A--T-----G-----TGA--G-----T-----T-----G--A-----T--TTG--C--A--T--AA--G-----G-----C-----CTC--T--T--AAA---	1020
Gag p17	L R P G G K K K Y K L K H I V W A S R E L E R F A V N P G L L E T S E G C R O I L G Q	Gag



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	CTACAACCATCCCTTCAGACAGGATCAGAAGAAGCTTAGATCATTATATAATACAGTAGCAACCCCTCTATTGTGTGCATCAAAGGATAGAGATAAAAGACACCAAGGAAGCTTTAGACAAGATAGAGGAAG	1108
A1. KE. 00. MSA4069	T---G---T---CAC---GA---G---GT---A---C-A---TG---C---T---A---A	313
A1. KE. 94. Q23_17	T---G---G-T---CA---A---A-A-A---T---T---GT---A---C---TG---C---T---A---A	572
A1. SE. 94. SE7253	T---T---G-T---CA---A---T---GT---C---A---C---TG---C---T---A---A	315
A1. TZ. 97. 97TZ02	T---T---G-T---CA---A---T---GT---C---A---C---TG---T---C---T---A---GA	315
A1. UA. 00. 98UA0116	T---A---T---CA---G---A---T---A---C---TG---G---T---A---GA	1116
A1. UG. 85. U455	T---G---T---C---A---G---GT---A---C---TG---A---T---A---A	575
A1. UG. 92. 92UG037	T---T---G-T---CAGA---A---GT---C---A---C---G---C---T---A---GA	478
A2. CD. 97. 97CDKS10	0
A2. CD. 97. 97CDKTB48	T---G---T---CG---A---A---GT---C---T---T---A---G---C---T---A---A	455
A2. CY. 94. 94CY017_41	T---G---T---C---A---A---T---GT---C---G---A---G---TG---C---T---A---A	477
B. AR. 99. ARMA132	---G---A---G---A---GT---A---G---A---G---	313
B. AU. 95. MBCC54	T---G---G---GT---G---G---	468
B. BO. 99. BOL0122	---G---A---GT---T---A---G---	313
B. CN. -. RL42	---G---TC---T---A---G---	480
B. ES. 89. S61K15	---A---A---T---A---TG---T---	1107
B. GA. 88. OYI	---A---A---T---T---A---G---	654
B. GB. 83. CAM1	---G---A---A---TG---C---G---A---	1110
B. NL. 86. 3202A21	---G---T---GT---A---G---	1110
B. TH. 90. BK132	---AG---A---GT---A---A---G---	459
B. US. 83. RF	---G---A---G---AT---G---G---	622
B. US. 90. WEAU160	T---G---TGT---A---G---T---	1107
C. BR. 92. 92BR025	---G---T---A---A---G---T---C---G---T---T---A---G---A---TG---CG---C---A---A---	458
C. BW. 00. 00BW3891_6	---G---T---A---A---G---G---C---G---T---C---A---A---C---AC---CGG---T---C---G---	484
C. BW. 96. 96BW0502	---G---A---A---A---G---G---C---C---T---C---A---GC---G---G---G---C---A---	595
C. ET. 86. ETH2220	---G---T---A---A---G---A---T---G---T---A---A---G---A---C---C---T---	488
C. IL. 98. 98IS002	---G---T---A---A---A---GA---A---T---C---T---A---CA---G---AC---G---G---CC---T---	454
C. IN. 95. 95IN21068	---G---T---A---G---G---TC---C---T---A---GC---G---AG---CG---A---C---A---	486
C. IN. 99. 01IN565_10	---T---G---T---A---G---G---C---C---T---T---A---GC---GAT---G---CG---T---C---	489
C. KE. 00. KER2010	---G---T---A---G---C---C---T---T---A---A---T---A---AG---CG---C---	313
C. MM. 99. mIDU101_3	---G---T---A---A---TC---C---T---A---TC---G---AG---CG---A---C---	487
C. TZ. 97. 97TZ04	---C---G---T---C---A---G---A---TC---C---T---A---GC---AA---G---CG---C---T---	315
C. TZ. 98. 98TZ017	---C---G---T---C---A---G---A---C---C---T---A---G---A---G---CG---C---	456
C. ZA. 01. 2134MB	---G---T---A---A---G---A---C---C---T---T---A---G---AA---AG---CG---C---	558
C. ZA. 97. 97ZA003	T---G---T---A---GA---C---C---T---T---A---G---A---G---CG---C---	457
C. ZM. 96. 96ZM651	---G---T---A---G---G---C---C---T---T---A---G---G---G---G---CG---C---G---	455
D. CD. 83. ELI	---G---TA---A---A---G---A---TG---A---G---A---TG---A---A---G---	654
D. CD. 83. NDK	---TA---A---A---A---G---A---G---A---G---A---G---A---G---	652
D. CD. 85. Z226	---G---TA---C---G---T---A---A---G---A---G---A---G---A---G---	1108
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	T---G---G---T---A---G---T---A---A---A---C---A---G---A---A---T---	313
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	---G---TA---A---G---G---A---A---A---A---G---A---C---G---GC---A---T---	313
D. TD. 99. MN012	---G---TA---GA---T---A---A---T---A---A---G---G---G---T---A---T---C---	326
D. UG. 94. 94UG114	---TA---G---A---A---G---T---A---A---G---G---A---G---GC---AG---	457
D. UG. 99. 99UGA08483	---G---TA---A---G---A---A---G---A---G---A---G---GC---A---C---	313
D. UG. 99. 99UGB21875	---G---TA---C---G---C---A---C---G---A---A---A---A---C---G---GCG---	313
F1. BE. 93. VI850	---G---AG---T---GT---A---A---GC---G---G---C---	463
F1. BR. 93. 93BR020_1	T---G---C---A---A---GT---A---A---A---G---G---G---G---C---	451
F1. FI. 93. FIN9363	A---G---A---G---C---A---GT---T---A---A---G---G---T---C---C---	449
F1. FR. 96. MP411	---G---G---TC---GTT---A---A---A---G---G---G---T---G---G---	319
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	---T---GA---A---C---GT---A---A---A---C---A---G---T---C---C---	313
F2. CM. 95. MP255	T---T---G---A---C---C---G---T---GTT---A---A---A---TG---G---T---C---C---	319
F2. CM. 95. MP257	---G---G---G---A---T---C---A---T---GTT---A---A---A---G---G---T---C---C---	319
F2. CM. 97. CM53657	---G---A---TC---C---A---T---GT---A---A---A---A---GG---T---C---C---	313
G. BE. 96. DRCBL	T---G---G---T---C---A---A---G---GA---C---T---A---A---A---G---G---A---G---C---GG---AG---G---AA---GA	1093
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	A---G---T---C---A---G---GA---CT---C---GT---A---A---A---G---A---C---GG---AG---G---AA---GA	313
G. FI. 93. HH8793_12_1	T---G---G---TA---C---M---A---G---GA---A---T---A---A---CC---A---G---G---A---C---GG---AG---AA---GA	510
G. NG. 92. 92NG083	T---G---G---T---CT---A---G---A---T---C---A---A---A---G---A---A---CC---GG---AG---G---AA---GA	474
G. SE. 93. SE6165	T---G---T---C---A---G---A---A---G---A---A---G---A---A---C---AG---AG---G---AA---GA	511
H. BE. 93. VI991	---G---G---T---A---A---C---CA---A---GT---C---A---A---A---TG---G---GG---A	494
H. BE. 93. VI997	---GG---TA---A---A---CW---T---C---G---C---A---T---A---A---GG---A	435
H. CF. 90. 056	A---G---G---TA---A---A---A---T---CT---GT---C---A---G---AA---TG---G---G---T---A	455
J. SE. 93. SE7887	---C---G---T---C---A---C---A---A---G---C---A---G---A---T---G---G---A	431
J. SE. 94. SE7022	---C---G---T---A---A---A---A---C---A---G---A---G---T---G---G---A	432
K. CD. 97. EQTB11C	---A---C---G---G---G---C---T---C---G---GG---C---AC---	319
K. CM. 96. MP535	A---G---A---A---GA---A---C---A---GT---T---A---A---G---C---AC---	319



B. FR. 83. HXB2

01_AE.CF.90.90CF4071
 01_AE.JP.93.93JP_NH1
 01_AE.TH.90.CM240
 01_AE.TH.93.93TH9021
 02_AG.CM.02.02CM_1677LE
 02_AG.CM.97.97CM_MP807
 02_AG.FR.91.DJ264
 02_AG.NG.-.IBNG
 02_AG.SE.94.SE7812
 03_AB.BY.00.98BY10443
 03_AB.RU.97.KAL153_2
 03_AB.RU.98.RU98001
 04_cpx.CY.94.CY032
 04_cpx.GR.91.97PVCH
 04_cpx.GR.97.97PVMY
 05_DF.BE.-.VI1310
 05_DF.BE.93.VI961
 05_DF.ES.99.X492
 06_cpx.AU.96.BFP90
 06_cpx.ML.95.95ML127
 06_cpx.ML.95.95ML84
 06_cpx.SN.97.97SE1078
 07_BC.CN.-.CNGL179
 07_BC.CN.97.97CN001
 07_BC.CN.97.CN54
 07_BC.CN.98.98CN009
 08_BC.CN.97.97CNGX_6F
 08_BC.CN.97.97CNGX_7F
 08_BC.CN.97.97CNGX_9F
 08_BC.CN.98.98CN006
 09_cpx.GH.96.96GH2911
 09_cpx.SN.95.95SN1795
 09_cpx.SN.95.95SN7808
 09_cpx.US.99.99DE4057
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF071
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF110
 11_cpx.CM.02.02CM_4118STN
 11_cpx.CM.96.4496
 11_cpx.FR.99.MP1298
 11_cpx.GR.-.GR17
 12_BF.AR.97.A32989
 12_BF.AR.99.ARMA159
 12_BF.UY.99.URTR23
 12_BF.UY.99.URTR35
 13_cpx.CM.02.02CM_3226MN
 13_cpx.CM.96.1849
 13_cpx.CM.96.4164
 14_BG.ES.00.X475
 14_BG.ES.00.X477
 14_BG.ES.00.X623
 14_BG.ES.99.X397
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1331
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1332
 15_01B.TH.99.99TH_MU2079
 15_01B.TH.99.99TH_R2399
 16_A2D.KE.00.KISII5009
 16_A2D.KR.97.97KR004
 N.CM.-.YBF106
 N.CM.95.YBF30
 O.BE.87.ANT70
 O.CM.-.96CMABB009
 O.CM.91.MVP5180
 O.SN.99.SEMP1299
 CPZ.CD.-.ANT
 CPZ.CM.98.CAM5
 CPZ.GA.-.CPZGAB
 CPZ.US.85.CPZUS
 Gag p17

CTACAACCATCCCTTCAGACAGGATCAGAAGAAGCTTAGATCATTATATAATACAGTAGCAACCCCTCTATTGTGTGCATCAAAGGATAGAGATAAAAAGACACCAAGGAAGCTTTAGACAAAGATAGAGGAAG
 --C--T-A-T-CA-----A-----T-----A-----T-----GG-C-A-----A-TG--C-----T-A-----A
 T---GT-A-T-CA-----A-----T-----GG-C-A-C-----TG-----T-A-----A
 T---GT-A-T-CA-----T-----G-----A-----T-----GG-C-A-C-----G-----T-A-----A
 T---GT-A-T-CA-----G-----A-----T-----GG-C-A-C-----G-----G-----T-A-----A
 T---T-A-T-CA-----A-----A-----T-----A-----T-----GG-C-A-----C-----A-----C-----T-AT-----A
 T---G--A-T-CA-----GT--A-----T-----A-----GT-----T-----T-----C-----T-A-----A
 T---T-G-T-CGG-----A-----A-----T-----GG-C-A-----C-----C-----T-A-----A
 T---T-G-T-CAG-----A-----T-----A-----T-----GG-C-A-----C-----C-----T-A-G-----A
 T---T-A-T-CAG-----A-----C-----T-----CA-T-CAG-T-GG-C-A-----C-----A-----C-----T-AG-----G
 T---T-A-T-CA-----A-----A-----C-----A-----A-----T-----T-A-----A
 T---A-T-CA-----A-----A-----C-----A-----A-----T-----T-A-----A
 T---A-T-CA-----A-----A-----AG-C-----A-----A-----T-----T-A-----A
 T---T-A-T-CA-A-----TA-A-----GG-C-A-----A-----TG-C-----T-A-----A
 T---A-T-CAGA-----G-----A-----T-----TT-----GG-----C-A-----TG-----T-AG-----A
 T---T-A-T-CA-A-----G-----A-----G-----T-----TT-A-----GG-C-A-----A-----AG-----C-----T-AG-----A
 T---G-TA-----A-----A-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----A
 T---G-TA-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----A-----G-----A
 T---T-A-T-CA-----A-----A-----T-----A-----A-AG-C-----CA-----T-A-----A
 T---T-G-T-CAG-----A-----A-----A-----A-AG-C-----T-----T-A-----A
 T---T-A-T-CAG-----G-----A-----C-----T-----A-----A-AG-C-----C-C-T-----A
 T---T-G-T-CA-----G-----G-----T-----C-----T-----A-----A-AG-C-G-----G-----T-AG-----A
 T---G-T-----A-----G-----TC-C-----T-----A-----AC-GA-----TG-CG-----A-----C-----335
 T---G-T-----A-----G-----TC-C-----T-----A-----AC-GA-----TG-CG-----A-----C-----455
 T---T-G-T-----A-----G-----TC-C-----T-----A-----AC-GA-----TG-CG-----GA-----C-----313
 T---G-T-----A-----G-----TC-C-----T-----A-----AC-GA-----TG-CG-----A-----C-----455
 T---G-T-----A-----G-----TC-C-----T-----A-----G-----GA-----AG-CG-----A-----C-----315
 T---G-T-----A-----G-----TC-C-----T-----A-----G-----GA-----AG-CG-----A-----C-----321
 T---G-T-----A-----G-----TC-C-----T-----A-----G-----GA-----AG-CG-----A-----C-----315
 T---G-T-----A-----G-----TC-C-----T-----A-----GC-GA-----AG-CG-----A-----C-----455
 T---G-----T-----AG-----A-----A-----G-----G-----G-----T-----A-----A
 T-G-----G-T-CAG-----C-A-----G-----A-----A-----TG-----G-----T-----A-----A
 T-----G-T-CAG-G-----A-----G-----T-----T-----GG-----A-----G-----TG-----G-----T-----AT-----A
 T-----G-T-CA-----A-----A-----T-----T-----A-----A-----TG-----G-----T-----A-----A
 T-----G-TA-----G-----A-----A-----A-----G-----A-----G-----GC-----G-----G-----G-----A
 T-----G-TA-----G-----A-----A-----A-----G-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A
 T-----TA-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----C-----A-----G-----C-----G-----A
 T-----G-T-CGG-----A-----A-----G-----GTT-----A-----C-----G-----T-----A-----A
 T-----G-T-CGG-----A-----A-----R-----C-----A-----GCC-----G-GC-----G-----T-----A-----GA
 T-----G-T-GG-----GA-----C-----C-----A-----TC-----G-----G-----G-----C-----T-----A-----A
 T-----G-T-CGG-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----AG-----A
 T-----G-----G-----A-----A-----T-----A-----T-GT-----T-----A-----G-----A-----G-----T-----C-----675
 T-----G-----T-----T-----A-----G-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----1128
 T-----G-----G-----A-----GT-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----T-----C-----1149
 T-----G-----G-----A-----T-----A-----GT-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----T-----C-----1128
 T-G-----TA-C-----G-----G-----A-----C-----GG-----A-----A-----G-----G-----A-----C-----GGCAG-----A-G-----313
 T-G-----T-C-----G-----G-----A-----A-----C-----G-----G-----A-----C-----GG-AG-G-----AA-G-----486
 T-G-----T-C-----G-----G-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----C-----GG-AG-----A-G-----486
 T-G-----G-T-C-----A-----G-----GA-----T-----A-----A-----A-----G-----A-----CC-----GG-AG-G-----AA-G-----555
 T-----G-T-CM-----A-----G-----GA-----T-----A-----A-----A-----G-----A-----C-----GG-AG-G-----AA-G-----558
 T-G-----G-T-CA-----A-----G-----GA-----T-----A-----A-----A-----G-----A-----C-----GG-AG-G-----AA-G-----557
 T-G-----G-T-C-----A-----G-----GA-----T-----A-----A-----A-----TG-----A-----C-----GG-AG-G-----AA-G-----558
 T---GT-AAT-CA-----A-----A-----T-----T-----GG-----A-----C-----G-----A-----G-----TCCA-G-----334
 T---GT-A-T-CA-----A-----A-----GG-----A-----C-----G-----A-----G-----C-----T-----AT-----341
 T---GT-A-T-CA-----A-----A-----GG-C-A-AA-C-----G-----T-----T-----T-----A-----516
 T---G-ATG-CA-----G-----T-----C-----A-----T-----GG-C-A-C-----G-----T-----AT-----475
 T-----TA-A-----C-A-----T-----A-----A-----TG-----A-----C-----T-A-----A-----313
 T---G-----TA-A-----A-----AG-----G-T-----G-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----AT-----475
 T-G-----G-T-CA-----G-----G-----GC-C-T-G-W-----C-CC-G-----GTT-T-----C-----AGT-AC-----CC-G-C-CA-T-AC-A-G-----A-A-GA
 T-G-----G-T-CA-----G-----G-----GC-C-T-----CG-TC-----GTT-T-----C-----AGT-----C-CA-----AC-----A-A-GA
 T-G-G-----G-T-CA-----G-----CAGC-----GCAG-----C-C-GG-----CG-A-----T-GTG-----GG-----T-CA-C-ATATA-A-TGG-----T-GC-C-G-AA-C-A-----T-A-----1160
 T-G-G-----G-T-CA-A-----G-----CAGC-----GCA-----C-C-GG-----C-A-----GTA-----GG-----T-CA-C-ATACA-AG-TG-----AC-C-G-AA-C-A-----AC-TA-----593
 T-G-G-----G-T-CA-----G-----G-C-G-A-----TC-C-GG-----CG-A-----GTA-----GG-C-T-CA-C-AT-T-C-CCG-----T-AC-C-G-AA-C-A-----T-A-----1135
 T-G-G-----G-T-CA-----G-----AGC-----GCAG-----C-C-GG-----C-TA-----GTG-----GG-----T-CA-C-A-TA-AG-TG-----T-GC-C-G-AA-C-G-AC-A-----1162
 T-GAGC-T-A-AG-A-T-A-----CCCT-----A-A-T-----T-G-T-----C-CA-TTGTGTT-G-GG-C-A-----A-G-GA-A-----AG-AC-----C...TT-A-C-T-A-A
 T-G-----G-T-CAG-----G-GCT-GC-----GC-----T-----C-TC-----GGTA-T-GG-----T-----A-G-A-----CC-AG-G-G-----AC-C-----C-TCA-AC-GA-A-----804
 T-G-----G-T-CA-----C-----G-----GC-G-C-G-T-----C-TC-G-----GTA-G-GG-CA-A-----AGTGAC-----CACTG-G-----AC-A-----C-----AC-C-A-----1141
 T-G-----G-T-AA-A-----G-----G-----GC-C-T-----C-CT-----GGT-----T-GG-----C-CAGT-----G-GACAG-GG-G-----T-GC-C-G-C-----TG-AC-GA-A-----G
 L O P S L O T G S E E L R S L Y N T V A T L Y C V H Q R I E I K D T K E A L D K I E E Gag

1108
1051
1125
673
1128
313
282
472
648
495
1117
340
484
474
1125
1128
484
460
458
1136
1125
345
1152
335
455
313
455
315
321
315
455
319
319
319
313
487
485
485
313
477
1111
425
675
1128
1149
1128
313
486
486
555
558
557
558
334
341
516
475
313
475
667
666
1160
593
1135
1162
469
804
1141
1150
Gag



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	AGCAAAACAAA...AGTAAG...AAAAAA...GCACAGCAAGCAGCAGCT...GACACAGGA	1158
A1. KE. 00. MSA4069	T-----T-G...-CC--...C-G-G...A--A-G-----	363
A1. KE. 94. Q23_17	TAA---T-G...-C---...C-G...A--A-G-----	622
A1. SE. 94. SE7253	TA---G-G...-C---...C-G...A-----	365
A1. TZ. 97. 97TZ02	TA---T-G...-C---...C-----G-----	359
A1. UA. 00. 98UA0116	TA---TG-G...-AC---...C--GG...A-C-A-G...A-	1163
A1. UG. 85. U455	T---T-G...-AC---...C--GG...A--G-----A-	625
A1. UG. 92. 92UG037	TA---G---...-C---...C--G...A--G-----	528
A2. CD. 97. 97CDKS10	-----T-C---...C-G-G...A--G-----	0
A2. CD. 97. 97CDKTB48	-A-----G...-C-G...A--T-----G	505
A2. CY. 94. 94CY017_41	-----G-----G...A-----	521
B. AR. 99. ARMA132	-----G-----G...A-----	363
B. AU. 95. MBCC54	-----G-----G...A-----	518
B. BO. 99. BOL0122	-----G-----G...A-----	369
B. CN. -. RL42	-----G-----G...A-----	530
B. ES. 89. S61K15	-----G-----G...A-----	1157
B. GA. 88. OYI	-----G-----G...A-----	704
B. GB. 83. CAM1	-----G-----G...A-----	1160
B. NL. 86. 3202A21	-----G-----G...A-----	1160
B. TH. 90. BK132	-A-----G-----G...A--A-	509
B. US. 83. RF	-----G-----G...A-----	672
B. US. 90. WEAU160	-----C---...C--G...A-----	1157
C. BR. 92. 92BR025	-A-----C---...C--G...A-----GCT--A-	511
C. BW. 00. 00BW3891_6	-A-----G---...T-CC--...C--ACACAGCAG...CAAAAAA...G-T-A--G...GCT--	549
C. BW. 96. 96BW0502	-A-----C---...C-G...A-----G--AA-AG...GCT--G	645
C. ET. 86. ETH2220	-A-----G---...-C---...C--G...A-----G--A...GCT--G	541
C. IL. 98. 98IS002	-A-G-----C---...C--G...A-----G--AA--G...GCT--A-	504
C. IN. 95. 95IN21068	-A-----T---...C--G...A-----G--AA-AG...GAT--G	536
C. IN. 99. 01IN5655_10	-A-----T-C---...C--G...A-----A--G--AA-GG...GCT--GAAAGTCAGTCAAAAAGGGCTGACGGG	566
C. KE. 00. KER2010	-A-----C---...C--G...A-----G-G-AA--G...GCT--T	363
C. MM. 99. mIDU101_3	-A-----T---...C--G...A-----G--AA-AG...GCT--G	536
C. TZ. 97. 97TZ04	-A-----C---...C--G...A-----G--A--G...GCT--G	365
C. TZ. 98. 98TZ017	-A-G--T---...T-C-A...C--AGTCAG...CAAAAAA...G--A--G...GCT--G	518
C. ZA. 01. 2134MB	-A-----C---...C--G...A-----G--G...GCT--	602
C. ZA. 97. 97ZA003	-A-----G---...T-C---...C--G...A-----G--G...GCT--	501
C. ZM. 96. 96ZM651	-A-----T-C---...C--G...A-----AT---AA-A-CAG...CAAGCGGCT	511
D. CD. 83. ELI	-----G-----G...A-----	704
D. CD. 83. NDK	-A-----G-----G...A-----T-----	696
D. CD. 85. Z226	-A-----AAC--G-----G...A-----G--G	1161
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	-A-G-----G-----G...A-----A--A	351
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	-A--C-----G-----G...A-----A--AA	363
D. TD. 99. MN012	-----G-----G...A-----	376
D. UG. 94. 94UG114	-A--GC-----G-----G...A-----A--	507
D. UG. 99. 99UGA08483	-A--GT-----C-----G...A-----G-GAA	363
D. UG. 99. 99UGB21875	-A--C-----G-----G...A-----A--	363
F1. BE. 93. VI850	-A-----C---...C--G...A-----G--G--A--G	513
F1. BR. 93. 93BR020_1	-A-----G-CG--...C--G...A-----G--GA-T--A--G	501
F1. FI. 93. FIN9363	-A-----C---...C--G...A-----G--G--GCAGCT--A--G	505
F1. FR. 96. MP411	-A-----G-C---...C--G...A-----G--G--A--	369
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	-A--G-G---...TA-C---...C--G...A-----A--C--G--T--A--G	363
F2. CM. 95. MP255	-A--G-T---...C---...C--G...A-----A--AAG-G--A--AG	369
F2. CM. 95. MP257	-A--G---...CA-C---...C--G...A-----A--A--A--G--A--G	369
F2. CM. 97. CM53657	-A--G---...C---...C--G...A-----A--A--C--G--A--G	363
G. BE. 96. DRCBL	TA---G-G...-C---...C--G...A-----G--GA-AAC	1122
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	TA---G-G...-CC--...C--G...AT---G---AGG...--TGA--	363
G. FI. 93. HH8793_12_1	TA---G---...-C---...C--G...AT---G---AGG...--TGA--	560
G. NG. 92. 92NG083	TA---G-C...-C---...C--G...AT---G---AAG...A-TGA--	524
G. SE. 93. SE6165	TA---G---...C---...C--G...AT---G---ATG...T-A--	561
H. BE. 93. VI991	TA--G--T-G...-AC---...C--G...A-----G--CC---A...GCAGCT--T-A--A	550
H. BE. 93. VI997	TA-----G-C...-C---...C--G...A-----A--A--A--A--T-AG-A	485
H. CF. 90. 056	TA-----C---...C--G...A-----A--A--A--A--T-AG-A	505
J. SE. 93. SE7887	TT-----G...-AC-A...C-GC-G...A-----A--A--A--A--A--A	481
J. SE. 94. SE7022	TT-----G...-AC-A...C-GC-G...A-----A--A--A--A--A--A	482
K. CD. 97. EQTB11C	-A-----G---...C-C---...C--G...A-----G--AA--A--G	369
K. CM. 96. MP535	-A-----C---...CG--G...A-----A--A--A--A--G	369



B.FR.83.HXB2	AGCAAAACAAA...AGTAAG...AAAAA.....GCACAGCAAGCAGCAGCT.....GACACAGGA.....	1158
01_AE.CF.90.90CF4071	TA----T--G...-AC--..C---G.....A-----G-----A-----	1101
01_AE.JP.93.93JP_NH1	TA----T--G...-CC--..C---G.....A-----G-----A-----	1175
01_AE.TH.90.CM240	TA----T--G...-CC--..CG---G.....A-----G-----A-----	723
01_AE.TH.93.93TH9021	CA----A-GG...-CC--..C---G.....A-----G-----A-----	1178
02_AG.CM.02.02CM_1677LE	TA----CT--G...-C-A..C---G.....A-----G-----A-----	363
02_AG.CM.97.97CM_MP807	T-----T--G...-C---..C---G.....T-----G-----C-----	332
02_AG.FR.91.DJ264	TA----T--G...-C---..C---G.....A-----G-----AG---	522
02_AG.NG.-.IBNG	TA----T--G...-C---..C---G.....T-----GA-----C-----	698
02_AG.SE.94.SE7812	TA----G--G...-C---..C---G.....A-----G-----A-----	545
03_AB.BY.00.98BY10443	TA----T--G...-C---..C---G.....A-C---G-----A-----	1167
03_AB.RU.97.KAL153_2	TA----T--G...-C---..C---G.....A-C-A-G-----A-----	390
03_AB.RU.98.RU9800I	TA----T--G...-C---..C---G.....A-C-A-G-----A-----	534
04_cpx.CY.94.CY032	TA----GT--G...-C---..C---G.....A-----G-----A-----	524
04_cpx.GR.91.97PVCH	T-----G--G...-C---..C---G.....A-----G-----A-----	1175
04_cpx.GR.97.97PVMY	T-----T--G...-C---..C---G.....A-----G-----A-----	1172
05_DF.BE.-.VI1310	-----AAGA-----G.....A-----G-----G-----	537
05_DF.BE.93.VI961	-A-----AAGT-----GG.....A-----G-----AAG	513
05_DF.ES.99.X492	-A-----AAGT-----G.....A-----G-----A-G	511
06_cpx.AU.96.BFP90	TA----G--G...-C---..C---G.....T-----G-----A-----	1183
06_cpx.ML.95.95ML127	TA----T--G...-C---..C---G.....A-----G-----A-----	1175
06_cpx.ML.95.95ML84	TA----T--G...-C-A..C---G.....T-----G-----A-----	395
06_cpx.SN.97.97SE1078	TA----T--G...-C---..C---G.....A-G---GA-A---A-----	1202
07_BC.CN.-.CNGL179	-A-----ATTGAGC-A...-C---..CAG--GC-AAG-AG---	385
07_BC.CN.97.97CN001	-A-----ATTGAGC-A...-C---..CAG--GC-AAG-AG---	505
07_BC.CN.97.CN54	-A-----ATTGAGC-A...-C---..CAG--GC-AAG-AG---	363
07_BC.CN.98.98CN009	-A-----ATTGAGC-A...-C---..CAG--GC-AAG-AG---	505
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	-A-----T---ATTGAGC-A...-CG...CAG--GC-AA-AA---	365
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	-A-----T---ATTGAGC-A...-C---..CAG--GC-AA-AA---	371
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	-A-----T---ATTGAGC-A...-C---..CAG--GC-AA-AA---	365
08_BC.CN.98.98CN006	-A-----T---ATTGAGC-A...-C-CAGCAA...AAAACACAG--GC-AA-AG---	517
09_cpx.GH.96.96GH2911	TA----GGT--G...-C---..C---G.....A-----G---A-----	369
09_cpx.SN.95.95SN1795	TA----G--G...-C---..C---G.....A---A-G-----A-----	369
09_cpx.SN.95.95SN7808	TA----T--G...-C---..C-G-C.....A-----G-----A-----	369
09_cpx.US.99.99DE4057	TA----T--G...-C---..C---G.....A---A-CA-----A-----	363
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	-A---C-----G.....A-----A-----	537
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	-A---C-----G.....A-----A-----	535
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	-A---C-----G.....A-----A-----	535
11_cpx.CM.02.02CM_4118STN	TA----T--G...-C---..C---G.....AA---G---A-----	363
11_cpx.CM.96.4496	TA----Y--G...-CM--..C---G.....AA---G---A-----	527
11_cpx.FR.99.MP1298	TC----T--G...-C---..C---G.....AA---A-G-----G-----	1161
11_cpx.GR.-.GR17	TA----T--G...-C---..C---G.....AA---G-----T-----	469
12_BF.AR.97.A32989	-A-----C---..C---G.....A-----G-----A---G	725
12_BF.AR.99.ARMA159	-A-----C---..C---G.....A-----G-----A---G	1178
12_BF.UY.99.URTR23	-A-----C---..C---G.....A-----G-----A---G	1199
12_BF.UY.99.URTR35	-A-----C---..C---G.....A-----G-----A---G	1178
13_cpx.CM.02.02CM_3226MN	CA----G--C...-C---..C---G.....A-----G---AGA-----	363
13_cpx.CM.96.1849	TA----T-GC...-CC--..C---G.....A-----G---AAG-----	536
13_cpx.CM.96.4164	CA-G---G--C...-C---..C---G.....A-----G---AGG.....	536
14_BG.ES.00.X475	CA--G--G---..C---..C---G.....A-----G---ATG.....	602
14_BG.ES.00.X477	CA--G--G---..C---..C---G.....A-----G---ATG.....	605
14_BG.ES.00.X623	CA--G--G---..C---..C---G.....A-----G---A-ATG.....	604
14_BG.ES.99.X397	CA--G--G---..C---..C---G.....A-----G---ATG.....	605
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	TA----G--G...-C---..C---G.....A-----G-----G-----	384
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	TA----C-G-G...-C---..C---G.....A-----G-----G-----	391
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	TA----T--G...-ACC-A..C---G.....A-----G-----G-----	566
15_01B.TH.99.99TH_R2399	TA----G--G...-CC--..C---G.....A-----G-----G-----	525
16_A2D.KE.00.KISII5009	-A-----G...T-C---..C-G-G.....A-----G-----G-----	363
16_A2D.KR.97.97KR004	-A-----CAC-----C-G-G.....A-----CT-----	525
N.CM.-.YBF106	-A--GG-AC-G...CAC---..TCCG-G.....C-A-A-C---A---A-----	723
N.CM.95.YBF30	-A--GG-AC-G...CAC---..CCCG-GCCA.....AA-A-C-C-A---GG.....	722
O.BE.87.ANT70	TAATGGGG-GC...-G---..TCTGCGGAC.....GCC-TA-G---ACA---	1213
O.CM.-.96CMABB009	TAATG-GA-C...-G---..TCTGC-AAT.....G---ACA---	637
O.CM.91.MVP5180	TAATGGCA-GC...-G---..TCT.....-G-GCC--TAAG-AA---	1188
O.SN.99.SEMP1299	TAATGGGG-GC...-G---..TCTGC-GGT.....ACC-TA-G---ACA---	1215
CPZ.CD.-.ANT	T-A--GTA-TG...CAG-CA...C--GC-GAA.....AC--G-AGTAGC.....	554
CPZ.CM.98.CAM5	CAGTTGC-GCC...CAAG-A...C-GG--GTG.....-C-A-CGCAGCA-CAG.....	857
CPZ.GA.-.CPZGABC-GC-TCATGG-G--CAACAGAGCAAAACT...GAAAGTA-CTC--G-AGCCG-GAAGGGGGAGCCAGTC-AGGC-CTAGTGCC	1222
CPZ.US.85.CPZUS	TAGTGC-G.....TTGC-G---CAACAG.....GAA-A-A-AG--CA-CAGCAA...C-GGAG-C-AGT.....	1206
Gag p17	E_Q_N_K...S_K...K_K.....A_Q_Q_A_A_A.....D_T_G.....	Gag



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	Gag p17 Matrix end \ / Gag p24 Capsid start	
B.FR.83.HXB2CACAGCAATCAG.....GTCAGCCAAAATTACCCTATAGTGCAGAACATCCAGGGGCAAATGGTACATCAGGCCATATCACCTAGAACTTTAAAT	1248
A1.KE.00.MSA4069A----GCACA.....-T-T-T-----A-TGCA-A-----A-----C-T-G-----	453
A1.KE.94.Q23_17A----GCA-T.....-----A-TGCA-A-----A-C---T-T-G-----G---G---	712
A1.SE.94.SE7253A----GCA.....-----A-TGCA-A-----C---T-T-G-----G---G---	455
A1.TZ.97.97TZ02A----GCA.....-T-----A-TGCA-A-----T-T-G-----G---G---	449
A1.UA.00.98UA0116AG---GCA-A.....-T-----C-----A-TGCA-A-----AC---C---T---G-----G---	1253
A1.UG.85.U455AGT---GCA.....AG-T-----C-----A-TGCA-A-----CCA---C---T---G---C-G---	703
A1.UG.92.92UG037AGT---GCA.....-----A-TGCA-A-----A-C---C---T-T-G-----G---G---	618
A2.CD.97.97CDKS10AG---GCAGTCAAATTACAGAGGTAGCAG---T-----A-TGCA-A-----C---G-G-----G---G---	0
A2.CD.97.97CDKTB48A----GC.....-T-----T-C-----A-TGCA-A-----C---T---G---G---G---	613
A2.CY.94.94CY017_41A----GC.....-T-----T-C-----A-TGCA-A-----C---T---G---G---G---	605
B.AR.99.ARMA132A--A--C-----T-----A-TC---A-----C-----C-----	453
B.AU.95.MBCC54A----GC-----C-----C-T-----G-----T-C-----	608
B.BO.99.BOL0122AATGGAA-----C-----T-----C-T-----G-----T-C-----	465
B.CN.-.RL42A--A-GC-----C-----A-C-----C-----	620
B.ES.89.S61K15A----GC-----C-----A-C-----C-----	1247
B.GA.88.OYIA----GC-----A-C-T-----C-----	794
B.GB.83.CAM1A----GC-----C-A-----C-----	1250
B.NL.86.3202A21A----GC-----C-A-----C-----	1250
B.TH.90.BK132A----GC-----T-----A-T-G-----C-----	599
B.US.83.RFA-G--GC-----C-T-----A-----	762
B.US.90.WEAU160A--A-C-----C-A-----A-----C-----	1247
C.BR.92.92BR025A-----T-----T-----A-TC---A-----C---C-----G-----G---	592
C.BW.00.00BW3891_6A-----T-----T-----A-TC---A-----C---T-TC-----G-----G---	630
C.BW.96.96BW0502A-----T-----T-----A-C-A-A-----C-----G-----G---	726
C.ET.86.ETH2220A-----T-----T-----T-G-----C-----G-----G---	622
C.IL.98.98IS002A-A-----T-----T-----A-TCC--A-----T-C---T-TT-----G---	585
C.IN.95.95IN21068A-----T-----T-----TC-A-----C-A-----G---	617
C.IN.99.01IN565_10A-----T-T-----T-----A-TC-A-A-----C---T---T-----G---	647
C.KE.00.KER2010A-----T-----T-----A-TC---A-----C---C-----G---	444
C.MM.99.mIDU101_3A-----T-----T-----TC-A-----C-----C-----G-C---	617
C.TZ.97.97TZ04A-----T-----T-----TC---A-----C-----	446
C.TZ.98.98TZ017A-----T-G---T-----T-----TC-T-A-----C-A-----	599
C.ZA.01.2134MBA-----T-----T-----TC-T-A-----A-----C-G---	683
C.ZA.97.97ZA003A-----T-----T-----G-TG-T-A-----C-A-----C-G---	582
C.ZM.96.96ZM651A-----T-----T-----TC---A-----C---AAAC-----G---	592
D.CD.83.ELIA--A-GC-----C-A-----C-----G-C---	794
D.CD.83.NDKA--A-GC-----C-A-----C-----G-C---	783
D.CD.85.Z2Z6A--A-GC-----C-A-----T-----C-----G-C---	1251
D.CM.01.01CM_0009BBYA--A-GC-----C-A-----T-A-----A-----A-----C-G-C---	441
D.KE.01.01KE_NKU3006AG---GC-----C-T-----A-C-A-----C---T-----C-G-C---	453
D.TD.99.MN012A--GC-----T-----A-----C-A-----C-G-C---	466
D.UG.94.94UG114A--GC-----T-----A-C-A-----C---TC-C-----G-C---	597
D.UG.99.99UGA08483A--GC-----T-----A-A-C-A-----C---C-----C-G---	453
D.UG.99.99UGB21875A--G---TT-----A-A-C-A-----C---C-C-A-----G-C---	453
F1.BE.93.VI850A-----T-----A-TC-T-----A-----C---T-TC-----	591
F1.BR.93.93BR020_1A-----T-----A-TC-T-----A-----C---T-TT-----	579
F1.FI.93.FIN9363A-----T-----A-TC-T-----A-----C---T-----	583
F1.FR.96.MP411A-----T-----A-A-TC-T-----A-G-----C-T-----	447
F2.CM.02.02CM_0016BBYA-----T-----A-TC-T-----A-----C-----C-----	441
F2.CM.95.MP255GT---T-AGG-----T-----T-----C---TC-----	447
F2.CM.95.MP257GT---T-AGG-----T-----C-A-A-TC-T-----C---AGTC-----	459
F2.CM.97.CM53657GT---T-AGG-----T-----A-----TC-T-----A-----C---T-TC-----	441
G.BE.96.DRCBLAG---GC--A-----T-----TGCA-A-----C-----G-----	1212
G.CM.01.01CM_4049HANG-----C-A-----AG-----TGCA-A-----A-----A-----C-----	453
G.FI.93.HH8793_12_1A----GC-A-----T-----T-----GCA-A-A-G-----C-----	650
G.NG.92.92NG083A----T-C-A-----T-----T-----TGCA-A-----A-----G-----	614
G.SE.93.SE6165A----C-A-----T-----T-----TGCA-A-----A-----A-----G-----	651
H.BE.93.VI991A-GGA-GCA-----A---T-----T-----A-----TGC-----C---A-----G-C---	640
H.BE.93.VI997AGAGA---CA-----T-----T-----AGAGT---A-----G-----C---C-----V---G-C---	575
H.CF.90.056A-AGA---CA-----T-----T-----A-----TGCT---A-----G-----C---C-----G-C---	595
J.SE.93.SE7887G---A-G-----T-----T-----TC-G-A-----CC-----C-----C-----	571
J.SE.94.SE7022G---A-G-----T-----T-----TC-G-A-----CC-----C-----T-----	572
K.CD.97.EQTB11C-T-T-----A-----TC-T-----C-----C-----	447
K.CM.96.MP535-T-----A-----TC-G-----C-----C-----	447





	Gag p17 Matrix end \ /	Gag p24 Capsid start	
B.FR.83.HXB2CACAGCAATCAG.....GTCAGCCAAAATTACCCTATAGTGACAGAACATCCAGGGCCAAATGGTACATCAGGCCATATCACCTAGAACTTTAAAT	1248
01_AE.CF.90.90CF4071AG---GCA-A.....A-TGCA-A.....A-----T-----G---	1191
01_AE.JP.93.93JP NH1AG---GCA-A.....A-TGCA-A.....AC---C-TT-----G---	1265
01_AE.TH.90.CM240AG---GCA-A.....A-TGCA-A.....C-----C-TT-----G---	813
01_AE.TH.93.93TH9021AGT---GCA-A.....A-TGC-A-A.....C-TG-----G---	1268
02_AG.CM.02.02CM 1677LEGC-----AG-----A-TGCA-A.....G-----G-----G---	444
02_AG.CM.97.97CM_MP807TG-----AG-----A-TGCA-A.....AC---AA-----G-----G---	410
02_AG.FR.91.DJ264GC-----AG-----A-TGCA-A.....AC---C-----G-----G---	603
02_AG.NG.--.IBNGGC-----AG-----A-TGCA-A-A.....AC---T-----G-----G---	779
02_AG.SE.94.SE7812GC-----AGT-----A-TGCA-A.....AC---T-----G-----G---	626
03_AB.BY.00.98BY10443AG---GCA--.....-T-----C-----A-TGCA-A.....A---C---T---G---G---G---	1257
03_AB.RU.97.KAL153_2AG---GCA--.....-T-----C-----A-TGCA-A.....AC---C---T---G---G---G---	480
03_AB.RU.98.RU9800IAG---G-A-----T-----C-----A-TGCA-A.....AC---C---T---G---G---G---	624
04_cpx.CY.94.CY032GGT---GCA-T.....A-TGCA-A.....AG---T-----G---	614
04_cpx.GR.91.97PVCHGGT---GCA-T.....A-TGCA-A.....G-----G---	1265
04_cpx.GR.97.97PVMYA-T---GCA-T.....-C---A-TGCA-A.....AGT---G---C-G---	1262	
05_DF.BE.--.VI1310A---GC---.....-C-----T-----A-----C---C---G-C	627	
05_DF.BE.93.VI961A---GGC-C---.....-TT-----C-A-----C---C---G-	603	
05_DF.ES.99.X492A---G---.....-T-----T-----A-----C-AC-C---A---G-C	601	
06_cpx.AU.96.BFP90A---G-A-T.....-C---T---C---A-TGCA-A.....G---AC-	1273	
06_cpx.ML.95.95ML127A---G-A-T.....-C---T---C---A-TGCA-A.....T---A---	1265	
06_cpx.ML.95.95ML84A---G---.....-C---T---C---A-TGCA-A.....A-C---T---A---	485	
06_cpx.SN.97.97SE1078A---G-A-T.....-C---T---C---A-TGCA-A.....T---A---G-	1292	
07_BC.CN.--.CNGL179A---T-----T-----TC-A-----C-----C---	466	
07_BC.CN.97.97CN001A---T-----T-----A---TC-A-----C-----C---	586	
07_BC.CN.97.CN54A---T-----T-----A---TC-A-----C-----C---	444	
07_BC.CN.98.98CN009A---T-----T-----TC-A-----C-----C---	586	
08_BC.CN.97.97CNGX_6FA---T-----T-----TCC-A-----C---C---	446	
08_BC.CN.97.97CNGX_7FA---T-----T-----TCC-A-----C---C---	452	
08_BC.CN.97.97CNGX_9FA---T-----T-----TCC-A-----C---C---	446	
08_BC.CN.98.98CN006A---T-----T-----TC-A-----C---C---	598	
09_cpx.GH.96.96GH2911A--A-GCA-----A-----TGCA-A-----G-----C-----R---	459	
09_cpx.SN.95.95SN1795AG--A-GCA-----T-----A-----A-TGCA-A-----G-----C-----R---	459	
09_cpx.SN.95.95SN7808AG--A-GCA-----C-----A-----A-TGCA-A-----G-----C-----R---	444	
09_cpx.US.99.99DE4057AG--A-GAA-T-----A-----A-GCA-A-----G-----C-----R---	453	
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061A---GC---.....-T-----A-TT-A-----C---C-T-A-----G---	627	
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071A---GC---.....-T-----A---CA---A-----GT-----T-----G-C	625	
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110A---GC---.....-T-----A---T-A-A-----C-AC-T-----G---	625	
11_cpx.CM.02.02CM 4118STNA---CA-----C-----A-GCA-A-----C---TG-----G---	453	
11_cpx.CM.96.4496G--A-GCA-A-----T-----C-----A-TGCA-A-----CCAA---C---G-G---C-G---	617	
11_cpx.FR.99.MP1298A--A-GCA-T-----T-----C-----A-TGCA-A-----C-AA---G---C-G---	1251	
11_cpx.GR.--.GR17A---CA-----T-----G-----A-TGCA-A-----C---G---C-G---	559	
12_BF.AR.97.A32989A---T-----A---TC-T---A-----C---TT---A-----G---	803	
12_BF.AR.99.ARMA159A---T-G-----A---TC-T---A-----C---C-TT---A-----G---	1256	
12_BF.UY.99.URTR23A---T-----A---TC-T---A-----C---C-T---A-----G---	1277	
12_BF.UY.99.URTR35A---T-----A---TC-T---A-----T-C---T-TT---A-----G---	1256	
13_cpx.CM.02.02CM 3226MNA---C-A-----C---T-----T-----TGCA-A-----C-----C-----G---	453	
13_cpx.CM.96.1849A---C-A-----C---T-----T-----TGCA-A-----G-C---T-----G---	626	
13_cpx.CM.96.4164A---C-A-----C---T-----T-----TGCA-A-A-----C-----C-G---	626	
14_BG.ES.00.X475A--A-GC-A-----C-----T-----A---TGCA-A-----C-----C---	692	
14_BG.ES.00.X477A--A-GC-A-----C-----T-----A---TGCA-A-----C-----C---	695	
14_BG.ES.00.X623A--A-GC-A-----C-----T-----A---TGCA-A-----C-----C---	694	
14_BG.ES.99.X397A--A-GC-A-----C-----T-----A---TGCA-A-----C-----C---	695	
15_01B.TH.02.02TH OUR1331GCA-A-----A-TGCA-A-----T-TT-----G---	471	
15_01B.TH.02.02TH OUR1332A-A-----A-TGCA-A-----T-TT-----G---	478	
15_01B.TH.99.99TH MU2079AG---GCACA-----T-----A-TGCA-A-----C-TG-----G---	656	
15_01B.TH.99.99TH R2399AG---GCA-A-----A-TGCA-A-----C-TG-----G---	615	
16_A2D.KE.00.KISII5009GC-----AG-T-----C-----A-TGCA-A-----G-C-G---	447	
16_A2D.KR.97.97KR004GC-----G-T-----C-----A-TGCA-A-----AC-T---AA-T-----G-G---	609	
N.CM.--.YBF106GCTG-----G-----A---TAGG---T---C---C---TGCT-A-A-----C-GC-GA-----G---	813	
N.CM.95.YBF30ACTGAT-GCA-T-----A---TAGG---T---C---C---CTGCT-A-A-----C-GC-GA-----C-C---	812	
O.BE.87.ANT70CGG-T-----ATCA-TGCG---A-----C---C---G-----G---	1294	
O.CM.--.96CMABB009ACA-T-----G-R-AGCA-GTGG---A-----GT-----C-T-C-C-G-----G---	718	
O.CM.91.MVP5180ACA-T-----AACA-TGCA---A-----A-----C---C---G-----G---	1269	
O.SN.99.SEMP1299ACGG-T-----C-----AACA-TGCA---A-----T---C-C-C-C-G-----G---	1296	
CPZ.CD.--.ANT	ACAGTGGTGTGTCAGCGACATCTT.....-G-GGC.....-AAG-GAG-----C-CA-AGT-G-TGCAGGA--AAT-GCAAGG-----C-AC-GA---A---C-----	660	
CPZ.CM.98.CAM5GCAGC.....A-A-TAG---C---A---A---TGCA-A-A-----A-----G-----G---CC-----	941	
CPZ.GA.--.CPZGABTC-GCTGGC.....A-T-TGG-----CC-C-A-A-TGCT-A---G---G-----C---C---C-G-----	1309	
CPZ.US.85.CPZUSGG--T---CATP.....-GT---AGC---AG-A-A---GCT---A-G-----A-G-T-C-----	1296	
Gag p17/p24H S N Q.....V S O N Y P I V O N I O G Q M V H Q A I S P R T L N	Gag	



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	GCATGGGTAAAAGTAGTAGAAGAGAAAGGCTTTTCAGCCCAGAAGTGATACCCATGTTTTTCAGCATTATCAGAAGGAGCCACCCCAAGATTTAAACACCATGCTAAACACAGTGGGGGACATCAAGCAG	1378
A1. KE. 00. MSA4069	-----A-----A--T-----A-----C-----T-TG--T-G--T-----C-G--	583
A1. KE. 94. Q23_17	-----A-----A-----A-----C-----T-TG--G--T-----C-G--	842
A1. SE. 94. SE7253	-----A-----A-----A-----G--C-----T-----T-TG--G--T-----G--	585
A1. TZ. 97. 97TZ02	-----A-----A-----A-----C-----T-----T-TG--G--T-----C-G--	579
A1. UA. 00. 98UA0116	-----G-----A-----A-----A-----G--G-----C--TG--G--T-----C-G--	1383
A1. UG. 85. U455	-----G-----C-----A-----A-----G--G-----T-TG--G--TGT-----C-G--	833
A1. UG. 92. 92UG037	-----G-G--A-----A-----C-----A-----C-----T-TG--G--T-----C-G--	748
A2. CD. 97. 97CDKS10	0
A2. CD. 97. 97CDKTB48	-----C-----T-----T-----A-----A-----C-----T-T-----	743
A2. CY. 94. 94CY017_41	-C--C-----A-----A-----T-----A-----C-----T-T-----	735
B. AR. 99. ARMA132	-----A-----A-----A-----T-----	583
B. AU. 95. MBCC54	-----G-----T-----A-----	738
B. BO. 99. BOL0122	-----A-----A-----A-----	595
B. CN. -. RL42	-----A-----A-----T-----A-----	750
B. ES. 89. S61K15	-----A-----A-----A-----	1377
B. GA. 88. OYI	-----A-----G-----C-----	924
B. GB. 83. CAM1	-----A-----A-----	1380
B. NL. 86. 3202A21	-----A-----A-----	1380
B. TH. 90. BK132	-----A-----A-----	729
B. US. 83. RF	-----T-----A-----	892
B. US. 90. WEAU160	-----A-----A-----A-----	1377
C. BR. 92. 92BR025	--G-----G-----G-----G-A-----A-----T-----T-----C-----	722
C. BW. 00. 00BW3891_6	-----A-G-----A-----GA-A-----A--C-----C-----T-----T-----	760
C. BW. 96. 96BW0502	-----A-T-G-A-----C--T-----A-----C-----T-----T-----	856
C. ET. 86. ETH2220	-----G-A-----G-A-----G-A-----A--T-----T-----	752
C. IL. 98. 98IS002	-----A-G-----G-A-----C-----G-----T-----T-----C--A-----	715
C. IN. 95. 95IN21068	-----A-G-A-----T-----G-A-----A-----T-----T-----A-----	747
C. IN. 99. 01IN565_10	-----G-----A-G-----T-----G-A-----A-----T-----T-----AA-----	777
C. KE. 00. KER2010	-----A-G-A-----T-----G-A-----A-----T-----T-----A-----	574
C. MM. 99. mIDU101_3	-----A-G-----T-----G-A-----A-----T-----T-----A-----	747
C. TZ. 97. 97TZ04	-----G-----AAC-----G-A-----A-----T-----T-----	576
C. TZ. 98. 98TZ017	-----G-----AAAC-----G-A-----A-----C-A-----T-----T-----TG-----	729
C. ZA. 01. 2134MB	-----A-G-----T-----G-A-----A-----T-----T-----G-----	813
C. ZA. 97. 97ZA003	-----A-G-----T-----G-A-----A-----T-----T-----C-----	712
C. ZM. 96. 96ZM651	-----A-----A-A-----T-----G-A-----A-----T-----T-----C-----	722
D. CD. 83. ELI	-----A-----A-----A-----	924
D. CD. 83. NDK	-----A-----A-----C-----G-----A-----	913
D. CD. 85. Z226	-----A-----A-----A-----T-----	1381
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	-----A-G-A-----A-----A-----G--G-----	571
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	-----A-G-----A-----A-----A-----G--G-----T-----	583
D. TD. 99. MN012	-----A-G-A-----A-----A-----C-----T-----G-----	596
D. UG. 94. 94UG114	-----A-G-----A-----A-----T-----T-----	727
D. UG. 99. 99UGA08483	-----A-----A-----A-----T-----A-----C-----	583
D. UG. 99. 99UGB21875	-----A-----G-----AA-----A-----A-----T-----	583
F1. BE. 93. VI850	-----G-GA-----T-----A-----G-----T--CAC-----T-----T-----	721
F1. BR. 93. 93BR020_1	-----G-GA-----T--T-----A-----G-----T-----T-----T-----	709
F1. FI. 93. FIN9363	-----G-GA-----T-----T-----G-----T-----T-----T-----	713
F1. FR. 96. MP411	-----G-GA-----T-----A-----C-----G-----T-----T-----	577
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	-----A-----C-----G-----G-----A-----	571
F2. CM. 95. MP255	-----A-----T-----A-----G-----T-----	577
F2. CM. 95. MP257	-----A-----A-----G-----	589
F2. CM. 97. CM53657	-----A-----A-----	571
G. BE. 96. DRCBL	-----A-----C-----T-----A-----A-----T-----T-----G-----	1342
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	-----A-----C-----T-----C-----G-----CTCC-----T-----G-----	583
G. FI. 93. HH8793_12_1	-----A-----C-----T-----A-----G-----T-----T-----G-----	780
G. NG. 92. 92NG083	-G-----A-----C-----T-----A-----G-----T-----T-----G-----	744
G. SE. 93. SE6165	-----A-----C-----T-----A-----TCT--T-----T-----G-----	781
H. BE. 93. VI991	-----T-----A-----C-----TG-----T-----	770
H. BE. 93. VI997	-----G-----T-----A-----C-----TG-T-----T-----	705
H. CF. 90. 056	-----A-----T-----A-----TG-T-----T-----	725
J. SE. 93. SE7887	-----GA-----A--A-----G-----T-----A-A-----C-----	701
J. SE. 94. SE7022	-----GA-----A--C-----G-----G-----A-A-----C-----	702
K. CD. 97. EQTB11C	-----T-----A-----A-----T-----	577
K. CM. 96. MP535	-----G-G--A-----G-----A-----A-----T-----C-----	577



B. FR. 83. HXB2	GCATGGGTAAAAGTAGTAGAAGAGAAGGCTTTTCAGCCCAAGAGTATACCCATGTTTTCAGCATTATCAGAAGGAGCCACCCACAAGATTTAAACACCATGCTAAACACAGTGGGGGGACATCAAGCAG	1378
01_AE.CF.90.90CF4071	-----G-----A---G---T-A-----A-----C-----G-----T-TG-----T-----C-G---	1321
01_AE.JP.93.93JP_NH1	-----G-----A---G---T-A-----A-----C-----G-----T-TG-----T-T-----C-G---	1395
01_AE.TH.90.CM240	-----G-----A---G---T-A-----A-----C-----G-----T-TG-----T-T-----C-G---	943
01_AE.TH.93.93TH9021	-----G-----A---G---T-A-----A-----C-----G-----T-TG-----T-T-----C-G---	1398
02_AG.CM.02.02CM_1677LE	-----G-G---A---A-----A-----G-----G-----G-T-TG-----T-----C-G---	574
02_AG.CM.97.97CM_MP807	-----G-G---A---A-----A-----G-----G-----G-T-TG-----T-----G-C-G---	540
02_AG.FR.91.DJ264	-----G-A---A---A-----A-----A-----G-----C-----T-TG-----T-----C-G---	733
02_AG.NG.-.IBNG	-----G-A---A---G-----A-----G-----G-----G-T-TG-----T-----C-G---	909
02_AG.SE.94.SE7812	-----G-A---A---A-----A-----G-----G-----G-T-TG-----T-----C-G---	756
03_AB.BY.00.98BY10443	-----G-A---A---A-----A-----G-----G-----TG-----G-----T-----C-G---	1387
03_AB.RU.97.KAL153_2	-----G-A---A---A-----A-----G-----G-----TG-----G-----T-----C-G---	610
03_AB.RU.98.RU9800I	-----G-A---A---A-----A-----G-----G-----TG-----G-----T-----C-G---	754
04_cpx.CY.94.CY032	-----G-A---A---A-----A-----C-----G-----G-----TG-----T-T-----C-G---	744
04_cpx.GR.91.97PVCH	-----G-A---A---A-----A-----C-----G-----G-----TG-----T-T-----C-G---	1395
04_cpx.GR.97.97PVMY	-----G-A---A---G-----A-----C-----G-----G-----TG-----T-T-----C-G---	1392
05_DF.BE.-.VI1310	-----A---A---A-----A-----A-----G-----G-----T-----C-----	757
05_DF.BE.93.VI961	-----A---A---A-----A-----A-----C-----G-----T-----	733
05_DF.ES.99.X492	-----A---A---A-----A-----A-----C-----G-----T-----	731
06_cpx.AU.96.BFP90	-----G---A---T-----A-----CA-----TG-----G-----T-----C-G---	1403
06_cpx.ML.95.95ML127	-----G-G---A---G---A-----A-----C-----T-TG-----G-----T-----C-G---	1395
06_cpx.ML.95.95ML84	-----G-G---C---A---A-----A-----C-----T-TG-----G-----T-----C-G---	615
06_cpx.SN.97.97SE1078	-----C---A---G-----T-----A-----C-----C-----T-TG-----G-----T-----C-G---	1422
07_BC.CN.-.CNGL179	-----G-----T-----A-----	596
07_BC.CN.97.97CN001	-----G-----T-----A-----G-----	716
07_BC.CN.97.CN54	-----G-----T-----A-----G-----	574
07_BC.CN.98.98CN009	-----G-----T-----C-----	716
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	-----G-----T-----A-----CA-----T-----T-----A-----	576
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	-----G-----T-----A-----CA-----T-----T-----A-----	582
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	-----G-----T-----A-----CA-----T-----T-----A-----	576
08_BC.CN.98.98CN006	-----G-----T-----A-----A-----T-----T-----A-----	728
09_cpx.GH.96.96GH2911	-----A---A---A-----A-----CA-----G-----C-----T-TG-----T-----T-A-----G---	589
09_cpx.SN.95.95SN1795	-----G---A---A-----A-----CA-----G-----C-----T-TG-----T-----T-A-----G---	589
09_cpx.SN.95.95SN7808	-----G---A---A-----A-----T-----CA-----G-----T-----TG-----T-----T-A-----G---	574
09_cpx.US.99.99DE4057	-----G---A---A---G---A-----A-----CA-----G-----T-----TG-----T-----T-A-T-A-----G---	583
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	-----G-----G-----T-----A-----G-----	757
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	-----A---G-----A-----A-----C-----G-----G-----	755
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	-----G---A---G---A-----G---A-----A-----G-----A-----G-----	755
11_cpx.CM.02.02CM_4118STN	-----A---A-----A-----C-----T-TG-----G-----T-----C-G---	583
11_cpx.CM.96.4496	-----G---A---A-----A-----T-TG-----G-----T-----C-G---	747
11_cpx.FR.99.MP1298	-----A---A-----A-----G-----T-TG-----G-----T-----C-G---	1381
11_cpx.GR.-.GR17	-----G---A---A-----T-----A-----T-TG-----G-----T-----C-G---	689
12_BF.AR.97.A32989	-----G-G---A---A---T-----A-----G-----G-----T-----T-----T-----	933
12_BF.AR.99.ARMA159	-----C---G-G---G---A---T-----A-----G-----G-----T-----T-----A-A-----	1386
12_BF.UY.99.URTR23	-----G-G---G---G---T-----A-----C-G-----G-----T-----T-----T-----A-----	1407
12_BF.UY.99.URTR35	-----G-G---G---G---T-----A-----C-G-----G-----T-----T-----T-----A-----	1386
13_cpx.CM.02.02CM_3226MN	-----A---C---T-----A-----A---C-----G---T-----T-----G-----	583
13_cpx.CM.96.1849	-----A---C---T-----A-----A---C-----G---T-----T-----G-----	756
13_cpx.CM.96.4164	-----A---C---T-----A-----A---C-----G---T-----T-----G-----	756
14_BG.ES.00.X475	-----A---C---T-----A-----T-----G-----T-----A---G---G---	822
14_BG.ES.00.X477	-----A---C---T-----A-----T-----G-----T-----A---G---G---	825
14_BG.ES.00.X623	-----A---C---T-----A-----T-----G-----T-----A---G---G---	824
14_BG.ES.99.X397	-----A---C---T-----A-----T-----G-----T-----A---G---G---	825
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	-----A---G---T-A-----A-----C-----G-----T-TG-----T-G---T-T-----G---	601
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	-----A---G---T-A-----A-----A-----G-----T-TG-----G---T-T-----G---	608
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	-----G---A---G---T-A-----A-----C-----G-----T-TG-----T-T-----C-G---	786
15_01B.TH.99.99TH_R2399	-----G---A---G---T-AT-----A-----C-----G-----TG-----T-T-----C-G---	745
16_A2D.KE.00.KISII5009	-----A---C---A---A-----A-----G-----C-----T-----T-----A-AA-----G---	577
16_A2D.KR.97.97KR004	-----C---A---A-----T-----A-----C-----T-----T-----A-AA-----G---T---	739
N.CM.-.YBF106	-----T-----A---G---A---C---T-AT-----A---A-----ATG---C---G---G---A---G---CTC---C---T-GT---T---T---A---A-----G---	943
N.CM.95.YBF30	-----T-----G---GA---G---G---C---T-T-----A---A-----ATG---C---G---G---A---G---CTC---C---T-T---T---T---A---A-----G---	942
O.BE.87.ANT70	-----G-C---A---A---C---T-A---T---A---C---T---T---CATG---G---G---A---TTT---CT---T---A---T---T---T---TG---CA---A---A-----G---	1424
O.CM.-.96CMABB009	-----G-C---A---A---C---T-A---T---A---T---T---T---ATG---G---G---T---TTT---C---T---G---C---T---TG---CA---A-----G---	848
O.CM.91.MVP5180	-----G-C---A---A---C---T-A---T---A---T---T---T---ATG---G---G---G---TGT---CT---T---A---C---T---G---TG---CA---A-----C---GG---	1399
O.SN.99.SEMP1299	-----G-C---A---A---C---T-A---T---A---C---T---T---CATG---G---G---TT---CT---T---ACT---T---TG---CA---A---A-----GG---	1426
CPZ.CD.-.ANT	-----C---GTGT-----AAA---AT-----C---C---T---T---T---G---A---T---T---T---T---TG---T---AC-----G---	790
CPZ.CM.98.CAM5	-----T---C---G---A---A---AAC---T-A-----A---A---A---ATG---CC---G---G---G---T---T---C---G---G---C---T---T---T---TG---C---A---A---G---C---G---G---	1071
CPZ.GA.-.CPZGAB	-----G---G---A---A---A---T---T---G---A---A---A---TC-----G---G---TTA---T---G---G---T---T---TG---A---A---G---G---G---	1439
CPZ.US.85.CPZUS	-----C---CG-----A---A---C---T-A---G---C---C---G---CATG---C---G---G---G---G---G---C---T---T---C---TG---TA---A-----G---	1426
Gag p24	A W V K V V E E K A F S P E V I P M F S A L S E G A T P Q D L N T M L N T V G G H Q A	Gag





HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	CCATGCAAATGTTAAAAGAGACCATCAATGAGGAAGCTGCAGAATGGGATAGAGTGCATCCAGTGCATGCAGGGCCTATTGCACCAGGCCAGATGAGAGAACCAAGGGGAAGTGACATAGCAGGAACTAC	1508
A1.KE.00.MSA4069	-T-----T-----C--T-A--C---CA--G-----C-----A--G-----C-----	713
A1.KE.94.Q23_17	-T-----T-----C--GT-A--A-----A-----CC-----	972
A1.SE.94.SE7253	-T-----T-----C--GT-A--CA-----G-----C--T-----	715
A1.TZ.97.97TZ02	-T-----G-----T-----G-----T-----C-----G-----	709
A1.UA.00.98UA0116	-T-----G-----T-----T-----GT-A--CA--G-----T--C-----G-----	1513
A1.UG.85.U455	-T-----T-----T-----G-----C--GT-A-----C-----	963
A1.UG.92.92UG037	-T-----T-----T-----C--GC-A-----A-----G-----T-----	878
A2.CD.97.97CDKS10	0
A2.CD.97.97CDKTB48	-T-----T-----C--GT-A--A--G-----C-----G--G-----	873
A2.CY.94.94CY017_41	-T-----T-----C--G--A--A-----C-----	865
B.AR.99.ARMA132	-G-----C-----A-----	713
B.AU.95.MBCC54	-----G-----T--C--C--G-----	868
B.BO.99.BOL0122	-----T--C--CA--G-----A-----G-----	725
B.CN.-.RL42	-A-----A-----A-----T-----AG-----A-----	880
B.ES.89.S61K15	-----T-----CA--C--G-----	1507
B.GA.88.OYI	-----T-----A-----	1054
B.GB.83.CAM1	-----T-----	1510
B.NL.86.3202A21	-----T-----	1510
B.TH.90.BK132	-----T-----	859
B.US.83.RF	-----T-----T-----C-----	1022
B.US.90.WEAU160	-----T--A-----	1507
C.BR.92.92BR025	-----T-----G-----T--A--C-----G--C-----A-----	852
C.BW.00.00BW3891_6	-----T-----G-----T--A--C--A--G-----G-----A-----	890
C.BW.96.96BW0502	-----T-----G-----T--A--A--A--G-----G-----A-----C-----G-----	986
C.ET.86.ETH2220	-----C-----G-----C--GT-A--A-----G-----A-----C-----A-----	882
C.IL.98.98IS002	-----T-----G-----A-----C-----G-----A-----	845
C.IN.95.95IN21068	-----T-----A--G-----T--A--A--C-----AC-----T-----	877
C.IN.99.01IN565_10	-----T-----A--G-----T--A--C-----C-----A-----	907
C.KE.00.KER2010	-----G-----T-----G-----T--A--G-----G-----A--C-----A-----	704
C.MM.99.mIDU101_3	-----T-----A--G-----T--A--A-----G-----G-----A-----	877
C.TZ.97.97TZ04	-----C-----A--G-----G-----A--G-----G-----G-----A--A-----C--T-----	706
C.TZ.98.98TZ017	-----T-----G-----C-----GT-A--A-----G-----G-----A-----T-----	859
C.ZA.01.2134MB	-----G--T-----A--G-----T--A--A--G-----G-----A-----	943
C.ZA.97.97ZA003	-----T-----T-----G-----T--A--A--G-----G-----A-----	842
C.ZM.96.96ZM651	-----T--T-----G-----T--A--A-----G-----G-----A-----T-----	852
D.CD.83.ELI	-----C-----A-----GT-A-----T-----	1054
D.CD.83.NDK	-T-----C-----C-----C--T--A-----G-----A-----T-----	1043
D.CD.85.Z226	-T-----C--G-----GT-A-----T-----	1511
D.CM.01.01CM_0009BBY	-----A-----C--GC-A-----CG-----T--T-----	701
D.KE.01.01KE_NKU3006	-----G--C--A-----A--A-----A-----A-----T-----	713
D.TD.99.MN012	-----C-----C--GT-A--A--A-----G-----C-----T--T-----C-----	726
D.UG.94.94UG114	-----G--T-----G--C--A-----G-----AT-----T-----	857
D.UG.99.99UGA08483	-----G--C--A-----A-----G-----A-----T-----	713
D.UG.99.99UGB21875	-----A-----G--C--A-----A-----T-----	713
F1.BE.93.VI850	-----C-----T--A-----GCCC-----G-----T-----T-----	851
F1.BR.93.93BR020_1	-----C-----G-----C--T--A--ACA--G--A--C--CC--C-----T--A--G-----T-----T-----	839
F1.FI.93.FIN9363	-----C-----T-----C--T--A-----A-----C-----G-----T-----C--T-----T-----	843
F1.FR.96.MP411	-----C-----T--A-----C-----CCT-----T-----T-----T-----	707
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----T-----C--GT-A--G-----G-----A-----CC-----T--A-----T-----T-----	701
F2.CM.95.MP255	-----T--T-----G-----C--GT-A-----CC-----G-----T-----T-----T-----	707
F2.CM.95.MP257	-----T-----T-----C--GT-A-----A-----CC-----T-----T-----C-----	719
F2.CM.97.CM53657	-----T-----T-----C--T--A-----G-----A--C--CC-----T-----A-----T-----T-----	701
G.BE.96.DRCBL	-T-----G-----T-----T-----C--GC-A-----CA--G-----A--G--C--C-----T-----G-----	1472
G.CM.01.01CM_4049HAN	-T-----C--T--G--T--T-----C--GT-A-----CC--G-----C-----A-----T-----	713
G.FI.93.HH8793_12_1	-T-----C-----T-----T-----G-----C--A--A-----CCA--G-----C-----A--A-----T-----C-----	910
G.NG.92.92NG083	-T-----C--G--T--T-----T-----G-----C--GA--A-----CA--G-----C-----A--A--G--T--T-----T-----	874
G.SE.93.SE6165	-T-----C--G--T--T-----G-----C--GA-----CAA--G-----T--C-----A-----T-----	911
H.BE.93.VI991	-----T--A-----GC-A-----A-----C-----	900
H.BE.93.VI997	-----T--A-----GC-A-----A-----C-----C--T-----T-----	835
H.CF.90.056	-----G-----T--A-----C--G--A-----C-----A-----C--T-----	855
J.SE.93.SE7887	-T-----T--T-----C--G--A-----A-----G-----T-----	831
J.SE.94.SE7022	-T-----T--T-----C--G--A-----A-----G-----G-----T-----	832
K.CD.97.EQTB11C	-----T--T-----T-----C--GA--C-----A-----CC-----T--G-----T-----	707
K.CM.96.MP535	-----T--T-----T-----C--GT-A--C-----CC-----A-----G-----G-----	707



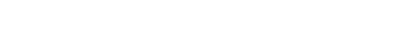


B. FR. 83. HXB2	CCATGCAAATGTTAAAAGAGACCATCAATGAGGAAGCTGCAGAATGGGATAGAGTGCATCCAGTGCATGCAGGGCCTATTGCACCAGGCCAGATGAGAGAACCAAGGGGAAGTGACATAGCAGGAACACTAC	1508
01_AE.CF.90.90CF4071	-A-----T-----G-A-C-----A-----C-----A-----	1451
01_AE.JP.93.93JP_NH1	-A-----A-----G-A-C-----A-----G-----	1525
01_AE.TH.90.CM240	-A-----A-----C-----C-----G-----	1073
01_AE.TH.93.93TH9021	-A-----T-A-T-----G-A-C-----A-----G-----	1528
02_AG.CM.02.02CM_1677LE	-A---G-----T-----C-G-A-----A-----C-----G-G-----	704
02_AG.CM.97.97CM_MP807	-T---G-----T-----C-G-A-----A-----C-----GT-----	670
02_AG.FR.91.DJ264	-A---G-----T-----C-G-A-----A-----C-----G-----	863
02_AG.NG.-.IBNG	-A---G-----T-----C-G-A-----A-----C-----G-----	1039
02_AG.SE.94.SE7812	-A---G-----G-T-----C-----G-A-----A-----G-----	886
03_AB.BY.00.98BY10443	-T-----G-----T-----T-----GT-A-----CA-G-----T-C-----G-----	1517
03_AB.RU.97.KAL153_2	-T-----G-----T-----T-----GT-A-----CA-G-----T-C-----G-G-----	740
03_AB.RU.98.RU98001	-T-----G-----T-----T-----GT-A-----CA-G-----T-C-----G-----	884
04_cpx.CY.94.CY032	-A-----T-----C-----C-GACA-----A-----C-----T-----	874
04_cpx.GR.91.97PVCH	-A-----T-----T-----C-G-CA-----A-----C-----	1525
04_cpx.GR.97.97PVMY	-A-----T-T-----C-G-A-----CA-----ACC-G-----	1522
05_DF.BE.-.VI1310	-----T-----GT-A-----G-----G-G-----A-----T-----T-----	887
05_DF.BE.93.VI961	-----G-A-----CA-G-----A-----A-----T-----	863
05_DF.ES.99.X492	-----GT-A-----A-----A-----A-----T-----	861
06_cpx.AU.96.BFP90	-T-----T-----C-G-A-----A-----A-----C-----A-----T-----	1533
06_cpx.ML.95.95ML127	-T-----T-----C-----A-----A-----C-----T-----	1525
06_cpx.ML.95.95ML84	-T-----T-----C-GA-----A-G-----GC-----T-----	745
06_cpx.SN.97.97SE1078	-T-----T-----C-----A-----A-G-----C-----A-----C-----	1552
07_BC.CN.-.CNGL179	-----A-----T-----A-G-----T-A-----A-----A-----	726
07_BC.CN.97.97CN001	-----A-----T-----A-G-----T-A-----A-----A-----	846
07_BC.CN.97.CN54	-T-----A-----T-----A-G-----T-A-----A-----A-----	704
07_BC.CN.98.98CN009	-----A-----T-----A-G-----T-A-----A-----A-----	846
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	-----T-----A-G-----T-----AG-G-----	706
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	-----T-T-----A-G-----T-----AG-G-----	712
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	-----T-----A-G-----T-----AG-G-----	706
08_BC.CN.98.98CN006	-----T-----A-G-----T-----AG-G-----	858
09_cpx.GH.96.96GH2911	-T-----C-----T-----G-A-----A-----A-C-----A-----	719
09_cpx.SN.95.95SN1795	-T-----C-----T-----T-----GACA-----A-----A-C-----A-----	719
09_cpx.SN.95.95SN7808	-T-----C-----TGT-----T-----G-A-----A-----A-C-----A-----	704
09_cpx.US.99.99DE4057	-T-----C-----T-----T-----A-----G-A-----A-----A-C-----A-----	713
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	-----GC-A-----A-G-----G-----A-----A-----T-----	887
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	-----C-----G-A-----GC-A-----G-----A-----T-----	885
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	-A-----A-----A-----GC-A-----C-G-----A-----A-----	885
11_cpx.CM.02.02CM_4118STN	-T-----T-----C-----T-A-----A-----A-----G-----A-----	713
11_cpx.CM.96.4496	-T-----T-----C-GC-A-----A-----C-----A-----A-----	877
11_cpx.FR.99.MP1298	-T-----T-----C-GA-A-----A-----A-----C-----A-----	1511
11_cpx.GR.-.GR17	-T-----T-----C-G-A-----A-----GCC-----G-----A-----	819
12_BF.AR.97.A32989	-----C-----T-A-----CC-----G-----T-----T-----	1063
12_BF.AR.99.ARMA159	-T-----C-----C-----T-A-----A-----CC-----G-----T-----T-----	1516
12_BF.UY.99.URTR23	-----C-----T-A-----A-----CC-----G-----T-----T-----	1537
12_BF.UY.99.URTR35	-----C-----T-A-----A-----CC-----G-----T-----T-----	1516
13_cpx.CM.02.02CM_3226MN	-T-----C-----T-T-----C-GC-A-----C-A-A-----C-----A-A-----C-T-----C-----	713
13_cpx.CM.96.1849	-T-----C-G-T-T-----G-----GA-----CAA-GA-----T-C-----A-A-----T-----G-----C-----	886
13_cpx.CM.96.4164	-T-----C-----T-T-----G-----C-----A-----CAA-A-----T-C-----AC-A-----T-----C-----	886
14_BG.ES.00.X475	-T-----C-----G-T-T-----G-----C-GA-----CAA-G-----CC-----A-----T-----	952
14_BG.ES.00.X477	-T-----C-----G-T-T-----G-----C-GA-----CCA-G-----CC-----A-----T-----	955
14_BG.ES.00.X623	-T-----C-----G-T-T-----G-----C-----CCA-G-----CC-----A-----T-----	954
14_BG.ES.99.X397	-T-----C-----G-T-T-----G-----C-GA-A-C-----CAA-G-----CC-----A-----T-----	955
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	-A-----A-----G-----G-A-C-----A-G-----C-----G-----	731
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	-A-----A-----A-----G-A-C-----A-----C-----C-----	738
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	-A-----A-----A-----A-----A-C-----A-----C-----G-----	916
15_01B.TH.99.99TH_R2399	-A-----A-----T-----G-A-C-----A-----C-----A-----G-----	875
16_A2D.KE.00.KISII5009	-T-----T-----T-----A-----C-GT-A-----A-----A-----G-----A-----	707
16_A2D.KR.97.97KR004	-T-----T-----G-----C-GC-----A-----C-----G-----T-----	869
N.CM.-.YBF106	-T-----G-----C-----G-AGT-----G-G-G-----C-GAC-----CC-C-TG-A-AC-AC-C-----G-A-----C-T-A-----T-----G-A-----	1073
N.CM.95.YBF30	-A-----G-----C-G-G-AGT-----A-----C-----GACA-----C-C-TG-A-AC-AC-C-----G-AC-----C-T-A-----T-----A-----	1072
O.BE.87.ANT70	-TT-A-----G-----G-AGTA-----A-T-----G-----ACT-C-----CCA-CG-T-----GT-GC-----G-----A-G-----CA-----T-----T-----G-A-----	1554
O.CM.-.96CMABB009	-TT-A-----G-----G-AGTA-----T-----A-----C-----A-T-----C-----CAA-CG-T-----GT-AC-----A-----A-G-----CA-----T-----T-----A-----	978
O.CM.91.MVP5180	-TT-A-----G-----G-AGTA-----A-----A-----ACT-----CCAGCAATG-----GT-AC-----G-----A-G-----CA-----T-----T-----A-----	1529
O.SN.99.SEMP1299	-TT-A-----G-----G-AGTA-----A-----A-----ACT-C-----CCAGCG-----AT-GC-TGT-----G-----A-G-----CA-----T-----T-----A-----	1556
CPZ.CD.-.ANT	-----GG-C-----AGTA-----A-----T-----G-----GT-A-C-----CACT-----A-----AG-ACAGG-----A-----AT-A-----G-----CA-----T-----G-----A-----	920
CPZ.CM.98.CAM5	-T-----GG-T-----G-AGT-----A-----A-----G-----GC-A-C-----T-----A-----A-----C-----A-----AC-----GG-----A-----G-----T-----T-----	1201
CPZ.GA.-.CPZGAB	-----G-C-----G-AGT-----T-----C-----C-----C-T-A-----CACT-----T-----T-----G-----A-----C-----A-----G-----G-----T-----T-----G-----C-----	1569
CPZ.US.85.CPZUS	-A-----G-T-----G-AG-----A-----T-----A-----ACA-----TC-----C-----A-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----	1556
Gag p24	A M Q M L K E T I N E E A A E W D R V H P V H A G P I A P G Q M R E P R G S D I A G T T	Gag



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	TAGTACCCTTCAGGAACAAATAGGATGGATGACA. AATAATCCACCTATCCCAGTAGGAGAAATTTATAAAAGATGGATAATCCTGGGATTAATAAAATAGTAAGAATGTATAGCCCTACC	1629
A1. KE. 00. MSA4069	---C---C---A-----AT-----GCA-----G---C---C-----GTT	834
A1. KE. 94. Q23_17	-----C---A-----G-----GGC---C-----G---C---C-----GTT	1093
A1. SE. 94. SE7253	-----C---A-----G-----GGC---C-----T---G---C---C-----GTT	836
A1. TZ. 97. 97TZ02	-----TC---A-----C-----GGC---C-----G---T---C-----GTT	830
A1. UA. 00. 98UA0116	-----C---A-----G-----GC---C-----G---C---C-----A-----G-----GTT	1634
A1. UG. 85. U455	---C---G---A-----G-----GGC---C-----G---C---C---G-----GTT	1084
A1. UG. 92. 92UG037	-----C---A-----C-----GGC---C-----C-----G---C---C-----G-----GTT	999
A2. CD. 97. 97CDKS10	0
A2. CD. 97. 97CDKTB48	---A-----C-----GC---C-----T---G---C-----GT	994
A2. CY. 94. 94CY017_41	-----T-----C-----GCG-----C---T---G-----GT	986
B. AR. 99. ARMA132	-----C-----G-----C---C-----A---G-----GT	834
B. AU. 95. MBCC54	-----G-----C-----C-----G-----GT	989
B. BO. 99. BOL0122	---C-----AC-----C-----C-----G-----GT	846
B. CN. -. RL42	---T-----G-----C-----C-----GT	1001
B. ES. 89. S61K15	-----C-----C---G-----G-----GT	1628
B. GA. 88. OYI	-----C-----C-----C-----GT	1175
B. GB. 83. CAM1	-----G-----C-----T-----GT	1631
B. NL. 86. 3202A21	-----C-----G-----C-----G-----GT	1631
B. TH. 90. BK132	-----C-----G-----C-----G-----GT	980
B. US. 83. RF	-----C-----G-----C---G---T---A-----C-T	1143
B. US. 90. WEAU160	-----C-----C-----C-----A-----GT	1628
C. BR. 92. 92BR025	C-----AC-----C-----C-----G-----T---G-----GT	973
C. BW. 00. 00BW3891_6	---A-----AAT-----GC---C-----T---G---C---C-----T---T-----GT	1011
C. BW. 96. 96BW0502	-----C-----G---C-----G-T---G---G---C---C-----T---G-----GT	1107
C. ET. 86. ETH2220	-----C-----GGG---C-----G-T---G---G---C---C-----GT	1003
C. IL. 98. 98IS002	-----C-----C-----G-T---G---G---C---C-----T---G-----GT	966
C. IN. 95. 95IN21068	-----C-----G-----C-----G-T---G---G---C---C-----T---G-----GTG	998
C. IN. 99. 01IN565_10	-----GG---C-----GG---C-----G-T---G---G---C---C-----T---G-----GT	1028
C. KE. 00. KER2010	-----G-----C-----G-----G---C-----T---G-----GTT	825
C. MM. 99. mIDU101_3	---G-----C-----G-----GG---C-----G-T---G---G---C---C-----T---G-----GTT	998
C. TZ. 97. 97TZ04	-----ACC-----G---C-----G---G---G---C---C-----A---G-----GT	827
C. TZ. 98. 98TZ017	-----CC-----G---C-----G---G---G---C-----GT	980
C. ZA. 01. 2134MB	-----TC-----A-----GG---C-----T---G---G---C---C-----T---G---C-----G-----GT	1064
C. ZA. 97. 97ZA003	-----G-----AC-----G-----G---C-----T---G---G---C---C-----TA---GC-----GT	963
C. ZM. 96. 96ZM651	-----C---A---G---C-----G-----C---C-----T---G---G---C---C-----T---G-----GT	973
D. CD. 83. ELI	-----C-----C-----G---C---C-----C-----TG-----GT	1175
D. CD. 83. NDK	-----C-----C-----C-----GT	1164
D. CD. 85. Z226	-----C-----GC---C-----C-----GT	1632
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	-----G---C---A-----GGC-----G---G---G---C---G-----T---A---C-----GT	822
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	-----C-----GC-----C-----GT	834
D. TD. 99. MN012	-----C-----GC-----C-----T-----GT	847
D. UG. 94. 94UG114	---A-----C-----GC-----C-----A-----GT	978
D. UG. 99. 99UGA08483	-----C-----C-----C-----S-----A-----C-----GT	834
D. UG. 99. 99UGB21875	-----R-----C-----A-----GT	834
F1. BE. 93. VI850	-----CA-----G-----GGC---C-----G---G---C---C-----C---A-----T-----GT	972
F1. BR. 93. 93BR020_1	-----CA-----GGC---C-----G---G---G---C---G-----C---A-----GT	960
F1. FI. 93. FIN9363	-----CA-----G---C-----G---G---G---C---C-----C---A-----G-----GT	964
F1. FR. 96. MP411	-----CA-----GC---C-----G---G---G---C---C-----C---A-----GTT	828
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	-----C-----GC---C-----G-----A-----GT	822
F2. CM. 95. MP255	-----AC-----GGC---C-----CG-----C-----A-----GT	828
F2. CM. 95. MP257	-----C-----GC---C-----G-----C-----A-----GT	840
F2. CM. 97. CM53657	---C---A---A-----C-----GC---C-----G-----C-----A-----GT	822
G. BE. 96. DRCBL	-----G---A-----G---A-----C-----GC---C-----G-----G-----GT	1593
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	-----G-----A-----C-----GC---C-----G-----T---C-----G-----GT	834
G. FI. 93. HH8793_12_1	---A---G-----A-----C-----GC---C-----G-----G-----GT	1031
G. NG. 92. 92NG083	-----G-----A-----C-----GC---C-----G-----C-----G-----GT	995
G. SE. 93. SE6165	---T---G-----ACT-----C-----GGC---C-----G-----G-----GT	1032
H. BE. 93. VI991	-----G---C-----GGC---C---A---T-----G---C---C---G-----GT	1021
H. BE. 93. VI997	-----G-----C-----GGC---AG-----G---C---C-----G-----T-----GTT	956
H. CF. 90. 056	-----G-----C-----GGC---G-----G---C---C-----G-----G-----T-----GT	976
J. SE. 93. SE7887	-----C-----GGC-----G-----T-----C-----GT	952
J. SE. 94. SE7022	---A---C-----GGC---C---G-----G-----T-----C-----G-----GT	953
K. CD. 97. EQTB11C	---C---T-----AC-----GC---C-----G---C---C-----G-----G-----GT	828
K. CM. 96. MP535	C---C-----C-----GC---C-----G---G---G---C-----T-----C-----GT	828





B. FR. 83. HXB2

01_AE.CF.90.90CF4071
 01_AE.JP.93.93JP_NH1
 01_AE.TH.90.CM240
 01_AE.TH.93.93TH9021
 02_AG.CM.02.02CM_1677LE
 02_AG.CM.97.97CM_MP807
 02_AG.FR.91.DJ264
 02_AG.NG.-.IBNG
 02_AG.SE.94.SE7812
 03_AB.BY.00.98BY10443
 03_AB.RU.97.KAL153_2
 03_AB.RU.98.RU98001
 04_cpx.CY.94.CY032
 04_cpx.GR.91.97PVCH
 04_cpx.GR.97.97PVMY
 05_DF.BE.-.VI1310
 05_DF.BE.93.VI961
 05_DF.ES.99.X492
 06_cpx.AU.96.BFP90
 06_cpx.ML.95.95ML127
 06_cpx.ML.95.95ML84
 06_cpx.SN.97.97SE1078
 07_BC.CN.-.CNGL179
 07_BC.CN.97.97CN001
 07_BC.CN.97.CN54
 07_BC.CN.98.98CN009
 08_BC.CN.97.97CNGX_6F
 08_BC.CN.97.97CNGX_7F
 08_BC.CN.97.97CNGX_9F
 08_BC.CN.98.98CN006
 09_cpx.GH.96.96GH2911
 09_cpx.SN.95.95SN1795
 09_cpx.SN.95.95SN7808
 09_cpx.US.99.99DE4057
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF071
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF110
 11_cpx.CM.02.02CM_4118STN
 11_cpx.CM.96.4496
 11_cpx.FR.99.MP1298
 11_cpx.GR.-.GR17
 12_BF.AR.97.A32989
 12_BF.AR.99.ARMA159
 12_BF.UY.99.URTR23
 12_BF.UY.99.URTR35
 13_cpx.CM.02.02CM_3226MN
 13_cpx.CM.96.1849
 13_cpx.CM.96.4164
 14_BG.ES.00.X475
 14_BG.ES.00.X477
 14_BG.ES.00.X623
 14_BG.ES.99.X397
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1331
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1332
 15_01B.TH.99.99TH_MU2079
 15_01B.TH.99.99TH_R2399
 16_A2D.KE.00.KISII5009
 16_A2D.KR.97.97KR004
 N.CM.-.YBF106
 N.CM.95.YBF30
 O.BE.87.ANT70
 O.CM.-.96CMABB009
 O.CM.91.MVP5180
 O.SN.99.SEMP1299
 CPZ.CD.-.ANT
 CPZ.CM.98.CAM5
 CPZ.GA.-.CPZGAB
 CPZ.US.85.CPZUS
 Gag p24

TAGTACCCTTCAGGAACAAATAGGATGGATGACA.....AATAATCCACCTATCCCAGTAGGAGAAATTTATAAAAGATGGATAATCCTGGGATTAATAAAATAGTAAGAATGTATAGCCCTACC 1629
 -----A-----G-----GC--C-----G-----G-----C-----G-----GTT 1572
 -----A-----G-----C-----G-----C-----C-----G-----GTT 1646
 -----A-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----GTT 1194
 -----A-----G-----C-----C-----G-----G-----G-----GTT 1649
 -----A-----G-----GC-----G-----C-----C-----A-----T-----GT- 825
 -----A-----C-----GC-----G-----C-----C-----A-----T-----GT- 791
 -----A-----G-----GC-----G-----C-----C-----A-----T-----GT- 984
 -----A-----G-----GC-----G-----C-----C-----G-----G-----GT- 1160
 -----A G-----GC-----G-----C-----G-----G-----GT- 1007
 -----A-----C-----GC--C-----G-----C-----C-----A-----GT- 1638
 -----A-----G-----GC--C-----G-----C-----C-----A-----G-----GT- 861
 -----A-----G-----GC--C-----G-----C-----C-----A-----G-----GT- 1005
 -----A-----G-----GC--C-----G-----G-----C-----T-----G-----C-----TT 995
 -----A-----G-----GC--C-----G-----C-----C-----T-----T-----GT- 1646
 -----A-----G-----GC--C-----G-----T-----C-----T-----GT- 1643
 C--C-----C-----C-----C-----T-----C-----T-----GT- 1008
 -----AC-----C-----C-----C-----T-----GT- 984
 -----C-----C-----C-----T-----GT- 982
 -----GC--C-----G-----C-----C-----A-----GT- 1654
 -----GGC--C-----G-----G-----C-----A-----GT- 1646
 -----T-----GC--C-----G-----C-----A-----GT- 866
 -----A-----GC--C-----G-----C-----A-----G-----GT- 1673
 -----A-----G-----C-----G-----GG--C-----G-----T-----C-----C-----T-----GT- 847
 -----A-----G-----C-----G-----G-----C-----C-----T-----GT- 967
 -----A-----A-----C-----G-----G-----C-----C-----T-----GT- 825
 -----A-----C-----G-----G-----G-----C-----C-----T-----GT- 967
 -----T-----G-----C-----C-----C-----C-----GT- 827
 -----AT-----G-----C-----C-----GT- 833
 -----GT-----G-----C-----C-----GT- 827
 -----T-----G-----G-----C-----C-----T-----GT- 979
 -----G-----A-----C-----GG--C-----C-----G-----C-----G-----GT- 840
 -----A-----C-----A-----GGC--C-----C-----T-----G-----C-----GT- 840
 -----C-----A-----C-----C-----G-----C-----GT- 825
 -----A-----A-----C-----GC-----C-----G-----C-----GT- 834
 -----A-----GC-----G-----C-----A-----A-----G-----GT- 1008
 -----GGC-----GT-----G-----C-----T-----A-----G-----T-----GT- 1006
 -----AC-----GC-----G-----C-----G-----A-----GT- 1006
 -----A-----G-----GC--C-----G-----G-----C-----G-----GT- 834
 -----A-----GGC--C-----G-----C-----G-----T-----GT- 998
 -----T-----A-----G-----GC--C-----G-----G-----C-----G-----GT- 1632
 -----G-----A-----A-----G-----GGC--C-----G-----C-----G-----T-----GT- 940
 -----A-----CA-----GC--C-----G-----G-----C-----C-----A-----GT- 1184
 -----CA-----GC--C-----G-----G-----C-----C-----A-----GT- 1637
 -----C-----CA-----GC--C-----G-----G-----C-----C-----A-----GT- 1658
 -----C-----CA-----GC--C-----G-----G-----C-----C-----A-----GT- 1637
 -----G-----ACG-----C-----C-----G-----G-----GT- 834
 -----G-----AC-----C-----G-----G-----G-----GT- 1007
 -----G-----C-----C-----GC--C-----G-----G-----T-----G-----G-----GT- 1007
 -----G-----A-----C-----GC-----G-----G-----GT- 1073
 -----G-----A-----C-----GC-----G-----G-----GT- 1076
 -----G-----G-----ACT-----C-----GGC-----G-----GT- 1075
 -----G-----A-----C-----GC-----G-----C-----GT- 1076
 -----A-----G-----GC-----G-----C-----C-----G-----GT- 852
 -----A-----G-----GGC-----G-----G-----C-----C-----G-----GT- 859
 -----A-----G-----GC-----G-----G-----C-----C-----G-----GT- 1037
 -----A-----G-----GC-----G-----G-----C-----C-----G-----C-----GT- 996
 -----G-----A-----C-----GC--C-----G-----GA-----C-----C-----A-----A-----GT- 828
 -----C-----C-----GC--C-----G-----G-----G-----C-----T-----GT- 990
 -----T-----GGCA-----GG--G--C-----T-----TC-----T-----T-----T-----G-----G-----T-----G-----C-----G-----T-----G-----GT- 1194
 -----C-----GGCA-----GG--G--CT-----T-----GC-----T-----G-----T-----T-----G-----G-----G-----G-----T-----G-----GT- 1193
 -----C-----AG--A-----G-----TCAC-----CT-----C-----AGGCC--C-----A-----C-----G-----A-----G-----GT-----A-----C-----C-----G-----A-----C-----AGTG 1678
 -----C-----A-----AG--A-----TCAC-----CT-----C-----AGGGCG-----AAC-----T-----C-----C-----G-----A-----G-----GT-----A-----GC-----G-----A-----C-----T-----AGTG 1102
 -----C-----A-----AG--A-----G-----TAT-----CT-----T-----AGAGGGGC-----AACT-----C-----G-----A-----G-----G-----A-----C-----C-----G-----A-----C-----T-----AGTG 1653
 -----C-----AG--A-----G-----G-----TCAC-----T-----C-----AGGCC--C-----A-----C-----C-----G-----A-----G-----GT-----A-----C-----G-----G-----A-----C-----AGTG 1680
 A--C--AG--G-----G--G--GCA-----T--ACACCTCAAC--G--GG--GGAG-----G--C--C-----G-----C-----A-----GG--G--C--G--N-----T--AGT- 1050
 --C--T--A--A-----G--T--CT-----GCA-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T--A--GC--C--C-----G-----G-----A-----CT-----CGT- 1322
 C--C--A--G-----T--G-----CA-----GCA-----T--C-----G-----TG-----G-----G-----TT--A--G-----C-----G-----G-----T-----AGTA 1690
 C--C--T--G--A-----G--G--C-----GCA--C-----C--T-----C--A-----G-----G-----G-----G-----A-----GC--T-----G-----A-----CT--T-----CGTT 1677
 S T L Q E Q I G W M T N N P P I P V G E I Y K R W I I L G L N K I V R M Y S P T Gag

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

175

HIV-1/SIVcpz complete genomes



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	AGCATTCTGGACATAAGACAAGGACCAAGGAAACCCCTTTAGAGACTATGTAGACCGGTTCTATAAACTCTAAGAGCCGAGCAAGCTTCACAGGAGGTAAAAAATTGGATGACAGAAACCTTGGTGGTCC	1759
A1. KE. 00. MSA4069	-----CT---T---A-----G-----A-----C-----T-----TA-----T---GGT---C---T---G---A-----GG-----C---A---AC-----	964
A1. KE. 94. Q23_17	-----T---T---A-----G-----A-----C-----T-----TA-----T-T-----T-C-----T-----A-----T-----C---A---AC-----	1223
A1. SE. 94. SE7253	-----T---T---A-----G-----A-----C-----T-----TA-----T-----C-----T-----A-----T-----C---A---AC-----	966
A1. TZ. 97. 97TZ02	-Y---T-A-T---A-----G-----A-----C-----T-----TA-----T-----C-----T-----A-----T-----GG-----C---A---AC-----	960
A1. UA. 00. 98UA0116	-----T-A-----G-----A-----C-----T-----TA-----T-----T-----T-----A-----T-----G-C-----C---C-----	1764
A1. UG. 85. U455	-----T-----G-----A-----C-G-T-----TA-A-T-----C-----T-----A-----T-----C-----C-----C-----	1214
A1. UG. 92. 92UG037	-----T---T---A-----G-----A-----C-----T-----TA-----T-T-----C-----T-----A-----T-----GG-----G---AC---A-----	1129
A2. CD. 97. 97CDKS10	0
A2. CD. 97. 97CDKTB48	-----T-----A-----G-----A-----T-----TA-----T-----C-----T-----A-----C-----C-----C-----	1124
A2. CY. 94. 94CY017_41	-----T-----G-----A-----T-----G-TA-----T-----C-----T-----CA-----C-----G-C-----C-----	1116
B. AR. 99. ARMA132	-----T---T-----T-----A-----A-----	964
B. AU. 95. MBCC54	-----T-----G-----T-----	1119
B. BO. 99. BOL0122	-----T-----G-----G-T-----A-----T-----G-T-A-----A-----A-----	976
B. CN. -. RL42	T-----A-----G-----G-----A-----T-----A-----T-----	1131
B. ES. 89. S61K15	-----A-----G-----	1758
B. GA. 88. OYI	-----A-----T-----	1305
B. GB. 83. CAM1	-----G-----A-----T-A-----	1761
B. NL. 86. 3202A21	-----T-----T-----T-----G-----C-----	1761
B. TH. 90. BK132	-----T-----T-----G-----C-----	1110
B. US. 83. RF	-----T-----T-----C-----T-----CC-----	1273
B. US. 90. WEAU160	-----T-----A-----T-----	1758
C. BR. 92. 92BR025	-----T---A---G-----T-----A---A---A-C---A---T-----T-----	1103
C. BW. 00. 00BW3891_6	-----T---A---G-----T-----T-----T-----T---A---A---A---T-----C---C---A---T-----	1141
C. BW. 96. 96BW0502	-----T---C---G-----T-----T-----T-----T---A---A---A---T---G-----C-----	1237
C. ET. 86. ETH2220	-----T---A---T-----T-----CT---T---A---A---A---T-----C-----	1133
C. IL. 98. 98IS002	-----T---A---G-----T-----T-----CT---T---A---A---A---T-----C-----	1096
C. IN. 95. 95IN21068	-----T---G-----T-----T---A---A---A---T-----C-----	1128
C. IN. 99. 01IN565_10	-----T---A---G---A-----T-----T---G---T-----T---A---A---A---C---A---C-----	1158
C. KE. 00. KER2010	-----T---G-----T-----T---A---A---A---A---A---C---T-----	955
C. MM. 99. mIDU101_3	-----T---A---G-----T-----T---A---A---A---A---T-----A-----	1128
C. TZ. 97. 97TZ04	-----T---G-----A-A---T---G-AT---T---A---A---A---T---G---C-----	957
C. TZ. 98. 98TZ017	-----T---G-----CT---T---A---A---A---T-----C-----	1110
C. ZA. 01. 2134MB	-----T---G-----T-----T-----T---A---A---A---T-----C-----	1194
C. ZA. 97. 97ZA003	-----T---A---G-----T-----T-----T---A---A---A---T-----C-----	1093
C. ZM. 96. 96ZM651	-----T---A---G-----TC---T-----T---A---G---A---A---A---C-----	1103
D. CD. 83. ELI	-----T---G-----T-----T-----	1305
D. CD. 83. NDK	-----T---G-----T-----T-----C-----	1294
D. CD. 85. Z226	-----T---G-----T-----T-----A---A---GG-----	1762
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	-T---T---T---A---G-----A-----A-----A---A---GG-----T-----	952
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	-----T---A-----G---T-----A-----A-----C-----	964
D. TD. 99. MN012	-----T---T---A-----T-----A---A---GG-----	977
D. UG. 94. 94UG114	-----T-----T-----T-----T-----	1108
D. UG. 99. 99UGA08483	-----T-----G-----T-----T-----T-----	964
D. UG. 99. 99UGB21875	-----T-----T-----C-----T-----T---G-----	964
F1. BE. 93. VI850	-----T---A---G---A-----A---A---T---GTC---T-----C---GGG---C---A-----	1102
F1. BR. 93. 93BR020_1	G---T---G---A---T---C-----T-----A---A---GGG---C-----	1090
F1. FI. 93. FIN9363	-----T---G---A---T---G-----T-----A---A---GGG---C-----	1094
F1. FR. 96. MP411	-----T---G---A---T---G-----T-----A---A---GGG---G---C---G-----	958
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	-----T---G---A---T---GTC---T-----A---A---GGC---C-----	952
F2. CM. 95. MP255	-----T---A---G---A---T---T---A---A---C-----	958
F2. CM. 95. MP257	-----T---A---G---A---T---T---CA-G---A---GGC---C-----	970
F2. CM. 97. CM53657	-----T---A---G---A---T---T---A---A---GGC---C-----	952
G. BE. 96. DRCBL	-----T---G---G---A---T---G-TA-A---T---C---G---T---A---A---GC---C---A-----	1723
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	-----T---A---G---A---T---A---T---T-G---T---A---A---A---GGC---T-----	964
G. FI. 93. HH8793_12_1	-----T---G---A---T---T---A---T---T---T---A---A---A---GGC---C-----	1161
G. NG. 92. 92NG083	-----T---A---G---A---T---TA---T---T-G---T---A---A---GG---C---T-----	1125
G. SE. 93. SE6165	-----T---A---G---A---T---TA---T---TG-T-G---T---A---A---GGC---C-----	1162
H. BE. 93. VI991	-----T---A---A---C---T---G-GT-T---T---A---T---C---C-----	1151
H. BE. 93. VI997	-T-----A---G---A---C---A---T---T---T---T---CA---G---G---C-----	1086
H. CF. 90. 056	-----T---A---G---A---T---T---T---T---CA---T---G---G-----	1106
J. SE. 93. SE7887	-T---T---T---A---T-----A---T---G-----T-----A---T-----T---C-----	1082
J. SE. 94. SE7022	-----T---T---A---T---C-----A---A---T---G-----T-----A---T-----T-----	1083
K. CD. 97. EQTB11C	-----T---G---A-----TA---T---G-GT---T---A---CA---A---C-----	958
K. CM. 96. MP535	-----T---G---A-----TA---T---T---C-----T---A---CA---A---G---C---C-----	958





B. FR. 83. HXB2

01_AE.CF.90.90CF4071
 01_AE.JP.93.93JP_NH1
 01_AE.TH.90.CM240
 01_AE.TH.93.93TH9021
 02_AG.CM.02.02CM_1677LE
 02_AG.CM.97.97CM_MP807
 02_AG.FR.91.DJ264
 02_AG.NG.-.IBNG
 02_AG.SE.94.SE7812
 03_AB.BY.00.98BY10443
 03_AB.RU.97.KAL153_2
 03_AB.RU.98.RU98001
 04_cpx.CY.94.CY032
 04_cpx.GR.91.97PVCH
 04_cpx.GR.97.97PVMY
 05_DF.BE.-.VI1310
 05_DF.BE.93.VI961
 05_DF.ES.99.X492
 06_cpx.AU.96.BFP90
 06_cpx.ML.95.95ML127
 06_cpx.ML.95.95ML84
 06_cpx.SN.97.97SE1078
 07_BC.CN.-.CNG1179
 07_BC.CN.97.97CN001
 07_BC.CN.97.CN54
 07_BC.CN.98.98CN009
 08_BC.CN.97.97CNGX_6F
 08_BC.CN.97.97CNGX_7F
 08_BC.CN.97.97CNGX_9F
 08_BC.CN.98.98CN006
 09_cpx.GH.96.96GH2911
 09_cpx.SN.95.95SN1795
 09_cpx.SN.95.95SN7808
 09_cpx.US.99.99DE4057
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF071
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF110
 11_cpx.CM.02.02CM_4118STN
 11_cpx.CM.96.4496
 11_cpx.FR.99.MP1298
 11_cpx.GR.-.GR17
 12_BF.AR.97.A32989
 12_BF.AR.99.ARMA159
 12_BF.UY.99.URTR23
 12_BF.UY.99.URTR35
 13_cpx.CM.02.02CM_3226MN
 13_cpx.CM.96.1849
 13_cpx.CM.96.4164
 14_BG.ES.00.X475
 14_BG.ES.00.X477
 14_BG.ES.00.X623
 14_BG.ES.99.X397
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1331
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1332
 15_01B.TH.99.99TH_MU2079
 15_01B.TH.99.99TH_R2399
 16_A2D.KE.00.KISII5009
 16_A2D.KR.97.97KR004
 N.CM.-.YBF106
 N.CM.95.YBF30
 O.BE.87.ANT70
 O.CM.-.96CMABB009
 O.CM.91.MVP5180
 O.SN.99.SEMP1299
 CPZ.CD.-.ANT
 CPZ.CM.98.CAM5
 CPZ.GA.-.CPZGAB
 CPZ.US.85.CPZUS
 Gag p24

AGCATTCTGGACATAAGACAAGGACCAAGGAACCCCTTTAGAGACTATGTAGACCGGTTCTATAAACTCTAAGAGCCGAGCAAGCTTCACAGGAGGTAAAAAATGGATGACAGAAACCTTGTGGTCC 1759
 -----T-----T-----G-----A-----C-----TA-----T-----C-----G-----A-----A-----C-----A----- 1702
 -----T-----G-----A-----C-----TA-----C-----G-----A-----A-----C-----C-----A----- 1776
 -----T-----G-----A-----C-----TA-----C-----G-----A-----A-----C-----C-----A----- 1324
 -----T-----G-----A-----G-----CC-----A-----TA-----C-----G-----A-----A-----GA-----C-----C-----AA----- 1779
 -----T-----G-----A-----T-----A-----T-----T-----G-----T-----A-----A-----G-----C-----C-----A----- 955
 -----CT-----A-----T-----TA-----T-----T-----G-----T-----A-----A-----G-----C-----C-----A----- 921
 -----T-----G-----A-----TA-----T-----T-----G-----T-----A-----GA-----C-----C-----C----- 1114
 -----T-----G-----A-----T-----TA-----T-----T-----G-----T-----A-----A-----G-----C-----C----- 1290
 -----T-----G-----A-----T-----TA-----T-----T-----T-----A-----A-----T-----C-----C----- 1137
 -----T-----G-----A-----C-----TA-----T-----T-----T-----T-----A-----T-----G-----C-----C-----C----- 1768
 -----T-----G-----A-----C-----TA-----T-----T-----T-----T-----A-----T-----G-----C-----C-----C----- 991
 -----T-----G-----A-----C-----TA-----T-----T-----T-----T-----A-----T-----G-----C-----C-----C----- 1135
 -----CT-----A-----C-----T-----TA-----T-----TG-----C-----A-----A-----A-----C-----G-----C-----C----- 1125
 -----CT-----G-----A-----C-----T-----TA-----T-----TG-----C-----A-----A-----A-----C-----C-----C----- 1776
 -----CT-----GA-----A-----C-----T-----TA-----A-----T-----TG-----C-----A-----A-----A-----C-----T-----C----- 1773
 -----T-----T-----G-----T-----A-----A-----C-----A-----A-----C-----A-----A-----C-----A----- 1138
 -----T-----G-----T-----C-----A-----A-----C-----T-----C-----C-----C-----A----- 1114
 -----T-----G-----T-----A-----A-----C-----A-----A-----C-----C-----A----- 1112
 G-----T-----A-----A-----C-----G-----T-----TA-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----C----- 1784
 -----T-----G-----A-----T-----C-----G-----T-----TA-----TC-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----C----- 1776
 -----T-----G-----A-----C-----G-----T-----TA-----T-----G-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----C----- 996
 -----T-----G-----A-----C-----G-----T-----A-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----C----- 1803
 -----A-----G-----T-----T-----T-----G-----A-----A-----A-----T-----C-----C----- 977
 -----A-----G-----T-----T-----T-----G-----A-----A-----A-----T-----C-----C----- 1097
 -----A-----G-----T-----T-----T-----G-----A-----A-----A-----T-----C-----C----- 955
 -----A-----G-----T-----T-----T-----G-----A-----A-----A-----T-----C-----C----- 1097
 -----A-----G-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----T-----C-----A----- 957
 -----A-----G-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----T-----C-----A----- 963
 -----A-----G-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----T-----C-----A----- 957
 -----A-----G-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----T-----C-----A----- 1109
 -----T-----T-----G-----A-----C-----G-----TA-----A-----T-----C-----T-----A-----T-----A-----C-----C----- 970
 -----T-----T-----G-----A-----C-----G-----TA-----T-----C-----T-----T-----A-----C-----C-----C----- 970
 -----T-----G-----A-----T-----C-----TA-----T-----C-----T-----A-----C-----C-----C----- 955
 -----T-----G-----A-----C-----G-----A-----T-----C-----G-----A-----T-----C-----C----- 964
 -----T-----A-----G-----T-----T-----T-----G-----T-----C----- 1138
 -----T-----T-----G-----T----- 1136
 -----T-----T-----T----- 1136
 -----A-----G-----A-----A-----C-----TA-----T-----C-----T-----A-----G-----A-----G-----GGA-----T-----A-----A-----T----- 964
 -----T-----R-----G-----A-----C-----T-----TA-----T-----C-----T-----A-----A-----A-----GC-----C-----A----- 1128
 -----T-----G-----A-----C-----T-----TA-----T-----TC-----C-----T-----A-----A-----T-----C-----AC-----A----- 1762
 -----T-----G-----A-----C-----T-----A-----A-----T-----TC-----T-----T-----A-----G-----C-----C-----A----- 1070
 -----T-----G-----A-----T-----C-----T-----C-----T-----A-----A-----A-----GGG-----C-----C----- 1314
 -----T-----G-----A-----T-----C-----T-----C-----T-----A-----A-----A-----G-----C-----C----- 1767
 -----T-----T-----G-----A-----T-----G-----A-----T-----C-----T-----A-----A-----GG-----C-----C----- 1788
 -----T-----G-----A-----T-----C-----T-----A-----A-----A-----GGG-----C-----C----- 1767
 -----T-----A-----G-----A-----T-----A-----T-----T-----G-----T-----A-----T-----C-----C----- 964
 -----T-----G-----A-----T-----T-----T-----G-----T-----A-----T-----C-----C----- 1137
 -----T-----A-----G-----A-----T-----A-----T-----T-----T-----A-----A-----GGC-----C----- 1137
 -----T-----T-----G-----A-----T-----T-----TA-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----GGC-----C----- 1203
 -----T-----T-----G-----A-----T-----T-----TA-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----GGC-----C----- 1206
 -----T-----T-----G-----A-----G-----T-----T-----TA-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----GGC-----C----- 1205
 -----T-----T-----G-----A-----T-----T-----TA-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----GGC-----C----- 1206
 G-----T-----A-----G-----A-----C-----A-----A-----C-----A-----A-----C-----A-----A-----C-----T-----C-----A----- 982
 -----T-----G-----A-----C-----A-----A-----C-----T-----A-----A-----A-----C-----C-----A----- 989
 -----T-----G-----A-----C-----TA-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----C----- 1167
 -----T-----G-----A-----C-----G-----A-----C-----G-----A-----A-----A-----C-----C-----AC-----A----- 1126
 -----T-----A-----G-----A-----T-----TA-----T-----C-----T-----A-----A-----A-----A-----C-----C----- 958
 -----T-----G-----A-----T-----TA-----T-----C-----T-----A-----A-----A-----A-----C-----C----- 1120
 -----A-----G-----C-----AG-----A-----G-----T-----A-----C-----T-----A-----G-----AA-----T-----G-----AC-----C-----A-----A----- 1324
 -----A-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----A-----G-----AA-----A-----G-----AC-----C-----A-----A----- 1323
 -----CT-----A-----T-----T-----AG-----G-----A-----A-----T-----T-----C-----AT-----T-----A-----T-----A-----A-----TC-----C-----T-----T----- 1808
 -----C-----A-----TG-----T-----G-----G-----A-----A-----T-----A-----C-----TAT-----T-----AA-----T-----A-----A-----C-----C-----T-----T----- 1232
 -----CT-----A-----T-----T-----G-----G-----A-----A-----C-----T-----T-----T-----C-----AT-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----C-----T-----T----- 1783
 -----CT-----A-----T-----T-----G-----G-----A-----A-----C-----T-----T-----C-----AT-----T-----A-----G-----AA-----T-----A-----A-----C-----C-----T-----T----- 1810
 -----A-----G-----A-----G-----C-----T-----G-----TA-----A-----AA-----T-----A-----A-----G-----CCT-----G-----GCC-----AA----- 1180
 -----T-----A-----T-----C-----A-----G-----T-----A-----G-----A-----C-----G-----T-----TA-----T-----T-----A-----A-----G-----AA-----A-----T-----C-----C-----T-----A-----T----- 1452
 -----T-----C-----T-----C-----G-----G-----G-----C-----T-----G-----A-----A-----C-----T-----G-----T-----A-----G-----A-----G-----TC-----C-----A-----G----- 1820
 G-----T-----CT-----A-----T-----C-----AG-----G-----T-----A-----G-----C-----AT-----A-----A-----T-----CA-----A-----CC-----G-----C-----T-----A----- 1807

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

177

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

HIV-1/SIVcpz complete genomes



	Gag p24 Capsid end \ / Gag p2 start																																												
	AAAATGCGAACCCAGATTGTAAGACTATTTTAAAGCATTGGGACCAGCGCTACACTAGAAGAAATGATGACAGCATGTGAGGAGTAGGAGACCCGCCATAAGGCAAGAGTTTTGGCTGAAGCAAT										1889																																		
B. FR. 83. HXB2																																													
01_AE.CF.90.90CF4071												1832																																	
01_AE.JP.93.93JP NH1												1906																																	
01_AE.TH.90.CM240												1454																																	
01_AE.TH.93.93TH9021												1909																																	
02_AG.CM.02.02CM 1677LE												1085																																	
02_AG.CM.97.97CM MP807												1051																																	
02_AG.FR.91.DJ264												1244																																	
02_AG.NG.-.IBNG												1420																																	
02_AG.SE.94.SE7812												1267																																	
03_AB.BY.00.98BY10443												1898																																	
03_AB.RU.97.KAL153_2												1121																																	
03_AB.RU.98.RU98001												1265																																	
04_cpx.CY.94.CY032												1255																																	
04_cpx.GR.91.97PVCH												1906																																	
04_cpx.GR.97.97PVMY												1903																																	
05_DF.BE.-.VI1310												1268																																	
05_DF.BE.93.VI961												1244																																	
05_DF.ES.99.X492												1242																																	
06_cpx.AU.96.BFP90												1914																																	
06_cpx.ML.95.95ML127												1906																																	
06_cpx.ML.95.95ML84												1126																																	
06_cpx.SN.97.97SE1078												1933																																	
07_BC.CN.-.CNGL179												1107																																	
07_BC.CN.97.97CN001												1227																																	
07_BC.CN.97.CN54												1085																																	
07_BC.CN.98.98CN009												1227																																	
08_BC.CN.97.97CNGX_6F												1087																																	
08_BC.CN.97.97CNGX_7F												1093																																	
08_BC.CN.97.97CNGX_9F												1087																																	
08_BC.CN.98.98CN006												1239																																	
09_cpx.GH.96.96GH2911												1100																																	
09_cpx.SN.95.95SN1795												1100																																	
09_cpx.SN.95.95SN7808												1085																																	
09_cpx.US.99.99DE4057												1094																																	
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061												1268																																	
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071												1266																																	
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110												1266																																	
11_cpx.CM.02.02CM 4118STN												1094																																	
11_cpx.CM.96.4496												1258																																	
11_cpx.FR.99.MP1298												1892																																	
11_cpx.GR.-.GR17												1200																																	
12_BF.AR.97.A32989												1444																																	
12_BF.AR.99.ARMA159												1897																																	
12_BF.UY.99.URTR23												1918																																	
12_BF.UY.99.URTR35												1897																																	
13_cpx.CM.02.02CM 3226MN												1094																																	
13_cpx.CM.96.1849												1267																																	
13_cpx.CM.96.4164												1267																																	
14_BG.ES.00.X475												1333																																	
14_BG.ES.00.X477												1336																																	
14_BG.ES.00.X623												1335																																	
14_BG.ES.99.X397												1336																																	
15_01B.TH.02.02TH OUR1331												1112																																	
15_01B.TH.02.02TH OUR1332												1119																																	
15_01B.TH.99.99TH MU2079												1297																																	
15_01B.TH.99.99TH R2399												1256																																	
16_A2D.KE.00.KISII5009												1088																																	
16_A2D.KR.97.97KR004												1250																																	
N.CM.-.YBF106												1454																																	
N.CM.95.YBF30												1453																																	
O.BE.87.ANT70												1938																																	
O.CM.-.96CMABB009												1362																																	
O.CM.91.MVP5180												1913																																	
O.SN.99.SEMP1299												1940																																	
CPZ.CD.-.ANT												1310																																	
CPZ.CM.98.CAM5												1582																																	
CPZ.GA.-.CPZGAB												1950																																	
CPZ.US.85.CPZUS												1937																																	
Gag p24	Q	N	A	N	P	D	C	K	T	I	L	K	A	L	G	P	A	A	T	L	E	E	M	M	T	A	C	O	G	V	G	G	P	G	H	K	A	R	V	L	A	E	A	M	Gag p24 Capsid end \ / Gag p2 start



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	Gag p2 end	/	Gag-Pol fusion TF protein start	
			Nucleocapsid (NC) start	
B.FR.83.HXB2	GAGCCAAGTAACAAATTCA	GCTACCATA...ATGATGCAGAGGGCAAT...TTTAGGACCAAGAAAGATGTTAAGTGTTC	1995
A1.KE.00.MSA4069	--T-G-C-CA--A--	--AAG--.....A.....	1194
A1.KE.94.Q23_17	--T--CA-C-A--	--A--.....A-GG-G-A-GA...A.....	1453
A1.SE.94.SE7253	--T--C-CA-C-ACAT	--A-A-TG--.....C.....	1199
A1.TZ.97.97TZ02	--T-G--CAGC-A--	--A--.....A-GG-G-A-G...A.....	1190
A1.UA.00.98UA0116	--T--CA--G--	--A--.....A-A-T.....	1994
A1.UG.85.U455	--T--CA-C-GA--	--G--.....G--CG--GA...A.....	1444
A1.UG.92.92UG037	--T--CA-C-A--	--A--.....A-GG-G-A-G...A.....	1359
A2.CD.97.97CDKS10	0
A2.CD.97.97CDKTB48CA--A--A-GGT--A-GA...A.....	1354
A2.CY.94.94CY017_41T--CA-G-A--AATA-A-A.....GGT--A-GA...A.....	1352
B.AR.99.ARMA132A--A--.....A.....	1200
B.AU.95.MBCC54A--C--.....A.....	1355
B.BO.99.BOL0122GGG.....C-G.....	1212
B.CN.-.RL42GCTATAACAAATTCA--C-T--	1382
B.ES.89.S61K15A.....	1994
B.GA.88.OYITC--G--.....A.....	1538
B.GB.83.CAM1A.....	1997
B.NL.86.3202A21A.....	1997
B.TH.90.BK132G.....A.....	1346
B.US.83.RFC--A--T.....G--C--A.....	1509
B.US.90.WEAU160A.....G.....	1994
C.BR.92.92BR025-A--AC--A---A--A--.....G--AAGG--CT-A--GA-C-A--A-C--C--G--T--	1336
C.BW.00.00BW3891_6-AC--AC-G---ACA--C.....AAGG-TCT--GA-A--A-C--C--G--T--	1371
C.BW.96.96BW0502-G-C--AC-G-GT---A-A--.....AAGG--CT--GA-A--A--C--C--G--T--	1470
C.ET.86.ETH2220-AC--A---A-A--.....A-GG--CT-A--GAGCAA--A--C--G--T--	1366
C.IL.98.98IS002-C--AC--A---A-A--.....A-GG--CT--GA-C-A--A-C--C--T--G--TCT--	1329
C.IN.95.95IN21068-AC--AC-G-G-C-C--A--A--.....AAGG-TCT-A--GA--A--C--C--G--T--	1358
C.IN.99.01IN5655_10-C--AC--G--AGC-C--A--A--.....AAGG--CT-A--GA--A--A--C--C--G--T--A	1388
C.KE.00.KER2010-C--AC--G---T--A--A--.....AA-G--CT-A--GA--A--A--C--C--G--T--	1188
C.MM.99.mIDU101_3-AC--AC-G-G-C-C--G-A--A--.....AAGG--CT-A--GA-C--A--T--C--G--T--	1358
C.TZ.97.97TZ04-G--AC--GA---AT--C--G-A--A--.....CT-GA...A-CCA...A--A--G--A--T--	1184
C.TZ.98.98TZ017-C--AC--G---AT--A--A--.....AAGG-ACT-G-A-C--A--C--G--A--T--	1343
C.ZA.01.2134MB-CT--AC--AT---A--A--.....AAGG-TCT-AG-GA-C-A--A--C--C--G--T--T	1427
C.ZA.97.97ZA003-C--AC--G---A--C.....AAGG-TCT-A--GA--C--A--C--G--T--TC--	1323
C.ZM.96.96ZM651-AC--AT-G-GT---C.....AAGGAA-T-A--GA-G--A--A--T--C--T--G--T--	1336
D.CD.83.ELI-C--GTT---A--AGC--.....A-GG-C--A--A--A--T--A	1544
D.CD.83.NDK-GG--GCTA-G-AG.....A-GG-C--A-G-A--C--G--A	1533
D.CD.85.Z2Z6-C--GCT--CG-AG.....A-GG-C--A-C-A--C--T--A	2001
D.CM.01.01CM_0009BBY-C--GG-G-CTCTG-A--.....A-GG-C--G-GA-C--C--T--A	1191
D.KE.01.01KE_NKU3006-C--A-TGCTAAT--G-T.....GG.....A-GG-AC--G-A-CA--C--C--T--A	1203
D.TD.99.MN012-C--G-AACTCT--G-A--.....G--G--C--G-A-C--A--C--G--T--A	1216
D.UG.94.94UG114-C--AATA-G-T.....A-GG-C--AG-A-CA--A--C--G--G-A	1347
D.UG.99.99UGA08483-C-T--CAGTCAAT--G--.....A-GG-C--AG-A-CA--A--C--G--T--G	1203
D.UG.99.99UGB21875-A--C-G--GCAGC--T--.....G--G--C--AG--AGCCA--C--G--T--A	1200
F1.BE.93.VI850-T--C--G--.....A-A-T.....A-GG--GAG--A--T--A--T--	1332
F1.BR.93.93BR020_1-C--A--G-T--.....A-A-T-C.....A-GG--GA--A-C--T--A--T--	1323
F1.FI.93.FIN9363-C--A--G--.....A-A-T.....GG--GA--A--T--A--T--	1324
F1.FR.96.MP411-C--G--G-T--.....A-A-T-C.....A-A-GG-C--GAT-A--A--T--A--T--	1191
F2.CM.02.02CM_0016BBY-A--GC-A--T-G--.....C.....A-A-C.....A-GG--A-GA--C--C--A--T-T--T	1185
F2.CM.95.MP255-A--C--G-A--G--.....A-A-C.....A-GG--A-GA--C--C--A--T-T--T	1191
F2.CM.95.MP257-A--C--GG-G--G--.....AGA-C.....A-GG--GA--A--T--C--A--T-T--T	1203
F2.CM.97.CM53657-A--C--TC-A--T--.....T.....A-A-C.....A-GG--GA--A--T--T--T	1185
G.BE.96.DRCBL-G-C-T--GG-G--GCA-AG--.....A-A--.....C-A-GG-C--GA-CAA--A--C--G--A-TCT--	1962
G.CM.01.01CM_4049HAN-G-C-T--GCAA--ACAG--.....A-A--.....A-GG--CG--GA-C-A--C--G--A-TCT--	1200
G.FI.93.HH8793_12_1-G-C--GG-G--GCA-AG--.....A-A-C.....A-GG--CG-A--GA-A-A-C--G--A-TT--	1400
G.NG.92.92NG083-G-C-T--GG-G--GCAGCA-AG--.....A-A--.....A-GG--CG--GA--A--C--C--G--A-TCT--	1367
G.SE.93.SE6165-G-CCT--GG-G--GCA-AG--.....A--.....A-GG--CG--GA-C-A-C-A--C--G--A-TCT--	1401
H.BE.93.VI991-G--AGT--AG--.....A--C.....A-GG-C--GA-C--A--C--C--G--A-T--	1390
H.BE.93.VI997-G--AAT--AG--.....A-A-C.....A-GG-C--A--A--C--G--A-T--	1325
H.CF.90.056-A--AATA-AG--.....A--C.....A-GG--AT--A--C--C--G--A-T--	1345
J.SE.93.SE7887-G-C--A-C-A--A--.....A--T-C.....G--T-A-GA--A--C--C--G--A-T--A	1315
J.SE.94.SE7022-G-C--A---A--A--.....A--T-C.....G-T--T-A-GA--A--C--C--G--A-T--A	1316
K.CD.97.EQTB11C-G--G-G--.....C.....A-GGT--GA--A--C--C--A--CT--	1191
K.CM.96.MP535-G--C.....GTTC--.....A--C.....A-GG--T--A--C--C--C--T--	1191



/ Gag-Pol fusion TF protein start
 Gag p2 end / Nucleocapsid (NC) start

GAGCCAAGTAAACAATTCA GCTACCATA . . . ATGATGCAGAGAGGCAAT . . . TTTAGGAACCAAGAAGATTGTTAGTGTTCATTTGGCAAAGAAGGGCACACAGCC 1995

01 AE.CF.90.90CF4071 ---T---CA-C-G--- ---A-GG-G-A-GA..A---C---G---A---CT--- 1932
 01 AE.JP.93.93JP NH1 ---C-C-CA-C-G--- -GT--- ---A-GG-G-A-GA..A---C---G---A---CT--- 2003
 01 AE.TH.90.CM240 ---C-C-CA-C-G--- -T--- -C-A-GG-G-A-GA..A---C---T-G---A---CT--- 1554
 01 AE.TH.93.93TH9021 ---C-CA-C-G--- -AT--- ---A-GG-G-A-GA..A---C---G---A---CT--- 2009

02 AG.CM.02.02CM 1677LE ---T---A-CAGC-G-C -AT--- AGG-G-A-CA..A-A-A---C---A---CT--- 1185
 02 AG.CM.97.97CM MP807 ---T---CA-C-GG--- GGTG--- -GG-G-C-CA..A-A---C---G---A---CT--- 1151
 02 AG.FR.91.DJ264 ---T---CA-C-A-C -A--- -GG-G-CA..A-A---C---A---CT--- 1344
 02 AG.NG.-.IBNG ---T---CA-C-GG-C -A-G -GG-G-CA..A-A---C---A---CT--- 1520
 02 AG.SE.94.SE7812 ---T---CA-C-GC-C -AT--- -GG-G-CCA..A-A---C---A---CT--- 1367

03 AB.BY.00.98BY10443 ---T---CA---G--- -A--- A-A-T--- -GG-C-A-GA..A---C---C-A-C--- 1998
 03 AB.RU.97.KAL153 2 ---T---CA---G--- -A--- A-A-T--- -GG-C-A-GA..A---C---A---CT--- 1221
 03 AB.RU.98.RU98001 ---T---CA---G--- -A--- A-A-T--- -GG-C-A-GA..A---C---C-A---CT--- 1365

04 cpx.CY.94.CY032 ---G-C-T---G-GCAGCA G--- A-A---A A-GG-C-A-GA-C-A---C---G---A-TCT--- 1364
 04 cpx.GR.91.97PVCH ---G-C-T---G-GCAGCA G--- A-A---A -GG-G-A-GA-A---C---G---A-TCT--- 2015
 04 cpx.GR.97.97PVMY ---G-C-T---G-G-GCAGCA G--- A-A---A -A-GG-CG-GA-G-A---C---G---A-TCT--- 2012

05 DF.BE.-.V11310 ---C---GCTGCT -AGC--- -A-GG-C---A-A---C---T---T--- 1377
 05 DF.BE.93.VI961 ---C---GGA---CCT G-AG--- -A-GG-C---A-G-A---C---T---A 1350
 05 DF.ES.99.X492 ---C---AG---ACT G-AG--- -A-GG-C---GA-G-A---A---C---T---A 1348

06 cpx.AU.96.BFP90 ---G-C-T---GT-GG--- G--- A-A--- -A-GG-CG-A-G-A---C---G---A-TCT--- 2017
 06 cpx.ML.95.95ML127 ---G-C-T---GGCA-TTAAACA G--- A-A--- -A-GG-CG-A-G-A---C---GG-A-TCT--- 2015
 06 cpx.ML.95.95ML84 ---G-C-T---GG-A-GTAGCAGCA G-A--- -A-GG-C---A-A---C---G---A-TCT--- 1235
 06 cpx.SN.97.97SE1078 ---G---T---GG-G-ACAGCA G--- AGA--- -A-GG-G---A-A-A---C---G---A--- 2042

07 BC.CN.-.CNGL179 ---AC-AC-G-G-C C--- A--- -A-GG-TCT-A-GA-G---A---C---G---T--- 1207
 07 BC.CN.97.97CN001 ---AC-AC-G-G-C C--- A--- -AAGG-TCT-A-GA---A---C---G---T--- 1327
 07 BC.CN.97.CN54 ---AC-AC-G-G-C C--- A--- -AAGG-TCT-A-GA---A---C---G---T--- 1185
 07 BC.CN.98.98CN009 ---AC-AC-G-A-C C--- A--- -AAGG-TCT-A-GA---A---C---G---T--- 1327

08 BC.CN.97.97CNGX 6F ---AC-AC--A-C C--- A--- -AAGG-TCT-A-GA---A---C---G---T--- 1187
 08 BC.CN.97.97CNGX 7F ---AC-AC--A-C C--- A--- -AAGG-TCT-A-GA---A---C---G---T--- 1193
 08 BC.CN.97.97CNGX 9F ---AC-AC--A-C C--- A--- -AAGG-TCT-A-GA---A---C---G---T--- 1187
 08 BC.CN.98.98CN006 ---AC-AC-G-A-C C--- A--- -AAGG-TCT-A-GA---A---C---G---T--- 1339

09 cpx.GH.96.96GH2911 ---T---CA---A--- A--- C-A---A--- -A-GGT-G-A-GA..A---C---A---MYT--- 1200
 09 cpx.SN.95.95SN1795 ---T---G-C-CA---A--- A--- C-A---A---A--- -A-GG---A-GA..A---C---T-G---A---CT--- 1200
 09 cpx.SN.95.95SN7808 ---T---GCA---A--- A--- C-A---A--- -A-GG---G-A-GA..A---C---A---T--- 1185
 09 cpx.US.99.99DE4057 ---T---CA---A--- A--- C-A---G--- -A-GGT-G-A-GA..A---C---A---CTG--- 1194

10 CD.TZ.96.96TZ BF061 ---G-C---GG-GG--- AAT . . . -T--- -A-GG-C-AG-A-GCA---C---G---A--- 1374
 10 CD.TZ.96.96TZ BF071 ---G-C---GGG--- AAT . . . G-T--- -A-GG-CC-AG-GA-CA---C---G---T---A 1372
 10 CD.TZ.96.96TZ BF110 ---C---G-GG--- AAT . . . G-T--- -A-GG-C-AG-A-ACA---C---A---T---A 1372

11 cpx.CM.02.02CM 4118STN ---CA-C-A--- -AT--- A--- -A-GG-G-AGCGA..A---C---G---A-TCT--- 1194
 11 cpx.CM.96.4496 ---CA-C-GA--- -AT--- A--- -A-GG-G-A-GA..A---C---G---A-CT--- 1358
 11 cpx.FR.99.MP1298 ---C-G-C-AA--- -ATG--- -A-GG-G-GA..A---C---G---A-CT--- 1992
 11 cpx.GR.-.GR17 ---C-CA-C-A--- -AT--- A--- -A-GG-G-A-GA..A---C---G---A-TCT--- 1300

12 BF.AR.97.A32989 ---A--- -TG--- A-A-T-C -A-GG-C---GA---A---A---G---C---T--- 1547
 12 BF.AR.99.ARMA159 ---C---G-A--- G-TG--- A-A-T-GC -ATGG---GA---A---AC---A---T--- 2000
 12 BF.UY.99.URTR23 ---C---G-A--- -TG--- A-A-T-C -A-GG---GA---A---A---G---A---T--- 2021
 12 BF.UY.99.URTR35 ---A--- -TG--- A-A-T-C -AAGG---GA---A---A---G---A---T--- 2000

13 cpx.CM.02.02CM 3226MN ---G-C-T---GG-G-ACA -AG--- C--- A-A-T--- -A-GG-C-A-GA-A---C---G---A-TCT--- 1203
 13 cpx.CM.96.1849 ---G-CCT---G-G-GCAGCA -AG--- A--- -A-GG-C-A-GA-A---C---GG-A-TCT--- 1379
 13 cpx.CM.96.4164 ---G-C-T---GG-G-GTAAACA -AG-A--- A-A-T--- -A-GG-C-A-GGA-GGA---C---G---A-TGT--- 1379

14 BG.ES.00.X475 ---TG-C-T---GGGG--- -AG--- A-A-A--- -A-GGT-C---GA-A-A---C---G---A-CT---T 1436
 14 BG.ES.00.X477 ---G-C-T---GGGG--- -AG--- A-A-A--- -A-GGT-C---GA-A-A---C---G---A-CT---T 1439
 14 BG.ES.00.X623 ---G-C-T---GGGG--- -A--- A-A--- -A-GGT-C-G---GA-AGA---C---G---A-CT---T 1438
 14 BG.ES.99.X397 ---G-C-T---GGGG--- -A--- A-A-A--- -A-GGT-C---GA-ACA---C---G---A-CT---T 1439

15 01B.TH.02.02TH OUR1331 ---A---C-CA-C-GG--- -AT--- A--- -A-GG-G-A-G -C---C---G---A---CT--- 1212
 15 01B.TH.02.02TH OUR1332 ---A---C-CA-C-GG--- -AT--- A--- -A-GG-G-A-GA..A---C---C---G---A---CT--- 1219
 15 01B.TH.99.99TH MU2079 ---T---CA-C-GA--- -ATG--- -A-GG-G-A-GA..A---C---C---G---A---CT--- 1397
 15 01B.TH.99.99TH R2399 ---C-CA-C-G--- -ATG--- A--- -A-GG-A-GA..A---C---C---G---A---CT--- 1356

16 A2D.KE.00.KISII5009 ---CA---CC--- -A--- A--- -AAGGT---A-GA..A---C---G---A---CT--- 1188
 16 A2D.KR.97.97KR004 ---CA---A--- AATT-A-A---ATG--- -GGG---A--- -C---G---A---CT--- 1358

N.CM.-.YBF106 -GCA-G-C-CA-CAG- A---GTG-C . . . T-TG-A-A-G-A-C -A-GG-AT---A-CCA---A---T---G-C-TTTG-A 1560
 N.CM.95.YBF30 -TCA-G-GCAGC-GC- ACAAA-GTG-C . . . T-TGCA-A-G-A-C -AAGG-AT---G-ACCCA---A---G-C-TTTG-A 1562

O.BE.87.ANT70 -GCTAC-CCCAGC-AGAT . . . TTGAAAGGAGGATACA-AG-AG- . . . T-C---A---GC-A . . . AA-CCA-TTAGG-A-GGA-C-A-A-A---C---A---G-A-T-T---A 2059
 O.CM.-.96CMBB009 -GC-TC-CCCACC-AGAC . . . ATAAAAGGAGGATATA-AG-AG- . . . T-C---A---AC-A . . . AACCCA-TTAGG-A-G-CC-A-A---C---A---G-A-TGT---A 1483
 O.CM.91.MVP5180 -GCTTCT-CCCAGC-AGAT . . . TTAAAAGGAGGATACA-AG-AG- . . . T-C---A---GC-G . . . AA-CCA-TAG-A-GG-CCCA-A-A---C---A---G-A-T-T---A 2034
 O.SN.99.SEMP1299 -GCTGC-CCCA-G-CTG AAGGGAGGATACA-AG-AG- . . . T-T---A---GC-A . . . AACCCA-GTAGG-A-GG-CC-A-A-A---C---A---G-A-TCTG-A 2058

CPZ.CD.-.ANT -GCTTCT-CT-AT---G--- CAGGGAA-CG-AG-C . . . T-T-C--- GGAAA---AGGAGG-A-GACC-C-C-A---T-T-C-C-T---G-C-T-T---A 1425
 CPZ.CM.98.CAM5 ---CA---C--- T-A-ATG-G . . . T-T--- A--- AA-G---GAGT---AT---AAA---A-C-AT---TGT---T 1688
 CPZ.GA.-.CPZGAB -TCAATG-TCAG---CA- GGGAGA-AGATG-T . . . T-CT-C---AG-AC-A . . . GG-GC-GG-C-A-GA-AAA-A-A---C---T---G---T---CT---T 2062
 CPZ.US.85.CPZUS -T---A-G-A---CC-C T-A-G-G . . . T-T-C-A---A-A-C . . . GC-G . . . G-C-G-G-GA-AAA-C-A---T---G---A---TCT--- 2043

Gag p2 S Q V T N S A T I . M M Q R G N . F R N Q R K I V K C F N C G K E G H T A Gag
 Gag p2 end / \ Gag p7 (NC), Gag-Pol TF start



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

		Gag p7 Nucleocapsid end \ p1 start	Gag-Pol -1 ribosomal slip site	
B. FR. 83. HXB2	AGAAATTGCAGGGCCCTAGGAAAAGGGCTGTTGGAAATGTGGAAGGAAGGACACCAATGAAAGATTGTACT.....GAGAGACAGGCTAATTTTTTAGGGAAGATCTG...GCCTTCCTAC			2112
A1.KE.00.MSA4069	-----T-----G-----G-----C-----C-----A-----A-----T-----AG-			1311
A1.KE.94.Q23_17	-----T-----G-----G-----C-----C-----A-----A-----T-----AGA			1570
A1.SE.94.SE7253	-----A-----A-----G-----A-----G-----G-----C-----C-----A-----A-----G-----AG-			1316
A1.TZ.97.97TZ02	-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----C-----A-----A-----T-----AG-			1307
A1.UA.00.98UA0116	-----T-----C-----G-----A-----C-----G-----A-----C-----C-----A-----GA-----T-----AG-			2111
A1.UG.85.U455	-----T-----C-----G-----A-----C-----G-----A-----C-----C-----A-----T-----A-----AG-			1561
A1.UG.92.92UG037	-----T-----A-----G-----G-----G-----C-----C-----A-----A-----A-----AG-			1476
A2.CD.97.97CDKS10			0
A2.CD.97.97CDKTB48	-----C-----G-----T-----C-----C-----A-----T-----A-----AG-			1471
A2.CY.94.94CY017_41	-----C-----T-----C-----A-----T-----A-----AG-			1469
B.AR.99.ARMA132	-----C-----G-----C-----C-----A-----A-----C-----C-----AG-			1317
B.AU.95.MBCC54	-----CC-----T-----G-----A-----G-----T-----C-----C-----G-----C-----C-----AG-			1472
B.BO.99.BOL0122	-----A-----A-----G-----A-----G-----T-----G-----A-----A-----C-----C-----AG-			1329
B.CN.-.RL42	-----A-----G-----G-----T-----A-----A-----C-----C-----AG-			1499
B.ES.89.S61K15	-----A-----G-----G-----T-----A-----A-----C-----C-----AG-			2111
B.GA.88.OYI	-----A-----T-----G-----G-----T-----A-----A-----C-----C-----AG-			1655
B.GB.83.CAM1	-----A-----T-----T-----A-----A-----C-----C-----AG-			2114
B.NL.86.3202A21	-----A-----T-----T-----A-----A-----C-----C-----AG-			2114
B.TH.90.BK132	-----C-----G-----G-----G-----A-----A-----C-----C-----AG-			1463
B.US.83.RF	-----A-----C-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----AG-			1632
B.US.90.WEAU160	-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----AG-			2111
C.BR.92.92BR025	-----T-----A-----A-----G-----C-----C-----G-----A-----T-----C-----AG-			1453
C.BW.00.00BW3891_6	-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----G-----G-----C-----C-----AG-			1488
C.BW.96.96BW0502	-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----G-----G-----C-----C-----AG-			1587
C.ET.86.ETH2220	-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----G-----G-----C-----C-----AG-			1483
C.IL.98.98IS002	-----A-----GAA-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----AG-			1446
C.IN.95.95IN21068	-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----T-----C-----AG-			1475
C.IN.99.01IN565_10	-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----A-----G-----A-----T-----C-----AG-			1505
C.KE.00.KER2010	-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----A-----G-----A-----T-----C-----AG-			1305
C.MM.99.mIDU101_3	-----A-----A-----C-----G-----T-----C-----A-----C-----G-----A-----AC-----T-----C-----AG-			1475
C.TZ.97.97TZ04	-----G-----A-----G-----T-----C-----C-----G-----G-----A-----T-----C-----AG-			1301
C.TZ.98.98TZ017	-----G-----A-----G-----T-----C-----C-----G-----G-----A-----T-----C-----AG-			1460
C.ZA.01.2134MB	-----C-----A-----A-----T-----C-----C-----G-----G-----A-----T-----C-----AG-			1544
C.ZA.97.97ZA003	-----T-----A-----A-----T-----C-----C-----G-----G-----A-----T-----C-----AG-			1440
C.ZM.96.96ZM651	-----T-----A-----A-----T-----C-----C-----G-----G-----A-----T-----C-----AG-			1453
D.CD.83.ELI	-----A-----G-----G-----C-----A-----C-----GA-----T-----C-----AG-			1661
D.CD.83.NDK	-----A-----A-----G-----C-----G-----C-----A-----A-----T-----C-----AG-			1650
D.CD.85.Z226	-----A-----A-----G-----C-----G-----C-----A-----A-----T-----C-----AG-			2118
D.CM.01.01CM_0009BBY	-----A-----T-----T-----T-----C-----C-----A-----A-----T-----C-----AG-			1308
D.KE.01.01KE_NKU3006	-----A-----T-----G-----T-----C-----C-----A-----A-----T-----C-----AG-			1320
D.TD.99.MN012	-----A-----C-----G-----G-----C-----C-----A-----A-----T-----AG-			1333
D.UG.94.94UG114	-----A-----T-----T-----A-----G-----C-----C-----A-----A-----T-----C-----AG-			1464
D.UG.99.99UGA08483	-----T-----T-----A-----G-----G-----C-----C-----A-----A-----T-----C-----AG-			1320
D.UG.99.99UGB21875	-----A-----T-----T-----G-----C-----G-----C-----A-----A-----T-----C-----AG-			1317
F1.BE.93.VI850	-----A-----A-----GA-----C-----C-----A-----A-----T-----A-----AG-			1449
F1.BR.93.93BR020_1	-----A-----A-----G-----GA-----G-----G-----C-----C-----A-----A-----T-----A-----AG-			1440
F1.FI.93.FIN9363	-----A-----C-----A-----C-----A-----G-----C-----C-----A-----A-----T-----A-----AG-			1441
F1.FR.96.MP411	-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----C-----A-----A-----T-----A-----AG-			1308
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----A-----A-----G-----C-----C-----A-----A-----T-----A-----AG-			1302
F2.CM.95.MP255	-----A-----A-----C-----C-----C-----A-----G-----A-----T-----A-----AG-			1308
F2.CM.95.MP257	-----A-----A-----G-----C-----C-----C-----A-----G-----A-----T-----A-----AG-			1320
F2.CM.97.CM53657	-----A-----A-----G-----C-----C-----C-----A-----T-----A-----T-----A-----AG-			1302
G.BE.96.DRCBL	-----G-----T-----A-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----AG-			2079
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----C-----A-----C-----G-----T-----G-----C-----C-----A-----GA-----A-----A-----AG-			1317
G.FI.93.HH8793_12_1	-----A-----C-----C-----G-----T-----C-----C-----G-----A-----A-----T-----A-----AG-			1516
G.NG.92.92NG083	-----G-----T-----A-----C-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----AG-			1484
G.SE.93.SE6165	-----G-----T-----A-----C-----G-----C-----C-----G-----A-----T-----A-----AG-			1518
H.BE.93.VI991	-----A-----C-----G-----G-----C-----C-----A-----GA-----A-----T-----AG-			1507
H.BE.93.VI997	-----G-----T-----G-----G-----C-----C-----A-----A-----T-----AG-			1442
H.CF.90.056	-----GA-----T-----G-----C-----C-----A-----A-----T-----AG-			1462
J.SE.93.SE7887	-----A-----C-----A-----A-----C-----C-----T-----T-----AG-			1432
J.SE.94.SE7022	-----A-----C-----A-----A-----C-----C-----T-----T-----AG-			1433
K.CD.97.EQTB11C	-----T-----A-----G-----A-----T-----G-----C-----T-----T-----CT-----A-----AG-			1308
K.CM.96.MP535	-----A-----A-----G-----T-----G-----C-----C-----A-----A-----C-----AG-			1308

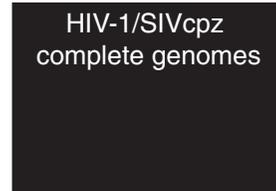




	Gag-Pol -1 ribosomal slip site		
	Gag p7 Nucleocapsid end \ / p1 start		
	AGAAATTGCAGGCCCCCTAGGAAAAGGGCTGTTGGAATGTGGAAGGAAGGACACCAATGAAAGATTGTACT.....GAGAGACAGGCTAATTTTTAGGGAAGATCTG...GCCTTCCTAC		2112
B. FR. 83. HXB2			
01 AE. CF. 90. 90CF4071	-----A-----T-----G-----C-C-----GA-T-----AG-		2049
01 AE. JP. 93. 93JP NH1	-----A-----T-----C-----C-----A-T-----A-		2120
01 AE. TH. 90. CM240	-----A-C-T-----C-G-----T-----C-C-----A-T-----A-		1671
01 AE. TH. 93. 93TH9021	-----C-A-T-----G-----T-----C-C-----A-T-----A-		2126
02 AG. CM. 02. 02CM 1677LE	-A-----A-----G-----G-----G-C-A-----GA-T-----AG-		1302
02 AG. CM. 97. 97CM MP807	-----T-A-----G-----G-----C-C-----G-----A-----AG-		1268
02 AG. FR. 91. DJ264	-----A-----G-----G-----T-----C-----A-T-----AG-		1461
02 AG. NG. -. IBNG	-----A-----G-----G-A-----C-----A-T-----AG-		1637
02 AG. SE. 94. SE7812	-----A-----C-----G-----G-----C-----A-T-----AG-		1484
03 AB. BY. 00. 98BY10443	-----C-T-----C-C-----GA-T-----AG-		2115
03 AB. RU. 97. KAL153 2	-----C-T-----C-C-----GA-T-----AG-		1338
03 AB. RU. 98. RU98001	-----C-T-----C-C-A-----A-T-----AG-		1482
04 cpx. CY. 94. CY032	-----C-----G-----G-----T-----C-C-----GA-G-----AG-		1481
04 cpx. GR. 91. 97PVCH	-----G-C-----C-----C-----C-----GA-G-----AG-		2132
04 cpx. GR. 97. 97PVMY	-----C-----G-----T-----G-----C-CC-----C-----GA-G-----AG-		2129
05 DF. BE. -. VI1310	-A-----T-----T-----G-A-----G-GA-----C-C-----G-----AG-T-----C-		1494
05 DF. BE. 93. VI961	-A-----G-----G-----GA-----C-C-T-----G-----GAG-T-----T-----C-		1467
05 DF. ES. 99. X492	-A-----T-----G-----GA-----C-C-----A-----A-----C-----		1465
06 cpx. AU. 96. BFP90	-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----		2134
06 cpx. ML. 95. 95ML127	-----G-----T-----C-----A-----A-----A-----A-----		2132
06 cpx. ML. 95. 95ML84	-----T-----C-----C-A-----GA-----A-----AG-		1352
06 cpx. SN. 97. 97SE1078	-----A-----A-G-----T-----C-C-A-----A-----C-----		2159
07 BC. CN. -. CNGL179	-----A-----C-----A-----C-----C-----C-----		1324
07 BC. CN. 97. 97CN001	-----A-----C-----A-----C-----C-----C-----		1444
07 BC. CN. 97. CN54	-----A-----C-----A-----C-----C-----C-----		1302
07 BC. CN. 98. 98CN009	-----A-----C-----A-----C-----C-----C-----		1444
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F	-A-----A-----C-----C-----A-G-----G-----AT-T-----C-		1304
08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F	-A-----A-----G-----C-----A-G-----G-----AT-T-----C-		1310
08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F	-A-----A-----C-----C-----A-G-----G-----AT-T-----C-		1304
08 BC. CN. 98. 98CN006	-A-----A-----C-----C-----A-G-----A-----A-----C-----		1456
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	-----G-----G-----C-----C-----A-T-----A-----		1317
09 cpx. SN. 95. 95SN1795	-----G-----T-----C-----C-----T-----C-----		1317
09 cpx. SN. 95. 95SN7808	-----G-----T-----C-----C-----A-T-----A-----		1302
09 cpx. US. 99. 99DE4057	-----G-----G-----C-----C-----A-T-----A-----		1311
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061	-A-----T-----G-----G-----G-----C-----CC-A-----GAAAGA-----A-T-----A-		1494
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071	-A-----T-----G-----G-----G-----C-----C-----A-----A-T-----C-		1489
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110	-C-----T-----G-----G-----G-----C-----A-----C-----GA-T-----A-		1489
11 cpx. CM. 02. 02CM 4118STN	-G-----A-----G-----G-----T-----C-C-----A-T-----A-----		1311
11 cpx. CM. 96. 4496	-----A-----G-----G-----C-C-----R-----C-----A-T-----AG-		1475
11 cpx. FR. 99. MP1298	-----A-----G-----G-----C-C-C-----A-----AG-		2109
11 cpx. GR. -. GR17	-----A-----A-----G-A-----C-C-C-----A-T-----AG-		1417
12 BF. AR. 97. A32989	-A-----A-----GA-----C-C-----A-----A-T-----A-----		1664
12 BF. AR. 99. ARMA159	-A-----A-----T-----A-----C-CC-----A-----A-T-----A-----		2117
12 BF. UY. 99. URTR23	-A-----A-----A-----C-C-----A-----GA-T-----A-----		2138
12 BF. UY. 99. URTR35	-A-----A-----GA-----T-----C-C-----A-----A-T-----A-----		2117
13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN	-----G-----G-----T-----C-C-G-----A-----AG-		1320
13 cpx. CM. 96. 1849	-----G-----T-----C-C-TG-----A-----A-----A-----		1496
13 cpx. CM. 96. 4164	-----G-----T-----A-----C-C-G-----A-----C-AG-		1495
14 BG. ES. 00. X475	-----A-----G-----T-----C-C-A-----CA-----A-T-----A-----		1553
14 BG. ES. 00. X477	-----A-----G-----G-----T-----C-C-A-----CA-----A-T-----A-----		1556
14 BG. ES. 00. X623	-----A-----G-----T-----A-----C-C-A-----A-----A-----A-----		1555
14 BG. ES. 99. X397	-----A-----G-----T-----C-C-A-----A-CA-----A-----A-----		1556
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331	-----A-----T-----T-----C-C-----AC-T-----A-----		1329
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332	-----A-----T-----T-----C-C-----C-----T-----A-----		1335
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	-G-----A-----T-----GG-----T-----C-C-----GAC-T-----A-----		1513
15 01B. TH. 99. 99TH R2399	-----A-----T-----G-----T-----C-C-T-----A-----A-----		1473
16 A2D. KE. 00. KISII5009	-----A-----C-----A-G-----T-----G-C-C-----A-----A-T-----A-----		1305
16 A2D. KR. 97. 97KR004	-----C-----C-----G-----T-----C-C-----A-----A-T-----C-----		1475
N. CM. -. YBF106	-----C-T-A-----A-G-G-----G-----GC-A-----T-----AAAATGAG...-GA-M-----A-GG-----T-C-----T-		1683
N. CM. 95. YBF30	-----C-T-A-----A-G-GGA-----G-----GC-A-----T-----AAAATGAA...-GA-----G-----T-C-----T-		1685
O. BE. 87. ANT70	-----TC-A-A-----T-----C-----C-----T-----C-GAAAT...-GA-A-----A-----C-ATA-----C-GGGG		2179
O. CM. -. 96CMABB009	-----TC-A-A-----A-T-C-----C-----T-----AACAT...-GATA-----C-AGGG		1597
O. CM. 91. MVP5180	-A-----TC-A-A-----A-----G-----T-----C-----C-----T-----C-AAAAT...-GA-----A-----TA-----C-GGGG		2154
O. SN. 99. SEMP1299	-----TC-A-A-----A-G-A-T-----C-----C-----T-----C-AAAAT...-GA-----A-----ATA-----C-GGGG		2178
CPZ. CD. -. ANT	-----A-----A-GG-A-----C-----G-----C-----GC-T-----A-C-----AGCAACAAATACAG--A-A-TA-----ACCGAC...C-CA-G-GG		1551
CPZ. CM. 98. CAM5	-----C-----A-----G-----C-----C-----G-TA-C-----A-----AACTGGA...-GC-----GAT-----T-----C-G-GG		1811
CPZ. GA. -. CPZGAB	-----T-AA-A-A-A-G-A-----CGG-----GC-A-G-----C-C-A-----GA-----TG-----AGGT-----CG-		2179
CPZ. US. 85. CPZUS	-----T-A-A-G-----A-G-C-----G-----GC-----T-----C-C-AGCAGGA...A-C-----ACAT-GTCC--A-G-GG		2169

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Gag p7 Nucleocapsid end \ / p1 start
 Gag-Pol TF R N C R A P R K K G C W K C G K E G H Q M K D C T . . . E R Q A N F L G K I W . P S Y
 F F R E D L . A F L
 \Gag-Pol TF





	Gag p1 end \ / Gag p6 start	
B.FR.83.HXB2	AA.....GGG...AAGCCAGGGAATTTTCTTCAGAG.....CAG.....ACCAGAGCCCAACAGC.....	2159
01_AE.CF.90.90CF4071	-----G-----C-----	2096
01_AE.JP.93.93JP_NH1	-----A-----G-----C-----	2167
01_AE.TH.90.CM240	-----G-----C-----	1718
01_AE.TH.93.93TH9021	-----G-A-----C-----	2173
02_AG.CM.02.02CM_1677LE	-----A-----G-----A-----C-----	1349
02_AG.CM.97.97CM_MP807	-----G-----A-----C-----	1315
02_AG.FR.91.DJ264	-----G-----A-----C-A-----	1508
02_AG.NG.-.IBNG	-----G-----A-----C-----	1684
02_AG.SE.94.SE7812	-----G-----A-----C-----	1531
03_AB.BY.00.98BY10443	-----A-----G-----A-----C-----	2162
03_AB.RU.97.KAL153_2	-----A-----G-----A-----C-----	1385
03_AB.RU.98.RU9800I	-----A-----G-----A-----C-----	1529
04_cpx.CY.94.CY032	-----A-----G-----A-----A-----	1528
04_cpx.GR.91.97PVCH	-----A-----G-----G-----	2179
04_cpx.GR.97.97PVMY	-----G-----A-----	2176
05_DF.BE.-.VI1310	-----G-----C-C-C-----	1541
05_DF.BE.93.VI961	-----G-----C-C-----	1514
05_DF.ES.99.X492	-G-----G-----C-C-----	1512
06_cpx.AU.96.BFP90	-----G-----A-----A-----	2181
06_cpx.ML.95.95ML127	-----G-----A-----A-----	2179
06_cpx.ML.95.95ML84	-----G-----G-C-----	1399
06_cpx.SN.97.97SE1078	-----G-----G-----C-----ACAGGCCAG.....AACAGAA-----	2221
07_BC.CN.-.CNGL179	-----	1371
07_BC.CN.97.97CN001	-----A-----	1491
07_BC.CN.97.CN54	-----G-----A-----	1349
07_BC.CN.98.98CN009	-----	1491
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	-----G-----C-C-----	1351
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	-----G-----C-C-----	1357
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	-----G-----C-C-----	1351
08_BC.CN.98.98CN006	-----G-----C-C-----	1503
09_cpx.GH.96.96GH2911	-----A-----G-----C-----CY-----	1364
09_cpx.SN.95.95SN1795	-----G-----C-----	1364
09_cpx.SN.95.95SN7808	-----A-----G-----C-----	1349
09_cpx.US.99.99DE4057	-----A-----G-----C-----	1358
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	-----A-----C-C-----	1541
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	-----C-C-----	1536
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	-----A-----C-C-----	1536
11_cpx.CM.02.02CM_4118STN	-----G-----C-A-----	1358
11_cpx.CM.96.4496	-----G-----C-----A-----	1522
11_cpx.FR.99.MP1298	-----G-----A-C-----	2156
11_cpx.GR.-.GR17	-----G-----C-A-----	1464
12_BF.AR.97.A32989	-G-----G-----A-----C-----A-----	1711
12_BF.AR.99.ARMA159	-----G-----C-A-----C-----A-----	2164
12_BF.UY.99.URTR23	-----A-----G-----T-A-----C-----A-----	2185
12_BF.UY.99.URTR35	-----G-----G-----C-C-----A-----	2164
13_cpx.CM.02.02CM_3226MN	-G-----T-----G-----A-----G-----A-----	1393
13_cpx.CM.96.1849	-----A-----G-----CAGACCAGGACCAACAGCCCCACCAGAGAG-----	1573
13_cpx.CM.96.4164	-----C-----G-----CAAACCAGGGCCAACAGCCCCACCAGAGAG-----	1570
14_BG.ES.00.X475	-----G-----C-A-----	1600
14_BG.ES.00.X477	-----G-----C-A-----	1603
14_BG.ES.00.X623	-----G-----A-----C-A-----	1602
14_BG.ES.99.X397	-----G-----C-A-----	1603
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	-----C-----	1376
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	-----C-----	1380
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	-----C-----	1558
15_01B.TH.99.99TH_R2399	-----G-A-----C-----	1520
16_A2D.KE.00.KISII5009	-----A-----G-----A-A-----C-----A-----	1352
16_A2D.KR.97.97KR004	-G-----C-----G-----C-----	1522
N.CM.-.YBF106	-----A-----G-A-----A-C-C-CC-----CAAC.....AACAA-----	1736
N.CM.95.YBF30	-----A-----G-A-----A-C-C-CC-----CAAC.....AACAA-----	1738
O.BE.87.ANT70	GG.....CAC...G-----C-----A-G-G-----ACC.....	2226
O.CM.-.96CMABB009	GG.....CAC...G-----C-----A-T-A-----ACA.....	1644
O.CM.91.MVP5180	GG.....CAC...G-----C-----A-G-G-----ACA.....	2201
O.SN.99.SEMP1299	GG.....CAC...G-----C-----A-G-C-----ACA.....	2225
CPZ.CD.-.ANT	TG.....GTGC-A-----C-----G-G-----AGGA.....GGAAGT.....	1607
CPZ.CM.98.CAM5	-CGGGGAGATCAAA...-A-----C-----CG-G-----G-----GAAG-A-A-C-----	1867
CPZ.GA.-.CPZGAB	-G-----C-----G-----C-----G-G-----A-----A-----A-----G-----	2226
CPZ.US.85.CPZUS	-CGGGGAGATCAAA...G-A-----C-----G-G-A-----GAAG-----C-----	2225
	Gag p1 end \ / Gag p6 start	
Gag p1/p6	K.....G.....R.....P.....G.....N.....F.....L.....Q.....S.....R.....P.....E.....P.....T.....A.....	Gag
Gag-Pol TF	Q.....G.....K.....A.....R.....E.....N.....F.....S.....E.....Q.....T.....R.....E.....A.....N.....S.....	Gag-Pol



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	...CCCACCAGA...AGAGAGCTTCAGGTCTGG...GGTAGAGACAACAACCTCCCCC...TCAGAAGCAGGAGCC...GATAGACAA...	2231
A1. KE. 00. MSA4069	...-----C-----T--ATG--ATG--...-A--G--T...-G-CT--...-----A...-----G-----	1427
A1. KE. 94. Q23_17	...T-----C-----C--GTG--ATG--...-A-----T...-GTCT--...-T-----A...-----A-----G-----	1686
A1. SE. 94. SE7253	...-----C-----CTT--TG--ATG--...-A-----T...-G-CT--...-C-----A...-----A-----G-----	1432
A1. TZ. 97. 97TZ02	...-----C-----T--GTG--ATGA--...-A-----T...-G-G-CT--...-C-----A...-----A-----G-----	1423
A1. UA. 00. 98UA0116	...-----C-----AGA--TG--AGG--...-A-----T...-C-----...C-T--A--A-A...-----A-----G-----	2227
A1. UG. 85. U455	...-----C-----A-T--TG--ATG--...-A-A--T...-G-CT--...-GC--A--T...-----A-----G-----	1677
A1. UG. 92. 92UG037	...-----CAGC--T--TG--ATGA--...-A-----T...-GTCT--...-C-----A...-----AC--G-----	1595
A2. CD. 97. 97CDKS10	...-----C-----AATG-A...-A-----T...-CT--T...-G-T--AA...-----G-----	1566
A2. CD. 97. 97CDKTB48	...-----C-----A--G--AATG--...-A-----T...-CT--T...-C-T--A-T...-----GAGAC--G-----	1585
A2. CY. 94. 94CY017_41	...-----C-----A--G--AATG--...-A-----T...-CT--T...-C-T--A-T...-----GAGAC--G-----	1585
B. AR. 99. ARMA132	...-----T-----T-----G-----...-AG--A--G-----...-GG-----	1436
B. AU. 95. MBCC54	...-----T-----T-----...-AG-----T-----...C-----T-----...-GG-----	1591
B. BO. 99. BOL0122	...-----G-----T-----...-A-----C--TT-----...A-A-----G-----	1448
B. CN. -. RL42	...-----G-----T-----...-A-----AT-----...-----	1618
B. ES. 89. S61K15	CAGC-----G-----T-----...-A-----T-----...AT-----	2239
B. GA. 88. OYI	...-----C-----G-----T-----...-A-----T-----...-----	1774
B. GB. 83. CAM1	...-----T-----T-----...-A-----A-----T-----...-----	2233
B. NL. 86. 3202A21	...-----T-----T-----...-A-----T-----...-----GG-----	2233
B. TH. 90. BK132	...-----C-----T-----...-A-----T-----...-----A-----A-----	1582
B. US. 83. RF	...-----T-----T-----...-A-----AA-----...-----	1748
B. US. 90. WEAU160	...-----TCA-----...-A-----T-----...-----A-----	2230
C. BR. 92. 92BR025	...-----T-----T-----...-A-----C-----T-----...-G-----A-----	1572
C. BW. 00. 00BW3891_6	...-----C-----TC-A-----...-A-----T...-C--GT-----...C-----A-----G-----	1601
C. BW. 96. 96BW0502	CAGC-----C-----TC-A-----...-A-----C-----G-----...C-----AG--G-----	1718
C. ET. 86. ETH2220	CAGC-----CC-----TC-A-----...-A--AG-----...-A--TT-----...C-----T-----	1629
C. IL. 98. 98IS002	...-----C-----TC-A-----...-A-----G-C--T-----...C-C--A-C-----A-----	1559
C. IN. 95. 95IN21068	...T-----C-----C--AG-----...-A-----C--AG-----...C-----A-----G-----	1588
C. IN. 99. 01IN565_10	...-----C-----TC-A-----...-A-----G-C--A-----...C-----A-----G-----	1618
C. KE. 00. KER2010	...-----C-----TC-A-----...-A-----G-C--TTG-----...C-----T-----A--G-G-----	1418
C. MM. 99. mIDU101_3	...-----C-----G-----TC-----...-A-----C--AG-----...C-----A-----G-----	1588
C. TZ. 97. 97TZ04	CGGC-----C-----TC-A-----...-A-----T...G-C--T-----...-T-----AG--G-----	1432
C. TZ. 98. 98TZ017	CAGC-----C-----TC-A-----...-A-----G-----C-T-G-----...-G-----T-----AG--G-----	1591
C. ZA. 01. 2134MB	...-----C-----A--TC-A-----...-A-----C--GT-----...C-----A-----G-----	1657
C. ZA. 97. 97ZA003	...-----C-----TC-A-----...-A-A-----C--G-----...C--A--A-----A--GG-----	1553
C. ZM. 96. 96ZM651	...-----C-----TC-A-----...-A-----C--G-----...C--A--T-----A--G-----	1566
D. CD. 83. ELI	...-----G-----T-----...-A-----T...-C--T-----...A--A-----A-----A-----	1777
D. CD. 83. NDK	...-----G-----T-----...-AG--T-----...-C--T-----...A--A-----A-----A-----	1766
D. CD. 85. Z226	...-----C-----G-----T-----...-A-----T...-C--T-----...A--A-----A-----A-----	2234
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	...-----AT-----G-----T-----...-A-----GT-----...C-----A-----GAAGGAC--A-----	1430
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	...-----C-----G-----T-----...-AG--T-----...A--T-----...C--A-----A-----A-----	1436
D. TD. 99. MN012	...-----C-----G-----T-----...-A-----T...-C-----...A--A-----A-----AG--AGACAA-----	1455
D. UG. 94. 94UG114	...-----C-----T--G-A-TA-----...-AG--T-----...A--T-----...A--A-----A-----	1586
D. UG. 99. 99UGA08483	...-----C-----G-----T-----...-AG--T-----...A--T-----...A--A-----GR-----	1436
D. UG. 99. 99UGB21875	...-----C-----T-----...A-AG--T-----...AA--T-----...A--A-----A--G-CCA-----	1436
F1. BE. 93. VI850	...-----C-----G--TCA-----...A-AG--T-----...C--T-----...C-----A-----A--GG-----	1565
F1. BR. 93. 93BR020_1	...-----G-----C-----TC-----...-AG-----...C--AT-----...C-----A-----A--G-----	1556
F1. FI. 93. FIN9363	...-----G-----C-----C--G--ATCA-----...A-A--GT-----...T-----...C--G-----A--AG-----	1557
F1. FR. 96. MP411	...-----G-----C-----G-----TCAA-----...A-AG--A-T-----...C--T-----...C-----A-----AG--GGGACA-----	1430
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	...-----G-----C-----G-----TC-----...A-A--G--T-----...T-----...C-C-----A-----A-----	1418
F2. CM. 95. MP255	...-----G-----C-----A--G--TC-----...A-AG--T-----...C--T-----...C-C-----A-----A--G-G-----	1424
F2. CM. 95. MP257	...-----G-----C-----G-----TC-----...-AG--T-----...G-----T-----...C-C-----A-----A-----	1436
F2. CM. 97. CM53657	...-----G-----C-----A--G--TC-----...A-A--T-----...T-----...C-C-----A-----A-----	1418
G. BE. 96. DRCBL	...-----C-C-----A--G--TC-----...-AG--T-----...G-C--T-----...C-C-----A-----A--A-----	2195
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	...-----C-----G--AGTC-----...A-AG--T-----...G-C--T-----...C-C-----A--GG--G-----	1433
G. FI. 93. HH8793_12_1	...-----C-C-----G--TC-----...A-AG--A-T-----...G-C--T-----...C-C-----CA-----AG--A-----	1632
G. NG. 92. 92NG083	...-----C-----G--A--TC-----...A-AG--T-----...G-C--T-----...C-C-----A--AG--G-----	1600
G. SE. 93. SE6165	...-----T-C-----A--C--G--TC-----...A-AG--T-----...G-C--T-----...C-C-----AT-----AG--A-----	1634
H. BE. 93. VI991	...-----C-----G--TC-----...A-AG--T-----...C--C--T-----...C--G-----T-----A--AC-----	1623
H. BE. 93. VI997	...-----C-----G--TC-----...-AG--T-----...G--CT--T-----...C-C-----T-----AG-----	1558
H. CF. 90. 056	...-----C-----G--TC-----...A-AG--T-----...G--C--T-----...C-----AGCT-----AG-----	1581
J. SE. 93. SE7887	...-----C-----C--G--CTC-----...A-AG--T-----...C--T-----...C-C--A-----A--AG-----	1545
J. SE. 94. SE7022	...-----C-----C--G--TC-----...A-AG--T-----...C--T-----...C-C--A-----A--AG-----	1546
K. CD. 97. EQTB11C	...-----C-----TG--TC-----...-AGA--T-----...C--T-----...T--GA--AAT-----A--TC-----	1424
K. CM. 96. MP535	...-----C-----G--TC-----...-AG--T-----...C--T-----...C--G--A--A-----C--A-----	1424



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	Gag-Pol TF \ Pol protease	gag end \	
B.FR.83.HXB2GGAAGTGA.....TCCTTTAACTTCCTCAGGTCACTCTTTGGCAACGACCCCTCGTCACAATAAAGATAGGGGGCAACTAAAGGAAGCTCTATTAGATACAGGAGCAGATGATA		2343
A1.KE.00.MSA4069-A-G-...GGCA--C-T-...AA--...TG-T--G-GA--A--G--A--C--C--G--		1542
A1.KE.94.Q23_17-A-GC...CCAA-C-GT-...AA--...T-T--G-GA--A-G--A--		1801
A1.SE.94.SE7253-A-A-...CTCA-C-GT-...AA--...T-T--G-GA--A-G--GA--		1547
A1.TZ.97.97TZ02-A-G-...GCCA-C-T-...AA--...T-T--G-GA--A-G--A--		1538
A1.UA.00.98UA0116-A-C-...TCC--C-T-...AA--...T-T--G-GA--A-G--A--		2342
A1.UG.85.U455-A-AC...--GT-...AA--...T-T--G-GA--A-G--G-TA--		1789
A1.UG.92.92UG037-C-A-A-...CCCA--C-GT-...AA--...T-T--G-GA--A-G--AA--		1710
A2.CD.97.97CDKS10-G-C-C...CACC--GC-T-...AA--...T-T--G-GA--AA-A-G--GA--T--		1681
A2.CD.97.97CDKTB48-CA-...CAA--GC-T-...AA--...T-T--G-GA--A-A-G--A--		1700
A2.CY.94.94CY017_41-G-A-...-C-C--A--A--...A--A--A--A--		1548
B.AR.99.ARMA132-A-...-C--C--A--A--...A--A--A--A--		1703
B.AU.95.MBCC54-G-...TCC--GGA--AA--...A-A--AG--A--		1563
B.BO.99.BOL0122-A-...-G--G--AA--...T--G--A--T--		1730
B.CN.-.RL42-G-...-C--C--A--A--...A--A--A--A--		2351
B.ES.89.S61K15-A-...-G--G--AA--...T--G--A--T--		1886
B.GA.88.OYI-G-...-C--C--A--A--...A--A--A--A--		2345
B.GB.83.CAM1-A-...-G--G--AA--...T--G--A--T--		2345
B.NL.86.3202A21-A-...-C--G-C--A--A--...A--A--A--A--		1694
B.TH.90.BK132-A-...-G--G--AA--...T--G--A--T--		1860
B.US.83.RF-G-...-C--C--A--A--...A--A--A--A--		2342
B.US.90.WEAU160-G-...-C--C--A--A--...A--A--A--A--		1681
C.BR.92.92BR025-G-C-...-AA--...G--T--AC--AG--A-G--G--C--C--		1707
C.BW.00.00BW3891_6-A-C-...-AA--...G--T--G--AG--C-GA--G--T--		1836
C.BW.96.96BW0502-CC-CAGGGAA-C-G-...AA--...G-G--T-T--AG--C-GA--A-G-A-T--C--A--		1735
C.ET.86.ETH2220-A-...-AG-C--AA--...A-T-T--A--A--G--C--C--		1677
C.IL.98.98IS002-CC-CAAGGAG-C-GT-G-...AA--...T--AG--A--T--A-G--C--C--		1694
C.IN.95.95IN21068-A-...-G--T--GAG--C-GA--A-G--C--C--G--		1724
C.IN.99.01IN565_10-A-C-...-AA--...G--T--GAG--C-GA--A-G--C--C--G--		1524
C.KE.00.KER2010-A-C-...-AA--...G--T--G--A--C--A--G--C--C--		1694
C.MM.99.mIDU101_3-A-C-...-AA--...G--T--G--AG--C-GA--TA-G--C--C--		1538
C.TZ.97.97TZ04-A-C-...-AA--...G--T--AG--A-GA--A-G--CC--		1697
C.TZ.98.98TZ017-A-C-T-...-AA--...G--T--AG--A-GA--A-G--CC--		1763
C.ZA.01.2134MB-A-C-...-AA--...G--T--AGC--C-GA--G--G--		1659
C.ZA.97.97ZA003-AA-C-...-AA--...G--T--A--C-GA--G--C-C-C--		1672
C.ZM.96.96ZM651-AG-C-...-AA--...G--T--G--G--C--A--G--C--C--G--G--		1889
D.CD.83.ELI-A-...-AA--...T--G--A--A-G--		1878
D.CD.83.NDK-A-...-AA--...T--G--A--A-G--		2346
D.CD.85.Z226-C-G-...-AA--...T-T--A--A--G--		1542
D.CM.01.01CM_0009BBY-C-G-...-AA--...T-T--AG--A-GT--A--C--		1548
D.KE.01.01KE_NKU3006GA-...-C-G-...AA-T--G--T--G--A--G--G--		1567
D.TD.99.MN012-C-...-AA--...G--T--G--A--G--A--		1698
D.UG.94.94UG114-C-...-AA--...G-T--G--A--G--		1548
D.UG.99.99UGA08483-G-...-AA--...G--G--A--T--		1548
D.UG.99.99UGB21875-G-...-C-G-C--AA--...A--G--A--G--		1680
F1.BE.93.VI850-CCC-C-G-...AA--...T-A--A--A-GA--G--		1671
F1.BR.93.93BR020_1-G-...-CCC-C-G-...AA--...A--GAG--A--G--		1672
F1.FI.93.FIN9363-G-A-...-CCC-C-G-...AA--...A--A--G--		1545
F1.FR.96.MP411-G-...-TCC-C-G-C--AA--...T--G--T-A--C--GAG-G--A--G--G--		1533
F2.CM.02.02CM_0016BBY-G-...-TCC-C-G-...AA--...G-A--G--A--G--G--G--		1539
F2.CM.95.MP255-A-GC...TCC-C-GT-...AA--...G--T-A-G--GAG--G--G--T--G--		1551
F2.CM.95.MP257-A-GT...TCC-C-G-T-...AA--...G--AG-A--AG--A--G--G--G--		1533
F2.CM.97.CM53657-A-...-CCC-C-G-...AA--...T-A--CCC--AG--A--G--G--A--G--		2307
G.BE.96.DRCBL-A-...-C-T-...AA--...AA-A--A-G--GA--A--G--TA--C--C--		1545
G.CM.01.01CM_4049HAN-G-A-...-C-G-C--AA--...G--A--G--A--G--A--G--TA--C--G--C--C--		1744
G.FI.93.HH8793_12_1-GA-AC...-C-G-...AA--...G--A--G--A--A--G--TA--C--C--G--		1712
G.NG.92.92NG083-G-A-...-C-...AA--...G--A--G--A--A--G--TA--C--C--C--		1740
G.SE.93.SE6165-G-A-...-C-...AA--...G--A--G--A--A--G--TA--C--C--C--		1732
H.BE.93.VI991-ACC-...-A--AA-A--G--A--A--A--GT-G--G--C--		1667
H.BE.93.VI997-ACC-C-TG-...AA--...T--AG--A--A--A--GT-G--G--		1690
H.CF.90.056-ACC-C-G-...-A--G--T-T--G--A--A--A--GT-G--G--		1657
J.SE.93.SE7887-C-...-AA--...G--T--G--GA--G--G--G--		1658
J.SE.94.SE7022-C-...-A--G--T--G--GA--G--G--C--		1539
K.CD.97.EQTB11C-A-GG...TCC--AA--...G--G-T--G--AG--A--GT--GA--		1539
K.CM.96.MP535-A-AG...CCC--AA--...A-T--AG--A--GT--GA--		1539



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	CAGTATTAGAAGAAATGAGTTTGCCAGGAAGATGGAAACCAAAAATGATAGGGGAATTTGGAGGTTTTATCAAAGTAAGACAGTATGATCAGATACTCATAGAAATCTGTGGACATAAAGCTATAGGTAC	2473
A1. KE. 00. MSA4069	-----C--AGA--A-----A-----C--G-----G--G-----T-----T-----A--A--G-----	1672
A1. KE. 94. Q23_17	-----C--A--A-----A-----C-----G-----A--A-----T-----T-----GA--A--G-----	1931
A1. SE. 94. SE7253	---G-----C--A--A-----G-----G--C-----G-----A-----A-----T-----T-----A--A--G-----	1677
A1. TZ. 97. 97TZ02	-----C--AGA-----G--A-----C-----C-----A-----A-----G-----T-----T-----A--A--G-----	1668
A1. UA. 00. 98UA0116	-----C--AGA-----A-----G-----A-----A-----T-----T-----A--A--G-----	2472
A1. UG. 85. U455	---C-----C--A--A-----A-----A-----C-----T-----T-----A--A--GA-----	1919
A1. UG. 92. 92UG037	-----C--A--A-----A-----C-----G-----AG-----T-----T-----A--A--G-----	1840
A2. CD. 97. 97CDKS10	0
A2. CD. 97. 97CDKTB48	---G-----C--A--A--C-----T--G--A-----A-----G--T-----T-----A--A--GG-----C-----	1811
A2. CY. 94. 94CY017_41	---G-----A--A-----A-----A-----GCT-----T-----A--A--GG--C-----	1830
B. AR. 99. ARMA132	-----A-----A-----TG-----C-----	1678
B. AU. 95. MBCC54	-----A-----A-----A-----C-----	1833
B. BO. 99. BOL0122	---C-----C--A-----A-----AG-----C-----C--G-----	1693
B. CN. -. RL42	---C-----C--A-----A-----C-----C-----C-----	1860
B. ES. 89. S61K15	-----A--A-----A-----G-----	2481
B. GA. 88. OYI	-----A-----	2016
B. GB. 83. CAM1	-----A-----C-----	2475
B. NL. 86. 3202A21	-----A-----G-----C-----	2475
B. TH. 90. BK132	-----A-----A-----TG-----	1824
B. US. 83. RF	-----A-----A-----G-----A-----	1990
B. US. 90. WEAU160	---C-----A-----G--A-----G-----C-----	2472
C. BR. 92. 92BR025	-----A--AA-----AT-----A-----G-----A-----T-----T-----A--A--G-----	1811
C. BW. 00. 00BW3891_6	---A-----A-----A-----A-----GCT-----T-----A--A--G-----	1837
C. BW. 96. 96BW0502	-----A--A-----A-----A-----G--T-----T-----A--A--G-----	1966
C. ET. 86. ETH2220	-----A--A-----A-----T-----A-----A-----G-----	1865
C. IL. 98. 98IS002	---G---C--A--A-----A-----T-----A-----TG-----T-----GA--A--G-----	1807
C. IN. 95. 95IN21068	---G--A-----A-----G-----A-----GG--A-----C-----T-----A--A--G-----	1824
C. IN. 99. 01IN565_10	-----T--AGC-----A-----A-----G-----A-----AG--ACT-----T-----A--A--G-----	1854
C. KE. 00. KER2010	-----A--A-----A-----A-----AG--CA--T-----T-----GA--A--GA-----	1654
C. MM. 99. mIDU101_3	-----A--A-----A-----A-----A-----TCT--G-----T-----GA--A--G-----	1824
C. TZ. 97. 97TZ04	-----A--A-----A-----A-----A-----CT-----T-----A--A--G-----	1668
C. TZ. 98. 98TZ017	-----A--A-----A-----A-----A-----T-----T-----A--A--G-----	1827
C. ZA. 01. 2134MB	-----A--A-----A-----A-----A-----T-----T-----A--A--G-----	1893
C. ZA. 97. 97ZA003	---T-----C--A--A-----A-----A-----A-----G-----A-----GCT-----T-----A--A--G-----	1789
C. ZM. 96. 96ZM651	-----A--A-----C--A-----A-----A-----C-----G-----A-----A-----CT--G-----T-----A--A--G-----	1802
D. CD. 83. ELI	-----A-----A-----A-----C-----G-----	2019
D. CD. 83. NDK	-----A--A-----A-----G-----A-----T-----G-----	2008
D. CD. 85. Z226	-----A-----A-----G-----	2476
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	---C--A--A-----A-----G-----CT-----G--G-----	1672
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	-----AGA-----A-----G-----A-----AG--C-----C-----G-----	1678
D. TD. 99. MN012	---C--AGA-----A-----A-----G--C--TG-----G-----	1697
D. UG. 94. 94UG114	-----A--A-----A-----G--C-----A-----C--T-----G-----	1828
D. UG. 99. 99UGA08483	-----A-----A-----C-----A-----TG-----	1678
D. UG. 99. 99UGB21875	-----A--A-----A-----A-----GG--AG--TG-----T-----	1678
F1. BE. 93. VI850	---C--A--A-----A-----A-----A--C-----T-----C--G-----	1810
F1. BR. 93. 93BR020_1	---CG--A--A-----A-----A-----AGC-----T-----C--G-----	1801
F1. FI. 93. FIN9363	---C--A--A-----A-----A-----C-----T-----C-----	1802
F1. FR. 96. MP411	---C--AGA-----A-----A-----A-----A--AC-----T-----C--G-----	1675
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	---T--A--A---T-----A-----G-----AG--C-----T-----A--G-----	1663
F2. CM. 95. MP255	---C--A--A---A-----G--A-----A-----C-----T-----A--G-----	1669
F2. CM. 95. MP257	---T--A--A-----A-----A-----G-----AG--TC-----T-----A--G-----	1681
F2. CM. 97. CM53657	---T--A--A---T-----A-----GG-----C--A--C-----T--C-----A--G-----	1663
G. BE. 96. DRCBL	-----AGA--A-----A-----A-----A-----T-----TA-----A--A--GG-----G-----	2437
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	-----C--A--A---A-----A-----A-----T-----TA-----A--A--G-----G-----	1675
G. FI. 93. HH8793_12_1	---G---C--A--AG--A-----A-----A-----T-----TA-----A--A--G-----G-----	1874
G. NG. 92. 92NG083	---G---A--A---A-----A-----A-----T-----TG-----A--A--G-----G-----	1842
G. SE. 93. SE6165	-----A--A---A-----A-----A-----AG--CT-----TA-----A--A--G-----G-----	1870
H. BE. 93. VI991	---C--A--A-----A-----A-----C--A--A-----G--AG--GC-----T--T-----A--A--G-----A--	1862
H. BE. 93. VI997	-----A--A-----T-----A-----AG--GC-----T-----A--A--G-----	1797
H. CF. 90. 056	---G--A--A---G-----A-----G--AG--GC-----A--A--G-----	1820
J. SE. 93. SE7887	---C--AGAC-----C--A-----A--CG--G--CG-----TGAG-----A--A--G-----	1787
J. SE. 94. SE7022	---AGA-----A-----A-----G-----A--G--G--C-----TGAG-----A--A--G-----	1788
K. CD. 97. EQTB11C	-----A--A---A--G-----A-----A-----AG--TGT--G-----T-----G--A--G-----	1669
K. CM. 96. MP535	-----A--A-----A-----A-----AG--T-----T-----A--A--G-----	1669





B. FR. 83. HXB2	CAGTATTAGAAGAAATGAGTTTGCCAGGAAGATGGAACCAAAAATGATAGGGGAATTTGGAGGTTTTATCAAAGTAAAGACAGTATGATCAGATACTCATAGAAAATCTGTGGACATAAAGCTATAGGTAC	2473
01_AE.CF.90.90CF4071	-----C--A-A-----G-A-----G-----T-----A-T-----T-----A-A-G-----	2410
01_AE.JP.93.93JP_NH1	-----T--A-A-----A-----G-----G-A-----T-----T-----A-A-G-----	2475
01_AE.TH.90.CM240	-----T--A-A-----A-----G-----AG-A-----T-----T-----A-A-G-----	2047
01_AE.TH.93.93TH9021	-----T--A-A-----A-----G-----G-A-----ACT-----T-----GA-A-----	2487
02_AG.CM.02.02CM_1677LE	-----A-A--AT-----A-----T-----T-----A-A-G--C-----	1669
02_AG.CM.97.97CM_MP807	-----AGA--A-----A-----A-----T-----T-----A-A-G-----	1629
02_AG.FR.91.DJ264	-----A-A--A-----A-----A-----T-----T-----A-G--G--C-----	1822
02_AG.NG.-.IBNG	-----C--A-A--A-----A-----A-----A-----T-----T-----A-A-G--C-----	1998
02_AG.SE.94.SE7812	-----A-A--A-----A-----T-----T-----A-A-G--C-----	1845
03_AB.BY.00.98BY10443	-----C--A-A-----A-----G-----T-----T-----A-A-G-----	2476
03_AB.RU.97.KAL153_2	-----C--A-A-----G-----G-----T-----T-----A-A-G-----	1699
03_AB.RU.98.RU9800I	-----C--A-A-----A-----G-----T-----T-----A-A-G-----	1843
04_cpx.CY.94.CY032	-----A-A-----A-----G-----C-----A-----CT-----T-----A-A-G--C-----C--	1839
04_cpx.GR.91.97PVCH	-----T--A-A-----A-----G-----A-----T-----T-----A-A-G--C-----	2490
04_cpx.GR.97.97PVMY	-----A-A-C-----A-----A-----ACT-----T-----A-A-G--C-----	2487
05_DF.BE.-.VI1310	-----C--A-A-----A-----TG-----G-----	1855
05_DF.BE.93.VI961	-----A-----C-----A-----G-----G-----	1828
05_DF.ES.99.X492	-----C--A-----A-----A--G-TG-----T-----G-----	1826
06_cpx.AU.96.BFP90	-----C--A-A--A-----A-----A-----A-----T-----G-T-----A-A-G-----	2501
06_cpx.ML.95.95ML127	-----C--A-A--A-----A-----G-----A-----T-----T-----A-A-GG-----G--	2490
06_cpx.ML.95.95ML84	-----C--A-A--A-----A-----G-----T-----A-----T-----G-T-----A-A-G-----G--	1716
06_cpx.SN.97.97SE1078	-----A-A--A-----A-----A-----CT-----T-----A-A-G-----	2532
07_BC.CN.-.CNGL179	-----C--A-----G-A-----A-----C-----C-----C-----	1685
07_BC.CN.97.97CN001	-----CC--A-----G-A-----A-----C-----T-----C-----C-----	1805
07_BC.CN.97.CN54	-----CC--A-----G-A-----A-----C-----T-----C-----C-----	1663
07_BC.CN.98.98CN009	-----C--A-----G-A-----A-----C-----C-----C-----	1805
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	-----G-A-A-----A-----A-----A-----G-A--CT-----T-----A-A-G-----	1653
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	-----G-A-A-----A-----A-----A-----G-A--CT-----T-----A-A-G-----	1659
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	-----G-A-A-----A-----A-----A-----G-A--CT-----T-----A-A-G-----	1653
08_BC.CN.98.98CN006	-----A--G-A-A-----A-----A-----A-----G-A--CT-----T--C--A-A-G-----	1805
09_cpx.GH.96.96GH2911	---G-----A-A-----A-----A-----T-----G-T-----A--G--G-----	1675
09_cpx.SN.95.95SN1795	-----A-A-----A-----A-----CT-----T-----A-GG-----	1675
09_cpx.SN.95.95SN7808	-----A-A-----A-----G-----A-----CT-----T-----A--G-----	1663
09_cpx.US.99.99DE4057	-----ACA-----A-----A-----A-----CT-----G-T-----A--G-----	1657
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	-----A-----A-----A-----G-A-----A-----T-----A-----T-----	1852
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	---G-----C-----A-----A-----G-----A-----G-A-----A--C-----CT-----	1850
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----	1841
11_cpx.CM.02.02CM_4118STN	-----A-A--A-----A-----A-----GG-A--G-----TGAA--GA-G--G-----	1675
11_cpx.CM.96.4496	-----GA--A-----G-----GG-A--A-----TGAG--GA-A--G-----A--	1833
11_cpx.FR.99.MP1298	-----AGAG-----G-----GG-A-----TGAG--A-A--G-----	2467
11_cpx.GR.-.GR17	-----A-----A-----A-----GG-T--AC-----G--TGAA--A-A--G-----	1775
12_BF.AR.97.A32989	-----C--A-A-----G-A-----A-----A--C--G-----C--T-----C--G-----	2025
12_BF.AR.99.ARMA159	-----C--A-A-----A-----A-----A--CG-----T-----C--G-----	2478
12_BF.UY.99.URTR23	-----C--A-A-----A-----A-----A--C-----T-----C--G-----	2499
12_BF.UY.99.URTR35	-----C--A-A-----A-----A-----A--C-----A-----T-----C--G-----	2496
13_cpx.CM.02.02CM_3226MN	-----A-----A-A--A-----A-----A-----A--C--GAG--C-----TGAG--A-A--G-----C-----	1699
13_cpx.CM.96.1849	-----A-----A-A-----A-----A-----A-----A--C--GAG-----TGAG--A-A--G-----	1878
13_cpx.CM.96.4164	-----A-----A-A-----C-----C-----A--CT--AG-----TGAA--A-A--G-----	1875
14_BG.ES.00.X475	---G-----T--A-A--A-----A-----T-----T-----A-A--G-----G--	1911
14_BG.ES.00.X477	---G-----T--A-A--A-----A-----T-----T-----A-A--G-----G--	1914
14_BG.ES.00.X623	---G-----T--A-A--A-----A-----T-----T-----A-A--G-----G--	1913
14_BG.ES.99.X397	---G-----T--A-A--A-----A-----G-----T-----T-----A-A--G-----G--	1914
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	-----A-----T--A-A-----A-----G-----G-A-----A-----T-----A-A--G-----T--	1705
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	-----T--A-A-----A-----AG-A-----T-----T-----A-A--G-----G--	1694
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	-----T--A-A--C-----G-A-----C-----G-A-----CT-----T-----A-A--G-----	1872
15_01B.TH.99.99TH_R2399	-----T--A-A-----A-----G-----G-A-----T-----T-----A-A--G-----	1828
16_A2D.KE.00.KISII5009	---G-----C--A-A--C-----A--A-----A-----G-T-----T-----A-A--A--GG--C-----	1648
16_A2D.KR.97.97KR004	---G-----T--A-A--C-A-----A-----A-----ACT-----T-----A-A--A--G--C-----	1836
N.CM.-.YBF106	-----A-----ACAA--AGA-----A-----A-----A-----A--T--ACA-----C--ACAA--AGA-----AG-T--	2065
N.CM.95.YBF30	-----A-----GC-ACAA--AGAG-----A-----A-----A-----A--T--ACAG-----C--ACAG--AGA-----AG-T--	2067
O.BE.87.ANT70	-----C--A-CA-C--ACAA--GA-----A-----T--A-----A-----A--G-A-----A--TG--GACAG-----AGAA--AGGG--G--TACAG--A--	2528
O.CM.-.96CMABB009	-----C--A-TA-C--ACCA--AA-----C-----T--C-----C-----A-----T--GG-A-----A--G--TG--A--AG-----AGAA--GAGGG--TACA--A--	1946
O.CM.91.MVP5180	-----A-TA-C--ACAA--AGA-----C-----A-----A-----A--G-----A--CA--TG--GACAG-----G--ACAA--A--GG--TACAG--A--	2503
O.SN.99.SEMP1299	-----C--ACCA-C--ACAA--GA-----A-----C-----T--A-----A-----A--G-----A--G-A-----A--AG--G--CAG-----AGAG--AGGG--TAC-G--A--	2527
CPZ.CD.-.ANT	---G---G-G---TCA-----A-----AC-----G-----CA--T--T-----G-----TTCC--CA-----A--CA--AG--C-----TG-A--ACAGG--C--TAC--CA--	1912
CPZ.CM.98.CAM5	---A---TA-TG-ACAA-----A-----AG-----G-----G-----T-----T--A--A-----A--C--G-A-----AGAG--CAGA--A--A--C--C--	2175
CPZ.GA.-.CPZGAB	---A---GAG---ACAA--A--A-----CT-----A-----A-----C--A--A--T-----A--TG--A-----G--AGAA--GAGA-----TAG--G--	2534
CPZ.US.85.CPZUS	---A---CA-C--ACAAA-TGA-----G--C-----G-----G-----CG-CRAT-----AGAG-----AGAA-----ACAG--G--T--	2533
Protease	T_V_L_E_E_M_S_L_P_G_R_W_K_P_K_M_I_G_G_I_G_G_F_I_K_V_R_Q_Y_D_Q_I_L_I_E_I_C_G_H_K_A_I_G_T	Pol



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

Protease end \ Pol p66 and p51 RT start

B.FR.83.HXB2	AGTATTAGTAGGACCTACACCTGTCAACATAATGGAAGAAATCTGTTGACTCAGATTGGTTGCACCTTAAATTTCCATTAGCCCTATTGAGACTGTACCAGTAAATTAAGCCAGGAATGGATGGC	2603
A1.KE.00.MSA4069	-----T-----CA-----C-----T-C-----C-A---T-----G-----	1802
A1.KE.94.Q23_17	-----CA-----T-----C-A---T-----	2061
A1.SE.94.SE7253	-----A-----T-C-----C-A---T-----	1807
A1.TZ.97.97TZ02	-----C-----CA-----C-----C-T-----C-A---T-----	1798
A1.UA.00.98UA0116	G-----C-----A-A---C-----T-----A-A-T---A-----C-----	2602
A1.UG.85.U455	-----G-----G-A---T-----T-----A-T---A-----A-A-----	2049
A1.UG.92.92UG037	-----G-----A-----C-T-----T-----C-A---T---AGT-----A-----	1970
A2.CD.97.97CDKS10	0
A2.CD.97.97CDKTB48	-----A---GT---C---T---C---A---T---A---G-----T	1941
A2.CY.94.94CY017_41	-----C-----C-----A---GT---C---T---A---T---A-----T	1960
B.AR.99.ARMA132	-----G-----	1808
B.AU.95.MBCC54	-----G-----T-----T-----	1963
B.BO.99.BOL0122	-----T-----T-----T-----A-----A-----	1823
B.CN.-.RL42	-----C-----T-----A-----A-----	1990
B.ES.89.S61K15	-----T-----A-----	2611
B.GA.88.OYI	-----C-----T-----T-----A-----	2146
B.GB.83.CAM1	-----C-----T-----T-----A-----G-----	2605
B.NL.86.3202A21	-----A-----T-----C-----T-----T-----A-----	2605
B.TH.90.BK132	-----A-----T-----C-----T-----T-----A-----	1954
B.US.83.RF	-----T-----T-----A-----	2120
B.US.90.WEAU160	-----C-----T-----A-----	2602
C.BR.92.92BR025	---C-----CA-----C---A---AC-----A---T---C---A-----	1941
C.BW.00.00BW3891_6	-----G-----C-----A---C---A---AC-----A---T---C---A-----	1967
C.BW.96.96BW0502	-----C-----A---C---A---AC-----A---T---C---A-----	2096
C.ET.86.ETH2220	---C-----C-----CA-----C---AC---A---C---A---T---C---A-----	1995
C.IL.98.98IS002	---C-----G---C---A-A---A---C---A---T---AC---A---T---C---A-A---T-----	1937
C.IN.95.95IN21068	-----C-----A---A---C---A---AC-----A---C---T---C---A-----	1954
C.IN.99.01IN565_10	-----C-----A---A---C---A---AC-----A---T---C---A-----	1984
C.KE.00.KER2010	-----C-----T-----A-A---C---A---AC-----A---T---C---A-----G-----	1784
C.MM.99.mIDU101_3	-----C-----CA-----C---A---AC-----A---C---T---C---A---G-----	1954
C.TZ.97.97TZ04	-----G-----T-----C-G---A---AC-----A---T---C---A-----	1798
C.TZ.98.98TZ017	-----G-----A---C---A---A---AC-----A---T---C---C---A---T-----	1957
C.ZA.01.2134MB	-----G---G-----A---C---C---G---T---AC-----A---T---C---A-----	2023
C.ZA.97.97ZA003	-----G-----CA-----C---A---AC-----A---T---C---A-----C-G-----G-----	1919
C.ZM.96.96ZM651	-----G-----A---C---A---AC-----A---T---C---A-----	1932
D.CD.83.ELI	-----G-----C-----T---C---C---C---A---T---A-----	2149
D.CD.83.NDK	-----T---C---C---C---A---T---A-----	2138
D.CD.85.Z226	-----T---C---C---C---A---T---A-----	2606
D.CM.01.01CM_0009BBY	-----T---C---C---C---A---T---A-----	1802
D.KE.01.01KE_NKU3006	-----G-----T---C---C---C---A---T---A-----G-----T	1808
D.TD.99.MN012	-----T---C---A---C---C---A---T---A-----G-----	1827
D.UG.94.94UG114	-----T---A---T---A-----G-----	1958
D.UG.99.99UGA08483	-----T---A---T---A-----G-----	1808
D.UG.99.99UGB21875	-----T---A---T---A---C-----C-----G-----	1808
F1.BE.93.VI850	---G---G-----G-----A-----T-----AG---T---A-----G-----	1940
F1.BR.93.93BR020_1	---G---G-----G-----A---C-----T---C-----A---T---A-----G-----	1931
F1.FI.93.FIN9363	---G---G-----G-----A---A-----T-----A---T---A-----C-G---A-----	1932
F1.FR.96.MP411	---G---G-----G-----G-----A---T---A-----G-----	1805
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----G---G-----G-----A-----T-----	1793
F2.CM.95.MP255	-----G---G-----G-----C-----A---T---A---A-----	1799
F2.CM.95.MP257	-----G---G-----G-----A-----C-----A---A---T---A-----	1811
F2.CM.97.CM53657	T-----G-----G-----A-----A---TT-----A-----	1793
G.BE.96.DRCBL	-----A---T-----G-----A-----T-----A-----G-----G-----	2567
G.CM.01.01CM_4049HAN	---G---A---A---G-----G-----A---A---T-----C---A---A---T-----A---A-----T	1805
G.FI.93.HH8793_12_1	-----A---T-----G-----A-----T-----G-----T-----A-----	2004
G.NG.92.92NG083	-----A---T-----G-----A-----T-----C---A---A---T-----A-----	1972
G.SE.93.SE6165	GA-----A---G-----A-----A-----T-----A-----	2000
H.BE.93.VI991	-----T-----G---A-A-----A---G-----C-----G---A---T-----A-----C-----	1992
H.BE.93.VI997	-----T-----A---A-----A-----C-----A---T-----A-----A-----	1927
H.CF.90.056	-----T-----G---A-A-----A-----C-----A---T-----A-----	1950
J.SE.93.SE7887	---G---A-----G---CA-----C-----T-----A---T-----A-----	1917
J.SE.94.SE7022	---A-----CA-----C-----T-----A---T-----A-----	1918
K.CD.97.EQTB11C	---G-----CA-----G---T-----A---T-----A-----	1799
K.CM.96.MP535	-----C---C-----T-----A---T-----A-----	1799



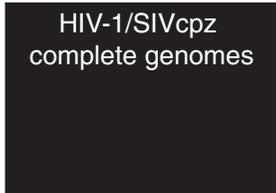


HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	CCAAAAGTTAAACAATGGCCATTGACAGAAGAAAAATAAAAGCATTAGTAGAAATTTGTACAGAGATGGAAAAGGAGGAAAAATTTCAAAAATTTGGGCCTGAAAATCCATACATACTCCAGTATTTG	2733
A1. KE. 00. MSA4069	-----G-----TG-----AC-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	1932
A1. KE. 94. Q23_17	-----G-----G-----AC-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----	2191
A1. SE. 94. SE7253	-----G-----AC-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----	1937
A1. TZ. 97. 97TZ02	-----G-----AC-----A-----A-----A-----C-----A-----	1928
A1. UA. 00. 98UA0116	-----G-----A-----G-----G-----AC-----G-----TG-----A-----A-----	2732
A1. UG. 85. U455	-----G-----G-----G-----AC-----AT-----A-----A-----	2179
A1. UG. 92. 92UG037	---GGA-----G-----G-----T-----GA-----A-----G-----A-----	2100
A2. CD. 97. 97CDKS10	0
A2. CD. 97. 97CDKTB48	-----G-----C-----AC-----A-----A-----A-----C-----G-----	2071
A2. CY. 94. 94CY017_41	-----G-----AC-----C-----A-----A-----A-----C-----G-----	2090
B. AR. 99. ARMA132	-----C-----A-----A-----A-----A-----	1938
B. AU. 95. MBCC54	-----C-----A-----A-----A-----A-----	2093
B. BO. 99. BOL0122	---G-----C-----A-----A-----A-----	1953
B. CN. -. RL42	-----C-----A-----A-----C-----A-----	2120
B. ES. 89. S61K15	-----C-----GA-----A-----T-----A-----	2741
B. GA. 88. OYI	-----G-----T-----A-----A-----G-----A-----	2276
B. GB. 83. CAM1	-----A-----A-----A-----A-----	2735
B. NL. 86. 3202A21	-----A-----A-----A-----T-----A-----	2735
B. TH. 90. BK132	-----A-----A-----A-----A-----	2084
B. US. 83. RF	-----G-----G-----A-----A-----C-----A-----	2250
B. US. 90. WEAU160	-----G-----G-----A-----A-----A-----T-----	2732
C. BR. 92. 92BR025	---G-----C-----T-----G-----AC-----C-----GAT-----A-----G-----G-----A-----A-----T-----C-----	2071
C. BW. 00. 00BW3891_6	-----G-----AC-----C-----GA-----A-----G-----A-----A-----A-----T-----C-----C-----	2097
C. BW. 96. 96BW0502	-----G-----A-----G-----AC-----C-----GA-----A-----G-----A-----A-----T-----C-----	2226
C. ET. 86. ETH2220	-----C-----G-----AC-----C-----GA-----A-----GC-----A-----G-----C-----T-----C-----	2125
C. IL. 98. 98IS002	---A-----C-----G-----A-----G-----G-----GA-----G-----A-----A-----C-----T-----C-----	2067
C. IN. 95. 95IN21068	-----G-----AC-----C-----GAT-----A-----G-----A-----A-----A-----T-----C-----A-----	2084
C. IN. 99. 01IN5655_10	---G-----C-----G-----AC-----C-----C-----GAT-----A-----G-----A-----A-----T-----T-----A-----	2114
C. KE. 00. KER2010	-----G-----G-----AC-----A-----GA-----A-----G-----A-----GA-----T-----C-----	1914
C. MM. 99. mIDU101_3	---GG-----A-----G-----AC-----C-----GAG-----A-----G-----A-----A-----T-----C-----A-----	2084
C. TZ. 97. 97TZ04	-----G-----AC-----C-----GA-----A-----G-----A-----A-----A-----T-----C-----	1928
C. TZ. 98. 98TZ017	---GG-----G-----AC-----C-----GA-----A-----G-----A-----A-----T-----C-----	2087
C. ZA. 01. 2134MB	-----G-----G-----AC-----C-----GA-----A-----G-----A-----A-----T-----C-----A-----	2153
C. ZA. 97. 97ZA003	-----G-----G-----AC-----C-----GA-----A-----G-----A-----A-----T-----C-----A-----	2049
C. ZM. 96. 96ZM651	-----G-----G-----T-----AC-----C-----GA-----A-----G-----A-----A-----T-----C-----	2062
D. CD. 83. ELI	-----AC-----A-----T-----A-----A-----G-----A-----	2279
D. CD. 83. NDK	-----AC-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----	2268
D. CD. 85. Z226	-----AC-----A-----A-----A-----G-----G-----CA-----	2736
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	---A-----AC-----A-----A-----A-----G-----A-----	1932
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	-----C-----AC-----A-----A-----A-----A-----	1938
D. TD. 99. MN012	---A-----G-----G-----AC-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----	1957
D. UG. 94. 94UG114	-----G-----C-----A-----T-----AC-----A-----A-----C-----A-----	2088
D. UG. 99. 99UGA08483	-----GC-----M-----G-----C-----AC-----A-----A-----G-----A-----	1938
D. UG. 99. 99UGB21875	-----G-----C-----AC-----A-----A-----A-----G-----A-----	1938
F1. BE. 93. VI850	-----G-----G-----AC-----A-----CT-----A-----A-----A-----	2070
F1. BR. 93. 93BR020_1	-----G-----AC-----A-----TG-----A-----A-----A-----	2061
F1. FI. 93. FIN9363	-----G-----AC-----G-----A-----T-----A-----A-----G-----	2062
F1. FR. 96. MP411	---G-----G-----C-----AC-----A-----T-----A-----A-----G-----A-----	1935
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	---G-----C-----AC-----C-----A-----A-----A-----	1923
F2. CM. 95. MP255	---GG-----AC-----C-----A-----A-----A-----A-----	1929
F2. CM. 95. MP257	-----G-----C-----AC-----C-----G-----A-----A-----A-----	1941
F2. CM. 97. CM53657	-----G-----AC-----C-----A-----A-----A-----A-----	1923
G. BE. 96. DRCBL	---CGG-----G-----AC-----AT-----A-----A-----G-----C-----T-----C-----A-----	2697
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	---GG-----G-----AC-----AT-----C-----A-----A-----C-----A-----	1935
G. FI. 93. HH8793_12_1	-----G-----C-----AC-----A-----A-----G-----A-----A-----	2134
G. NG. 92. 92NG083	---GG-----G-----AC-----A-----C-----A-----A-----T-----C-----A-----C-----	2102
G. SE. 93. SE6165	---GG-----G-----AC-----A-----A-----G-----A-----C-----A-----	2130
H. BE. 93. VI991	-----G-----C-----AC-----TT-----A-----T-----A-----C-----G-----C-----A-----	2122
H. BE. 93. VI997	---GG-----G-----AC-----TG-----A-----A-----A-----G-----C-----A-----	2057
H. CF. 90. 056	-----G-----ACG-----A-----A-----A-----C-----G-----A-----G-----GC-----A-----	2080
J. SE. 93. SE7887	---A-----AC-----C-----G-----A-----G-----A-----G-----G-----T-----C-----	2047
J. SE. 94. SE7022	---A-----AC-----C-----G-----AC-----G-----G-----A-----G-----T-----C-----C-----	2048
K. CD. 97. EQTB11C	-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----G-----	1929
K. CM. 96. MP535	-----G-----A-----AC-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----C-----G-----	1929



B. FR. 83. HXB2	CCAAAAGTTAAACAATGCCATTGACAGAAGAAAAATAAAAGCATTAGTAGAAATTTGTACAGAGATGGAAAAGGAAGGAAAAATTTCAAATAATGGGCCTGAAAATCCATACATACTCCAGTATTG	2733
01_AE.CF.90.90CF4071	---G-----AC-----A-----G-----A-----C-----C-----	2670
01_AE.JP.93.93JP_NH1	---G-----G-----AC-----AG-----G-----A-----C-----	2735
01_AE.TH.90.CM240	---G-----G-----AC-----A-----G-----A-----C-----	2307
01_AE.TH.93.93TH9021	---G-----G-----AC-----A-----G-----A-----C-----	2747
02_AG.CM.02.02CM_1677LE	---G-----AC-----G-----A-----A-----	1929
02_AG.CM.97.97CM_MP807	---G-----G-----AC-----C-----TT-----A-----A-----	1889
02_AG.FR.91.DJ264	---G-----AC-----C-----G-----G-----A-----	2082
02_AG.NG.-.IBNG	---G-----AC-----C-----A-----A-----	2258
02_AG.SE.94.SE7812	---G-----AC-----C-----A-----G-----A-----	2105
03_AB.BY.00.98BY10443	---G-----A-----G-----AC-----GG-----A-----	2736
03_AB.RU.97.KAL153_2	---G-----A-----G-----AC-----AG-----A-----	1959
03_AB.RU.98.RU9800I	---G-----A-----G-----A-----C-----AG-----A-----	2103
04_cpx.CY.94.CY032	---G-----C-----AC-----G-----A-----C-----C-----G-----A-----	2099
04_cpx.GR.91.97PVCH	---G-----T-----AC-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----	2750
04_cpx.GR.97.97PVMY	---G-----G-----T-----G-----C-----AG-----A-----A-----C-----A-----G-----C-----GG-----A-----	2747
05_DF.BE.-.VI1310	---G-----A-----AC-----T-----A-----C-----G-----C-----A-----	2115
05_DF.BE.93.VI961	---G-----A-----AC-----C-----G-----A-----G-----A-----A-----	2088
05_DF.ES.99.X492	---G-----A-----A-----A-----G-----A-----G-----A-----A-----	2086
06_cpx.AU.96.BFP90	---G-----G-----G-----AC-----A-----A-----A-----A-----	2761
06_cpx.ML.95.95ML127	---G-----G-----AC-----A-----A-----A-----G-----A-----	2750
06_cpx.ML.95.95ML84	---G-----GA-----A-----G-----AC-----A-----A-----A-----	1976
06_cpx.SN.97.97SE1078	---G-----G-----AC-----A-----A-----A-----A-----	2792
07_BC.CN.-.CNG1179	---G-----G-----AC-----C-----GAT-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----A-----	1945
07_BC.CN.97.97CN001	---G-----G-----AC-----C-----GAT-----A-----G-----A-----A-----A-----T-----C-----A-----	2065
07_BC.CN.97.CN54	---G-----G-----AC-----C-----GAT-----A-----G-----A-----A-----A-----T-----C-----A-----	1923
07_BC.CN.98.98CN009	---G-----G-----AC-----C-----GAT-----A-----G-----A-----A-----A-----T-----C-----A-----	2065
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	---G-----G-----AC-----C-----GAT-----A-----G-----A-----A-----C-----T-----C-----A-----	1913
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	---G-----G-----AC-----C-----GAT-----A-----G-----A-----A-----C-----T-----C-----A-----	1919
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	---G-----G-----AC-----C-----GAT-----A-----G-----A-----A-----C-----T-----C-----A-----	1913
08_BC.CN.98.98CN006	---G-----G-----AC-----C-----GAT-----A-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----C-----A-----	2065
09_cpx.GH.96.96GH2911	---G-----A-----C-----AC-----G-----A-----A-----T-----	1935
09_cpx.SN.95.95SN1795	---G-----GA-----AA-----G-----A-----G-----A-----T-----	1935
09_cpx.SN.95.95SN7808	---G-----GA-----A-----AC-----G-----A-----A-----T-----	1923
09_cpx.US.99.99DE4057	---G-----GA-----AC-----C-----G-----A-----A-----C-----T-----	1917
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	---G-----G-----C-----AC-----A-----A-----A-----G-----GG-----T-----A-----	2112
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	---G-----C-----GAC-----C-----A-----A-----G-----GA-----	2110
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	---G-----C-----AC-----C-----T-----A-----A-----G-----A-----	2101
11_cpx.CM.02.02CM_4118STN	---C-----AC-----C-----A-----A-----A-----G-----T-----C-----G-----	1935
11_cpx.CM.96.4496	---C-----AC-----C-----A-----C-----A-----T-----C-----G-----	2093
11_cpx.FR.99.MP1298	---C-----T-----G-----AA-----A-----A-----G-----G-----	2727
11_cpx.GR.-.GR17	---C-----AC-----C-----A-----A-----A-----T-----C-----G-----	2035
12_BF.AR.97.A32989	---C-----AC-----A-----A-----G-----A-----A-----	2285
12_BF.AR.99.ARMA159	---C-----AC-----A-----A-----A-----A-----A-----	2738
12_BF.UY.99.URTR23	---C-----AC-----A-----C-----TG-----A-----A-----A-----	2759
12_BF.UY.99.URTR35	---C-----G-----AC-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----	2756
13_cpx.CM.02.02CM_3226MN	---T-----G-----AC-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----G-----	1959
13_cpx.CM.96.1849	---T-----G-----AC-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----G-----	2138
13_cpx.CM.96.4164	---T-----G-----A-----C-----AC-----C-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----C-----G-----	2135
14_BG.ES.00.X475	---G-----G-----AC-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----C-----A-----	2171
14_BG.ES.00.X477	---G-----G-----AC-----G-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----C-----A-----	2174
14_BG.ES.00.X623	---G-----G-----AC-----C-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----C-----A-----	2173
14_BG.ES.99.X397	---G-----G-----AC-----C-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----C-----A-----	2174
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	---G-----G-----AC-----A-----A-----G-----A-----A-----	1965
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	---G-----G-----AC-----A-----A-----G-----A-----C-----	1954
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	---G-----G-----AC-----A-----A-----G-----A-----C-----	2132
15_01B.TH.99.99TH_R2399	---G-----G-----AC-----A-----A-----G-----A-----C-----	2088
16_A2D.KE.00.KISII5009	---G-----G-----A-----AC-----G-----A-----A-----A-----A-----C-----G-----	1908
16_A2D.KR.97.97KR004	---G-----C-----A-----A-----A-----G-----A-----G-----A-----C-----G-----	2096
N. CM. - .YBF106	---GG-----A-----T-----C-----G-----G-----AG-----A-----A-----A-----T-----G-----A-----T-----C-----A-----T-----	2325
N. CM. 95. YBF30	---GG-----A-----T-----AC-----G-----G-----AG-----A-----A-----A-----T-----G-----A-----T-----C-----A-----T-----	2327
O. BE. 87. ANT70	---G-----A-----CC-----AT-----TA-----G-----C-----GAC-----C-----A-----CAG-----A-----C-----A-----G-----A-----A-----T-----T-----A-----TA-----C-----	2788
O. CM. - .96CMABB009	---G-----A-----G-----CC-----AT-----TA-----G-----C-----GAC-----CC-----A-----CA-----G-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----T-----A-----TA-----C-----	2206
O. CM. 91. MVP5180	---G-----A-----CC-----AT-----TAG-----G-----G-----C-----ACT-----C-----A-----CA-----A-----C-----A-----A-----C-----G-----A-----A-----T-----T-----A-----TA-----T-----	2763
O. SN. 99. SEMP1299	---G-----A-----A-----CC-----AT-----TA-----G-----C-----GAC-----C-----A-----CAG-----A-----C-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----T-----A-----TA-----C-----	2787
CPZ. CD. - .ANT	---G-----A-----GC-----CT-----A-----G-----G-----G-----CC-----AA-----GATA-----T-----A-----GCA-----AAT-----G-----T-----G-----A-----A-----T-----C-----A-----T-----	2172
CPZ. CM. 98. CAM5	---G-----A-----T-----A-----C-----C-----G-----C-----AC-----CCAG-----A-----G-----A-----G-----A-----C-----A-----G-----C-----T-----T-----C-----A-----A-----T-----	2435
CPZ. GA. - .CPZGAB	---G-----A-----G-----C-----AT-----C-----T-----C-----AC-----CA-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----A-----TA-----T-----	2794
CPZ. US. 85. CPZUS	---T-----G-----A-----G-----C-----C-----T-----G-----AC-----CCA-----A-----A-----A-----G-----A-----G-----G-----A-----A-----T-----A-----A-----T-----	2793
Pol p51 RT	P K V K Q W P L T E E K I K A L V E I C T E M E K E G K I S K I G P E N P Y N T P V F	Pol





HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	CCATAAAGAAAAAGACAGTACTAAATGGAGAAAAATTAGTAGATTTTCAGAGAACTTAATAAGAGAACTCAAGACTTCTGGGAAGTTCAATTAGGAATACCACATCCCCGAGGGTTAAAAAGAAAAATC	2863
A1. KE. 00. MSA4069	-A-----G--T--C-----G---G---C-----G-C---A---A---T-----T-----G---G---A--G--CC-----G--	2062
A1. KE. 94. Q23_17	-A-----T--C-----G---G---C-----G-C---A---A---T-----T-----G---G---A--G--TC-----	2321
A1. SE. 94. SE7253	-T-----C-----G---G---C-----G-C---A---A---T-----T-----G---G---A--G--C-----	2067
A1. TZ. 97. 97TZ02	-T-----T--C-----G---G---C-----G-C---A---A---T-----T-----G---G---A--G--CC-----	2058
A1. UA. 00. 98UA0116	-T-----G---C-----G---G---C-----G-G-C---A---G---T-----T-----C---A--G--T-----	2862
A1. UG. 85. U455	-T-----G---C-----G---G---C-----G-C---A---G---T-----T-----C---A--G--TC-----	2309
A1. UG. 92. 92UG037	-T-----G---C-----T---G---C---A---G---T-----T-----G---A--G--C-----	2230
A2. CD. 97. 97CDKS10	0
A2. CD. 97. 97CDKTB48	-T-----CGA-----C-----G-----C---A--G--A-----	2201
A2. CY. 94. 94CY017_41	-T-----C-----T---C-----G-----C---A--A-----G-----	2220
B. AR. 99. ARMA132G-----A-----	2068
B. AU. 95. MBCC54A-----	2223
B. BO. 99. BOL0122	-T-----A-----A-----G-----	2083
B. CN. -. RL42G-----A-----C-----	2250
B. ES. 89. S61K15A-----	2871
B. GA. 88. OYIG-----C-----A-----	2406
B. GB. 83. CAM1T-----	2865
B. NL. 86. 3202A21G-----T-----C-----C-----	2865
B. TH. 90. BK132A-----T-----G-----	2214
B. US. 83. RFG-----T-----G-----	2380
B. US. 90. WEAU160TT-----	2862
C. BR. 92. 92BR025-A--G--G-----G-----C---A---T-----T-----G-----G-----C---A-----	2201
C. BW. 00. 00BW3891_6-A--G--G-----G-----G---C---A-----T-----T-----G-----C---A-----	2227
C. BW. 96. 96BW0502-A--G--G-----G-----T---G--G-----A-----T-----T-----G-----C---A-----G-----	2356
C. ET. 86. ETH2220-A--G--G-----G-----G---C---A-----T-----T-----G-----C---A-----	2255
C. IL. 98. 98IS002	-T-----A--G-----G-----G---C---A-----T-----T-----C-----G-----C---AT-----	2197
C. IN. 95. 95IN21068-A--G--G-----G-----G---C---A-----T-----T-----C---A-----	2214
C. IN. 99. 01IN565_10	-T-----A--GG-----G-----G---CG---A-----T-----T-----C-----G-----C---A-----G-----	2244
C. KE. 00. KER2010-A--G-----G-----G---C---A-----T-----T-----G-----C---A-----G-----	2044
C. MM. 99. mIDU101_3-A--G--G-----G-----G---C---C---A-----T-----T-----T-----C---A-----	2214
C. TZ. 97. 97TZ04-A--G-----G-----G---C---A-----T-----T-----G-----C---A-----	2058
C. TZ. 98. 98TZ017-A--G-----G-----G---C---A-----T-----T-----C---A-----G-----	2217
C. ZA. 01. 2134MB-A--G--G-----G-----G---C---A-----T-----T-----G-----C---A-----	2283
C. ZA. 97. 97ZA003-A--G--G-----G-----G---C---A-----T-----T-----C---A-----	2179
C. ZM. 96. 96ZM651-A--G--G-----G---C-----G---C---A-----T-----T-----C---A-----	2192
D. CD. 83. ELIC---G-----T-----G-----T-----C---G-----	2409
D. CD. 83. NDKC---G-----T-----G-----G-----T-----C---G-----	2398
D. CD. 85. Z226C---G-----T-----G-----G-----C---G-----	2866
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	-T-----G-----G-----G-----T-----G-----C---G-----	2062
D. KE. 01. 01KE_NKU3006G-----C-----T-----C-----	2068
D. TD. 99. MN012	-T-----G-----G-----T-----T-----C---G-----	2087
D. UG. 94. 94UG114G-----T-----C-----	2218
D. UG. 99. 99UGA08483T-----G-----C-----C-----T-----C-----G-----	2068
D. UG. 99. 99UGB21875G-----A-----C-----T-----C-----	2068
F1. BE. 93. VI850G-----G-----A-----A-----T-----G-----T-----G-----	2200
F1. BR. 93. 93BR020_1G-----G-----A-----T-----T-----G-----G-----A-----G-----	2191
F1. FI. 93. FIN9363G-----G-----C-----A-----T-----T-----G-----T-----G-----	2192
F1. FR. 96. MP411-A-----T-----T-----T-----T-----G-----	2065
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY-G-----C-----G-----A-----T-----T-----G-----G-----C---T---T-----	2053
F2. CM. 95. MP255-G-----G-----A-----T-----T-----G-----C---T-----	2059
F2. CM. 95. MP257-A--G--G-----G-----A-----T-----T-----G-----C---T-----G-----	2071
F2. CM. 97. CM53657-G-----A-----T-----T-----G-----C---T-----	2053
G. BE. 96. DRCBLG-----G-----G---C---A---G-----G---C---C-----T-----GG-----C-----G-----	2827
G. CM. 01. 01CM_4049HANC-----A-----T-----G---C-----T-----G-----G-----	2065
G. FI. 93. HH8793_12_1G-----G-----T-----G---C---A---T-----T-----T-----T-----G-----G-----	2264
G. NG. 92. 92NG083G-----G-----G---C---A---G---C-----T---C---G-----	2232
G. SE. 93. SE6165-G-----G---C---A---G---C-----T---T-----	2260
H. BE. 93. VI991-A--G--GA-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----	2252
H. BE. 93. VI997-A--G--G-----G-----C-----A-----G-----A-----	2187
H. CF. 90. 056-A--G--G--T-----G-----C-----A-----G-----C---A-----	2210
J. SE. 93. SE7887T-----C-----A-----G-----A-----	2177
J. SE. 94. SE7022T-----C-----A-----G-----A-----	2178
K. CD. 97. EQTB11CT-----T-----C-----A-----C-----G-----A-----	2059
K. CM. 96. MP535T-----C-----A-----A-----	2059



B. FR. 83. HXB2	CCATAAAGAAAAAGACAGTACTAAATGGAGAAAATTAGTAGATTTTCAGAGAAGCTTAATAAGAGAACTCAAGACTTCTGGGAAGTTCAATTAGGAATACCACATCCCGCAGGGTTAAAAAGAAAAATC	2863
01_AE.CF.90.90CF4071	-----G---C-C-----G-----G-C---A---G---T-----G---A---T-----	2800
01_AE.JP.93.93JP_NH1	-T-----G---C-C-G-----G-----G-C---A---G---T-----G---A---T-----	2865
01_AE.TH.90.CM240	-T-----G---C-C-----G-----G-C---A---G---T-----G---A---T-----	2437
01_AE.TH.93.93TH9021	-T-----G---C-C-----G-----G-C---AG---G---T-----G---A---TC-----	2877
02_AG.CM.02.02CM_1677LE	-T-----T-----C-----G-C-----T-----A-----	2059
02_AG.CM.97.97CM_MP807	-----T-----G-C---A-----G-C---C-----T-----G-A-----G-----	2019
02_AG.FR.91.DJ264	-----T-----C-----G-----C-----C-----T-----G-A-----	2212
02_AG.NG.-.IBNG	-----G-T-----C-----T-----G-C-G-----T-----G-A-----	2388
02_AG.SE.94.SE7812	-----G-A-T-----G-----C-----GA-C-----T-----G-A-----	2235
03_AB.BY.00.98BY10443	-----C-T-----	2866
03_AB.RU.97.KAL153_2	-----G-----C-T-----	2089
03_AB.RU.98.RU9800I	T-----C-----C-T-----	2233
04_cpx.CY.94.CY032	-T-----C---A-----G-----G-C-A-----G-----	2229
04_cpx.GR.91.97PVCH	-T-----GA---C---G-----G-C---A-----G-----G-A---A-----	2880
04_cpx.GR.97.97PVMY	-T-----GA---C-A-G-----C---A-----G-----G-A---A-----	2877
05_DF.BE.-.VI1310	-----G-----GG-----T-T-----C-G-----G--	2245
05_DF.BE.93.VI961	-----GG-----A---G-----A-A-----T-T-----G--	2218
05_DF.ES.99.X492	-----G-----G-----A-----T-T-----G--	2216
06_cpx.AU.96.BFP90	-T-----T-----A-G-----T-T-----T-T---G-G-----	2891
06_cpx.ML.95.95ML127	-T-----T-----A-----T-T-----T-T---C-G-----	2880
06_cpx.ML.95.95ML84	-T-----T-----C-----A-----T-T-----C-T---G-G-----	2106
06_cpx.SN.97.97SE1078	-T-----T-----G-----A-----T-T-----T-T---G---G-----	2922
07_BC.CN.-.CNGL179	-----A-G-G-----G-----G-C---A-----T-T-----C-A-----	2075
07_BC.CN.97.97CN001	-----A-G-G-----G-----G-C---A-----T-T-----C-A-----	2195
07_BC.CN.97.CN54	-----A-G-G-----G-----G-C---A-----T-T-----C-A-----	2053
07_BC.CN.98.98CN009	-----A-G-G-----G-----G-C---A-----T-T-----C-A-----G-----	2195
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	-----GA-G-G-----G-----G-C---A-----T-T-----C-A-----	2043
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	-----GA-G-G-----G-----G-C---A-----T-T-----C-A-----	2049
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	-----GA-G-G-----G-----G-C---A-----T-T-----C-A-----	2043
08_BC.CN.98.98CN006	-----A-G-G-----G-----G-C---A-----T-T-----C-A-----	2195
09_cpx.GH.96.96GH2911	-T-----G---C---G-----A-----A-----G-T-----G-----A-G-TC-----	2065
09_cpx.SN.95.95SN1795	-T-----G-A---A-----G-T-----G-----A-G-T-----	2065
09_cpx.SN.95.95SN7808	-T-----G---C---G-----G-C---A-----G-T-----A-T-----	2053
09_cpx.US.99.99DE4057	-T-----G---C---A-----G-C---A-----G-T-----A-G-T-----	2047
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	-----G-----T-----C-----T-----C-----	2242
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	-----G-----GA-----T-----G-----G-----C-A-----	2240
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	-----G-----G-----G-----G-----A-----T-----	2231
11_cpx.CM.02.02CM_4118STN	-----G---C---C-----C---T---T-----C---A-----A-----G-----	2065
11_cpx.CM.96.4496	-----G---C---T---T-----C---A-----A-----	2223
11_cpx.FR.99.MP1298	-----C---G---T---T-G---C---A-----A-----A-----	2857
11_cpx.GR.-.GR17	-----C---T---T-G---C---A-----A-A-----A-----A-----	2165
12_BF.AR.97.A32989	-----G-----A-----T-T---G-G-----G-----T-----	2415
12_BF.AR.99.ARMA159	-----G-----A-----T-T---G-G-----G-----T-----	2868
12_BF.UY.99.URTR23	-----G-----A-----T-T---G-----T-----	2889
12_BF.UY.99.URTR35	-----G-----A-----T-T---G-----C-T-----	2886
13_cpx.CM.02.02CM_3226MN	-T-----C-C-----T---T-----C---A-----C-A-----	2089
13_cpx.CM.96.1849	-T-----C-T---T-G---C---A-----A-----T-----	2268
13_cpx.CM.96.4164	-T-----C-T---T-----C---A-----A-----	2265
14_BG.ES.00.X475	-----G-----G-C---A-----G-C-----T---T-G-----G--	2301
14_BG.ES.00.X477	-----G-----G-C---A-----G-C-----T---T-G-----G--	2304
14_BG.ES.00.X623	-----G-----G-----G-C---A-----G-C-----T---T-G-----	2303
14_BG.ES.99.X397	-----G-----G-C---A-----G-C-----T---T-G-----T-G--	2304
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	-T-----G---C-C-----G-C---A-----G---T-----A---T-----W--	2095
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	-T-----G-T---C-C-----G-C---A-----G---T-----G---A-----	2084
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	-T-----G---C-C---G-----G-C---A-G---G-T---G-----G---A---T-----	2262
15_01B.TH.99.99TH_R2399	-T-----G---C-C---G-----G-C---A-G---G---T-----G---A---T-----	2218
16_A2D.KE.00.KISII5009	-G-----G---C-----G-C---AA---G-----A---AC-----	2038
16_A2D.KR.97.97KR004	-T-----C-----C-----G-----G-----A---A---T-----	2226
N.CM.-.YBF106	-T---A-G---T-C-----G---T-A---A-G-C---A-T---G-C---T---A---A---GC-----	2455
N.CM.95.YBF30	-T---A-G---T-C-----G---T-A---A-G-C---T-T---G-GC---T---A---A---GC-----	2457
O.BE.87.ANT70	-T---A-G---TG-----G-----T-G---T-A---A---G---G---G-A-GC---T-C---G-GG-T-G---GC-A---GC---	2918
O.CM.-.96CMABB009	-----A-G---T---C-G---G-----G-----T-A---A---A---T---G---G---T-C---A-GG-A---GC-A---C---	2336
O.CM.91.MVP5180	-T---A-G---T-C---G-----G-----T-A---A---A---T---G---G---T-T---A-GG-T---GC-A-GGC---	2893
O.SN.99.SEMP1299	-T---A-G---T-C---G---GC-G---C-T-G---T-A-C---A---T---G---G---T-C---G-GG-T---GC-A---GC---	2917
CPZ.CD.-.ANT	-A---A-G---C-T-A-----GC---T---T-A---A---A---T-T---GA-A-----T-T---A-C-A---GC-A---G---	2302
CPZ.CM.98.CAM5	-T---A-G---A-----C-G---T---T-A-C---A---A---G---A---G-C-----C---C-A---AC---G-A---G---	2565
CPZ.GA.-.CPZGAB	-A-C---A-G-----C-----A---A---A---T---G---G---C---T-C-A-----G-A---G---	2924
CPZ.US.85.CPZUS	-T-C-A-G---T-C-----C-T---T-A---A-G-A-----G---C-----C-A---A---G---	2923
Pol p51 RT	A_I_K_K_K_D_S_T_K_W_R_K_L_V_D_F_R_E_L_N_K_R_T_Q_D_F_W_E_V_Q_L_G_I_P_H_P_A_G_L_K_K_K_K_S	Pol



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	AGTAACAGTACTGGATGTGGGTGATGCATATTTTTTCAGTTCCCTTAGATGAAGACTTCAGGAAGTATACTGCATTTACCATACCTAGTATAAACAATGAGACACCAGGGATTAGATATCAGTACAATGTG	2993
A1. KE. 00. MSA4069	-----A-----G-----T-----A--AGT--T--A--A-----C-----C-----A-----TGC-----	2192
A1. KE. 94. Q23_17	-----A-----G--C-----T--C-----G--T--A-----C-----C-----C-----AG--C--G-----	2451
A1. SE. 94. SE7253	-----G--A-----G--C-----T-----AG--T--A-----C-----C-----AG--C--G-----	2197
A1. TZ. 97. 97TZ02	---G---A-----G--C-----T-----T--A-----C-----C-----A--C-----	2188
A1. UA. 00. 98UA0116	-----A-----G-----T-----AG--G--A-----C--T--A-----C-----A	2992
A1. UG. 85. U455	-----A-----G--C-----T-----AG--T--A-----G--C-----AG--C--G-----	2439
A1. UG. 92. 92UG037	-----A-----G--C-----T-----AG--T--A-----C-----C-----A--C--G-----	2360
A2. CD. 97. 97CDKS10	0
A2. CD. 97. 97CDKTB48	-----T--A-----G--C-----C-----C-----C-----A-----C-----A-----G-----A	2331
A2. CY. 94. 94CY017_41	-----T-----G--C-----C-----C-----C-----A--A-----G-----C-----CC-----AG--G-----A	2350
B. AR. 99. ARMA132	-A-----C-----C-----A-----A-----G-----T-----A-----	2198
B. AU. 95. MBCC54	-----C-----A-----G-----T-----A-----	2353
B. BO. 99. BOL0122	-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----	2213
B. CN. -. RL42	C-----C-----C-----T-----A-----A-----C-----G-----	2380
B. ES. 89. S61K15	-----A-----A-----C-----	3001
B. GA. 88. OYI	-----C-----A-----A-----A-----C-----	2536
B. GB. 83. CAM1	-----A-----A-----C-----	2995
B. NL. 86. 3202A21	---G---C-----A--G-----A-----G-----A-----	2995
B. TH. 90. BK132	---G---G-----A-----A-----A-----G--C-----	2344
B. US. 83. RF	-----T-----A-----A--G-----A-----A-----C-----	2510
B. US. 90. WEAU160	-----A-----C-----A-----	2992
C. BR. 92. 92BR025	---G---A-----A--T-----G--T-----A-----C-----A-----A--T-----	2331
C. BW. 00. 00BW3891_6	---G---G-----C-----C-----T-----G-----A-----C-----A-----A--T-----	2357
C. BW. 96. 96BW0502	---G---A-----A--G-----T-----G-----A-----C-----A-----A--T-----	2486
C. ET. 86. ETH2220	---G---A-----G-----C-----T-----GT-----A--A-----C-----C-----A-----A--T-----C	2385
C. IL. 98. 98IS002	---G---A-----A--G-----C-----T-----GAG-----A-----C-----A-----A--T-----A	2327
C. IN. 95. 95IN21068	---G---G-----T-----T-----A-----C-----A-----G-----A--T-----	2344
C. IN. 99. 01IN565_10	---G---G-----T-----T-----A-----C-----A-----A-----A--T-----	2374
C. KE. 00. KER2010	---G---G-----T-----A--A-----A-----C-----G-----A-----A--T-----	2174
C. MM. 99. mIDU101_3	---G---G-----G-----T-----T-----A-----C-----C-----A-----G-----A--T-----	2344
C. TZ. 97. 97TZ04	---G---G-----C-----T-----T-----A-----C-----C-----T-----A-----A--T-----	2188
C. TZ. 98. 98TZ017	---G---A-----A-----T-----A-----T-----AC-----C-----C-----T-----A-----A--T-----	2347
C. ZA. 01. 2134MB	---G---C-----G-----T-----G-----A-----C-----A-----A-----A--T-----	2413
C. ZA. 97. 97ZA003	---G---G-----G-----C-----T-----GT-----A-----C-----T-----A-----AG-----A--T-----	2309
C. ZM. 96. 96ZM651	---G---G-----G-----T-----AG-----A-----C-----C-----C-----A-----A--T-----	2322
D. CD. 83. ELI	-----T--T-----A-----C--C-----T-----	2539
D. CD. 83. NDK	-----C-----T--T-----A-----C-----	2528
D. CD. 85. Z226	-----T--T-----A-----C-----	2996
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	-----A-----C-----A-----T--T-----C-----C-----C-----T-----	2192
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	---G---A-----T--A-----C-----C-----C-----C-----T-----A-----	2198
D. TD. 99. MN012	---G---A-----A--T--T--A-----C-----C-----C-----T-----A-----	2217
D. UG. 94. 94UG114	-----C-----C-----C-----C-----T--A--A-----C-----C-----C-----T-----A-----	2348
D. UG. 99. 99UGA08483	-----C-----C-----C-----G-----T--A--A-----C-----C-----G-----A-----	2198
D. UG. 99. 99UGB21875	-----A-----T-----G-----T--A--A-----C-----C-----C-----A-----T-----	2198
F1. BE. 93. VI850	-----G-----A--G--T-----A-----C-----C-----G--C-----T--A-----G--C-----	2330
F1. BR. 93. 93BR020_1	-----G-----A--G--T-----C-----C-----CC-----CC-----AG-----G--C-----	2321
F1. FI. 93. FIN9363	-----G-----A-----T-----C-----C-----G--C-----A-----G--C-----	2322
F1. FR. 96. MP411	-----A-----G-----G-----A--G--G-----C-----C-----C-----A--C-----C-----	2195
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	-----T-----G-----A--G--A-----C-----C-----T-----A-----A-----	2183
F2. CM. 95. MP255	-----G-----A--G--G-----A--C-----G--C-----C-----A-----A-----	2189
F2. CM. 95. MP257	-----A-----G-----A-----G-----C-----G--C-----C-----A-----A-----	2201
F2. CM. 97. CM53657	-----A-----G-----A--G--G-----C-----C-----C-----G-----A-----	2183
G. BE. 96. DRCBL	-----A-----G-----T-----A-----T--A--A-----C--T-----C--T-----A-----	2952
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	-----C-----A-----C-----G-----T--A--A-----C--T-----T-----A-----	2195
G. FI. 93. HH8793_12_1	-----A-----G-----C-----AGT-----T--A-----A-----C--T-----C--T-----C-----	2394
G. NG. 92. 92NG083	---G---A-----A-----C-----A-----T--A-----T-----T-----T-----A-----	2362
G. SE. 93. SE6165	-----A-----G-----T-----A-----C-----T-----T-----G-----	2390
H. BE. 93. VI991	---T---G-----G--G-----C--T--C-----C-----C-----C-----T-----	2382
H. BE. 93. VI997	---T---G-----G-----C--T--A-----A-----C-----T-----T-----	2317
H. CF. 90. 056	---T---G-----G-----C--T--A-----A-----A-----C-----C-----T-----	2340
J. SE. 93. SE7887	---C---G-----C--T--T-----T-----A-----C--T-----C-----C-----	2307
J. SE. 94. SE7022	---C---G-----C--T--T-----T-----C-----T-----C-----C-----	2308
K. CD. 97. EQTB11C	-----A-----C--T--A-----T-----C--T-----T-----A-----A-----A	2189
K. CM. 96. MP535	-----G-----C--T--A-----C-----T-----T-----A-----G-----	2189



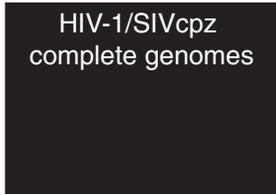
B. FR. 83. HXB2

01_AE.CF.90.90CF4071
 01_AE.JP.93.93JP_NH1
 01_AE.TH.90.CM240
 01_AE.TH.93.93TH9021
 02_AG.CM.02.02CM_1677LE
 02_AG.CM.97.97CM_MP807
 02_AG.FR.91.DJ264
 02_AG.NG.-.IBNG
 02_AG.SE.94.SE7812
 03_AB.BY.00.98BY10443
 03_AB.RU.97.KAL153_2
 03_AB.RU.98.RU98001
 04_cpx.CY.94.CY032
 04_cpx.GR.91.97PVCH
 04_cpx.GR.97.97PVMY
 05_DF.BE.-.VI1310
 05_DF.BE.93.VI961
 05_DF.ES.99.X492
 06_cpx.AU.96.BFP90
 06_cpx.ML.95.95ML127
 06_cpx.ML.95.95ML84
 06_cpx.SN.97.97SE1078
 07_BC.CN.-.CNGL179
 07_BC.CN.97.97CN001
 07_BC.CN.97.CN54
 07_BC.CN.98.98CN009
 08_BC.CN.97.97CNGX_6F
 08_BC.CN.97.97CNGX_7F
 08_BC.CN.97.97CNGX_9F
 08_BC.CN.98.98CN006
 09_cpx.GH.96.96GH2911
 09_cpx.SN.95.95SN1795
 09_cpx.SN.95.95SN7808
 09_cpx.US.99.99DE4057
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF071
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF110
 11_cpx.CM.02.02CM_4118STN
 11_cpx.CM.96.4496
 11_cpx.FR.99.MP1298
 11_cpx.GR.-.GR17
 12_BF.AR.97.A32989
 12_BF.AR.99.ARMA159
 12_BF.UY.99.URTR23
 12_BF.UY.99.URTR35
 13_cpx.CM.02.02CM_3226MN
 13_cpx.CM.96.1849
 13_cpx.CM.96.4164
 14_BG.ES.00.X475
 14_BG.ES.00.X477
 14_BG.ES.00.X623
 14_BG.ES.99.X397
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1331
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1332
 15_01B.TH.99.99TH_MU2079
 15_01B.TH.99.99TH_R2399
 16_A2D.KE.00.KISII5009
 16_A2D.KR.97.97KR004
 N.CM.-.YBF106
 N.CM.95.YBF30
 O.BE.87.ANT70
 O.CM.-.96CMABB009
 O.CM.91.MVP5180
 O.SN.99.SEMP1299
 CPZ.CD.-.ANT
 CPZ.CM.98.CAM5
 CPZ.GA.-.CPZGAB
 CPZ.US.85.CPZUS

AGTAACAGTACTGGATGTGGGTGATGCATATTTTTTCAGTTCCCTTAGATGAAGACTTCAGGAAGTATACTGCATTTACCATACCTAGTATAAACAATGAGACACCAGGGATTAGATATCAGTACAATGTG 2993
 -----A-----A-----T--C---AG---A-----C-----A-----A--C--G-----2929
 -----A-----A-----T-----AG---T-A-----C-----A-----A--C-----2995
 -----A-----A-----T-----AG---T-A-----C-----A-----A--C-----2567
 -----A-----A-----T-----AG---T-A-----C-----A-----A--C-----3007
 -----A-----G-----C-----A-----T-A-----G-----C-T-----T-T---A-----A--C-----T-----2189
 -----A-----G-----C-----A-----G-----T-A-----C-T-----G-T-----T-----2149
 -----A-----G-----C-----A-----T-A-----C-T-----G-T-----T-----2342
 -----G-A-----G-----A-----T-A-----C-T-----G-T-----G-----C-----2518
 -----A-----A-G-----A-----T-A-----C-T-----T-----2365
 -----T-----C-----A-----2996
 T-----C-----A-----C-----2219
 -----C-----A-----C-----2363
 -----T-----G-----CC--G-----C-----C-----CC-----A-----2359
 -----T-----G-----C-----CC--CG-----C-----C-----CC-----AG-----2310
 -----T-----G-----C-----CC--G-----C-----C-----A-----2307
 -A-----G-----A-G-A-----C-----C-----C-----A-----A--C-----C-----2375
 -----T-----A-----C-----A-G-T-----C-----C-----A-----AT--C-----C-----2348
 -----A-----A-----A-G-T-----C-----C-----G-A--C-----C-----2346
 -----T-----G-----A-----C-----A-A--T-A-----C-T-----C-T---A-----A-----A-----3021
 -----T-----G-----G-----A-----A-----T-A-----C-T-----C-T---T-----A-----A-----3010
 -----T-----G-----GC--A-----T-A-----C-T-----T-----T-----A-----2236
 -----T-----A-G-----A-----T-A-----C-T-----C-----T-----A-----A-----3052
 --G-----G-----T--T-----A-----C-----A-----G-----A-----A-----2205
 --G-----G-----A--T--T-----A-----C-----G-----A-----G-----A-----2325
 --G-----G-----A--T--T-----A-----C-----G-----A-----G-----A-----2183
 --G-----G-----T--T-----A-----C-----A-----G-----A-----G-----A-----2325
 -----C-----C-----T-----A-----G-----G-----2173
 -----C-----C-----G--T-----A-----G-----2179
 -----C-----C-----T-----A-----G-----2173
 -----C-----C-----T-----A-----G-----2325
 -----T-----G-----C--T-----A-----C-T-----G-T--T-----G-----C-----2195
 -----T-----G-----C--T-----A-----C-T-----CT--T-----2195
 -----A-----A-----C--T-----A-----C-T-----CT--T-----A-----2183
 -----A-C-----G-----C--T-----A-----C-T-----CT--T-----2177
 -----G-----G-----T-----A-----C-----A-----2372
 --G-----G-----T-----G-----A-----C-----A-----2370
 -----A-----T-----T-----T--T--A--A-----C-----A--C-----2361
 -----G-----A-C--AC--A--A-----C-T-----C-----2195
 -----T-----A-----G-----C--TC--AG-----C-T-----G-----T--C-----2353
 -----C-----C-----T-----A-----A-----C-----C-----C-----2987
 -----A-----A-----C--TTC--AG-----A-----C-----C-----2295
 -----G-----C-----A-G--T-----C--A-----C-----G-C-----A-----G--C-----2545
 -----A-----G-----C-----G--CT-----C-----T--G-C-----A--C--G--C-----2998
 -----G-----C-----CA--G--G-----C-----G-C-----A-----G--C-----3019
 -----G-----C-----A--G--T-----C-----C-----G-C-----AG-----A-----3016
 -----G-----C--TC--A--A-----C-T-----G-----A-----C--A-----2219
 -----G-----C--TC--A-----C-T-----G-----A-----C-----2398
 -----G-----C--TC--T-----C-----C-T-----A-----2395
 -----G--A-----G-----C-----G-----AG--T--A-----C-----C--T-----A-----2431
 -----G--A-----G-----C-----G-----A--T--A-----C-----T-----A-----2434
 -----G--A-----G-----C-----G-----A--T--A-----C-----C--T-----A-----2433
 -----G--A-----G-----C-----G-----AG--T--A-----C-----C--T-----A-----2434
 --G-----A-----T-----AG--T--A-----C-----C-----A--C-----2225
 --G-----CA-----T-----A--T--A-----C-----A--C-----2214
 -----A--T-----A-----T-----AGT--T--A-----C-----A--C-----2392
 -----A-----A-----T-----AG--T--A-----C-----A--C-----2348
 -----A-----AG--C-----C-----A-----A--A-----C-----A-----A--AG-----T-----2168
 -----A-----A--G-----C-----A-----A--A--C-----C-----C-----AG--G-----2356
 -----TM--A-----A-----T-----TG-----A-----T--T--A-----A--T-----T-----T--T-----C-----T-----2585
 --G-----TT-----A-----T-----TG-----G--CA--T--T--A-----A--T-----T-----T--T-----C-----T-----2587
 T--T-----CT--A-----A-----T-----C-----TG-----CCC--T--T--A--A-----T--C--T--T-----G--G--T-----C-----A--A-----C-----3048
 T--T-----CT--A-----A-----T-----TG-----T-----CCC--T--T--A--A-----T--C--T--T--Y-----C-----C-----AG--A-----C-----A-----2466
 T--T-----CT--A-----A-----T-----C-----TGC--T-----CC-----T--A--A--C-----C--C--T--T-----G--G-----C-----AG--A-----C-----3023
 T--T-----C--A-----A--A--C--T-----C-----TGC-----CCC--T-----A--A-----C--C--T--T-----G--G-----C-----A--A-----C-----3047
 --G-----T-----A-----C-----C--CA--A-----C--G-----T--A--A-----A--T--C--A--T--A--CG--G-----C-----A--A-----TGT--T-----T-----2432
 -----A-----A-----T-----C--CTGC--A-----A--T--T--A--A--C--A--T-----T-----C--G-----T-----AG-----T-----2695
 --G-----T-----A-----A-----C--C--TTG-----C--G-----A-----T-----A-----A--T--C-----T-----C-----AG-----A--T-----T-----3054
 -----C--A-----A--G-----C-----TTG--AC--G--A--G--A--T--A--A--C--A-----C-----G-----C-----A-----C-----T-----3053

Pol p51 RT

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





HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	CTTCCACAGGGATGGAAAGGATCACCAGCAATATTCCAAGTAGCATGACAAAAATCTTAGAGCCTTTAGAAAACAAAAATCCAGACATAGTTATCTATCAATACATGGATGATTTGTATGTAGGATCTG	3123
A1. KE. 00. MSA4069	-----G-----G-----A-----TC-A---C---A---A-----G-----C-----	2322
A1. KE. 94. Q23_17	-----G-----G-----C-----TC-A---A-----A-----	2581
A1. SE. 94. SE7253	-----G-----G-----C-C---TT-A-G---A---A-----C-----G-G---	2327
A1. TZ. 97. 97TZ02	-----G-----G-----C-----TT-A---A---A-----C-----	2318
A1. UA. 00. 98UA0116	-----T-----G-----C-----TC-A---A---A-----C-----C---	3122
A1. UG. 85. U455	-----G-----T-----G-----C-----TC---C-----C-----G---	2569
A1. UG. 92. 92UG037	-----G-----GGCC-----C-----TC-A-----C-----	2490
A2. CD. 97. 97CDKS10	0
A2. CD. 97. 97CDKTB48	-----G-----C---T---C---GGC-AG-----G-G-C---C-----C-----	2461
A2. CY. 94. 94CY017_41	-----G-----G-----C-----TC-A-G---A---AT---A-C---C-----C-----	2480
B. AR. 99. ARMA132	-----G-----C-----	2328
B. AU. 95. MBCC54	-----G-----C-----	2483
B. BO. 99. BOL0122	-G-----G-----T-----A-----G-----	2343
B. CN. -. RL42	-----T-----	2510
B. ES. 89. S61K15	-----C-----G-----	3131
B. GA. 88. OYI	-----G-----T-----	2666
B. GB. 83. CAM1	-----	3125
B. NL. 86. 3202A21	-----A-----T-----	3125
B. TH. 90. BK132	-----T-----	2474
B. US. 83. RF	-----A-G-----T-----A-----A-----	2640
B. US. 90. WEAU160	-----A-----	3122
C. BR. 92. 92BR025	-----T-----G---T-C-----C---GGC-----A---A-----T-----C-----	2461
C. BW. 00. 00BW3891_6	-----A-----G-----C---GC-----GA---C-----T-----A	2487
C. BW. 96. 96BW0502	-----G-----G-----T-----C---CT-----A---C-----T-----C-----	2616
C. ET. 86. ETH2220	-C-----C-----G-----C-CC-----C---GGCC-CC-C---A---C-----T-----C-----	2515
C. IL. 98. 98IS002	-----T-----T-G-----G-----C-C---GGC---C---A---C-----T-----C-----G---	2457
C. IN. 95. 95IN21068	-----A-----G-A-----G-----C---GGC-----A---C-----T-----C-----C---	2474
C. IN. 99. 01IN565_10	-----G-----G-----C---GC-----A---C-----T-----C-----	2504
C. KE. 00. KER2010	-----T-----G-----C-----C---GC-A-G---A---C-----T-----C-----	2304
C. MM. 99. mIDU101_3	-----G-----G-----C---GGC-----A---C-----T-----C-----	2474
C. TZ. 97. 97TZ04	-A-----G-----GT-----T-----G-GGC-G---A---C-T---T-----C-----	2318
C. TZ. 98. 98TZ017	-A-----G-----T-----C---G-C-----A---C-T---T-----C-----	2477
C. ZA. 01. 2134MB	-----G-----G-----C---GGC-----AC---C-----T-----C---A	2543
C. ZA. 97. 97ZA003	-----T-G-T---A-C---GC-A---G---C---C---T---C---A	2439
C. ZM. 96. 96ZM651	-----G-----C---C---GGC-----C---C-----T-----CC	2452
D. CD. 83. ELI	-----G-----C-----A-G-----	2669
D. CD. 83. NDK	-C-----G-----C-----A-----	2658
D. CD. 85. Z226	-----G-----C-----	3126
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	-----G-C-----T---T-----AC---A---TC-----	2322
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	-----A-----G-----A-----AG-G---TC-----	2328
D. TD. 99. MN012	-----A-G-----G-----T---T-----C-----AC-----	2347
D. UG. 94. 94UG114	-----A-----A-----A-----A-GA-----	2478
D. UG. 99. 99UGA08483	-----A-----C-----A-G-----T-----	2328
D. UG. 99. 99UGB21875	-----A-----G-----C-----A-G-C-----T-----A-----	2328
F1. BE. 93. VI850	-----A-----T-----C-----TGA---C---C-----G-----	2460
F1. BR. 93. 93BR020_1	-----A-----TA-----T---C---GC-A-----C-----G-----	2451
F1. FI. 93. FIN9363	-----A-----T-----C-----C-AG-----C-----G-----	2452
F1. FR. 96. MP411	-----A-G-----T-----T-----C---GC-A-----C-----G-----	2325
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	-----G-----C---GC-AG-----G---G---C-----G-----	2313
F2. CM. 95. MP255	-----G-----T-----C---GC-A---A---C-----C-----G-----	2319
F2. CM. 95. MP257	-----G-----T-----C---G---A---A---C---T---C-----C-----G-----	2331
F2. CM. 97. CM53657	-----G-----G---GT-A---A---T---C-----C-----G-----	2313
G. BE. 96. DRCBL	-----T-G-----C-----C-----A---G---C-----A-----A-----	3080
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	-----T-G-----C---GC-A---A---G---C-----A-----	2325
G. FI. 93. HH8793_12_1	-----C-----T-G-----C---T-A---A-G---C---T-----A-----	2524
G. NG. 92. 92NG083	-----T-G-----T-----C---C-A---A-G---G---C-----A-----	2492
G. SE. 93. SE6165	-----T-G-----G-----C---GC-A-T---A-G---G---C-----A-----	2520
H. BE. 93. VI991	-----C-----G-----C-----T-AG-GA---T---C-----	2512
H. BE. 93. VI997	-----T-G-----C-----T-A---A---T---C---T-----	2447
H. CF. 90. 056	-----C---G-----C---G-----T-A-G---T---C-----	2470
J. SE. 93. SE7887	-----A-----C-----T-GT-----A-A---G-AG---C---A---C---G-----C-----G-----	2437
J. SE. 94. SE7022	-----A-----T-GT-----A-A---G-AG---C---A---C---G-----C-----G-----	2438
K. CD. 97. EQTB11C	-----A-----T---T-----C---GGA-----T-G---T-A---C-----C-----G-----	2319
K. CM. 96. MP535	-A---A-----CA-----C---T-A---A-G---A---C-----A---T---G-----	2319

200

HIV-1/SIV cpz Complete Genomes





B.FR.83.HXB2	CTTCCACAGGGATGGAAAGGATCACCAGCAATATTCCAAGTAGCATGACAAAATCTTAGAGCCTTTAGAAAACAAAATCCAGACATAGTTATCTATCAATACATGGATGATTTGTATGTAGGATCTG	3123
01_AE.CF.90.90CF4071	--A-----G-----G-----GT-----C-----GC-A-----A-----C-----	3059
01_AE.JP.93.93JP_NH1	--G-----C-----T-A-----A-G-----C-----	3125
01_AE.TH.90.CM240	--G-----G-----G-----C-----T-A-----A-G-----A-----C-----	2697
01_AE.TH.93.93TH9021	--G-----G-----G-----C-----T-A-----A-G-----C-----G-----	3137
02_AG.CM.02.02CM_1677LE	-----C-T--GGCA-----C--G-----A-G-G--C-----A-----A--	2319
02_AG.CM.97.97CM_MP807	-----T--GGC-----C--C-A-----G--G-T-C--T-----A-----	2279
02_AG.FR.91.DJ264	-----T--GGCA-----G--C-----T-A-----G-----T-----A-----	2472
02_AG.NG.-.IBNG	-----G--G-----T--GGCA-----C--C-A-----G--G--C-----A-----	2648
02_AG.SE.94.SE7812	-----T--GGCG-----C--C-A-----G--G--G--C--T-----A-----A--	2495
03_AB.BY.00.98BY10443	-----T-----T-----G-----	3126
03_AB.RU.97.KAL153_2	-----T-----T-----G-----	2349
03_AB.RU.98.RU98001	-----T-----T-----G-----	2493
04_cpx.CY.94.CY032	-----C-----T-----C-----TTCA--C--A--C-A-C--T-----G--	2489
04_cpx.GR.91.97PVCH	-----TA--T-----C-----CCAG--C--A--C-A-C-----G--	3140
04_cpx.GR.97.97PVMY	-----G-----T-----C-----CCA--C--G--G--C-A-C-----G--	3137
05_DF.BE.-.VI1310	-----A-----T-----C-----AG-----C-----	2505
05_DF.BE.93.VI961	-----A-----T-----C-----A-G--T-----G--	2478
05_DF.ES.99.X492	-----A-----G-----T-----C-----A-----T-----G--	2476
06_cpx.AU.96.BFP90	-----T-G-----T-----C-----T-A--C--A--G--C-----A--G--	3151
06_cpx.ML.95.95ML127	-----A-----T-GT-----T-----T-C-----T-A--G--AC-G--G--C-----A--	3140
06_cpx.ML.95.95ML84	-----T-G-----T-----T-----C-----C-A-G--A--A--C-----A--	2366
06_cpx.SN.97.97SE1078	-----T-G-----T-----T-----C-----C-A-G--A--A--C-----A--	3182
07_BC.CN.-.CNGL179	-----G-----	2335
07_BC.CN.97.97CN001	-----C-----G-----	2455
07_BC.CN.97.CN54	-----T-----C-----G-----T-----	2313
07_BC.CN.98.98CN009	-----T-----C-----G-----T-----	2455
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	-----T-----C-----	2303
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	-----T-----T-----C-----	2309
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	-----T-----T-----C-----	2303
08_BC.CN.98.98CN006	-----T-----C-----G-----C-----	2455
09_cpx.GH.96.96GH2911	--A-----G-----C-----T-A-----A-----A-C-----G--	2325
09_cpx.SN.95.95SN1795	--A-----G-----G-----C-----T-A-----A-----A-C-----G--A--	2325
09_cpx.SN.95.95SN7808	--A-----GT-----A--A--T-A-----GA-----A-C-----G--	2313
09_cpx.US.99.99DE4057	--A-----A-----GT-----C-A-----A-G-----A-----A-G-----G--	2307
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	-----A-----G-----C-----C-A-G-----T-----	2502
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	-----A-----A-----A-----A-G-----	2500
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	-----A-----A-----A-----A-G-----	2491
11_cpx.CM.02.02CM_4118STN	--A-----G-----T-----T-G-----A-A--C--C--A--C-----G--C--C--G--	2325
11_cpx.CM.96.4496	--A-----G-C--G--C-----A-A--C--A--C--AT-----G--	2483
11_cpx.FR.99.MP1298	--G-----G--T-----GT-----A-A--C--A-----C-----G--	3117
11_cpx.GR.-.GR17	--A-----G--T-----G-----A-A--C--C--AG-----C-----G--G--	2425
12_BF.AR.97.A32989	-----G-----G-----G-----	2675
12_BF.AR.99.ARMA159	-----G-----G-----G-----G-----	3128
12_BF.UY.99.URTR23	-----C-----C-----G-----G-----	3149
12_BF.UY.99.URTR35	-----T-----C-----C-----G-----C-----	3146
13_cpx.CM.02.02CM_3226MN	--G-----G--C--GT--T--G-----A-A--T--C--A--G--T-----C-----G--G--	2349
13_cpx.CM.96.1849	--G-----A-C--GT--G-----A-A--C--C--A--G--T-----CC--G--G--	2528
13_cpx.CM.96.4164	--G-----G--G-----G-----T--A-A--C--C--A--G--T-----C-----G--	2525
14_BG.ES.00.X475	-----T-----A-C--T-A-----A--G--C--T-----A-----	2561
14_BG.ES.00.X477	-----T-----A-C--T-A-----A--G--C--T-----A-----	2564
14_BG.ES.00.X623	-----T-----C--T-A-----A--G--C--T-----A-----	2563
14_BG.ES.99.X397	-----T--GC-----A-----G-A-----A--G--C--TG-----A-----	2564
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	--G-----A-----G-----G-----G-----T-----C-----T-A-----A--G-----C-----	2355
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	--G-----G-----G-----G-----GGC-----T-A-----A--TA--A-----C-----	2344
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	--G-----A-----G-----GT-----C-----A-G-----A--G-----C-----	2522
15_01B.TH.99.99TH_R2399	--G-----G-----G-----G-----C-----T-A-----A--G-----C-----	2478
16_A2D.KE.00.KISII5009	-----A-----G-----C-----G-----A-----T-----G-----A-----	2298
16_A2D.KR.97.97KR004	-----C-----C-----A-----T-----G-----A-----	2486
N.CM.-.YBF106	T-A-----G-----T--T-----TCA-----TC--A-A--G--GA--C-----G--A--T--G-----CC-C--G--	2715
N.CM.95.YBF30	--G-----A-C-----G-----T--T--G--CA-----TC--A-A--C--G--GA--C-----G--A-C--T--C--G-----CC-C--G--	2717
O.BE.87.ANT70	--C--G--A-----T-----T-----TCA-----TC--T-A--C--G--G--C--C-----AT--AA--T--G--G-----CC-A-----A--	3178
O.CM.-.96CMABB009	--C-----A-----T-----C-----T-----TCA-----G-----TC--T-A--G--G--T--C-----A--AA--T--GC--G-----C-A-----A--	2596
O.CM.91.MVP5180	--C--G--A--G-----T-----C-----T--G--TCA-----G--TC--T-A--G--AGC--C-----AG--AA--T--G--G-----A--C-A-----A--	3153
O.SN.99.SEMP1299	--C--G--A-----G--G-----T-----T-----TCA-----G-----T--T-A--G--G--C--C-----AT--AA--T--G--G-----C-A-----A--	3177
CPZ.CD.-.ANT	--A-----A-C-----T--T--T--GCA-----C--G-----CA--A--GG--TA--GT-----CAG--AA--T-----C--C-----	2562
CPZ.CM.98.CAM5	T-A--R--A-----G-----G-----C--T-----C-----A-----T-A--C-----GC-----TC--A--A-----C-----T-----CC--T-----	2825
CPZ.GA.-.CPZGAB	T-G-----A-----G--T--T--C-----C--T-----TC--A--C--G--A--G-----T-----TAC--T--C--G-----CC-A-----G--G--	3184
CPZ.US.85.CPZUS	T-A-----A-----G-----T-----T-----G--C--T-----TC--T-----C-----TG--TA--A-----T-----C--C-----G--A--	3183
Pol p51 RT	L P Q G W K G S P A I F Q S S M T K I L E P F R K Q N P D I V I Y Q Y M D D L Y V G S	Pol



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	ACTTAGAAATAGGGCAGCATAGAACAAAAATAGAGGAGCTGAGACCAACATCTGTTGAGGTGGGGACTTACCACACCAGACAAAAAACATCAGAAAGAACCTCCATTCTTTGGATGGGTTATGAAGTCCA	3253
A1. KE. 00. MSA4069	-----G---GG---A--T-A--GCT--T-A---C-----T-A--T-----G-----A---G---	2452
A1. KE. 94. Q23_17	-T-----G---G---A-AT-A-GCT--A---C-----TT-----G-----A---G---	2711
A1. SE. 94. SE7253	-T-----A---T-A-GCT--A---C---T---T---G-----T---A---G---T---	2457
A1. TZ. 97. 97TZ02	-T---G-----A---T-A-GCT--A---C---T---T---G-----T---A---G---	2448
A1. UA. 00. 98UA0116	-T-----G-----G---T-A-GCT--A---C---T---T---G-----T---AC---G---	3252
A1. UG. 85. U455	-T-----A---G-----AT-A-GCT--A---C---T-C-TT-C-----G-----T---G---T---	2699
A1. UG. 92. 92UG037	-T-----A---AT-A-G-----A-A-AA---T---T-----G-----T---A-----T---	2620
A2. CD. 97. 97CDKS10	0
A2. CD. 97. 97CDKTB48	-T-----AT---G-----T-A-GGCT--T-A-A-A---T---T-----G-----A---G---T---	2591
A2. CY. 94. 94CY017_41	-T-----A-C---GT-----AT-A-GGCT--CT-A-AA---T---TAT-----T---A---G---T---	2610
B. AR. 99. ARMA132	-----A-----A-----A-----T-G-----T-----T-----T---	2458
B. AU. 95. MBCC54	-----G-----A-----A-----T-----T-----T-----T---	2613
B. BO. 99. BOL0122	-----A-----A-----T-----A-----GT-A-----T-----T---	2473
B. CN. -. RL42	-----G-----A-----A-----T-----T-----T-----T---	2640
B. ES. 89. S61K15	-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----T---	3261
B. GA. 88. OYI	-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----T---	2796
B. GB. 83. CAM1	-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----T---	3255
B. NL. 86. 3202A21	-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----T---	3255
B. TH. 90. BK132	-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----T---	2604
B. US. 83. RF	-T-----T-----A---G-----A-A---GT-----G---G-----A---C-----T---	2770
B. US. 90. WEAU160	-----T-----T-----A---C-----T-----T-----T-----T---	3252
C. BR. 92. 92BR025	-----A---G-----T-A-G-----A---A---T-C---C-----G-----C---T---G---	2591
C. BW. 00. 00BW3891_6	-----A---G-----T-A-G-----A---A---T---T---T---G-----C---T---G---	2617
C. BW. 96. 96BW0502	-----A-GC---G-C---A-AT-A-G---C---A-A---T-----C---T---G---	2746
C. ET. 86. ETH2220	-----A---G-CCC-----A---T-A-G-----A---A---T---G-----G-----T---	2645
C. IL. 98. 98IS002	-T-G-----A-A-C---G-----T---T-A-G-----A---A---T-----G-----T---	2587
C. IN. 95. 95IN21068	-----A---G-----A---T-A-G-----A---A---T---G-----G-----T---	2604
C. IN. 99. 01IN565_10	-----A---G-----AT-A-GC-----A---A---T-----C---T---G---	2634
C. KE. 00. KER2010	-----A---G-----T-A-G-----A---A---T---G-----G---G-----C---T---	2434
C. MM. 99. mIDU101_3	-T-----A-----A---G-----A---A---T-----G-----G-----T---	2604
C. TZ. 97. 97TZ04	-----A---G---G-----T-A-G---T-A---A---T---G-----C---T---G---	2448
C. TZ. 98. 98TZ017	-----A---G-----T-A-G---T-A---A---T-A-----G-----C---T---A---	2607
C. ZA. 01. 2134MB	-----A---G-----T-A-AGT---A---A---T-C-----T---G-----C---T---G---	2673
C. ZA. 97. 97ZA003	-----A---G-----T-A-GC-----A---A---T-----C---T---G-----G---	2569
C. ZM. 96. 96ZM651	-----A---G-----A---T-A-G-----A---A---T-----G-----G-----C---T---	2582
D. CD. 83. ELI	-----G-----A-AT-A-G-----A-----T---G-----T-----T---	2799
D. CD. 83. NDK	-----AT-A-G-----A-----T-----T-----T-----T---	2788
D. CD. 85. Z2Z6	-----AT-A-G-----A---A---T-----T-----T-----T---	3256
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	-T---G-----T-----A-AT-A-G---T-A---A---T---G-----T---G-----C---T---	2452
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	-T---G-----G-----AT-A-GG---C-A---A---T-C-----T---G-----T---	2458
D. TD. 99. MN012	-T-----AC---T-A-G---T-A---A---GT-----T-----T-----T---	2477
D. UG. 94. 94UG114	-----T-----AT-A-GGG---C-C---A---T-----GT-----C---T---	2608
D. UG. 99. 99UGA08483	-----G-A-----A-AT-A-GGG---C-A---A---T-----G-----T---	2458
D. UG. 99. 99UGB21875	-----T-----T-----A-AT-A-GG---C-----T-----G-----T---	2458
F1. BE. 93. VI850	-----T-A-G-----AC---A---T---T-----GC-----T---	2590
F1. BR. 93. 93BR020_1	-----A-----A---T-A-G-----AC-AA---T-A---T-----A---C-----C---G---	2581
F1. FI. 93. FIN9363	-----T-A-G-----AC-AA---T---T-----C-----G-----G---	2582
F1. FR. 96. MP411	-----C-----G-TG-----T-A-GG-----AC-AA---CT---T-----G-----C-----G---	2455
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	-----GG-----T-A-G-----A---A---T---T-----T-----G-----C---T---G---	2443
F2. CM. 95. MP255	-----G-----T-A-G-----A-AA---T---T-----T-----T-----C---T---G---	2449
F2. CM. 95. MP257	-----GG-----T-A-GG-----A---A---T---T-----T-----C---T---G---	2461
F2. CM. 97. CM53657	-----A---G-----A---T-A-G-----A---A---T---T-----T-----G-----C---T---	2443
G. BE. 96. DRCBL	-----G-----A---T-A-G-----AC---A---T---A-----T---G-----T---A---G---	3210
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	-----G-----T-A-A-----AC-GAA---T-----T---G-----A---G---	2455
G. FI. 93. HH8793_12_1	-----G-----A---AT-A-G-----A---A---T---T-----A---G---T---	2654
G. NG. 92. 92NG083	-----G-----T-A-G-----AC-AA---T-G-----T-----A---G---	2622
G. SE. 93. SE6165	-----G-----T-A-G-----A-AA---GT-----T-----T-----A---G---	2650
H. BE. 93. VI991	-----A-A---GA-----A---T-A-GCT---T-----T-C---A-----C-----T---	2642
H. BE. 93. VI997	-----A---G-G-----T-A-GCT---T-----T-----G-----C---T---A---	2577
H. CF. 90. 056	-----A---G-----T-A-GCT---T---AA---T-----T-----C---T---A---	2600
J. SE. 93. SE7887	---G-----AA---G-----A---GG-----A---A---T-----T-----T-----A---G---T---	2567
J. SE. 94. SE7022	---G-----AA---G-----A---GG-----A---A---T-TA-----T-----T-----A---G---	2568
K. CD. 97. EQTB11C	-----A---G-----A-A-G-----A---A---T-----G-----C---T---G---	2449
K. CM. 96. MP535	-----A-C-----A-A-G-----A-AA---A---T-----G-----C---T---A---	2449





B. FR. 83. HXB2

01_AE.CF.90.90CF4071
 01_AE.JP.93.93JP_NH1
 01_AE.TH.90.CM240
 01_AE.TH.93.93TH9021
 02_AG.CM.02.02CM_1677LE
 02_AG.CM.97.97CM_MP807
 02_AG.FR.91.DJ264
 02_AG.NG.-.IBNG
 02_AG.SE.94.SE7812
 03_AB.BY.00.98BY10443
 03_AB.RU.97.KAL153_2
 03_AB.RU.98.RU98001
 04_cpx.CY.94.CY032
 04_cpx.GR.91.97PVCH
 04_cpx.GR.97.97PVMY
 05_DF.BE.-.VI1310
 05_DF.BE.93.VI961
 05_DF.ES.99.X492
 06_cpx.AU.96.BFP90
 06_cpx.ML.95.95ML127
 06_cpx.ML.95.95ML84
 06_cpx.SN.97.97SE1078
 07_BC.CN.-.CNGL179
 07_BC.CN.97.97CN001
 07_BC.CN.97.CN54
 07_BC.CN.98.98CN009
 08_BC.CN.97.97CNGX_6F
 08_BC.CN.97.97CNGX_7F
 08_BC.CN.97.97CNGX_9F
 08_BC.CN.98.98CN006
 09_cpx.GH.96.96GH2911
 09_cpx.SN.95.95SN1795
 09_cpx.SN.95.95SN7808
 09_cpx.US.99.99DE4057
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF071
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF110
 11_cpx.CM.02.02CM_4118STN
 11_cpx.CM.96.4496
 11_cpx.FR.99.MP1298
 11_cpx.GR.-.GR17
 12_BF.AR.97.A32989
 12_BF.AR.99.ARMA159
 12_BF.UY.99.URTR23
 12_BF.UY.99.URTR35
 13_cpx.CM.02.02CM_3226MN
 13_cpx.CM.96.1849
 13_cpx.CM.96.4164
 14_BG.ES.00.X475
 14_BG.ES.00.X477
 14_BG.ES.00.X623
 14_BG.ES.99.X397
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1331
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1332
 15_01B.TH.99.99TH_MU2079
 15_01B.TH.99.99TH_R2399
 16_A2D.KE.00.KISII5009
 16_A2D.KR.97.97KR004
 N.CM.-.YBF106
 N.CM.95.YBF30
 O.BE.87.ANT70
 O.CM.-.96CMABB009
 O.CM.91.MVP5180
 O.SN.99.SEMP1299
 CPZ.CD.-.ANT
 CPZ.CM.98.CAM5
 CPZ.GA.-.CPZGAB
 CPZ.US.85.CPZUS
 Pol p51 RT

ACTTAGAAATAGGGCAGCATAGAACAAAAATAGAGGAGCTGAGACAAACATCTGTTGAGGTGGGGACTTACCACACCAGACAAAAAACATCAGAAAGAACCTCCATTCTTTGGATGGGTTATGAAGTCCA 3253
 -T-----CG-G-----A-----A--GCT-----A-----C-----T--T-G-----G-----T-----A----- 3189
 -T-----A-----C---T-----A--GCT-----A-----C-----T--T-----G-----G-----A----- 3255
 -T-----C-----C-----A--GCT-----A-----C-----T--T-----G-----G-----A----- 2827
 -T-----C-----G-----A--GCT-----A-----C-----T--T-----G-----G-----A----- 3267
 -----G-----G-----A--T--G-C-----AC-AA-----GT-----G-C-----T-----A----- 2449
 -----A-----G-----A--T-A--G-----AC-AA-----T-----T-----A----- 2409
 -----G-----G-----T--G-----AC-AA-----T-----T-----A----- 2602
 -T-----G-----G-----T--GG-----AC-AA-----T-----G-----T-----A----- 2778
 -----G-----A-----G-----T--G-----AC-----A-----T-----TG--G-----T-----A----- 2625
 -----G-----A-----G-----C-----T-----C-----G----- 3256
 -----G-----G-----A-----G-----C-----T-----T----- 2479
 -----G-----T-----A-----G-C-----C-----T-----T----- 2623
 -----A-----G-----A-----A--G-G-----A-----A-----T-C-----C-----T-----G----- 2619
 -----A-----G-----A--A--G-----T-----A-----CT--TA-----C-----T-----G----- 3270
 -----A-----A-G-----A--A--G-----A-----T-----CTTT-----C-----T-----G----- 3267
 -----A--A-----GG-----A-----T--A--G-----AC--GCA-----GT-----T-----G----- 2635
 -----A-----G-----T--A--GG-----AC--AA-----T-----T-----G----- 2608
 -----T--A-----G-----AC-----A-----GT--C--T-----T-----G----- 2606
 -----A-----G-----T--A--G-----A--AA-----T-----T-----C-----T-----G----- 3281
 -----A-----G-----T--A--G-----A--AA-----T-----T-----C-----T-----G----- 3270
 -----A-----G-----T--A--G-----A--AA-----T-----T-----G-----G--C-----T-----G----- 2496
 -----A-----GA--GG-----G-----C-----A-----AA-----GT-----G-----T-----G----- 3312
 -----G-----A-----T-----T-----T-----G-----T-----G----- 2465
 -----G-----A-----T-----T-----T-----G-----T-----G----- 2585
 -----G-----A-----T-----T-----T-----G-----T-----G----- 2443
 -----G-----A-----T-----T-----T-----G-----T-----G----- 2585
 -----A-----G-----A--A-----T-----G-----T-----G----- 2433
 -----A-----G-----A--A-----T-----G-----T-----G----- 2439
 -----A-----G-----A--A-----T-----G-----T-----G----- 2433
 -----A-----A-----G-----A--A-----T-----G-----T-----G-----A----- 2585
 -----A-----G-----A--A-----A-----T-----T-----G-----C-----T-----G----- 2455
 -----A-----G-----C-----A-----G-----A-----A-----T-----T-----G-----C-----T-----G----- 2455
 -----A-----G-----A--A-----A-----T-----T-----G-----C-----T-----G----- 2443
 --C-----A-----G-----A--A-----T-----A-----A-----T-----G-----G-----C-----T-----G----- 2437
 ---C-----C---C---T-----A--A--GGG---C--A--A--A-----T-----G-----G-----G-----T--G-----G----- 2632
 ---G-----A-----G-----CT--A--GGG---C--A--A--A-----T-----G-----A-----T--G-----G----- 2630
 -T-----T-----T-----AT--A--GG---CT--A--A--A-----T-----G-----G-----T--A-----G----- 2621
 -----A-----GA--G-----A--AT--A--GA--G--T--A-----A-----T-----T-----C-----A-----G--T-- 2455
 -----A-----GA--GG-----A--AT--A--GA--G--A-----A-----T--C-----T-----C-----A-----G----- 2613
 -----A-----GA--GG-----A--AT--A--GA--G--A-----A-----T--C-----A-----C-----A-----G----- 3247
 -----A-----GA--GG-----A--AT--A--GA--G--A-----A-----T--C-----T-----C-----A-----G----- 2555
 -----A-----G-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----T-----T----- 2805
 -T-----G-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----T-----G----- 3258
 -----AA-----A-----A-----GC-----T-----C-----T-----C-----G----- 3279
 -----A-----A-----GC-----T-----T-----T-----C----- 3276
 -----GAG--GG--A--AT--A--G-----A-----T--A-----T-----T-----A-----A-----G----- 2479
 -----GA--GG-----AT--A--AG-----T-----T-----T-----G-----A-----G----- 2658
 -----A-----GA--GG-----AT-----AGT-----A-----T-----T-----T-----A-----G----- 2655
 -----G-----T--A--A-----A--C-----GT-----T-----T-----A-----G----- 2691
 -----G-----T--A--A-----A--C-----GT-----T-----T-----A-----G----- 2694
 -----A-----G-----G-----T--A--GG-----A--C-----GT-----T-----T-----A-----G----- 2693
 -----G-----T--A--A-----A--C-----GT-----T-----T-----A-----G----- 2694
 -T---G-----C---T---G-----AT--A--GCT---A---C---T---T---T-----G-----G-----A----- 2485
 -T-----C---T-----AT--A--GCT---A---C---T---T-----G-----G-----A----- 2474
 -T---C---T---G---CAG---A---AG---GG---C---ATT---T---GG---T---A---ATCA---T---T---C---T---T---G-----G-----A----- 2652
 -T-----C---T---G---CAG---A---AG---GG---C---ATT---T---GG---T---A---ATCA---T---T---C---T---T---G-----G-----A----- 2608
 16_A2D.KE.00.KISII5009 -----AT--A--G---T--A---AA--A---T-----T-----T-----T-----A---A---A-----T--- 2428
 16_A2D.KR.97.97KR004 -----AT--A--A---T---AC---AA-----T---TA-----T-----T-----AA----- 2616
 -----CA--A-----GAG--C--G---A--A---T---GGT---T---A-----CT---G--C--T-----A--G--G--A--G---C-----A---G----- 2845
 -----C---CA--A-----GAGC--G---A--C---T---G---T---T---A-----CT---G--C--T-----A--G--G---C---G-----A---G----- 2847
 -T---CCCC--GACAG--A-----A--GG---T---ATT---T---G---C---A---ATCA-----T--C---T---C---T-----G---A--G-----C---T---A-----G----- 3308
 -TC---CC--T--G--CAG--A-----G--A---GG--T--A--CA---T---G---G---T--A--ATCA-----CT---T---C---T-----G---A--G-----C---T---G----- 2726
 -T---CC--T--G--CAG--A-----AG---GG---C---ATT---T---GG---T---A---ATCA-----T---T---C---T---T-----G-----A-----C---TT--A-----A---G----- 3283
 -T---CCCC--GACAG--A-----AG--G--G---ATT---T---G---CT--A--ATCA-----T--C---T---C---T---T-----G---A--G-----C---TT--G-----G----- 3307
 -TA--G-----TACTGCA-----GA--TG-----AA---T-----T--ACA--GTC-----AGAG--T--T-----G-----T--AA-----A-----GT--A-- 2692
 -C--G--G-----AA--A-----GA--GG-----ATTA--C-----C--T--CT-----TT---T---C---T-----G---A--G-----A--C---TT--G-----A---G----- 2955
 -TC--T-----T--AT--A-----A---GG--G--A--A-----T---C--T--AA-----GT--C--A--C-----G---A--G-----A--C---TT--A-----A---G----- 3314
 -TC--A--CT---AAA-----GGA--GG---ACT---C-----T--T--C--CT-----T--C--T---C---T---T---G---G-----A--G-----A-----T--A-----C----- 3313

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

203

D L E I G O H R T K I E E L R O H L L R W G L T T P D K K H Q K E P P F L W M G Y E L H Pol

HIV-1/SIVcpz complete genomes



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	TCCTGATAAAATGGACAGTACAGCCTATAGTGTGCCAGAAAAGACAGCTGGACTGTCAATGACATACAGAAGTTAGTGGGGAAATTGAATTGGGCAAGTCAGATTTACCCAGGGATTAAAGTAAGGCCAA	3383
A1.KE.00.MSA4069	-----C-G-----C-----A-----A-----T-----A-----A-----C-A-----G-----A-----TG-----A-----A-----	2582
A1.KE.94.Q23_17	-----C-G-----C-----A-----A-----T-----A-----A-----C-A-----A-----TG-----A-----A-----	2841
A1.SE.94.SE7253	-----C-----C-----A-----G-----A-----T-----A-----A-----C-A-----A-----TG-----A-----A-----	2587
A1.TZ.97.97TZ02	-----C-G-----C-----A-T-----A-----T-----A-----A-----C-A-----A-----TG-----A-----A-----	2578
A1.UA.00.98UA01116	-----C-----C-----A-----T-----A-----T-----A-----A-----C-A-----A-----T-----A-----A-----	3382
A1.UG.85.U455	-----C-----T-----CA-----T-----A-----A-----A-----C-A-----A-----TG-----A-----A-----	2829
A1.UG.92.92UG037	-----G-----C-A-G-----A-----G-A-----T-----A-----A-----C-A-----A-----TG-----A-----AA-----	2750
A2.CD.97.97CDKS10	0
A2.CD.97.97CDKTB48	-----C-G-----C-----AA-----T-----A-----A-----A-----G-----A-----TG-----A-----A-----	2721
A2.CY.94.94CY017_41	-----C-G-----C-----AA-----T-----A-----A-----A-----A-----TG-----A-----A-----	2740
B.AR.99.ARMA132	-----T-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----A-----A-----	2588
B.AU.95.MBCC54	-----A-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----	2743
B.BO.99.BOL0122	-----C-----C-T-----A-----C-----T-----G-----A-----G-----A-----	2603
B.CN.-.RL42	-T-----G-----A-----A-----G-----TG-----G-----A-G-----	2770
B.ES.89.S61K15	-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----	3391
B.GA.88.OYI	-----A-----A-----A-----A-----TG-----A-----A-C-----	2926
B.GB.83.CAM1	-----A-----A-----G-----A-----C-----TG-----A-----	3385
B.NL.86.3202A21	-----A-----A-----T-----A-----G-----C-----	3385
B.TH.90.BK132	-----A-----G-----A-----A-----A-----G-----	2734
B.US.83.RF	-----A-----A-----TG-----A-----A-----	2900
B.US.90.WEAU160	-----AA-----A-T-----A-----G-----A-----	3382
C.BR.92.92BR025	-----C-----CA-----G-T-----C-----T-----T-----A-----A-----C-----A-----A-----	2721
C.BW.00.00BW3891_6	-----C-----G-----CA-T-----G-T-----T-----A-----A-----A-----C-----TG-----A-----A-----	2747
C.BW.96.96BW0502	-----C-----CA-----C-G-T-----T-----A-----A-----G-----A-----C-----C-----	2876
C.ET.86.ETH2220	-----C-----CA-----G-T-----T-----A-----A-----A-----C-----	2775
C.IL.98.98IS002	-----C-----G-----CA-----G-T-----A-----T-----A-----A-----C-----	2717
C.IN.95.95IN21068	-----C-----CA-----G-T-----T-----A-----A-----A-----C-----A-----	2734
C.IN.99.01IN565_10	-----C-----CA-----G-T-----T-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----A-----A-----	2764
C.KE.00.KER2010	-----C-----CA-----C-G-T-----T-----A-----A-----A-----C-----A-----G-----C-----	2564
C.MM.99.mIDU101_3	-----C-----CA-----G-T-----T-----G-----A-----A-----C-----A-----A-----G-----	2734
C.TZ.97.97TZ04	-----C-----G-A-----CA-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----G-----A-----	2578
C.TZ.98.98TZ017	-----C-----CA-----G-T-----T-----A-----A-----A-----C-----A-----	2737
C.ZA.01.2134MB	-----C-----AA-----G-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----G-----A-----	2803
C.ZA.97.97ZA003	-----C-----CA-----GG-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----A-----G-----	2699
C.ZM.96.96ZM651	-----C-----CA-----G-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----G-----	2712
D.CD.83.ELI	-----T-----AAA-----G-----G-----T-----C-----A-----G-----A-----C-----C-----T-----A-----A-----	2929
D.CD.83.NDK	-----T-----AAC-----A-----T-----T-----A-----A-----C-----C-----TG-----A-----A-----	2918
D.CD.85.Z226	-----T-----AAAT-----G-----G-----T-----T-----A-----A-----C-----C-----T-----A-----A-----	3386
D.CM.01.01CM_0009BBY	-----T-----AAA-----A-----A-----T-----T-----A-----A-----C-----C-----TT-----A-----A-----	2582
D.KE.01.01KE_NKU3006	-----T-----AAA-----A-----A-----T-----T-----A-----A-----C-----A-----T-----A-----A-----	2588
D.TD.99.MN012	-----T-----A-A-----C-CC-G-A-----C-----AC-----A-G-A-----C-----T-----A-----A-----C-----	2607
D.UG.94.94UG114	-----G-----CAT-----G-A-----T-----T-----A-----A-----C-----C-----T-----A-----A-----	2738
D.UG.99.99UGA08483	-----G-----ACA-----G-A-----A-----T-----T-----A-----A-----C-----C-----T-----A-----A-----	2588
D.UG.99.99UGB21875	-----AA-----A-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----A-----T-----A-----A-----	2588
F1.BE.93.VI850	-----G-----CAAT-----A-C-G-----A-----A-----A-----C-----A-----T-----A-----C-----	2720
F1.BR.93.93BR020_1	-----G-----CAAT-----C-G-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----A-----T-----A-----AA-----	2711
F1.FI.93.FIN9363	-----G-----CAAT-----C-G-----G-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----A-----N-----T-----A-----	2712
F1.FR.96.MP411	-----CAA-----A-----A-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----A-----T-----A-----A-----	2585
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----C-----G-----CAAT-----A-C-GAG-----T-----T-----A-----A-----A-----T-----G-----A-----C-----	2573
F2.CM.95.MP255	-----C-----CAAT-----GAG-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----A-----T-----G-A-----AA-C-----	2579
F2.CM.95.MP257	-----G-----CAAT-----C-GAG-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----A-----T-----G-----A-----C-----	2591
F2.CM.97.CM53657	-----C-----G-----CAAT-----C-GAG-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----A-----T-----G-----A-----C-----	2573
G.BE.96.DRCBL	-----A-----CA-----A-C-G-A-A-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----A-----T-----A-----A-----	3340
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----G-----A-----CA-----C-G-A-----T-----T-----A-----A-----C-----A-----T-----A-----A-----C-----	2585
G.FI.93.HH8793_12_1	-----G-----CA-----G-A-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----A-----T-----A-----A-----	2784
G.NG.92.92NG083	-----G-----A-----CA-----G-AGAT-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----A-----T-----A-----C-----	2752
G.SE.93.SE6165	-----C-----G-----A-----CA-----C-G-A-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----A-----T-----A-----C-----	2780
H.BE.93.VI991	-----G-----AAAT-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----A-----T-----A-----A-----	2772
H.BE.93.VI997	-----G-----G-----AAA-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----A-----A-----	2707
H.CF.90.056	-----A-G-----AAA-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----A-----T-----A-----AAT-----A-----	2730
J.SE.93.SE7887	-----C-----A-----CAA-----AGA-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----A-----T-----A-----A-----	2697
J.SE.94.SE7022	-----C-----A-----CA-----AGAT-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----A-----G-----	2698
K.CD.97.EQTB11C	-----G-----CAA-----C-G-T-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----AA-----	2579
K.CM.96.MP535	-----G-----CAA-----C-G-T-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----AA-----	2579



B. FR. 83. HXB2

01_AE.CF.90.90CF4071
 01_AE.JP.93.93JP_NH1
 01_AE.TH.90.CM240
 01_AE.TH.93.93TH9021
 02_AG.CM.02.02CM_1677LE
 02_AG.CM.97.97CM_MP807
 02_AG.FR.91.DJ264
 02_AG.NG.-.IBNG
 02_AG.SE.94.SE7812
 03_AB.BY.00.98BY10443
 03_AB.RU.97.KAL153_2
 03_AB.RU.98.RU98001
 04_cpx.CY.94.CY032
 04_cpx.GR.91.97PVCH
 04_cpx.GR.97.97PVMY
 05_DF.BE.-.VI1310
 05_DF.BE.93.VI961
 05_DF.ES.99.X492
 06_cpx.AU.96.BFP90
 06_cpx.ML.95.95ML127
 06_cpx.ML.95.95ML84
 06_cpx.SN.97.97SE1078
 07_BC.CN.-.CNG1179
 07_BC.CN.97.97CN001
 07_BC.CN.97.CN54
 07_BC.CN.98.98CN009
 08_BC.CN.97.97CNGX_6F
 08_BC.CN.97.97CNGX_7F
 08_BC.CN.97.97CNGX_9F
 08_BC.CN.98.98CN006
 09_cpx.GH.96.96GH2911
 09_cpx.SN.95.95SN1795
 09_cpx.SN.95.95SN7808
 09_cpx.US.99.99DE4057
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF071
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF110
 11_cpx.CM.02.02CM_4118STN
 11_cpx.CM.96.4496
 11_cpx.FR.99.MP1298
 11_cpx.GR.-.GR17
 12_BF.AR.97.A32989
 12_BF.AR.99.ARMA159
 12_BF.UY.99.URTR23
 12_BF.UY.99.URTR35
 13_cpx.CM.02.02CM_3226MN
 13_cpx.CM.96.1849
 13_cpx.CM.96.4164
 14_BG.ES.00.X475
 14_BG.ES.00.X477
 14_BG.ES.00.X623
 14_BG.ES.99.X397
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1331
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1332
 15_01B.TH.99.99TH_MU2079
 15_01B.TH.99.99TH_R2399
 16_A2D.KE.00.KISII5009
 16_A2D.KR.97.97KR004
 N.CM.-.YBF106
 N.CM.95.YBF30
 O.BE.87.ANT70
 O.CM.-.96CMABB009
 O.CM.91.MVP5180
 O.SN.99.SEMP1299
 CPZ.CD.-.ANT
 CPZ.CM.98.CAM5
 CPZ.GA.-.CPZGAB
 CPZ.US.85.CPZUS

TCCTGATAAATGGACAGTACAGCCTATAGTGTGCCAGAAAAGACAGCTGGACTGTCAATGACATACAGAAGTTAGTGGGAAATTGAATTGGGCAAGTCAGATTTACCCAGGGATTAAGTAAAGGCAA
 C----C-G-----C-----CAA-----C---A-----G---T-----A-----A-C-A-----A---TG-----G---A---
 -----C-G-----C-----AA-----T-----A-----A-C-A-----A---TG-----G---A---
 -----C-G-----C-----AA-----T-----A-----A-C-A-----A---TG-----G---A---
 -----C-G-----C-----AA-----T-----A-----A-C-A-----A---TG-----G---A---
 -----C-----C-----CA-----T-----A-----A-----A-----TG-----A-----
 -----C-----C-----CA--A-----T-----A-----A-C-A-----TG-----A-----
 -----C-----C-----CA-----T-----A-----A-C-A-----TTG-----A-----
 -----C-----C-----G--AA--A-----T-----A-----A-C-A-----TG-----A-----A---
 -----C-----C-----T-----A-----A-G-A-----CA-GTCAG-----TG-----A-----
 -----T-----T-----C-----A-----TG-----
 -----T-----T-----C-----A-----TG-----
 -----T-----T-----C-----A-----TG-----
 -----C-----G-----CAA-C-G-----G--T-----C-T-C-----A-C-A-----T-----A---
 -----C-----G-----CAA--G-T-----G--G-----T-C-----A-GC-A-----T-----A---
 -----C-----G-----CAA--GT-----G--G-----T-C-----A-C-A-----TG-----A---
 -----G-----CAAT-----C-G-----T-----A-A-C-A-----T-----A---
 -----G-----CAAT-----A-C-G-----T-----A-A-GC-A-----T-----A---G
 -----G-----CAAT-----C-G-----T-----A-A-C-A-----A---T-----A---
 -----C-----G-----CAA-C-----C-G-G-----T-----A-G-----A-C-A-----T-----
 -----C-----C-G-----CAA-----A-C-G-G-----G-A-----T-----A-----A-C-A-----TT-----A---
 -----C-----G-----CAA-----C-G-T-----T-----A-G-----A-C-A-----T-----A---T
 -----C-----G-----CAA-----C-G-T-----T-----A-G-----A-C-A-----T-----A---
 -----C-----CA-----A-T-----T-----A-----A-A-C-----T-T-A-----
 -----C-----CA-----T-----T-----A-----A-A-C-----C-T-T-A-----
 -----C-----C-CA-----T-----T-----A-----A-A-C-----T-T-A-----
 -----C-----CA-----T-----T-----A-----A-A-C-----T-T-A-----
 -----C-----CA-----G--T-----T-----A-----A-C-----T-T-A-----
 -----C-----CA-----G--T-----T-----A-----A-C-----T-----A-----
 -----C-----CA-----G--T-----T-----A-----A-C-----T-----A-----
 -----C-----CA-----G--T-----T-----A-----A-C-----T-----A-----
 -----C-----G-----CAA-----C-G-A-----T-----A-----A-A-C-----TG-----A---
 -----C-----G-----A-CAA-----G-A-----T-----A-----A-C-C-A-----TG-----
 -----C-----G-----CAA-----C-G-TA-----T-----A-----A-C-A-----TA-----A---G
 -----C-----G-----AA-----G-A-----T-----A-----A-GC-A-----T-----A---
 -----T-----CA-----A-GA-T-T-----T-----A-G-A-C-----G-----
 -----C-----CA-----G-A-----T-----A-G-A-C-----G-----
 -----C-----T-----CA-----G-T-----T-----CA-----A-GC-A-C-----T-----G-G-----
 -----C-----G-A-----CAT-A-----AT-T-----T-----A-A-----A-C-A-----TG-----A---
 -----C-----A-CA-----C-G-A-----Y-----A-----A-A-----T-----G-A-A-T-T
 -----C-----AA-CA-----C-G-A-----T-----A-----A-C-A-----TT-----A-AA---
 -----C-----G-A-CA-----C-G-----T-----A-----A-C-----TG-----A-AA---
 -----G-----A-----C-----T-----A-----A-----A-----2935
 -----G-----C-----G-----A-----A-----A-----G-A-----3388
 -----T-----C-----G-----A-----A-----G-----A-----3409
 -----T-----A-----C-----C-----A-----A-----3406
 -----C-----A-CA-T-----C-G-----T-----A-----A-C-A-----T-----A-G-----A-A-C
 -----C-----AG-CA-T-----C-G-----T-----A-----A-C-----A-C-T-----A-----
 -----C-----AG-G-CA-T-----C-G-----T-----A-----A-----T-----A-G-----A---
 -----C-----A-CA-----C-----A-----C-T-----A-----A-C-A-----C-----T-----A-----AA---
 -----C-----A-CA-----C-----A-----C-T-----A-----A-C-A-----C-----T-----A-----AA---
 -----C-----A-CA-----A-C-----A-----T-----A-----A-C-A-----C-----T-----A-----AA---
 -----C-----A-CA-----C-----A-----C-----A-----G-----A-C-A-----C-----T-----A-----AA---
 -----C-G-----C-----AA-----T-----A-----A-C-A-----A-----TG-----G-----A---
 -----C-----C-----AA-----T-----A-----A-C-A-----A-----T-----G-----G-----A---
 -----C-G-----C-----AA-----T-----A-----A-C-A-----A-----TG-----G-----A---
 -----C-G-----C-----AA-----T-----A-----A-C-A-----A-----TG-----G-----A---
 -----C-----C-----AA-----GA-----T-----A-----A-A-G-A-----TG-----G-----A---
 -----C-----C-----AA-----G-----T-----A-----A-A-G-A-----TG-----A-----
 -----A-----G-C-----A-AA-T-A-----G-GGTA-----T-----A-----A-A-G-A-----C-T-----A-C-----AA-G
 -----A-C-----C-----A-AA-T-A-----G-TGTA-----T-----A-----A-A-G-A-----C-T-----A-C-G-----AA-G
 -----A-C-----T-C-CCAAT-----TA-C-G-TGTG-----A-A-----T-----A-AC-A-A-A-GC-A-----A-C-T-A-A-----G--AG--
 C-A-C-G-----C-CCAAT-----TA-C-G-AGTG-----A-A-----T-----A-A-A-A-A-A-----G-----A-C-T-A-A-----G--AG--
 C-A-C-G-----C-CCAAT-----T-C-AGTG-----A-A-----T-----A-A-A-A-A-A-----A-C-T-A-A-----G--AAG--
 -----A-C-----G-----C-CCAAT-----TA-C-G-GGAA-----A-A-----T-----A-AC-A-A-A-G-A-----A-C-T-A-A-----G--AAG-G
 -----A-C-----T-----AAA-AA--A-----GCC-TGAT-----A-T-----C-----AC-A-A-A-----C-----A-C-----ACT-A---G
 -----A-C-----G-----CAAT-A-----C-G-----G-T-----T-T-----A-A-A-A-----G-----A-----TT-----A-----AA-G
 C-A-C-----C-----TCAAT-A-----GGTA-----T-----A-AC-GA-A-A-G-A-----T-----A-A-A-----A---3444
 -----A-----G-----C-----CA-T-A-----C-----A-TT-----A-----T-T-----A-A-A-----A-----A---G
 P D K W T V Q P I V L P E K D S W T V N D I Q K L V G K L N W A S Q I Y P G I K V R Q

3383
3319
3385
2957
3397
2579
2539
2732
2908
2755
3386
2609
2753
2749
3400
3397
2765
2738
2736
3411
3400
2626
3442
2595
2715
2573
2715
2563
2569
2563
2715
2585
2585
2573
2567
2762
2760
2751
2585
2743
3377
2685
2935
3388
3409
3406
2609
2788
2785
2821
2824
2823
2824
2615
2604
2782
2738
2558
2746
2975
2977
3438
2856
3413
3437
2822
3085
3444
3443



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	TTATGTAAACTCCTTAGAGGAACCAAGCACTAACAGAAAGTATAACCACTAACAGAAAGCAGAGCTAGAACTGGCAGAAAACAGAGAGATTCTAAAAGAACCAGTACATGGAGTGTATTATGACCCAT	3513
A1. KE. 00. MSA4069	---G-----G--G-----G-----TA-G---T-G-T-G-----AT---T-----G-----G-----C-T-----A-C-----	2712
A1. KE. 94. Q23_17	-----C-G-G-----T--G-A-T-G-T-G-----AT---T-----G-----G-----T-----G-A-----	2971
A1. SE. 94. SE7253	---G-C-G---C-G-G-----TA-G-A---G-T-G-----AT---T-----G-----G-A-----G-C-T-G---G-A-----	2717
A1. TZ. 97. 97TZ02	---G---G---C-G-G-----CCA-G-A-T-G-T-G-----AT---T-----G-----G-----A-C-T-G---G-A-----G-----	2708
A1. UA. 00. 98UA0116	---G-----C-G-G-----G---TA-G-GA---G-T-G-----AT---T-----G-----T-G-----A-----	3512
A1. UG. 85. U455	C-G-----T-C-G-G-----TA-G-A-C-G-T-G-----AT---T-----G-----G-----C-T-G---A-----	2959
A1. UG. 92. 92UG037	---G-----C-G-----T---TA-G-A-T-G-T-G-----AT---T-----G-----G-----T-----C-T-G---CA-----	2880
A2. CD. 97. 97CDKS10	0
A2. CD. 97. 97CDKTB48	C-G-----T-----CA-G-----G-TAG-----AT---T-A-G-----G-----C-T-----G-A-----	2851
A2. CY. 94. 94CY017_41	C-G-----G-----CA-G-A---G-TA-----T---T-A-A---G-----G-A---T---ACC-T-----G-A-C-----	2870
B. AR. 99. ARMA132	-----T---G-----G---T-----G-----A-----G-----A-----	2718
B. AU. 95. MBCC54	-----G-----A-----G-----A-----	2873
B. BO. 99. BOL0122	C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----G-----T-----	2733
B. CN. -. RL42	-----G-----G-----G-----A-----G-----A-----G-----T-----	2900
B. ES. 89. S61K15	-----G-----G-----G-----A-----G-----A-----	3521
B. GA. 88. OYI	-----G-----G-----G-----G-----	3056
B. GB. 83. CAM1	-----G-----G-----G-----A-----	3515
B. NL. 86. 3202A21	-----G-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----	3515
B. TH. 90. BK132	-----G-----G-----G-----A---G-----G-----G-----A-----A-----C-----	2864
B. US. 83. RF	-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----T-----G-----	3030
B. US. 90. WEAU160	C-----G-G-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----	3512
C. BR. 92. 92BR025	---G-----G-G-----CA-G-G-----T-----AT---T-----G-----G-A-----A-----T-----	2851
C. BW. 00. 00BW3891_6	C-T-----G-GG-----CA-G-----T-----AT---T-----G-----G-----A-----A-----	2877
C. BW. 96. 96BW0502	C-C-----G-GG-----T--G-A-----T-----AT---T-----G-----G-A---T-----G-A-----	3006
C. ET. 86. ETH2220	C-G-----G-G-----CA-G-A---T-----AT---T-----G-----G-A---G-----G-----A-T-----	2905
C. IL. 98. 98IS002	C-----G-----CA-G-----T-----AT---T-A-----A-----A-----	2847
C. IN. 95. 95IN21068	C-T-----T---G-G-----CA-G-----T-----AT---T-----G-----A-----A-----	2864
C. IN. 99. 01IN565_10	C-T-----G-----G-G-----CA-G-----T-----AT---T-----G-----A-----A-----T-----	2894
C. KE. 00. KER2010	C-T-----G-----G-----CA-G-----T-----AT---T-----G-----G-CA-----A-----	2694
C. MM. 99. mIDU101_3	C-C-----G-GG-----CA-G-----T-----AT---T-----G-----G-A---T-----G-----CA-----	2864
C. TZ. 97. 97TZ04	C-G-----G-G-----G-CA-G-A---G-T-----AT---T-----G-----G-A---T-----A-----	2708
C. TZ. 98. 98TZ017	C-G-----G-G-----CA-G-G---CG-T-----AT---T-----G-----C-G-A---G-----A-----	2867
C. ZA. 01. 2134MB	C-T-----GG-----G-GG-----CA-G-----G-----AT---T-----G-----G-A---GG-----A-----	2933
C. ZA. 97. 97ZA003	C-T-----AG-GG-----TA-G-----T-----AT---T-----G-----G-A---A-----A-----	2829
C. ZM. 96. 96ZM651	C-T-----G-G-----CA-G-----T-----AT---T-----G-----AG-A---T-----G-A-----	2842
D. CD. 83. ELI	-----G-----G-----AT-----G-A---T-----	3059
D. CD. 83. NDK	-----G-----G-----AT-----G-A-----	3048
D. CD. 85. Z226	---G-----G-----AT-----G-A-----	3516
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	-----G-G-T-----T-G-----G-----A-----A-----G-----C-G-----	2712
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	---C-TG---G-G-----G-----G-----C-G-A-----A-----AT-----G-A-----C-G-----	2718
D. TD. 99. MN012	---G---G-G-T-----T-G-----G-----A-G-----AT-----G-----C-G-----	2737
D. UG. 94. 94UG114	---C-TG---G-G-----G-----G-----C-----AT-----G-A-A-----C-----	2868
D. UG. 99. 99UGA08483	---C---TG-A---GA-GG-----G-----G---T-G---G-----AT---T-----G-A-----A-----	2718
D. UG. 99. 99UGB21875	---C---TG---G-G-----G-----G-----AT-----G-A-C-----	2718
F1. BE. 93. VI850	-----G-G-G-----CA-G-G---G-T-C---G---T---T---A---T---G-----G-A-----	2850
F1. BR. 93. 93BR020_1	---G-G-G-----CA-G-G---G-TAC-----T---T---G---T---G-----G-CA-----G-----	2841
F1. FI. 93. FIN9363	-----G-G-G-----CA-GG-G---G-T-C---A-TT---T---T---G-----G-A-----	2842
F1. FR. 96. MP411	-----G-G-G-----CA-G-G---G-T-----T---T---G---G-----G-A-----	2715
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	-----G-G-G-----C-G-G---G-T-C-----G---G-A-----G-A-----	2703
F2. CM. 95. MP255	---G---G-G-----T---G-G---G-T-C---G---T---T---G---G---A-----G-A-----	2709
F2. CM. 95. MP257	-----G-----T---G-G-T---T-C---T-----G-----G-A-----G-A-----	2721
F2. CM. 97. CM53657	C---C-----G-----G-----C---G-G---T-----AT---A-----G-----G-A-----	2703
G. BE. 96. DRCBL	---C---A---G-GG---T-----CA-G---T-A-G---C---AA-G---GT-----G-----T-----C-----	3470
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	---GG---T---G-GG---CA-G---C-G-G-C---AA-G---T-----G---AG-A-----T-----C-----	2715
G. FI. 93. HH8793_12_1	C-----G-GG---CA-G---G-T-CG---AT-G---T-----G---G-----T-----C-----	2913
G. NG. 92. 92NG083	C-----G---G-GG---CA-G---C---G-C---AA-G---G---G---G-A-----T-----C---C-----	2882
G. SE. 93. SE6165	-----G-GG---CA-G---T---G---C---AA-G---GT-----G---G-A-----G-----T-----C-----	2910
H. BE. 93. VI991	C-----W-----G-GG---A-G---G-TA---G---AT-G---T-----G-----CA-----T-----	2902
H. BE. 93. VI997	C-----G-GG---C---G---G---A---G---AT-G---T-----G-----G-----A-----T-----	2837
H. CF. 90. 056	C-----G-GG---T-----CA-----G---A---G---AT-G---T-----G-----G-G---A-----A-----T-----	2860
J. SE. 93. SE7887	C-----A---GG-T-----CA-G---T-G-TAG-----AT-G-----A-----G-A-----T-G-----	2827
J. SE. 94. SE7022	C-----A---G-GG-T-----CA-G---T-G-TAG-----AT-G-----AG-----G-A-----G-----	2828
K. CD. 97. EQTB11C	-----G-GT---T-----CA-G---T---C---T---T-A---G-----A-----G-----G-A-C-----	2709
K. CM. 96. MP535	---G-----G-GT---CA-G---T---T-C---T---T-A---G-----G-----G-----G-A-----	2709

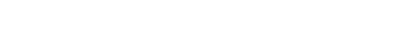


B. FR. 83. HXB2	TTATGTAAACTCCTTAGAGGAACCAAGCACTAACAGAAAGTATAACCACTAACAGAAAGCAGAGCTAGAACTGGCAGAAAACAGAGAGATTCTAAAAGAACAGTACATGGAGTGTATTATGACCCAT	3513
01_AE.CF.90.90CF4071	C-G-----C-G--G-T-----CA-G-----G-T-G-----AT--T-----G-----A-C-T-G-----A-----	3449
01_AE.JP.93.93JP_NH1	C-G-----C-G--G-T-----CA-G-----G-T-----AT--GT-----G-----ACC-T-G-----A-----	3515
01_AE.TH.90.CM240	C-G-----C-G--G-T-----CA-G-----G-T-----AT--GT-----G-----ACC-T-G-----A-----	3087
01_AE.TH.93.93TH9021	C-G-----C-----GG-T-----T-----C-G-----G-T-----AT--GT-----G-----G-ACC-T-G-----A-----	3527
02_AG.CM.02.02CM_1677LE	C-G-----G--G-----TA-G-----G-T-G-----AT--T-----G-----A-----T-----A-----A	2709
02_AG.CM.97.97CM_MP807	C-----C-G--G-----G-----TA-G--A--G-T-G-----AT--T-----G-----G-A-----T-----C-----G	2669
02_AG.FR.91.DJ264	C-G--G--G--C-G--G-----T-----TA-G-----G-T-----AT--T-----G-----G-A-----T-----A-----G	2862
02_AG.NG.-.IBNG	C-G--G--G--C-G--G-----TA-G--G--G-T-G-----AT--T-----G-----G-A-----T-----G-A-----A	3038
02_AG.SE.94.SE7812	--G-----C-----G-----A-----TA-G--A--G-T-G-----AT--T-----G-----G-A-----T-----A-----A	2885
03_AB.BY.00.98BY10443	-----G--G-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	3516
03_AB.RU.97.KAL153_2	-----G--G-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	2739
03_AB.RU.98.RU9800I	-----G--G-----A-----C-----C-----G-----G-----G-----T-----G-----	2883
04_cpx.CY.94.CY032	-----T--G--G-T--C-----CA-G-----TAC--G-----T-----T-A--G--G--G-----G-CA-----	2879
04_cpx.GR.91.97PVCH	-----T--G--G-T--C-----CA-G-----TAC-----T-A--G--G--G-----G-CA--C-----	3530
04_cpx.GR.97.97PVMY	-----T--G--G-T--C-----CA-G-G-----TAC-----T-A--G--G--G-----G-CA-----	3527
05_DF.BE.-.VI1310	-----G-----G-----G-----AT-----G--A-----G-----	2895
05_DF.BE.93.VI961	-----G-----T-----G-----AT-----G--A-----G-----G-----G-----	2868
05_DF.ES.99.X492	-----G-----G-----T-----G-----AT-----G--A-----G-----G-----G-----	2866
06_cpx.AU.96.BFP90	-----C-G--G-A-----CA-G-----T-C-----A-----T-----G--G-A--T-----G--A-----	3541
06_cpx.ML.95.95ML127	-----C-G--G-A-----CA-G-----T-C-----AT--T-----G--G-A-----G-CA-----	3530
06_cpx.ML.95.95ML84	-----C-G--G-A-----CA-G-----T-C-----AT-----G--A-----G-----G-----G-----	2756
06_cpx.SN.97.97SE1078	--G-----C-G--G-A-----CA-G-G-----T-C-----AT--G-A-----T-----G--G-----G-----	3572
07_BC.CN.-.CNGL179	C-T-----G--GG-----CA-G-----T-----AT--T-----G--A-----A--C-----	2725
07_BC.CN.97.97CN001	C-T-----G--GG-----CA-G-----T-----AT--T-----G--A-----A--C-----	2845
07_BC.CN.97.CN54	C-T-----G--GG-----CA-G-----T-----AT--T-----G--A-----A--C-----	2703
07_BC.CN.98.98CN009	C-T-----G--GG-----CA-G-----T-----AT--T-----G--A-----A--A--C-----	2845
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	C-T-----G--GG-----CA-G-----T-----AT--T-A-G-----G--A--T-----CA-----	2693
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	C-T-----G--GG-----CA-G-----T-----AT--T-A-G-----G--A--T-----CA-----	2699
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	C-T-----G--GG-----CA-G-----T-----AT--T-A-G-----G--A--T-----CA-----	2693
08_BC.CN.98.98CN006	C-T-----G--GG-----CA-G-----T-----AT--T--G-----G--A--T-----CA-----	2845
09_cpx.GH.96.96GH2911	C-G-----C-----G-T-G-----G--TA-G--A--G-T-G-G-----AT--T-----G-----G-T-G-----G--A-----	2715
09_cpx.SN.95.95SN1795	C-G-----C-----G-T-----G--TA-G-----G-T-G-G-----AT--T-----G-----G-T-G-----G--A-----	2715
09_cpx.SN.95.95SN7808	C-----C-----G-T-----TA-G--A--G-T-G-G-----AT--T-----G-----G-T-G-----G--A-----G	2703
09_cpx.US.99.99DE4057	C-G-----C-----G-----GA-G--A--G-T-G-----AT--T-----G-----G-A-----G-T-----G--A-----G	2697
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	C-G-----G--G-----T-T-----CA-G-----G-T-----G-----AT--T-----G--A-----A-----	2892
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	C-G-----G-----GT-----CA-G-----G-T-----G-----AT--T-----G--A-----A-----	2890
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	C-G-----G--G-----T-----CA-G-----G-T-----G-----AT--G--T-----G--A-----G-----	2881
11_cpx.CM.02.02CM_4118STN	C-----C-----G--G-----CA-G-----G-T-C-----AT--G--GT-----G--G--A-----A--C-----G	2715
11_cpx.CM.96.4496	C-----G--GG-----CA-G-----G-TAC-----AT--G--GT-----G--G--A-----G-----G-----	2873
11_cpx.FR.99.MP1298	C-----C-----G--G-----CA-G-----G-T-C-----AT--G--GT-----G--G--A-----G-----CA-----	3507
11_cpx.GR.-.GR17	C-----G--GG-----CA-G-----G-T-C-----AT--G--GT-----G--T--G--A-----A-----	2815
12_BF.AR.97.A32989	-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----G-----	3065
12_BF.AR.99.ARMA159	-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----G-----	3518
12_BF.UY.99.URTR23	-----G--G-----G-----C-----A-----A-----G-----G-----G-----	3539
12_BF.UY.99.URTR35	-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----G-----	3536
13_cpx.CM.02.02CM_3226MN	C-----G--GG-----CA-G--T--G-T-C-----AT--T-----G-----A--T-----T-----C-----G	2739
13_cpx.CM.96.1849	C-----G--GG-----CA-G--T--G-TAC-----AT--T-----G-----A--T-----T-----C-----G	2918
13_cpx.CM.96.4164	C-----G--GG-----CA-G-----G-T-C-----G-----AT--T-----G-----A--T-----T-----G--C-----G	2915
14_BG.ES.00.X475	C-----G--G-----G-----CA-G-----T-C-----AT--G--T-----G-----G-----G-----T-----C-----A-----	2951
14_BG.ES.00.X477	C-----G--G-----G-----CA-G-----T-C-----AT--G--T-----G-----G-----G-----T-----C-----T-----	2954
14_BG.ES.00.X623	C-----A--G--G-----G-----CA-G-----T-C-----AT--G--T-----G-----G-----G-----T-----C-----A-----	2953
14_BG.ES.99.X397	C-----G--G--G-T-----G-----CA-G-----T-C-----AT--G--T-----G-----G-----G-----T-----C-----A-----	2954
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	C-G-----C-G--G-T-----CA-G-----G-T-----AT--G--T-----G-----G--A-----G-ACC-T-G-----A-----	2745
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	C-G-----C-G--G-T-----C-----G-----G-T-----AT--T-----G-----G--A-----ACC-T-G-----A-----	2734
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	C-G-----C-G--G-T-----G-----CA-G-----T-G-----AT--T-----G-----G-----CC-T-G-----CA-----	2912
15_01B.TH.99.99TH_R2399	C-G-----C-G--G-T-----G-----C--G-GA--G-----AT--GT-----G-----G-----ACC-C-----A-----	2868
16_A2D.KE.00.KISII5009	C-G--GG--C-----G--G--TA-----CA-G--T--G-TA-----AT--T--A-----A-----A-T--T--A--A--C-----	2688
16_A2D.KR.97.97KR004	C-G--G--G--G--G-T-----G-----CA-G-----G-TA-----AT--T--A--A--G-----G-----C-----T-----G--A--C-----	2876
N.CM.-.YBF106	C-T-----T-AA-C-----G--TT-G-----G-CA-TT-T--C-----AT-----A-----G-----AT-----CC-----C-----G	3105
N.CM.95.YBF30	C-C-----T-AA-C-----TT-G-----G-CAACT-T-----AT-----A-----G-----AT-----CC-G-----C-----G	3107
O.BE.87.ANT70	--G-----GT-AA-----C-----GT--T-----G-----TT--GTAG--G-----G-----T-A-AG-----A-GGT-----C-----G--A--C--C-A--TG	3568
O.CM.-.96CMABB009	--G--C--T-GA-----G-----T-----G-----GG--TT--GTA--G-----T-----T--A-----A-AG-----G--T-----A--C--A--TG	2986
O.CM.91.MVP5180	--G--C--GT-AA-C-----T--T-G-----G--G--TT--GTA--G-----A-----T-A-A-----A-AG-----G-----A--CC-G--TG	3543
O.SN.99.SEMP1299	--G-----GT-AA-----CG--GT--T-G-----A--G--TT--GTA-----T-A-AG--G--T-----A-AGT-----G-----T--A--C--C-A--TG	3567
CPZ.CD.-.ANT	--G-----G--A--C-----GT--GAGT-----TAG--G--A--G--TAGG-----AT-----T-A-A-----T-A-C-A-----C-GC-GAA-A--G-G--TAC--C--G--TG	2952
CPZ.CM.98.CAM5	-----C-----A-A-A--G--A-----CT-G--T-----G--G-CA-G--C-G-----AA-G--T-A-A-----T-----A--T-----G--T--G-----T--C--T--G	3215
CPZ.GA.-.CPZGAB	-----G--GA--A-----A--GAA--G-----T--G--T--C--CC-----AT-----T-A-A-----T--G-----AG--GCAC-----G--A--C--T--G	3574
CPZ.US.85.CPZUS	-----C--T-AA-A-A--G--T-----T-----TG--AATT--T--C--T--G-----AA-G--GT-A-A-----A-----A--AG-----G--C-----G	3573
Pol p51 RT	L C K L L R G T K A L T E V I P L T E E A E L E L A E N R E I L K E P V H G V Y Y D P	Pol



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	CAAAAGACTTAATAGCAGAAATACAGAAGCAGGGGCAAGCCCAATGGACATATCAAATTTATCAAGAGCCATTTAAAAATCTGAAAAACAGGAAAATATGCAAGAATGAGGGGTGCCACACATAATGATGT	3643
A1. KE. 00. MSA4069	-----A-A-----A-----C-----G-----G-----AA--TC--T-----	2842
A1. KE. 94. Q23_17	-----A-A-----A-----T-----A-----A-----AA--TC--T-----	3101
A1. SE. 94. SE7253	-----A-A-----T-A-----G-----G-----A-----A-----TC--T-----	2847
A1. TZ. 97. 97TZ02	-----A-A-----A-----C-----G-----G-----A-----A-----TC-----	2838
A1. UA. 00. 98UA0116	-----T-G-----G-----A-A-A-----A-----G-----G-----A-----A-G-TC--T-----	3642
A1. UG. 85. U455	-----C-G-----A-A-----A-----G-----G-----A-----A-----TC--T-----	3089
A1. UG. 92. 92UG037	-----C-G-----G-----A-A-----A-----T-----A-----A-----AA--TC--T-----	3010
A2. CD. 97. 97CDKS10	0
A2. CD. 97. 97CDKTB48	-----A-A-----T-----A-----A-----G-----A-G-A-TCCA-----C-----	2981
A2. CY. 94. 94CY017_41	-----A-A-----A-----G-----A-----C-----G-----A-G-----TCCA-----A-----	3000
B. AR. 99. ARMA132	-----AG-----A-----A-----G-----A-----T-----	2848
B. AU. 95. MBCC54	-----T-----G-----	3003
B. BO. 99. BOL0122	-----C-----A-----G-----T-----C-----T-----C-----A-----C-----GC-A-----T--T-----A-----	2863
B. CN. -. RL42	-----T-----C-----A-----	3030
B. ES. 89. S61K15	-----G-----G-----T-----	3651
B. GA. 88. OYI	-----G-----T-----A-----A-----G-----	3186
B. GB. 83. CAM1	-----C-----A-----A-----A-----G-----	3645
B. NL. 86. 3202A21	-----A-----C-----C-----A-----C-----	3645
B. TH. 90. BK132	-----T-----A-----A-----G-----	2994
B. US. 83. RF	-----C-----C-----C-----G-----	3160
B. US. 90. WEAU160	-----GC-----G-----G-----	3642
C. BR. 92. 92BR025	-G-----T-G-----A-A-----GAA-----C-C-----A-----C-----A-----AC-----	2981
C. BW. 00. 00BW3891_6	-----G-----T-----A-A-----AA-T-----A-----C-----A-----C-----G-G-----A-----AAC-----	3007
C. BW. 96. 96BW0502	-----T-----A-----T-A-----G-----C-----A-----C-----G-----A-----AC-----	3136
C. ET. 86. ETH2220	-----T-----A-----A-T-A-----T-----T-----C-----A-----C-----G-G-T-----A-----GAG-AC-----	3035
C. IL. 98. 98IS002	-----G-----TT-----A-----T-A-----G-----C-----A-----C-----G-----A-----AC-----	2977
C. IN. 95. 95IN21068	-----G-----T-----A-----G-A-----C-----A-----C-----G-G-----A-----AC-----	2994
C. IN. 99. 01IN5655_10	-----G-----T-----T-----A-----A-T-A-----G-----C-----A-----C-----G-----A-----G-G-----A-----AC-----	3024
C. KE. 00. KER2010	-----G-----T-----A-----T-A-----G-----C-----A-----C-----A-----G-----G-----A-----AC-----	2824
C. MM. 99. mIDU101_3	-----G-----T-----A-----A-----C-----C-----A-----C-----G-----A-----AC-----	2994
C. TZ. 97. 97TZ04	-----T-----A-----T-A-----C-----C-----A-----C-----G-----A-----AC-----	2838
C. TZ. 98. 98TZ017	-----A-----T-----A-----T-A-----C-----C-----A-----C-----G-G-----A-----AC-----	2997
C. ZA. 01. 2134MB	-----T-G-----T-----A-----T-A-----C-----C-----A-----C-----G-G-----A-----G-----ACG-----	3063
C. ZA. 97. 97ZA003	-----G-----T-----A-----AG-G-A-----C-----A-----C-----G-G-----A-----G-----AC-----C-----	2959
C. ZM. 96. 96ZM651	-----G-----T-----A-A-----T-A-----C-----G-----A-----C-----G-G-----A-----ACA-----	2972
D. CD. 83. ELI	-----A-A-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----	3189
D. CD. 83. NDK	-----C-----A-A-----G-C-----C-----A-----A-----A-----G-----C-----	3178
D. CD. 85. Z226	-----A-A-----C-----A-----A-----	3646
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	-----G-----A-A-----G-A-----T-T-GG-----A-----A-----A-----G-----A-----A-A-----T-----	2842
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	-----G-----A-A-----A-----G-A-----T-T-GG-----G-----A-----A-----A-----G-----A-----T-----A-----	2848
D. TD. 99. MN012	-----G-----A-----A-----A-----T-T-GG-----G-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----	2867
D. UG. 94. 94UG114	-----A-----A-----AT-----A-----A-A-----A-----G-----G-----A-----A-----	2998
D. UG. 99. 99UGA08483	-----T-----A-A-----AT-----A-----A-CA-----A-----A-----C-----	2848
D. UG. 99. 99UGB21875	-----T-----A-A-----AT-----G-----A-A-----G-----G-----A-----A-----	2848
F1. BE. 93. VI850	-----A-A-----AG-C-----G-----GA-C-----A-----A-----G-----A-G-----TCG-----	2980
F1. BR. 93. 93BR020_1	-----A-A-----A-----G-----A-----A-----A-----G-----A-----TC-----	2971
F1. FI. 93. FIN9363	-----C-A-----T-----A-----A-----A-----C-G-----A-----A-----G-----A-----TC-----	2972
F1. FR. 96. MP411	-----C-G-----A-A-----A-----C-----A-----C-----A-----A-----CA-----TC-----A-----	2845
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	-----T-----A-A-----T-AT-----A-----CA-----G-----G-----A-----G-----TC-----	2833
F2. CM. 95. MP255	-----G-T-----A-A-----T-AT-----A-----A-----T-----A-----G-----A-----G-----A-----TC-----	2839
F2. CM. 95. MP257	-----T-----A-A-----A-----C-A-----C-----C-----CA-----G-----G-----A-----A-----TC-----	2851
F2. CM. 97. CM53657	-----TC-----G-----A-A-----C-A-----C-----CA-----CA-----G-----G-----A-----G-----TC-----	2833
G. BE. 96. DRCBL	-----C-----G-----A-A-----T-----G-----A-----A-----GG-G-----TC-----	3600
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	-----A-----G-----A-----T-----A-----AC-----A-----A-----A-----G-----TC-----	2845
G. FI. 93. HH8793_12_1	-----G-----G-----A-A-----AA-----A-----C-----AC-----A-----G-----G-----AC-----	3043
G. NG. 92. 92NG083	-----A-----G-----A-----C-----A-----AC-----A-----A-----A-----G-----G-----TC-----	3012
G. SE. 93. SE6165	-----A-----G-----A-A-----A-----T-----A-----AC-----A-----G-----G-----TC-----	3040
H. BE. 93. VI991	-----A-----A-----C-----A-----G-----C-----G-----A-----A-----TC-----	3032
H. BE. 93. VI997	-----A-----A-----C-----A-----G-----C-----A-----G-----A-----AAA-----G-----	2967
H. CF. 90. 056	-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----AAC-----A-----	2990
J. SE. 93. SE7887	-----A-----G-----A-----A-----TG-A-----G-----C-----G-----A-----G-----A-----	2957
J. SE. 94. SE7022	-----G-----A-----G-----G-----A-----A-----TG-A-----G-----C-----C-----G-----A-----G-----A-----	2958
K. CD. 97. EQTB11C	-----A-----C-----A-----A-----T-----G-----G-----A-----TC-----	2839
K. CM. 96. MP535	-----A-A-----A-T-A-----A-----CA-----G-----G-----A-----ATC-----	2839





B. FR. 83. HXB2

01_AE.CF.90.90CF4071
 01_AE.JP.93.93JP_NH1
 01_AE.TH.90.CM240
 01_AE.TH.93.93TH9021
 02_AG.CM.02.02CM_1677LE
 02_AG.CM.97.97CM_MP807
 02_AG.FR.91.DJ264
 02_AG.NG.-.IBNG
 02_AG.SE.94.SE7812
 03_AB.BY.00.98BY10443
 03_AB.RU.97.KAL153_2
 03_AB.RU.98.RU98001
 04_cpx.CY.94.CY032
 04_cpx.GR.91.97PVCH
 04_cpx.GR.97.97PVMY
 05_DF.BE.-.VI1310
 05_DF.BE.93.VI961
 05_DF.ES.99.X492
 06_cpx.AU.96.BFP90
 06_cpx.ML.95.95ML127
 06_cpx.ML.95.95ML84
 06_cpx.SN.97.97SE1078
 07_BC.CN.-.CNG1179
 07_BC.CN.97.97CN001
 07_BC.CN.97.CN54
 07_BC.CN.98.98CN009
 08_BC.CN.97.97CNGX_6F
 08_BC.CN.97.97CNGX_7F
 08_BC.CN.97.97CNGX_9F
 08_BC.CN.98.98CN006
 09_cpx.GH.96.96GH2911
 09_cpx.SN.95.95SN1795
 09_cpx.SN.95.95SN7808
 09_cpx.US.99.99DE4057
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF071
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF110
 11_cpx.CM.02.02CM_4118STN
 11_cpx.CM.96.4496
 11_cpx.FR.99.MP1298
 11_cpx.GR.-.GR17
 12_BF.AR.97.A32989
 12_BF.AR.99.ARMA159
 12_BF.UY.99.URTR23
 12_BF.UY.99.URTR35
 13_cpx.CM.02.02CM_3226MN
 13_cpx.CM.96.1849
 13_cpx.CM.96.4164
 14_BG.ES.00.X475
 14_BG.ES.00.X477
 14_BG.ES.00.X623
 14_BG.ES.99.X397
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1331
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1332
 15_01B.TH.99.99TH_MU2079
 15_01B.TH.99.99TH_R2399
 16_A2D.KE.00.KISII5009
 16_A2D.KR.97.97KR004
 N.CM.-.YBF106
 N.CM.95.YBF30
 O.BE.87.ANT70
 O.CM.-.96CMABB009
 O.CM.91.MVP5180
 O.SN.99.SEMP1299
 CPZ.CD.-.ANT
 CPZ.CM.98.CAM5
 CPZ.GA.-.CPZGAB
 CPZ.US.85.CPZUS
 Pol p51 RT

CAAAAGACTTAATAGCAGAAATACAGAAGCAGGGGCAAGGCCAATGGACATATCAAATTTATCAAGAGCCATTTAAAAATCTGAAAACAGGAAAATATGCAAGAATGAGGGGTGCCACACTAATGATGT 3643
 -----G-----A-A-----CAAT-----G-----A-----G-G-----CAA--TC--T----- 3579
 -----G-----G-----A-A-----G-A-----A-----A-----C--AA--TC--T----- 3645
 -----G-----G-----A-A-----G-A-----A-----A-----C--GAG--TC--T----- 3217
 -----G-----G-----A-A-----G-A-----C-----A-----C--AA--TC--T----- 3657
 -----A-A-----A-----A-----A-----A-----AG-GA--TC----- 2839
 -----C-G-----A-A-----AT-----G-----A-----A-G--TC--T--T----- 2799
 -----C-----A-A-----A-----A-----A-----A-----A-G--TC----- 2992
 -----G-----T-----A-A-----A-----T-A-----A-----A--TC----- 3168
 -----G-----A-A-----G-A-----C-----A-----A-----A--TC----- 3015
 -----G-----A-----G-----CA-----A-----C----- 3646
 -----G-----A-----C-----C-----A-----C----- 2869
 -----G-----A-----C-----A-----C----- 3013
 -----A-----A-----T-----A-----CA-----G-G-----CC--ATC----- 3009
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-G-----A--CC--ATC----- 3660
 -----A-----A-----T-----R-----A-----A-----G-G-----A--CC--TC----- 3657
 -----G-----A-A-----T-----G-----A-----G-----A-----G-G-----GGC--T----- 3025
 -----A-----A-----AG-----A-----A-----G-----G-----G-C--AA----- 2998
 -----A-----G-----A-----C-A-----A-----A-----G-----G-----G-C----- 2996
 -----G-----G-----T-C-----C-----A-----G-----CA-----C-----G-G-----A-A-TC----- 3671
 -----G-----A-----G-----CA-----C-----G-G-----A--A-TC-A-T----- 3660
 TG-----C-----A-----G-A-----CA-----C-----G-G-----A--TC-----A----- 2886
 -----A-----G-----TA-----CA-----C-----G-G-----CA-AATC----- 3702
 -----G-----T-----A-----G-A-----C-----A-----C-----A-----G-G-----G-A-----AC----- 2855
 -----CG-----T-----A-----G-AA-----G-----A-----C-----A-----G-G-----A-----AC----- 2975
 -----G-----T-----A-----G-AA-----C-----A-----C-----A-----G-G-----A-----AC----- 2833
 -----G-----T-----A-----G-A-----C-----A-----C-----A-----G-G-----A-----AC----- 2975
 -----A-G-----T-----A-----G-A-----G-----A-----C-----A-----G-G-----A-----AC----- 2823
 -----A-----T-----A-----G-A-----C-----A-----C-----G-G-----A-----AC----- 2829
 -----A-G-----T-----A-----G-A-----G-----A-----C-----A-----G-G-----A-----AC----- 2823
 -----A-G-----T-----GA-----G-A-----C-----A-----C-----G-G-----A-----AC----- 2975
 -----G-----A-A-----A-----A-----A-----A-----A-----TC--T-----G----- 2845
 -----G-G-----A-A-----A-----A-----C-----A-----A-----A-----A-TC--T----- 2845
 -----G-----A-A-----A-----T-----C-----G-----A-----A-----A-TC-A-T-----A----- 2833
 -----G-----A-A-----AT-----A-----A-----A-----TC--T-----A----- 2827
 -G-----T-----A-----G-A-----A-----CAC-----G-----A-G--AAC-----C----- 3022
 -G-----T-----TT-----T-----A-----C-----A-----CAC-----G-----A-G--AAC--T----- 3020
 -G-G-----T-G-T-----A-----G-A-----A-----CAC-----G-----A-----AAC----- 3011
 -----G-----A-A-----T-A-----G-----A-----C-----C-----G-G-----A-G--AC----- 2845
 -G-----A-----G-----A-A-----T-A-----G-----A-----C-----C-----G-G-----A-G--AC----- 3003
 -----AA-----G-G-A-----A-----TT-A-----G-----A-----G-----C-----G-----G-G-----A-G--AC----- 3637
 -----G-----G-----A-A-----TT-A-----G-----A-----T-----C-----C-----G-----A-G--AC-----C----- 2945
 -----G-----G-----T-----G-----C-----C-----T-----C-----G-----C-----A-----Y-----ATC--T--T-----A----- 3195
 -----G-----A-----T-----G-----C-T-----C-----T-----G-----G----- 3648
 -----A-----T-----C----- 3669
 -----T-----C----- 3666
 AG-----A-----A-A-----AA-----AC-----C-----AG-G-G--TC-A-----A----- 2869
 AG-----A-----TG-----A-A-----AA-----AC-----C-----A-----G-G--TC-----A----- 3048
 AG-----A-----A-A-AA-----A-----AC-----C-----A-----G-G--TC--T-----A----- 3045
 -----A-----G-----A-A-----T-A-----G-----C-----C-----AC-----A-----G-G--TC----- 3081
 -----A-----G-----A-A-----T-A-----G-----C-----C-----AC-----A-----G-G--TC----- 3084
 -----A-----G-----A-A-----T-A-----G-----C-----C-----AC-----A-----G-G--TC-----A----- 3083
 -----G-----G-----A-A-----T-A-----G-----C-----C-----AC-----T-----A-----G-G--TC----- 3084
 -----G-----T-----G-----A-A-----A-----A-----T-----T-----A-----AA--TC--T----- 2875
 -----G-----G-----A-A-----A-----A-----A-----T-----A-----G-----AA--TC--T----- 2864
 -----G-----G-----A-A-----G-A-----A-----A-----C-----AA--TC--T----- 3042
 -----G-----G-----A-A-----G-A-----A-----A-----C-----AA--TC--T----- 2998
 -----C-----A-AA-----AT-----C-----A-----A-----G-----A-A--A-TCCA--T----- 2818
 -----G-----A-A-----A-C-----A-----A-----C-----A-----G-----TCCA----- 3006
 G-----A-----T-A-----A-A-----T-G-----G-----G-----A-----T-A-----G-----A-----Y-----ATC--T--T-----A----- 3235
 G-----A-----T-A-----A-A-----T-G-----G-----G-----TT-CA-----T-A-----G-----A-----ATC-----T-----A----- 3237
 AT--G--TC--TGG-TTA-T-T-----A--AGGG-AG-----T--C--G--A-----G--AGA-CA--G--C--C-----G-----A--T--GCAA-A--CCT-----A-----A----- 3698
 AC-----T-----TGG-TTA-T-T-----A--AG--G-----T--C--G--A-----G--TGA-CA--G--A-----T--GCAA-A--CCT-----A-----A----- 3116
 AC-----GTGG-TTAGT-T-----T--AG--G-----T--C--GG-A-----G--TGA-CA--G--C--T-----T--GCAA-A--CCT-----A-----A----- 3673
 AC-----TGG-TTA-T-T-----ATGG--A-----T-----G--A-----G--TGA-CA--G--C--C-----G-----A--T--CAA-A--CCT--T-----A-----A----- 3697
 GTCT-CCAC--A-----ACC-----A-A-----TC-----A-----C-----A-----A-TGA-GGA--CTGT-A--G-----T--GCCT-CA--AA-T-----G----- 3082
 A--G--G-----GG--A-A-----AA-TA-T-G-----T--C--G-----TC--G--A-AGCA--G--CT-A-----G-----T--GCA--ATCA--A--T-----CA----- 3345
 AC-----GC-T-----A-----CA-CT--G-----T-----G--A--T--G--A-----CA--G--T-----G-----C-----CAA--TCA--A--A-----CA----- 3704
 A-----A--G-----G-----A-A-----AAGGA-T-G-----C-----T-----A--GGCA--G-----A--G-----C-----CAA--ATCA--A--T-----A----- 3703

S_K_D_L_I_A_E_I_Q_K_Q_G_Q_G_Q_W_T_Y_Q_I_Y_Q_E_P_F_K_N_L_K_T_G_K_Y_A_R_M_R_G_A_H_T_N_D_V Pol



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	AAAAACAATTAACAGAGGCAGTGCACAAAAATAACCACAGAAAGCATAGTAATATGGGGAAAG . . . ACTCCTAAATTTAAACTGCCATACAAAAGGAAACATGGGAAACATGGTGGACAGAGTATTGGCAA	3770
A1. KE. 00. MSA4069	-----A-TG-----GG-GGT--TG-----A-----T-A-----A--G-----TG--C-----G	2969
A1. KE. 94. Q23_17	-G-----G--A-TG-----GG-GGT--TG-----G-----G--A-----C-----TG--C-----G	3228
A1. SE. 94. SE7253	-G-----G--A-TG-----G-GGT--TG-----A-----A-----A-----TG--C-----G	2974
A1. TZ. 97. 97TZ02	-----G--A-TG-----GG-GT-----G-----A-----A--G-----TG--C-----G	2965
A1. UA. 00. 98UA0116	-----CA-TG-----G-GG-----G--A-----GG-A-----A-----G-----TG--C-----G	3769
A1. UG. 85. U455	-----A-TG-----G-GT-----TC-----G--A-----G-----TG-----G	3216
A1. UG. 92. 92UG037	-----GG--A-TG-----GG-GGT--TG-----TC-----G--A-----A-----TG--C-----G	3137
A2. CD. 97. 97CDKS10	0
A2. CD. 97. 97CDKTB48	-----A--A-----G-----T-----G--A-----A-----G-----G--GG--G	3108
A2. CY. 94. 94CY017_41	-G-----A--A-----TG-----G-----T-----A-----G-----G--G--G	3127
B. AR. 99. ARMA132	-----GT-----C-----T-----G-T-A-----A--G-----G-----G	2975
B. AU. 95. MBC54	-----G-----A-----C-----G-----A-----GA-----G-----C-----G	3130
B. BO. 99. BOL0122	-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----G-----C-----G	2990
B. CN. -. RL42	-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----G	3157
B. ES. 89. S61K15	-----G-----CA-----A-----A-----A-----A-----G-----G	3778
B. GA. 88. OYI	-----G-----CA-----A-----A-----A-----G-----G-----G	3313
B. GB. 83. CAM1	-----G-----CA-----A-----A-----A-----G-----G-----G	3772
B. NL. 86. 3202A21	-----G-----CA-----A-----A-----A-----G-----G-----G	3772
B. TH. 90. BK132	-----G-----G-----C-----A-----A-----A-----G-----G	3121
B. US. 83. RF	-----A--G-----G-----A-----A-----A-----G-----G	3287
B. US. 90. WEAU160	-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----G	3769
C. BR. 92. 92BR025	-G--G-----T-----G--CTG-----A-----G-T-A-----C--G--A-----G-----C	3108
C. BW. 00. 00BW3891_6	-G-----T-----G--CAG-----C-----G-----C-----A-----G--T-----C	3134
C. BW. 96. 96BW0502	-G-----C--T-----G--CAG-----C-----G-----C-----A-----G--G-----C	3263
C. ET. 86. ETH2220	-G--G-----C--T-----G--CTG-----C-----G-T-A-----C--G--A-----G-----C	3162
C. IL. 98. 98IS002	-G--G-----T-----G--G-----TG-----A-----G-T-A-----C-----G-----G	3104
C. IN. 95. 95IN21068	-G--G-----T-----G--G-----G-----A-----G-T-A-----C-----A-----G	3121
C. IN. 99. 01IN565_10	-G--G-----T-----G--CTG-----G--A-----G-T-A-----C-----A-----G	3151
C. KE. 00. KER2010	-G--G-----T-----G--G-----G-----A-----G-T--A--C-----A-----G-----C	2951
C. MM. 99. mIDU101_3	-G--GC-----T-----G--G-----TG-----G-----G-T-A-----C-----C-----G	3121
C. TZ. 97. 97TZ04	-G--G-----T-----G--G-----TG-----CT-----G--A-----C-----G-----C	2965
C. TZ. 98. 98TZ017	-G--G-----T-----G--CA-----G-----C-----G--A-----C-----A-----G-----G--C	3124
C. ZA. 01. 2134MB	-G--G-----T-----G--TTG-----T-----G-----G--A-----C-----A-----G-----C	3190
C. ZA. 97. 97ZA003	-G--G-----T-----G--TTG-----T-----G-----G--A-----C-----A-----G--T-----C	3086
C. ZM. 96. 96ZM651	-G--G-----T-----G--CTG-----G-----T-----G--A-----C-----A-----G-----C	3099
D. CD. 83. ELI	-G-----G-----G--T-----G-----G-----G-----G-----G-----G	3316
D. CD. 83. NDK	-G-----G-----G--T-----G-----G-----G-----G-----G-----G	3305
D. CD. 85. Z226	-G-----T-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G	3773
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	-----T-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G	2969
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	-----G--CA--T--T-----G-----A-----T-----G--A-----A-----G-----TG-----G	2975
D. TD. 99. MN012	-----A-----G--CTG-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----TG-----G	2994
D. UG. 94. 94UG114	-----A-----G--CA--T--T-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G	3125
D. UG. 99. 99UGA08483	-----A-----G--CA--T--T-----G-----G-----G-----G-----G-----G	2975
D. UG. 99. 99UGB21875	-----A-----G--CA--T--T-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----G	2975
F1. BE. 93. VI850	-----A--A-----G--TTT-----G-----AGAT-----G-----A-----TG--A--G-----T-----	3110
F1. BR. 93. 93BR020_1	-G-----A-----G--T--TCT-----C-----G-----G--A-----TT--A--G-----T-----C	3098
F1. FI. 93. FIN9363	-----A-----G--G--TCT-----G-----G-----G--A--T--T--A--G-----T-----C	3099
F1. FR. 96. MP411	-G-----T-----G--G--T--GG--T-----G-----G-----GG--A-----G-----GG-----T-----	2972
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	-----A-TG--A-----G-----G-----G-----GTC-----G--A-----A-----T-----	2960
F2. CM. 95. MP255	-----A-T--A-----G-----G-----G-----T-----G--A-----A-----T-----G	2966
F2. CM. 95. MP257	-G-----A-T-----G--G-----G-----A-----GT-----G--A-----T-----G-----G	2978
F2. CM. 97. CM53657	-----A-T-----G--G-----G-----A-----GT-----GG--A-----A-----G-----G	2960
G. BE. 96. DRCBL	-G-----A-T-----G-----GG--A-----T-----T-----T--A--A-----GTG-----G	3727
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	-G-----A-T-----G-----G-----TC-----A--T--G--A-----GT-----G	2972
G. FI. 93. HH8793_12_1	-----A-T-----G-----G-----G-----G-----G--A--T--G--A-----GT-----A-----G	3170
G. NG. 92. 92NG083	-----A-T-----G-----GG-----C-----T-----A--T--G--A-----GT-----C-----G	3139
G. SE. 93. SE6165	-G-----A-T-----G-----G-----C-----C-----A-----A-----G-----T-----C-----G	3167
H. BE. 93. VI991	-G-----A-T--A-----G--T-----A-----A-----T-----G--T--A--T-----A-----G-----C-----	3159
H. BE. 93. VI997	-G-----A-----G--T-----A-----A-----T-----T--A--T-----A-----G-----C-----	3094
H. CF. 90. 056	-G-----A-----G--T-----T-----A-----A-----T-----G--A--T-----A-----G--C-----	3117
J. SE. 93. SE7887	-----G--A-TG-----G--TTG--GC-----G-----A-----G-----G--A-----G-----C--C-----G	3084
J. SE. 94. SE7022	-G-----T--C--A-TG-----G--TTG--GC-----G-----A-----G-----G--A-----G-----C-----G	3085
K. CD. 97. EQTB11C	-----A-T-----G--G--TG-----A-----A-----G--T--A-----A-----GG-----A-----G	2966
K. CM. 96. MP535	-G-----A-----G--G-----G-----A-----A-----G--A-----A-----G-----A-----G	2966





B. FR. 83. HXB2

01_AE.CF.90.90CF4071
 01_AE.JP.93.93JP_NH1
 01_AE.TH.90.CM240
 01_AE.TH.93.93TH9021
 02_AG.CM.02.02CM_1677LE
 02_AG.CM.97.97CM_MP807
 02_AG.FR.91.DJ264
 02_AG.NG.-.IBNG
 02_AG.SE.94.SE7812
 03_AB.BY.00.98BY10443
 03_AB.RU.97.KAL153_2
 03_AB.RU.98.RU98001
 04_cpx.CY.94.CY032
 04_cpx.GR.91.97PVCH
 04_cpx.GR.97.97PVMY
 05_DF.BE.-.VI1310
 05_DF.BE.93.VI961
 05_DF.ES.99.X492
 06_cpx.AU.96.BFP90
 06_cpx.ML.95.95ML127
 06_cpx.ML.95.95ML84
 06_cpx.SN.97.97SE1078
 07_BC.CN.-.CNGL179
 07_BC.CN.97.97CN001
 07_BC.CN.97.CN54
 07_BC.CN.98.98CN009
 08_BC.CN.97.97CNGX_6F
 08_BC.CN.97.97CNGX_7F
 08_BC.CN.97.97CNGX_9F
 08_BC.CN.98.98CN006
 09_cpx.GH.96.96GH2911
 09_cpx.SN.95.95SN1795
 09_cpx.SN.95.95SN7808
 09_cpx.US.99.99DE4057
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF071
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF110
 11_cpx.CM.02.02CM_4118STN
 11_cpx.CM.96.4496
 11_cpx.FR.99.MP1298
 11_cpx.GR.-.GR17
 12_BF.AR.97.A32989
 12_BF.AR.99.ARMA159
 12_BF.UY.99.URTR23
 12_BF.UY.99.URTR35
 13_cpx.CM.02.02CM_3226MN
 13_cpx.CM.96.1849
 13_cpx.CM.96.4164
 14_BG.ES.00.X475
 14_BG.ES.00.X477
 14_BG.ES.00.X623
 14_BG.ES.99.X397
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1331
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1332
 15_01B.TH.99.99TH_MU2079
 15_01B.TH.99.99TH_R2399
 16_A2D.KE.00.KISII5009
 16_A2D.KR.97.97KR004
 N.CM.-.YBF106
 N.CM.95.YBF30
 O.BE.87.ANT70
 O.CM.-.96CMABB009
 O.CM.91.MVP5180
 O.SN.99.SEMP1299
 CPZ.CD.-.ANT
 CPZ.CM.98.CAM5
 CPZ.GA.-.CPZGAB
 CPZ.US.85.CPZUS
 Pol p51 RT

AAAAACAATTAACAGAGGCAGTGCACAAAAATAACCACAGAAAGCATAGTAATATGGGGAAAG...ACTCCTAAATTTAAACTGCCATACAAAAGGAAACATGGGAAACATGGTGGACAGAGTATTGGCAA 3770
 --G-----GT--A-TG-----G-GT-----C-----G--A-----GA-----TG-----G 3706
 -G-----A-TG-----G-----A-----G-----GA-----TG-----G 3772
 -G-----A-TG-----G-----C-----G--A-----GA-----TG-----G 3344
 -G-----A-TG-----G-----C-----G--A-----GA-----TG-----G 3784
 -----GG-----G-GG-T-T-----C-----G--A-----GA-----GG-----TG-----G 2966
 -----T-----G-GG-T-----A-----G-----G-----TG-A-----G 2926
 -----T-----G-GG-T-----C-----G--GC-A-----GA-----G-----TG-----G 3119
 -----T-----G-G-T-TG-----C-----G--A-----GA-G-----TG-----G 3295
 -----T-----GG-GG-T-----C-----G--A-----GA-----G-----TG-----G 3142
 -----G-----G-----T-----T-----A-----A----- 3773
 -----G-----G-----T-----A-----A----- 2996
 -----G-----G-----T-----A-----A-----G----- 3140
 T-G-----A-----G-----TG-----T-----G-----G-T-A-----C-----A-----G 3136
 -G-----A-T-A-----G-----TG-----T-----G-----G-T-A-----C-----T-----A-----G 3787
 -G-----A-----A-----G-----TG-----T-----G-----G-T-A-----C-----TG-A-----G 3784
 -----G-----G-A-----G-----G-----T----- 3152
 -----G-----G-----G-----A-----G----- 3125
 -----G-----A-----G-----A----- 3123
 -----A-----G-CT-----T-----G-----A-----A-----G-----A----- 3798
 -----A-----G-----G-----G----- 3787
 -----A-----G-G-CT-GC-----T-----G-----A-----A-----G-----A----- 3013
 -GG-----A-----G-CT----- 3829
 -----T-----G-----TG-----G-----G-T-A-----C-----A-----G-----C----- 2982
 -----T-----G-----TG-----A-----G-----G-T-A-----C-----A-----G-----C----- 3102
 -----T-----G-----TG-----G-----A-----G-T-A-----C-----A-----G-----C----- 2960
 -----T-----G-----TG-----G-----A-----G-T-A-----C-----A-----G-T-----C----- 3102
 -----G-----T-----G-----TG-----T-----T-----G-T-A-A-C-----A-----G-----C----- 2950
 -----G-----T-----G-----TG-----T-----T-----G-T-A-A-C-----A-----G-----C----- 2956
 -----G-----T-----G-----TG-----T-----T-----G-T-A-A-C-----A-----G-----C----- 2950
 -----G-----T-----G-----TG-----T-----T-----G-T-A-A-C-----A-----G-----C----- 3102
 --G--G-----A-TG-----GG-G-----C-----T-A-----A-----G-----G-----G 2972
 -G-----A-TG-----G-T-----C-----C-----T-A-----G-----T-----G 2972
 -GG-----A-TG-----GG-GG-----G-----C-----T-A-----A-----GT-----G-----G 2960
 -G-----G-----A-TG-----GG-G-----TTG-----T-----G-C-C-----T-----A-----G-G-A-----G 2954
 -----C-----C-----G-CA-----T-T-----G-----G-----A-----T-----G-C----- 3149
 -----G-----G-----G-----TG-----G-----G-T-A-----C-G-A----- 3147
 -----T-----A-----G-CA-----T-----G-----G-----A-----T-----C----- 3138
 -GG-----A-T-----A-----GG-CAG-----GC-----C-G-----A-----G-----T-----C-----G 2972
 -GG-----A-TG-----A-----T-TGT-----A-----T-----G-----G-----Y-----G 3130
 -GG-----G-----AAT-----A-----TTG-----A-----G-----C-----G-----G 3764
 C-G-----G-G-----A-TG-----A-----TTG-----G-----A-----T-----G-T-A-----G-----C----- 3072
 -----G-----T-----G-----T-----G-----G-----A-----TT-----A-----G 3322
 -----A-----G-----G-----T-----A-----G-----T-----A-----G----- 3775
 -----G-----G-----A-----T-----A-----G-----C-----G-----G 3796
 -G-----G-----G-----A-----T-----A-----G-----C----- 3793
 -----G-----C-----A-T-----GG-GG-----G-----G-----T-----C-----G-----AC-----G 2996
 -----C-----A-T-----GG-GG-----T-----CT-----GG-GG-----C-----G-----GT-----C-----G 3175
 -----C-----A-----A-----GG-G-----G-----T-----T-----G-----A-----A-----G 3172
 -----A-T-----G-----G-----A-----A-----A-----T-----G-----A-----GT-----A----- 3208
 -----T-----G-----G-----A-----A-----T-----G-----A-----GT-----A----- 3211
 -----CCT-----G-----G-----A-----A-----A-----T-----G-----A-----GT-----A----- 3210
 -----A-T-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----T-----G-----A-----GT-----A----- 3211
 -G-----G-----A-TG-----G-----TC-----G-----A-----TG-----G 3002
 -G-----G-----A-TG-----G-----TC-----G-----A-----G-----G 2991
 -G-----A-TG-----G-----C-----G-----A-----A-----TG-----G 3169
 -G-----G-----A-TG-----C-----G-----A-----G-----TG-----G 3125
 -----A-----A-----G-----G-CT-----G-----AA-----G-T-A-----A-----A-----G-----A-----G 2945
 -----A-----A-----GT-----TG-----A-----T-----G-----T-A-----A-----G-----G 3133
 ---G-G-----G-T-CA-TG-----A-----GG-GG-----T-----T-----G-----T-A-----AG-----GTG-----G-----T-----C----- 3362
 ---G-G-----GTT-----A-TG-----AAGG-----G-GG-----T-----T-----G-----T-A-----AG-----GTG-----GG-----C-TC----- 3364
 --G-----G-----A-T-A-C-----G-GG-GT-TCA-----TCT-----A-T-----C-----A-----TTG-----G-----AG-CACT-GA-----T-----G-G-C----- 3825
 -G-----GC-----G-----C-G-GG-GT-TCA-----GCT-----T-----T-----A-----TTG-----C-----AG-CACT-GA-----GTT-----G-----G-----T----- 3243
 -G-----GG-----A-T-----C-G-GG-GT-TCA-----GCT-----T-----G-----A-----TTA-----C-GG-----AG-TACT-GA-----T-----T-----G-----A-----G 3800
 -G-----G-----A-T-C-C-----G-GGG-GT-TCA-----GGCT-----A-T-----C-----A-----TTG-----G-----A-----CACT-GA-----T-----G-G-C----- 3824
 T-GG-----G-T-GA-T-----GGATT-----T-----T-----C-----G-----GTA-----A-----C-----T-A-----ACT-G-----T-----TG-C-----T-----C-----G 3209
 -G-----G-----TG-----G-----T-----C-----A-----A-----C-G-T-A-----TG-T-----GTC-----C-----T-----A----- 3472
 C-GG-----C-GG-G-----A-----TG-T-----T-----T-----A-----A-----GGT-----A-----AG-----G-----GT-----G-----G-----A-----C-----G 3831
 C-G-----GC-----GTT-----A-TG-----G-----T-----G-----T-----C-----T-----GTA-----A-----TAG-----G-----G-----GTC-----T-----A-----G 3830

K Q L T E A V Q K I T T E S I V I W G K . T P K F K L P I O K E T W E T W W T E Y W Q Pol



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

(RT is heterodimer of p51 and p66)
p51 end p66 RT continue / Pol p15 RNase H start

B.FR.83.HXB2	GCCACCTGGATTCTGAGTGGGAGTTTGTTAATACCCCTCCCTTAGTGAATTATGGTACCAGTTAGAGAAAAGAACCCATAGTAGGAGCAGAAACCTTCTATGTAGATGGGGCAGCTAACAGGGAGACTA	3900
A1.KE.00.MSA4069	--T-----A--A--C-----TC--A--G--AC-----C-----G--T-----C--T-----A--	3099
A1.KE.94.Q23_17	-T-----T--A--A--C-----TC--A--G--A-----A-----C-----G--T-----T-----A--	3358
A1.SE.94.SE7253	-T-----A--A--C-----TC--A--A-----C-----C-----G--T-----C--T-----A--	3104
A1.TZ.97.97TZ02	-T-----C--A--C-----TC--A--G--T--A-----C-----C-----G--T-----C--T-----	3095
A1.UA.00.98UA0116	-T-----A--A--A--C-----TC--A--C-----C--G-----C-----G--T-----C-----	3899
A1.UG.85.U455	-T-----A--A--C-----C--A-----C-----C-----G--A-----T-----A--	3346
A1.UG.92.92UG037	-T--A-----A-----C-----TC--A-----C-----C-----G--T-----C--T-----	3267
A2.CD.97.97CDKS10	17
A2.CD.97.97CDKTB48	-T-----C-----TC--A--C-----A--C-----C-----T-----T-----A--	3238
A2.CY.94.94CY017_41	-T-----C-----TC--A--C--G-----A-----C-----T-----T-----A--	3257
B.AR.99.ARMA132	-----C-----C-----G-----A-----C-----T-----T-----A--	3105
B.AU.95.MBCC54	-----C-----C-----G-----A-----A-----T-----T-----C--	3260
B.BO.99.BOL0122	-----C-----C-----A-----C-----A-----T-----T-----C--	3120
B.CN.-.RL42	-----A--C-----T-----T-----A-----A-----T-----T-----C--	3287
B.ES.89.S61K15	-----C-----A-----C-----C-----AC-----T-----T-----	3908
B.GA.88.OYI	-----A--C-----A-----C-----C-----T-----T-----T-----	3443
B.GB.83.CAM1	-----C-----A-----C-----C-----T-----T-----T-----A--	3902
B.NL.86.3202A21	-----C-----C-----G-----C-----T-----T-----T-----	3902
B.TH.90.BK132	-----C-----C-----A--G-----A--G-----G-----T-----	3251
B.US.83.RF	-----C-----A--G-----A-----A-----A-----T-----T--A--	3417
B.US.90.WEAU160	-----C-----C-----T-----A-----A-----T-----T-----A--	3899
C.BR.92.92BR025	-----A-----T-----A-----C--G-----C--G-----C--A-----T-----C--A-----T--A--T--	3238
C.BW.00.00BW3891_6	-----C--G--A-----C--G-----T-----C--A-----T-----T-----A-----A--	3264
C.BW.96.96BW0502	-----A-----T-----C--A-----C--G-----CC-----T-----T-----A-----T--A--	3393
C.ET.86.ETH2220	-----A-----C--A-----C-----C-----C-----T-----T-----A-----T--A--	3292
C.IL.98.98IS002	-----A-----T-----C--A--C-----C--G-----C-----T-----T-----A-----T--A--	3234
C.IN.95.95IN21068	-----A-----A-----A-----G--A--G-----C-----T-----T-----A-----T--A--	3251
C.IN.99.01IN565_10	-----A-----C--A-----C--G-----C-----T-----T-----A-----C-----	3281
C.KE.00.KER2010	-----A--C-----A--C-----C--G-----T-----C-----T-----T-----A-----T--A--	3081
C.MM.99.mIDU101_3	-----A-----A-----C--G-----T-----C-----T-----T-----A-----T--A--	3251
C.TZ.97.97TZ04	-----T-----C--A-----C--A-----T-----C-----T-----T-----A-----T--A--	3095
C.TZ.98.98TZ017	-----T-----C-----C--A-----C-----C-----C-----T-----T-----A-----T--A--	3254
C.ZA.01.2134MB	-----C-----C--A-----C--G-----C-----T-----T-----A-----T--C-----	3320
C.ZA.97.97ZA003	-----T-----C--A-----C--G-----C-----G--T--T-----A--G-----T--A--A--	3216
C.ZM.96.96ZM651	-----T-----A-----C--G-----T-----C-----T-----T-----A-----C--T--A--	3229
D.CD.83.ELI	-----T-----A--C-----T--A-----G-----A-----A-----T-----T--A-----	3446
D.CD.83.NDK	-----A--C-----T--A-----G-----A-----A-----T-----T--A-----	3435
D.CD.85.Z2Z6	-----T-----A--C-----T--A-----G-----A-----A-----T-----T--A-----	3903
D.CM.01.01CM_0009BBY	-----T-----C-----T-----G-----T-----G-----A-----T-----T--A-----	3099
D.KE.01.01KE_NKU3006	-----C-----T-----C--G-----A--G-----A-----T-----T-----T--A--A--	3105
D.TD.99.MN012	-----T-----C-----T--A-----T-----A--G-----A-----T-----T--A-----	3124
D.UG.94.94UG114	-----A--C--C-----T--T-----T-----G-----C-----T-----T--A-----	3255
D.UG.99.99UGA08483	-----C-----T-----T-----G-----C-----T-----C-----T--A-----	3105
D.UG.99.99UGB21875	-----C-----T-----T-----G--G-----A-----T-----T-----T--A-----	3105
F1.BE.93.VI850	-----A-----C-----C--TC-----C-----A--C--G-----C-----C-----T--T--A--C--	3240
F1.BR.93.93BR020_1	-----C-----C--TC-----A--C-----T-----A--C--G-----C-----T-----T--A--C--	3228
F1.FI.93.FIN9363	-----C-----C--TC-----A--C-----T--A-----A--C--G-----C-----A-----G-----T--T--A--C--	3229
F1.FR.96.MP411	-----A-----C-----C--TC-----A--C-----T-----A--C--G-----CA-----T-----T--A--C--	3102
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----A-----C-----TC--A-----A-----A--C--G-----A-----T-----GT--A-----	3090
F2.CM.95.MP255	-----A-----C-----TC--A-----A-----A--C-----C-----T-----T-----A-----	3096
F2.CM.95.MP257	-T-----A-----C-----TC--A-----A-----A--C-----T--A-----T-----T--A-----	3108
F2.CM.97.CM53657	-T-----A-----C-----TC--A-----T--A-----A--C--G-----T-----T-----T--A--C--	3090
G.BE.96.DRCBL	-----T-----C-----T-----C-----T-----A--C-----CC-----T-----T--A-----A--	3857
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----C-----TC--A-----G-----T-----A--C-----CC-----T-----T--A-----A--	3102
G.FI.93.HH8793_12_1	-----T-----C--C-----TC--A-----G-----T--G-----A--C-----CC-----T--AT-----T--A--A--	3300
G.NG.92.92NG083	-G-----C-----TC--A--C-----T--A-----A--C-----CC-----T--A-----T--A--A--	3269
G.SE.93.SE6165	-----C-----TC--A--G-----T--G-----A--C-----CC-----T--A-----T--A--A--	3297
H.BE.93.VI991	-----A-----C-----ATC-----T-----C--G-----A-----T--A-----T--A-----	3289
H.BE.93.VI997	-----A-----A-----C-----ATC-----A-----T-----AGC--G-----C-----T--A-----A--	3224
H.CF.90.056	-----A-----A-----C-----ATC-----A-----T-----A--C--G-----C-----T--A--A-----T--A-----	3247
J.SE.93.SE7887	-----C-----C--TC-----A--G-----A-----A--G-----A--G-----T-----T-----	3214
J.SE.94.SE7022	-----C-----C--TC-----A-----A-----A--G-----A--G-----T-----T-----A-----	3215
K.CD.97.EQTB11C	-----C--A-----C-----C--A--C-----A--C-----T-----T-----C--T--A-----	3096
K.CM.96.MP535	-----C--A-----C-----T-----C--A--C-----A--C-----G-----T-----C-----C--T--A-----	3096





(RT is heterodimer of p51 and p66)
p51 end p66 RT continue / Pol p15 RNase H start

B. FR. 83. HXB2	GCCACCTGGATTCTCTGAGTGGGAGTTTGTTAATACCCCTCCCTTAGTGAATATATGGTACCAGTTAGAGAAAGAACCCATAGTAGGAGCAGAAACCTTCTATGTAGATGGGGCAGCTAACAGGGAGACTA	3900
01_AE.CF.90.90CF4071	--T-----A-----C-----TC-----A-----A-----A-----C-----C-----G--T-----GT-----	3836
01_AE.JP.93.93JP NH1	--T-----A-----C-----TC-----A-----A-----A-----C-----C-----G--T-----GT-----	3902
01_AE.TH.90.CM240	--T-----A-----C-----TC-----A-----A-----A-----C-----C-----G--T-----GT-----	3474
01_AE.TH.93.93TH9021	--T-----A-----C-----TC-----A-----A-----A-----C-----C-----G--T-----GT-----	3914
02_AG.CM.02.02CM 1677LE	--T-----A-----A-----C-----TC-----A-----C-----A-----A-----T-----T-----A-----	3096
02_AG.CM.97.97CM MP807	--T-----A-----C-----TC-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----A-----	3056
02_AG.FR.91.DJ264	--T-----C-----C-----TC-----A-----A-----C-----A-----T-----T-----A-----	3249
02_AG.NG.-.IBNG	--T-----A-----C-----TC-----A-----A-----C-----A-----T-----T-----A-----	3425
02_AG.SE.94.SE7812	--T-----A-----C-----TC-----A-----C-----A-----C-----T-----T-----A-----	3272
03_AB.BY.00.98BY10443	-----A-----C-----A-----A-----T-----A-----T-----A-----	3903
03_AB.RU.97.KAL153_2	-----A-----C-----A-----A-----T-----A-----T-----A-----	3126
03_AB.RU.98.RU98001	-----A-----C-----A-----A-----T-----A-----T-----A-----	3270
04_cpx.CY.94.CY032	-----C-----A-----A-----C-----TC-----A-----A-----C-----C-----T-----T-----A-----A-----A-----	3266
04_cpx.GR.91.97PVCH	-----C-----A-----A-----C-----TC-----A-----A-----ACC-----C-----T-----T-----GT-----A-----A-----A-----	3917
04_cpx.GR.97.97PVMY	-----C-----A-----A-----C-----TC-----A-----A-----C-----C-----T-----T-----GT-----A-----A-----A-----	3914
05_DF.BE.-.VI1310	-----A-----T-----A-----A-----G-----T-----T-----T-----A-----	3282
05_DF.BE.93.VI961	-----A-----T-----A-----A-----G-----A-----G-----T-----T-----A-----	3255
05_DF.ES.99.X492	-----A-----T-----A-----A-----G-----T-----T-----T-----A-----	3253
06_cpx.AU.96.BFP90	-----C-----A-----A-----C-----C-----A-----C-----G-----T-----T-----G-----T-----A-----A-----	3928
06_cpx.ML.95.95ML127	-----C-----A-----A-----C-----C-----A-----C-----G-----T-----T-----T-----A-----A-----	3917
06_cpx.ML.95.95ML84	-----C-----A-----A-----C-----TC-----A-----C-----A-----C-----T-----T-----G-----T-----AA-----A-----	3143
06_cpx.SN.97.97SE1078	-----C-----A-----A-----C-----C-----A-----C-----G-----A-----T-----T-----T-----A-----A-----	3959
07_BC.CN.-.CNGL179	-----A-----A-----C-----G-----A-----T-----T-----T-----A-----T-----	3112
07_BC.CN.97.97CN001	-----C-----A-----A-----C-----G-----A-----T-----T-----T-----A-----T-----	3232
07_BC.CN.97.CN54	-----A-----C-----G-----A-----T-----T-----T-----A-----T-----	3090
07_BC.CN.98.98CN009	-----A-----C-----G-----A-----T-----T-----T-----A-----T-----	3232
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	-----A-----A-----AC-----G-----T-----C-----T-----T-----A-----T-----	3080
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	-----A-----A-----A-----AC-----G-----T-----C-----T-----T-----A-----T-----	3086
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	-----A-----A-----A-----AC-----G-----T-----C-----T-----T-----A-----T-----	3080
08_BC.CN.98.98CN006	-----A-----A-----G-----AC-----G-----T-----C-----T-----T-----A-----T-----	3232
09_cpx.GH.96.96GH2911	--T-----A-----A-----C-----TC-----A-----A-----C-----A-----G--T-----T-----	3102
09_cpx.SN.95.95SN1795	--T-----A-----A-----C-----TC-----A-----A-----C-----A-----G--T-----T-----	3102
09_cpx.SN.95.95SN7808	--T-----A-----A-----C-----TC-----A-----A-----C-----C-----G--T-----T-----	3090
09_cpx.US.99.99DE4057	--T-----A-----A-----C-----TC-----A-----A-----T-----T-----A-----T-----	3084
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	-----T-----C-----A-----G-----C-----G-----T-----T-----T-----A-----A-----	3279
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	-----C-----C-----A-----G-----G-----G-----T-----T-----T-----A-----C-----	3277
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	-----C-----C-----A-----G-----C-----G-----C-----T-----T-----T-----A-----	3268
11_cpx.CM.02.02CM 4118STN	-----C-----A-----C-----C-----TC-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----T-----A-----A-----	3102
11_cpx.CM.96.4496	-----A-----A-----C-----C-----TC-----A-----A-----G-----G-----Y-----A-----T-----T-----A-----C-----	3260
11_cpx.FR.99.MP1298	-----A-----A-----C-----A-----C-----TC-----A-----A-----G-----G-----A-----G-----T-----G-----T-----A-----C-----	3894
11_cpx.GR.-.GR17	-----A-----A-----C-----C-----TC-----A-----A-----G-----G-----A-----G-----T-----T-----A-----	3202
12_BF.AR.97.A32989	--T-----A-----A-----C-----C-----TC-----A-----GC-----T-----A-----C-----G-----T-----T-----T-----A-----C-----	3452
12_BF.AR.99.ARMA159	--T-----A-----A-----C-----C-----TC-----A-----C-----T-----A-----C-----G-----C-----A-----T-----T-----AA-----C-----	3905
12_BF.UY.99.URTR23	--T-----A-----A-----C-----C-----TC-----A-----C-----T-----A-----C-----G-----C-----A-----T-----T-----A-----C-----	3926
12_BF.UY.99.URTR35	--T-----A-----A-----C-----C-----TC-----A-----C-----T-----A-----C-----G-----C-----A-----T-----T-----A-----C-----	3923
13_cpx.CM.02.02CM 3226MN	-----T-----A-----C-----C-----TC-----A-----C-----T-----G-----A-----C-----C-----T-----A-----T-----A-----A-----	3126
13_cpx.CM.96.1849	-----T-----A-----C-----C-----TC-----A-----C-----T-----G-----A-----C-----C-----T-----A-----T-----A-----A-----	3305
13_cpx.CM.96.4164	-----A-----A-----C-----C-----TC-----A-----C-----T-----G-----A-----C-----CC-----T-----A-----A-----T-----A-----A-----	3302
14_BG.ES.00.X475	-----C-----A-----C-----C-----TC-----A-----T-----AC-----A-----C-----C-----A-----AT-----T-----A-----A-----	3338
14_BG.ES.00.X477	-----C-----A-----C-----C-----TC-----A-----T-----AC-----A-----C-----C-----A-----AT-----T-----A-----A-----	3341
14_BG.ES.00.X623	-----T-----A-----C-----C-----TC-----A-----T-----G-----A-----C-----C-----T-----AT-----T-----A-----A-----	3340
14_BG.ES.99.X397	-----C-----A-----C-----C-----TC-----A-----T-----GAC-----A-----C-----C-----A-----AT-----T-----A-----A-----	3341
15_01B.TH.02.02TH OUR1331	--T-----A-----C-----C-----TC-----A-----A-----A-----C-----C-----CA-----G--T-----T-----GT-----	3132
15_01B.TH.02.02TH OUR1332	--T-----A-----C-----C-----TC-----G-----A-----A-----A-----C-----CA-----G--T-----T-----T-----	3121
15_01B.TH.99.99TH MU2079	--T-----A-----A-----A-----TC-----A-----A-----A-----C-----C-----G-----G-----GT-----	3299
15_01B.TH.99.99TH R2399	--T-----A-----A-----A-----TC-----A-----A-----A-----C-----C-----G-----T-----GT-----	3255
16_A2D.KE.00.KISII5009	--T-----A-----C-----C-----TC-----A-----C-----T-----A-----C-----G-----A-----TAGT-----G-----A-----A-----T-----AA-----	3075
16_A2D.KR.97.97KR004	--T-----A-----C-----C-----TC-----A-----GC-----T-----A-----C-----G-----AC-----T-----T-----C-----T-----A-----	3263
N.CM.-.YBF106	--A--T-----A--C--C--C--T-----C--T--A-----T-----A--C--G--A--TAGT-----G-----A--A-----T--AA--A--A--	3492
N.CM.95.YBF30	--A--T-----A--A-----C--C--T-----C--T--A-----T-----A--C--G--A--CAGT-----G-----T-----A-----T--A--A--	3494
O.BE.87.ANT70	-----A--A-----C--GC--A--C--A--GA--C-----AG--C--A--GT-----T--TA--G--G-----AT-----A-----T--A--A--	3955
O.CM.-.96CMABB009	-----A--A-----C--GC--A--C--A--GA--T-----AGCT-----T--TA--G--G-----T-----A-----T--A--T--A--	3373
O.CM.91.MVP5180	-----A--A-----C--GC--A--C--A--GA--C-----A--C-----T--T-----G-----T-----A-----T--A--T--A--	3930
O.SN.99.SEMP1299	-----A--A-----C--G--A--C--A--GA--C-----A--GT-----T--TA--G--G-----AT-----A-----T--A--T--A--	3954
CPZ.CD.-.ANT	-----A--A--A-----A--C--A--A--T--G--C--C-----TA--TC--TT--GC--C--T--TCC--AG--T-----T-----T-----T--AA--CT--C	3339
CPZ.CM.98.CAM5	-----A--A--C-----A-----C--T--A-----A--G--ACC-----CC--G--G-----A-----A--A--A--	3602
CPZ.GA.-.CPZGAB	--A-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----AGT-----C-----T-----CC--ACCA-----T--T--AT-----A-----A--T--A--A--	3961
CPZ.US.85.CPZUS	-----A--T-----A-----C-----C--C--A--C--T-----TA-----C-----GG-----AG--G-----A--T-----G-----CC--AC--A--C--	3960
Pol p51 RT	A T W I P E W E F V N T P P L V K L W Y Q L E K E P I V G A E T F Y V D G A A N R E T	Pol

p51 end p66 RT continue / Pol p15 RNase H start
(RT is heterodimer of p51 and p66)



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	AATTAGGAAAAGCAGGATATGTTACTAATAGAGGAAGACAAAAGTTGTCCACCTAACTGACACACAAATCAGAAGACTGAGTTACAAGCAATTTATCTAGCTTTGCAGGATTCGGATTAGAAGTAAA	4030
A1. KE. 00. MSA4069	-GC-----G-----C--G--G-----G-----TT-----G-----A-----A-----T-----C-----C-----A-----A-----C-----	3229
A1. KE. 94. Q23_17	-GC-----G-----G--AG-----G--A--TT-----G-----A-----AC-----T-----CC--T-----C-----A-----C-----	3488
A1. SE. 94. SE7253	-GC-----G-----C--G--C-----G-----G-----TT--T-----G-----A-----AC-----T-----CC-----C-----A--G--C-----	3234
A1. TZ. 97. 97TZ02	-GC-----G-----C--G--C--G-----G-----G-----TC-----G-----A-----AC-----T-----C-----CC-----A--C-----	3225
A1. UA. 00. 98UA0116	-GAC-----G-----G--C-----G-----G-----TC--T-----G-----A-----A-----T-----CC-----C-----A--G--C-----	4029
A1. UG. 85. U455	-GC-----G-----C--G--C-----G-----G-----TT-----G-----A-----A-----T-----CC-----C-----A-----C-----	3476
A1. UG. 92. 92UG037	-GC-----G-----C--G--C-----G-----G-----TT-----G-----A-----A-----T-----CC-----C-----A-----C-----	3397
A2. CD. 97. 97CDKS10	-----T-----C--G--C-----A-----T-----G--G--G-----A-----A-----T-----C--T-----A-----A--A-----	147
A2. CD. 97. 97CDKTB48	-C-----G-----G-----C--G--C-----A-----C--T--G--A--G-----A-----A-----T-----C--T--G--A-----A--G--C-----	3368
A2. CY. 94. 94CY017_41	-C-----G-----G-----C--G--C-----A-----T-----G--G--G-----A-----A-----T-----C--T--G--A-----A--G--C-----G--	3387
B. AR. 99. ARMA132	-----G--C-----A-----AT-----G-----G-----C-----C-----A-----A-----	3235
B. AU. 95. MBCC54	-A--G-----C--A-----G-----CT-----C-----C-----A-----A-----	3390
B. BO. 99. BOL0122	-----T-----A-----A-----CC-----	3250
B. CN. -. RL42	-----C--A-----T-----T-----A-----A-----G-----	3417
B. ES. 89. S61K15	-----C--A-----G-----T-----A-----CT-----A-----	4038
B. GA. 88. OYI	-----G--C-----G-----G-----T-----A-----A-----C-----C-----	3573
B. GB. 83. CAM1	G-----G--G--C-----G-----TC-----G-----A-----A-----G-----	4032
B. NL. 86. 3202A21	-----G--C-----T-----A-----G-----A-----A-----A-----	4032
B. TH. 90. BK132	-----G--C-----T-----A-----A-----C--C-----	3381
B. US. 83. RF	-----G--C-----T-----T-----C-----C-----	3547
B. US. 90. WEAU160	-----C-----G-----T-----C-----T-----C-----	4029
C. BR. 92. 92BR025	-A--G-----G-----G--C-----G--G--A-----TT--TA-----A-----C--G-----A-----A-----C-----	3368
C. BW. 00. 00BW3891_6	-AG-----G-----G--C-----G--G--A-----TT--T-----A-----A-----G-----C--G-----A-----A-----C-----	3394
C. BW. 96. 96BW0502	-C-----G-----C--G--C-----G--G--A-----TT--T-----A-----A-----G-----C--G-----A-----A-----C-----	3523
C. ET. 86. ETH2220	-A-----G-----G-----G--G--A-----TT--T-----A-----A-----G-----G--CC--G--A-----A-----C-----	3422
C. IL. 98. 98IS002	-C-----G--C-----G--C-----G--A-----TT--T-----A-----A-----AC-----CC--G--A-----A-----C-----	3364
C. IN. 95. 95IN21068	-A-----G-----G--C--A-----GA--T-----A-----TT--T-----A-----C-----G-----A-----A-----C-----	3381
C. IN. 99. 01IN5655_10	-A-----G-----G-----G--C-----C--G--G--A-----TT--T-----G-----G-----C-----C-----A-----A-----C-----	3411
C. KE. 00. KER2010	-G--G-----G-----G--C-----G--G-----TT--TA-----G--A-----A-----G-----C--G-----A-----A-----C-----	3211
C. MM. 99. mIDU101_3	-A-----G-----G-----A-----G-----TT--T-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----	3381
C. TZ. 97. 97TZ04	-G-----G--C-----G--G--GA-----T--T--G-----A-----A-----C--G-----A-----A-----C-----	3225
C. TZ. 98. 98TZ017	G--A-----G-----G--C-----G--G--A-----T--T-----A-----T-----A--G-----C--G-----A-----C-----A-----	3384
C. ZA. 01. 2134MB	-A--G-----G-----G-----G--G--G-----A--T--T-----A-----A-----A-----C--GA-----A-----A-----C-----	3450
C. ZA. 97. 97ZA003	-A--G-----G-----G--C-----G-----A-----TT--T-----G--A-----A-----A-----C--GT-----A-----A-----CCG-----	3346
C. ZM. 96. 96ZM651	-A--G-----G-----A-----G--C-----G-----A-----T--T-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----C-----	3359
D. CD. 83. ELI	-----G--C-----G-----G-----C--TT--G-----G-----A-----C-----	3576
D. CD. 83. NDK	-----G--C-----G-----G-----C--TT--C-----G-----A-----A-----	3565
D. CD. 85. Z226	-G-----G--C-----G-----G-----C--TT--T-----T-----A-----T-----	4033
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	-----G--C--A-----G-----C--GT--T-----T--T-----A-----A-----G--C-----G--	3229
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	-----G--C-----G-----TA-----T-----A-----C-----A-----C-----	3235
D. TD. 99. MN012	-----G--C-----G-----C--GT--T-----C-----A-----A-----CC-----G--	3254
D. UG. 94. 94UG114	-A-----A-----G--C-----G-----T--T-----A-----C-----A-----	3385
D. UG. 99. 99UGA08483	-----A-----A-----G--C-----G-----C--TA-----A-----C-----A-----C-----G--	3235
D. UG. 99. 99UGB21875	-----A-----A-----G--C-----G-----T--T--C-----A-----C--T--A-----A-----G-----	3235
F1. BE. 93. VI850	-----AA-----G--A-----A-----T-----G--G--C-----G-----T-----A-----C-----G--	3370
F1. BR. 93. 93BR020_1	-----AA-----G--C-----CG-----T-----G--T-----G-----G-----C--GT-----A-----A-----C-----	3358
F1. FI. 93. FIN9363	-----AA-----G-----G-----G-----T-----G--C-----G-----G-----C--T-----A-----A-----C-----G--	3359
F1. FR. 96. MP411	-----AA-----G--C-----G-----G-----T-----A-----C-----A-----G-----C-----A-----C-----G--	3232
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	-A-----G--C-----G-----G-----T-----G-----A-----A-----C--T-----C-----A-----C-----	3220
F2. CM. 95. MP255	-C-----C-----G--C-----G-----C-----C--G-----A-----A-----C--CT-----C-----A-----C-----	3226
F2. CM. 95. MP257	-C-----A-----G--C-----G-----G-----T-----G-----A-----A-----C--GT-----C-----A-----C-----	3238
F2. CM. 97. CM53657	-A-----A-----G--C-----G-----C-----G-----G-----A-----A-----C--T-----C-----A-----C-----	3220
G. BE. 96. DRCBL	-----G-----G-----G--C--A-----TTA--A--T-----A-----C--A--G--A-----T-----C--G-----C-----C--ACA--C-----	3987
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	-----G-----G-----G--C--A-----A-----A--A--TG-----A-----C--A--G--A-----T-----C-----C-----AA--CC-----	3232
G. FI. 93. HH8793_12_1	-----G-----G-----G--A-----A-----A--A--T-----A-----C--A--G--A-----T-----C--G-----G-----C-----A--C-----	3430
G. NG. 92. 92NG083	-----G-----C-----G--C--A-----A-----A--A--T-----A-----C--A--G--A-----T-----C--A-----C-----AA--CC-----	3399
G. SE. 93. SE6165	-----G-----G-----G--C--A-----AG-----A--A--T-----A-----C--A--G--A-----G-----C--G-----A--C-----AA--C-----	3427
H. BE. 93. VI991	-A--G--G-----C-----G--C-----A-----A-----TT-----G--A-----A-----A-----A-----G--A--GCC-----	3419
H. BE. 93. VI997	-A-----C-----G--C--A-----A-----G-----TG-----A--A--T-----A-----A-----A-----A-----G-----	3354
H. CF. 90. 056	-----C-----G--C-----AG-----T-----G--A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----	3377
J. SE. 93. SE7887	-AC-----G-----G-----G--C--A-----G-----A--T-----AC-----C--C-----T-----A--G-----A--GC-----	3344
J. SE. 94. SE7022	-G-----G-----G-----G--C--A-----G-----AA--T-----AC-----C-----T-----A-----A--GA-----	3345
K. CD. 97. EQTB11C	-CAG-----G-----G--C--A-----A-----T--AA-----A-----A-----A-----CC--T-----A-----A--C-----	3226
K. CM. 96. MP535	-AAG-----G-----G--C-----T-----A-----A-----AG-----A-----C--G--T-----A-----A--C-----	3226





B. FR. 83. HXB2

01_AE.CF.90.90CF4071
 01_AE.JP.93.93JP_NH1
 01_AE.TH.90.CM240
 01_AE.TH.93.93TH9021
 02_AG.CM.02.02CM_1677LE
 02_AG.CM.97.97CM_MP807
 02_AG.FR.91.DJ264
 02_AG.NG.-.IBNG
 02_AG.SE.94.SE7812
 03_AB.BY.00.98BY10443
 03_AB.RU.97.KAL153_2
 03_AB.RU.98.RU98001
 04_cpx.CY.94.CY032
 04_cpx.GR.91.97PVCH
 04_cpx.GR.97.97PVMY
 05_DF.BE.-.VI1310
 05_DF.BE.93.VI961
 05_DF.ES.99.X492
 06_cpx.AU.96.BFP90
 06_cpx.ML.95.95ML127
 06_cpx.ML.95.95ML84
 06_cpx.SN.97.97SE1078
 07_BC.CN.-.CNG1179
 07_BC.CN.97.97CN001
 07_BC.CN.97.CN54
 07_BC.CN.98.98CN009
 08_BC.CN.97.97CNGX_6F
 08_BC.CN.97.97CNGX_7F
 08_BC.CN.97.97CNGX_9F
 08_BC.CN.98.98CN006
 09_cpx.GH.96.96GH2911
 09_cpx.SN.95.95SN1795
 09_cpx.SN.95.95SN7808
 09_cpx.US.99.99DE4057
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF071
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF110
 11_cpx.CM.02.02CM_4118STN
 11_cpx.CM.96.4496
 11_cpx.FR.99.MP1298
 11_cpx.GR.-.GR17
 12_BF.AR.97.A32989
 12_BF.AR.99.ARMA159
 12_BF.UY.99.URTR23
 12_BF.UY.99.URTR35
 13_cpx.CM.02.02CM_3226MN
 13_cpx.CM.96.1849
 13_cpx.CM.96.4164
 14_BG.ES.00.X475
 14_BG.ES.00.X477
 14_BG.ES.00.X623
 14_BG.ES.99.X397
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1331
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1332
 15_01B.TH.99.99TH_MU2079
 15_01B.TH.99.99TH_R2399
 16_A2D.KE.00.KISII5009
 16_A2D.KR.97.97KR004
 N.CM.-.YBF106
 N.CM.95.YBF30
 O.BE.87.ANT70
 O.CM.-.96CMABB009
 O.CM.91.MVP5180
 O.SN.99.SEMP1299
 CPZ.CD.-.ANT
 CPZ.CM.98.CAM5
 CPZ.GA.-.CPZGAB
 CPZ.US.85.CPZUS
 Pol p66 RT

AATTAGGAAAAGCAGGATATGTTACTAATAGAGGAAGACAAAAAGTTGTCCACCTAACTGACACAAACAAATCAGAAGACTGAGTTACAAGCAATTTATCTAGCTTTGCAGGATTCGGGATTAGAAGTAAA 4030
 -GC-----G-----CC-----G-C-----T-G-A-TT-----G-----A-----A-----T-G-CCG-T---C---G-----A---C----- 3966
 -GC-----G-----C-----G-C-----G-G-A-TT-----G-----A-----A-----T-----CC-T---C-----A---C----- 4032
 -GC-----G-----C-----G-C-----G-A-TT-----G-----A-----A-----T-G-CC-T---C-----A---C----- 3604
 -GC-----G-----C-----G-C-----G-A-TT-----G-GC-AC---GA-----A-----TCGG-CC-T---C-----C---A---C----- 4044
 -GC---G-----G-----C-----G-C-A-----G-----TT-----G-----A---G---A---T-----C-----A---A---G-CG----- 3226
 -G-----G-----G-----C-----C-----C-A-TT-----G-----A-----A-----T-----C-----A---C----- 3186
 -GC-----G-----G-----C-----G-C-----G-----TT-----G-----A-----A-----T-----C-----A---C----- 3379
 -GA-----G-----C-----G-C-----G-----TT-----G-----A-----A-----T-----C-T---C---A---A---C----- 3555
 -GA-----G-----G-----G-C-----G-----TT-----G-----A-----A-----T-----C-T---C---A---A---C----- 3402
 ---C-----G-----G-C-----G-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C----- 4033
 ---C-----G-----G-C-----G-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C----- 3256
 ---C-----G-----G-C-----G-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C----- 3400
 --CAG-----G-----C-----T-----T---A-----A-----A-----CT-----A-----A---C----- 3396
 GGCGG-----G-----G-----G-----T-----T---A-----C-----G-----A-----CT-----A-----A---C----- 4047
 -CCAG-----G-----A-----A-----C-----A-----A-----A-----CT-----A-----A---C----- 4044
 -----A-----G---A-----C-----T-----G---G-----AG-----C---C-----A---A-----G--- 3412
 -----G-----G-C-A-----G-C-----T-----G---C-----T-----T-----A-----A---C---G---G--- 3385
 -----G-----C-----C-----T-----G---C-----A-----A-----A---CC-----G--- 3383
 -GCA-----G-C-----G-----T-----A-----G---A-----G---A-----A-----A---CC----- 4058
 -AAG-----G-C-----G-----T-----G---A-----G---A-----A-----C---A-----A---C----- 4047
 -AA-----G-C-A-----GG---A---T-----A-----G---A-----A-----C---A-----A---C----- 3273
 -A-----G-C-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A---C----- 4089
 -A-----G-----G-C-----A-A-----A---TT-T-----A-----A-----G-----G---A-----A---A---C----- 3242
 -A-----G-----G-C-----GA-G---A---TT-T-----A-----A-----G-----G---A-----A---A---C----- 3362
 -A-----G-----G-C-----GA-G---A---TT-T-----A-----A-----G-----G---A-----A---A---C----- 3220
 -A-----G-----G-C-----GA-G---A---TT-T-----A-----A-----G-----G---A-----A---A---C----- 3362
 -A---G-----G-----G-C-----GA-G---A---TT-----A-----A-----A-----A-----A---C----- 3210
 -A---G-----G-----G-C-----GA-G---A---TT-----A-----A-----A-----A-----A---C----- 3216
 -A---G-----G-----G-C-----GA-G---A---TT-----A-----A-----A-----A-----A---C----- 3210
 -A---G-----G-----G-C-----GA-G---A---TT-----A-----A-----A-----A-----A---C----- 3362
 -GC---G---G---G---A---CC-----GA---AT-----A---C-----A-----C---T---C---AC-----C---A-----A---C----- 3232
 -G---G---G---A---A---C-----G---AT-----A---C-----A-----A-----C---A-----A---C----- 3232
 -A---G---G---A---G---C---G---AT-----A---C-----A-----A-----T---AC-----C---A-----A---C----- 3220
 -GC---G---T---A---C---G---AT-----G---C-----A-----A-----T---A---AC-----C-----A---CC----- 3214
 -----G-C-----G-G---C-A---T-TA-----T-----A-----C---A-----A-----A---C----- 3409
 -----G-C-----G---CA---T-TA-----T-----C---A-----A-----A---C----- 3407
 -----G-C-----G---C-T-----A-----A-----A---GT-----A-----A---G---C----- 3398
 -A-----G---C---G-C-A---G---G---AA-T-----A---C-----A-----AC---G-----A-----A---C----- 3232
 -G-----G---C---G-C-A---G---G---G---T-----A-----A---G---A---AC---G-----C---A-----A---C----- 3390
 -G-----G---C---G-C-A---G---G---A---T-----A-----A-----AC---G-----C---T---C---A-----A---C----- 4024
 -C-----G---C---C---A---G---GA-T---C---T---A-----A-----AC---G-----C---T---A-----A---C----- 3332
 -AA-----G---C-----G-C---TT-----C---A---C-----G-----C---GT-----A---A-----A---C---G----- 3582
 -AA-----G---C---A-----T-----A---C-----G-----T-----CT-----A-----A---C----- 4035
 -A-----G---C---TC-----G---C-----AG-----C---GT-----A---C---A---C---G----- 4056
 -AA-----G---C---A-----C---TC-T-----G---C-----G-----C---GT-----A-----A---C---G----- 4053
 -A-----G-----G-C-----A---A---A---T---T-----G---C---C---A---A-----A-----C---GT-----C-----A---C----- 3256
 -G-----G---C---A---A---A---T-----A---C---C---A---A-----A---G-----C---G-----A---C----- 3435
 -G-----G---C---A---A---A---T-----A-----C---A-----A-----C---G-----A---CC----- 3432
 -----G-----G---C---A---A---A---T-----A-----C---A-----A-----C---AA-----C---A---C----- 3468
 -----G---A---A---A---T-----A-----C---AA-----C---AA-----C---A---C----- 3471
 -----G---C---A---A---A---T-----A-----C---A---G---A---G-----C---AA-----C---A---C----- 3470
 -----G---C---A---A---A---T-----A-----C---A---G---A---G-----C---GA-----C---A---C----- 3471
 -GC-----G---C---G---C-----G---A---TT-----G-----A-----G---G---C---T---C-----A---C----- 3262
 -GC-----G---C---G-----G---A---TT-----G-----A-----A-----G---C---T---C-----A---C----- 3251
 -GC-----G---C---G---C-----G---A---TT-----G-----A-----A-----CC-GT-----C---G-----A---C----- 3429
 -GC-----G---C---G---C-----GA-A---T-----A---G-----A-----A-----T---G---C---T---C-----A---C----- 3385
 -C-----G---G---C---A-----A---T---G-----G-----A-----A-----T---CC---T---G-----A-----A---G----- 3205
 -C-----G---G---C---G-C-A-----A---T-----T-----C---A-----A-----T---C---G-----A-----A---C----- 3393
 -----T-T---G---AG-----G-----G---T---TA-TGAGA---C---C-----A---G-----T---CCT-T-G---C---A---A---G---A---CAG---C----- 3622
 -----T-T---G---AG-----G-----G---T---TA-TG-A---C---C-----A---G-----T---CCT-A-G---C---A---A---G---A---CGG---T----- 3624
 -C-----G-----AG-ACA---G---A---G---GA-AA-A-AAT---GA---G---C-----A---AG---A---ATG---G---A---TA---C---A-----CAA-GA-AC----- 4085
 -C-----G-----AG-ACA---A---G---A---AA-A-AAT---GA---G---C-----A---G---A---AT---A---TAT---C---A---A-----CAA-AAG----- 3503
 -C-----G---G-----AG-ACA---A---G---CA-AA-A-AGT---GAA---G---C-----A---G---A---ATG---TG-A-TAA---C-----CAAGGAGC----- 4060
 -C-----C-----AG-A-AG---G---G---A---AA-T-AAT---GAG---G---C-----A---G---A---ATG---G---A---TAT---C---A-----CAAGGA-AC----- 4084
 -G---G---G---C-----G---AG-C-----AGT-GG---AAAACA---CAAA---G---C---C-----AC-AG-A---A---G---G---CT-A-G---C---AG-----AAC-GGCC---C--- 3469
 -GAA-----T---CA---AG-----G---A---AA-A-ATT---GAAA---T---T-----AG-A---AC---AC---TG-----G---A-----G---A---CATAT---C--- 3732
 -ACT---G-----A---AG-C---A---G---A---CA-T-G-T---GAAA---T---C---T-----C-AG-A---A---A---G---TT-GCT---G---C-----A---ATCA---C---G---T--- 4091
 -GAA-----G-----A---A---T---GAAA---T---T-----A---G---A---C---CAC---GG-A---CT-----G---A---AA-A-----A---AGAAATAC---T--- 4090

K L G K A G Y V T N R G R Q K V V T L T D T T N Q K T E L Q A I Y L A L Q D S G L E V N Pol



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	CATAGTACAGACTCACAATATGCATTAGGAATCATTCAAGCACACCAGATCAAAGTGAATCAGAGTTAGTCAATCAAATAATAGAGCAGTTAATAAAAAAGGAAAAGGTCTATCTGGCATGGGTACCA	4160
A1. KE. 00. MSA4069	-----G-----G-----CAG-----T-----G-----T--A---C---T-----G	3359
A1. KE. 94. Q23_17	-----G-----G-----CA-G-----A-----A-C-----G-----C-A--T--C---T-----	3618
A1. SE. 94. SE7253	-----G-----G-----CAGT-----A-----T-----A-C-----GG-----C-A--C---T-----	3364
A1. TZ. 97. 97TZ02	-----G-----G-----C-----T-----CAGG-----A-----A-C-----G-----C-A--C---T-----	3355
A1. UA. 00. 98UA0116	T-----G-----G-----G-----T-----CAGG-----A-----A-----A-AC-----G-----A--GA--C---T-----	4159
A1. UG. 85. U455	T-----G-----G-----G-----G-----CAGG-----AA-----A-----A-C-----G-----A--C---T-----	3606
A1. UG. 92. 92UG037	-----G-----G-----G-----C--G-----CAGG-----AA-----A-----A-C-----G-----C-A--C---T-----	3527
A2. CD. 97. 97CDKS10	-----T-----G-----G-----G-----AGG-----AA-----G-----A--G-G-----C---T-----	277
A2. CD. 97. 97CDKTB48	-----T-----G-----G-----G-----AGC-----AA-----A-----G-----G-----C---T-----	3498
A2. CY. 94. 94CY017_41	-----G-----T-----G-----G-----AAGG-----A-----AA-A-----G-----G-----C--AT-----	3517
B. AR. 99. ARMA132	-----A-G-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----G	3365
B. AU. 95. MBCC54	-----C-----A-----AA-----G-----A-----C-----C-----	3520
B. BO. 99. BOL0122	-----AGG-----A-----G-----A-----C-----C-----	3380
B. CN. -. RL42	-----A-G-----A-----T-G-----A-----A-----C-----G---	3547
B. ES. 89. S61K15	-----A-----A-----G-----G-----C-----C-----	4168
B. GA. 88. OYI	-----A-----A-----G-----G-----C-----C-----	3703
B. GB. 83. CAM1	-----A-G-----G-----G-----G-----C-----C-----	4162
B. NL. 86. 3202A21	-----A-G-----G-----G-----G-----C-----C-----	4162
B. TH. 90. BK132	T-----A-----A-----G-----G-----C-----C-----	3511
B. US. 83. RF	-----G-----A-----G-----G-----G-----C-----C-----	3677
B. US. 90. WEAU160	-----G-----C-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----	4159
C. BR. 92. 92BR025	-----G-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----	3498
C. BW. 00. 00BW3891_6	T-----G-A-----C-----AGC-----G-A-G-----T-----A-----A-----G-----GA--C---T-----	3524
C. BW. 96. 96BW0502	-----G-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----C-----TG-----C---T-----T	3653
C. ET. 86. ETH2220	-----G-----G-----C-TG-----A-G-----A-----A-----A-----C-----GC-----C---T-----	3552
C. IL. 98. 98IS002	-----G-----G-----T-----T-----A-G-----A-----A-----A-----G-----G-----C---T-----	3494
C. IN. 95. 95IN21068	-----T-----G-----G-----A-A-G-----T-----C-----A-----A-----G-----G-----C---T-----	3511
C. IN. 99. 01IN565_10	-----G-----G-----G-----T-----C-----A-----A-----A-----G-----G-----C---T-----	3541
C. KE. 00. KER2010	-----G-----G-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----C---T-----	3341
C. MM. 99. mIDU101_3	-----T-----G-----G-----T-----C-----A-----A-----A-----G-----G-----C---T-----	3511
C. TZ. 97. 97TZ04	T-----G-----G-----A-G-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----C---T-----	3355
C. TZ. 98. 98TZ017	T-----G-----G-----A-G-----A-----T-----C-----A-----A-----G-----G-----C---A-----	3514
C. ZA. 01. 2134MB	T-----G-----G-----A-G-----A-----T-----C-----G-----AG-----G-----C---T-----	3580
C. ZA. 97. 97ZA003	-----G-----T-----G-----G-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----G-----G-----C---T-----	3476
C. ZM. 96. 96ZM651	-----T-----G-----G-----G-----T-----A-----G-----A-----C-----A-----A-----G-----G-----C---T-----	3489
D. CD. 83. ELI	-----T-----A-----G-----A-----G-----T-----C-----T-----C-----	3706
D. CD. 83. NDK	-----T-----C-----A-----G-----G-----C-----C-----T-----C-----	3695
D. CD. 85. Z226	-----T-----A-----G-----G-----G-----T-----C-----T-----C-----	4163
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	-----T-----CA-G-----A-----G-----AG-----C-----C-----A-----	3359
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	-----T-----G-----T-----A-----G-----G-----C-----C-----A-----C-----AT-----C	3365
D. TD. 99. MN012	-----T-----C-----A-----G-----AG-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----C-----AT-----	3384
D. UG. 94. 94UG114	-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----C-----T-----	3515
D. UG. 99. 99UGA08483	-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----AT-----	3365
D. UG. 99. 99UGB21875	-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----AT-----	3365
F1. BE. 93. VI850	-----G-----G-----A-----G-----AA-----A-----C-----G-----C-----T-----	3500
F1. BR. 93. 93BR020_1	-----G-----A-----G-----A-----A-----C-----T-----	3488
F1. FI. 93. FIN9363	-----T-----A-----G-----C-----A-----C-----T-----	3489
F1. FR. 96. MP411	T-----G-----T-----T-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----C-----G-----C-----T-----	3362
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	-----G-----C-----A-----G-----C-----A-----C-----C-----T-----	3350
F2. CM. 95. MP255	-----G-----G-----T-----A-----G-----G-----C-----A-----C-----C-----T-----	3356
F2. CM. 95. MP257	-----G-----C-----A-----G-----A-----C-----A-----C-----G-----C-----T-----	3368
F2. CM. 97. CM53657	-----G-----C-----A-----G-----C-----A-----C-----A-----G-----C-----T-----	3350
G. BE. 96. DRCBL	-----G-----AGG-----AA-----A-----C-----C-----T-----	4117
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	-----G-----AGG-----A-----T-----G-----A-----C-----C-----T-----	3362
G. FI. 93. HH8793_12_1	-----G-----AG-----AC-----A-----C-----C-----T-----	3560
G. NG. 92. 92NG083	-----G-----AGG-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----	3529
G. SE. 93. SE6165	-----G-----G-----C-----AGG-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----	3557
H. BE. 93. VI991	-----G-----T-----A-----G-----AC-----T-----G-----A-----T-----CT--T-----	3549
H. BE. 93. VI997	-----G-----T-----G-----T-----A-----G-----G-----T-----AG-A-----G-----C-----T-----	3484
H. CF. 90. 056	-----G-----T-----G-----C-----C-----A-----G-----T-----G-----A-----G-----C-----T-----	3507
J. SE. 93. SE7887	-----T-----G-----G-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----T-----G-----	3474
J. SE. 94. SE7022	-----T-----G-----G-----T-----A-----G-----A-----G-----G-----G-----C-----T-----G-----	3475
K. CD. 97. EQTB11C	-----G-----A-----T-----A-----A-----C-----G-----C-----AT-----	3356
K. CM. 96. MP535	-----G-----A-----T-----T-----A-----A-----G-----A-----C-----AT-----	3356



B. FR. 83. HXB2

01_AE.CF.90.90CF4071
 01_AE.JP.93.93JP_NH1
 01_AE.TH.90.CM240
 01_AE.TH.93.93TH9021
 02_AG.CM.02.02CM_1677LE
 02_AG.CM.97.97CM_MP807
 02_AG.FR.91.DJ264
 02_AG.NG.-.IBNG
 02_AG.SE.94.SE7812
 03_AB.BY.00.98BY10443
 03_AB.RU.97.KAL153_2
 03_AB.RU.98.RU98001
 04_cpx.CY.94.CY032
 04_cpx.GR.91.97PVCH
 04_cpx.GR.97.97PVMY
 05_DF.BE.-.VI1310
 05_DF.BE.93.VI961
 05_DF.ES.99.X492
 06_cpx.AU.96.BFP90
 06_cpx.ML.95.95ML127
 06_cpx.ML.95.95ML84
 06_cpx.SN.97.97SE1078
 07_BC.CN.-.CNGL179
 07_BC.CN.97.97CN001
 07_BC.CN.97.CN54
 07_BC.CN.98.98CN009
 08_BC.CN.97.97CNGX_6F
 08_BC.CN.97.97CNGX_7F
 08_BC.CN.97.97CNGX_9F
 08_BC.CN.98.98CN006
 09_cpx.GH.96.96GH2911
 09_cpx.SN.95.95SN1795
 09_cpx.SN.95.95SN7808
 09_cpx.US.99.99DE4057
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF071
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF110
 11_cpx.CM.02.02CM_4118STN
 11_cpx.CM.96.4496
 11_cpx.FR.99.MP1298
 11_cpx.GR.-.GR17
 12_BF.AR.97.A32989
 12_BF.AR.99.ARMA159
 12_BF.UY.99.URTR23
 12_BF.UY.99.URTR35
 13_cpx.CM.02.02CM_3226MN
 13_cpx.CM.96.1849
 13_cpx.CM.96.4164
 14_BG.ES.00.X475
 14_BG.ES.00.X477
 14_BG.ES.00.X623
 14_BG.ES.99.X397
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1331
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1332
 15_01B.TH.99.99TH_MU2079
 15_01B.TH.99.99TH_R2399
 16_A2D.KE.00.KISII5009
 16_A2D.KR.97.97KR004
 N.CM.-.YBF106
 N.CM.95.YBF30
 O.BE.87.ANT70
 O.CM.-.96CMABB009
 O.CM.91.MVP5180
 O.SN.99.SEMP1299
 CPZ.CD.-.ANT
 CPZ.CM.98.CAM5
 CPZ.GA.-.CPZGAB
 CPZ.US.85.CPZUS
 Pol p66 RT

CATAGTAACAGACTCACAATATGCATTAGGAATCATTCAAGCACACCAGATCAAAGTGAATCAGAGTTAGTCAATCAAATAATAGAGCAGTTAATAAAAAAGGAAAAGGTCTATCTGGCATGGGTACCA 4160
 T-----G-----G-----CAGG-----AA-----A-C-----G-G-----C--T--C----- 4096
 T-----G-----G-----CAGG-----AG-----C-----G-C-----A-C-----T--T----- 4162
 T-----G-----G-----CAGG-----AG-----C-----G-C-----G-A-----C--T----- 3734
 T-----G-----G-----CAGG-----AG-----C-----G-C-----A-----C--T----- 4174
 T-----G-----G-----CA-G-----C-----G-----A-AC-----G-----T-A-----C--T----- 3356
 T-----G-----G-----CA-G-----T-----AA-C-----GG-----T-A-----C--T----- 3316
 T-----G-----G-----CAGG-----A-C-----G-----C-A-----C--T----- 3509
 T-----G-----G-----CAGG-----A-C-----G-----C-A-----C--T----- 3685
 T-----G-----G-----CAGG-----C-----C-----G-C-----T-GA-----C--T----- 3532
 -----A-G-----G-----G-----G-----C----- 4163
 -----A-G-----G-----G-----G-----C----- 3386
 -----A-G-----G-----G-----G-----T--CT----- 3530
 -----G-----A-----AG-----T-----T-----CGG-----C-----C--T----- 3526
 -----G-----A-----AG-----T-----T-----T-----C-G-----C-----C--T----- 4177
 -----G-----A-G-----A-----A-----A-----C-G-----C-----C--T----- 4174
 T-----G-----C-----A-G-----A-----A-----A-----G-----A-----G-----C--T----- 3542
 -----G-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----C-----G-----C--T----- 3515
 -----G-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----G-----T----- 3513
 -----G-----A-----AC-----C-----A-----C-----AA-----C-----T----- 4188
 -----G-----A-----A-----A-----A-----A-----AC-----C-----T----- 4177
 -----G-----A-----A-----GC-----A-----C-----C-----C-----T----- 3403
 T-----AG-----A-----A-----A-----C-----C-----AT----- 4219
 -----T-----G-----G-----A-G-----A-----T-C-----A-A-----A-----C-----T----- 3372
 -----T-----G-----G-----A-G-----A-----T-C-----A-A-----GA-----C-----T----- 3492
 -----T-----G-----G-----A-G-----A-----T-C-----A-A-----G-----GA-----C-----T----- 3350
 -----T-----G-----G-----A-G-----A-----T-C-----A-A-----GA-----C-----T----- 3492
 -----T-----G-----G-----A-G-----A-----T-C-----A-A-----A-----G-A-----C-----T----- 3492
 -----T-----G-----G-----A-G-----A-----T-----A-A-----A-----G-A-----C-----T----- 3492
 T-----G-----G-----CAGG-----A-----C-----G-----A-----C-----T----- 3362
 T-----G-----G-----CAGG-----C-----A-----C-----A-----C-----G-----C-----T----- 3362
 T-----G-----G-----CAGG-----G-----AA-----AA-----C-----G-----A-----C-----T----- 3350
 T-----T-----G-----G-----CAGG-----G-----AA-----AA-----C-----G-----A-----C-----T----- 3344
 T-----G-----C-----T-----C-----A-G-----A-----A-----C-----A-----C-----AC----- 3539
 -----G-----C-----T-----A-G-----A-----C-----C-----A-----C-----AT----- 3537
 T-----G-----C-----T-----A-G-----A-----A-----A-----C-----A-----G-----C-----T----- 3528
 T-----T-----A-G-----G-----T-----T-----A-G-----A-----G-AG-----A-----C-----T-----C----- 3362
 T-----T-----TGTC-----G-----G-----T-----A-----G-----A-----A-----C-----K----- 3520
 T-----C-----G-----G-----T-----A-----G-----G-----A-----C-----T----- 4154
 T-----T-----G-----T-----A-G-----GC-----A-----A-----C-----T----- 3462
 -----G-----G-----G-----A-G-----G-----A-----A-----G-----C-----T----- 3712
 -----G-----T-----A-G-----G-----G-----A-----A-----G-----C-----T----- 4165
 -----G-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----C-----T----- 4186
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----C-----T----- 4183
 -----G-----A-----T-----A-----C-----G-----G-----T-----T----- 3386
 -----G-----AGG-----A-----C-----A-----C-----G-----G-----T-----T----- 3565
 -----G-----CAGG-----A-----A-----C-----G-----C-----T----- 3562
 -----G-----T-----G-----AGG-----AG-----A-----C-----C-----T----- 3598
 -----G-----T-----AGG-----AG-----A-----C-----C-----T----- 3601
 -----G-----T-----AGG-----AG-----A-----C-----C-----T----- 3600
 -----T-----G-----T-----AGG-----AG-----A-----C-----C-----T----- 3601
 T-----G-----G-----CARG-----AG-----C-----G-----C-----A-----C-----T----- 3392
 T-----G-----G-----CAG-----AA-----G-----G-----C-----T-----AA-----C-----T----- 3381
 T-----G-----G-----CAGG-----AG-----C-----G-----C-----GA-----C-----T----- 3559
 T-----G-----G-----CAGG-----C-----AG-----C-----G-----C-----GA-----C-----T----- 3515
 -----T-----G-----G-----AGG-----AG-----AA-----G-----G-----A-----C-----T-----A----- 3335
 -----T-----G-----G-----AGG-----A-----T-----AA-----G-----A-----GA-----AT----- 3523
 -----C-----T-----T-----G-----TA-----G-----A-----CT-----A-----C-----G-----GGGC-----AG-----AC-----C-----GA-----CT-----T-----T----- 3752
 -----C-----T-----T-----G-----TA-----G-----A-----TT-----G-----A-----G-----GC-----AG-----C-----C-----GA-----T-----CT-----T-----T----- 3754
 T-----T-----T-----G-----CG-----CTCCT-----C-----TACA-----G-----CCCTA-----TC-----G-----G-----AC-----C-----C-----G-----TA-----T-----T----- 4215
 -----T-----T-----G-----C-----ATCCT-----C-----TACA-----G-----C-----CCCTA-----TC-----G-----G-----AG-----AA-----G-----C-----CGA-----G-----TA-----T-----C----- 3633
 -----T-----T-----G-----C-----ATCCT-----C-----ACA-----G-----C-----CCCTA-----TC-----G-----G-----G-----AC-----C-----CGA-----G-----TA-----T-----T----- 4190
 T-----CA-----T-----C-----T-----G-----C-----CTCCT-----G-----TACA-----G-----CTCTC-----TC-----G-----G-----G-----AC-----C-----C-----G-----TA-----T-----T----- 4214
 T-----C-----T-----G-----G-----T-----G-----GTACC-----CCCC-----GG-----AG-----CC-----A-----A-----GA-----C-----A-----T-----C-----CT-----C----- 3599
 T----- 3862
 -----G-----T-----T-----TG-----G-----T-----GT-----G-----C-----A-----AGGGTCT-----AG-----T-----A-----AA-----C-----CT-----C-----G----- 4221
 TG-----C-----T-----G-----C-----TC-----C-----CT-----T-----G-----C-----A-----G-----G-----AG-----A-----G-----A-----AAAGT-----A-----CT----- 4220

I V T D S Q Y A L G I I Q A O P D O S E S E L V N Q I I E O L I K K E K V Y L A W V P Pol



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

Pol p66 RT end \ / Pol p31 Integrase start

GCACACAAAGGAATTGGAGGAAATGAACAAGTAGATAAATTAGTCAGTGTCTGGAATCAGGAAAGTACTATTTTGTAGATGGAATAGATAAAGCCCAAGAT...GAACATGAGAAATATCACAGTAATTGGA

B.FR.83.HXB2	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	4287
A1.KE.00.MSA4069	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3486
A1.KE.94.Q23_17	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3745
A1.SE.94.SE7253	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3491
A1.TZ.97.97TZ02	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3482
A1.UA.00.98UA0116	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	4286
A1.UG.85.U455	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3733
A1.UG.92.92UG037	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3654
A2.CD.97.97CDKS10	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	404
A2.CD.97.97CDKTB48	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3625
A2.CY.94.94CY017_41	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3644
B.AR.99.ARMA132	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3492
B.AU.95.MBCC54	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3647
B.BO.99.BOL0122	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3507
B.CN.-.RL42	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3674
B.ES.89.S61K15	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	4295
B.GA.88.OYI	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3830
B.GB.83.CAM1	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	4289
B.NL.86.3202A21	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	4289
B.TH.90.BK132	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3638
B.US.83.RF	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3804
B.US.90.WEAU160	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	4286
C.BR.92.92BR025	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3625
C.BW.00.00BW3891_6	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3651
C.BW.96.96BW0502_	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3780
C.ET.86.ETH2220	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3679
C.IL.98.98IS002	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3621
C.IN.95.95IN21068	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3638
C.IN.99.01IN565_10	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3668
C.KE.00.KER2010	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3468
C.MM.99.mIDU101_3	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3638
C.TZ.97.97TZ04	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3482
C.TZ.98.98TZ017	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3641
C.ZA.01.2134MB	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3707
C.ZA.97.97ZA003	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3603
C.ZM.96.96ZM651	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3616
D.CD.83.ELI	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3833
D.CD.83.NDK	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3822
D.CD.85.Z226	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	4290
D.CM.01.01CM_0009BBY	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3486
D.KE.01.01KE_NKU3006	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3492
D.TD.99.MN012	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3511
D.UG.94.94UG114	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3642
D.UG.99.99UGA08483	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3492
D.UG.99.99UGB21875	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3492
F1.BE.93.VI850	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3627
F1.BR.93.93BR020_1	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3615
F1.FI.93.FIN9363_	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3616
F1.FR.96.MP411	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3489
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3477
F2.CM.95.MP255	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3483
F2.CM.95.MP257	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3495
F2.CM.97.CM53657	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3477
G.BE.96.DRCBL	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	4244
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3489
G.FI.93.HH8793_12_1	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3687
G.NG.92.92NG083	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3656
G.SE.93.SE6165	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3684
H.BE.93.VI991	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3676
H.BE.93.VI997	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3611
H.CF.90.056	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3634
J.SE.93.SE7887	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3601
J.SE.94.SE7022	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3602
K.CD.97.EQTB11C	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3484
K.CM.96.MP535	-----G-----AA-----T-A-G-G-G-----G-----A-T-----A...-----A-G-----C-----	3483



Pol p66 RT end \ Pol p31 Integrase start

B.FR.83.HXB2	GCACACAAAGGAATTGGAGGAAATGACAAAGTAGATAAATTAGTCAGTCTGGAATCAGGAAAGTACTATTTTAGATGGAATAGATAAGGCCCAAGAT...GAACATGAGAAATATCACAGTAATTGGA	4287
01_AE.CF.90.90CF4071	-----G-G-----T-----G-G-----G-----A...-----A-G-----C-----	4223
01_AE.JP.93.93JP.NH1	-----G-G-----T-A-----G-----G-----T-----A...-----A-G-----C-----	4289
01_AE.TH.90.CM240	-----G-G-----T-A-----G-G-----G-----T-----A...-----A-G-----C-----	3861
01_AE.TH.93.93TH9021	-----G-G-----T-A-----G-G-----G-----T-----A...-----A-G-----C-----	4301
02_AG.CM.02.02CM.1677LE	-----G-----G-----AG-----G-----C-----A...-----G-----A-G-----C-----	3483
02_AG.CM.97.97CM.MP807	-----AA-----G-----C-----A-----A...-----G-----A-G-----C-----	3443
02_AG.FR.91.DJ264	-----G-----AA-----G-----C-----A-T-----A...-----G-----A-G-----C-----	3636
02_AG.NG.-.IBNG	-----G-----AA-----G-----C-----A-----A...-----G-----A-G-----C-----	3812
02_AG.SE.94.SE7812	-----G-----G-----AG-----G-----C-----A...-----G-----A-G-----C-----	3659
03_AB.BY.00.98BY10443	-----CT-----G-----A-----A...-----C-----G-----	4290
03_AB.RU.97.KAL153.2	-----T-----G-----A-----A...-----G-----	3513
03_AB.RU.98.RU9800I	-----T-----A-----A...-----C-----	3657
04_cpx.CY.94.CY032	-----G-----CAA-----A-G-G-----T-----A...-----A-----C-----	3653
04_cpx.GR.91.97PVCH	-----G-----CAA-----A-G-G-----G-----T-----A...-----C-----	4304
04_cpx.GR.97.97PVMY	-----G-----CAA-----A-G-G-----T-----A...-----A-----	4301
05_DF.BE.-.VI1310	-----G-----T-A-----G-----A-T-G-----T-----C-----	3669
05_DF.BE.93.VI961	-----G-----AA-----A-A-----G-----G-----A-----A...-----A-----C-----AC-----	3642
05_DF.ES.99.X492	-----G-----AA-----A-A-----G-----G-----A-----A...-----A-----C-----C-----C-----	3640
06_cpx.AU.96.BFP90	-----G-----AA-----G-----C-----A-----G-A...-----T-----A-G-----C-----	4315
06_cpx.ML.95.95ML127	-----G-----AA-----G-----C-----A-----A...-----T-----A-G-----C-----	4304
06_cpx.ML.95.95ML84	-----G-----AG-----G-----C-----A-----A...-----T-----A-G-----C-----	3530
06_cpx.SN.97.97SE1078	-----G-----AG-----G-----C-----A-----A...-----A-----G-----C-----	4346
07_BC.CN.-.CNG1179	-----T-----A-----AG-----G-----C-----A-T-----A...-----G-----A-GG-----C-----	3499
07_BC.CN.97.97CN001	-----T-----A-----AG-----G-----C-----A-T-----A...-----G-----A-G-----C-----	3619
07_BC.CN.97.CN54	-----T-----A-----AG-----G-----C-----A-T-----A...-----G-----A-G-----C-----	3477
07_BC.CN.98.98CN009	-----T-----A-----AG-----G-----C-----A-T-----A...-----G-----A-GG-----C-----	3619
08_BC.CN.97.97CNGX.6F	-----T-----A-----AA-----C-----G-----C-----A-T-----A...-----G-----A-G-----C-----	3467
08_BC.CN.97.97CNGX.7F	-----T-----A-----AA-----G-----C-----A-T-----A...-----G-----A-G-----C-----	3473
08_BC.CN.97.97CNGX.9F	-----T-----A-----AA-----G-----C-----A-T-----A...-----G-----A-G-----C-----	3467
08_BC.CN.98.98CN006	-----T-----A-----AG-----G-----C-----A-T-----A...-----G-----A-G-----C-----	3619
09_cpx.GH.96.96GH2911	-----T-----AG-----A-----C-----A-T-----A...-----A-----G-----T-----C-----	3489
09_cpx.SN.95.95SN1795	-----G-----AG-----T-----A-----A...-----G-----A-G-----C-----C-----	3489
09_cpx.SN.95.95SN7808	-----AG-----C-----A-----A...-----G-----A-G-----C-----	3477
09_cpx.US.99.99DE4057	-----AG-----T-A-----C-----A-----A...-----G-----A-G-----C-----	3471
10_CD.TZ.96.96TZ.BF061	-----G-----A-----AGG-----A-----G-----C-----A-T-----A...-----G-----C-----AC-----	3666
10_CD.TZ.96.96TZ.BF071	-----G-----C-----A-----AG-----G-----G-----C-----A-T-----A...-----G-----C-----C-----	3664
10_CD.TZ.96.96TZ.BF110	-----T-----C-----A-----AA-----G-----G-----C-----T-----A...-----G-----A-----AC-----	3655
11_cpx.CM.02.02CM.4118STN	-----AA-----T-----G-----C-----G-----T-----A...-----A-----G-----C-----C-----	3489
11_cpx.CM.96.4496	-----T-----T-----G-----G-----G-----T-----A...-----A-----G-----C-----C-----	3647
11_cpx.FR.99.MP1298	-----G-----CAA-----G-----G-----G-----G-----T-----A...-----G-----A-----C-----C-----	4281
11_cpx.GR.-.GR17	-----T-----G-----G-----C-----A-T-----C-----A...-----G-----A-----C-----C-----	3589
12_BF.AR.97.A32989	-----G-----G-----GG-----A-----A-----G-----G-----A-----G-----G...-----A-----AC-----	3839
12_BF.AR.99.ARMA159	-----G-----G-----GG-----A-----A-----G-----G-----A-----G-----G...-----A-----AC-----	4292
12_BF.UY.99.URTR23	-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----G-----G...-----A-----AC-----	4313
12_BF.UY.99.URTR35	-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----G-----G...-----C-----A-----AC-----	4310
13_cpx.CM.02.02CM.3226MN	-----G-----T-----CAA-----G-----C-----A-----A-----A...-----G-----A-----AC-----	3513
13_cpx.CM.96.1849	-----G-----T-----AA-----G-----G-----G-----C-----C-----A-----A...-----T-----A-----C-----	3692
13_cpx.CM.96.4164	-----G-----G-----T-----AA-----G-----G-----C-----A-----A-----A...-----G-----A-----C-----	3689
14_BG.ES.00.X475	-----G-----AG-----G-----T-----T-----A-----A...-----C-----A-----T-----	3725
14_BG.ES.00.X477	-----G-----AG-----G-----T-----T-----A-----A...-----G-----A-----A-----	3728
14_BG.ES.00.X623	-----G-----AG-----G-----T-----T-----A-----A...-----G-----A-----A-----	3727
14_BG.ES.99.X397	-----G-----AG-----G-----T-----T-----A-----A...-----G-----A-----A-----	3728
15_01B.TH.02.02TH.OUR1331	-----G-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----T-----A...-----A-----G-----	3519
15_01B.TH.02.02TH.OUR1332	-----T-----G-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----T-----A...-----A-----G-----C-----	3508
15_01B.TH.99.99TH.MU2079	-----T-----A-----G-----G-----G-----T-----A...-----A-----G-----C-----	3686
15_01B.TH.99.99TH.R2399	-----G-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----T-----A...-----A-----G-----C-----	3642
16_A2D.KE.00.KISII5009	-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----GT-----A-----G-----T-----A-A...-----A-----G-----A-----	3462
16_A2D.KR.97.97KR004	-----G-----A-----G-----C-----T-----C-----GT-----G-----G-----T-----A...-----A-----C-----G-----A-----	3650
N.CM.-.YBF106	-----T-----T-----G-----G-----W-----T-----CT-A-----T-----A-R-----T-----CC-----T-----A-----A-----A...-----A-----G-----	3879
N.CM.95.YBF30	-----T-----T-----G-----G-----C-----T-----CT-A-----T-----A-A-----T-----CC-----T-----A-----A-----A...-----T-----C-----G-----C-----	3881
O.BE.87.ANT70	-----C-----T-----C-----A-----A-----A-----CAAG-AT-----T-----A-G-----C-----G-----CC-----A-----CC-----A-----A...-----T-----A-----T-----	4342
O.CM.-.96CMABB009	-----T-----T-----C-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----AAA-AT-----A-----G-----C-----CC-----A-----C-----A-----A...-----T-----A-----T-----C-----	3760
O.CM.91.MVP5180	-----T-----C-----A-----A-----A-----A-----CAAA-AC-----T-----A-G-----C-----G-----CC-----G-----A-----C-----A-----A...-----T-----A-----T-----	4317
O.SN.99.SEMP1299	-----C-----T-----C-----A-----A-----A-----A-----CAAG-AT-----T-----A-G-----C-----CC-----A-----CC-----A-----A...-----T-----A-----G-----T-----C-----	4341
CPZ.CD.-.ANT	-----T-----C-----A-----G-----C-----CAA-----G-----AC-----C-----C-----G-----A-----C-----A-----T-----G...-----C-----T-----T-----C-----	3726
CPZ.CM.98.CAM5	-----T-----A-----G-----G-----C-----T-----T-----A-----C-----T-----A-----C-----C-----C-----T-----C-----A-----G-----A...-----A-----G-----T-----AC-----C-----	3989
CPZ.GA.-.CPZGAB	-----T-----A-----G-----G-----A-----G-----CC-----C-----G-----C-----G-----A...-----A-----GG-----T-----	4348
CPZ.US.85.CPZUS	-----T-----A-----G-----A-----T-----T-----CC-----C-----A-----A-----G-----A...-----C-----C-----T-----	4347
Pol p31 Integrase	A H K G I G G N E O V D K L V S A G I R K V L F L D G I D K A Q D . E H E K Y H S N W	Pol

Pol p66 RT end / Pol p31 Integrase start



B. FR. 83. HXB2
 01_AE.CF.90.90CF4071
 01_AE.JP.93.93JP_NH1
 01_AE.TH.90.CM240
 01_AE.TH.93.93TH9021
 02_AG.CM.02.02CM_1677LE
 02_AG.CM.97.97CM_MP807
 02_AG.FR.91.DJ264
 02_AG.NG.-.IBNG
 02_AG.SE.94.SE7812
 03_AB.BY.00.98BY10443
 03_AB.RU.97.KAL153_2
 03_AB.RU.98.RU98001
 04_cpx.CY.94.CY032
 04_cpx.GR.91.97PVCH
 04_cpx.GR.97.97PVMY
 05_DF.BE.-.VI1310
 05_DF.BE.93.VI961
 05_DF.ES.99.X492
 06_cpx.AU.96.BFP90
 06_cpx.ML.95.95ML127
 06_cpx.ML.95.95ML84
 06_cpx.SN.97.97SE1078
 07_BC.CN.-.CNG1179
 07_BC.CN.97.97CN001
 07_BC.CN.97.CN54
 07_BC.CN.98.98CN009
 08_BC.CN.97.97CNGX_6F
 08_BC.CN.97.97CNGX_7F
 08_BC.CN.97.97CNGX_9F
 08_BC.CN.98.98CN006
 09_cpx.GH.96.96GH2911
 09_cpx.SN.95.95SN1795
 09_cpx.SN.95.95SN7808
 09_cpx.US.99.99DE4057
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF071
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF110
 11_cpx.CM.02.02CM_4118STN
 11_cpx.CM.96.4496
 11_cpx.FR.99.MP1298
 11_cpx.GR.-.GR17
 12_BF.AR.97.A32989
 12_BF.AR.99.ARMA159
 12_BF.UY.99.URTR23
 12_BF.UY.99.URTR35
 13_cpx.CM.02.02CM_3226MN
 13_cpx.CM.96.1849
 13_cpx.CM.96.4164
 14_BG.ES.00.X475
 14_BG.ES.00.X477
 14_BG.ES.00.X623
 14_BG.ES.99.X397
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1331
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1332
 15_01B.TH.99.99TH_MU2079
 15_01B.TH.99.99TH_R2399
 16_A2D.KE.00.KISII5009
 16_A2D.KR.97.97KR004
 N.CM.-.YBF106
 N.CM.95.YBF30
 O.BE.87.ANT70
 O.CM.-.96CMABB009
 O.CM.91.MVP5180
 O.SN.99.SEMP1299
 CPZ.CD.-.ANT
 CPZ.CM.98.CAM5
 CPZ.GA.-.CPZGAB
 CPZ.US.85.CPZUS
 Pol p31 Integrase

GAGCAATGGCTAGTGTATTTAACTGCCACCTGTA...GTAGCAAAGAAATAGTAGCCAGCTGTGATAAA...TGTCAGCTAAAAGGAGAAGCCATGCATGGACAAGTAGACTGTAGTCCAGGAATATG 4411
 --A-----TT-----A-...-----G-----A-----G-----T-----G-----G----- 4347
 -A-----TT-----G-----A-----G-----G-----G-----G-----G----- 4413
 -A-----TT-----A-...-----G-----A-----A-----G-----G-----T-----G----- 3985
 -A-----TT-----A-...-----G-----A-----A-----G-----G-----C-T-----G----- 4425
 -----T-----G-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G----- 3607
 -----T-----A-----G-----G-----C-----G-----G-----G-----G----- 3567
 -----T-----A-----G-----G-----T-----C-----G-----G-----G-----G----- 3760
 AG-----T-----A-----G-----G-----A-G-----G-----G-----G----- 3936
 -----C-----T-----G-----G-----G-----G-----C-----G----- 3783
 -----G-----G-----AT-----C----- 4414
 -----G-----G-----AT-----C----- 3637
 -----G-----AT-----C----- 3781
 -----T-----T-A-G...-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----G----- 3777
 -----T-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----G-----WG-----G----- 4428
 A-----T-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----G----- 4425
 -----T-----T-----T-----G-----T-----G----- 3793
 -----T-----G-----TC-----T-----G-----G-----G-----G----- 3767
 -----T-----T-----C-----G-----G-----G-----G-----G----- 3764
 ---C-----A-----T-----A-----G-----C-----A-----G-----A-----T-----G----- 4439
 -C-----T-----A-----G-----C-----A-----G-----G-----G-----G----- 4428
 -C-----T-----A-----C-----G-----T-----C-----G-----G-----G----- 3654
 -C-----A-----T-----A-----G-----C-----G-----G-----C-----C-----G----- 4470
 -----C-----T-----CA-----G-----T-----C-----G-----G-----G----- 3623
 -----C-----T-----CA-----G-----T-----C-----G-----G-----G----- 3743
 -----C-----T-----CA-----G-----T-----C-----G-----G-----G----- 3601
 -----C-----T-----C-----G-----T-----C-----G-----G-----G----- 3743
 -----C-----T-----CA-----T-----C-----G-----G-----G----- 3591
 -----C-----T-----CA-----T-----C-----G-----G-----G----- 3597
 -----C-----T-----CA-----T-----C-----G-----G-----G----- 3591
 -----C-----T-----CA-----T-----C-----G-----G-----G----- 3743
 -----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G----- 3613
 -----T-----A-----G-----G-----G-----G-----G----- 3613
 -----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G----- 3601
 -----C-T-----A-----G-----A-----A-----G-----G-----G----- 3595
 -----G-----T-----G-----G-----T-----C----- 3790
 -----G-----T-----G-----G-----T-----AT----- 3788
 -----G-----T-----T-----AT----- 3779
 --A-G-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----G-----C----- 3613
 -----C-----T-----GG-----G-----A-----G-----C----- 3771
 -----C-----T-----A-----G-----A-----C-----AT-----G-----G-----A----- 4405
 -----C-----T-----A-----G-----A-----C-----A-----G-----G-----A----- 3713
 -----T-----G-----T-----G-----G-----T-----T-----G-----G----- 3963
 -----T-----T-----G-----G-----T-----T-----G-----G----- 4416
 -----T-----T-----G-----G-----T-----T-----G-----G----- 4437
 -----C-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----G-----G----- 4434
 -----T-----G-----T-----C-----G-----A----- 3637
 -A-----T-----A-----G-----T-----C-----G-----C-----C----- 3816
 A-----T-----T-----G-----T-----C-----G-----A----- 3813
 -----T-----G-----G-----G-----C----- 3849
 -----T-----G-----G-----C----- 3852
 -----T-----A-----G-----C-----A-----G-----C----- 3851
 -----T-----G-----G-----C----- 3852
 -A-----TT-----A-----G-----A-----G-----G-----G-----G----- 3643
 -A-----T-----TT-----A-----G-----A-----G-----T-----G-----G----- 3632
 -A-----TT-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----T-----G-----G----- 3810
 -A-----T-----A-----G-----A-----C-----A-----G-----G-----T-----G-----G----- 3766
 ---G-----CA-C-C-T-----A-----A-----A-----AAG-----A-----C----- 3586
 -----CA-C-----T-----G-----TT-----G-----G----- 3774
 A-----C-----T-A-C-CA-----C-----C-----G-----G-----GA-CA-T-----G-G----- 4003
 A-----C-----T-A-C-CA-----G-----C-----G-----G-----G-----CA-T-----G-G----- 4005
 A-----C-A-----A---GGA-A-----A-G...-G-C-G-----CA-T-T-----CC-----TA-----G-----A-T-----T-G-----C-----A-G----- 4466
 -----T-----C-----GGA-A-----A-----C-----TA-T-T-----CC-----TA-----G-----A-A-----C-G-----C-----A-G----- 3884
 -----T-A-----C---GGAT-A-----AA-----C-G-----CA-T-T-T-----CC-----C-----TA-----G-----A-C-----T-----AC-C-----AG----- 4441
 -----T-A-----GGAT-A-----A-G...-G-C-----CA-T-T-AT-----CC-C-----TA-----G-----A-T-----T-G-----C-----A-G----- 4465
 --T-T-A-AGA--A-AC--T-T-C--A-T...-G-T-----TA-----ACAG-----CG-----G-----G-----C----- 3850
 A--T-----C-----T-A-----G-C-----T-----C-G-----C-----T-----G-----G-----C-----T----- 4113
 A--T-----TT-A-----CA-----G-----CAT-----G-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----G-----T----- 4472
 C--T-----C-----A-----A-G...-C-T-G-G-----G-----C-----C-----G-----A-----G-----G-----T-----C-----T----- 4471

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



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	GCAACTAGATTGTACACATTAGAAAGAAAAGTTATCCTGGTAGCAGTTCATGTAGCCAGTGGATATATAGAAGCAGAAGTTATCCAGCAGAAACAGGGCAGGAAACAGCATATTTCTTTTAAATTA	4541
A1.KE.00.MSA4069	-----C-----C-----A-T-----C-C-----A-C-----A-A-G-----C--A-A-----	3740
A1.KE.94.Q23_17	---T---C-----G---A-TG-----C-----C-----A-A-G-----C--AC-----	3999
A1.SE.94.SE7253	-----C-----C-----A-T-----C---G---C-----A---G-----C--AC-----	3745
A1.TZ.97.97TZ02	---T---C-----C-----A-T-----C-----C-----A-A-G-----C--A-AC-----	3736
A1.UA.00.98UA0116	---T---C-----C-----A-A-A-----C-----C-----A---G-----C--GC-----	4540
A1.UG.85.U455	---T---C-----C-----A-A-----C-----C-C-----A---G-----C--A-AC-----	3987
A1.UG.92.92UG037	---T---C-----C-----A-T-----C---G-T---C-CG-----A---G-----C--AC---GC--	3908
A2.CD.97.97CDKS10	-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----A-----C--A-A---C--	658
A2.CD.97.97CDKTB48	-----C-----C-----A---G-----C-----C-----C-----C-C---A---G-----C--A-----	3881
A2.CY.94.94CY017_41	-----C-----C-T-----G-----C---G---C-----C-----C-C---A---A-----C--	3898
B.AR.99.ARMA132	---G---C-----C-----C-----T-----C-----A-----C-----C-----	3746
B.AU.95.MBCC54	-----C-----C-----G-----C-----G-----A-T-----C-----C-----	3901
B.BO.99.BOL0122	-----A-----C-----C-----C-----C-----A-----C-----C-----	3761
B.CN.-.RL42	---T---A-----A-----C-----G-----C-----C-----C-----	3928
B.ES.89.S61K15	-----G-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----	4549
B.GA.88.OYI	-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----	4084
B.GB.83.CAM1	---G---A-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----	4543
B.NL.86.3202A21	-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----	4543
B.TH.90.BK132	-----G-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----	3892
B.US.83.RF	-----C-----A-----C-----C-----A-----C-----C-----C-----	4058
B.US.90.WEAU160	-----G-----A-----C-----C-----G-----A-----C-----C-----C--	4540
C.BR.92.92BR025	---T---A-C-----C-----C-----C-----G---C-----C-----A-----C--A-AC-----	3879
C.BW.00.00BW3891_6	---T---C-----A-----C-C-----C-----C-----G---C-----C-----A-A-A---G-----	3905
C.BW.96.96BW0502	---T---C-----C-----C-----C-----C-----G---C-----C-----CA-AC-----	4034
C.ET.86.ETH2220	---T---G-A-C-----C-----C-----C-----G---C-----C-----A-A-----AC-----	3933
C.IL.98.98IS002	---T---G-G-C-----C-----C-----C-----G---C-----C-----A-A-AC-----	3875
C.IN.95.95IN21068	---T---C-----A-C-----C-----C-----C-----G---C-----C-----A-A-----AC-----	3892
C.IN.99.01IN5655_10	---T---G-A-C-----C-----C-----C-----G---C-----C-----A-A-----AC-----	3922
C.KE.00.KER2010	---T-G-----A-C-----C-----C-----C-----G---C-----C-----A-A-----AC-AC-----	3722
C.MM.99.mIDU101_3	---T---A-C-----C-----C-----C-----G---C-----C-----A-A-G-----C--A-AC-----	3892
C.TZ.97.97TZ04	---T---C-----C-----C-----C-----G---C-----C-----A-A-----AC---C-----	3736
C.TZ.98.98TZ017	---T---C-----A-C-----A-----C-----C-----G---C-----C-----A-----A-----	3895
C.ZA.01.2134MB	---T---C-----A-C-----C-----C-----C-----G---C-----C-----A-----AC-AC-----	3961
C.ZA.97.97ZA003	---T---A-----C-----C-----C-----C-----G---C-----C-----A-A-----AC-----	3857
C.ZM.96.96ZM651	---T---C-----A-C-----C-----C-----C-----G---C-----C-----A-A-----AC-----	3870
D.CD.83.ELI	---T---C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----	4087
D.CD.83.NDK	---T---C-G-----C-----C-----C-----G---A-----C-----C-----	4076
D.CD.85.Z226	---T---C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----	4544
D.CM.01.01CM_0009BBY	---T---C-----C-----C-----C-----C-----A-----C-----C-----	3740
D.KE.01.01KE_NKU3006	---T---C-----C-----C-----C-----T-----C-----C-----C-----G-----G-----	3746
D.TD.99.MN012	---T---C-----A-----C-----C-----C-----G-----C-----C-----C-----G-----	3765
D.UG.94.94UG114	---T---G-----C-----C-----C-----T-----C-----C-----C-----G-----	3896
D.UG.99.99UGA08483	---T---C-----C-----C-----C-----G-----C-----T-----C-----A-C-----G-----	3746
D.UG.99.99UGB21875	---T---C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----G-----G-----	3746
F1.BE.93.VI850	---T---C-----C-G-----C-----T-----AG-C-----C-----A-----C-----CA-A-----G-----	3881
F1.BR.93.93BR020_1	---T---C-----A-----C-----C-----T-----G-CC-----C-----C-----C-----AC-----G-----	3869
F1.FI.93.FIN9363	---T---A-----C-----C-----T-----C-----C-----C-----C-----CA-AC-----G-----	3870
F1.FR.96.MP411	---T---A-----A-----C-----A-----T-----C-----C-----C-----CA-AC-----G-----	3743
F2.CM.02.02CM_0016BBY	---T---A-----C-----C-----T-----C-----C-----G-----A-----C-----CA-A-----G-----	3731
F2.CM.95.MP255	---T---A-----C-----C-----T-----C-----C-----C-----A-----C-----CA-CC-----G-----	3737
F2.CM.95.MP257	---T---A-----A-----C-----C-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----CA-AC-----G-----	3749
F2.CM.97.CM53657	---T---A-----A-----T-----C-----G-----T-----T-----C-----G-----A-----C-----C-----AC-----G-----	3731
G.BE.96.DRCBL	---T-G-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----C-----A-----	4498
G.CM.01.01CM_4049HAN	---T---C-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----	3743
G.FI.93.HH8793_12_1	---T---A-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----A-----G-----C-----CA-AC-----	3941
G.NG.92.92NG083	---T---A-----A-A-----C-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----C-----A-----	3910
G.SE.93.SE6165	---T---A-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----A-----C-----A-----A-----	3938
H.BE.93.VI991	---T---C-----A-----T-----C-----C-----C-----C-----A-----C-----A-A-G-----C--	3930
H.BE.93.VI997	---T---C-----C-----T-----C-----C-----C-----S-C-----C-----C-----A-----A-----G-----C--	3865
H.CF.90.056	---T---C-----G-----C-----T-----C-----C-----C-----C-----AA-----C-----C-----G-----G-----C--	3888
J.SE.93.SE7887	---T---C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----T-----A-----	3855
J.SE.94.SE7022	---T---C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----A-----G-----T-----A-----	3856
K.CD.97.EQTB11C	---GT---A-----A-----T-----C-----C-----C-----G-----A-----C-----C-----CA-AC-----	3738
K.CM.96.MP535	---T---A-----C-----T-----C-----C-----C-----G-----A-----A-----C-----C-----A-AC-----	3737



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	GCAGGAAGATGGCCAGTAAAAACAATACATACTGACAATGGCAGCAATTTCCCGGTGCTACGGTTAGGGCCGCCTGTTGGTGGGGCGGGAATCAAGCAGGAATTTGGAATTCCTTACAATCCCCAAAGTC	4671
A1. KE. 00. MSA4069	-----GT-G---C--A-----C-----A-C--G-A---AA--A-----AAAT--C-A-----G-----	3870
A1. KE. 94. Q23_17	-----T-G---C--A-----A-C--G-A---AA--A-----AAAT--C-A-----G-----	4129
A1. SE. 94. SE7253	-----T-G---C--A--T-----A-C--G-AT--AA--A-----AA-T--C-A-----	3875
A1. TZ. 97. 97TZ02	-----GT-G---C--A-----T-----A-C--G-A---AA--T-----A--TG--C-A-----G-----	3866
A1. UA. 00. 98UA0116	-----GT-G---C--A--T-----CC-----A-CAGCG-A--A--T-----AAAT--C-A-----G-----	4670
A1. UG. 85. U455	-----GT---C--A-----A-C--G-A---AA--A--T-----AAAT--C-A-----G--C-----	4117
A1. UG. 92. 92UG037	-----GT-G---C--A-----A-C--G-----AA--A-----AAATG-T--A-----T-----	4038
A2. CD. 97. 97CDKS10	-----GT-----GTC-----A--A--A--A--A-----A--G--C-A-----	788
A2. CD. 97. 97CDKTB48	-----GT---A-----GCC-----A--AG-A--A--A-----A-ATG--A-----G-----	4011
A2. CY. 94. 94CY017_41	-----GT---A-----GCC-----T-A--A--A--A-----A--T--C-A--A-----G-----	4028
B. AR. 99. ARMA132	-----GT-A--A--G-----AA-----G-----C-----	3876
B. AU. 95. MBC54	-----A-----T-A--A--A-----A-----G-----C-----C-----	4031
B. BO. 99. BOL0122	-----A-----A-AA-G--C-A-----C-----A-GG-----C-----	3891
B. CN. -. RL42	-----G-----G-----A-----A-AA-T--A-----G-----C-----	4058
B. ES. 89. S61K15	-----A-----A--A-----A-----A-----C-----	4679
B. GA. 88. OYI	-----A-----A--A-----A-----A-----G-----C-----	4214
B. GB. 83. CAM1	-----C-----C--A-----TG-----T-A--A--A-----A-----G-----C-----	4673
B. NL. 86. 3202A21	-----C-----A-----A-----A-----A-----G-----C-----	4673
B. TH. 90. BK132	-----A-----A--A-----A--T-----G-----C--C-----	4022
B. US. 83. RF	-----GT-----A-----A--A-----A-----A-----C-----	4188
B. US. 90. WEAU160	-----A-----A--A-----A-----G-----C-----	4670
C. BR. 92. 92BR025	-----C--GT-----A-----T-----T-A--AA--A--AA--A-----A--T--C-A-----	4009
C. BW. 00. 00BW3891_6	-----C-----T--C--GT--C-----A-----T-----A--AA-G-A--A--A-----A--T--C-A-----	4035
C. BW. 96. 96BW0502	-----C-G-GT-----A-----T-CT-----TA--G-A--A--A-----A--T--C-A-----	4164
C. ET. 86. ETH2220	-----G-----C-GGGT-----A--T-----T--C-----A--AA-G-A--AA--A-----A--T--TC-A-----	4063
C. IL. 98. 98IS002	-----C--GT-----A--T-----CCT-----A--G-A--AA--A-----A--T--C-A-----	4005
C. IN. 95. 95IN21068	-----C--GT-----A-----T--T-----AA--G-A--A--A-----A--T--C-A-----	4022
C. IN. 99. 01IN565_10	-----C--GT-----A-----T--T-----A--G-A--A--A-----A--T--C-A-----	4052
C. KE. 00. KER2010	-----T--GT-----A-----T-----A--G-A--A--A-----A--T--C-A-----	3852
C. MM. 99. mIDU101_3	-----C--GT-----A-----T--T-----A--G-A-C--A--A-----A--T--C-C-----	4022
C. TZ. 97. 97TZ04	-----C--GTGG-----A-----T-----A--AA-G-A--C-A--A-----A--T--C-A-----	3866
C. TZ. 98. 98TZ017	-----C--GT-----C--A--T-----T--T-----TA--G-A--A--A-----A--T--C-A-----	4025
C. ZA. 01. 2134MB	-----C--GTG-----A-----T-----A--AA-G-A--A--A-----A--T--C-A-----C--G-----	4091
C. ZA. 97. 97ZA003	-----C--GT-----A-----T--T-----A--G-A--A--A-----A--T--C-A-----	3987
C. ZM. 96. 96ZM651	-----C--GT-----A-----T-----T--A--G-A--A--A-----A--T--A--A-----A-----	4000
D. CD. 83. ELI	-----GT-G-----A-----A-----G-A--A-----A--T--A-----	4217
D. CD. 83. NDK	-----GT-G-----A--T-----A-----A-----A-----A--G-----A-----	4206
D. CD. 85. Z226	-----T-G-----A-----A-----G-A--A--T-----A--T--T--A-----	4674
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	-----GT-G-----A-----T-----T-----A--G-T--A-----A--T-----C-----C-----	3870
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	-----G-----GT-G-----A-----C-----T-----A--C--G-A--A-----A--C--T-----	3876
D. TD. 99. MN012	-----GT-G-G-----A-----T-----TA-----G-C--A-----A--T--T-----C-----	3895
D. UG. 94. 94UG114	-----GT-G-----A--T-----A--C--G-A--A--A-----A--T-----	4026
D. UG. 99. 99UGA08483	-----T-G---C--A-----A--C--G-A--AA-----A--CG-----	3876
D. UG. 99. 99UGB21875	-----G-----A-----A--C--G-----A-----A--C-----A-----	3876
F1. BE. 93. VI850	-----T-----A-----A-----CG-----A--AT-----A--T--C-A-----C-----	4011
F1. BR. 93. 93BR020_1	-----A-----A-----C-----A--C-----A--A--T-----A--T--C-----T-----C-----	3999
F1. FI. 93. FIN9363	-----TG-----A-----A-----CG-----A--A-----A--T--C-----T-----C-----	4000
F1. FR. 96. MP411	-----T-----A-----T-----A--AG-G-A--A-----A--T--AC-----	3873
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	-----T-----A-----A--A--GT-----A--A-----A--T--C-A-----	3861
F2. CM. 95. MP255	-----G--T-----A-----A--A--GT-----A--A-----A--T--C-----G-----	3867
F2. CM. 95. MP257	-----T-----A-----A-----T-----A--A--GT-----A--A-----A--T--C-----	3879
F2. CM. 97. CM53657	-----T-----A--T-----A--A--GT-----A--A-----A--T--C-----T-----	3861
G. BE. 96. DRCBL	-----G-----T-----A-----AA-C-----T-----A--G-A--A--A--A-----A--C-----CA-----C-----	4628
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	-----GGT-----C--A-----TA-----G-A--A--A-----AAAT--CA-----C-----	3873
G. FI. 93. HH8793_12_1	-----G-----G--GT-----A-----A--G-A--A--A--G--C-----A--AT--T--CA--A-----C-----	4071
G. NG. 92. 92NG083	-----G-----GTG-----A-----TCC-----T-A-----G-A--A--A-----AAAT--CA-----C-----	4040
G. SE. 93. SE6165	-----G-----C--GT-----A--T-----A-----G-A--A--A-----AAAT--CA-----C-----	4068
H. BE. 93. VI991	-----C-----TG-----A-----C-----AA--G-----A-----A--AT--C-C-----C-----	4060
H. BE. 93. VI997	-----C-----TG-----A-----C-----AA--A--G-----A-----A--AT--C-A-----C-----	3995
H. CF. 90. 056	-----A--C-----GT-----A-----G-----GA-----G-----A-----A--AT--C-A-----G-----	4018
J. SE. 93. SE7887	-----C-----GT-----A-----C-----A--G-G-T--G-A--A-----A--AT-----	3985
J. SE. 94. SE7022	-----CG-----G-----A--T-----C-----A--G-G-T--G-A--A-----A--AT-----	3986
K. CD. 97. EQTB11C	-----G--GT-----A-----A-----GTA-----A--A-----A--AT-----C-----	3868
K. CM. 96. MP535	-----GT-----A-----C-----A--CA--GT-----A--A-----A--TG-----C-----	3867





B. FR. 83. HXB2

01_AE.CF.90.90CF4071	GCAGGAAGATGGCCAGTAAAAACAATACATACTGACAATGGCAGCAATTTCCCGGTGCTACGGTTAGGGCCGCTGTTGGTGGGGCGGAATCAAGCAGGAATTTGGAATTCCTTACAATCCCCAAAGTC	4671
01_AE.JP.93.93JP_NH1	-----GGT-----C-A-----T-----A-----A-----AA-A-----CAATG-C-A-----G-----	4607
01_AE.TH.90.CM240	-----GT-----C-A-----C-T-----A-C-G-A-----AA-A-----CAATG-CGA-----G-C-----	4673
01_AE.TH.93.93TH9021	-----GT-----C-A-----C-T-----A-C-G-A-----AA-A-----CAATG-C-A-----G-C-----	4245
02_AG.CM.02.02CM_1677LE	-----G-GT-----C-A-----T-----A-----G-A-A-A-----A-A-----AAATG-CA-A-----C-----	3867
02_AG.CM.97.97CM_MP807	-----G-GT-----C-A-----T-----A-----G-A-A-A-----A-A-----AAATG-CA-A-----C-----	3827
02_AG.FR.91.DJ264	-----G-GT-----C-A-----T-----A-----G-A-A-A-----A-A-----AAATG-CA-A-----C-----	4020
02_AG.NG.-.IBNG	-----G-GT-----C-A-----T-----A-----G-A-A-A-----G-A-----AAATG-CA-A-----C-----	4196
02_AG.SE.94.SE7812	-----G-GT-----C-A-----T-----A-----G-A-A-A-----A-A-----AAATG-CA-A-----C-----	4043
03_AB.BY.00.98BY10443	-----T-----A-----T-----A-A-G-----A-----T-----A-G-----C-----	4674
03_AB.RU.97.KAL153_2	-----T-----A-----T-----A-A-G-----A-----T-----A-G-----C-----	3897
03_AB.RU.98.RU98001	-----GT-----A-----T-----A-A-G-----A-----T-----A-G-----C-----	4041
04_cpx.CY.94.CY032	-----G---TG-----G-A-----C---CC-----A-----G-----A---A-----A-AT---C-----C-----	4037
04_cpx.GR.91.97PVCH	-----T-----A-----C---CC-----A-----G-----A---A-----A-ATG-C-A-----C-----	4688
04_cpx.GR.97.97PVMY	-----T-----A-----TC-----A-----G-----A---A-----AAAT---C-A-----G-----C-----	4685
05_DF.BE.-.VI1310	-----TG-----A-T-----CC-----A---G-G-----A---A-----A-T---C---A-----	4053
05_DF.BE.93.VI961	-----TGG-----A-T-----CC-----A---G-A-----A---T-----A-----	4027
05_DF.ES.99.X492	-----GGG-----A-T-----CC-----A---A-G-A-----A---T-----A-----	4024
06_cpx.AU.96.BFP90	-----GTG-----C-A-----T-----A-----G-A-----AA-A-----AAAT---CA-A-----T-----	4699
06_cpx.ML.95.95ML127	-----GTG-----C-A-----T-----A-----G-A-----AA-A-----AAAT---CA-A-----	4688
06_cpx.ML.95.95ML84	-----GTG-----C-A-----T-----A-----A-G-A-----AA-A-----AAATG---CA-A-----	3914
06_cpx.SN.97.97SE1078	-----GTG-C---C-A-----T-----A-----G-A-----G-AA-A-----AAATG---CA-A-----	4730
07_BC.CN.-.CNG1179	-----C---GT-----A-----T-T-----A-A-G-A-----A---A-----A-T---C-A-----	3883
07_BC.CN.97.97CN001	-----T-----C---GT-----A-----T-T-----A-A-G-A-----A---A-----A-T---C-A-----	4003
07_BC.CN.97.CN54	-----C---GT-----A-T-----T-T-----A-A-G-A-----A---A-----A-T---C-A-----	3861
07_BC.CN.98.98CN009	-----C---GT-----A-----T-T-----A-A-G-A-----A---A-----A-T---C-A-----	4003
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	-----C---GT-----A-----T-T-----A-----G-A-----A---A-----A-T---C-A-----	3851
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	-----C---GT-----A-----T-T-----A-----G-A-----A---A-----A-T---C-A-----	3857
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	-----C---GT-----A-----T-T-----A-----G-A-----A---A-----A-T---C-A-----	3851
08_BC.CN.98.98CN006	-----C---GT-----A-----T-T-----A-A-G-A-----A---A-----A-T---C-A-----	4003
09_cpx.GH.96.96GH2911	-----GTG-----C-G-----T-----A-----G-A-A-A-----A-A-----AAATG---CA-A-----C-----	3873
09_cpx.SN.95.95SN1795	-----GT-----C-A-----T-----A-----G-A-AA-A-----A-A-----AAAT---CA-A-----G-C-----	3873
09_cpx.SN.95.95SN7808	-----GT-----C-A-----T-----TA-----G-A-A-A-----A-A-----AAAT---CC-A-----C-----	3861
09_cpx.US.99.99DE4057	-----GT-----C-A-----T-----A-A-G-CA-A-----A-A-----AAAT---CA-A-----C-----	3855
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	-----GT-G-----A-----T-----A-C-G-A-----A-----A-C-----	4050
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	-----GT-G-----A-----T-----A-C-CG-A-----A-----A-C-----	4048
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	-----GT-G-----A-----T-----A-C-G-A-----A-----A-C-----	4039
11_cpx.CM.02.02CM_4118STN	-----GT-----A-T-----T-----A-CAG---A---AA-A-----AAAT---C-A-----G-----	3873
11_cpx.CM.96.4496	-----GT-----A-T-----C-----A-C-G-A-----AA-A-----AAAT---A-----G-----	4031
11_cpx.FR.99.MP1298	-----TG-----A-----T-----A-C-G-A-----AA-A-----AAAT---C-A-----G-----	4665
11_cpx.GR.-.GR17	-----GT-----A-T-----T-----A-CAA-G-A-----AA-A-----A-T---C-A-----G-----	3973
12_BF.AR.97.A32989	-----T-----A-----AAC-----C-----A-----A-----A-----T---C-----C-----	4223
12_BF.AR.99.ARMA159	-----A-----A-----CC-----T-A-C-T-----A-----A-----A-----T---C-A-----C-----	4676
12_BF.UY.99.URTR23	-----A-----A-----T-----C-----G-A-----CG-----A-----A-----A-----T---C-----G-----C-----	4697
12_BF.UY.99.URTR35	-----G-----A-----A-----CC-----G-A-----G-A-----A-----A-----A-----TG-C-----	4694
13_cpx.CM.02.02CM_3226MN	-----G---GT-----C-A-----T-----T-AA-----G-A-A-AA-A-----A-A-----AAAT---CA-A-----T-----	3897
13_cpx.CM.96.1849	-----GT-----C-A-----T-----T-A-----G-A-A-AA-A-----A-A-----AAAT---CA-A-----T-----	4076
13_cpx.CM.96.4164	-----GT-----C-A-----G-----T-T-A-----G-A-A-AA-A-----A-A-----AAAC---CA-A-----T-----	4073
14_BG.ES.00.X475	-----G-----G-----TR-----A-T-----T-----A-----G-A-A-A-----A-A-----AAAT---CA-A-----C-----	4109
14_BG.ES.00.X477	-----G-----G-----T-----A-----T-----A-----G-A-A-A-----A-A-----AAAT---CA-A-----C-----	4112
14_BG.ES.00.X623	-----G-----G-----T-----A-----T-----A-----AG-G-A-A-A-----A-A-----AAAT---CA-A-----C-----	4111
14_BG.ES.99.X397	-----G-----G-----T-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----AAAT---CA-A-----C-----	4112
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	-----GT-----C-A-----C-T-----A-C-G-A-----AA-A-----CAATG-C-A-----G-C-----	3903
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	-----G---GT-----C-A-----C-T-----A-C-G-A-----AA-A-----CAATG-CGA-----G-C-----	3892
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	-----GT-----C-A-----C-T-----A-C-G-AA-G-AA-A-----CAATG-CGA-----T-GGA-----	4070
15_01B.TH.99.99TH_R2399	-----GT-----C-A-----C-T-----A-C-G-A-----AA-A-----CAATG-C-A-----G-C-T-----	4026
16_A2D.KE.00.KISII5009	-----G---GT-----A-----A-GCC-----A-----A-A-----A-----A-----A-----TG-C-A-----A-G-----	3846
16_A2D.KR.97.97KR004	-----GT-----A-----A-GCC-----T-A-----AC-A-----A-----A-----TG-C-A-----G-----	4034
N.CM.-.YBF106	-----T-----GTT-----C-----T-----ACC-----T-TTA-----C-T-A-AA-A-----A-----T-----A-----C-G-A-----T-----	4263
N.CM.95.YBF30	-----T-----GTT-----C-----T-----ATC-----T-TA-----C-T-A-AA-A-----A-----T-----A-----G-A-----T-----	4265
O.BE.87.ANT70	-----T-C-----T-T---GT-----A-----C-GCCT-----T-AA-A-A-----TA-G-A-----T-A-----CAAC-AC-A-----T-G-----A-A-T-----A-----	4726
O.CM.-.96CMABB009	-----C-----T-T---GT-----A-----C-GCCT-----T-AA-----AG-CA-G-AA-T-A-----C-----A-A-C-AC-A-----T-G-----A-A-T-----C-A-----	4144
O.CM.91.MVP5180	-----C-----T-T---GT-----A-----C-GCCT-----T-AA-----AG-CA-G-AA-T-A-----A-A-C-AC-A-----T-G-----G-A-A-T-----A-----	4701
O.SN.99.SEMP1299	-----T-C-----T-T---GGT-----A-----C-GCCT-----T-AA-----AG-CA-G-A-----T-A-----CAAC-A-A-----T-G-----A-A-T-----A-----	4725
CPZ.CD.-.ANT	-----CA-C-----T-----C-----AGCT-----AA-----AG-A-A-AA-G-A-----TAAT---C-A-----A-A-----A-----	4110
CPZ.CM.98.CAM5	-----T-----GT-----T-----G-CCT-C-T---TA---AAC-A-C-AA-A-----T---C---C-A-----G-----C-----A-----	4373
CPZ.GA.-.CPZGAB	-----T-----T-----T---C-A---T-----GCCA-----T-AA-----G-A-C-A-----T-----A-AC-----A-----A-----T-----A-----G-----	4732
CPZ.US.85.CPZUS	-----T-----T-----GTG-----T-----ATCT-C-T---AA-AG-----A-----A-A-T-C-----A-C-AC-A-A-G-----A-----A-----	4731
Pol p31 Integrase	A G R W P V K T I H T D N G S N F T G A T V R A A C W W A G I K Q E F G I P Y N P Q S	Pol



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	AAGGAGTAGTAGAATCTATGAATAAAGAATTAAAGAAAATTATAGGACAGGTAAGAGATCAGGCTGAACATCTTAAGACAGCAGTACAAATGGCAGTATTTCATCCACAATTTTAAAGAAAAGGGGGGAT	4801
A1. KE. 00. MSA4069	-----G--G-----G-----C-----A--A-----C--A-----C-----T-----T-----	4000
A1. KE. 94. Q23_17	-----G-----G-----C--G--A-----G--A-----C--A-----T-----T-----	4259
A1. SE. 94. SE7253	-----G-----G-----C--G--A-----G--A-----C-----T-----T-----	4005
A1. TZ. 97. 97TZ02	-----G-----G-----C--A-----A-----C--A-----T-----T-----	3996
A1. UA. 00. 98UA0116	-----G--G-----G-----C--G--A-----G--A-----C-----T-----T-----	4800
A1. UG. 85. U455	-----G--C-----C--G-----C--G-----G--A-----C-----T-----T-----	4247
A1. UG. 92. 92UG037	-----G-----G-----C--G-----G--G--A-----G-----T-----T-----	4168
A2. CD. 97. 97CDKS10	-----G-----C-----C--G--A-----C--A-----C-----G-----G-----	918
A2. CD. 97. 97CDKTB48	-----G-----C-----C--G--A-----C-----G-----G-----T-----T-----	4141
A2. CY. 94. 94CY017_41	-----G-----C-----C--G--A-----C-----G-----G-----T-----T-----	4158
B. AR. 99. ARMA132	-----T-----T-----T-----A-----A-----C-----G-----G-----	4006
B. AU. 95. MBCC54	-----T-----T-----T-----A-----A-----C-----G-----G-----	4161
B. BO. 99. BOL0122	-----T-----T-----T-----A-----A-----C-----G-----G-----	4021
B. CN. -. RL42	-----C-----G-----G-----A-----A-----C-----G-----G-----	4188
B. ES. 89. S61K15	-----A-----T-----T-----A-----A-----C-----G-----G-----	4809
B. GA. 88. OYI	-----T-----T-----T-----A-----A-----C-----G-----G-----	4344
B. GB. 83. CAM1	-----T-----T-----T-----A-----A-----C-----G-----G-----	4803
B. NL. 86. 3202A21	-----G-----G-----G-----A-----A-----C-----G-----G-----	4803
B. TH. 90. BK132	-----A-----C-----C-----A-----A-----C-----G-----G-----	4152
B. US. 83. RF	-----GA-----C-----C-----A-----A-----C-----G-----G-----	4318
B. US. 90. WEAU160	-----GA-----C-----C-----A-----A-----C-----G-----G-----	4800
C. BR. 92. 92BR025	-G-----A-----C-----C-----G-----G-----A--G--C-----T-----T-----	4138
C. BW. 00. 00BW3891_6	-G-----C-----C-----C-----G-----G-----A--G--C-----T-----T-----	4165
C. BW. 96. 96BW0502	-G-----C-----C-----C-----G-----G-----A--G--C-----T-----T-----	4294
C. ET. 86. ETH2220	-G-----C-----C-----C-----G-----G-----A--G--C-----T-----T-----	4193
C. IL. 98. 98IS002	-G-----C-----C-----C-----G-----G-----A--G--C-----T-----T-----	4135
C. IN. 95. 95IN21068	-G-----C-----C-----C-----G-----G-----A--G--C-----T-----T-----	4152
C. IN. 99. 01IN565_10	-G-----C-----C-----C-----G-----G-----A--G--C-----T-----T-----	4182
C. KE. 00. KER2010	-G-----C-----C-----C-----G-----G-----A--G--C-----T-----T-----	3982
C. MM. 99. mIDU101_3	-G-----C-----C-----C-----G-----G-----A--G--C-----T-----T-----	4152
C. TZ. 97. 97TZ04	-G-----C-----C-----C-----G-----G-----A--G--C-----T-----T-----	3996
C. TZ. 98. 98TZ017	-G-----C-----C-----C-----G-----G-----A--G--C-----T-----T-----	4155
C. ZA. 01. 2134MB	-G-----C-----C-----C-----G-----G-----A--G--C-----T-----T-----	4221
C. ZA. 97. 97ZA003	-G-----C-----C-----C-----G-----G-----A--G--C-----T-----T-----	4117
C. ZM. 96. 96ZM651	-G-----C-----C-----C-----G-----G-----A--G--C-----T-----T-----	4130
D. CD. 83. ELI	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G--A-----	4347
D. CD. 83. NDK	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G--A-----	4336
D. CD. 85. Z2Z6	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----T-----	4804
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----	4000
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----T-----	4006
D. TD. 99. MN012	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----T-----	4025
D. UG. 94. 94UG114	-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----T-----	4156
D. UG. 99. 99UGA08483	-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----T-----	4006
D. UG. 99. 99UGB21875	-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----T-----	4006
F1. BE. 93. VI850	-----A-----G-----A--G--C-----A-----A-----G-----T-----T-----	4141
F1. BR. 93. 93BR020_1	-----GC-----GC-----C-----A-----A-----C-----T-----T-----	4129
F1. FI. 93. FIN9363	-----A-----GC-----G--C-----A-----A-----C-----T-----T-----	4130
F1. FR. 96. MP411	-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----G-----T-----T-----	4003
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----	3991
F2. CM. 95. MP255	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----	3997
F2. CM. 95. MP257	-----C-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----	4009
F2. CM. 97. CM53657	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----	3991
G. BE. 96. DRCBL	-----G-----G-----G-----C-----C--G--A-----G-----T-----T-----	4758
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	-----G-----G-----G-----C--C--CG--T--G--A-----C-----G-----T-----T-----	4003
G. FI. 93. HH8793_12_1	-----G-----G-----G-----C--C--G--C--G--A-----C-----T-----T-----	4201
G. NG. 92. 92NG083	-----G-----G-----G-----C--C--G--TG--A-----G-----T-----T-----	4170
G. SE. 93. SE6165	-----G-----G-----G-----C--C--G--C--G--A-----G-----T-----T-----	4198
H. BE. 93. VI991	-G-----C-----C-----G--C--G-----C--A-----C--G-----T-----T-----	4190
H. BE. 93. VI997	-G-----G-----G-----A--G--C-----C--A-----C--G-----T-----T-----	4125
H. CF. 90. 056	-G-----C-----C-----G--C--G-----C--A--A-----C-----T-----T-----	4148
J. SE. 93. SE7887	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----	4115
J. SE. 94. SE7022	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----	4116
K. CD. 97. EQTB11C	-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----T-----	3998
K. CM. 96. MP535	-----C-----G-----G-----G-----G-----C--A-----T-----T-----	3997



B. FR. 83. HXB2	AAGGAGTAGTAGAATCTATGAATAAAGAAATTAAGAAAATTATAGGACAGGTAAGAGATCAGGCTGAACATCTTAAGACAGCAGTACAAATGGCAGTATTCATCCACAATTTTAAAAGAAAAGGGGGGAT	4801
01_AE.CF.90.90CF4071	-----G-----G-----C-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----T-----	4737
01_AE.JP.93.93JP_NH1	-----G-----G-----C-----G-----G-----A-----C-----C-----T-----T-----	4803
01_AE.TH.90.CM240	-----G-----G-----C-----G-----G-----A-----C-----A-----T-----T-----	4375
01_AE.TH.93.93TH9021	-----G-----G-----C-----G-----A-----G-----A-----C-----T-----T-----	4815
02_AG.CM.02.02CM_1677LE	-----G-----C-----G-----C-----G-----A-----C-----G-----G-----T-----T-----	3997
02_AG.CM.97.97CM_MP807	-----G-----G-----G-----C-----G-----A-----C-----C-----G-----T-----T-----	3957
02_AG.FR.91.DJ264	-----G-----G-----C-----G-----C-----G-----A-----C-----G-----T-----T-----	4150
02_AG.NG.-.IBNG	-----G-----G-----C-----C-----A-----C-----C-----C-----T-----T-----	4326
02_AG.SE.94.SE7812	-----G-----G-----G-----C-----G-----A-----C-----G-----G-----GC-----T-----G-----	4173
03_AB.BY.00.98BY10443	-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	4804
03_AB.RU.97.KAL153_2	-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----	4027
03_AB.RU.98.RU9800I	-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	4171
04_cpx.CY.94.CY032	-----G-----G-----C-----G-----C-----G-----A-----C-----G-----G-----T-----T-----	4167
04_cpx.GR.91.97PVCH	-----G-----G-----C-----AAG-----C-----G-----A-----C-----G-----G-----T-----T-----	4818
04_cpx.GR.97.97PVMY	-----G-----G-----G-----C-----G-----C-----A-----C-----C-----T-----T-----	4815
05_DF.BE.-.VI1310	-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	4183
05_DF.BE.93.VI961	-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	4157
05_DF.ES.99.X492	-----G-----A-----T-----G-----A-----G-----G-----G-----G-----T-----T-----	4154
06_cpx.AU.96.BFP90	-----G-----G-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	4829
06_cpx.ML.95.95ML127	-----G-----G-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----C-----T-----T-----	4818
06_cpx.ML.95.95ML84	-----G-----G-----C-----G-----C-----A-----C-----C-----C-----T-----T-----	4044
06_cpx.SN.97.97SE1078	-----GA-----G-----G-----C-----G-----AA-----C-----A-----C-----A-----T-----T-----	4860
07_BC.CN.-.CNG1179	-G-----C-----A-----G-----A-----G-----C-----C-----T-----T-----	4013
07_BC.CN.97.97CN001	-G-----G-----G-----G-----A-----G-----C-----C-----T-----T-----	4133
07_BC.CN.97.CN54	-G-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----C-----T-----T-----	3991
07_BC.CN.98.98CN009	-G-----C-----C-----G-----A-----G-----C-----C-----T-----T-----	4133
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	-G-----C-----G-----C-----G-----A-----G-----C-----C-----T-----T-----	3981
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	-G-----C-----G-----C-----G-----A-----G-----C-----C-----T-----T-----	3987
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	-G-----C-----G-----C-----G-----A-----G-----C-----C-----T-----T-----	3981
08_BC.CN.98.98CN006	-G-----C-----C-----C-----G-----A-----C-----C-----T-----T-----	4133
09_cpx.GH.96.96GH2911	-----G-----G-----C-----G-----C-----G-----A-----C-----G-----G-----T-----T-----	4003
09_cpx.SN.95.95SN1795	-----G-----G-----C-----G-----C-----G-----A-----C-----G-----G-----T-----T-----	4003
09_cpx.SN.95.95SN7808	-----G-----G-----C-----C-----G-----A-----C-----C-----G-----T-----T-----	3991
09_cpx.US.99.99DE4057	-----G-----G-----C-----G-----C-----G-----A-----C-----C-----G-----T-----T-----	3985
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	-G-----C-----C-----C-----A-----G-----A-----A-----T-----T-----	4180
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	-G-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----	4178
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	-G-----C-----G-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----	4169
11_cpx.CM.02.02CM_4118STN	-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----T-----T-----	4003
11_cpx.CM.96.4496	-----G-----G-----G-----C-----G-----G-----A-----C-----G-----T-----T-----	4161
11_cpx.FR.99.MP1298	-----G-----G-----C-----G-----C-----G-----A-----G-----C-----T-----T-----	4795
11_cpx.GR.-.GR17	-----G-----G-----G-----G-----C-----G-----A-----A-----G-----G-----T-----T-----	4103
12_BF.AR.97.A32989	-----GC-----C-----A-----C-----G-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----	4353
12_BF.AR.99.ARMA159	-G-----GC-----A-----G-----C-----A-----C-----A-----A-----G-----T-----T-----	4806
12_BF.UY.99.URTR23	-----GC-----C-----AA-----G-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----	4827
12_BF.UY.99.URTR35	-----GC-----G-----CAC-----A-----G-----A-----A-----A-----T-----T-----	4824
13_cpx.CM.02.02CM_3226MN	-----G-----G-----C-----G-----C-----G-----A-----C-----C-----T-----T-----	4027
13_cpx.CM.96.1849	-----G-----G-----C-----G-----C-----G-----G-----A-----C-----T-----T-----	4206
13_cpx.CM.96.4164	-----G-----G-----C-----G-----C-----G-----A-----C-----C-----T-----T-----	4203
14_BG.ES.00.X475	-----G-----G-----C-----C-----G-----C-----G-----A-----C-----G-----T-----T-----	4239
14_BG.ES.00.X477	-----G-----G-----C-----C-----G-----C-----G-----A-----C-----G-----T-----T-----	4242
14_BG.ES.00.X623	-----G-----G-----A-----C-----CACG-----C-----G-----A-----C-----G-----T-----T-----	4241
14_BG.ES.99.X397	-----G-----G-----C-----C-----G-----C-----G-----A-----C-----C-----T-----T-----	4242
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	-----G-----G-----C-----G-----A-----G-----A-----C-----T-----T-----	4033
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	-----G-----G-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----T-----T-----	4022
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	-----T-----G-----C-----G-----AA-----G-----A-----C-----C-----T-----T-----	4200
15_01B.TH.99.99TH_R2399	-----C-----G-----G-----G-----A-----C-----C-----C-----T-----T-----	4156
16_A2D.KE.00.KISII5009	--A-----G-----A-----C-----G-----G-----A-----C-----C-----T-----T-----	3976
16_A2D.KR.97.97KR004	-----G-----G-----G-----C-----G-----A-----A-----A-----C-----C-----G-----T-----T-----	4164
N.CM.-.YBF106	-G-----C-----G-----C-----AA-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----T-----	4393
N.CM.95.YBF30	-G-----C-----G-----C-----AA-----C-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----T-----	4395
O.BE.87.ANT70	-----G-----C-----G-----ATC-----CAG-----G-----G-----C-----A-----A-----CT-----A-----GA-----TG-----T-----	4856
O.CM.-.96CMABB009	-----G-----C-----G-----ATC-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----R-----CT-----A-----TG-----T-----	4274
O.CM.91.MVP5180	-----G-----C-----G-----ATCT-----CAG-----G-----G-----C-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----C-----TG-----T-----	4831
O.SN.99.SEMP1299	-----GG-----C-----G-----ATC-----CAG-----G-----G-----C-----A-----A-----CT-----A-----A-----TG-----G-----A-----	4855
CPZ.CD.-.ANT	-----G-----C-----C-----G-----C-----AA-----T-----C-----A-----A-----AT-----A-----GT-----GCA-----T-----	4240
CPZ.CM.98.CAM5	-----G-----C-----C-----A-----T-----C-----A-----A-----G-----G-----A-----T-----C-----C-----T-----	4503
CPZ.GA.-.CPZGAB	-----G-----CT-----A-----GC-----A-----T-----G-----A-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----T-----	4862
CPZ.US.85.CPZUS	-----G-----C-----C-----AA-----C-----G-----A-----A-----G-----T-----A-----T-----G-----T-----	4861
Pol p31 Integrase	Q G V V E S M N K E L K K I I G Q V R D Q A E H L K T A V Q M A V F I H N F K R K G G I Pol	



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	TGGGGGGTACAGTGCAGGGGAAAGAAATAGTAGACATAATAGCAACAGACATACAAACTAAAGAATTACAAAAACAAATTACAAAA...ATTCAAATTTTCGGGTTTATTACAGGGACAGCAGAAATCCA	4928
A1.KE.00.MSA4069	-----A-----	4127
A1.KE.94.Q23_17	-----C-----	4386
A1.SE.94.SE7253	-----A-----	4132
A1.TZ.97.97TZ02	-----T-----	4123
A1.UA.00.98UA0116	-----T-----	4927
A1.UG.85.U455	-----T-----	4374
A1.UG.92.92UG037	-----T-----	4295
A2.CD.97.97CDKS10	-----T-----	1045
A2.CD.97.97CDKTB48	-----T-----	4268
A2.CY.94.94CY017_41	-----T-----	4285
B.AR.99.ARMA132	-----A-----	4133
B.AU.95.MBCC54	-----G-----	4288
B.BO.99.BOL0122	-----G-----	4148
B.CN.-.RL42	-----G-----	4315
B.ES.89.S61K15	-----C-----	4936
B.GA.88.OYI	-----C-----	4471
B.GB.83.CAM1	-----A-----	4930
B.NL.86.3202A21	-----G-----	4930
B.TH.90.BK132	-----G-----	4279
B.US.83.RF	-----G-----	4445
B.US.90.WEAU160	-----G-----	4927
C.BR.92.92BR025	-----A-----	4265
C.BW.00.00BW3891_6	-----G-----	4292
C.BW.96.96BW0502	-----A-----	4421
C.ET.86.ETH2220	-----A-----	4320
C.IL.98.98IS002	-----A-----	4262
C.IN.95.95IN21068	-----A-----	4279
C.IN.99.01IN565_10	-----A-----	4309
C.KE.00.KER2010	-----A-----	4109
C.MM.99.mIDU101_3	-----A-----	4279
C.TZ.97.97TZ04	-----T-----	4123
C.TZ.98.98TZ017	-----A-----	4282
C.ZA.01.2134MB	-----A-----	4348
C.ZA.97.97ZA003	-----A-----	4244
C.ZM.96.96ZM651	-----A-----	4257
D.CD.83.ELI	-----A-----	4474
D.CD.83.NDK	-----A-----	4463
D.CD.85.Z226	-----A-----	4931
D.CM.01.01CM_0009BBY	-----G-----	4127
D.KE.01.01KE_NKU3006	-----A-----	4133
D.TD.99.MN012	-----A-----	4152
D.UG.94.94UG114	-----A-----	4283
D.UG.99.99UGA08483	-----A-----	4133
D.UG.99.99UGB21875	-----A-----	4133
F1.BE.93.VI850	-----A-----	4268
F1.BR.93.93BR020_1	-----A-----	4256
F1.FI.93.FIN9363	-----A-----	4257
F1.FR.96.MP411	-----A-----	4130
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----A-----	4118
F2.CM.95.MP255	-----A-----	4124
F2.CM.95.MP257	-----A-----	4136
F2.CM.97.CM53657	-----A-----	4118
G.BE.96.DRCBL	-----A-----	4885
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----A-----	4130
G.FI.93.HH8793_12_1	-----T-----	4328
G.NG.92.92NG083	-----A-----	4297
G.SE.93.SE6165	-----A-----	4325
H.BE.93.VI991	-----C-----	4317
H.BE.93.VI997	-----A-----	4252
H.CF.90.056	-----A-----	4275
J.SE.93.SE7887	-----A-----	4242
J.SE.94.SE7022	-----A-----	4243
K.CD.97.EQTB11C	-----A-----	4125
K.CM.96.MP535	-----A-----	4124



B. FR. 83. HXB2	TGGGGGGTACAGTGCAGGGGAAAGAAATAGTAGACATAATAGCAACAGACATACAACTAAAGAATTACAAAACAAATTACAAAA...ATTCAAATTTTCGGGTTTATTACAGGGACAGCAGAAATCCA	4928
01_AE.CF.90.90CF4071	-----A-----C-----T-----	4864
01_AE.JP.93.93JP_NH1	-----A--T-----	4930
01_AE.TH.90.CM240	-----A-----	4502
01_AE.TH.93.93TH9021	-----A-----	4942
02_AG.CM.02.02CM_1677LE	-----A-----T--T-----C--G--G--T-----	4124
02_AG.CM.97.97CM_MP807	-----A-----T--T-----C-----	4084
02_AG.FR.91.DJ264	-----A-----T--T-----G--C-----G--T-----C-----	4277
02_AG.NG.-.IBNG	-----A-----T--T-----C-----G--T-----	4453
02_AG.SE.94.SE7812	-----A G-----A-----T--T-----C-----G-----	4300
03_AB.BY.00.98BY10443	-----A-----	4931
03_AB.RU.97.KAL153_2	-----A-----	4154
03_AB.RU.98.RU9800I	-----A-----	4298
04_cpx.CY.94.CY032	-----A-----T--T-----C-----	4294
04_cpx.GR.91.97PVCH	-----A-----T--T-----C-----	4945
04_cpx.GR.97.97PVMY	-----A-----T--T-----C--G--T-----A-G-C-----	4942
05_DF.BE.-.VI1310	-----G-----A-----A-----C-T-----	4310
05_DF.BE.93.VI961	-----G-----A-----T-----A-----C-----	4285
05_DF.ES.99.X492	-----A-----	4281
06_cpx.AU.96.BFP90	-----A-----T--T-----C-----T-----	4956
06_cpx.ML.95.95ML127	-----A-----T--T-----C-----	4945
06_cpx.ML.95.95ML84	-----A-----T--T-----C-----	4171
06_cpx.SN.97.97SE1078	-----A-----T--T--C-----C-----G-----	4987
07_BC.CN.-.CNGL179	-----A-----T-----G-----	4140
07_BC.CN.97.97CN001	-----A-----T-----G-----	4260
07_BC.CN.97.CN54	-----A-----T-----G-----	4118
07_BC.CN.98.98CN009	-----A-----T-----G-----	4260
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	-----G-----T-----	4108
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	-----G-----T-----	4114
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	-----G-----T-----	4108
08_BC.CN.98.98CN006	-----G-----T-----	4260
09_cpx.GH.96.96GH2911	-----A-----T--T-----C-----C-----	4130
09_cpx.SN.95.95SN1795	-----A-----T--T-----C-----	4130
09_cpx.SN.95.95SN7808	-----A-----T--T-----C-----C-----T-----	4118
09_cpx.US.99.99DE4057	-----G-----T--T--G-----C-----C-----	4112
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	-----A-----C-----T-----	4307
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	-----A-----G-----C-----T-----	4305
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	-----A-----T-----C-----T-----	4296
11_cpx.CM.02.02CM_4118STN	-----A-----T-----C-----T-----	4130
11_cpx.CM.96.4496	-----A-----T-----Y-----C-----	4288
11_cpx.FR.99.MP1298	-----A-----T-----C-----T-----	4922
11_cpx.GR.-.GR17	-----A-----C-----C-----A-----	4230
12_BF.AR.97.A32989	-----A-----T-----G-----T-----C-----	4480
12_BF.AR.99.ARMA159	-----A-----T-----G-----T-----C-----	4933
12_BF.UY.99.URTR23	-----A-----T-----T-----T-----C-----	4954
12_BF.UY.99.URTR35	-----A-----T-----T-----C-----A-----	4951
13_cpx.CM.02.02CM_3226MN	-----A-----C-----T-----	4154
13_cpx.CM.96.1849	-----A-----T-----C-----T-----	4333
13_cpx.CM.96.4164	-----A-----C-----T-----	4330
14_BG.ES.00.X475	-----A-----T--T-----A--C-----T-----	4366
14_BG.ES.00.X477	-----A-----T--T-----C-----T-----	4369
14_BG.ES.00.X623	-----A-----T--T-----G--C-----T-----	4368
14_BG.ES.99.X397	-----A-----T--T-----A--C-----T-----T-----	4369
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	-----A-----C--T-----	4160
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	-----A-----	4149
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	-----A-----T-----T-C-----C--C-----T-C-----	4324
15_01B.TH.99.99TH_R2399	-----A-----G-----	4283
16_A2D.KE.00.KISII5009	-----A-----A-----T-----C-----G-A-T-----	4103
16_A2D.KR.97.97KR004	-----A-----A-----C-----G-----	4291
N.CM.-.YBF106	-----M-CG-----A-----A-C-A-----C-----TT-----G-----R-----A-----G-----T	4520
N.CM.95.YBF30	-----C-----A-----G-A-C-A-T-----C-----TT-----G-----A-----G-----C	4522
O.BE.87.ANT70	-----C-----A-----G--A-----T-----T--C-A-----A--C-----TT-----N--C--A-----C-----A-----G--C--T	4983
O.CM.-.96CMABB009	-----A-----T--C-----A-----T-----T-----T--C-A-----A--C-----T-----C-----A-----G--C--T	4401
O.CM.91.MVP5180	-----C-----G--C--A-----C-----T--C-A-----A--C-----C-----TT-----CA-C-----C-----A--T-----G--C--T	4958
O.SN.99.SEMP1299	-----C-----A-----G--A-----T-----T--C-A-----A--C-----TT-----A--A--C-----A-----G--T	4982
CPZ.CD.-.ANT	-----CAC-T--AC-G-----T-----C-----G--A--CTC-----T-----TT-----C--A-----C-----T-----G--C--T	4367
CPZ.CM.98.CAM5	-----T--C-----A-----G--TA-----C-----A--CTA--T-----TT-----G-----A-----G-----G-----	4630
CPZ.GA.-.CPZGAB	-----C-----A-----A-----A--GC-----TT-----G-----A-----A-----G-----G-----	4989
CPZ.US.85.CPZUS	-----T--C-----A-----CA-----C-----T--AC-----AG--CTT-----TT-----G-----C-----G-----	4988
Pol p31 Integrase	G G Y S A G E R I V D I I A T D I O T K E L O K Q I T K . I Q N F R V Y Y R D S R N P	Pol



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	CTTTGGAAAGGACCAGCAAAGCTCCTCTGGAAAGGTGAAGGGCAGTAGTAATACAAGATAATAGTGACATAAAAAGTAGTGCCCAAGAAAGAAAAGCAAAGATCATTAGGGATTATGGAAAACAGATGGCAG	5058
A1.KE.00.MSA4069	-----A-A-----G-C-----T--G--A-----A-----	4257
A1.KE.94.Q23_17	-----A-AT-----G-C-----T--G--A-----A-----	4516
A1.SE.94.SE7253	A-----A-A-----G-C-----C-A--T--G--A-----C-----	4262
A1.TZ.97.97TZ02	A-----A-A-----C-G-----T--G--A-C-----T-----A-----C-----	4253
A1.UA.00.98UA0116	A-----A-A-----G-C-----AC-T--G--A-----A-----	5057
A1.UG.85.U455	A-----A-A-----C-AT--G--A-----A-----	4504
A1.UG.92.92UG037	A-----A-A-----G-----C-----T--G--A-----T-----A-----	4425
A2.CD.97.97CDKS10	A-----A-----C-----G--G--A-----	1175
A2.CD.97.97CDKTB48	A-----A-----T-----C-G--T--G--A-----	4398
A2.CY.94.94CY017_41	A-----A-----T-----C-----G--A-----	4415
B.AR.99.ARMA132	A-----A-T-----G-----G-----	4263
B.AU.95.MBCC54	-----T-----	4418
B.BO.99.BOL0122	-----G-----	4278
B.CN.-.RL42	-----T-----	4445
B.ES.89.S61K15	-----T-----A-----A-----G-T-----C-----	4445
B.GA.88.OYI	-----T-----	5066
B.GB.83.CAM1	-----T-----	4601
B.NL.86.3202A21	-----T-----	5060
B.TH.90.BK132	-----T-G-----	4409
B.US.83.RF	-----AC-----T-----	4575
B.US.90.WEAU160	-----T-----	5057
C.BR.92.92BR025	A-----C-A-A-----C-----C-----G--A--G-G--T--A-----A--C-----	4395
C.BW.00.00BW3891_6	A-----C-A-A-----C-----C-----G--A--G-G--T--A-----A--C-----	4422
C.BW.96.96BW0502	A-----C-A-A-----G-----C-----G--A--G-G--T--A-----A--C-----	4551
C.ET.86.ETH2220	A-----C-A-A-----G-----C-----G--A--G-G--T--A-----A--C-----	4450
C.IL.98.98IS002	A-----C-A-A-----C-----T-----G-----	4392
C.IN.95.95IN21068	A-----C-A-A-----G-G--A--G-G--G-----A-----A--C-----	4409
C.IN.99.01IN565_10	A-----C-A-A-----A--A--G-----G-----A-----A--C-----	4439
C.KE.00.KER2010	A-----C-----C-----G--A--G-G--G-----A-----A--C-----	4239
C.MM.99.mIDU101_3	A-----C-A-A-----G--A--G-G--G-----A-----A--C-----	4409
C.TZ.97.97TZ04	A-----C-A-A-----A-----G-----G--A--G-G--T--A-----A--C-----	4253
C.TZ.98.98TZ017	A-----C-----A-----GA--A--GC-G-----A-----A--C-----	4412
C.ZA.01.2134MB	A-----C-A-A-----T-----C-----G--A--G-G--T--A-----A--C-----	4478
C.ZA.97.97ZA003	A-----C-A-A-----G-----C-----G--A--G-G--T--A-----A--C-----	4374
C.ZM.96.96ZM651	A-----C-A-A-----G--A--G-G--G-----A-----A--C-----	4387
D.CD.83.ELI	A-----C-G-----G--A-----T-----T-----	4604
D.CD.83.NDK	A-----T-----C-----G--A-----T-----T-----C-----	4593
D.CD.85.Z226	A-----C-----G--A-----T-----T-----C-----	5061
D.CM.01.01CM_0009BBY	A-----T--T-----G-----C-----G--A-----T-----T-----C-----	4257
D.KE.01.01KE_NKU3006	A-----T-----A-----G-----A-----	4263
D.TD.99.MN012	A-----T-----A-----G-T-----A-----	4282
D.UG.94.94UG114	G-----T-----C-----A--G-----T-----	4413
D.UG.99.99UGA08483	A-----A-T--T-----C-----G--A-----T-----	4263
D.UG.99.99UGB21875	A-----T-----C-----A--G-----T-----	4263
F1.BE.93.VI850	G-----A-----C-----C-----A--GA--A--G-G-----	4398
F1.BR.93.93BR020_1	G-----A-----C-----C-----A--G--T-----	4386
F1.FI.93.FIN9363	G-----A-----C-----C-----A-----	4387
F1.FR.96.MP411	G-----A-----C-----C-----A-----A-----	4260
F2.CM.02.02CM_0016BBY	A-----A-----C-----C--A--A--G--A-----T--A-----	4248
F2.CM.95.MP255	G-----C-----C--A--A-----A-----	4254
F2.CM.95.MP257	G-----A-A-----C-----C--A--A-----A-----	4266
F2.CM.97.CM53657	A-----C-----C--A--A-----A-----A-----	4248
G.BE.96.DRCBL	A-----A-----C--AC--A-----A-----	5015
G.CM.01.01CM_4049HAN	A-C-----G-C--AC--A-----G-----G-----A-----	4260
G.FI.93.HH8793_12_1	G-----A--G-----C--AC--A-----G-----G-----A--T-----A-----	4458
G.NG.92.92NG083	A-----A-----G-C--AC--A-----G-----A-----C--A-----	4427
G.SE.93.SE6165	G-----C-A-A-----C--AC--A-----G-----A-----	4455
H.BE.93.VI991	A-----A-T-----C-----A-----A-----G--A-----	4447
H.BE.93.VI997	A-----A-----C-----A-----A-----G--A-----	4382
H.CF.90.056	A-----A-----C-----A-----A-----G-G--A-----	4405
J.SE.93.SE7887	A-----A-A-C-----G-C-----A--G--A-----A-----	4372
J.SE.94.SE7022	A-----A-G-----C-----A--G--A-----A-----A-----	4373
K.CD.97.EQTB11C	A-----G-----G--A-----T-----	4250
K.CM.96.MP535	A-----A-----C-C--A--G--A-----T-----	4254



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	Pol Integrase ends \		
B.FR.83.HXB2	GTGATGATTGTGGCAAGTAGACAGGATGAGGATTAG . . AACATGGAAAAGTTTAGTAAAACCATATGTATGTTTCAGGGAAAAGCTAGGGGATGGTTTTATAGACATCACTATGAAAGCCCTCATCC		5186
A1.KE.00.MSA4069	-----G-----	-----C-----T-----C--AA-----CAA---GG-----AGA---	4385
A1.KE.94.Q23_17	-C-----G-----	-----C-----T-----C--CAA--A-AAA-G-----AGG---	4644
A1.SE.94.SE7253	-----G-----	-----C-----T-----C--A-----AA-AT-----C-----AGGA---	4390
A1.TZ.97.97TZ02	-----G-----	-----C-----T-----C--AA-----AAAAT-----T-----AGG---	4381
A1.UA.00.98UA0116	-----G-----	-----C-----T-----C--AA-----A-G-----AGG---	5185
A1.UG.85.U455	-----A--G-----A-----	-----C-----T--C-----C--CAA-----CAA-T-----TAGA---T---	4632
A1.UG.92.92UG037	-----G-----	-----C--C-----T-----A-C--C--G-----AA-T-----AGG---	4553
A2.CD.97.97CDKS10	-----G-----	-----C-----T-----A--AA-----AAAAG--C-----TAGA---	1303
A2.CD.97.97CDKTB48	-----G-----	-----C--C-----T-----G--AA-----A-AG--C-----AGA---	4526
A2.CY.94.94CY017_41	-----G-----	-----C-----T-----A--A-----AA-T--G-C--A-----AGAA---	4543
B.AR.99.ARMA132	-----G-----	-----A-----AAA-G--AA-----A-----AG---	4391
B.AU.95.MBCC54	-----G-----	-----A-----AA-----C-----A-----A-----AG---	4546
B.BO.99.BOL0122	-----A-----	-----A--AA-----A--G-----A--T-----AG---	4406
B.CN.-.RL42	-----A-----	-----C-----A-----A-----A-----T-----AG---	4573
B.ES.89.S61K15	-----A-----	-----A-----AA-----A-----A-----AG---	5194
B.GA.88.OYI	-----A-----	-----A-----AA-----A-----A-----AG---	4729
B.GB.83.CAM1	-----C--G-----	-----A-----A-AA--C-----C-----AG---	5188
B.NL.86.3202A21	-G-----	-----AAG--AA--GA-A-----C-----TA-----AG---	5188
B.TH.90.BK132	-----A-----	-----A-----AA-----G-----C-----AT-----AG---	4537
B.US.83.RF	-----A-----	-----A-----A-----A-----C-----AG---	4703
B.US.90.WEAU160	-----A-----	-----A--AA-----A-----C-----C-----AG---	5185
C.BR.92.92BR025	--C-----A-----A-----	-----T--A--G--C-----A--G--T--A-----T-----AGA---	4523
C.BW.00.00BW3891_6	-----G-----A-----	-----C-----G-----AA-----AT-----C-----T-----AGA---	4550
C.BW.96.96BW0502	--C-----G--G-----AA-----	-----T-----C--A--AAA-G--A-----C-----T-----AGA---	4679
C.ET.86.ETH2220	--C-----G-----A-----	-----T-----G-----C--A--A--G-----AT--G-----T-----C-----AGA---	4578
C.IL.98.98IS002	-----A--C-----	-----T-----G-----CA--AA--G--A-----C-----G-----AG---	4520
C.IN.95.95IN21068	-----G-----A-----	-----T--C-----A--G-----AT-----C-----T-----AG---	4537
C.IN.99.01IN565_10	-----G-----A-----	-----T-----G-----A--A--G-----A-----C--G-----T-----C--TGGA---	4567
C.KE.00.KER2010	-----G-----A-----	-----T-----G-----C--A--A--G-----T--G-----C-----T--T-----AG---	4367
C.MM.99.mIDU101_3	-----G-----A-----	-----T-----A--C--A--G-----A-----C-----T-----C-----AG---	4537
C.TZ.97.97TZ04	-----G-----A-----	-----T-----G-----A--A--G-----A-----C-----C--T-----AG---	4381
C.TZ.98.98TZ017	-----G-----A--C-----	-----T-----G-----A--A--A-----A-----C--C--G-----T-----AGAA---	4540
C.ZA.01.2134MB	-----G-----A-----	-----T-----G-----A-----AA-----T-----C-----T-----AG---	4606
C.ZA.97.97ZA003	-C-C-----G-----A--AA-----G-----	-----T-----G-----C--G-----T-----C-----T-----AG---	4502
C.ZM.96.96ZM651	-C-C-----G-----	-----T-----G-----A--C-----A--T-----C-----T-----AG---	4515
D.CD.83.ELI	-----A-----	-----AA-----ACA-----C-----C-----AG---	4732
D.CD.83.NDK	-----A--C-----	-----T-----AA-----ACA-----C-----AC--C-----AG---	4721
D.CD.85.Z226	-----A-----	-----AA-----CA-----C-----C-----AG---	5189
D.CM.01.01CM_0009BBY	-----A--C-----	-----T-----C-----AA-----AA-----G-----G-----C-----AG---	4385
D.KE.01.01KE_NKU3006	-----C-----	-----T--T-----AA-----TAT--A-----G-----T-----T-----AA--C-----AG---	4391
D.TD.99.MN012	-G-----	-----A--C-----G--C-----T-----A--AA--G-----AA--A-----C-----T-----C-----AG---	4410
D.UG.94.94UG114	-----G-----	-----A-----AA-----AA-----G-----G-----CT-----AA-----AG---	4541
D.UG.99.99UGA08483	-----G-----	-----T-----A--G-----CAA-----G-----CT-----AA--C-----AG---	4391
D.UG.99.99UGB21875	-----G--G--T-----	-----C-----G--G--T-----A--C-----C--A-----G-----C--CT--TTA--C-----AG---	4391
F1.BE.93.VI850	T-----G-----A--C-----	-----T--T-----AA-----C--AA-----C-----T--C-----AGG---	4526
F1.BR.93.93BR020_1	-----G-----A--C-----	-----T-----C--A-----AA-----C--AA-----T-----AGG---	4514
F1.FI.93.FIN9363	--C-----G-----A--C-----	-----T-----C-----AA-----C--AAA-----T-----AGG---	4515
F1.FR.96.MP411	-----G-----A--C-----	-----T-----C-----AA-----C--AAAAT-----T--T--C-----AGG---	4388
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----G-----	-----A--G-----CAA-----AGG-----AGG---	4376
F2.CM.95.MP255	-----G-----A-----	-----C--C--G-----A--G-----AA-----AGG-----AGG---	4382
F2.CM.95.MP257	-----G-----	-----C--C-----A-----AA--G--GCA-----AGG-----AGG---	4394
F2.CM.97.CM53657	-----G-----	-----C-----T-----A--G-----AA-----AGG-----AGG---	4376
G.BE.96.DRCBL	-----G-----	-----C--C--G-----T-----A-----AA-----AA--C-----TAGG--C-----AG---	5143
G.CM.01.01CM_4049HAN	--G-----	-----T-----A--C--A--C-----AA-----A-----ACAT-----AGG-----AGG---	4388
G.FI.93.HH8793_12_1	-----G-----	-----C-----T-----T-----C-----AA-----A--C-----T-----AGG-----AGG---	4586
G.NG.92.92NG083	--G-----	-----G-----T-----C-----AA-----AA--C-----AGG-----AGG---	4555
G.SE.93.SE6165	-----G-----	-----C--C--G-----T-----C-----AA-----A--C-----C-----C-----AGG-----AGG---	4583
H.BE.93.VI991	-----G-----A-----	-----C--C-----G--T-----AA-----AAA--G-----T-----TA--A--C-----AG---	4575
H.BE.93.VI997	-----G-----A--C--A-----	-----C-----GT-----A-----AA-----ACA--G-----T-----C-----AG---	4510
H.CF.90.056	-----A--C-----	-----C-----GT-----C--A-----A-----A-----T--T-----A-----AG---	4533
J.SE.93.SE7887	-----G-----A--C-----	-----GT-----A-----AA-----AAA--C--G-----G-----C-----AA-----AG---	4500
J.SE.94.SE7022	-----G-----A--C-----	-----GT-----A-----AA-----ACA--C--G-----T-----G-----AG---	4501
K.CD.97.EQTb11C	-----G-----A--T--T-----	-----T-----T-----AA--G-----ACA-----CG-----C-----AA-----AG---	4378
K.CM.96.MP535	-----G-----A--T--T-----	-----T-----C--A-----AA-----ACC-----A-----AGG-----AGG---	4382



Pol Integrase ends \

B.FR.83.HXB2 GTGATGATTGTGTGGCAAGTAGACAGGATGAGGATTAG..AACATGGAAAAGTTTGTAGTAAACACCATATGTATGTTTCAGGGAAAAGCTAGGGGATGGTTTTATAGACATCACTATGAAAGCCCTCATCC 5186

01_AE.CF.90.90CF4071 -----G-----C-----T-----A-C--AA-----AAAA--G-----T-----AG----- 5122

01_AE.JP.93.93JP NH1 -----G-----C-----T-----A--A-C--AA-----AAA-G-----T-----AG----- 5188

01_AE.TH.90.CM240 -----G-----C-----T-----A-C--AA-----AAAAG-----T-----AG----- 4760

01_AE.TH.93.93TH9021 -----G-----C A-----T-----C--AA-----AAAAG-----T-----AG----- 5200

02_AG.CM.02.02CM 1677LE -----G-----T-----T-----A-C-TAA-----A--T--G-----TAGG----- 4382

02_AG.CM.97.97CM MP807 -----C-C-----G-T-----TAA-----ACAAG-----T-----TAGA----- 4342

02_AG.FR.91.DJ264 -----G-----T-----A-C-TA-----A-AAT-----T--G--TAGG----- 4535

02_AG.NG.--IBNG -----G-----T-----C--AA-----A-T-----T-----TAGG----- 4711

02_AG.SE.94.SET812 -----G-----G C-----T-T-----AAA-TA-----A-AT-----C-----AG----- 4558

03_AB.BY.00.98BY10443 -----G-----C-----A--A--CA-----G--A-----TAGGA----- 5189

03_AB.RU.97.KAL153 2 -----C-----A--A--AA-----G--A-----AGGA----- 4412

03_AB.RU.98.RU98001 -----C-----A-CA-----AA-----G--A-----AGGA----- 4556

04_cpx.CY.94.CY032 --A-----G-----A-----C-C-G--T-----AA-----AA--A-C-----TAGG--C-- 4552

04_cpx.GR.91.97PVCH -----G-----C-----T-----A--AA-----AA-----CC-----TAGG--C-- 5203

04_cpx.GR.97.97PVMY -----C-----G-----A-----C-C-----T-----C-A--AA-----AA-----G-C--A-----TAGAA-C-- 5200

05_DF.BE.--VI1310 -----G-----A C-----T-----C-----AA-----ACA--G-----T-----TAGAA----- 4568

05_DF.BE.93.VI961 -----G-----A C-----C-----T-----C-----AA--A-C-AA-C-----TAGG----- 4543

05_DF.ES.99.X492 -----G-----A C-----T-----C-----AA-----C-AA-----TAGG----- 4539

06_cpx.AU.96.BFP90 -----G-----A T-----T-----C-A--AA-----AAA--AA-----C--AA----- 5214

06_cpx.ML.95.95ML127 -----G-----A T-----T-----C-A--AA-----AAA--AC-----C--TAA----- 5203

06_cpx.ML.95.95ML84 -----G-----A TG-----G-T-----A--AA-----AA-----C-----TAA----- 4429

06_cpx.SN.97.97SE1078 -----G-----A T-----T-----C-A--AA-----AAA--GC--G-----C--A----- 5245

07_BC.CN.--CNGL179 ---C-----G-----A-----T-----T-----A--G--AT-----C-----T--C--AGA----- 4398

07_BC.CN.97.97CN001 ---C-----G-----A-----T-----T-----A--G--AT-----C-----T--C--AGA----- 4518

07_BC.CN.97.CN54 ---C-----G-----A-----T-----T-----A--G--AT-----C-----T--C--AGA----- 4376

07_BC.CN.98.98CN009 ---C-----G-----A-----T-----T-----A--G--AT-----C-----T--C--AGA----- 4518

08_BC.CN.97.97CNGX 6F ---C-----G-----A-----T-----C--A--G--AT-----C-----T--C--AGA----- 4366

08_BC.CN.97.97CNGX 7F ---C-----G-----A-----T-----C--A--G--AT-----C-----T--C--AGA----- 4372

08_BC.CN.97.97CNGX 9F ---C-----G-----A-----T-----C--A--G--AT-----C-----T--C--AGA----- 4366

08_BC.CN.98.98CN006 ---C-----G-----A-----T-----T-----C--A--G--A-----C-----T--C--AGA----- 4518

09_cpx.GH.96.96GH2911 -----G-----A T-----T-----C--AC--AA-----AAA-----T--AA----- 4388

09_cpx.SN.95.95SN1795 -----G-----A T-----T-----C--A--AA-----A-A-AA-----C--AA----- 4388

09_cpx.SN.95.95SN7808 -----G-----A T-----T-----AC--AA-----AAA-----T--C--AA----- 4376

09_cpx.US.99.99DE4057 -----TG-----G-----A T-----G--T-----C--AAA--AA--G-A--AAA-----C--AA----- 4370

10_CD.TZ.96.96TZ BF061 ---C-----C-----T-----G-----A-----A-----AT-----C-----AGA----- 4565

10_CD.TZ.96.96TZ BF071 ---C-----C-----T-----G-----C-----A-----A-----G-----T-----AGA----- 4563

10_CD.TZ.96.96TZ BF110 ---C-----C-----T-----C-----G-----C-----G-----A-----A-----T-----AGA----- 4554

11_cpx.CM.02.02CM 4118STN -----G-G-----C-----T-----C--AA-----AAAAG--AAG-----T--G--AGG----- 4388

11_cpx.CM.96.4496 -----G-----T-----T-----C--AA-----AC-G--GG-----G--TAGG----- 4546

11_cpx.FR.99.MP1298 -----G-----C-----C-----T-----A-C--AA-----AAA-G-----G-----G--AGG----- 5180

11_cpx.GR.--GR17 -----G-C-----T-----T-----C--AA-----AA-G--G-C-G-----G--AGG----- 4488

12_BF.AR.97.A32989 -----G-----A C-----GT-----C-----AA-----C-AAA-----T-----AGG----- 4738

12_BF.AR.99.ARMA159 -----G-----A C-----GT-----C-----AA-----C-AAA-----T-----AGG----- 5191

12_BF.UY.99.URTR23 -----G-----A T-----GT-----C-A--AA-----C-AA--G-----T-----TAGG----- 5212

12_BF.UY.99.URTR35 -----G-----A C-----GT-----C-----AA-----C-AAA-----T-----AGG----- 5209

13_cpx.CM.02.02CM 3226MN -C-----G-----A T-----T-----A-C--AA-----G-AA-----C--AA----- 4412

13_cpx.CM.96.1849 -----G-----A T-----T-----C--AA-----G-AA-----C--AA----- 4591

13_cpx.CM.96.4164 -G-----G-----A T-A-----T-----C--AA--G-----A-----C--AAG----- 4588

14_BG.ES.00.X475 -----G-----C-----T-----A-C--AA-----A-AC--A-----T-----GGG----- 4624

14_BG.ES.00.X477 -----G-----C-C-----T-----A-C--AA-----A--C--A-----T-----GGG----- 4627

14_BG.ES.00.X623 -----G-----C-----T-----R-C-TAA-----AAC-C-----C-----AGGA----- 4626

14_BG.ES.99.X397 -----G-----C-----T-----A-C--AA-----A--C--A-----T-----GGG----- 4627

15_01B.TH.02.02TH OUR1331 -----G-----C-----T-----A-C--AA-----GAAA-G--G--C-----T-----AG----- 4418

15_01B.TH.02.02TH OUR1332 -----G-----C-----T-----A--A-C--AA-----GAAA-G--G--C-----T-----AG----- 4407

15_01B.TH.99.99TH MU2079 -----G-----C-C-----T-----C--AA-----AAAAG-----T-----AG----- 4582

15_01B.TH.99.99TH R2399 -----G-----C-----T-----C--AA-----AAA-G-----T-----AG----- 4541

16_A2D.KE.00.KISII5009 -----G-----C-----T-----A--CA-----AAAAT--C-C-----C--AGA----- 4361

16_A2D.KR.97.97KR004 -----G-----T-----G-T-----A--AA-----AA-AT--GC-----ATAA----- 4549

N.CM.--YBF106 -----G-----G--R-----AA-C--G-----T-C-----G-----AAA-G-A-AA--G-----T-----CAAAG----- 4778

N.CM.95.YBF30 -----G-----G-----AA-C--G-A-----T-C-----T-----G-----AAA-G-A-AA--A-----T-----CA-A--C-- 4780

O.BE.87.ANT70 --AC--A-A-----G-----ACA--AAG-G-A--G-G-----C-CC--G--T-----A--CAGG--TA-A--GA-CGA-AAC--GG--C-----T-----TC-AGAA----- 5241

O.CM.--.96CMABB009 --AC--A-A-----G-----ACA--AAG-G-A--GT-----C-C-G-G--T-----A--CAGG--TA--GA-C-A-AC--A--C-----T-----CATAGAA-C-- 4659

O.CM.91.MVP5180 --AC--A-A-----A-----ACA--AAG-G-A--G-----C-CC-G-G--T-----AA--CA-G--TAA--G--CGC-AAC--CG--G-----T-----TC-AGGA----- 5216

O.SN.99.SEMP1299 --AC--A-A-----G-----ACA--AG-G-A--G-----C-CC-G-G--T-----AA--CAGG-----GA-C-A-AC--A--C-----C-T-T-----TCTAGAA----- 5240

CPZ.CD.--ANT A-AGA--GA-T-----G-----A-----A.T-TC-----TCC-----G-----C-A-GG-AGA-TAAAGT-CT--AACC-----AAG-----T-----ATGA--C-- 4625

CPZ.CM.98.CAM5 -----G-A-A-----G-----A-----C-----T-CC-----AC-----AGAA--AA--G--A-AAAAG-----G-----T-----G--TGA-A----- 4888

CPZ.GA.--CPZGAB -----A-----A-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----AGG-----AAA-G-A-A-T-----C-----T-----TCA--A----- 5247

CPZ.US.85.CPZUS ---C-----A-A-----G-----AG--A.GG-T-----T--C-G-----T-T-C-----AGA--AA-----AA-----C-C-G-----T-----G--A-A----- 5246

Pol p31 Integrase
Vif

Pol Integrase ends \

G D D C V A S R Q D E D \$
V M I V W Q V D R M R I . R T W K S L V K H H M Y V S G K A R G W

HIV-1/SIVcpz
complete genomes

P_H_P Pol
Vif



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	AAGAATAAGTTCAGAAGTACACATCCCACTAGGG. GATGCTAGATTGGTAATAACACATATTGGGGTCTGCATACAGGAGAAAGAGACTGGCATTGGGGTCAGGGAGTCTCCATAGAATTGGAGG	5310
A1. KE. 00. MSA4069	--A-GC-----G-----A-----G-----A-----C-----A-----T-----G-----	4509
A1. KE. 94. Q23_17	--A-G-----C-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----T-----G-----	4768
A1. SE. 94. SE7253	-----C-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----T-----G-----	4514
A1. TZ. 97. 97TZ02	-----G-----A-----G-----G-----C-----A-----C-----A-----T-----G-----	4505
A1. UA. 00. 98UA0116	--A-G-----GC-A-G-A-----C-----A-----C-----C-----T-----G-----A	5309
A1. UG. 85. U455	--G-----A-----A-----G-----A-----A-----C-----T-----G-----	4756
A1. UG. 92. 92UG037	--A-G---C-----A-----A-A-G-G-----G-----A-----C-----T-----G-----	4677
A2. CD. 97. 97CDKS10	G---G-----GT-----G---C---AA-G-G-----CC---G-A---A---A---T---G-----	1427
A2. CD. 97. 97CDKTB48	-----G-----G---AA-----G-----AA-G-G-----CC-----A-----C-----T---G-----	4650
A2. CY. 94. 94CY017_41	-----G-----G-----G-----A-AA-G-G-----C-T-----A-----C-----T-----	4667
B. AR. 99. ARMA132	-----G-----A-----A-----C-----	4515
B. AU. 95. MBCC54	--AG-----A-----G-----G-----G-----	4670
B. BO. 99. BOL0122	B. BO. 99. BOL0122	4530
B. CN. -. RL42	--A-----G-----CC---A---G-----C-----C-----	4697
B. ES. 89. S61K15	G-----G-A-----T-A-----T-A-----	5318
B. GA. 88. OYI	-----CC---A---G-----A-----C-----C---T-----	4853
B. GB. 83. CAM1	-----G-----A---G-----	5312
B. NL. 86. 3202A21	-----G-----C-----C-----C-----	5312
B. TH. 90. BK132	B. TH. 90. BK132	4661
B. US. 83. RF	-----G-----T-----C---A-----G---C---AG-----A-----A-----	4827
B. US. 90. WEAU160	-----T-----A-G-A---A-----A-----A-----	5309
C. BR. 92. 92BR025	--A-----T---T-----G---A---A---T-----T---A-----T-----T-----G---A	4647
C. BW. 00. 00BW3891_6	C. BW. 00. 00BW3891_6	4674
C. BW. 96. 96BW0502	--A-G-----T-----A---A---A---T-----T---A-----T-----T-----C-----A	4803
C. ET. 86. ETH2220	--AGG-----T-----G---AA---A---T-----T---A-----T-----T-----A	4702
C. IL. 98. 98IS002	--A-G-----T-----AA---A---T-----T---A-----T-----T-----A	4644
C. IN. 95. 95IN21068	--A-G---T---A-----G---A---GT---A---T-----T---T-----A	4661
C. IN. 99. 01IN5655_10	--A-G-----T-----A---A---GT---A---G---T-----T---A-----A	4691
C. KE. 00. KER2010	--A-G---A---T-----G---A---A---T-----T---A-----T---AA	4491
C. MM. 99. mIDU101_3	--A-G-----T-----G---AA---A---GT---A---A-----T---A-----A	4661
C. TZ. 97. 97TZ04	--A-----T-----AA-C---A---T---A-----A-----T---A-----A	4505
C. TZ. 98. 98TZ017	--G-----T---A-----A---A---T---A-----A-----T-----A	4664
C. ZA. 01. 2134MB	C. ZA. 01. 2134MB	4730
C. ZA. 97. 97ZA003	--A-G---C---A---A---A---G---A---T---A---G---T---T-----A	4626
C. ZM. 96. 96ZM651	--GG-----T---T-----A---A---A---T---A-----T-----T-----A	4639
D. CD. 83. ELI	--A-----A-----A---C---A-----A-----C-----	4856
D. CD. 83. NDK	--A-----A-----A---C---G-----A---A---C-----	4845
D. CD. 85. Z226	--A-----T---A-----A---TGC---G---A-----C-----	5313
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	--A-----T-----A---C---GG-----C-----A	4509
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	--A-----A-----A---C---G---A-----A---C-----	4515
D. TD. 99. MN012	--A-----G---T---T---A-----C---G-----A-----T---C-----	4534
D. UG. 94. 94UG114	--A-----T---A-----A---GC---G---A-----A-----A	4665
D. UG. 99. 99UGA08483	--A-----A-----A-----C---G---A-----A---C-----	4515
D. UG. 99. 99UGB21875	--A-----T---A-----A---C---A---G---A-----G---A---C-----A-----	4515
F1. BE. 93. VI850	--G-----A-----A-T---A---A-----G---CC-----A---C-----	4650
F1. BR. 93. 93BR020_1	--A-----A-----ACA---GA---A-----C---G---T---C-----A---C-----	4638
F1. FI. 93. FIN9363	--A-----C---A-----A---GA---A-----G---A-----T---C-----A-----	4639
F1. FR. 96. MP411	--A-----AA-----A---A---A---G-----T---C-----	4512
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	---G-----T---A---AAT---T---A---A---GT---C-----A---T-----T-----	4503
F2. CM. 95. MP255	--A-G-----T---A---GAT---T---A---A---T---C-----A---T-----C-----	4509
F2. CM. 95. MP257	--G-----T-----GAA---T---A---A---C---T---C-----A---A-----A	4521
F2. CM. 97. CM53657	--G---C-----AA---GAT---T---A---A---GT---GC-----A---T-----A-----	4503
G. BE. 96. DRCBL	--A-G---A---A-----A-C-A---G---G-----C-A---A---C---G---T---G-----	5267
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	--A-----A-----TGC-AA-G-G-----AG-----C-----T---T-----	4512
G. FI. 93. HH8793_12_1	--A-G-----A-----A-C-A---G---GC-----A---A---T---A---T---G-----	4710
G. NG. 92. 92NG083	--G-----A---A-----C-C-A---G---G-----G-----A---A---C---T---G---T-----	4679
G. SE. 93. SE6165	--G-----A-----C-C-A---G-----G-----A---A---T---G-----G-----	4707
H. BE. 93. VI991	--AG-C-----G-----G---A---C-----C-----T-----A	4699
H. BE. 93. VI997	--G-----T-----G---A---T-----C-----A---C-----	4634
H. CF. 90. 056	--G-----T---A-----A---A---C---C---C-----A-----A---C-----A	4657
J. SE. 93. SE7887	--A-----A-----G---T---A-----G-----T---C-----	4624
J. SE. 94. SE7022	--A-----A-----G-----A---G-----A-----T---C-----	4625
K. CD. 97. EQTB11C	--A-----AGA---A---GG-----G---A---C-----	4502
K. CM. 96. MP535	--A-----AGAG---A---G-----T-----G-----	4506





B. FR. 83. HXB2	AAGAATAAGTTCAGAAGTACACATCCCACTAGGG. GATGCTAGATTGGTAATAACACATATTGGGGTCTGCATACAGGAGAAAGAGACTGGCATTGGGGTCAGGGAGTCTCCATAGAATGGAGG	5310
01_AE.CF.90.90CF4071	--A-G-----G-----A-----G-----C-----A-----T-----T-----	5246
01_AE.JP.93.93JP_NH1	--A-G-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----T-----	5312
01_AE.TH.90.CM240	--AGG--C-----T-----A-----G-----A-----G-----A-----AG-----C-----T-----	4884
01_AE.TH.93.93TH9021	--AGG--C-----T-----A-----G-----A-----G-----G-----AG-----A-----T-----	5324
02_AG.CM.02.02CM_1677LE	--A-G-----G-----A-----G-----C-----A-----G-----G-----C-----G-----A-----	4506
02_AG.CM.97.97CM_MP807	--A-G-----T-----G-----G-----C-----A-----G-----A-----C-----T-----G-----A-----	4466
02_AG.FR.91.DJ264	--A-G-----T-----G-----G-----AA-----G-----G-----C-----G-----T-----C-----T-----G-----A-----	4659
02_AG.NG.-.IBNG	--A-G--T-----G-----A-----G-----G-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----	4835
02_AG.SE.94.SE7812	--GG-----A-----G-----G-----G-----C-----C-----T-----G-----T-----A-----	4682
03_AB.BY.00.98BY10443	-----G-----T-----A-----A-----C-----C-----C-----G-----A-----	5313
03_AB.RU.97.KAL153_2	-----T-----A-----A-----C-----C-----C-----A-----A-----	4536
03_AB.RU.98.RU9800I	-----T-----A-----A-----G-----C-----C-----C-----A-----	4680
04_cpx.CY.94.CY032	--A-G-----T-----G-----A-----G-----G-----GC-----G-----CA-----C-----T-----	4676
04_cpx.GR.91.97PVCH	--G-----A-----C-----A-----A-----G-----G-----AC-----A-----C-----C-----G-----	5327
04_cpx.GR.97.97PVMY	--GC-----T-----G-----A-----A-----G-----G-----C-----GC-----A-----AG-----T-----G-----R-----	5324
05_DF.BE.-.VI1310	-----A-----C-----A-----C-----G-----A-----G-----G-----	4692
05_DF.BE.93.VI961	-----AA-----A-----A-----A-----T-----G-----A-----C-----A-----	4667
05_DF.ES.99.X492	-----T-----AA-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----	4663
06_cpx.AU.96.BFP90	--A-----A-----T-----A-----AG-----GA-----A-----AA-----A-----A-----C-----C-----	5338
06_cpx.ML.95.95ML127	--A-G-----A-----A-----TG-----GA-----A-----AA-----A-----A-----C-----C-----	5327
06_cpx.ML.95.95ML84	--A-----A-----A-----TG-----GA-----A-----AA-----A-----A-----C-----C-----	4553
06_cpx.SN.97.97SE1078	--A-----A-----A-----A-----A-----GA-----A-----G-----AA-----A-----A-----C-----C-----	5369
07_BC.CN.-.CNGL179	--A-G-----T-----A-----G-----A-----A-----A-----GT-----A-----T-----T-----A-----	4522
07_BC.CN.97.97CN001	--A-G-----T-----A-----G-----A-----A-----A-----GT-----A-----T-----T-----A-----	4642
07_BC.CN.97.CN54	--A-G-----T-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----GT-----G-----TC-----T-----A-----	4500
07_BC.CN.98.98CN009	--A-G-----G-----A-----G-----A-----A-----A-----GT-----A-----T-----T-----A-----	4642
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	--A-G-----T-----A-----G-----A-----A-----A-----GT-----A-----T-----T-----C-----	4490
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	--A-G-----T-----A-----G-----A-----A-----A-----GT-----A-----T-----T-----C-----	4496
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	--A-G-----T-----A-----G-----A-----A-----A-----GT-----A-----T-----T-----C-----	4490
08_BC.CN.98.98CN006	--A-G-----T-----A-----G-----A-----A-----A-----GT-----A-----G-----T-----T-----A-----	4642
09_cpx.GH.96.96GH2911	--A-----C-----G-----A-----C-----GA-----A-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----	4512
09_cpx.SN.95.95SN1795	--A-----C-----T-----A-----GA-----A-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----	4512
09_cpx.SN.95.95SN7808	--A-----C-----A-----C-----GA-----A-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----	4500
09_cpx.US.99.99DE4057	--A-----C-----G-----AA-----GAG-----GA-----A-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----	4497
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	--A-----A-----TC-----A-----A-----C-----A-----T-----G-----A-----	4689
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	--A-----C-----T-----A-----C-----A-----G-----A-----A-----A-----T-----A-----	4687
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	--AG-----G-----G-----A-----A-----C-----G-----A-----CC-----A-----A-----C-----	4678
11_cpx.CM.02.02CM_4118STN	-----C-----G-----A-----AGA-----A-----G-----G-----A-----A-----G-----T-----	4512
11_cpx.CM.96.4496	--G-----C-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----	4670
11_cpx.FR.99.MP1298	--A-----C-----A-----A-----AGA-----A-----G-----G-----T-----G-----G-----	5304
11_cpx.GR.-.GR17	--G-----C-----A-----G-----A-----TG-----A-----G-----G-----A-----A-----G-----	4612
12_BF.AR.97.A32989	-----A-----CG-----G-----GA-----A-----C-----G-----T-----A-----C-----	4862
12_BF.AR.99.ARMA159	-----A-----A-----A-----GA-----A-----C-----G-----GC-----T-----C-----	5315
12_BF.UY.99.URTR23	--G-----CA-----C-----A-----A-----C-----C-----G-----T-----CC-----A-----A-----	5336
12_BF.UY.99.URTR35	--G-----T-----A-----C-----C-----A-----A-----C-----G-----T-----C-----	5333
13_cpx.CM.02.02CM_3226MN	--A-----G-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----G-----T-----	4536
13_cpx.CM.96.1849	--A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----	4715
13_cpx.CM.96.4164	-----T-----A-----A-----G-----G-----C-----C-----A-----G-----T-----A-----	4712
14_BG.ES.00.X475	--A-G-----T-----A-----A-----C-----A-----GG-----G-----A-----T-----T-----G-----	4748
14_BG.ES.00.X477	--A-G-----T-----A-----A-----C-----A-----GG-----A-----T-----T-----G-----	4751
14_BG.ES.00.X623	--A-G-----T-----A-----C-----C-----A-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----G-----	4750
14_BG.ES.99.X397	--A-G-----T-----A-----A-----C-----A-----GG-----G-----A-----T-----C-----T-----G-----	4751
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	--A-G-----AA-----G-----A-----A-----A-----C-----G-----A-----AG-----C-----T-----	4542
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	--A-G-----A-----G-----A-----A-----G-----G-----G-----AG-----C-----A-----T-----	4531
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	--AGG--C-----C-----T-----AA-----G-----A-----A-----A-----G-----AG-----T-----T-----	4706
15_01B.TH.99.99TH_R2399	G-A-G-----T-----A-----G-----A-----A-----G-----C-----G-----AG-----A-----T-----	4665
16_A2D.KE.00.KISII5009	-----G-----C-----G-----A-----G-----A-----G-----G-----C-----G-----A-----G-----T-----G-----	4485
16_A2D.KR.97.97KR004	--G-----G-----G-----GG-----A-----A-----AA-----G-----A-----CC-----A-----C-----G-----	4673
N.CM.-.YBF106	--AG-C-----R-----T-----G-----T-----CMG-----A-----R-----A-----G-----GTC-----T-----A-----AACA-----CAGCCT-----C-----A-----A-----TR-----A-----	4902
N.CM.95.YBF30	--A-----G-----T-----T-----G-----T-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----GTC-----T-----A-----AACA-----CAGTCT-----C-----A-----A-----T-----A-----	4904
O.BE.87.ANT70	-----G-----T-----AGT-----T-----T-----T-----G-----TG-----CCATG-----A-----G-----C-----AT-----ATGC-----G-----TGAA-----A-----T-----G-----TAGT-----C-----T-----	5365
O.CM.-.96CMABB009	-----GTC-----T-----T-----T-----G-----TTA-----CTA-----A-----GG-----G-----C-----AT-----AATGC-----G-----TGAA-----C-----A-----T-----G-----TAGT-----CAA-----	4783
O.CM.91.MVP5180	--A-G-C-----G-----CG-----GT-----T-----T-----G-----CA-----A-----GATA-----A-----GG-----C-----C-----AT-----AATGC-----G-----GGAA-----C-----A-----T-----G-----TAGT-----CAA-----	5340
O.SN.99.SEMP1299	-----G-----C-----GT-----T-----T-----T-----G-----GGC-----T-----GA-----A-----G-----G-----C-----AT-----ATGC-----G-----TGAA-----A-----T-----G-----TAGT-----	5364
CPZ.CD.-.ANT	--AG-A-G-AGA-----T-----A-----CCAACATTG-----AAA-----A-----G-----G-----GTG-----TC-----AT-----A-----ATGT-----C-----CCCA-----C-----A-----A-----T-----T-----GAG-----	4755
CPZ.CM.98.CAM5	T-A-G-G-----T-----TT-----AT-----ACA-----A-----A-----A-----GG-----C-----A-----ACA-----GC-----CAT-----CT-----CC-----A-----T-----G-----	5012
CPZ.GA.-.CPZGAB	--A-G-TGC-----T-----A-----A-----TT-----CA-----A-----GATT-----T-----A-----AA-----G-----G-----C-----CCT-----AAGCC-----G-----C-----A-----C-----T-----TC-----	5374
CPZ.US.85.CPZUS	C-----G-----A-----T-----TA-----AT-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----G-----GT-----A-----A-----CA-----C-----C-----A-----G-----T-----A-----A-----	5370
Vif	R I S S E V H I P L G D A R L V I T T Y W G L H T G E R D W H L G Q G V S I E W R	Vif



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	AAAAAGAGATATAGCACACAAAGTAGACCCTGAACTAGCAGACCACTAATTCATCTGTATTACTTTGACTGTTTTTCAGACTCTGCTATAAGAAAGGCCTTATTAGGACACATAGTTAGCCCTAGGTGTG	5440	
A1. KE. 00. MSA4069	CT--GA-A-----T-----T-----C-AG-----A-----G-A--A-----AG-----AG-----	4639	
A1. KE. 94. Q23_17	CT--A-----A-ACT-----C-G-----A-C-T-----C-----G-A--A--G-----AG-----T--AA-----	4898	
A1. SE. 94. SE7253	CT--GA-----A--T-----C-G-----A-----C-T-----C-----G-A--A-----G-----TT-----	4644	
A1. TZ. 97. 97TZ02	CT--A-----T-----C-AG-----G-----C-----T-----C-----G-A--A-----AG-----	4635	
A1. UA. 00. 98UA0116	C-GG-A-G-G-----A-----C-G-G-----T-----C-----G-A--A--G-----A-----A-----	5439	
A1. UG. 85. U455	CTG--A-----C-----T-----C-----C-----T-----A-----C-----G-GA--A-----A-----A-----	4886	
A1. UG. 92. 92UG037	CT--A-----A-----C-G-----C-----C-----T--A-----C-----G-A--A-----G-AG-----	4807	
A2. CD. 97. 97CDKS10	C-G-----G-----T-----T-----T-----C-----T-----A-----C-----G-A--A-----G-A-----T-----C-----	1557	
A2. CD. 97. 97CDKTB48	C-GGGA-G-C-T-----A-----T-----G-----T-----C-----T-----A-----C-----G-GA--A-----G-A-----G-----A-----	4780	
A2. CY. 94. 94CY017_41	C---C-G--CAT-----A-----T-----G-----T-----C-----T-----A-----C-----G-A--A--A-----G-A-----T-----	4797	
B. AR. 99. ARMA132	-----T-----C-----A-C-----CAC-----T-----A--A-----A-----T-----T-----C-----	4645	
B. AU. 95. MBCC54	---G-G-----C-G-----C-----A-A-----T-----T-----A-----T-----A-----T-----G-----A-----T-----	4800	
B. BO. 99. BOL0122	--GG-----GCA-----AC-----CA-----T-----T-----G-----A-----G-----GT-----T-----T-----	4660	
B. CN. -. RL42	-----GC-----T-----T-----A-----T-----A-----T-----GTG-----T-----T-----	4827	
B. ES. 89. S61K15	G-----T-----A-C-----C-----T-----T-----A-----T-----A-----TG-----	5448	
B. GA. 88. OYI	-----GC-----ACA-----T-----T-----A-----T-----A-----C-----A-----T-----T-----	4983	
B. GB. 83. CAM1	-C---G-----A-----C-----C-----T-----T-----A-----T-----A-----G-----GAT-----	5442	
B. NL. 86. 3202A21	B. NL. 86. 3202A21	T-----GC-----T-----T-----A-----T-----A-----G-----TG-----T-----	5442
B. TH. 90. BK132	---GGA-----A-----A-GC-----T-----T-----A-----T-----A-----T-----T-----T-----	4791	
B. US. 83. RF	---G-----C-----C-----T-----T-----A-----C-----A-----C-----T-----T-----T-----	4957	
B. US. 90. WEAU160	---C-----C-----C-----T-----T-----G-----C-----T-----A-----TT-----TT-----	5439	
C. BR. 92. 92BR025	CTG-GA-----G-----GC-G-----A-C-----T-----T-----G-----C-----G-A--A-----T-G-----T-----	4777	
C. BW. 00. 00BW3891_6	TTG-GA-----A-C-----T-----T-----G-----C-----A-----A-----A-----TT-----	4804	
C. BW. 96. 96BW0502	TTG-GA-A-----A-----GC-G-----G-----G-----C-----A-C-----C-----T-----T-----G-----C-----A-----A-----G-A-----TT-----	4933	
C. ET. 86. ETH2220	TTG-GA-C-----A-----GC-G-----C-----C-----A-C-----T-----T-----G-----A-----C-----G-A-----T-----T-----G-----	4832	
C. IL. 98. 98IS002	TTG-GA-C-----A-----AGC-G-----T-----T-----G-----G-----C-----G-A-----A-----T-----	4774	
C. IN. 95. 95IN21068	TTG-GA-A-----T-----A-----GC-G-----G-----G-----A-C-----T-----T-----G-----C-----A-----A-----TT-----	4791	
C. IN. 99. 01IN565_10	TTG-GA-C-----T-----A-----GCT-G-----G-----G-----A-C-----T-----T-----G-----C-----A-----A-----TT-----	4821	
C. KE. 00. KER2010	TTG--A-G-----A-----GC-G-----G-----G-----A-C-----T-----T-----G-----C-----A-----A-----TT-----	4621	
C. MM. 99. mIDU101_3	TTG-GA-----A-----GC-G-----G-----T-----T-----G-----C-----G-A--A-----C-----TT-----	4791	
C. TZ. 97. 97TZ04	TTG-GA-A-----T-----GC-G-----T-----T-----A-C-----T-----T-----G-----C-----G-A--A-----T-----TT-----	4635	
C. TZ. 98. 98TZ017	TTG-G-----GC-G-----T-----T-----A-C-----T-----T-----G-----C-----G-A--A-----TT-----	4794	
C. ZA. 01. 2134MB	TTG-GA-----GC-G-----T-----G-----A-C-----T-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----TT-----A-----	4860	
C. ZA. 97. 97ZA003	TTG-GAG-----G-----G-----T-----G-----A-----C-----T-----T-----G-----C-----A-----A-----G-----TT-----A-----	4756	
C. ZM. 96. 96ZM651	TTG-GA-----GC-G-----G-----G-----A-C-----C-----T-----T-----G-----C-----A-----A-----TT-----	4769	
D. CD. 83. ELI	---G-----GC-G-----A-----T-----T-----A-----A-----G-----T-----T-----	4986	
D. CD. 83. NDK	---G-----GC-G-----A-----T-----T-----G-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----	4975	
D. CD. 85. Z226	---G-----GC-G-----A-----T-----T-----AG-----C-----A-----A-----T-----C-----T-----A-----	5443	
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	---G-----GTT-G-----T-----T-----G-----A-----A-----T-----G-----T-----	4639	
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	---G-----GC-G-----A-----A-----T-----T-----G-----A-----A-----T-----CT-----A-----	4645	
D. TD. 99. MN012	---G-----C-----A-----GC-G-----AC-----T-----T-----G-----A-----C-----T-----G-----T-----	4664	
D. UG. 94. 94UG114	---GG-----A-----A-----GC-----A-----A-----C-----T-----T-----G-----A-----A-----AG-----TAT-----A-----	4795	
D. UG. 99. 99UGA08483	---G-----A-----A-----GC-G-----G-----A-----A-----T-----T-----G-----A-----C-----A-----A-----CT-----T-----A-----	4645	
D. UG. 99. 99UGB21875	---GG--A-----GC-----G-----AC-----T-----T-----G-----A-----A-----A-----T-----CTA-----A-----	4645	
F1. BE. 93. VI850	C-GGG--AG-----G-----A-----GC-G-----G-----G-----C-----A-----A-----T-----T-----A-----C-----G-----A-----A-----T-----G-----A-----A-----	4780	
F1. BR. 93. 93BR020_1	C-GGG--G-----A-----A-----GC-G-----G-----G-----C-----A-----A-----T-----T-----A-----C-----G-----A-----A-----T-----A-----A-----	4768	
F1. FI. 93. FIN9363	C-GGG--G-----G-----A-----GC-G-----G-----G-----C-----A-----A-----T-----T-----A-----C-----G-----A-----A-----T-----G-----A-----	4769	
F1. FR. 96. MP411	C-GGGAC-G-----G-----A-----T-----C-----G-----G-----C-----A-----A-----T-----T-----C-----C-----G-----A-----A-----C-----T-----G-----A-----	4642	
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	C-G-A-G-----G-----T-----GCT-G-----AAA-----T-----T-----A-----C-----G-----A-----A-----T-----G-----T-----A-----	4633	
F2. CM. 95. MP255	C-G-A-G-----G-----CT-G-----CG-----T-----T-----A-----C-----G-----T-----A-----T-----G-----T-----A-----	4639	
F2. CM. 95. MP257	C-G-A-G-----G-----GCT-G-----C-----T-----T-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----	4651	
F2. CM. 97. CM53657	C-G-A-----G-----GCT-G-----T-----T-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----	4633	
G. BE. 96. DRCBL	C-GGGA-----T-----T-----C-----C-----C-----T-----A-----T-----A-----C-----G-----A-----A-----A-----C-----G-----T-----	5397	
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	C-G-GA-----C-----T-----A-----T-----C-----T-----G-----T-----T-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----G-----T-----	4642	
G. FI. 93. HH8793_12_1	C-G-GA-----A-----T-----C-----C-----T-----G-----A-----C-----T-----T-----A-----C-----G-----T-----A-----AGA-----A-----	4840	
G. NG. 92. 92NG083	C-G-A-----T-----A-----A-----CAC-----T-----G-----C-----T-----T-----A-----C-----A-----A-----G-----G-----	4809	
G. SE. 93. SE6165	C-G-GA-----A-----G-----C-----T-----G-----C-----T-----T-----A-----C-----G-----A-----A-----A-----	4837	
H. BE. 93. VI991	C-GG-A-G-----A-----A-----C-----G-----T-----T-----T-----C-----G-----A-----TA-----T-----G-----T-----C-----TT-----	4829	
H. BE. 93. VI997	C-G--A-G-----GCT-G-----ACCC-----T-----T-----A-----C-----GGGA-----A-----GAG-----T-----T-----	4764	
H. CF. 90. 056	CTG--A-G-----G-----GC-G-----A-----C-----T-----T-----A-----C-----G-----A-----A-----GTG-----A-----A-----	4787	
J. SE. 93. SE7887	C-G-GA-G-C-A-----GC-G-----A-----G-----T-----T-----C-----G-----A-----A-----A-----	4754	
J. SE. 94. SE7022	CGG--A-G-C-A-----GC-G-----A-----C-----T-----T-----C-----G-----A-----A-----A-----	4755	
K. CD. 97. EQTB11C	CT----AG--C--A-----T-----GC-G-----A-----A-----T-----T-----A-----G-----A-----C-----T-----G-----T-----	4632	
K. CM. 96. MP535	CTG--A-G-C-A-----A-----C-----T-----T-----A-----AG-----G-----A-----A-----T-----G-----T-----	4636	



B. FR. 83. HXB2

01_AE.CF.90.90CF4071
 01_AE.JP.93.93JP_NH1
 01_AE.TH.90.CM240
 01_AE.TH.93.93TH9021
 02_AG.CM.02.02CM_1677LE
 02_AG.CM.97.97CM_MP807
 02_AG.FR.91.DJ264
 02_AG.NG.-.IBNG
 02_AG.SE.94.SE7812
 03_AB.BY.00.98BY10443
 03_AB.RU.97.KAL153_2
 03_AB.RU.98.RU98001
 04_cpx.CY.94.CY032
 04_cpx.GR.91.97PVCH
 04_cpx.GR.97.97PVMY
 05_DF.BE.-.VI1310
 05_DF.BE.93.VI961
 05_DF.ES.99.X492
 06_cpx.AU.96.BFP90
 06_cpx.ML.95.95ML127
 06_cpx.ML.95.95ML84
 06_cpx.SN.97.97SE1078
 07_BC.CN.-.CNGL179
 07_BC.CN.97.97CN001
 07_BC.CN.97.CN54
 07_BC.CN.98.98CN009
 08_BC.CN.97.97CNGX_6F
 08_BC.CN.97.97CNGX_7F
 08_BC.CN.97.97CNGX_9F
 08_BC.CN.98.98CN006
 09_cpx.GH.96.96GH2911
 09_cpx.SN.95.95SN1795
 09_cpx.SN.95.95SN7808
 09_cpx.US.99.99DE4057
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF071
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF110
 11_cpx.CM.02.02CM_4118STN
 11_cpx.CM.96.4496
 11_cpx.FR.99.MP1298
 11_cpx.GR.-.GR17
 12_BF.AR.97.A32989
 12_BF.AR.99.ARMA159
 12_BF.UY.99.URTR23
 12_BF.UY.99.URTR35
 13_cpx.CM.02.02CM_3226MN
 13_cpx.CM.96.1849
 13_cpx.CM.96.4164
 14_BG.ES.00.X475
 14_BG.ES.00.X477
 14_BG.ES.00.X623
 14_BG.ES.99.X397
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1331
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1332
 15_01B.TH.99.99TH_MU2079
 15_01B.TH.99.99TH_R2399
 16_A2D.KE.00.KISII5009
 16_A2D.KR.97.97KR004
 N.CM.-.YBF106
 N.CM.95.YBF30
 O.BE.87.ANT70
 O.CM.-.96CMABB009
 O.CM.91.MVP5180
 O.SN.99.SEMP1299
 CPZ.CD.-.ANT
 CPZ.CM.98.CAM5
 CPZ.GA.-.CPZGAB
 CPZ.US.85.CPZUS
 Vif

AAAAAGAGATATAGCACACAAGTAGACCCCTGAACTAGCAGACCACTAATTCATCTGTATTACTTTGACTGTTTTTCAGACTCTGCTATAAGAAAGGCCCTTATTAGGACACATAGTTAGCCCTAGGTGTG 5440
 C-GG-A-A-----A---T-----G-----G-----C-A-T-----A-----G-A-A-----AG-----A----- 5376
 C-G-GA-A-----A---G-----C-----G-----AC-A-T-----C-----G-GA-A-----AG-----A-G----- 5442
 C-G-GA-A-----A---T-----C-----A-----G-----AC-A-T-----G-----C-----G-A-A-----AG-----A-G----- 5014
 C-G-GAGA-----A---A---T-----C-----G-AG-----AC-A-T-----A---C-----C-----G-GA-A-----AG-----A-A----- 5454
 C-G--A-----C-----A---T-----C-----G-----C--C---T-----A-----C-----G-A-A-----AG-----A----- 4636
 C-G-GA-----A---T-----C-----G-----C-AC---T---A-----A---C-----C-A-A-----AG-----A----- 4596
 C-G-GA-A---C-----A-----C-----G-----CT-C---T-----A-----C-----G-A-A-C-----AG-----A----- 4789
 C-G--A-----A-----CT-----G-----C-----T---A-T-----C-----C-A-A-----G-A-----A----- 4965
 C-G-GA-----GA---T-----C-----G-----C--C---T-----C-----G-A-A-----A-----A-----A----- 4812
 ---G--G-----A---C-----T-----T-----A-----T---A-----T-G-----T----- 5443
 ---G-----A---C-----T-----T-----A-----T---A-----T-G-----T----- 4666
 ---G-----T-----A---C-----T-----T-----T---A-----T-G-----T----- 4810
 CTC-GA-----G---T-----C---G-----A---C-----T-----A---C-----G-A---A-----T-G-----T----- 4806
 CT--GA-----A---C-----C---G-----T-----A---C-----C-----C-A---A-----T-T-G-----T----- 5457
 CT--GA---C-----T---A---C---G-----G---C-----T-----A---C-----G-A---A-----G-----T----- 5454
 ---G-----AGC---G-----G-----T-----T-----A---C-----T---A-----GT-----T----- 4822
 ---GG--A-----A---G---G-----G-----A---T-----T-----A---C-----A---A-----T-T-G-----T----- 4797
 ---GG--A-----GC---G-----G-----T-----T-----A---C-----A---A-----T-T-G-----T----- 4793
 TTG-GA-----A-----AGTA-G-----T-----A-----C---G-A-----T-G----- 5468
 TTG-GA-----A-----GT---G-----A---C-----T-----G-----C---G-A---A-----CA----- 5457
 TTG--A-A-----G-----AGT---G-----A---C-----T-----A---C-----G-A---A-----TG-----A----- 4683
 TTG--A-----A-----AGT---G-----A---C-----T-----A---A---C-----GG-A---A-----T----- 5499
 TTG-GA-----C-----A---A---GC---G-----G-----T-----T-----T-----G-----G-A---A-----TT----- 4652
 TTG-GA-----C-----A---A---GC---G-----G-----T-----T-----T-----G-----G-A---A-----TT----- 4772
 TTG-GA-----C-----A---A---GC---G-----G-----T-----T-----T-----G-----A---G-A---A-----TT----- 4630
 TTG-GA-----C-----A---A---GC---G-----G-----T-----T-----T-----G-----G-A---A-----TT----- 4772
 TTG-GA---C---A---A---GC---G-----G-----A---T-----T-----T-----G-----C---G-A---A-----G-----TT----- 4620
 TTG-GA---C---A---A---GC---G-----G-----A---T-----T-----T-----G-----C---G-A---A-----G-----TT----- 4626
 TTG-GA---C---A---A---GC---G-----G-----A---T-----T-----T-----G-----C---G-A---A-----G-----TT----- 4620
 TTG-GA---C---AT-----A---A---GC---G-----G-----A---T-----T-----G-----C---G-A---A-----G-----TT----- 4772
 CTG--A-G---C---G-----CAGC---G-----A---AC-----T-----A---C-----G-A---A---A---G-T-G----- 4642
 CTG--A-AG---C---A---C---G-----A---A---T-----A---A---C-----C---G-A---A---T-G----- 4642
 CTG--A-G---C---A---C---G-----A---AC-----T-----A---A---C-----G-A---A---T-G----- 4630
 CTG--A-G---C---A---A---C---G---G-----A---AC-----T-----A---A---C-----G-A---A---T-G----- 4627
 CTG--A-----T-----A-----GC---G-----A---C---T-----T-----G---A-----G-A---A---AG-----CT-----A 4819
 CTG-GA-----T-----GC---G-----A---C---T-----T-----G-----C-----A---A---G-----G-----CT-----A 4817
 CTG-GA-----T-----GC---G-----T-----A---C---T-----T-----G---A-----G-A---A---G-----A---CT-----A 4808
 CTG--A-G---C-AA-----C---G-----A---C---T-----T-----G---A---C---G-GA---A-----T-G-----T----- 4642
 CTG--A-G---C---T-----GC---G-----A---C---Y---T-----T-----G---AA---C---G-A---A---T-G-----T----- 4800
 CTG--A-G---C---A-----GC---G-----A---C-----T-----A---A---C---C---G-CA---A-----T-T-G-----T----- 5434
 CGG--A-G---C---A-----G-----G-----A---C---C-----T-----G---A---C---G-A---A---T-G-----T----- 4742
 C-GGG---G-----G-----A-----GC---G-----G---C---A---A---T-----T-----C---G-A---A---T-G-A-----A 4992
 C-GGG---G-----G-----A-----GC---G-----G---G---C---A---A---T-----T-----A---A---C---A---A---T-A-A-----A 5445
 C-GGG---G-----G-----A-----GC---G-----G---C---A---A---T-----T-----A---A---C---G-T---A-----A 5466
 C-GGGA-AG-----G-----A-----GC---G-----G---C---A---A---T-----T-----A---A---C---G-T---A-----A 5463
 TTG--A---C---A---G-----GC---G-----A---C-----T-----A---C-----G-A---A---T-T-G-----A----- 4666
 CTG--A---C---A-----GC---G-----AC-C-----T-----C---G-A---A---T-G----- 4845
 CTG--A---C---A-----GC---G-----AC-C-----T-----A---A---C---G-T---A-----T-G----- 4842
 C-G-GA-----T-----A---T-----CT-----C---C---T-----A---A---G-----A---A-----T----- 4878
 C-G-GA-C-----T-----A---T-----CT-----A---T-----A---A---G-----A---A-----T----- 4881
 C-G-GA-C-----A---T-----C-----Y-----C---C---T-----A---G-----A---R-----GGA-----G----- 4880
 C-G-GA-----T-----A---T-----CT-----C---C---T-----A---G-----A---G-----G-AT-----T----- 4881
 C-GGGA-AC-----A---T-----C-----A-----G-----AC-A-T-----C-----G-GA---A-----AG-----A-G----- 4672
 C-G-GA-C-----A---T-----C---A---A---G-----AC-A-T-----T-----C-----G-A---A-----AG-----ATG----- 4661
 C-G-GAG-----A---T-----G-----AGGA-G-A-----AC-A-T-----A-----C-----G-GA---A-----AG-----ATA---T----- 4836
 C-G-GA-AT-----A---T-----C-----G-----G-----AC-A-T-----G-----C-----G-GA---A-----AG-----AAG----- 4795
 -TG-GA-G-----T-----A-----T---G---G---T-----C-----T-----T-----G---A---C-----G-A---A---G-T---T----- 4615
 C-GG-A---C---T-----A-----T---G---G---T-----C-----C-----T-----A---A-----A---A-----A----- 4803
 C--GGA-A---C---AG-----T---T-----A-G-----A-G-----A---TGT-----T---A-T-----A---CT-----C-----GC-A---GG-C---GAGACC---GTTA----- 5032
 CT--GA-A---C---AG-----T---T-----A-G-----A-G-----A---TC-----T-----T-----A---C-----C-----GC-A---GG-C---GAGACC---ATTA----- 5034
 T-T---AG---AA---GA-T-----AC-----AGGA-G-A-----C---T---AC-----A---CA---A---AG-C---G---A---A---CC-----G-G---ACTGA-C-A----- 5495
 T-C---A---G---AA---GA-T-----A-G-AC---G---AGGA-G-A-----A---T---CAC-----A---GG---A---A---C---A---YA---T---G---G---G---GCTGA-C----- 4913
 T-C---GAG---AA---GA-T---T-----AC-----AGGA-G-A-----C---T---CACA-----A---A---A---A---C---G---G---A---TC-----G---G---G---GCTGA-C-A----- 5470
 T-C---AG---AA---GA-T-----AC-----AG-A-G-A-----A---A---T---C-----A---G---A---A---C---G---A---A---CC-----G---G---G---ACTGA-C----- 5494
 TGTGGA-AG-----T-----A---AC---T---T---A-G---A---C-AA-----T---CCC-----TCAA---AG-C---C---A---AA---CC-----G-A---G-A---ATTGA-ATAC---CC 4885
 TGTGG-TC---C-AA-----T-----ACG---TAG-----C---TC---T-----T-----G---CT---C---C---G---A---TG-T-----GA-ACA---ATAT---A----- 5142
 CT-GGATCT---GT---G---G---T---CTTCAC---TAG-T-G---C---CTCTC-A---T-----T---C---G---AA---C---C---GA---TA-----G---GC---T---AGCG---C---T----- 5504
 C--GGA-CT---C-AG-----A---T-----A-G-----A-G-----A---T-----T-----A---C-----C---C---A---TG-T-----GAGACC---A---TT---C-AA----- 5500
 K K R Y S T Q V D P E L A D Q L I H L Y Y F D C F S D S A I R K A L L G H I V S P R C Vif



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	AATATCAAGCAGGACATAAC...AAGGTAGGATCTCTACAATACTTGGCA.....CTAGCAGCATTATAACA...CCAAAAAGATAAAGCCACCTTTGCCTAGTGTACGAAACTGACAGA	5552
A1.KE.00.MSA4069	-C--C--A-----T-A-----GAA--G-G-----C-----G--T-A----	4751
A1.KE.94.Q23_17	-----T-A-----GAA--G-----C-----G--T-A----	5010
A1.SE.94.SE7253	-----CA-----T-A-----GAA--G-----C-G-C-----G--T-AG	4756
A1.TZ.97.97TZ02	-----A-----T-A-----GAA--G-G-----C-----C-----G--T-AG	4747
A1.UA.00.98UA0116	-C--C-----C-----GAA--G-----C-G-GA-G-----G--A----	5551
A1.UG.85.U455	-T-----T-----GAA--G--C-----C-G-GC-----A--T-A----	4998
A1.UG.92.92UG037	-T-----A-----C-----T-----T-A-----AA--G-----TC-G-G-----A--T-AG	4919
A2.CD.97.97CDKS10	-----G-----T-GAA--G--GTC-----C--GC--G-----C-----G--T-AGT--	1669
A2.CD.97.97CDKTB48	-----T-----G-----G-----T-----T-GAG--G--G-T-----T--C-G-C-----G--T-AGT--	4892
A2.CY.94.94CY017_41	-----G-----G-----T-----T-GAA--G--G-T-----T--C-G-C-----G--T-AGT--	4909
B.AR.99.ARMA132	-----G-----A-A-----A-----A-----C-----GTA-----	4757
B.AU.95.MBCC54	-----G-----A-----A-----C-----G-----	4912
B.BO.99.BOL0122	-C-T--G-----G-----G-----A-----G-----C-----C-CA-T-----	4772
B.CN.-.RL42	-T-----G-----G-----A-----C-----C-G-----	4939
B.ES.89.S61K15	-----G-----A-----G-CCAAG-----	5563
B.GA.88.OYI	-----C-----A-----G-A-----A-----	5095
B.GB.83.CAM1	-----G-----A-----G-----G-----	5554
B.NL.86.3202A21	-----G-----A-----A-----	5554
B.TH.90.BK132	-----G-----A-----G-----G-----	4903
B.US.83.RF	-----G-C-----C-----	5069
B.US.90.WEAU160	-----G-----A-----	5551
C.BR.92.92BR025	-C-----T-----C-----G-A--G--A-----C-----A--T-AGT--	4889
C.BW.00.00BW3891_6	-T-----T-----G-A--G--A-----G--G-----C-----G--T-AGT--	4916
C.BW.96.96BW0502	-C-----T-----C-----G-A--G--A-----C--G-----C-----G--T-AGT--	5045
C.ET.86.ETH2220	-C-----T-----G-A--G--AG-----GC-----C-----GT--T-AGT--	4944
C.IL.98.98IS002	-C--C-----T-----G-A--G--A-----C-----C-----GT--T-AG	4886
C.IN.95.95IN21068	-C-----T-----G-A--C-G-A-----C-----A--A--T-AGTG--	4903
C.IN.99.01IN565_10	-C-----T-----G-----G-A--C-G-A-----C-----A--G--T-AGT--	4933
C.KE.00.KER2010	-T-----T-----C-----G-A--G--A-----C-----C-CA--T-AGT--	4733
C.MM.99.mIDU101_3	-T-----TAAAT-----C-----G-A--C-G-A-----C-----A--A--T-AGT--	4906
C.TZ.97.97TZ04	-C-----T-----G-A--G--A-----G-----C-----G-----AGT--	4747
C.TZ.98.98TZ017	-----T-----G-A--G--A-----GC--A-----C-----G--G--AGT--	4906
C.ZA.01.2134MB	-----G-----G-A--G--AG-----C-----C-----GA--T-AGT--	4972
C.ZA.97.97ZA003	-T--C-----CT-----G-A--G--A-----G-----C-----A--T--GT--	4868
C.ZM.96.96ZM651	-C-----T-----G-----G-A--G--A-----G-----C-----G--T-AGT--	4881
D.CD.83.ELI	-----C-----C-----G-T-----A-----G-----C-----G--G--A-----	5098
D.CD.83.NDK	-----CT-----G-T-----A-----G-----C-----G--G--A-----	5087
D.CD.85.Z226	-G-----G-----CT-----G-T-----A-----G-----G-----GT-A-----	5555
D.CM.01.01CM_0009BBY	-T-----CT-----T-----A--C--GAG-----A-----G--GT-A-----	4751
D.KE.01.01KE_NKU3006	-T-----T-----T-----A-----A-----G-----G--G--A-----	4757
D.TD.99.MN012	-T-----CT--G--TC-----A-----G-G-----G--G--A-----A--G--A-----	4776
D.UG.94.94UG114	-T-----T-----A-----G-----GG-----A-----C--GG--G-----	4907
D.UG.99.99UGA08483	-T-----C-----T-----T-----A-----G-----C-----A-----G--G-----	4757
D.UG.99.99UGB21875	-T-----T-----T-----A-----A-----A--G-----A--G-----	4757
F1.BE.93.VI850	-C-----T-----C-----T-----A-----G-T-----G-G--C-----GC-----CCA-----AGT--	4892
F1.BR.93.93BR020_1	-C-----C-----G-T-----A-----G-T-----C-----G-----CCA-----AGT--	4880
F1.FI.93.FIN9363	-C-----C-----T-----A-----G--T-T-----G--GC-----G-----C--A-----AGT--	4881
F1.FR.96.MP411	-C-----C-----T-----A-----G-T-----G--C-----G-----C--A-----AGT--	4754
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-C-----C-----T-----A-----C--G--C-----G--G-----G-----C--A-----AGT--	4745
F2.CM.95.MP255	-T-----C-----C-----T-----T-GA-----C-----C-----G-----AGT--	4751
F2.CM.95.MP257	-T-----C-----T-----T-----A-----C-----T-----G-----A-----C--G-----AGT--	4763
F2.CM.97.CM53657	-C-----C-----T-----T-----A-----C-----C-----G-----G-----AGT--	4745
G.BE.96.DRCBL	-----C-----G-----T-----T-----T-AA--T--G-GG-----C--G--G--G-----G--T-A-----	5509
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----T-----T-----T-A-----T-GAA--G--C-----C--G--A--G-----GT--T-A-----	4754
G.FI.93.HH8793_12_1	-----T-----T-----GAA--G-----C--C--G-----G--T-A-----	4952
G.NG.92.92NG083	---C-C-----T-----TC-----TCGAA--G-----C--G--A--G-----A-----GG--T-AG--	4921
G.SE.93.SE6165	-----T-----C-----T-----T-GAA--T--G-----T-----G--GT--G-----C-----G--T-AG--	4949
H.BE.93.VI991	-C-----GA-----T-----T-----G-A--T-----G--C-----GA-----AGT--	4941
H.BE.93.VI997	-----C-----C-----G-----G-----G-A--G--TG-----C-----AA--G--AGT--	4876
H.CF.90.056	-C--C-----A-----C-----A-----T-A-----G-GG-----GA--G--AGT--	4899
J.SE.93.SE7887	-C--C-----TC-----A-----G-----G--G-----CA-----AGT--	4866
J.SE.94.SE7022	-C--C-----TC-----T-A-----A-----G--G-----CA-----AGT--	4867
K.CD.97.EQTB11C	-C-----C-----C-----CT--G--T-----T-----A-----G-T-----C--A-----GG-----CCA-----AGT--	4744
K.CM.96.MP535	-G-----CT-----T-----CA-----G--G-T-----G--G--CC-----G-----A-----AGT--	4748



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	/ Vpr start	Vif end \	
B.FR.83.HXB2	GGATAGATGGAACAAGCCCCAGAGACCAAGGGCCACAGAGGGAGCCACACAATGAATGGACACTAGAGCTTTTAGAGGAGCTTAAGAATGAAGCTGTTAGACATTTTCTAGGATTGGCTCCATGGC		5681
A1.KE.00.MSA4069	-----G-----C-----A-----TGT-----G-----T-----C-----CCA-----T-----A		4880
A1.KE.94.Q23_17	A-----G-----T-----A-----TGT-----G-----T-----C-----CCA-----T-----A		5139
A1.SE.94.SE7253	-----G-----G-----T-----T-----TGT-----T-----G-----A-----T-----C-----CCA-----T-----G-----A		4885
A1.TZ.97.97TZ02	-----C-----A-----T-----GTGT-----G-----A-----T-----C-----C-----A-----T-----A		4876
A1.UA.00.98UA0116	---G---G---G---A---TGT---A---G---A---T---C---C---A---CCG---A---A		5680
A1.UG.85.U455	-----G-----G-----GT---GC---A---G---T---T---G---A---T---C---A---CAG---A---A		5127
A1.UG.92.92UG037	-----T-----G-----A-----TGT-----T---G---A---T---C-----CCA-----A		5048
A2.CD.97.97CDKS10	-----G-----G-----C-----GTG---A---A---C---C---G---A---G---C---C---CAG---A---A		1798
A2.CD.97.97CDKTB48	-----G-----C-----GTGT---A---G---A---C---A---A---C---CCG---A---A		5021
A2.CY.94.94CY017_41	-----T-----TGT---A---G---C---C---G---C---CAC---A---A		5038
B.AR.99.ARMA132	---C-----A-----T-----C-----CGG-----A---A		4886
B.AU.95.MBCC54	A-----T-----T-----G-----A-----A-----G-----CG-----G---A		5041
B.BO.99.BOL0122	-----A-----A-----A-----A-----G-----CG-----G---A		4901
B.CN.-.RL42	-----G-----T-----G-----GA-----A-----A-----A		5068
B.ES.89.S61K15	-----A-----T-----A---G---C-----A-----GA-----A		5692
B.GA.88.OYI	-----T-----T-----G-----A-----A-----A-----A		5224
B.GB.83.CAM1	-----A-----C-----T-----A-----G-----G-----CCA-----T---CA		5683
B.NL.86.3202A21	-----A-----A-----T-----A-----GA-----C-----CCA-----T		5683
B.TH.90.BK132	-----A-----T-----C-----C-----CA-----T---CA		5032
B.US.83.RF	-----T-----G-----C-----C-----A-----A		5198
B.US.90.WEAU160	-----T-----A-----G-----G-----A-----A		5680
C.BR.92.92BR025	-----G---A---G---A---T-----A---A---C---CGG---A---C---C---ACCA---T---		5018
C.BW.00.00BW3891_6	-----C-----G-----A---T-----G---C---A---C---C---G---C---C---ACCA---A---		5045
C.BW.96.96BW0502	-----G---G---A---T-----C---A---C---G---C---C---G---ACCA---T---		5174
C.ET.86.ETH2220	-----A-----G---G---A---T-----G---C---C---G---C---C---ACCA---AA---		5073
C.IL.98.98IS002	A---A---A---G---G---A---T-----G---C---A---C---G---C---C---ACCA---A---		5015
C.IN.95.95IN21068	A-----T-----T---G---G---A---A---T---T---C---G---T---C---C---C---ACCA---T---T---		5032
C.IN.99.01IN565_10	-----G---G---A---T-----C---C---C---G---C---C---C---C---CCA---T---		5062
C.KE.00.KER2010	-----C-----G---G---A---T-----A---C---A---C---A---C---C---ACCA---A---		4862
C.MM.99.mIDU101_3	-----C-----T---G---G---A---T-----C---A---C---G---C---C---C---CCA---T---		5035
C.TZ.97.97TZ04	-----G---G---A---T-----A---C---C---A---A---C---A---ACCA---A---		4876
C.TZ.98.98TZ017	A-----G---G---A---T-----C---A---C---G---C---C---C---ACCA---T---A---		5035
C.ZA.01.2134MB	-----G---C---T---G---G---A---T-----G---A---C---C---G---C---C---AG---A---A---		5101
C.ZA.97.97ZA003	-----C-----T---G---G---A---T-----A---C---A---C---G---C---C---G---C---ACCA---T---		4997
C.ZM.96.96ZM651	-----TT-----G---G---A---T---G---G---TT---A---C---A---C---G---C---C---ACCA---A---		5010
D.CD.83.ELI	A-----C-----G---T-----G---T-----G-----A-----A		5227
D.CD.83.NDK	A-----G---A---T-----T-----T-----G-----C-----A-----A		5216
D.CD.85.Z226	A-----A-----A---T-----T-----T-----G-----A-----A		5684
D.CM.01.01CM_0009BBY	A---C---G---G---A---T-----T---A---C---G---C---C---G---A---T---		4880
D.KE.01.01KE_NKU3006	A---C---G---G---A---T---G---C---T-----T-----A-----C-----G-----C-----C-----G-----A-----T-----A		4886
D.TD.99.MN012	A---C---G---C---GA-----T-----T-----A-----C---G---G-----C-----C-----A-----T-----A		4905
D.UG.94.94UG114	A---C---GA-----T-----T-----T-----G-----C-----G-----C-----G-----CCA-----T-----A		5036
D.UG.99.99UGA08483	A---C---G---G---A---T-----G---T---T-----C---G-----C-----G-----AGCA-----T-----A		4886
D.UG.99.99UGB21875	A---C---G---T-----C-----T-----C-----C-----AC---A-----T-----A		4886
F1.BE.93.VI850	---C-----G---G---T-----G---AA-----G-----C-----CCA---T---C---		5021
F1.BR.93.93BR020_1	A---C---G---G---A---T-----T-----T-----C-----CCA---A---		5009
F1.FI.93.FIN9363	A---C---G---T---G---A---T-----G---A---C-----C-----CCA---TC---		5010
F1.FR.96.MP411	A-----G---G---T-----T-----A-----A-----C-----CCA---T---A		4883
F2.CM.02.02CM_0016BBY	---A---C-----T-----C-----C-----AGAG-----A		4874
F2.CM.95.MP255	-----C-----T-----T-----C-----C-----GAA---AT---		4880
F2.CM.95.MP257	-----C-----G-----T-----C-----C-----GAG-----A		4892
F2.CM.97.CM53657	-----C-----G-----C-----C-----C-----GAG-----A		4874
G.BE.96.DRCBL	-----G-----G-----A---A---C-----G---T---A---G---A-----AC-----CCC-----T		5638
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----T-----G-----A---A---CT-----T---G---A---G---A-----A-----CCC-----A		4883
G.FI.93.HH8793_12_1	A-----T-----G-----A---A---CT-----G---T---A---G---A---G-----C-----CCC---T---		5081
G.NG.92.92NG083	A-----G---A---A---A---CT-----T---A---G---A---A-----A-----CCC-----A		5050
G.SE.93.SE6165	A-----G-----A---A---CT-----G---T---A---G---A-----A-----C-----T---		5078
H.BE.93.VI991	-----G-----G-----A-----A---G---A---A---G-----G---A-----CCA---T---A		5070
H.BE.93.VI997	---G---G-----A-----A-----G-----G-----C---G-----AGAC-----CAA		5005
H.CF.90.056	-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----G-----AG---A-----CAA		5028
J.SE.93.SE7887	-----C-----A---T---C-----G-----A-----C-----CCA---T---A---T		4995
J.SE.94.SE7022	-----G---A---A---T---C-----G-----A-----C-----C-----CCA---T---		4996
K.CD.97.EQTB11C	A-----G-----T-----G---A---A-----GA-----C-----CCA---A---		4873
K.CM.96.MP535	-----G-----A-----T---A---G-----GA-----C-----CCA---AAT		4877





```

/ Vpr start                               Vif end \
B. FR. 83. HXB2                            GGATAGATGGAACCAAGCCCCAGAAGACCAAGGGCCACAGAGGGGCCACACAATGAATGGACACTAGAGCTTTTATAGAGGAGCTTAAAGAATGAAGCTGTTAGACATTTTCTAGGATTTGGCTCCATGGC 5681
01 AE. CF. 90. 90CF4071                    A-----G-----A-A-C-----G-----T-----A-G-----A-----CC-----TT----- 5617
01 AE. JP. 93. 93JP NH1                    A-----T-G-----A-TA-CT-----T-----A-G-----A-----CCC----- 5683
01 AE. TH. 90. CM240                        A-----G-----A-A-CT-----T-----A-G-----A-----CCC-----A----- 5249
01 AE. TH. 93. 93TH9021                    A-----T-G-----C-A-A-C-----A-T-T-----A-G-----A-----CC-----A-A----- 5695
02 AG. CM. 02. 02CM 1677LE                 A-C-----G-----G-----A-GTT-----C-----G-----A-G-----A-----AC-----CAG-----A 4877
02 AG. CM. 97. 97CM MP807                  --C-----G-----A-----GTT-----T-G-A-A-----A-----AC-----CCA-----T-----A 4837
02 AG. FR. 91. DJ264                        A-C-----G-----G-----A-GTT-----G-----A-A-----A-----AC-----G-G-----CCG-----A 5030
02 AG. NG. -. IBNG                          A-C-----AG-----G-----GTC-----A-G-----A-----AC-----C-----CCG-----A 5206
02 AG. SE. 94. SE7812                       A-C-----G-----G-----GTT-----A-A-----A-----AC-----C-----CCG-----A 5053
03 AB. BY. 00. 98BY10443                    -----G-----A-----T-----G-----A-----G-----C-----G-G-----T----- 5684
03 AB. RU. 97. KAL153 2                     -----G-----A-----T-----G-----G-----C-----G-G-----T-----A----- 4907
03 AB. RU. 98. RU9800I                      -----G-----A-----T-----G-----G-----C-----G-G-----T-----A----- 5051
04 cpx. CY. 94. CY032                       -----G-----G-----A-A-A-T-----G-----A-----G-----ACCC----- 5047
04 cpx. GR. 91. 97PVCH                      -----G-----G-----A-A-A-T-----G-----A-----G-----ACCC----- 5698
04 cpx. GR. 97. 97PVMY                      A-----T-----G-----A-----T-----ACA-----G-----A-----T-----C-----ACCC-----A-T 5695
05 DF. BE. -. VI1310                        A-C-----G-----A-----T-----T-----AC-----CCA-----A----- 5063
05 DF. BE. 93. VI961                       A-C-----G-----T-----GT-T-----C-----G-----CCA-----T-----A----- 5038
05 DF. ES. 99. X492                         A-----A-----T-----T-----C-----A-G-----CCA-----T-----A----- 5034
06 cpx. AU. 96. BFP90                       -----G-----A-----T-----A-----G-----G-----A-G-----ACCA-----AA----- 5709
06 cpx. ML. 95. 95MLL127                   -----G-A-----A-----T-----T-----A-C-G-A-----A-G-----ACCA-----T-AAT----- 5698
06 cpx. ML. 95. 95ML84                       -----G-A-----A-----T-----T-----A-----G-A-----A-G-----ACCA-----AA----- 4924
06 cpx. SN. 97. 97SE1078                   -----A-----A-----T-----G-----A-----G-----A-G-----CCA-----T-A----- 5740
07 BC. CN. -. CNGL179                       -----T-----T-G-----G-----A-----C-----C-----C-G-----C-----C-----ACCA-----T-----A 4896
07 BC. CN. 97. 97CN001                      -----G-----T-G-----G-----A-----C-----C-----C-G-----C-----C-----ACCA-----T-----A 5016
07 BC. CN. 97. CN54                          -----T-----T-G-----G-----A-----C-----C-----C-G-----C-----C-----ACCA-----T-----A 4874
07 BC. CN. 98. 98CN009                      -----T-----T-G-----G-----A-----T-----C-----C-----C-G-----C-----C-----ACCA-----T-----A 5016
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F                    -----C-----T-G-----G-----A-----C-----A-C-----C-G-----C-----C-----ACCA-----T----- 4864
08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F                    -----C-----T-G-----G-----A-----C-----A-C-----C-G-----C-----C-----ACCA-----T----- 4870
08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F                    -----C-----T-G-----G-----A-----T-----C-----A-C-----C-G-----C-----C-----ACCA-----T----- 4864
08 BC. CN. 98. 98CN006                      -----C-----T-G-----G-----A-----T-----G-----C-----A-C-----C-G-----C-----C-----ACCA-----T----- 5013
09 cpx. GH. 96. 96GH2911                    -----G-----G-----A-A-A-----G-----A-----G-----A-----A-----CC----- 4883
09 cpx. SN. 95. 95SN1795                    -----G-----G-----G-----A-A-A-----A-----G-A-----A-----A-----CCC-----AG----- 4883
09 cpx. SN. 95. 95SN7808                    -----G-----A-----A-----A-----C-----G-----A-----A-----A-----CCC-----T----- 4871
09 cpx. US. 99. 99DE4057                    -----G-----G-----A-A-A-----A-----G-----AG-----A-----C-----CCC----- 4868
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061                  A-----G-----T-----T-----T-----C-----C-----C-----T-----AA----- 5060
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071                  A-C-----G-----G-----T-----G-T-----C-----C-----C-----G-----T-----A----- 5058
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110                  A-C-----A-----T-----G-T-----C-----G-----C-----C-----A-----T-----AA----- 5049
11 cpx. CM. 02. 02CM 4118STN                --C-----TG-----A-T-----G-----A-A-----A-----C-----A-----CCA-----A----- 4883
11 cpx. CM. 96. 4496                         -----G-----GT-----A-G-----A-----G-----C-----A-----C-G-----A----- 5041
11 cpx. FR. 99. MP1298                       -----G-----TG-T-----A-G-----A-----C-----A-----A-----CCG-----A----- 5675
11 cpx. GR. -. GR17                          -----G-----G-----A-T-----G-----TG-T-----A-G-----A-----C-----A-----G-----A-----CCA-----A----- 4983
12 BF. AR. 97. A32989                       A-C-----G-----G-----T-----G-----G-----C-----CCA-----A----- 5233
12 BF. AR. 99. ARMA159                      A-C-----C-----G-----T-----C-----C-----CCA-----A----- 5686
12 BF. UY. 99. URTR23                       A-C-----G-----G-----A-A-----T-----C-----CCA-----A----- 5707
12 BF. UY. 99. URTR35                       A-C-----G-----G-A-----T-----G-----G-----C-----CCA-----A----- 5704
13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MM                 -----G-A-----A-A-A-----G-----A-AC-----A-----CC----- 4907
13 cpx. CM. 96. 1849                         -----G-A-----A-A-A-----G-----G-----AC-----A-----CC-----T-----A----- 5086
13 cpx. CM. 96. 4164                         -----G-A-----A-A-A-----G-----G-----AC-----A-----A-C-----CC-----A----- 5086
14 BG. ES. 00. X475                          A-----G-----G-----A-CT-----G-T-----A-G-----A-----A-----CCC----- 5119
14 BG. ES. 00. X477                          A-----G-----G-----A-CT-----T-----A-G-----A-----A-----CCC----- 5122
14 BG. ES. 00. X623                          A-----G-----G-----A-CTM-----Y-T-----A-G-----A-----AM-----CCC-----A----- 5121
14 BG. ES. 99. X397                          A-----G-----G-----A-CT-----G-T-----A-G-----A-----A-----CCC----- 5122
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331                A-----T-G-----A-TA-CT-----C-----T-----A-G-----C-----CCC----- 4913
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332                A-----GT-G-----T-----A-TA-CT-----C-----T-----AT-G-----C-----A-----CCC----- 4902
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079                 A-----G-----T-G-----A-A-CT-----G-----C-----T-----A-G-----A-----A-----CCC----- 5074
15 01B. TH. 99. 99TH R2399                  A-----T-G-----A-A-CT-----G-----T-----A-G-----A-----A-----CCC----- 5036
16 A2D. KE. 00. KISII5009                   A-----T-----T-----G-----T-----G-----G-----A-----A----- 4856
16 A2D. KR. 97. 97KR004                     A-----T-----T-----C-----A-----T-----GA-----T-----CCA-----A-----A----- 5044
N. CM. -. YBF106                             A-----G-----G-----GC-----A-CT-T-----G-C-----AT-A-----A-----AT-A-----A-----GC-C-----A-----A-----G----- 5273
N. CM. 95. YBF30                             A-----G-----A-----TGC-----A-CT-T-----G-----AT-A-----A-----AT-A-----A-----GC-C-----A-----A-----G----- 5275
O. BE. 87. ANT70                             A-----A-T-----GA-T-----G-A-----GCT-AA-----CTT-----G-----C-----A-----A-----AGCA-----A-----A-----C-----CC-----A-C-C----- 5736
O. CM. -. 96CMABB009                        A-----G-A-----T-----A-----GA-A-----ACC-----G-----C-----G-----C-----A-----A-----A-----AGCA-----A-----A-----C-----CC-----A-A-C----- 5154
O. CM. 91. MVP5180                           A-----TG-----A-T-----G-----A-----GCT-----TT-----CC-G-----A-----G-----AG-A-----A-----A-----C-----CC-----T-----A-A-C----- 5711
O. SN. 99. SEMP1299                          A-----G-G-A-----T-----G-----T-----G-----A-----GCT-----A-----TT-----T-----CC-----A-----A-----A-----AGCA-----A-----A-----C-----ACC-----A-G-C----- 5735
CPZ. CD. -. ANT                             A-----GC-G-----TG-G-----A-----A-----ATG-----G-----TTGT-----AAC-----A-----AA-A-----A-----G-----A-----A-----C-----ACA-CC-ACAT-----A-----ACA----- 5138
CPZ. CM. 98. CAM5                            A-----ATA-----G-----G-----CA-A-----A-----T-----R-----AA-A-----A-----A-----A-----C-----G-----C-----C-----CC-----A-----A-----A----- 5383
CPZ. GA. -. CPZGAB                          A-----A-----G-----T-----CA-A-----A-----TT-----C-G-----G-----T-----ACC-----G-----A-----AT-A-----A-----A-----A-----C-----ACCA-----T-----G-----CAA----- 5745
CPZ. US. 85. CPZUS                          A-----TG-----GCC-----A-----A-----T-----G-----G-----T-----TG-C-----A-----A-----A-----AG-A-----G-----T-----GC-C-----ACCC-----A-----A----- 5741
Vif                                          _D_R_W_N_K_P_Q_K_T_K_G_H_R_G_S_H_T_M_N_G_H_$
Vpr                                          M_E_Q_A_P_E_D_Q_G_P_Q_R_E_P_H_N_E_W_T_L_E_L_L_E_E_L_K_N_E_A_V_R_H_F_P_R_I_W_L_H_G
\ Vpr start                               vif end /

```

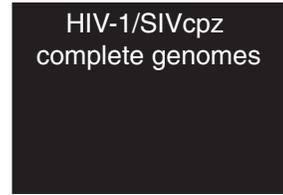


HIV-1/SIVcpz
complete genomes

Accession	Sequence	frameshift in HXB2	Vpr premature end in HXB2	Position
B.FR.83.HXB2	TTAGGGCAACATATCTATGAACTTATGGGATACTGGGCAGGAGTGAAGCCATAATAAGAATTCTGCAACAACCTGCTGTTTATCCATT	..TTCAGAATTGGGTGTCGACATAGCAGAATAGCGGTT		5808
A1.KE.00.MSA4069	---A---C---C---C---A---A---G---T---T---C---G---A---CT---	...C---A---G---A...		5006
A1.KE.94.Q23_17	---A---C---C---A---A---T---T---C---A---G---T---	...C---A---A...		5265
A1.SE.94.SE7253	---C---A---C---CC---A---T---T---G---C---T---A---G---T---	...C---C---A...		5011
A1.TZ.97.97TZ02	---A---G---A---C---A---A---T---T---A---A---G---T---	...C---A---A...		5002
A1.UA.00.98UA0116	---A---C---C---A---G---T---T---C---T---A---G---T---	...C---A---A...		5806
A1.UG.85.U455	---A---C---C---AG---T---T---T---C---T---A---T---	...C---A---A...		5253
A1.UG.92.92UG037	---C---C---C---A---T---T---T---G---A---G---	...C---C---A---C---A---A		5175
A2.CD.97.97CDKS10	C---A---T---A---AGT---C---A---T---T---C---T---	...C---A---A...		1924
A2.CD.97.97CDKTB48	C---G---A---A---T---C---A---AG---T---T---G---T---A---G---T---	...C---A---A...		5147
A2.CY.94.94CY017_41	C---A---T---C---A---T---C---C---A---T---TT---C---TA---	...C---A---G---A...		5164
B.AR.99.ARMA132	---A---T---C---A---T---C---C---	...A---A...		5012
B.AU.95.MBCC54	---G---A---G---	...A---G---A...		5167
B.BO.99.BOL0122	---G---A---A---C---T---	...A---C...		5027
B.CN.-.RL42	---G---A---C---A---T---	...A---A...		5194
B.ES.89.S61K15	---A---T---A---	...A---A...		5818
B.GA.88.OYI	---AA---T---A---	...A---A...		5350
B.GB.83.CAM1	---A---T---C---T---G---	...A---C---A...		5809
B.NL.86.3202A21	---A---T---T---	...A---A...		5809
B.TH.90.BK132	---T---A---C---G---T---	...G---A...		5158
B.US.83.RF	---A---T---A---A---T---	...A---A...		5324
B.US.90.WEAU160	---A---A---A---C---T---	...A---A...		5806
C.BR.92.92BR025	---A---C---A---A---G---G---T---G---A---G---	...C---AG---C---A...		5144
C.BW.00.00BW3891_6	C---T---G---A---A---C---TC---GT---A---T---	...A---C---AG---A---C...		5171
C.BW.96.96BW0502	---A---T---G---C---A---A---A---TC---A---A---T---	...C---A---A...		5300
C.ET.86.ETH2220	---A---T---C---T---G---A---TT---C---AA---	...A---C---AG---A...		5199
C.IL.98.98IS002	---A---T---C---ATG---A---T---A---	...C---C---AT---A...		5141
C.IN.95.95IN21068	---A---T---G---C---C---A---C---ATG---A---A---T---	...C---AG---A...		5158
C.IN.99.01IN565_10	---A---T---G---C---A---A---T---T---C---A---A---T---	...C---AG---A...		5188
C.KE.00.KER2010	A---A---T---G---C---A---C---T---C---C---A---T---	...C---AC---A...		4988
C.MM.99.mIDU101_3	---A---T---G---C---A---T---ATT---A---A---T---	...A---G---C---AG---A...		5161
C.TZ.97.97TZ04	---A---C---C---A---T---TC---A---T---	...C---TG---A...		5002
C.TZ.98.98TZ017	---A---T---C---C---A---T---TT---C---CG---	...C---TG---A...		5161
C.ZA.01.2134MB	---A---T---T---C---C---A---C---A---T---TC---GT---A---G---T---	...C---AG---AA---C...		5227
C.ZA.97.97ZA003	---A---GT---A---A---A---G---T---T---A---A---CT---	...C---AG---AA---A...		5123
C.ZM.96.96ZM651	---A---GT---A---A---T---C---G---T---A---A---T---	...C---AG---C---A---G...		5136
D.CD.83.ELI	---A---T---T---C---T---T---T---A---T---A---T---	...A---A---A...		5353
D.CD.83.NDK	---A---T---T---C---T---T---T---A---T---A---T---	...A---A---A---TA...		5342
D.CD.85.Z226	---A---T---T---C---T---T---TC---T---T---A---T---	...A---A---TA...		5810
D.CM.01.01CM_0009BBY	---A---T---T---C---A---T---T---C---G---C---A---C---T---	...C---A---A...		5006
D.KE.01.01KE_NKU3006	C---A---T---C---C---A---T---TC---C---T---A---G---	...G---TC---G---AA...		5012
D.TD.99.MN012	---A---T---T---C---A---T---TT---CCT---A---C---T---	...A---A---TA...		5031
D.UG.94.94UG114	C---A---T---C---A---T---T---C---C---T---A---A---T---	...A---A---A...		5162
D.UG.99.99UGA08483	C---A---T---C---A---T---TC---CC---T---A---G---	...A---A---A...		5012
D.UG.99.99UGB21875	C---A---G---C---A---T---T---C---T---T---	...C---A---A...		5012
F1.BE.93.VI850	---C---A---C---C---C---AG---T---T---G---AT---A---	...C---T---A...		5147
F1.BR.93.93BR020_1	---A---A---A---C---C---A---T---A---C---G---AT---A---	...C---T---A...		5135
F1.FI.93.FIN9363	A---A---T---A---C---C---AG---T---A---AT---G---A---	...C---AT---A...		5136
F1.FR.96.MP411	---A---T---A---C---C---A---T---T---G---A---A---	...C---A---A...		5009
F2.CM.02.02CM_0016BBY	---G---A---G---A---T---C---AG---T---T---G---CA---A---A---	...C---AT---A...		5000
F2.CM.95.MP255	---A---GT---A---C---C---A---AGG---T---A---T---G---A---A---A---	...C---AT---A...		5006
F2.CM.95.MP257	---A---G---A---C---C---AG---T---T---G---A---A---A---	...C---AT---A...		5018
F2.CM.97.CM53657	---A---G---CA---C---C---AG---TC---T---CA---A---A---	...AT---A...		5000
G.BE.96.DRCBL	---A---G---T---A---C---A---AG---T---A---A---A---A---	...C---A---A...		5764
G.CM.01.01CM_4049HAN	---A---T---A---C---A---A---A---T---A---A---G---	...C---C---A---TA...		5009
G.FI.93.HH8793_12_1	---A---G---A---C---A---A---G---T---T---A---A---A---	...C---A---A...		5207
G.NG.92.92NG083	---A---GT---A---C---A---A---T---A---A---A---A---	...C---C---A---A...		5176
G.SE.93.SE6165	---A---G---A---C---A---A---T---A---A---A---A---	...C---A---A...		5204
H.BE.93.VI991	---A---G---A---T---C---AG---T---T---C---T---A---CGCT---	...A---C---A...		5196
H.BE.93.VI997	---A---G---A---T---C---A---G---C---G---TT---C---T---	...C---AT---A...		5131
H.CF.90.056	---A---G---A---C---C---A---A---T---T---TT---CG---	...C---A---A---AA...		5154
J.SE.93.SE7887	---A---GT---AGC---A---A---A---C---A---A---AT---T---	...C---C---AT---A...		5121
J.SE.94.SE7022	---A---GT---G---AGC---A---A---A---C---G---A---AT---T---	...C---C---AT---A...		5122
K.CD.97.EQTB11C	---G---A---G---A---C---A---A---T---T---AT---A---A---	...AC---A---A---C...		4999
K.CM.96.MP535	C---G---A---G---AC---A---A---C---T---T---AT---A---A---	...C---AC---A...		5003



		frameshift in HXB2	Vpr premature end in HXB2	
B.FR.83.HXB2	TTAGGGCAACATATCTATGAAACTTATGGGGTACTTGGGCAGGAGTGAAGCCATAATAAGAATCTGCAACAACCTGCTGTTTATCCATT	TTCAGAATTGGGTGTCGACATAGCAGAATAGGCGTT		5808
01_AE.CF.90.90CF4071	-----A-G-----A-C-----A-G-T-----T-----T-----A-----G-T-----C-A-----A-----	-----A-----C-----A-----G-T-----T-----C-T-----A-----A-----G-T-----A-----A-----		5743
01_AE.JP.93.93JP.NH1	-----A-GT-C-----A-C-A-----A-G-T-----T-----C-T-----A-----A-----G-T-----A-----A-----	-----A-----C-----A-----G-T-----T-----C-T-----A-----A-----G-T-----A-----A-----		5809
01_AE.TH.90.CM240	-----A-GT-C-----A-C-A-----A-G-T-----T-----T-----A-----G-T-----A-----A-----	-----A-----C-----A-----G-T-----T-----C-----G-T-----A-----A-----G-T-----A-----A-----		5375
01_AE.TH.93.93TH9021	-----A-G-C-----A-C-A-----A-G-T-C-----T-----C-----G-T-----A-----G-T-----A-----A-----	-----A-----C-----A-----G-T-----T-----C-----G-T-----A-----A-----G-T-----A-----A-----		5821
02_AG.CM.02.02CM.1677LE	-----A-----C-----A-----G-T-----T-----CGT-----A-----G-T-----A-----A-----	-----A-----C-----A-----G-T-----T-----CGT-----A-----G-T-----A-----A-----		5003
02_AG.CM.97.97CM.MP807	C-----A-GT-----A-CA-C-----A-G-T-----T-----T-----A-----G-T-----C-A-----A-----	C-----A-GT-----A-CA-C-----A-G-T-----T-----T-----A-----G-T-----C-A-----A-----		4963
02_AG.FR.91.DJ264	-----A-----C-----A-----G-TC-----T-----T-----A-----G-T-----A-----A-----	-----A-----C-----A-----G-TC-----T-----T-----A-----G-T-----A-----A-----		5156
02_AG.NG.-.IBNG	-----A-----A-----A-----G-TA-----T-----T-----A-----AT-----G-T-----A-----A-----	-----A-----A-----A-----G-TA-----T-----T-----A-----AT-----G-T-----A-----A-----		5332
02_AG.SE.94.SE7812	-----A-----A-----A-----G-T-G-----T-----T-----A-----G-T-----A-----G-----A-----	-----A-----A-----A-----G-T-G-----T-----T-----A-----G-T-----A-----G-----A-----		5179
03_AB.BY.00.98BY10443	-----A--T-C-----A--C-----C--T-----G-----A-----A-----A-----	-----A--T-C-----A--C-----C--T-----G-----A-----A-----A-----		5810
03_AB.RU.97.KAL153.2	-----A--T-C-----A-----C-----T-----G-----A-----A-----A-----	-----A--T-C-----A-----C-----T-----G-----A-----A-----A-----		5033
03_AB.RU.98.RU9800I	-----A--T-C-----A-----A-----T-----G-----A-----A-----A-----	-----A--T-C-----A-----A-----T-----G-----A-----A-----A-----		5177
04_cpx.CY.94.CY032	C--A-G-----A-C-----A--C-----A--G-T-----T-----T-----A-----T-----C-A-----T-----A-----	C--A-G-----A-C-----A--C-----A--G-T-----T-----T-----A-----T-----C-A-----T-----A-----		5173
04_cpx.GR.91.97PVCH	C--A-GT-----A-CA-C-----A-G-T-----T-----C-----GT-----G-A-----G-T-----A-----A-----	C--A-GT-----A-CA-C-----A-G-T-----T-----C-----GT-----G-A-----G-T-----A-----A-----		5825
04_cpx.GR.97.97PVMY	C--A-GT-----T-C-----A--A--G-T-----T-C-----C-T-----A-----T-----C-A-----T-----A--C-----	C--A-GT-----T-C-----A--A--G-T-----T-C-----C-T-----A-----T-----C-A-----T-----A--C-----		5822
05_DF.BE.-.VI1310	-----GT-----A-C-C-----AG-----T-----T-----G--AT-A-----G-A-----C--C-----G-----A-----	-----GT-----A-C-C-----AG-----T-----T-----G--AT-A-----G-A-----C--C-----G-----A-----		5189
05_DF.BE.93.VI961	-----A-G-----A-C-C-----A-----C-G-TT-----C-----A-----CT-----C-AT-----TA-----	-----A-G-----A-C-C-----A-----C-G-TT-----C-----A-----CT-----C-AT-----TA-----		5164
05_DF.ES.99.X492	-----A-G-----A-C-C-----C-----AG-----C-G-T-----C-T-----A-----T-----C-AT-----TA-----	-----A-G-----A-C-C-----C-----AG-----C-G-T-----C-T-----A-----T-----C-AT-----TA-----		5160
06_cpx.AU.96.BFP90	A-----GT-----T--AGC-----A-----T-----TC--T-----CA-----T-----A-----G-----C-----C-AC-----G-----A-----	A-----GT-----T--AGC-----A-----T-----TC--T-----CA-----T-----A-----G-----C-----C-AC-----G-----A-----		5835
06_cpx.ML.95.95ML127	-----A--T-----C-----A-----T-----T-----A-----C--T-----C-----C-AC-----G-----A-----	-----A--T-----C-----A-----T-----T-----A-----C--T-----C-----C-AC-----G-----A-----		5824
06_cpx.ML.95.95ML84	-----A--T-----G-----A-----T-G-T-----AT-----A-----T-----C--A-C-A-----T-----A-----	-----A--T-----G-----A-----T-G-T-----AT-----A-----T-----C--A-C-A-----T-----A-----		5050
06_cpx.SN.97.97SE1078	-----A-G-C-----A-C-----A-----T-----AC-----C-----A-----C-AC-----A-----	-----A-G-C-----A-C-----A-----T-----AC-----C-----A-----C-AC-----A-----		5866
07_BC.CN.-.CNGL179	-----A-----A-----C-----T-----A-----AG-----A-----	-----A-----A-----C-----T-----A-----AG-----A-----		5022
07_BC.CN.97.97CN001	-----A-----A-----A-----T-----A-----AG-----A-----	-----A-----A-----A-----T-----A-----AG-----A-----		5142
07_BC.CN.97.CN54	-----A-----A-----A-----T-----A-----AG-----A-----	-----A-----A-----A-----T-----A-----AG-----A-----		5000
07_BC.CN.98.98CN009	-----A-----A-----C-----T-----A-----AG-----A-----	-----A-----A-----C-----T-----A-----AG-----A-----		5142
08_BC.CN.97.97CNGX.6F	-----A--T-G-----C-----A-----T--A-T--C-----A-----T-A--C--T-----C-AG-----A-----	-----A--T-G-----C-----A-----T--A-T--C-----A-----T-A--C--T-----C-AG-----A-----		4990
08_BC.CN.97.97CNGX.7F	-----A--T-G-----C-----A-----T--A-T-----A-----T-A--C--T-----C-AG-----A-----	-----A--T-G-----C-----A-----T--A-T-----A-----T-A--C--T-----C-AG-----A-----		4996
08_BC.CN.97.97CNGX.9F	-----A--T-G-----C-----A-----T--A-T-----A-----T-A--C--T-----C-AG-----A-----	-----A--T-G-----C-----A-----T--A-T-----A-----T-A--C--T-----C-AG-----A-----		4990
08_BC.CN.98.98CN006	-----A--T-GA-----C-----A-----T--A-T-----A-----T-A--T-----C-AG-----A-----	-----A--T-GA-----C-----A-----T--A-T-----A-----T-A--T-----C-AG-----A-----		5139
09_cpx.GH.96.96GH2911	-----A-----T--C-----A-----T-----T-----T-----T-A--G-T-----C-AT-----A-----	-----A-----T--C-----A-----T-----T-----T-----T-A--G-T-----C-AT-----A-----		5009
09_cpx.SN.95.95SN1795	-----A--C-----CT--C-----A--G-TC-----T-----T-----T-A--G-T-----A-----A-----	-----A--C-----CT--C-----A--G-TC-----T-----T-----T-A--G-T-----A-----A-----		5009
09_cpx.SN.95.95SN7808	-----A-----C-----A-----T-----T-----T-----T-A--G-T-----C-AT-----A-----	-----A-----C-----A-----T-----T-----T-----T-A--G-T-----C-AT-----A-----		4997
09_cpx.US.99.99DE4057	C--A-----G--A-----A-----TAT--T-----T-----T-----T-A-----T-----C-AT-----A-----	C--A-----G--A-----A-----TAT--T-----T-----T-----T-A-----T-----C-AT-----A-----		4994
10_CD.TZ.96.96TZ.BF061	C--A-----A--C--A-----T-----T-----C--T-----CC--C-----A-----	C--A-----A--C--A-----T-----T-----C--T-----CC--C-----A-----		5186
10_CD.TZ.96.96TZ.BF071	C--A-----A--C--A-----T-----T-----C--T-----AG--C-----A-----	C--A-----A--C--A-----T-----T-----C--T-----AG--C-----A-----		5184
10_CD.TZ.96.96TZ.BF110	C--A-----A--C--A-----T-----TC-----C--T-----C--A-----C-AG--C-----A-----	C--A-----A--C--A-----T-----TC-----C--T-----C--A-----C-AG--C-----A-----		5175
11_cpx.CM.02.02CM.4118STN	-G--A-----A-C-C-----A-----T-----T-----T-----GT--A--G-----G-----C-A-----A-----	-G--A-----A-C-C-----A-----T-----T-----T-----GT--A--G-----G-----C-A-----A-----		5009
11_cpx.CM.96.4496	-----A-C-C-----A-----T-----T-----A-----G-T-----G-----A-C-A-----T-----A-----	-----A-C-C-----A-----T-----T-----A-----G-T-----G-----A-C-A-----T-----A-----		5167
11_cpx.FR.99.MP1298	-----A--C-----A-C-C-----A-----T-----T-----T-----A-----G-----G-----C-A-----A-----	-----A--C-----A-C-C-----A-----T-----T-----T-----A-----G-----G-----C-A-----A-----		5801
11_cpx.GR.-.GR17	-----A--C-----A-C-C-----A-----T-----T-----T-----A-----G-T-----G-----C-A-----A-----	-----A--C-----A-C-C-----A-----T-----T-----T-----A-----G-T-----G-----C-A-----A-----		5109
12_BF.AR.97.A32989	-----A-----A-C-C-----AG-----T-----T-----G--CT-----C--A-----C-AT-----A-----	-----A-----A-C-C-----AG-----T-----T-----G--CT-----C--A-----C-AT-----A-----		5359
12_BF.AR.99.ARMA159	-----A-G-----A-C-C-----AG-----T-G-T-----G--AT-----A-----C-AG-----A-----	-----A-G-----A-C-C-----AG-----T-G-T-----G--AT-----A-----C-AG-----A-----		5812
12_BF.UY.99.URTR23	-----A-----A-C-C-----C-----AG-----T-----T-----G--AT-----A-----C-AT-----A-----	-----A-----A-C-C-----C-----AG-----T-----T-----G--AT-----A-----C-AT-----A-----		5833
12_BF.UY.99.URTR35	-----A--T-----A-C-C-----A-G-----T-----T-----G--AT-----A-----C-AT-----A-----	-----A--T-----A-C-C-----A-G-----T-----T-----G--AT-----A-----C-AT-----A-----		5830
13_cpx.CM.02.02CM.3226MN	-----A-G-----T--A-T-----A-----A-----T--G--T-----A--A-----A-----T-----C-A-----T-----	-----A-G-----T--A-T-----A-----A-----T--G--T-----A--A-----A-----T-----C-A-----T-----		5033
13_cpx.CM.96.1849	-----A-G-----A-C-----C-----A-----T-----T-----C-----G--A-----A-----T-----C-A-----T-----	-----A-G-----A-C-----C-----A-----T-----T-----C-----G--A-----A-----T-----C-A-----T-----		5212
13_cpx.CM.96.4164	-----A-G-----A-C-----A-----T--T-----T-----A--A-----A-----C--T-----C-A-----T-----	-----A-G-----A-C-----A-----T--T-----T-----A--A-----A-----C--T-----C-A-----T-----		5212
14_BG.ES.00.X475	-----A-GT-----A-C-----A-----T-----A--A--G--AT-----C-A-----A-----	-----A-GT-----A-C-----A-----T-----A--A--G--AT-----C-A-----A-----		5245
14_BG.ES.00.X477	-----A-GT-----A-C-----A-----T-----A--A--G--AT-----C-A-----A-----	-----A-GT-----A-C-----A-----T-----A--A--G--AT-----C-A-----A-----		5248
14_BG.ES.00.X623	-----A-G-----T-C-----A-----T-----C-----A--A--G--AT-----C-A-----T-----	-----A-G-----T-C-----A-----T-----C-----A--A--G--AT-----C-A-----T-----		5247
14_BG.ES.99.X397	-----A-GT-----A-C-----A-----T-----A--A--G--AT-----C-A-----A-----	-----A-GT-----A-C-----A-----T-----A--A--G--AT-----C-A-----A-----		5248
15_01B.TH.02.02TH.OUR1331	-----A-GT-C-----A-C-----A--A--G--T-----T-----T-----A-----A-----A-----	-----A-GT-C-----A-C-----A--A--G--T-----T-----T-----A-----A-----A-----		5039
15_01B.TH.02.02TH.OUR1332	AG-GT-C-----A-C-----A--G--T-----T-----T-----A-----G-T-----A-----G-----	AG-GT-C-----A-C-----A--G--T-----T-----T-----A-----G-T-----A-----G-----		5028
15_01B.TH.99.99TH.MU2079	-----A-GTCC--ACC-A-----A--G--T-----T--G-----T-----C-----A-----G-T-----T-----	-----A-GTCC--ACC-A-----A--G--T-----T--G-----T-----C-----A-----G-T-----T-----		5200
15_01B.TH.99.99TH.R2399	-----A-GT-C-----C-C-----A--G--T-----T-----CT-----A-----G-T-----A-----	-----A-GT-C-----C-C-----A--G--T-----T-----CT-----A-----G-T-----A-----		5162
16_A2D.KE.00.KISII5009	-----A-----T-----C-----C-----C-----T-----T-----A-----A-----AG-----TA-----	-----A-----T-----C-----C-----C-----T-----T-----A-----A-----AG-----TA-----		4982
16_A2D.KR.97.97KR004	-----A--T-----T--C-----C-----A-----T-----T-----A-----A-----T-----TA-----	-----A--T-----T--C-----C-----A-----T-----T-----A-----A-----T-----TA-----		5170
N.CM.-.YBF106	-----A--C-----A-C-A-----A--C--C--AG--G--A--G--A--T--C--G--A--A-----T-A-----AT--G--C--C--AG--C-----GA-----	-----A--C-----A-C-A-----A--C--C--AG--G--A--G--A--T--C--G--A--A-----T-A-----AT--G--C--C--AG--C-----GA-----		5399
N.CM.95.YBF30	-----A--C-----A-C-A-----A--C--C--AG--G--A--G--A--T--C--G--A--A-----T-A-----AT--G--C--C--AG--C-----GA--C-----	-----A--C-----A-C-A-----A--C--C--AG--G--A--G--A--T--C--G--A--A-----T-A-----AT--G--C--C--AG--C-----GA--C-----		5401
O.BE.87.ANT70	-G--A--T--C--T-----G-----C-----T-----TATG--A--T-----CT--A-----T-----C-----AT-----A--C--A-----T-----AA-----	-G--A--T--C--T-----G-----C-----T-----TATG--A--T-----CT--A-----T-----C-----AT-----A--C--A-----T-----AA-----		5862
O.CM.-.96CMABB009	-G--C--T--C--T-----G--A-----A--C--A-----AG--T--G--A--T-----GT--A-----R--A--A-----AT-----A--C--AG--T-----AA-----	-G--C--T--C--T-----G--A-----A--C--A-----AG--T--G--A--T-----GT--A-----R--A--A-----AT-----A--C--AG--T-----AA-----		5280
O.CM.91.MVP5180	-GT-----GT--C--T-----G-----A--C-----A-----TATG--A--T-----CT--A-----C-----AT-----A--C--A-----T-----AA-----	-GT-----GT--C--T-----G-----A--C-----A-----TATG--A--T-----CT--A-----C-----AT-----A--C--A-----T-----AA-----		5837
O.SN.99.SEMP1299	-G--A--T--C--T-----C-----C-----T-----TATG--T-----CT--A-----A--GC-----T-----A--C--A-----T--G-----AA-----	-G--A--T--C--T-----C-----C-----T-----TATG--T-----CT--A-----A--GC-----T-----T-----A--C--A-----T--G-----AA-----		5861
CPZ.CD.-.ANT	C--T--AA--TTGGG--A--C--A--C--A--T--A--AG--C--G--TTT--G--TTC--C--T--A--GCT-----CA-----AT--CAC--A--GCT-----G--A-----	C--T--AA--TTGGG--A--C--A--C--A--T--A--AG--C--G--TTT--G--TTC--C--T--A--GCT-----CA-----AT--CAC--A--GCT-----G--A-----		5261
CPZ.CM.98.CAM5	-----A-GT-C-----A-----A--AT--G--A--A--T--T-----AT-----T--T-----G-----T--GC--C-----GA-----	-----A-GT-C-----A-----A--AT--G--A--A--T--T-----AT-----T--T-----G-----T--GC--C-----GA-----		5509
CPZ.GA.-.CPZGAB	-----A--TTC--T-----C-----A-----A--T-----A--G--C-----CT--A-----CT-----T--C-----C--AG-----A--C-----	-----A--TTC--T-----C-----A-----A--T-----A--G--C-----CT--A-----CT-----T--C-----C--AG-----A--C-----		5871
CPZ.US.85.CPZUS	-----A-GT-C-----CAGT-----A--C-----AG--A-----A--T-----G--CT--A-----TT-----AT--G--C-----AAT-----G--GA--T-----	-----A-GT-C-----CAGT-----A--C-----AG--A-----A--T-----G--CT--A-----TT-----AT--G--C-----AAT-----G--GA--T-----		5868
Vpr	L G O H I Y E T Y G D T W A G V E A I I R I L O O L L F I H . F R I G C R H S R I G V			Vpr





HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	ACTCGA	CAGAGGAGAGCAAGA	/ Tat exon 1 start AATGGAGCCAGT	Vpr end \ AGATCCTAGACTAGAGCCCTGGAAGCATCCAGGAAGTCAGCCTAA	
B.FR.83.HXB2	5886
A1.KE.00.MSA4069-T-C-GGGAGAAGAGG--A--TC-G-T-G-GAC-----C-C-G-----C	5093
A1.KE.94.Q23_17-T-CGG-A-GC-G-C-GAC-----T-C-G-----C	5343
A1.SE.94.SE7253-TC-GG-A-TC-GG-T-GACT-----C-G-----C	5089
A1.TZ.97.97TZ02-T-CGG-A-GC-G-T-GAC-----T-C-G-----C	5080
A1.UA.00.98UA0116GTG-AAG-A-C-G-TAC-----T-G-----C	5884
A1.UG.85.U455-T-CGG-A-GC-G-T-GAC-----A-C-G-----C	5331
A1.UG.92.92UG037	AT.....-TGG-A-TC-GG-T-G-C-----C-G-----C	5255
A2.CD.97.97CDKS10AGA-A-T-G-A-----C-G-C-----	1999
A2.CD.97.97CDKTB48-T-CAGA-A-T-GG-C-ACT-----C-G-C-----	5225
A2.CY.94.94CY017_41-TAGA-A-T-GG-C-A-----C-G-----	5242
B.AR.99.ARMA132-T-C-----G-A-G-----	5090
B.AU.95.MBCC54-----G-----	5245
B.BO.99.BOL0122-TAC-AA-----T-----	5105
B.CN.-.RL42-T-A-----T-----	5272
B.ES.89.S61K15CT-GA-----	5896
B.GA.88.OYI-A-----	5428
B.GB.83.CAM1-T-A-T-G-----C-G-----	5887
B.NL.86.3202A21-T-AAGA-----A-----	5890
B.TH.90.BK132-T-A-----	5236
B.US.83.RF-T-A-A-----	5402
B.US.90.WEAU160-C-A-----A-----	5884
C.BR.92.92BR025CTAA--AAC-----C-----	5222
C.BW.00.00BW3891_6TTG---G-AAC-----T-----	5249
C.BW.96.96BW0502TTG---A-AAC-----A-----G	5378
C.ET.86.ETH2220TTA---AAC-----A-----C	5277
C.IL.98.98IS002-TA--A-AAC-----C-----	5219
C.IN.95.95IN21068TTG-C-A-AAC-----C-----	5236
C.IN.99.01IN565_10TTG---AAC-----C-----	5266
C.KE.00.KER2010CT---A-A-T---A-----T-----C	5066
C.MM.99.mIDU101_3GTGA-AAC-----C-----G-	5239
C.TZ.97.97TZ04GGG---G-AG-T--AC-----C-----C	5080
C.TZ.98.98TZ017-TG--A-C-----T-----C	5239
C.ZA.01.2134MBTTG-A-A-AAC-----C-----T	5305
C.ZA.97.97ZA003GTG---A-A-T-A-C-AC-----C-----G-	5201
C.ZM.96.96ZM651GT-A-G-CA-----C-----	5214
D.CD.83.ELI-T---A-T--AC-----C-----G	5431
D.CD.83.NDK-A-T--AT-----T-----C-----G	5420
D.CD.85.Z226-A-T--ACA-----C-----	5888
D.CM.01.01CM_0009BBY-A-T--AC-----A-----A-G	5084
D.KE.01.01KE_NKU3006-T---A-A-GAT-----A-----G-----G	5090
D.TD.99.MN012-C-A-T--AC-----C-----G-G	5109
D.UG.94.94UG114-A-A-AT---C-AT-----C-----G	5240
D.UG.99.99UGA08483G-T-A-A-C---C-AC-----C-----G	5090
D.UG.99.99UGB21875-T---A-A-GAC-----A-----G	5090
F1.BE.93.VI850GT-C-A-T---CT--T-----T-----C-----C	5225
F1.BR.93.93BR020_1-A-T---A-T--ACT--T-----C-----C-----C	5213
F1.FI.93.FIN9363-T---A-T---T--ATT--T-----C-----C-----CC	5214
F1.FR.96.MP411-T---A-T---A-T--ACT--T-----T-A-----C-----C	5087
F2.CM.02.02CM_0016BBY-T---A-A-AT---AATG---A--T-----C-----	5078
F2.CM.95.MP255-T---A-A-CT---AGT---A-A--T-----C-----G-	5084
F2.CM.95.MP257-T---A-A-AT---AGTG--AC--T-----A-----G-----G-	5096
F2.CM.97.CM53657-T---A-A-CT---AATG---A-----T-----G-----G-	5078
G.BE.96.DRCBL-T-C-CAGAG--A--T-GG--T-G-A-----G-G-----	5845
G.CM.01.01CM_4049HAN-C--A--T-G-C-GAT-----T-G-G-----T	5087
G.FI.93.HH8793_12_1-T-G-A-T-G-CAC-----C-G-G-----	5285
G.NG.92.92NG083-C-A-T-GG-C-G-C-AG-----T-G-G-----C	5254
G.SE.93.SE6165-A-C-G-A-G-T-GG-C-GAC-----T-G-G-----	5282
H.BE.93.VI991-G-A-T-G-CAC-A-----C-----C-----G	5274
H.BE.93.VI997-T---A-T---C--AC-A-----C-----A-----	5209
H.CF.90.056-A-T---C-A-----C-----C-----	5232
J.SE.93.SE7887-TA-C-A-A-GG-GACAG-----T-----	5199
J.SE.94.SE7022-TA-C-A-GG-GACAG-----C-----	5200
K.CD.97.EQTB11CTTA---A-G-GACA-----T-G-----A-----	5077
K.CM.96.MP535-TA-C-A-GG---T--ACA-----C-A-----	5081



	ACTCGA	CAGAGGAGAGCAAGA	AATGGAGCCAGT	AGATCCTAGACTAGAGCCCTGGAAGCATCCAGGAAGTCAGCCTAA	5886
B.FR.83.HXB2	
01_AE.CF.90.90CF4071-TA-.....-GA--AGAGC--G.....-TG-.....-A-----C-----G-----C	5819
01_AE.JP.93.93JP.NH1-TA-C.....GG--A--GC--G.....-G-.....-AC-----T-----G-----C	5887
01_AE.TH.90.CM240-TG-C.....GG--A--GC--G.....-A-TG-.....-AC-----T-----G-----C	5453
01_AE.TH.93.93TH9021-TA-C.....GG--A--GC--G.....-TG-.....-AC-----T-----N-----C	5899
02_AG.CM.02.02CM.1677LE-T-----AG-G-A--GC--G.....-TG-.....-C-----C-----C-----G-----C	5081
02_AG.CM.97.97CM.MP807-T-----GG--A--GC--G.....-G-.....-C-----C-----C-----G-----C	5041
02_AG.FR.91.DJ264-T-----GG--A--GC--G.....-G-.....-C-----C-----C-----G-----C	5234
02_AG.NG.-.IBNG-T-A-----GG--A--GC--G.....-TG-.....-C-----C-----C-----G-----C	5410
02_AG.SE.94.SE7812-T-----GG--A--GC--G.....-TG-.....-C-----C-----C-----G-----C	5257
03_AB.BY.00.98BY10443-T-C------G------T------G-----C-----	5888
03_AB.RU.97.KAL153.2-T-A------G------T------C-----	5111
03_AB.RU.98.RU98001-T-A------G------T------C-----	5255
04_cpx.CY.94.CY032-CTCAA.....AG--A--GC--GG.....G------GAC-----C-----G-----C	5255
04_cpx.GR.91.97PVCH	TT.....CT-A-----AG--A--GC--GG.....G-----G--AGATTTAGT-T------AC-----C-----G-----C	5915
04_cpx.GR.97.97PVMY	TT.....C--A-----AG--A--GC--GGCAGGG.....G------AC-----T-----C-----	5909
05_DF.BE.-.VI1310-CT------A--AT------T------AC-----T-----G-----	5267
05_DF.BE.93.VI961-T------A------T------C-----AC-----C-----G-----G	5242
05_DF.ES.99.X492-T------A------T------AC-----C-----G-----G	5238
06_cpx.AU.96.BFP90-TA-C.....-A--GG------T------A-A-----T--G-----G-----	5913
06_cpx.ML.95.95ML127-TA------A--GG------T------ACA-----T--G-----G-----	5902
06_cpx.ML.95.95ML84-TG------A--GG--G------T------A-A-----T--G-----G-----	5128
06_cpx.SN.97.97SE1078-TA-T.....-A--GG------T------ACA-----T--A-----G-----	5944
07_BC.CN.-.CNGL179TTGA------A--A------T------A-T-----T-T-----	5100
07_BC.CN.97.97CN001TTGA------A--A------T------A-A-T-----T-----	5220
07_BC.CN.97.CN54TTGA------A--A------T------A-A-T-----T--G-----	5078
07_BC.CN.98.98CN009TTGA------A--A------T------A-T-----T-T-----	5220
08_BC.CN.97.97CNGX_6FGTGA------A------T------AC-----C-----G-----	5068
08_BC.CN.97.97CNGX_7FGTGA------A------T------AC-----C-----G-----	5074
08_BC.CN.97.97CNGX_9FGTGA------A------T------AC-----C-----G-----	5068
08_BC.CN.98.98CN006GTGA------A------T------AC-----C-----	5217
09_cpx.GH.96.96GH2911-T--GGG.....AG--A--GC--G.....G-----TG------AC-----C-----G-----GC	5090
09_cpx.SN.95.95SN1795-T--GGG.....AG--A--TC--G.....G-----G------AC-----T-----C-----G-----G-----GC	5090
09_cpx.SN.95.95SN7808-T--GGG.....AG--A--TC--G.....G--T--G------AC-----C-----G-----GC	5078
09_cpx.US.99.99DE4057-T--GGG.....AG--A--TT--G.....G--C--G------C--AC-----A-----C-----G-----C-----GC	5075
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061-GTG------A------A------C--AC-----C--C-----C-----	5264
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071-T------A------T------ACT-----C--C-----C-----	5262
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110-TG------A--A------T------A-----T--C-----C-----	5253
11_cpx.CM.02.02CM.4118STN-C-----GG--A--GC------T------ACA-----C--A-----C--A-----	5087
11_cpx.CM.96.4496-T-A-----GG--A--GC------T------C--ATA-----C--G-----G-----	5245
11_cpx.FR.99.MP1298-T-----GG--A--GC------T------C--A--A-----C-----	5879
11_cpx.GR.-.GR17-TC-----GG--A--GC------G------AT--ACA-----T-----T--G--G-----	5187
12_BF.AR.97.A32989-GT------A--T------T------ACT--T-----C-----C-----C-----	5437
12_BF.AR.99.ARMA159-TG------A--T--C------T------ACT--T-----C--C-----CA--TC-----	5890
12_BF.UY.99.URTR23-T------A--T------T------AC--T-----C-----C-----C-----	5911
12_BF.UY.99.URTR35-T------A--T------T------ACT--T-----C-----A--C-----	5908
13_cpx.CM.02.02CM.3226MNGTG------A--A--GT------C------ACA-----C--G-----	5111
13_cpx.CM.96.1849GTG------A--A--GT------T------A--A-----C--G-----	5290
13_cpx.CM.96.4164GTG--G.....-A--A--GT------T------A--A-----C--C-----	5290
14_BG.ES.00.X475-T-C------G--A--T--G-----G--C--G------AT-----T-----G-----	5323
14_BG.ES.00.X477-T-C------G--A--T--G-----G--C--G------AT-----C-----G-----	5326
14_BG.ES.00.X623TTG------G--A--T--G-----G--C--G------AC-----T-----G-----	5325
14_BG.ES.99.X397-T-C------G--A--T--G-----G--C--G------AT-----T-----G-----	5326
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331TTG-----GG--A--GC--G.....-TG------AC-----T-----G-----C-----	5117
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332-TA-C.....GG--A--GC--G.....-TG------AC-----T-----G-----A-----C-----	5106
15_01B.TH.99.99TH_MU2079-T-C-----GG--A--C--GAGG.....-C--G------T--AC-----T-----G-----G-----C-----	5281
15_01B.TH.99.99TH_R2399CTG-C--GGGAGAAGAGACAGGATTGG--A--GC------G------G------AC-----T-----G-----C-----	5258
16_A2D.KE.00.KISII5009CT--G.....-GA------C------AC-----C--C-----C-----GG	5057
16_A2D.KR.97.97KR004-TG-C.....-AG------T------AC-----C-----C-----C-----GG	5245
N.CM.-.YBF106-CC------A--GAG--G------T------T-----T-----C--A--C-----	5474
N.CM.95.YBF30-CT------A--GAG--G------T------T-----T-----C--A--C-----	5476
O.BE.87.ANT70-AC-C-AG.....AGGA--AG--AG------T------GAGG-GCCC--T--C-C--C--T-----CC	5943
O.CM.-.96CMABB009-TC-C-TCTAAC.....ATAAGAGGA--AG--AG------T------GA-T-GCCC--T--C-T-C--T-----CA--CC	5370
O.CM.91.MVP5180CTC-C-TCTAAC.....ACAAGAGGA--AG--AG------T------GAGA-GCCC--T--C-T-C--T--G--CA--CC	5927
O.SN.99.SEMP1299-C-C-TCTAAC.....ACAAGAGGA--AG--AG------T------GAGA-GCCC--T--C-T-C--T-----CC	5951
CPZ.CD.-.ANTCT--YT.....G-----AGG------C-----C--C------CG--GA-AC-CCT--A--TTA--C--TCCTGC-ACA--AGC	5318
CPZ.CM.98.CAM5CTC-C------A--A--AG-TCC.....-T-----A------Y--AT-----CTA-----	5584
CPZ.GA.-.CPZGABCTC-C------A--A--AG-TCC.....-T-----A------GAC--G-----A--C-----C-----A--G	5949
CPZ.US.85.CPZUS	CCTTGGCAAGGAGA--CT------A--G-GAG--G------T-----A------ACA-----T-----G-----C-----	5957
VprT R.....Q R R A R.....N G A S.....R S \$.....	
Tat exon 1T R.....Q R R A R.....M E P.....V D P R L E P W K H P G S Q P K.....	Tat
		\ Tat exon 1 startVpr end /	



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	AACTGCTTGTACCAATTGCTATTGTAAAAAGTGTGCTTTCATTGCCAAGTTTGTTCATACACAAAAGCCTTAGGCATCTCTCTATGGCAGGAAGAAG.....CGGAGA.....CAGCGACGAAGA...	6001
A1.KE.00.MSA4069	---AC-----G--A-T-C-----AG--C--TT-G-AC--G-----G-----	5208
A1.KE.94.Q23_17	---C-A-A-T-C-----T-A--T--C--TT-G-AC--G-----G-----	5458
A1.SE.94.SE7253	---C--G-T-C-----A--AT--C--TCAG-AC--G-----G-----	5204
A1.TZ.97.97TZ02	---AC-C--G-G-T-C-----A--C--C--TT-G-AC--G-----G-----	5195
A1.UA.00.98UA0116	---G--T-C-----GT--A--C--TC--A--G-----CA--CG--G-----	5999
A1.UG.85.U455	---G--C-T-----GT--GG--C--TC-G-A--G-----T--A--A--CC--G-----	5446
A1.UG.92.92UG037	---C--A-G-T-C-----GT--A--TGC--C--TC-G-AC--G-G-----A--CC--G-----	5370
A2.CD.97.97CDKS10	---A--G-----A--GC-G--C--TT--AC--G-----CC--G-----	2114
A2.CD.97.97CDKTB48	---A-----A--AGG--C--TC--AC--G-----CC--G-----	5340
A2.CY.94.94CY017_41	---A-T-----CGC--A--GT-G--C--T--AC--G-----C--AC--CC--AG--	5357
B.AR.99.ARMA132	---C-----CA-----A-----G-----G-----	5205
B.AU.95.MBCC54	G---G---C-----A-----G---T-----G-----A-----	5360
B.BO.99.BOL0122	---C-----C-----T-----A-----G-----	5220
B.CN.-.RL42	G---A-----C-----G-A-----G-----T-----A-----	5387
B.ES.89.S61K15	G-----C-----C-----G-----G-----	6011
B.GA.88.OYI	G---A--A-----G-----C--C--T-----C--A-----G-----T-----	5543
B.GB.83.CAM1	G-----C-----C-----G-----G-----	6002
B.NL.86.3202A21	G---A-----C-----C--A-----G-----	6005
B.TH.90.BK132	G--G---A-C-----A-----C--A-----G-----	5351
B.US.83.RF	G---A-----A-----C--T-----G-----A-----G-----	5517
B.US.90.WEAU160	G-----GA-----G-----G-----	5999
C.BR.92.92BR025	---C-AT---T-C---GA-CA-A---T-T---C--TCAG--G---T-----C-----	5337
C.BW.00.00BW3891_6	T-----AT-A---C--CA-AC--T-T---C--TCAG-A--G---T-----C-----	5364
C.BW.96.96BW0502	---T-A---T-C---AC--T---C--TCAG--G---T-----C-----	5493
C.ET.86.ETH2220	G---ATC-A-T---A-A-A---T-T---C--TC-G---G---T-----C-----	5391
C.IL.98.98IS002	---AT-G-T-T---A-A---T-T---C--TCAG-A--G-G---T-----C-----	5334
C.IN.95.95IN21068	---C-AT-C-T---A-A-AC--T-T---C--TCAG-A--G---T-----C-----	5351
C.IN.99.01IN565_10	---C-AT-C-T---T-A-AC--T-T---C--TCAG-A--G---T-----C-----	5381
C.KE.00.KER2010	---C-AT-CG-T---A-A-A---T-T---C--TCAG-A--G---T-----A-----C-----	5181
C.MM.99.mIDU101_3	---C-AT---CGC-A-AC--T-T---C--TCAG-A--G---T-----C-----	5354
C.TZ.97.97TZ04	---CC--AT-G---C-C-G-A---T-T---C--TCAG--G---T-----C-----	5195
C.TZ.98.98TZ017	---CC--AT-CG---C--A-A-A---C--T-T---C--TCAG--G---T-----A-----	5354
C.ZA.01.2134MB	---C--AT-A---C-C-A-AC--C--T-T---C--TCAG--G-C---T-----C-----	5420
C.ZA.97.97ZA003	---C--AT-G---C-T-A-AC--T---C--TC-G---G---T-A-----C-----	5316
C.ZM.96.96ZM651	---AT-G-T---C-CGC-A-A---T-T---C--TCAG--G---T-A-----C-C-----	5329
D.CD.83.ELI	G--C---A--G-TC-----A---C---C--T--AC--G-----G-----	5546
D.CD.83.NDK	G---AT-G-TC-----A---C---G---G-----A-----A-----	5535
D.CD.85.Z226	G---A--GG-TC-----A---C---G---G-----A-----A-----	6003
D.CM.01.01CM_0009BBY	T---A-TCA-T---C---A---C---AG-G---G-----A-AG---G-----	5199
D.KE.01.01KE_NKU3006	G---C---A-A---C---A---T-C-G---C---G---G-----A-----G-----	5205
D.TD.99.MN012	T---C---G-CCA-T---C---AC---GC---C---G---G---G-----A-AG---C-----	5224
D.UG.94.94UG114	G---C---A-A---G---A---TT-C-G---G---G---G-----C-----	5355
D.UG.99.99UGA08483	G---C---A-A---A---T-AA---C---G---G---G-----G-----	5205
D.UG.99.99UGB21875	G---C---A--G-T---C---A---CA---C---G---G-----G-----	5205
F1.BE.93.VI850	---C---A-T---CGA-----TGG--C--T-C--G-G-G-----AC-----	5340
F1.BR.93.93BR020_1	---C---GA-T---TG-----TT-CTGG--C--T-C--G-G-G-----C-----	5328
F1.FI.93.FIN9363	---C---A-A---CG-----T-CTGG--C--TGC--G-G-G-----A-AC-----	5329
F1.FR.96.MP411	---C---A-T---CG-----T-CTGC--C--TGC--G-G-G-----A-AC-----	5202
F2.CM.02.02CM_0016BBY	G-A-C---AT-A-T---G-----C-G-C--T-C--GC-G-G-----C-----	5193
F2.CM.95.MP255	G---C---AT-C---A---C---C-T-G--C--T--G-AG--G-G-----	5199
F2.CM.95.MP257	G---C-G---AT-A---C---C-G--C--T-C--GG-G-G-----A-----	5211
F2.CM.97.CM53657	G---C---AT-A-T-C---T-G--C--T-C--GG-G-G-----	5193
G.BE.96.DRCBL	---C-C---A-----G-----C--TC-G-AC--G-----AG-----C-----G-----	5957
G.CM.01.01CM_4049HAN	---C-C---AT-C-----GG-----TA--C--TT-G-AC--G-----CA--G-----	5202
G.FI.93.HH8793_12_1	G---A-G-----TA---GG--T---C--TC-G-AC--G-G-----AG-----C-----	5400
G.NG.92.92NG083	---C-C---A-A-T---GT--C---GG--T---C--TT--AC--G-----CC--G-----	5369
G.SE.93.SE6165	---C-C---A-A-T-T---GT-----GG-----C--TC-G-AC--G-----AG-----C-----G-----	5397
H.BE.93.VI991	---A---T---C---A---T-A--C--TT--AG--G-----T-A-----A-----G-G-----	5389
H.BE.93.VI997	---C---A---T---C---CA-----T-G--C--TT--AG--G-----C-----G-----GC-----	5324
H.CF.90.056	---A---T---C---A---A-G--C--TT--AG--G-----A-T-----C-----AC-----	5347
J.SE.93.SE7887	---T---T---A---T---G--C--TC--CAG--G-G-----T-----TC-----	5314
J.SE.94.SE7022	---T---T---A---T---G--C--TC--CAG--G-G-----T-----A-----TC-----	5315
K.CD.97.EQTB11C	---C---A-C-G-T---A---T---C-A-C--TT-GCAG--G-G-----T-G-----G-----A-----AC--C-----	5192
K.CM.96.MP535	---A-C-G---CG-----A---A-A-C--TT--AG--G-G-----T-A-----A-----CC--C-----	5196





B. FR. 83. HXB2

01_AE.CF.90.90CF4071
 01_AE.JP.93.93JP NH1
 01_AE.TH.90.CM240
 01_AE.TH.93.93TH9021
 02_AG.CM.02.02CM 1677LE
 02_AG.CM.97.97CM MP807
 02_AG.FR.91.DJ264
 02_AG.NG.-.IBNG
 02_AG.SE.94.SE7812
 03_AB.BY.00.98BY10443
 03_AB.RU.97.KAL153_2
 03_AB.RU.98.RU98001
 04_cpx.CY.94.CY032
 04_cpx.GR.91.97PVCCH
 04_cpx.GR.97.97PVMY
 05_DF.BE.-.VI1310
 05_DF.BE.93.VI961
 05_DF.ES.99.X492
 06_cpx.AU.96.BFP90
 06_cpx.ML.95.95ML127
 06_cpx.ML.95.95ML84
 06_cpx.SN.97.97SE1078
 07_BC.CN.-.CNGL179
 07_BC.CN.97.97CN001
 07_BC.CN.97.CN54
 07_BC.CN.98.98CN009
 08_BC.CN.97.97CNGX 6F
 08_BC.CN.97.97CNGX 7F
 08_BC.CN.97.97CNGX 9F
 08_BC.CN.98.98CN006
 09_cpx.GH.96.96GH2911
 09_cpx.SN.95.95SN1795
 09_cpx.SN.95.95SN7808
 09_cpx.US.99.99DE4057
 10_CD.TZ.96.96TZ BF061
 10_CD.TZ.96.96TZ BF071
 10_CD.TZ.96.96TZ BF110
 11_cpx.CM.02.02CM 4118STN
 11_cpx.CM.96.4496
 11_cpx.FR.99.MP1298
 11_cpx.GR.-.GR17
 12_BF.AR.97.A32989
 12_BF.AR.99.ARMA159
 12_BF.UY.99.URTR23
 12_BF.UY.99.URTR35
 13_cpx.CM.02.02CM 3226MN
 13_cpx.CM.96.1849
 13_cpx.CM.96.4164
 14_BG.ES.00.X475
 14_BG.ES.00.X477
 14_BG.ES.00.X623
 14_BG.ES.99.X397
 15_01B.TH.02.02TH OUR1331
 15_01B.TH.02.02TH OUR1332
 15_01B.TH.99.99TH MU2079
 15_01B.TH.99.99TH R2399
 16_A2D.KE.00.KISII5009
 16_A2D.KR.97.97KR004
 N.CM.-.YBF106
 N.CM.95.YBF30
 O.BE.87.ANT70
 O.CM.-.96CMABB009
 O.CM.91.MVP5180
 O.SN.99.SEMP1299
 CPZ.CD.-.ANT
 CPZ.CM.98.CAM5
 CPZ.GA.-.CPZGAB
 CPZ.US.85.CPZUS

AACTGCTTGTACCAATTGCTATTGTAAAAAGTGTGCTTTCATTGCCAAGTTTGTTCATAACAAAAGCCTTAGGCATCTCCTATGGCAGGAAGAAG.....CGGAGA.....CAGCGACGAAGA... 6001
 -----A-G-T-C-----TA-----GG-----C-A-C-TC-G-A--G-G.....AG.....-C-----G.... 5934
 -----G-G-T-C-----A-----GG-----C-A-C-TC-G-A--G-G.....AG.....-C-----G.... 6002
 -----G-G-T-C-----A-----GG-----C-A-C-TC-G-A--G-G.....AG.....-C-----G.... 5568
 -----G-G-T-C-----TA-----GG-----C-A-C-TC-G-A--G-G.....AG.....-C-----G.... 6014
 -----G-G-T-C-----TA-C--GG-----T-G-C-TC-G-AC--G-G.....-GC-----CG.... 5196
 -----G-A-T-C-----T-C--GG-----T-G-C-TC-G-AC--G-G.....-TC-----CG.... 5156
 -----G-T-C-----TA-C--GG-----T-G-C-TC-G-AC--G-G.....R.....-GC-----G.... 5349
 -----G-G-T-C-----T-C--G-----T-G-C-TC-G-AC--G-G.....-GC-----G.... 5524
 -----G-A-T-C-----TC-----GG-----T-A-C-TC-G-AC--G-G.....-GC-----G.... 5372
 -----T-----C-----TC-----G-A-----G.....G.....-G..... 6003
 -----TC-----G-A-----G.....G.....-G..... 5226
 -----TC-----G-A-----G.....G.....-G..... 5370
 -----A-----A-G-T-TC-----GG-----C-TC-G-A--G-G.....A-----T-----G.... 5370
 -----A-----A-T-TC-----GG-----T-----C-----TC-G-A--G-G.....AG.....-C-A-----G.... 6029
 -----G-T-TC-----GT-----A-----T-----C-----TC-GCG-----G.....AG.....-C-----G.... 6024
 G-----A-C-G-----T-----A-----AA-----C-----G-----G.....-C-----G.... 5382
 G-----A-C-A-TC-----A-----A-----C-----G-----G.....TC-----G.... 5357
 G-----A-C-G-T-----A-----T-----C-----G-----G.....AC-----G.... 5353
 G-----A-----A-----A-----C-G-C-TC-----AC--G-G-----T-----CAG.... 6028
 -----CCA-----A-----AC-----C-G-C-TT-----AC--G-G-----T-----A-----C.... 6017
 G-----TCA-----G-----A-----CGC-G-C-TT-----AC--G-G-----T-----A-----C.... 5243
 G-----TCA-----C-----T-A-----C-----TT-----AC--G-G-----T-----A-----C.... 6059
 G-----C-----AG-----CG-A-----G-----T-----A-----C.... 5215
 G-----A-G-----C-----CG-A-----G-----T-----A-----C.... 5335
 G-----A-G-----C-----CG-A-----G-----T-----A-----C.... 5193
 G-----C-----G-----G-----T-----A-----C.... 5335
 -----C-AT-C-----CGC-A-----AC-----T-T-----C-TCAG-A-----G-----T-----C.... 5183
 -----C-AT-C-----CGA-A-----AC-----T-T-----C-TCAG-A-----G-----T-----C.... 5189
 -----C-AT-C-----CGC-A-----AC-----T-T-----C-TCAG-A-----G-----T-----C.... 5183
 -----C-AT-C-----CGC-A-----AC-----T-T-----C-TCAG-A-----G-----T-----A-----C.... 5332
 -----A-----A-T-C-----GA-----A-----CAC-----C-----T-G-AC-----G-----A-----GC.... 5205
 C-----A-G-T-C-----A-----AC-----T-----AAA-----C-----TT-G-AC-----G-----G-----GC.... 5205
 -----A-----C-T-C-----AC-----T-C-----C-----TT-G-AC-----G-----G-----GC.... 5193
 -G-C-----A-----C-----AC-----AAG-----C-----TT-G-----G-----G-----GC.... 5190
 -----AT-A-----C-----GCA-----A-----A-----T-T-----C-TCAG-----AG-----T-----C.... 5379
 -----C-----AT-G-T-T-----GCC-----A-----A-----T-T-----C-TCAG-----G-----T-----C.... 5377
 -----C-----TG-G-T-----C-T-CA-----A-----T-T-----C-TCAG-A-----G-----T-----C.... 5368
 -----C-A-C-G-----A-----A-----C-----T-----AG-----G-----T-----GC.... 5202
 G-----G-C-G-T-----A-----T-AY-----CRTA-----C-TT-----AG--G-G-----T-----GC.... 5360
 G-----A-C-G-T-----G-----A-----AC-----A-----C-TC-----AG-----G-----A-----C.... 5994
 G-----A-C-G-T-----G-----A-----T-----CA-----C-----T-----AG-----G-----T-----C-C.... 5302
 -----C-----GA-T-----C-----TT-CCAC-----C-----G-----G-----G-----5552
 -----C-----A-T-----CG-----TT-CTGG-----C-----G-----G-----G-----6005
 -----CC-----GA-----CG-----TT-CCGG-----C-----G-----G-----A-----6026
 -----C-----A-T-----G-----TT-CC-G-----C-----GG-----G-----G-----6023
 -----A-CG-T-----T-----T-----C-----C-----C-----G-----G-----5226
 -----C-----G-T-----T-----T-----C-----C-----C-----G-----G-----T-----5405
 -----A-CG-T-----C-----G-----T-----C-----C-----G-----G-----G-----5405
 -----C-----TA-----GG-----C-----TC-G-AC-----G-----AG-----C-----G-----5438
 -----C-----A-----A-----GG-----T-----C-----TC-G-AC-----G-----AG-----C-----G-----5441
 -----C-----GT-----GG-----C-----TC-G-AC-----G-----AG-----C-----G-----5440
 -----C-----A-----TA-----GG-----T-----C-----TC-G-AC-----G-----AG-----C-----G-----5441
 -----G-----G-T-C-----A-----GG-----C-A-C-TC-G-A-----G-----AG-----C-----G-----5232
 -----G-----G-T-C-----A-----GG-----C-A-C-TC-G-A-----G-----AG-----C-----G-----5221
 -----A-----T-C-----TA-----GG-----A-A-C-TC-G-A-----G-----AG-----C-----G-----5396
 -----AG-----G-----G-T-C-----A-----GG-----C-G-C-TC-G-A-----G-----AG-----C-----G-----5373
 G--C-----A-----G-T-----A-----T-----AGG-----C-----TC-----AC-----G-----CC-----G-----5172
 G--A-----A-----G-T-----G-----A-----T-----C-----G-----C-----G-----CC-----G-----5360
 G--A-----C-AT-----G-----A-----C-----A-----C-----TATGTG-----C-----C-----AG-----G-----A-----T-----A-----5589
 --A-----C-AT-----GA-----A-----C-----TT-TA-----C-----C-----AG-----G-----A-----T-----A-----5591
 G-TCC-----AT-----C-----GA-----C-----A-----T-T-----G-----G-----G-----GT-----G-----A-----AG-----C-----6052
 G-CC-----AT-----C-----GC-----C-----A-----TT-CC-----C-----TGA-----G-----G-----GT-----G-----A-----AC-----A-----A-----C-----GC-----5482
 --CC-----AT-----C-----GA-----C-----A-----T-----T-----C-----AG-----G-----GT-----G-----A-----C-----A-----C-----GC-----6039
 G-CC-----AT-----G-----C-----GCA-----C-----AC-----T-T-----TGC-----GC-----G-----GT-----G-----A-----AC-----G-----A-----C-----GCC.... 6063
 --GC-A-----C-AT-----C-----T-----TGC-----T-----AC-----CTC-----C-----C-----A-----G-----G-----G-----T-----GAAGAGCT-----A-----GAAC.....A-----C-----5439
 G-----C-AT-----C-----T-----TGT-----C-----ATG-----C-----TGAG-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----CAC-----5699
 --A-T-----AT-----C-----GCT-----T-----A-----C-----TAT-TA-----C-----C-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----CGAACCACA-----C-----CG-----6067
 G-----C-AT-----C-----C-----TGTG-----C-----T-----CG-----A-----G-----A-----T-----GCGAGCG....A-----C-----6075

Tat exon 1
 Rev exon 1
 T A C T N C Y C K K C C F H C Q V C F I T K A L G I S Y G R K K . . . R R . . . Q R R R . . . Tat
 M A G R S . . . G D . . . S D E L . . . Rev
 \ Rev exon 1 start



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	Tat, Rev exon 1 end \ / intron start	/ Vpu start (ACG in HXB2)	
B.FR.83.HXB2	...GCTCATCAG...AACAGTCAGACTCATCAAGCTTCTCTATCAAAGCAGTAAGTAGTA...	CATGTAACG...CAACCT.....ATACCAATAGTAGCAAA	6086
A1.KE.00.MSA4069	..A--T--A...-G---A-GA-----AA-C-G-C-----ATAATTAGTA..T---T-TGGAC-G--.....T-G-A---CTGT---GTCT-.....T-GGA---CAGT---	5306
A1.KE.94.Q23_17	...-C-----G--A-GA-----AA--A-CA-----GT--GTAATAAGTA..T---T---TCT-.....T-GGA---CAGT---TTG-GCA---CTGG---	5553
A1.SE.94.SE7253	..A--C-----G--A-GA-----AA-C-A-C-----GT--ATAATAATA..T---T---TT--C.....TTG-GCA---CTGG---T-G-A---CAGT---	5302
A1.TZ.97.97TZ02	..A--C--A...GG--A-A-----AA-C-A-CA-C-----T--ATAATTAGTA..T---T-TGGG-TT-.....T-G-A---CAGT---T-GA---CTAT---	5293
A1.UA.00.98UA0116	..A--C--C...-G--A-GA-----AT-C-A-----AATA..A---T---AC-----T-GA---CTAT---T-GGA---CTGG---	6088
A1.UG.85.U455	..C--C--A...GG--A-GA-----A-CT-A-C-----A-T.....AGCT..T---T---AC-----T-GGA---CTGG---T-GGA---CTGT---	5535
A1.UG.92.92UG037	..A--C-----G--A-A-GA-----AA-C-A-C-----TC-GTAATTAGTA..T---T---G-T.....T-GGA---CTGT---T-GA---CT---	5465
A2.CD.97.97CDKS10	..C--TC-----G--A-AGA-----AA-C-A-C-----GGTAATTAAT..A---T---TTGT-C.....T-GA---CT---T-G---C-GT---	2208
A2.CD.97.97CDKTB48	..C--G-----GG--A-AC-GA-----AA-C-G-C-----GTAATCAATA..T-G---T---TC-----T-G---C-GT---T-GT---	5435
A2.CY.94.94CY017_41	..C--TC-CA...-G--A-A-GAC-----AA-C-A-C-----GTAATTAATA..T---T---TT-----T-GT---T-G---	5452
B.AR.99.ARMA132	..C--C--A...G-----A--A-----T-----T-----T-----T--A-----5290T--A-----C	5290
B.AU.95.MBCC54	..C--C-CA...G-----G-----C-----C-----T-----T-----T-----T--A-----5445T--A-----C	5445
B.BO.99.BOL0122	..T--C-CA...G-----T-C-----C-----G-----T-----T-----T-----T--AT---T-----5305T--A-C---TT-----5472	5305
B.CN.-.RL42	..C--A...G-----A-----T-----A-----T-----G-----T-----A-C---TT-----5472T--A-----C	5472
B.ES.89.S61K15	..C--A...G-----A-----T-----A-----T-----T-----T-----T--A-----T-----GT--A-----T-----G	6096
B.GA.88.OYI	..C--A...G-----A-----T-----A-----T-----T-----T-----T--A-----T-----5628T--A-----T-----5628	5628
B.GB.83.CAM1	..A--C--A...-G--A-----T-----A-----TA..T-CT-----T--A-----TA-----6087T--GT-G---CG-----6090	6087
B.NL.86.3202A21	..T--C--A...G-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T--A-----T-----5436T--A-----T-----G---	5436
B.TH.90.BK132	..C--C--A...GG--A-GA-----TC--T-----T-----T-----T-----T-----T--GA---T-----5602T-G-A---T-----6084	5602
B.US.83.RF	..T--C--A...G-----A-----T-----T-----T-----T-----T-----T--G-A---T-----6084T-G-A---T-----6084	6084
B.US.90.WEAU160	..C--C--A...GG--A-GA-----TC--T-----T-----T-----T-----T-----T--GA---T-----5602T-G-A---T-----6084	5602
C.BR.92.92BR025	..C--C-CA...-G---G-GA-----AA-C-A-C-----T---AATAGTA..A---T---TT-GAA.....TTAATAGGAAGAATAGATTAT-G-T---GGGTT-GAC.....TTATTAGCAGGAGTAGATTAT-G-A---G-G	5444
C.BW.00.00BW3891_6	..C--C-CA...-G---G-GA-----AA-C-A-C-----T---AATAGTA..A---T---TT-GAA.....TTAATAGGAAGAATAGATTAT-G-T---GGGTT-GAC.....TTATTAGCAGGAGTAGATTAT-G-A---G-G	5461
C.BW.96.96BW0502	..A--C-CA...-G---G-A-GC-----AA-CT-A---G---TT--T---ATTAA.....TTCCTAGCAAAAAGTAGATTAT-G-T---G-GTTGTA.....TTACTAGCAAAAAGTAGATTAT-G-A---T---	5590
C.ET.86.ETH2220	..C--A...-G--A-GA-----AA-CT-A---G---TT--T---ATTAA.....TTCCTAGCAAAAAGTAGATTAT-G-T---G-GTTGTA.....TTACTAGCAAAAAGTAGATTAT-G-A---T---	5498
C.IL.98.98IS002	..C--CA...-G---G-GA-----AA-C-G---CC--AATAATA..G---T---GTTGA.....TTACTAGCAAAAAGTAGATTAT-G-A---T---GT-GACTTACTAGACTTACTAGAAAAAGTAGATTAT-G-T---G	5450
C.IN.95.95IN21068	..C--A...-G--G-GA-----AA-C-A---TC--T---GT-AA.....TTAGATTAT-A-T---G-GTTAGATTAT-A-T---G-G	5436
C.IN.99.01IN565_10	..C--CA...-G---G-GA-----AA-CT-A---TC--T---AGCTGGAA.....TTAGATTAT-A-T---G-GTTAGATTAT-A-T---G-G	5469
C.KE.00.KER2010	..C--C...-GT--G-GA-----A-CT-A---T---T---TT-GA.....TTACTAGCAAGAGTAGATTAT-G-T---G-GTTAGATTAT-A-T---G-G	5278
C.MM.99.mIDU101_3	..C--C...-G--G-GA-----AA-C-A---TT--T---TT-GAG.....ATAGATTAT-G-T---G-GTTAGATTAT-A-T---G-G	5439
C.TZ.97.97TZ04	..C--CA...-G---G-GA-----AA-C-A---CA...CATAGCA..G---T---TT-GA.....TTAACAGCAAAAAGTAGATTAT-G-C---G-GTTAGATTAT-A-T---G-G	5302
C.TZ.98.98TZ017	..C--CA...-G---G-GA-----AA-C-A---CA...CATAGCA..G---T---TT-GA.....TTAACAGCAAAAAGTAGATTAT-G-C---G-GTTAGATTAT-A-T---G-G	5461
C.ZA.01.2134MB	..A--C-CA...-G---G-AGA-----AA-CT-A---T---T---TTGAA.....TTATTAGCAAAAAGTAGATTAT-G-A---G-GTTAGATTAT-A-T---G-G	5517
C.ZA.97.97ZA003	..A--C-CA...-G---CG-GGC-----AA-C---T---T---TTGAA.....TTACTAGTAAGAGTAGATTAT-G-T---G-GTTAGATTAT-A-T---G-G	5413
C.ZM.96.96ZM651	..A--C-CT...-G---CG-GAC-----A-C-A---T---T---TT-GA.....TTACTAGCAAGAGTA-ATTAT-G---G-GTTAGATTAT-A-T---G-G	5426
D.CD.83.ELI	..C--C--A...GG-GA---G-----T-C-A-C-----T-----T-----T-----T--GGG---A-----5631T-GTG---A-----5620	5631
D.CD.83.NDK	..C--C--A...GG-GA---G-----T-C-A-C-----T-----T-----T-----T--GGG---A-----5620T-GTG---A-----5620	5620
D.CD.85.Z226	..C--TC--A...GG-GA---G-----T-C-A-C-----T-----T-----T-----T--AG---A-----6088T-GTG---A-----5620	6088
D.CM.01.01CM_0009BBY	..C--C--A...GGT-----T-C-G-C-----A-----T-----T-----T-----T--AGAT-T---C-AT-GT-GTG---A-----5620	5287
D.KE.01.01KE_NKU3006	..T--C-----GG-GA---G-----A-C-A-C-----T-----T-----T-----T--G---T-----5290T-GTG---A-----5620	5290
D.TD.99.MN012	..C--C--A...G--A-----T--G-C-G-----G-----T-----A-T-----T-----T--GTG---T-----5309T-GAG---T-----5440	5309
D.UG.94.94UG114	..A--C-CA...GG-G---G-A-----A-C-G-C-----T-----T-----T-----T--GAG---T-----5440T-GAG---TC-----5290	5440
D.UG.99.99UGA08483	..C--C--A...-G-G---AG-----A-C-A-C-----T-----T-----T-----T--GAG---TC-----5290T-GTG---T-----5290	5290
D.UG.99.99UGB21875	..T--C--A...GG--A-G-----A-C-G-C-----T-----T-----T-----T--AC-----5290T-GTG---T-----5290	5290
F1.BE.93.VI850	..A--C--A...-G-----AGTG-----AA---C-----GTTAAATAGTA..T---T---TC-TA-----T-GTT-GC-A---GG-T-GTT-GC-A---GC-	5435
F1.BR.93.93BR020_1	..A--C--A...-G-----TA-----A-T-G-C-----T-GTTA...AGCA..T---T---TC-AA-----T-GTT-GC-A---GC-T-GTT-GC-A---GC-	5420
F1.FI.93.FIN9363	..A--C--A...-G-----A-TA-----A-C-G-C-----T-GTTAAGTAGTG..T---T---TC-GA-----T-GTT-GC-A---A-G-T-GTT-GC-A---A-G-	5424
F1.FR.96.MP411	..A--C-----G-----GC---A-AA-C-A-C-G-----T---TAGTA..T---T---TCCAA-----C-GTATG-T---T---T-GTATG-T---T---	5292
F2.CM.02.02CM_0016BBY	..---TC---C...-G---A-GAC-----A-C-G-C-----T-----T---TC-TA-----TTG---AT-T---AT-GTTG---AT-T---AT-G	5281
F2.CM.95.MP255	..A--C--A...GG--A-TA-----A-C-G-C-----T-----T---C-T-----T-G-T-GC---G---T-G-T-GC---G---	5284
F2.CM.95.MP257	..A--C--A...-G-G-GTA-----A-C-G-C-----T-----T---TC-T-----TCG-T-----T---TCG-T-----T---	5296
F2.CM.97.CM53657	..---TC---A...-G---G-TA-----AA-C-G-C-----C-----T-----T---TC-T-----T-G-T-C-A---T-G-T-C-A---	5278
G.BE.96.DRCBL	..A--C--C...-G---A-GA-----A-C-G-C-----A-ATAAATAGTA..G---T---A-----C-GA---TCT---TTAGA-AT-GCT-C-AT-G	6052
G.CM.01.01CM_4049HAN	..A--TC-CA...GG--ACAGA-----AA-C-G-C-----TC-ATATTAGTG..T---T---C-----TTAGA-AT-GCT-C-AT-GTTAGA-AT-GCT-C-AT-G	5299
G.FI.93.HH8793_12_1	..C--C-----G--A-A-GA-----AA-C-G-C-----G-----ATAATTAGTA..T---T---T-A-----T-GA---TCT---T-GA---TCT---	5495
G.NG.92.92NG083	..A--C-----GG--A-GA-----AA-C-G-C-----G-----ACAATTAATA..T---T---GG-C-----T-GA---TCT-A..T-GA---TCT-A..	5462
G.SE.93.SE6165	..A--C-----G--A-AGGC-----A-C-G-C-----G-----A-AAAATTAGTA..T---T---GT-A-----T-GT---T-GT---	5492
H.BE.93.VI991	..A--C-A...-G-TTG---GA-----GA-CT-A-C-----ACATA-T---A-T-----TT-GG-A---G---TT-GG-A---G---	5468
H.BE.93.VI997	..A--CCGCA...-GTGTG---AGA-----AA-CA-A-C-----TCCTGC-T---T---AT-GG-A---G---AT-GG-A---G---	5403
H.CF.90.056	..A--C-GCA...-GTTTG---AGA-----AA---A-----T---TCATA-T---T-T-----TT-GG-T---G---TT-GG-T---G---	5429
J.SE.93.SE7887	..---C-CT...GG--A-----A-CT-A-C-----AATCAAGTAGCA..T---T---AT-----T-G-A---C----T-G-A---C----	5408
J.SE.94.SE7022	..---C-CT...GG--A-A-----A-CT-A-C-G-----ACTTAATTAGCA..T---T---GT-T-----T--A-----5409T--A-----5409	5409
K.CD.97.EQTB11C	..A--C-T-C...GC---A-A---A---A-C-A-C-----CCAAGTATTA-----T---GT-----TT--C---G---TT--C---G---	5284
K.CM.96.MP535	..A--C-T-C...-----G--AC-----A-C---CG-----G-----GCTAAGTAGTA-----T---GTGT-C-----T-G---T---T---T-G---T---T---	5288





	Tat, Rev exon 1 end \ / intron start	/ Vpu start (ACG in HXB2)	
B.FR.83.HXB2	...GCTCATCAG...AACAGTCAGACTCATCAAGCTTCTCTATCAAGCAGTAAGTAGTA.....CATGTAAACG...CAACCTT.....ATACCAATAGTAGCAA		6086
01 AE.CF.90.90CF4071	..A--C-----GG--CA--GGC-----A-C-A-T-----TAAAGTA..T-G--T...TT-----T-G-A--CAGT----		6023
01 AE.JP.93.93JP.NH1	..A--C-----G--A-GA-----A-C-A-C-G-----A-----AGTA..T--T--T...TC-----T-GGA--TAGT----		6091
01 AE.TH.90.CM240	..A--C-----G--A-GA-----AA-C-A-C-----A-----AGTA..T--T--T...AC-----T-GGA--TAGT----		5657
01 AE.TH.93.93TH9021	..A--C-----G--A-GA-----TA-C-A-C-G-----A-----AGTA..T--T--T...TC-----T-GGA--TAGT----		6103
02 AG.CM.02.02CM.1677LE	..A--C-----G-CA-----GA-----AA-C-G-C-----A-T-----AGTA..T--T--T...A-T-----T-GA----CT----		5285
02 AG.CM.97.97CM.MP807	..A--C-----G-C-----GA-----AA-G-----G-----ATAAATTAGTA..T--G-T...AC-----TTAACACCTT--A--CT----		5260
02 AG.FR.91.DJ264	..A--C-----GTC-----GA-G-----AA-C-G-----G-----ATAAATTAGTA..T--G-T...A-T-----T-GA----CT----		5444
02 AG.NG.-.IBNG	..A--C-----G-C-----GA-----AA-C-G-C-----G-----ATAAATTAGTA..T--G-T...T-A-----ACT-----		5619
02 AG.SE.94.SET812	..A--C-----G-C-----GACA-----A-C-G-C-----G-----ATAAATTAGTA..T--G-T...A-CT-----T-GAC----T----		5467
03 AB.BY.00.98BY10443C--A...G--A-----G-----T-----C-----C-----T-----T-C-----T-G-----C-----		6088
03 AB.RU.97.KAL153 2C--A...G--A-----G-----T-----C-----C-----T-----T-C-----T-G-----C-----		5311
03 AB.RU.98.RU9800IC--A...G--A-----G-----T-----C-----C-----T-----T-C-----T-G-----C-----		5455
04 cpx.CY.94.CY032	..T--T--A...GG--CA--GGC-----AA-CT-A-C-----T-----AGTA..T--T--T...TT-TTC.....TGGG-----CTGG-----		5459
04 cpx.GR.91.97PVCH	..T--C--G-C...TT--AG-GA-G-----AA-C-A-C-----T-----AGTA..T--T--T...TC-T-C.....TTGTCATCCT--GGA--CTGGA----		6128
04 cpx.GR.97.97PVMY	..C--C--A...GG--AG-GA-G-----AA-C-A-C-----A-----AGCA..T--T--T...TC-T-C.....ATGTCTCTCT--G-A-G-CTGG----		6122
05 DF.BE.-.V11310	..C--C--A...GG--G-----G-----A-C-G-C-G-----G-----GATAAGTAGTC..T--T--T...TC-GA-----C-G-T--C-A-----G		5477
05 DF.BE.93.VI961	..C--C--A...GG-G-----G-----AT-C-G-C-G-----T-----TTAAGCAGTA..T--T--T...TC-GA-----T-GTT-GC-----		5452
05 DF.ES.99.X492	..C--C--A...GG--G-----G-----ATCC-G-C-G-----G-----GTTAAATAGTA..T--T--T...TC-GA-----T-GTT-GC-----A-G		5448
06 cpx.AU.96.BFP90C--CT...GG--A--A-----A-C-G-----A-----ATAAATTAGCTAA-TG--T-----GG-A-----T-GAG--CT----		6125
06 cpx.ML.95.95ML127C--CT...GG--A--A-----A-C-G-C-----A-----ATAAATTAGTA..T--T--T...GT-A-----T-GA--TCT----		6112
06 cpx.ML.95.95ML84C--CT...GG--A--AC-----A-C-G-C-----A-----ATAAATTAGTA..T--T--T...G-A-----T-GA--TCT--G		5338
06 cpx.SN.97.97SE1078C--T...GG--A--G-----A-C-G-C-----A-----ATAAATTAGTA..T--T--T...G-A-----T-GAG--TCT----		6154
07 BC.CN.-.CNG1179C--A...G--G-GA-----AA-CT-A-----T-----G-----T--A-C--TT-----		5300
07 BC.CN.97.97CN001C--A...G--G-GA-----AA-C-A-----T-----G-----T--A-C--TT-----		5420
07 BC.CN.97.CN54GA...G--G-GA-----AA-C-A-----T-----G-----T--A-C--TT-----		5278
07 BC.CN.98.98CN009C--A...G--G-GAC-----AA-CT-A-----T-----A-----T--A-C--TT-----		5420
08 BC.CN.97.97CNGX_6FC-----G--G-GA-----AA-CT-A-----TC-----T...TT-GA-----T-GA...T-----G		5262
08 BC.CN.97.97CNGX_7FC-----G--G-GA-----AA-CT-A-----TC-----T...TT-AA-----T-GA...T-----G		5268
08 BC.CN.97.97CNGX_9FC-----G--G-GA-----AA-CT-A-----TC-----T...TT-GA-----T-GA...T-----G		5262
08 BC.CN.98.98CN006C-----G--G-GA-----AA-CT-A-----TC-----T...TT-GA-----T-GA...T-----G		5411
09 cpx.GH.96.96GH2911TC-TGC...GG--A--G-A-----A-C-A-C-----G--TA-TTAAATAAGC..TC-----T--T-----T-G-A-----C-AGC-		5300
09 cpx.SN.95.95SN1795TC-GGC...GG--A--A-GCA-----A-CT-A-C-----G--TA-TTAAAGTAAGG..TC-----T--T-----T-GTAC--C-AGT-		5300
09 cpx.SN.95.95SN7808TC-GGC...GG--A--A-G-A-----A-A-A-C-----G--TA-TTAAAGTAAGC..TC-----T--T-----T-G-A-----C-AGC-		5288
09 cpx.US.99.99DE4057TC-GGC...G--A-AC-GCA-----A-CA-A-C-----G--TA-TTAAAGTAAGC..TT-----T--T-----T-GGA--CTAGC-		5285
10 CD.TZ.96.96TZ_BF061C-CA...G--G-GA-----AA-CT-A-----GC--AATAGTA...A-----T...TT-AG-----TTACTAGCAAGAGTATATTAT-A-T--CG-G		5486
10 CD.TZ.96.96TZ_BF071C-CA...G--G-GA-----AA-CT-A-----GC--ATAGTA...A-----T...TT-GA-----TTAATAGCAAGAATAGATTAT-G-T--G-G		5483
10 CD.TZ.96.96TZ_BF110C-CA...G--CG-GA-----A-CT-A-----CC-AACAGTA...G-----T...TT-AA-----TTAACAGCAAGAATAGATTAT-G-T--G-G		5475
11 cpx.CM.02.02CM.4118STNTC--C...G--A--A-----A-CT-G-----G--TATTAATTAGT...TC-----T...AT-----TTGCA-AT-G--AGCAT-G		5298
11 cpx.CM.96.4496TC--GC...G--A--AC-----A-C-A-C-G-----G--TA-CTAATTAGT...TC-----T...A-CT-----T-GTAC--AGC-		5454
11 cpx.FR.99.MP1298T--C...G--A--A-----A-C--C-G-----G--TACTTAATTAGT...TC-----T...GT-T--G-----C--A-----AGC-		6089
11 cpx.GR.-.GR17TC--GC...G--CA--A-----A-C-A-C-G-----G--TA-TTAGTTAGT...GC-----T...AT-A-----TTGCGA-CAGT--AGC-		5397
12 BF.AR.97.A32989	..A--C--A...GG-----A-----TA-----C-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----		5637
12 BF.AR.99.ARMA159	..C--C--A...GG--C-----A-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----		6090
12 BF.UY.99.URTR23	..C--C--A...GG-----A-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----		6111
12 BF.UY.99.URTR35	..C--C--A...G--A-----A-----A-----T-----A-CT-----T-----T-----T-----T-----		6108
13 cpx.CM.02.02CM.3226MNTC--T...G-----A-----G-A-C-A-C-----G--TA-TTAAATTAGT...GT-----T...A-TG-----TTATC-AT-GC--GCAT-G		5323
13 cpx.CM.96.1849TC--C...G-----A-----A-CT-A-C-----A-----G--TA-TTAAATAGT...AT-----T...A-TG-----T-----A-AGC-		5499
13 cpx.CM.96.4164TC--GC...G-----A-G-----A-CT-G-C-----T--G--TA-TTGAATAGT...GT-----T...A-TG-----T--T-----C-AGC-		5499
14 BG.ES.00.X475	..C--C--C...G-----A-GA-----AA-C-G-C-----G-----ATAAATTAGTA..T-----T...T-A-----T-GA--TCT----		5533
14 BG.ES.00.X477	..C--C--C...G-----G-GA-----AA-C-G-C-----G-----ATAAATTAGTA..T-----T...A-----T-GA--TCT----		5536
14 BG.ES.00.X623	..A--C--C...G-----A-GA-----AA-C-G-C-----G-----ATAAATTAATR..T-----T...A-----T-GAG--TCT----		5535
14 BG.ES.99.X397	..C--C--A...G-----A-GA-----AA-C-G-C-----G-----ATAAATTAGTA..T-----T...T-A-----T-GA--TCT----		5536
15 01B.TH.02.02TH_OUR1331	..A--C--C...G-----A-GA-----AA-C-A-C-G-----C-----AGTA..T-----T...AC-----T-G-A--TAGT----		5321
15 01B.TH.02.02TH_OUR1332	..A--C--C...G-----A-GA-----AA-C-A-C-G-----C-----AGT..AT-----T...A-----T-GGA--TAGT----		5309
15 01B.TH.99.99TH_MU2079	..A--C--C...G-----A-GA-----AA-C-GC-C-----A-----AGTA..T-----T...TC-----T-GA--TAGT----		5485
15 01B.TH.99.99TH_R2399	..A--C--C...G-----A-GA-----AA-C-G-C-----A-----AGTA..T-----T...AC-----T-GGA--TAGT----		5462
16 A2D.KE.00.KISII5009	..C--C--C...G-----GCAGAC-----AA-C-G-----G--TAGTTAATA..T-----T...TC-T-----T--A-----GT-----		5267
16 A2D.KR.97.97KR004	..C--C--C...GG-G--AC-GGC-----GAA-C-A-C-G-----G--TTCCTTAATA..G-----T...A-TT-----T--A-----T-GT-----		5455
N.CM.-.YBF106	..C--C--A...G-----A-AGA-----A-C-A-C-G-----AA-----AC-----TAT...ATG-TG-----TGTT-G-G-T		5667
N.CM.95.YBF30	..A--C--C...G-----A-G-----A-CT-A-C-G-----AA-----AA-----ATG-TG-----TC-T-G-G-T		5670
O.BE.87.ANT70GC-GCA...G-CA--CAGA--A--A-C-G-C-----ACGC--T--T-A-----GGGACC-GC-----		6134
O.CM.-.96CMBB009T-GC-GCA...GG-GTG-C--A-A-AC-AA-C-G-C-----ACGC--T--T-TAAG-----GAC-AG--A--CTC-		5564
O.CM.91.MVP5180GC-GCA...G-TA--CAGA-A-A--A-C-G-C-----ACGC-G-T--T-AA-----GAGAACC-GC-----CT		6121
O.SN.99.SEMP1299GC-GC...CG-CA--CAGA-A-A-AT-G-C-G-----ACGC--T--T-A-----GGGACC-GC-----T		6145
CPZ.CD.-.ANT	..A--GC-G-A...G-----G-A-A-A-----A-C-G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----		5505
CPZ.CM.98.CAM5	TCGCT-GC-TCA...G-----AC-CA-A-----A--A--CG-C-----A-TTTG-----CT-T-----T-AT-----TGG-AGC		5781
CPZ.GA.-.CPZGABC-GCA...GG-----A-A-A-A-----A--A--C-----T-----T-----T-----T-----C-GTT-G		6132
CPZ.US.85.CPZUS	..A--GC-A...G-----GC-GA-A-----A-C-----CGC-----GCCCTTT...TG-CT-T-----TTAA-----TGGTTTG		6154
Tat exon 1	. A H Q . N S O T H Q A S L S K Q	T . Q P	Vpu
Rev exon 1	. L . I R . T V R L I K L L Y Q S	\ Vpu start (ACG in HXB2) I P I V A
	Tat, Rev exon 1 end \ / intron start		



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	TAGTA...GCATTA...GTAGTAGCA...ATAATAATAGCAATAGTTGTGGTCCATA...GTAATCATAGAA...TATAGG...AAAATATTAAGACAA...AGAAAAATA...	6178
A1. KE. 00. MSA4069	-----G-C-G...A-----G...C---C-----A--A-T---GGT-----A--G-T-GC--A-----G-----	5398
A1. KE. 94. Q23_17	-----GGC-G...A-----G...C---CC-----C-----A-T---GGT-----A--AG--A-----	5645
A1. SE. 94. SE7253	--A-----G-C-G...A-----G...C---CC-----A--A-T---GGT-----A--T-GC--AG-----	5394
A1. TZ. 97. 97TZ02	-----G-C-G...A-----G...C---CC--T-----A-A--A-T---GGT-----A--T-GC--AC-----	5385
A1. UA. 00. 98UA0116	-----G-C-G...A-----TG...T-TG-C-----A--A-T---GGT-----T-GC--A-----	6180
A1. UG. 85. U455	--AC-----GGC-G...A-----C---CT-----A--A-T---GGT-----A-AAAA--T-GC--AG-----	5629
A1. UG. 92. 92UG037	-----G-C-G...A-----G...C---C-----A--A-T---GGT-----A--T-GC--AG-----	5557
A2. CD. 97. 97CDKS10	-----G-C-G...A-----T---CGC-----A--A-T---T-T-----G--TAGGGAG-----G-----	2300
A2. CD. 97. 97CDKTB48	-----G-C-G...A-----TC--TT-----A--A-TG---T-T-----A--G--TAAG-AG-----G-----	5527
A2. CY. 94. 94CY017_41	-----G-C-G...A-----T---T---CT-----A--A-T---T-----A--TAAG-AG-----G-----	5544
B. AR. 99. ARMA132	-----GC-----A--T---TT-T-----G-----	5382
B. AU. 95. MBCC54	-----G-C-----T-----G-----	5537
B. BO. 99. BOL0122	-----GC--C-----A-T---T-----C-----	5397
B. CN. - .RL42	-----C-----T---GC-----A-----C-C-----G-----	5564
B. ES. 89. S61K15	-----GC-----T---G-----AG-----AG-----	6188
B. GA. 88. OYI	-----T---C-----A-----C-T-----	5720
B. GB. 83. CAM1	-----T---GC-----A-T---GT-----AG-----A-C-G-----	6179
B. NL. 86. 3202A21	-----T---GC-----T-----	6182
B. TH. 90. BK132	-----GG-----	5528
B. US. 83. RF	-----GC--C-----A-----TGG-----AT-----C---G--AA-----A-----	5696
B. US. 90. WEAU160	-----C-----GG-----C-----	6176
C. BR. 92. 92BR025	--G-----G...A-----C---C--T---A-----A-----CTTAT-----T-GG-----	5536
C. BW. 00. 00BW3891_6	--G-----T...T-----C---GC-----A-----TAT-----T-G-----AG-G-----	5553
C. BW. 96. 96BW0502	--G-----G...A-----T-T-T-----AT-----C-TA-----T-G-----G-----	5682
C. ET. 86. ETH2220	-----C...A-----C---C-----A-----C-TAT-----T-G-----G-----	5590
C. IL. 98. 98IS002	--A-----G...A-----T---GC--C--A-----A-----TAT-----A-----T-G-----	5542
C. IN. 95. 95IN21068	--G-----G...A-----C---C-----A-----TAT-----C-----T-GG--CA--G-----	5528
C. IN. 99. 01IN565_10	--G-----G...A-A-----T---C-----A-----A-----TAT-----G-T-GG-----AG-----	5561
C. KE. 00. KER2010	--G-----G...A-----C---C-----A--A-T---TAT-----T-G-----G-----	5370
C. MM. 99. mIDU101_3	--G-----G...A-----C---C-----A-----A-----TAT-----T-G--A-----	5531
C. TZ. 97. 97TZ04	--G-----C-T...A-----C---C-----A-----A-----C-TAT-----T-G-----	5394
C. TZ. 98. 98TZ017	--G-----G...C-----C---C-----A-----TAT-----AA-----T-GG-----GG-----	5553
C. ZA. 01. 2134MB	--G-----T...AC-----C---T-----A--TT-----TAT-----A-----T-GG--A-----T-----	5609
C. ZA. 97. 97ZA003	--G-----TC-G...A-A-----C---C-----AT-----C-TA-----T-G-----A-G-----	5505
C. ZM. 96. 96ZM651	--G-----G...A-----C---C-----A-----C-TAT-----GC-G-----	5518
D. CD. 83. ELI	--C-----C-----C-----A-----T-----A-----GG--AA--AG-----G-G-----	5723
D. CD. 83. NDK	--C-----C-----A-----TA-----A-----GG--AA--G-----	5712
D. CD. 85. Z226	--C-----GC-----A-----T-----GG--AA--G-----	6180
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	--C-----G...C---T-----G-----A-----C-TA-----G--AAG-G-----	5376
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	--G-----A-----G...C---C--G-----A--T-----A-----G--AA-----G-G--CA--G--G-----AG-----	5382
D. TD. 99. MN012	--G-----A-----A-G...C---C-----A-----A-T-----TA-----A-----G--AAG-AG-----G-----	5401
D. UG. 94. 94UG114	-----C---C-----A--T-----T-----G--AA-----T--AG--G-----	5532
D. UG. 99. 99UGA08483	-----G...C---T-----A--T-----T-----GGGTA-A-AA-----T--AA-----	5385
D. UG. 99. 99UGB21875	--A-----G...C---C-----A--T-----T-----G...G--A-----G-T--AG--G-----	5382
F1. BE. 93. VI850	--C-----A-----C-----C-----A--T-----TAT-----A-----C-GG--G-----	5527
F1. BR. 93. 93BR020_1	--C-----A-----A-----C-----A--T-----C-TAT-----A-----C-GG--G-----	5512
F1. FI. 93. FIN9363	-----T...A-----C-----T-----A-----T-T-----A-----GC--G-----	5516
F1. FR. 96. MP411	-----T...A-A-----T-----A--T-----T-T-----A-----T-G-----G-----	5384
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	--C-----T...A-----G...C---GC-----A-----A--T-----TAT-----A-----CAG--G-----A-G-----	5370
F2. CM. 95. MP255	--TC-----C-T...A-----C---C-----A-----A--T-----TATT-----A-----C-G--G-----A-G-----	5376
F2. CM. 95. MP257	--C-----AT...A-----TG...C---C-----A-----A--T-----TAT-----A-----G-----	5388
F2. CM. 97. CM53657	-----AT...A-----C---C-----A-----A--T-----GTAT-----A-----C-G--G-----A-G-----	5370
G. BE. 96. DRCBL	-----GC-----A-----TCC--GC--C-----A--T-----T-T-----A-----AG--A--G-----A-G-----	6144
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	--G-----C...A-----T-C--GC--C--A-----A--AGT-----T-T-----G-----AG--A--G-----A-----	5388
G. FI. 93. HH8793_12_1	-----GGC-----A-----T-C--GC--C--A-----A-----C-TG--C-----G-----AG--A--G-----G-----	5587
G. NG. 92. 92NG083	-----C...A-----T-C--GC--C--A-----AGT-----T-T-----A-----AG--A--G-----A-----	5546
G. SE. 93. SE6165	-----G...A-----T-C--GC--C-----A-----T-T-----G-----AG--A--G-----A-G-----	5584
H. BE. 93. VI991	--G-----C-G...A-----T---T-T-C-----C-----A-----C-TAT-----C-G--AG--G-----	5559
H. BE. 93. VI997	--G-----CC--A-----T-T-C-----C-----A-----TAT-----GT-GG--AG-----AG-----	5495
H. CF. 90. 056	--G-----GC-----A-----T-T-C-----CG--A-----TAT-----AA-----T-GG--G-----AG-----	5521
J. SE. 93. SE7887	-----T...A-----TT-CC-T-----G-A-----A--T-----GTAT-----A-----G-----	5500
J. SE. 94. SE7022	-----A-----T-TT-CC-T-----TG-----A--T-----GTAT-----A-----C-G-----	5501
K. CD. 97. EQTB11C	--A-----C-----G...C---C-----A-----A-----CCTATC-----A-----G-GG-----A-G-----	5376
K. CM. 96. MP535	-----C-----T-----A-----A-----A-----TAT-----T-GG--A-----A-G-----	5380





B.FR.83.HXB2	TAGTA...GCATTA...GTAGTAGCA...ATAATAATAGCAATAGTTGTGGTCCATA...GTAATCATAGAA...TATAGG...AAAATATTAAGACAA...AGAAAAATA...	6178
01_AE.CF.90.90CF4071	-----CG-C-G...A-----G...C---CT-----A-T---A-TT---GGCT-----A-----C---G-----	6113
01_AE.JP.93.93JP.NH1	-----G-C-G...A-----G...C---CT-----A-T---A-T---GCT-----A-----C---G-----	6183
01_AE.TH.90.CM240	-----G-C-G...A-----G...C---CT-----A---AA-T---GCT-----GT-A-----C---G-----	5749
01_AE.TH.93.93TH9021	--A-----G-C-G...A-----G...C---CT-----A---A-T---GCT-----T-A-----C---G-----	6195
02_AG.CM.02.02CM.1677LE	-----G-C-----T-C-GC-C-----AG-----T-T-----AG-A--G-----AG-----	5377
02_AG.CM.97.97CM.MP807	-----G-C-----T-C-GC-C-----AT-----C-T-----AG-A--G-----AG-----	5352
02_AG.FR.91.DJ264	-----G-C-----C-GC-GC-G-----A-----G---T-----AGG-A--G-----AG-----	5536
02_AG.NG.-.IBNG	-----G-C-----T-C-GC-C-----AG-----TAT-----AGG-A--G-----AG-----	5711
02_AG.SE.94.SE7812	-----G-C-----T-C-GC-C-----A-----GTAT-----AGG-A--G-----AG-----	5559
03_AB.BY.00.98BY10443	-----T-----GG-----A-----T-----G-----	6180
03_AB.RU.97.KAL153.2	-----T-----GG-----G-----T-----	5403
03_AB.RU.98.RU9800I	-----G-----GG-----T-----	5547
04_cpx.CY.94.CY032	-----G-C-G...A-----G...C---T---T---A---A-TT---T-T---A---T-GAG--G-----G-G-----	5551
04_cpx.GR.91.97PVCH	-----C-G...A-----G-G...C---T---A---A-T---TAT-----A---T-GCA--G-----G-----	6220
04_cpx.GR.97.97PVMY	--AC-----G...A-----C---T---A---A-T---C-T-A-----T-GC--G-----	6214
05_DF.BE.-.VI1310	-----A-----C-----ATT---TAT-----A---T-GG--G-----	5569
05_DF.BE.93.VI961	--C-----C...A-----C-----A-T---TAT-----A---T-GG--G-----	5544
05_DF.ES.99.X492	--C-----C...A-----C-----A-T---TAT-----A---T-GG--G-----	5540
06_cpx.AU.96.BFP90	-----G-C-----T-CT-GC-C-----A-T---T-T---C---G---AG-A--G-----A-----	6217
06_cpx.ML.95.95ML127	-----G-C-----T-CT-GC-C-----A-T---T-T---C---G---AG-A--G-----	6204
06_cpx.ML.95.95ML84	-----G-----A-----T-CT-GC-C-----A-T---TAT-----C---G---AG-A--G-----A--G-----	5430
06_cpx.SN.97.97SE1078	-----G-----A-----T-CT-GC-C-----A-T---GT-T---CT...C---A...C---AAG-A--G-----A-----	6246
07_BC.CN.-.CNGL179	-----C-----C-----AT-----T-----G-----A-----	5392
07_BC.CN.97.97CN001	-----C-----C-----A-----T-----G-----A-----	5512
07_BC.CN.97.CN54	-----C-----C-----A-----T-----G-----A-----	5370
07_BC.CN.98.98CN009	-----C-----G...GC-----C-----A-----C-----G-----A--G-----	5512
08_BC.CN.97.97CNGX.6F	--G-----G...A-----C---C-----A-----TAT-----G-T-GG--A-----G-----	5354
08_BC.CN.97.97CNGX.7F	--G-----G...A-----C---C-----A-----TAT-----G-T-GG--A-----G-----	5360
08_BC.CN.97.97CNGX.9F	--G-----G...A-----C---C-----A-----TAT-----G-T-GG--A-----G-----	5354
08_BC.CN.98.98CN006	--G-----G...A-----C---C---T-----A-----TAT-----T-GG--A-----	5503
09_cpx.GH.96.96GH2911	-----G-A-----A-----T-C-GC-C---A---C---A---T-T---GT-----G---AG-A-----AG-G-----	5392
09_cpx.SN.95.95SN1795	-----G-----A-----T-C-GC-C---A---A---A---T-T---GT-----G---AG-----AG-G-----	5380
09_cpx.SN.95.95SN7808	-----G-C-----A-----T-C-GC-C---T---G-----C-T---GT-----G---AG-A-----AG-----	5377
09_cpx.US.99.99DE4057	-----G-C-----A-----T-C-GC-C-----A---GCT---G...T-----AG-A-----A-GGG-----	5578
10_CD.TZ.96.96TZ.BF061	--G-----A-----C---C-----AT-G---TAT---C-----T-G-GA-CT-----CG-----	5575
10_CD.TZ.96.96TZ.BF071	--G-----C-----C---C-----A---A---TAT-----T-G-----G-----	5567
10_CD.TZ.96.96TZ.BF110	--G-----A---A-----C---C-----A---A---TAT-----T-G-----	5387
11_cpx.CM.02.02CM.4118STN	--C-----G...A---A-C---T-T-T---TG-----A-TC---T-T---A---G-AG-----G-----AG-----	5546
11_cpx.CM.96.4496	-----A-----A---T-T-T---TGG-----A-T---A---G-T-----A---GC-AG-----G-----	6181
11_cpx.FR.99.MP1298	--C-----A-----T-T-T---G-----A---A---C-T-T---A---GTGG---AG-----AG-----	5490
11_cpx.GR.-.GR17	-----GT---C---TT---T---A---A-T---C-GGT---A---GGC-G-----C-----G-----	5729
12_BF.AR.97.A32989	-----C-----T-----T-----T-----AG-----	6182
12_BF.AR.99.ARMA159	-----GC---T-----C-----T-A-----G-----	6203
12_BF.UY.99.URTR23	-----C-----C-----CT-----AG-----G-----	6200
12_BF.UY.99.URTR35	-----T...GC-----A-----C-----C-----A-----	5412
13_cpx.CM.02.02CM.3226MN	--C-----A-----T-T-T---G-----A-----TAT-----A---GC-GG--A--G-----G-----	5591
13_cpx.CM.96.1849	-----A-----T-T-TT---G-----A-----C-TAT-----A---GC-GG-CAT--G-----AG-----	5591
13_cpx.CM.96.4164	-----G-----A-----T-T-TGC---G-----A-----TAT-----A---GC-GG--AT--G-----AG-----	5625
14_BG.ES.00.X475	-----G-C-----A-----GGC-GC-C---A---AT---TT-T---C---A...G---AG-A-----AG-----	5628
14_BG.ES.00.X477	-----G-C-----A-----GGC-GC-C---A---AT---TT-T---CT---G---AG-A--G-----AG-----	5627
14_BG.ES.00.X623	-----G-C-----A-----KGCY-GC-C---R---AT---CT-T---C---G---AG-A--G-----AG-----	5628
14_BG.ES.99.X397	-----G-C-----A-----GGC-GC-C---A---AT---TT-T---C---GGC-A...G---AG-A--G-----AG-----	5413
15_01B.TH.02.02TH.OUR1331	--C-----G-C-G...A-----G...C---CT-----A---A-T---GCT-----A-----G-----	5401
15_01B.TH.02.02TH.OUR1332	-----G-C-G...A-----G...C---CT-----A---A-T---GCT---C...AT-----G---C---G-----	5577
15_01B.TH.99.99TH.MU2079	-----G-C-G...A-----G...C---CT-----A---A-T---GCT-----AT-----T---G-AG-----	5554
15_01B.TH.99.99TH.R2399	-----G-C-G...A-----G...C---CT-----A---A-T---GCT-----A-----C---G-----	5359
16_A2D.KE.00.KISII5009	-----GGC-G...A-----T-C-CT-----A---A-T---TAT-----TCAG-AG-----AG-----	5547
16_A2D.KR.97.97KR004	-----GTC-G...A-----T-C-CT-----G---A---A-T---TAT-----A---TAAG-AG-----AC-----	5759
N.CM.-.YBF106	--CA-----G---G---G---T-----GC-A-AA-C---GTAT...G...C---TAT-A-----A---AA-TTG--G-----GA-----	5762
N.CM.95.YBF30	--CA-----G---G---G---G-T-GC---G-A-A-C---G-AT---C---TAT-G-----A---AA-TTG--G-----GA-----	6226
O.BE.87.ANT70	--A---ATTA-T...AGT-CTTTG...C-GT-T---AATG-A--T-A---GGGT-T...A-TC-T-G-A---TTA...G---CA-AAGGA-----GAC-G--AG-----	5656
O.CM.-.96CMABB009	--A---ATT-C...TGT-T-TG...T-TC-T---TGC-TG-A-A---CTGT-T...A-TC-T-A-ACC...YTA...G---CA-AAG-A-----GAT-G--GG-----	6213
O.CM.91.MVP5180	--A---T---AGT-CTTTG...TGTC-T---AATG-C-A-A---TGT-T...AACC-T-G-ATT...TTA...GTGCA-AG-A-----GAT-G--GG-----	6237
O.SN.99.SEMP1299	--A---A-TACT...AGT-CTTTG...C-GC-T-C-AATG---C-A---A-AT-T...A-TC-T-G-C---TTA...--CA-AAG-A-----GAT--GG-----	5618
CPZ.CD.-.ANTA---TTT-AGTAT---TTTTC-TGCCT-TAGT---AC-A---ATT-CTGTA---CCT---CTC...--A---CTTTATAA--T-T-TAAGCAGCAGCAAATAGAT--T-AGAGAAA	5899
CPZ.CM.98.CAM5	A-A---GGTTT-A---GCTT---G-AT-GAAC-T---T-T-TT-T-A-T---GGA---GCTTATA---A-GT---G-GA-A---A-G---GAAAGGAACAGAACCCA--G---TTACAA	6250
CPZ.GA.-.CPZGAB	-C-GCTTA-TTC-CATAT---GCTTA-TGC-TGGAAC---TTG-A-A---GGATAC...-T-TA---GGG-A...T-T-G-AGGTATA---AGACATAGGCTTGAG-C-G---TGAGAG	6272
CPZ.US.85.CPZUS	A-A---GGTTT-A---GCAT---G-AT-GAAGT---TT---T-G-GA-AA-C---GGAC...-G-TGCTAG...-TGT---G-CA-A---A-AT-AAAGAAAATACTCAAC-A-G-G---TCAAAA	
Vpu	I_V...A_L...V_V_A...I_I_I_A_I_V_V_W_S_I...V_I_I_E...Y_R...K_I_L_R_Q...R_K_I...Vpu	



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2GACAGGTTAATTGATAGACTAATAGAAAGAGCAGAAGACAGT...GGCAATGAG.....AGTGAAGGAGAAAATATCAGCACTTGTG...GAGATGGGG...GTGGAGATGGGGCAC	6280
A1.KE.00.MSA4069-A-A-G-----T-G-T-C-GAG-A-T-ATCA.....-C-CTC...A-T--C---G-T	5497
A1.KE.94.Q23_17-T-G-G-A-A-G-----T-G-T-C-GAG-A-T-GTCA.....-CACTT...A-T--C---G-T	5744
A1.SE.94.SE7253-A-G-A-A-G-----T-G-C-AAT-A--G-CA.....GCACTT...A-T--A---G-T	5493
A1.TZ.97.97TZ02-C-G-A-G-----T-G-C-G-GAG-A-T-GTCA.....-CACTT...A-T--G---G-	5484
A1.UA.00.98UA0116-G-A-G-----A.....-C-G-G-TGC-GAG-A-T-ATCA.....-CACTT...A---G---A-	6279
A1.UG.85.U455-T-AA-C-A-G-----T-G-T-C-GAG-A-T-ATCC.....T--CTT.....-A-	5728
A1.UG.92.92UG037-G-A-G-----T-G-T-G-GAG-A-T-ATCC.....T--CT.....C---G-T	5656
A2.CD.97.97CDKS10-T-----CC-A-A-GT-----T-G-C-C-GAC-AGT-ATCA.....GCACTT.....-A-T	2399
A2.CD.97.97CDKTB48-T-C-G-A-GT-----T-G-C-C-GAG-A-T-GTCA.....-AAAT.....-GA-A-T	5626
A2.CY.94.94CY017_41-T-----CA-A-A-GT-G-----T-G-C-C-GAG-A--ATCA.....GCACTT.....-G-T	5643
B.AR.99.ARMA132-A-G-----C-----G-TCAGGA--A-T-GTCA.....GC-CTT.....-A	5481
B.AU.95.MBCC54-G-----GA-G-----C-----CCAGGA--A-T-ATCA.....GCACTT.....-C	5636
B.BO.99.BOL0122-T-----A-G-----G-TCAGGA--A-T-ATCA.....GCACTT.....-G-A	5496
B.CN.-.RL42-A-G-----C-----G-TCAGGA--A-T-ATCA.....GCACTT.....-A	5663
B.ES.89.S61K15-A-----C-----G-TCAGGA--A-T-ATCA.....GCACTT.....-A	6287
B.GA.88.OYI-A-G-----C-----G-G-CCAGGA--A-T-ATCA.....GC-CTT.....-A	5819
B.GB.83.CAM1-A-----C-----G-TCAGGA--A-T-ATCA.....GC-CTT.....-A	6278
B.NL.86.3202A21-A-----A-GC-----A-----C-----CCAGGA--A-T-ATCA.....GCACTT.....-A	6281
B.TH.90.BK132-A-----TCAGGA--A-T-GTCA.....GCACTT.....-T	5627
B.US.83.RF-A-G-----T-----TGAGGA--A-T-GTCA.....GCACTT.....-A	5795
B.US.90.WEAU160-A-G--C-----G-TCAGGA--A-T-ATCA.....GCACTT.....-A	6275
C.BR.92.92BR025-T-----G-A-A--A-T-AG-----G-G-T-C-GAG-A-T-G-AA.....-CAAT.....-T	5635
C.BW.00.00BW3891_6-A-----A-A-T-GG-----G-G-T-TGAG-A-T-ATCA.....-CAAT.....-T	5652
C.BW.96.96BW0502-G-AGA-A-A-T-GG-----T-G-T-TGA--A-T-ATCA.....GCAAT.....-TG---T	5781
C.ET.86.ETH2220-T-----A-A-ACT-GG-----A.....-T-G-T-C-GAG-A-T-GTCA.....-CAAT.....-A-T	5689
C.IL.98.98IS002-A-----A-T-GG-----G-TGC-GAG-A--GTC-----CCAT.....-A-T	5641
C.IN.95.95IN21068-T-----A-A-T-G-----G-G-T-CTGAG-A-T-ATCA.....-CAAT.....-GT	5627
C.IN.99.01IN565_10-T-----A-A-A-T-GG-----G-G-T-CTGAG-A-T-ATCA.....-CAAT.....-A-T	5660
C.KE.00.KER2010-T-----A-A-T-G-----G-G-T-C-GAG-A-T-G-CA.....-CAAT.....-T	5469
C.MM.99.mIDU101_3-T-----A-A-T-GG-----G-G-C-CGGAG-A-T-ATCA.....-CAAT.....-GT	5630
C.TZ.97.97TZ04-T-C-----A-A-A-T-G-----T-G-C-CGGAG-A-T-ATCC.....-C-AT.....-T	5493
C.TZ.98.98TZ017-TT-----A-A-A-T-G-----T-G-C-CGGAG-AGT-ATCC.....-C-AT.....-T	5652
C.ZA.01.2134MB-T-----G-A-A-A-T-GG-----G-G-T-TGAG-A-T-G-CC-----CAAT.....-A	5708
C.ZA.97.97ZA003-T-----G-A-A-A-T-G-----G-G-T-CTGAG-A-T-ATCC.....-CAAT.....-T	5604
C.ZM.96.96ZM651-T-----A-A-A-T-GG-----G-----G-T-CTGAG-A-T-G-CA.....-C-AT.....-C	5617
D.CD.83.ELI-T-T-C-----A-C-----C-G-G-T-G-GAGAA-T-GTCA.....-AACT.....-A	5822
D.CD.83.NDK-T-TA-----A-G-----C-G-----G-GAG-A-T-GTCA.....-AACT.....-A	5811
D.CD.85.Z226-T-TA-----A-G-----G-G-T-G-GAG-A-T-GTCA.....-AACT.....-A	6279
D.CM.01.01CM_0009BBYA-TCA-----A-----A-----C-G-T-G-GAG-A-T-ATCA.....-CACTT...A--A	5475
D.KE.01.01KE_NKU3006-A-G-----T-----C-G-G-GAG-A-T-ATCA.....GCACTT...A--A	5481
D.TD.99.MN012-TATC-----A-G-----G-G-T-G-GAG-A-T-ATCA.....-CACTT...A--A	5500
D.UG.94.94UG114-T-----A-G-----G-C-A-GAG-A-T-ATCA.....GCACTT...A--A	5631
D.UG.99.99UGA08483-T-----G-A-GC--GG-----T-----G-T-G-GAG-A-T-ATCA.....GCACTT...A--A	5484
D.UG.99.99UGB21875-T-----A-GC-----G-----G-TGA-GAG-A-T-ATCA.....GCACTT...A--A	5481
F1.BE.93.VI850A-T-AA--TA-A-A-A-G-----G-G-TGC-GAG-A-T-G-CA.....GCACTT...-G--A---CT	5626
F1.BR.93.93BR020_1A-T-----TA-A-A-A-GC-----G-G-TGC-GAG-A-T-G-CA.....GCACTT...-G-AG---CT	5611
F1.FI.93.FIN9363A-T-----GTA-ATA-A-G-----G-G-TGC-GAG-A-T-G-CA.....GCACTT...-G-A-A---CT	5615
F1.FR.96.MP411A-T-----TA--A-A-G-----G-T-TGC-GAG-A--G-CA.....GCACTT...-G--A---TCT	5483
F2.CM.02.02CM_0016BBYA-T-----TA--A-A-G-----G-G-TGC-GAG-A-T-G-CA.....GCACTT...-G-AG---TT	5469
F2.CM.95.MP255A-T-----TA--A-A-G-----G-----TGC-GAG-A-T-G-CA.....GCACTT...-G-AG---CT	5475
F2.CM.95.MP257A-T-----TA--A-A-G-----G-----TGC-GAG-A-T-G-CA.....GCACTT...-G-G---CT	5487
F2.CM.97.CM53657A-T-A-----TA-A-A-A-G-----G-----TGC-GAG-A-T-G-CA.....GCACTT...-G-A---CT	5469
G.BE.96.DRCBL-A-A--C-----GA-G-----A-----G-T-C-GAG-A-T-G-CA.....-CACTT...A---AC---G-T	6243
G.CM.01.01CM_4049HAN-A-A--C--G-A-G-----A-----G-G-T-C-GAG-A-T-G-CA.....GCACTT...A---A---A-	5487
G.FI.93.HH8793_12_1-A-A-----GA-G-----A-----G-T-G-GAG-A-T-G-CA.....-CACTT...A---A---G-	5686
G.NG.92.92NG083-A-A--C-----A-G-----A-----G-T-C-GAG-A-T-G-CA.....-CACTT...A---A---G-	5645
G.SE.93.SE6165-GA-A--C-----A-G-----A-----C-G-T-C-GAG-A-T-G-A.....-CACTT...A---G--	5683
H.BE.93.VI991-A-A-G-----C-----T-----C-C-GAG-A-T-ATCC.....-A-CTT.....-G	5658
H.BE.93.VI997-C-G-A-C-----G-----C-----T-AG.....-A-T-ATCC.....-CAAT.....-G	5585
H.CF.90.056-C-----A-A-GG-----C-----T-----C-C-GAG-A-T-ATCC.....-A-CTT...A---G	5620
J.SE.93.SE7887-T-A-----A-G-----T-C-----T-----C-C-GA--A-T-G-CA.....GACCTT...-G---CT	5599
J.SE.94.SE7022-T-A-----A-A-G-----G-----T-C-----T-----C-GAC-AGT-G-CT.....GA-CTT...-CT	5600
K.CD.97.EQTB11CA-T-----T-----A-G-----C-----G-----T-C-GAG-A-T-G-CA.....GCACTT...-G--A-C---T	5475
K.CM.96.MP535A-T-----A-----A-G-----G-----G-----TGC-GAG-A-T-G-CA.....GACATT...-G--AC---T	5479



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	Vpu end \	Env signal peptide end \	Env gp120 start	J. Virol. 66:5114-8 (1992)	
B.FR.83.HXB2	CAT...GCTCCTGGGATGTTGAT...GATCTGTAG.....TGCT.....	ACAGAAAAATTG...	TGGGTCACAGTCTATTATGGGGTACCTGTGTGGAAGGAACCA	6372
A1.KE.00.MSA4069	T-...-G--T-G-----A-A--..A-----G-----C-----T-T--G-----C------A-T--GAG-	5589
A1.KE.94.Q23_17	T-...-A--T-G-----CAA-A--..AT-----GTG-----C-----T-T-----GA-T--GA--	5836
A1.SE.94.SE7253	T-...AA--T-G-----A-A-----CA-----G-----C-----T-T-----C-----A-T--GAG-	5585
A1.TZ.97.97TZ02	T-...-A--T-G-----A-A-----G-----C-----T-T-----C-----A-T--AG-	5576
A1.UA.00.98UA0116	T-...-T--T-----A-A--..A-G--A--..G-----C-----A-----G-A-C-----GA-T--GAG-	6371
A1.UG.85.U455	T-...-A--T-G-----T-A-A--..A-T--A--..G-----C-----G-----C-----A-T--GTT-	5817
A1.UG.92.92UG037	T-...-A--T-G-----A-A--..A-T--A--..A-----G-----C-----T-T-----C------A-A--T--AT-	5748
A2.CD.97.97CDKS10	-T-...AA--TT-G-----C-A--..A-T--A--..A-----G-T-G------A-C-----A------A-T--GAA-	2488
A2.CD.97.97CDKTB48	-T-...-G--TT-----A-A--..G--A--..G-----G-----T-----A-C-----A-----GA-T--GAT-	5715
A2.CY.94.94CY017_41	-T-...-A--TT-G-----A-----A-----G-----T-----A-C-----A------A-T--GAT-	5732
B.AR.99.ARMA132	G-...-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----	5573
B.AU.95.MBCC54	-----A-A-----G-----G-----CC-----GA-----GA-----	5728
B.BO.99.BOL0122	-GAT-----A-----C-----A-----A-----	5591
B.CN.-.RL42	-----A-----A-----G-----C-----A-----	5755
B.ES.89.S61K15	G-...-----A-----A-----G-----T-----T-----A-----	6379
B.GA.88.OYI	-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----	5911
B.GB.83.CAM1	A-...-----A-----G-----C-----A-----A-----	6370
B.NL.86.3202A21	-----A-----G-----C-----A-----A-----T-----	6373
B.TH.90.BK132	-T-...-----A-A-----TA-----G-----T-----A-----A-----	5719
B.US.83.RF	-----A-----G-----GG-----C-----A-----A-----	5887
B.US.90.WEAU160	-----A-----G-----G-----C-----A-----A-----	6367
C.BR.92.92BR025	-T-...AGG-T--T-----G-A--..--T-A--A--..TA-----GG-GG--C-----G--A-----A-----AA-	5727
C.BW.00.00BW3891_6	-T-...AGG-T--T-----A-----G--A--..TG-----TG-G-G-C-----GA-----AA-	5744
C.BW.96.96BW0502	-T-...AGG-T--T-----A-----A-TA-----TG-----TG-G-G-C-----A-----AA-	5873
C.ET.86.ETH2220	-T-...AGG-T--T-----A-----T--A--..GA-----TG-GG--C-----A-----A--T--T-G-C	5781
C.IL.98.98IS002	-T-...AGG-T--T-----C-----T--A--..TA-----TG-G--C-----T-----AA-	5733
C.IN.95.95IN21068	-T-...AGG-T--T-----A-----T--A--..TG-----GT-G--C-----A-----AT-	5719
C.IN.99.01IN565_10	-T-...AGG-T--T-----A-----T--A--..TG-----GT-G--C-----T-----AA-	5752
C.KE.00.KER2010	-T-...AGG-T-C-T-----A-----C-T-----TG-----GA--GG--C-----C-----AAG	5561
C.MM.99.mIDU101_3	-T-...AGG-T--T-----A-----G-----A--..TG-----GG--G--C-----GA-----AA-	5722
C.TZ.97.97TZ04	-T-...AGG-T--T-----A-----T-A--A--..TG-----GGG-G--C-----A-----AA-	5585
C.TZ.98.98TZ017	-T-...AGG-T--T-----A-----GT-A--A--..G-----GTG-G--C-----C-----A-----AA-	5744
C.ZA.01.2134MB	-T-...AGG-T--T-----A-----T-A--A--..TGGTGGG--C-----A-----AA-	5803
C.ZA.97.97ZA003	-T-...AGG-T--T-----A-----T--A--..GGTG-TG-----GTG-GG--C-----A-----AA-	5699
C.ZM.96.96ZM651	-T-...AGG-T--T-----A-----T--A--..TG-----TGG-GG--C-----A-----AA-	5709
D.CD.83.ELI	-----A-----C-----G-----C--TC-----T-----G--A-----	5914
D.CD.83.NDK	-----A-----C-----G-----G--T-----T-----G--A--A-----T-	5903
D.CD.85.Z226	-----A-----C-----AA-----G--G--TC-----G-----G--A-----	6371
D.CM.01.01CM_0009BBY	-----C-GATA-CA-A-----A-----G-AGT--T-----A-----G--A-----A-G	5570
D.KE.01.01KE_NKU3006	-----A-----A-----T-----G--G-----T-----A-----	5573
D.TD.99.MN012	-C-...-----C-GAT--C--A-----A-----G--T--G-----G-----G--A-----AA-	5595
D.UG.94.94UG114	G-...-----C-----A-----T-----G--G--C-----T-----G-----A-----	5723
D.UG.99.99UGA08483	G-...-----A-----CA-----TGTGACATGTAG--T-----G--G--C-----TG--T-----A-----T-----	5588
D.UG.99.99UGB21875	G-...-----A-----CA-----T-----G--G--CG-----G-----A-----	5573
F1.BE.93.VI850	TT-...AT--G--A-A--..A-----A-----G-----C--C-----T-----A-----	5718
F1.BR.93.93BR020_1	TT-...AT--G--CA-A--..A-----A-----G-----C--A-----T-----A-----	5703
F1.FI.93.FIN9363	TT-...AT--G--A-A--..A-----A-----A-----G-G--TG-C-----A-----A-----	5707
F1.FR.96.MP411	TT-...AT--T-G--A-A--..A-----A-----G-----C--C-----T-----A-----T-----	5575
F2.CM.02.02CM_0016BBY	TT-...AT--G--A-A--..A-----A-----G-----T--C-----A-----A-----A-----	5561
F2.CM.95.MP255	TT-...AT--G--A-A--..A-----A-----TGCTAA-----TG-C-----A-----C-----	5573
F2.CM.95.MP257	-T-...AT--G--A-A--..A-----A-----G-----T--G-----A-----A-----	5579
F2.CM.97.CM53657	TT-...AT--G--A-A--..A-----A-----G-----T--C-----A-----A-----	5561
G.BE.96.DRCBL	TT-...-A-----T--G-----A--T-----G-----A-----G-A--T--ATG	6332
G.CM.01.01CM_4049HAN	TT-...-A-----T--G-----A--T-----C-----T--A--T--C-----C-----G--A-----ATC	5579
G.FI.93.HH8793_12_1	TT-...-A-----T--G-----A--T-----C-----T--A--T--C-----G--A-----AG-	5778
G.NG.92.92NG083	TT-...-A-----T--G--A--..A--T-----C-----T--T--C-----G--A-----T-----GAT-	5737
G.SE.93.SE6165	TT-...-A-----T--G-----A--T-----C-----T--A--T--T-----T-----G-A--T--GAT-	5775
H.BE.93.VI991	-T-...AA--T-G--T-----C-----T-----GT--G--C-----A-----G-----A-----AG-	5750
H.BE.93.VI997	-T-...A--TT-G--T-----C-----T-A--..G-----G--C-----T-----A-----G-----A-----AA-	5677
H.CF.90.056	-T-...AA--T-G--T-----C-----G-----C--C-----T-----A-----A--G--AA-	5712
J.SE.93.SE7887	-----A--T--A--..A-----T--A--..G--A--..A--G--C-----A-----T-----AG-	5691
J.SE.94.SE7022	-----A--T--A--..A-----T--A--..G-----G--C-----A-----GA--T-----AG-	5692
K.CD.97.EQTB11C	-T-...AT--T-G--A-A--..A-----C-----G--A--C--C-----A-----A-----	5567
K.CM.96.MP535	-T-...AT--T-G--A-A--..A-----CAA-----G--C-----A-----AC	5571





Accession	Vpu end \	Env signal peptide end \	Env gp120 start	J. Virol. 66:5114-8 (1992)	
B.FR.83.HXB2	CAT...GCTCCTTGGGATGTTGAT...GATCTGTAG	...TGCT...ACAGAAAATTG...TGGGTACAGTCTATTATGGGGTACCTGTGTGGAAGGAAGCAACCA			6372
01_AE.CF.90.90CF4071	TT...-A-----T-G-----A-G-----	...-C...T--C-C-----T-----A-----T-----GA--T--GAT-			6304
01_AE.JP.93.93JP.NH1	TT...-A-----T-G-----A-T-----	...-C...T--T-C-----T-----T-----T-----GA--T--GAT-			6374
01_AE.TH.90.CM240	TT...-A-----T-G-----A-T-----	...-C...T--C-C-----T-----T-----G-----GA--T--GAT-			5940
01_AE.TH.93.93TH9021	TT...-A-----T-G-----A-T-----	...-C...T--C-C-----T-----T-----T-----GA--T--GAT-			6386
02_AG.CM.02.02CM.1677LE	G-----AT--T---AA-----T---A-----	...-T-----G-----A-----T-----GAA-			5565
02_AG.CM.97.97CM.MP807	G-----A-TT---AA-A---A-T---A-----	...-C...T--A-G-CA-----G-----C-----GA--T--GAA-			5540
02_AG.FR.91.DJ264	G---AA-AT--T---AA-----A-T---A-----	...-G-----G-----C-----GA--T--GAA-			5724
02_AG.NG.-.IBNG	G-A...TA-AT--T---AA-----A-T---A-----	...-C-----G-----C-----ACG--GAG-			5899
02_AG.SE.94.SE7812	G---AA-AT--T---AA--C---A-T---A-----	...-G--T-----G-----GA--C--GAG-			5747
03_AB.BY.00.98BY10443	-T...-T-----C-----A-----	...-T--A-----A-----			6362
03_AB.RU.97.KAL153_2	-T...-T-----C-----A-----	...-T-----T-----A-----			5585
03_AB.RU.98.RU9800I	-T...-T-----C-----A-----	...-T-----T-----A-----			5729
04_cpx.CY.94.CY032	TT...-A-----T-G-----A-----	...-C...T--A-C-C-----T-----GA--C--GAG-			5742
04_cpx.GR.91.97PVCH	TT...-A-----T-G-A---A-G-----	...-C...T--A-G-CA-----T-----GA--C--GAG-			6411
04_cpx.GR.97.97PVMY	TT...CA---T--T-G-A---A-T-----	...-C...T--A-T-C-----T-----GA--C--GAG-			6405
05_DF.BE.-.VI1310	TT...AT---G-----A-A---A-----	...-C-----T-----A-----GA--C--AA-			5760
05_DF.BE.93.VI961	TT...AT---G-A-A-A---A-----	...-G--C-C-----A-----A--			5735
05_DF.ES.99.X492	TT...AT---G-----A-A-C-C-----	...-A--G-A-C-C-----A-----A--			5728
06_cpx.AU.96.BFP90	TT...-A-----T-G-----A-T-----	...-C...T--TA-G-CA-----T-----G--C--G-A-T--GAT-			6408
06_cpx.ML.95.95ML127	TT...-A-----T-G-----A-T-----	...-C...T--A-T-C-----G-----A-G--C--G-A-T--GAT-			6395
06_cpx.ML.95.95ML84	TT...-A-----T-GC---A-T-----	...-C...--AGT--CC-----G-----G-A-T--GAT-			5621
06_cpx.SN.97.97SE1078	TT...-A-----T-G-----A-T-----	...-C...T--C-G-CA-----G--CT--G-A-T--GAT-			6437
07_BC.CN.-.CNGL179		...G---GT--G--C-----A--A-G----			5583
07_BC.CN.97.97CN001		...GT--G--C-----A--A-G----			5703
07_BC.CN.97.CN54		...GT--G--C-----A--A-GG----			5561
07_BC.CN.98.98CN009		...GT--G--C-----A--A-G----			5703
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	-T...AGG-T--T-----A-----T---A-----	...-TG...GA--G--C-----A-----AA-			5545
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	-T...AGG-T--T-----A-----T---A-----	...-TG...GA--G--C-----A-----AA-			5551
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	-T...AGG-T--T-----A-----A-T---A-----	...-TG...GA--G--C-----A-----AA-			5545
08_BC.CN.98.98CN006	-T...AGG-T--T-----A-----AT---A-----	...-TG...GG--G--C-----A-----AA-			5694
09_cpx.GH.96.96GH2911		...-A-T-----A-----G--C-C-----A--G--GAG-			5583
09_cpx.SN.95.95SN1795		...-A-T-----A-----G--C-C-----A-----A--T--GAG-			5571
09_cpx.SN.95.95SN7808		...-A-T-----A-----G--C-C-----GA--T--GAG-			5568
09_cpx.US.99.99DE4057		...-A-T-----A-A-A-----G--C-C-----A--G--GAA-			5769
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	-T...AGG-T--T-----A-----T---A-----	...-A--GG--G--G-----A-----A--A----			5760
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	-T...AGG-T--T-----A-----T---A-----	...-GG-----CC-----A-----A--A----			5760
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	-T...AGG-T--T-----A-----A-----	...-TG...-G-GG--A-----A-----A--A----			5758
11_cpx.CM.02.02CM.4118STN		...-G--T---A-A-----C---A-----A-----A--C--T-----G-----A--T---A--			5578
11_cpx.CM.96.4496		...-A-T---A-A-----T---A-----A-----G--G--C-----C-----G-A--T--GAT-			5737
11_cpx.FR.99.MP1298		...-A-T---A-A-----A-----A-----A-----C--C-----CGA--T--AT-			6372
11_cpx.GR.-.GR17		...-A-T---A-A-----AA--G-----A-----GA--T--GGAT-			5675
12_BF.AR.97.A32989	-T...AT--T-G-A-A-----A-----A-----	...-----TC-----A-----AT-			5920
12_BF.AR.99.ARMA159	-T...AT--G-A-A-----A-----A-----	...-----T-----A-----			6373
12_BF.UY.99.URTR23	-T...-T--T-G-----A-----A-----	...AA--G--C--T-----A-----			6391
12_BF.UY.99.URTR35	-T...AT--G-A-A-----A-----A-----	...-----C--T-----T-----A-----			6391
13_cpx.CM.02.02CM.3226MN	TT...-A-----T-G-----C-T-----	...A-C...T--C-C-----T-----A--T-----G--T--GAG-			5603
13_cpx.CM.96.1849	TT...-A-----T-G-----A-T-----	...-C...T--A-T-C-----T-----T-----GA--T--GAG-			5782
13_cpx.CM.96.4164	TT...-A-----T-G-----A-T-----	...-C...T--GC-C-----T-----T-----GA--T--GAG-			5782
14_BG.ES.00.X475	TT...-A-----T-G-----A-T-----	...-C...T--A-TG-C-A-----A-----			5816
14_BG.ES.00.X477	TT...-A-----T-G-----A-G-----	...-C...T--A-T-C-A-----A-----			5819
14_BG.ES.00.X623	TT...-A-----T-G-----A-T-----	...-C...T--T-C-----A-----			5818
14_BG.ES.99.X397	TT...-A-----T-G-----A-T-----	...-C...T--A-TG-C-A-----A-----			5819
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	TT...-A-----T-G-----A-G-----	...-C...T--A-C-C-----T-----A-----A-----			5604
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	TT...-A-----T-G-A---A-G-----	...-C...T--A-C-C-----T-----A-----GA-----			5592
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	-T...-A-----T-G-----A-T-----	...G-----C-----A-----A--C--T--			5768
15_01B.TH.99.99TH_R2399	TT...-A-----T-G-----A-T-----	...-C...T--A-C-T-----T-----T-----A--T--GAT-			5745
16_A2D.KE.00.KISII5009	-T...AGGTT--T---C-A---A-----A-----	...G-----C--TC-----A--C---A-----A--A--T--GAG-			5550
16_A2D.KR.97.97KR004	-T...-A-TT-G---C-A---TA--A-----	...A-----G--TC-----A--C---A-----GA--T--GAG-			5738
N.CM.-.YBF106	-TG...T---GATA-GC---C---A--TG-G-----	...T--T--CCC-CAT-----A-----G--C---A-----A--A--GA--C--GAG-			5929
N.CM.95.YBF30	G-A...-AGTGG-T---AC---CT--A-CT..TCTAGTAAGCTTGATCAAGGTAAT--GG..	...T--T--C-CAT-----A-----G--C---A-----A--A--GA--C--GAG-			5959
O.BE.87.ANT70	-T...AGC-A-G-CTT--A-A-C...CCCA--TT..	...GAGC...CTTAG-C-GC-A...-AT-CA-----GC-----G-----A--G-A-T--AC			6420
O.CM.-.96CMABB009	...AG-A-G-CTT--A...CCCA--TT..	...GAGC...TGTA-C-GC-A...-AT-CTG--Y--C-----G-----G-A-T--AAC			5850
O.CM.91.MVP5180	...AGC-A-G-CTT--C-A...CCCA--TT..	...GAG-TA...GTA-C-GC-A...-AT-C-----T-----C-----A--G-A-G--G--AC			6410
O.SN.99.SEMP1299	...AG-TA-G-CTT--A-A-C...CCCA--TT..	...GAGC...TATA-CC-GCAC...-AT-CA-----GC-----A-----G-A-G--G--C			6431
CPZ.CD.-.ANT	TTG...-GGT--G-CTT--C-A---CCAG-T--T..	...AGAGAAG...GGGACG--TGAAGAC-AT--A---A-TC-----A--C---C---GAA--T--G--AC			5798
CPZ.CM.98.CAM5	...AA-G--TT--A-A-C...CCCA--TT..	...GA...GGCC-TG-G-G---CA--G--C---A-----A--G--GAA-			6076
CPZ.GA.-.CPZGAB	...AACAA-CATTT--C-A-C...CCCA--TT..	...GA-C...T--T...G-G-A...-A-----A-----A-----T--C--T--T--TGA-C			6436
CPZ.US.85.CPZUS	TTG...T--T--CTC--GC---AATCCAG-ATT..	...GT-----GC--A-----CT--A-----GA--T--T--GAG-			6443
		Env signal peptide end \	Env gp120 start		
Env gp120	M . L L G M L M . I C		S A . T E K L . W V T V Y Y G V P V W K E A T		Env
Vpu	H . A P W D V D . D L S				
		Vpu end 7			



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	CCACTCTATTTTGTGCATCAGATGCTAAAGCATATGATACAGAGGTACATAATGTTTGGGCCACACATGCCTGTGTACCCACAGACCCCAACCCACAAGAAGTAGTATTGGTAAATGTGACAGAAAATTT	6502
A1. KE. 00. MSA4069	---CT-----G-----G-----A-----AAAG-----C-----T-----T-----A-----CACCC--AA-----GGG--	5719
A1. KE. 94. Q23_17	---CT-----G-----G-----A-----AAAG-----C-----T-----T-----A-----CAT--AC-----G--	5966
A1. SE. 94. SE7253	---C-----C-----A-----G-----AA-G-----A-----T-----C-----GCAT--AA-----G-G--	5715
A1. TZ. 97. 97TZ02	---CT-----G-----G-----A-----AAAG-----C-----T-----T-----A-----CAT--AC-----G-G--	5706
A1. UA. 00. 98UA0116	---C-----A-----A-----C-----C-----T-----C-----TG-----A-----A-T-----G-----A--	6501
A1. UG. 85. U455	---C-----G-----A-----G-----C-----T-----C-----A-----AT-----C-----G-----A--	5947
A1. UG. 92. 92UG037	---CT-----G-----G-----A-----G-----C-----T-----G-----T-----G-----C-----AAGA--A-----G-G--	5878
A2. CD. 97. 97CDKS10	---CT-----C-----A-----G-----A-----CG-----C-----C-----AACC-AAA-----G--	2618
A2. CD. 97. 97CDKTB48	---C-----C-----C-----C-----AAAG-----C-----C-----AACC--C-----A-----G--	5845
A2. CY. 94. 94CY017_41	---TC-----A-----G-----A-----G-----A-----A-----A-----AACC--A-----A-----G--	5862
B. AR. 99. ARMA132	-----A-----T-----T-----T-----AA-----	5703
B. AU. 95. MBCC54	-----G-----G-----A-----CC-----A-----G--	5858
B. BO. 99. BOL0122	-----AG-----AA-----A-----C-----CC-----A-----A-----G--	5721
B. CN. -. RL42	-----T-----T-----C-----G-----C-----C-----	5885
B. ES. 89. S61K15	-----C-----C-----G-----G-----A-----C-----AAG-----	6509
B. GA. 88. OYI	-----G-----C-----G-----G-----A-----G-----	6041
B. GB. 83. CAM1	-----C-----C-----T-----A-----A-----	6500
B. NL. 86. 3202A21	-----C-----C-----C-----A-----G-----	6503
B. TH. 90. BK132	-----A-----A-----A-----C-----A-----T-----T-----C-----A-----	5849
B. US. 83. RF	-----A-----A-----A-----C-----A-----T-----T-----C-----A-----	6017
B. US. 90. WEAU160	-----A-----A-----A-----C-----A-----T-----T-----C-----A-----	6497
C. BR. 92. 92BR025	-T-----C-----C-----G-----A-----G-----C-----T-----T-----A-----G-----T-----A-----A-----	5857
C. BW. 00. 00BW3891_6	-T-----C-----A-----G-----G-----A-----A-----G-----C-----T-----G-----G-----A-----G-----T-----A-----A-----	5874
C. BW. 96. 96BW0502	-T-----C-----A-----G-----G-----A-----G-----C-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----	6003
C. ET. 86. ETH2220	-T-----C-----A-----A-----G-----C-----GT-----TT-----C-----G-----T-----G-----GT-----A-----A-----	5911
C. IL. 98. 98IS002	-T-----C-----G-----G-----A-----G-----C-----T-----T-----T-----G-----T-----A-----A-----	5863
C. IN. 95. 95IN21068	-T-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-----T-----A-----TA-----A-----A-----	5849
C. IN. 99. 01IN565_10	-T-----C-----C-----A-----A-----G-----C-----C-----T-----T-----GT-----G-----A-----A-----	5882
C. KE. 00. KER2010	-TC-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-----G-----A-----T-----A-----A-----	5691
C. MM. 99. mIDU101_3	-T-----C-----A-----G-----A-----G-----C-----T-----T-----A-----G-----AT-----A-----A-----	5852
C. TZ. 97. 97TZ04	-T-----A-----G-----G-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----G-----T-----A-----A-----C--	5715
C. TZ. 98. 98TZ017	-T-----C-----G-----G-----A-----G-----C-----A-----A-----C-----G-----T-----G-----A-----C--	5874
C. ZA. 01. 2134MB	-T-----C-----G-----G-----G-----C-----T-----T-----A-----T-----T-----A-----A-----	5933
C. ZA. 97. 97ZA003	-T-----T-----C-----G-----G-----G-----C-----T-----G-----C-----A-----T-----G-----A-----	5829
C. ZM. 96. 96ZM651	-T-----C-----T-----G-----A-----A-----G-----C-----T-----T-----A-----T-----G-----A-----	5839
D. CD. 83. ELI	-----T-----A-----C-----A-----C-----G-----A-----C-----C-----	6044
D. CD. 83. NDK	-----A-----A-----A-----C-----A-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----C-----	6033
D. CD. 85. Z226	-----T-----A-----A-----C-----A-----C-----G-----A-----A-----C-----A-----C-----	6501
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	-----A-----AG-----C-----A-----C-----T-----G-----T-----G-----A-----A-----C-----AA-----C-----	5700
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	-T-----T-----AG-----C-----A-----C-----T-----A-----G-----T-----G-----A-----AA-----C-----A-----C-----	5703
D. TD. 99. MN012	-----C-----T-----GT-----A-----AG-----C-----A-----A-----TT-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----CC--	5725
D. UG. 94. 94UG114	-T-----G-----A-----AG-----C-----CA-----C-----T-----A-----A-----AA-----C-----A-----A-----C-----	5853
D. UG. 99. 99UGA08483	-T-----T-----A-----AGA-----C-----CA-----C-----T-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----C-----	5718
D. UG. 99. 99UGB21875	-T-----G-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----A-----A-----G-----A-----AA-----A-----A-----C-----	5703
F1. BE. 93. VI850	-T-----C-----A-----G-----C-----C-----C-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----TC-----AA-----A-----	5848
F1. BR. 93. 93BR020_1	-T-----C-----T-----A-----A-----C-----C-----T-----T-----T-----T-----T-----TC-----A-----A-----GG--	5833
F1. FI. 93. FIN9363	-T-----C-----T-----A-----A-----A-----C-----T-----T-----T-----T-----T-----CTC-----	5834
F1. FR. 96. MP411	-T-----GT-----G-----A-----G-----A-----G-----C-----T-----G-----G-----A-----TGCC-----AA-----A-----	5705
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	-T-----G-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----T-----T-----TG-----A-----T-----TC-----AC-----A-----	5691
F2. CM. 95. MP255	-T-----G-----CC-----A-----C-----C-----T-----T-----T-----T-----T-----G-----T-----G-----A-----A-----C-----	5703
F2. CM. 95. MP257	-T-----A-----G-----A-----C-----C-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----G-----T-----G-----TC-----T-----G-----AT-----A--	5709
F2. CM. 97. CM53657	-T-----A-----G-----A-----C-----C-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----TC-----G-----A-----	5691
G. BE. 96. DRCBL	---C-----T-----C-----AG-----T-----AAGT-----A-----C-----T-----T-----T-----G-----A-----AATA-----AG-----A-----	6462
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	---C-----C-----T-----AG-----T-----AAA-----C-----T-----T-----T-----A-----TA-----A-----A-----	5709
G. FI. 93. HH8793_12_1	---T-----T-----AG-----T-----AG-----A-----C-----T-----T-----G-----GA-----CCCC-----AG-----A-----	5908
G. NG. 92. 92NG083	---C-----C-----C-----T-----T-----AG-----T-----AAA-----C-----T-----T-----T-----A-----CTA-----A-----A-----	5867
G. SE. 93. SE6165	---C-----C-----C-----T-----AG-----G-----T-----AAGC-----C-----T-----T-----A-----A-----TA-----A-----A-----T-----	5905
H. BE. 93. VI991	-T-----C-----C-----AAGG-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----CC--	5880
H. BE. 93. VI997	---C-----G-----GC-----AAAG-----C-----T-----T-----G-----GA-----G-----CC-----C-----A-----G-----C--	5807
H. CF. 90. 056	---C-----G-----G-----AAAG-----C-----T-----A-----A-----GA-----G-----CA-----AG-----A-----G-----GC--	5842
J. SE. 93. SE7887	---T-----C-----T-----AG-----T-----AAA-----C-----T-----T-----T-----T-----A-----G-----GA-----GAATC-----CC-----A-----	5821
J. SE. 94. SE7022	---T-----C-----T-----AG-----T-----AAA-----C-----T-----T-----T-----T-----A-----GA-----GAGTC-----CC-----A-----	5822
K. CD. 97. EQTB11C	---C-----A-----C-----T-----G-----G-----T-----A-----A-----A-----	5697
K. CM. 96. MP535	---C-----G-----AG-----C-----T-----C-----G-----A-----AGA-----A-----A-----C--	5701



B. FR. 83. HXB2

01_AE.CF.90.90CF4071
 01_AE.JP.93.93JP_NH1
 01_AE.TH.90.CM240
 01_AE.TH.93.93TH9021
 02_AG.CM.02.02CM_1677LE
 02_AG.CM.97.97CM_MP807
 02_AG.FR.91.DJ264
 02_AG.NG.-.IBNG
 02_AG.SE.94.SE7812
 03_AB.BY.00.98BY10443
 03_AB.RU.97.KAL153_2
 03_AB.RU.98.RU98001
 04_cpx.CY.94.CY032
 04_cpx.GR.91.97PVCH
 04_cpx.GR.97.97PVMY
 05_DF.BE.-.VI1310
 05_DF.BE.93.VI961
 05_DF.ES.99.X492
 06_cpx.AU.96.BFP90
 06_cpx.ML.95.95ML127
 06_cpx.ML.95.95ML84
 06_cpx.SN.97.97SE1078
 07_BC.CN.-.CNGL179
 07_BC.CN.97.97CN001
 07_BC.CN.97.CN54
 07_BC.CN.98.98CN009
 08_BC.CN.97.97CNGX_6F
 08_BC.CN.97.97CNGX_7F
 08_BC.CN.97.97CNGX_9F
 08_BC.CN.98.98CN006
 09_cpx.GH.96.96GH2911
 09_cpx.SN.95.95SN1795
 09_cpx.SN.95.95SN7808
 09_cpx.US.99.99DE4057
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF071
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF110
 11_cpx.CM.02.02CM_4118STN
 11_cpx.CM.96.4496
 11_cpx.FR.99.MP1298
 11_cpx.GR.-.GR17
 12_BF.AR.97.A32989
 12_BF.AR.99.ARMA159
 12_BF.UY.99.URTR23
 12_BF.UY.99.URTR35
 13_cpx.CM.02.02CM_3226MN
 13_cpx.CM.96.1849
 13_cpx.CM.96.4164
 14_BG.ES.00.X475
 14_BG.ES.00.X477
 14_BG.ES.00.X623
 14_BG.ES.99.X397
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1331
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1332
 15_01B.TH.99.99TH_MU2079
 15_01B.TH.99.99TH_R2399
 16_A2D.KE.00.KISII5009
 16_A2D.KR.97.97KR004
 N.CM.-.YBF106
 N.CM.95.YBF30
 O.BE.87.ANT70
 O.CM.-.96CMABB009
 O.CM.91.MVP5180
 O.SN.99.SEMP1299
 CPZ.CD.-.ANT
 CPZ.CM.98.CAM5
 CPZ.GA.-.CPZGAB
 CPZ.US.85.CPZUS
 Env

CCACTCTATTTTGTGCATCAGATGCTAAAGCATATGATACAGAGGTACATAATGTTGGGCCACACATGCCTGTGTACCCACAGACCCCAACCCACAAGAAGTAGTATTGGTAAATGTGACAGAAAATTT 6502
 ---C-----G-----G-C--A-C---T-----A--AC--A-----A----- 6434
 ---C-----C-----C--G--A-G-C---C-----A--CACC--A-----A----- 6504
 ---C-----C-G--C--G--A-G-C---C-----A--CACC--A-----A----- 6070
 ---C-----C-----C--G--A-G-C--A-C-----A--TACA--A-----A----- 6516
 ---C-----AG--A--A-----T-----G---T-----A--CAT--A-----A-----G-- 5695
 ---C-----A-C-----C--T--G-----G-----A--AAT--A-----A-----G-- 5670
 ---C-----C--GT--A-----C--T--G-----T--G-----A--CAT--AA-----A-----G-- 5854
 ---C-----A-----C--T-----T-----A--CAT--A-----A-----G-- 6029
 ---C-----A-----C--T-----C-----T-----A--CAT--G-----A-----G-- 5877
 ---AG--AG-----T-----G---G-----A--C-----A----- 6492
 ---AG--AG-----T-----G---G-----A--CC--AA-----A----- 5715
 ---AG--AG-----T-----G---G-----A--CC--A-----A-----G-- 5859
 ---C-----A-----G--A--A-----A-C---T-----CTC--A-----A-----G--C-- 5872
 ---AG--CGAW-----T-----A--AA-----A-C---T-----T-----CTC--AC-----A----- 6541
 ---T-C-C-----A--A-----A-C---T-----A--T-TC--AA-----A-----G-- 6535
 ---T-C--G-----G--C-A-----C---T-----T-----TC--G-----A----- 5890
 ---T-----G--A-A-----C-----C---T-----T-----A-----A----- 5865
 ---A-G-----C-A-----C-----C---T-----T-----A--TA--A-----A----- 5858
 ---T-----T-----AG-C-T--TAAG-----C--A-----T-----A--TCTC--AA-----A----- 6538
 ---T-----T-----AG-G-T--AAG-----C--T-----T-----A--CCTC--AA-----A----- 6525
 ---A-T-----C-----T-----AG-G-T--AAAG-----C--T-----T-----A--CCTC--A-----A----- 5751
 ---T-----T-----AG-G-T--AAAG-----C--T-----T-----A--AA-C--A-----A----- 6567
 ---T-----T-----T-----T-----G-----A-G--T--A-----A----- 5713
 ---T-----G-----T-----A-----A-----G-----A-G--T--A-----A----- 5833
 ---T-----T-----T-----G-----A-G--T--A-----A-----A----- 5691
 ---T-----T-----T-----A-----A-----A-----A-GT--T--A-----A----- 5833
 ---T-----C-----G-----G--A-G-----C---T-----G-----A--TA--A-----A----- 5675
 ---T-----C-----G-----G--A-G-----C---T-----A--TA--A-----A----- 5681
 ---T-----C-----G-----G--A-G-----C---T-----A--TA--A-----A----- 5675
 ---T-----C-----G-----G--A-G-----C---T-----C--A-GT--TA--AG-----A----- 5824
 ---CT-----C-G-----CTC--A--AAA-----T-----G---G-----A--GTC--A-----A----- 5713
 ---C-----C-----CTC-----AAA-----C-----G-----A--GTC--G-----A----- 5713
 ---C-----G-----CTCC-----AAA-----C-----T-----G---G-----A--AGTC--A-----A----- 5701
 ---C-----C-----GT--C-T-----AAA-----C-----T-----G-----A--TC--A-----A----- 5698
 ---T-----C--CA-AG-----C-----A-C---T-----C---T-----G---A--T--A-----A----- 5899
 ---T-----TAT--A-AGA-----C-----A-C---TG-----C-----T-----AG--A-A-----A----- 5890
 ---T-----G--A-A-----A-C---T-----C-----G-----A--T--A-----A----- 5888
 ---C-----T-----AGCC--T--AAA-----C---T-----T-----GA--CCTC--A-----A----- 5708
 ---T-----T-----AG--T--AAA-----C---T-----T-----GA--CCTC--G-----A----- 5867
 ---T-----T-----GT-AG--T--AAA-----C---T-----CT-----GA--T-TC--A-----A----- 6502
 ---T-----T-----G-A--AG--T--AAA-----C---T-----CT-----G--C--AGTC--A-A-----A----- 5805
 ---T-----T-----TA-G-----C---T-----C-----AATC--A-----A----- 6050
 ---T-----C-----T-----A-GG-----C---T--C-----T--A--T-----TC--A-----A----- 6503
 ---T-----C-----T-----A-A-----C---T-----T-----T-----A-C--AA-----A----- 6521
 ---T-----C-----T-----C-G--C-----C---A-----T-----T-----A--A-C--A-----A----- 6521
 ---T-----A-----C-----AAA-----C---T-----T-----A--AA-----CC-----A-----G-A-- 5733
 ---C-----G-----TC-----AAA-----C---T-----T-----A--AAT--A-GC-----C----- 5912
 ---C-----AC-----AAA-----C---T-----T-----A--AACA--C-----C----- 5912
 ---C-----G-----AC-----AA-----C----- 5946
 ---C-----T-----A-----G----- 5949
 ---C-----AT-G--A-C-----G----- 5948
 ---C-----G-----A----- 5949
 ---C-----G-----A-----C----- 5734
 ---C-----G-----T-----G-----G-----A-A-----G-----C----- 5722
 ---C-----G-----T-----G-----G-----A-A-----G-----C----- 5898
 ---C-----G-----T-----G-----G-----A-A-----G-----C----- 5875
 ---C-----A-G-----C-----AACC--A-----A----- 5680
 ---T-C-----A-C-----A--AACC--A-----A----- 5868
 ---AGT--T-C-C-T-----CC--AG-----CT--C--CA-C-----A--A-----C---T--T-----GC--AACC-----T--T----- 6059
 ---A-----T-C-----T-----CC--AG-----CT--C--CA-C-----A--A-----C---T--T-----GC--AACC-----A--T-----A----- 6089
 ---AGTA--C-----T-----CCT-ACAAGC--T--AAAG-----A-----AT-----T-----T-----CT--T--T-----TATCC-----CAC-----TG-C-- 6550
 ---TGTA--T-C-----T-----CCTGACAAGC--T--CAG-----A-----T-----A-----C--T-----GCT--T--T-----TAT--G--ACAG-----T--A-- 5980
 ---AGTA--C-----T-----CCT-ACAAGC--T--ACAG-----A-----AT-----A-----C--T-----T-----T--TCC-C-A-GC-----T--C-- 6540
 ---AGTAT--C-----T-----CCT-ACAAGC--T--CAG-----A-----AT-----A-----T-----T-----TCT--T--T-----TATCCT--AACC--G-----T----- 6561
 ---T-----CA--A-----CTCCATGACAAG-----G--C-----A-----A--TACCAGT--G--A--T-----T--AG--T--TATT--T-----TAG...-C-C--ACCT--TCTGG-- 5925
 ---A--A--T-C-----C-----G--CTC-----CT-A-C-A-----A-CC-C--A-----T-----A-----C--TGT--T--T-----G--GTATA--CC-----AT--T-----GC-- 6206
 ---GGTA--C-----C-----C-----G--C--AG-----CT-----A-----G--A-----T-----GT--T--G-----T--TC--TCC-----A--T-----TCA-- 6566
 ---A--CT--C-----C--T-----A--G-----CA--GCAG-----CC--C--CA-----G--A-----C--T--T-----T-----CAT--CC-----T-----G-- 6573



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	TAACATGTGGAATAATGACATGGTAGAACAGATGCATGAGGATATAATCAGTTTATGGGATCAAAGCCTAAAGCCATGTGTAATAATTAACCCCACTCTGTGTAGTTTAAAGTGCACTGATTGAAGAAT	6632
A1. KE. 00. MSA4069	-----A-----A-A-----G-----CA-----C-----C-----T-----T-----C--GG-T--TGTCAC--AC--TGCC	5849
A1. KE. 94. Q23_17	-----A-----G-----CACA-----C-----C-----G-----T-----C-----C-----T--AA--G-C-CA-G-	6096
A1. SE. 94. SE7253	-----AG-----G-----ACA-----C-----CG-----G-----T-----C-----C-----T--CA--GCC--CGGA	5845
A1. TZ. 97. 97TZ02	-----G-----G-----ACA-----C-----C-----C-----T-----C-----C-----C--T--AC--G-T--GT-	5836
A1. UA. 00. 98UA0116	-----A-----A-----AACA-----C-C-----C-----G-----T-----C-----C-----T--TG--GACCC-GCTC-	6631
A1. UG. 85. U455	-----A-----T-----A-----C-----C-----C-----G-----T-----C-----CG--G-T--CA-A-CA-C-CC-T-	6077
A1. UG. 92. 92UG037	-----A-----G-----ACA-----C-----C-----A-----C-G-----T-----C-----C-----G-T--T-GCT--AAC-TC-CC	6008
A2. CD. 97. 97CDKS10	-----A-T-----G-----A-----C-----C-----C-----T-----T-----C-CG-----C--T-GCA--GCC--C-CC	2748
A2. CD. 97. 97CDKTB48	-----A-----G-----CA-----C-----C-----C-----T-----T-GCA--GCC--C-CC	5975
A2. CY. 94. 94CY017_41	-----T-----A-----G-----A-A-----C-----C-----C-----T-----T-GCA--GCC--T-CC	5992
B. AR. 99. ARMA132	-----A-----A-----A-----G-TGA-----C-C-A-GG-T-----AT--A--	5833
B. AU. 95. MBCC54	-----A-----T-----T-----C-----C-----T-----GCT-CT--A	5988
B. BO. 99. BOL0122	-----A-----C-----A-----C-----C-----C-----T--A--G-A-CC-TA	5851
B. CN. -. RL42	-----A-----A-----A-----T-----C-----T-----A--	6015
B. ES. 89. S61K15	-----A-----C-A-----A-----T-----C-----T-----ATGG--	6639
B. GA. 88. OYI	-G-----A-T-----A-A-A-----T-----C-----C-----G-T-----G-T--T-CC	6171
B. GB. 83. CAM1	-----A-----A-----A-----A-----C-----TT-----A-G-A--T--	6630
B. NL. 86. 3202A21	-G-----A-----A-----A-----A-----C-----T-----TGG--	6633
B. TH. 90. BK132	--Y-----C-A-----C-----A-----T-----T-----C-----T-----GA--	5979
B. US. 83. RF	-----A-----A-----A-----T-----A-----C-----T-----GCT--CTTG	6147
B. US. 90. WEAU160	-----A-----A-----A-----T-----A-----C-----T-----A-G--TGTG	6627
C. BR. 92. 92BR025	-----G-----G-----C-----C-----G-G-----G-G-----CG--C-C--G-A-CAGA-CT-T-	5987
C. BW. 00. 00BW3891_6	-----G-T-----T-----C-----C-----A--TGT-AG-A-T--TGC-	6004
C. BW. 96. 96BW0502	-----G-T-----C-----C-----G-G-----G-G-----C-C--A--T-GAA--G-T--TGC-	6133
C. ET. 86. ETH2220	-----G-G-----C-----G-----G-G-----C-----C-----T-A--C-A-C-A-C	6041
C. IL. 98. 98IS002	--T-----T-----G-T-----G-G-----T-----C-C-----C--A--GCT--T-T-	5993
C. IN. 95. 95IN21068	-----GA-T-----G-----G-----C-C-----G-A--T-GAA--G-T--C-G-	5979
C. IN. 99. 01IN565_10	--T-----G-T-----G-----T-----G-----A-----C-C-----G-A--T-GAA--G-T--CCTTG	6012
C. KE. 00. KER2010	-----T-----T-----G-T-A-----G-G-----G-G-----C-C-----T--T-GCA--G-T-CC-G-	5821
C. MM. 99. mIDU101_3	-----G-C-----T-----G-T-----G-G-----G-G-----C-C-----G-A--T-AAA--G-T--A-T-	5982
C. TZ. 97. 97TZ04	-----G-T-----G-----G-----G-----G-----C-C-----C--T-GC--GCT-G--	5845
C. TZ. 98. 98TZ017	-----G-T-----G-----A-----T-----GC-GG-----C-CC--C-C--T-GCA--GCT--C--	6004
C. ZA. 01. 2134MB	-----G-T-----A-----T-----G-----G-----C-C-----C--T--A--G-C-CTTTA	6063
C. ZA. 97. 97ZA003	-----C-----G-T-----A-----C-----C-----C-CG--CA--TGGA--GG-T-GA--	5959
C. ZM. 96. 96ZM651	-----G-T-----G-----G-----G-----G-----C-C-----T--T-A--GG-T--TGT-	5969
D. CD. 83. ELI	-----A-----G-----A-----A-----C-----C-----C--T-G--GAATT--GG	6174
D. CD. 83. NDK	-----A-----G-----A-----A-----A-----T-----C-C-----C--GAATT--GG	6163
D. CD. 85. Z226	-G-----A-----G-----A-----A-----A-----C-C-----C--TA--GAAGT--TG	6631
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	--T-----G-----A-----G-----A-----A-----A-----C-C-----C--GCT--AGTG	5830
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	-G-----A-T-----G-G-----A-----A-----A-----C-C-----C--T--G--	5833
D. TD. 99. MN012	-----G-G-----G-----AA-----A-----G-----C-C-----C--T--A--G-T--C--	5855
D. UG. 94. 94UG114	--T-----A-----G-G-----T-----A-----G-----C-C-----C--A-C-G-GTC-C-	5983
D. UG. 99. 99UGA08483	-----A-----G-G-----T-----A-----G-----C-C-----C--G--G--G--G-G	5848
D. UG. 99. 99UGB21875	-----A-----G-G-----A-----A-----A-----C-C-----T--A--G--	5833
F1. BE. 93. VI850	-G-T-----A-----A-----ACA-----G-----G-C-----C--T--A--GCC-CC--	5978
F1. BR. 93. 93BR020_1	--T-----G-----A-----A-----ACA-----G-G-----C-----G-T--T-GAA-CA-TGCC-CC	5963
F1. FI. 93. FIN9363	--T-----G-----A-----A-----A-----T-----GC-----C-----T--A--GCC-CT-CC	5964
F1. FR. 96. MP411	-G-T-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----C--T-G--G-C--T-TC	5835
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	-----A-----C-----A-----A-----A-----GA-----CC--C-C--T-G--G-T--T-T-	5821
F2. CM. 95. MP255	--T-----G-----A-----T-----CTA-----T-----A-----G-C-----C--T--T--T-TC	5833
F2. CM. 95. MP257	-----A-----C-A-----A-----G-G-----G-----C-----T--T--A--GGCT-TC-T-	5839
F2. CM. 97. CM53657	-----A-----C-----A-----C-GA-----A-CC-----T--T--G-TCCTGT-	5821
G. BE. 96. DRCBL	-----A-----G-----G-----T-----G-----C-----C--T--GA-A--C--	6592
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	-----A-----C-----T-----G-----CGC-----C--T--A--G-C-CC-CC	5839
G. FI. 93. HH8793_12_1	--G-----G-----C-----T-----G-----C-----C--T--GCA--TGTA	6038
G. NG. 92. 92NG083	-----G-A-----G-----GG-----G-----GC-----T--T--A-C-C--C--T--A--G-A--C-G-	5997
G. SE. 93. SE6165	-----A-----G-----A-----G-----G-----GC-----T-----CC--C--T--G-A-CC-C	6035
H. BE. 93. VI991	--T-----GT-----ACA-----G-----T-----G-----C-----C--G-C--T-G-AG-G-A--TGCA	6010
H. BE. 93. VI997	--T-----G-C-----T-----G-----GACA-C-----T-----C-C--G-C--T-G-A--A-A-CT-GA	5937
H. CF. 90. 056	--T-----G-----A-----G-----ACA-C-----T-G-A-----C-C--C--T--A--G-C-GA--C	5972
J. SE. 93. SE7887	-----C-----G-A-----G-----G-----T-----GA-----T--A-----C-C-----T--T-G-A-CA-C-CT-G-	5951
J. SE. 94. SE7022	-----C-----G-A-----G-----G-----T-----GA-----T-----C-C-----T--T-GC--CG-C--T-G-	5952
K. CD. 97. EQTB11C	-----A-----G-----ACA-----G-----A-----G-----T-----C-C-C--CT--T--CA--G-A-CT--	5827
K. CM. 96. MP535	-----A-----G-----ACA-----G-----A-----T-----G-G-----T-----C-C-----T--T--AGGA	5831





B. FR. 83. HXB2

01_AE.CF.90.90CF4071
01_AE.JP.93.93JP_NH1
01_AE.TH.90.CM240
01_AE.TH.93.93TH9021
02_AG.CM.02.02CM 1677LE
02_AG.CM.97.97CM MP807
02_AG.FR.91.DJ264
02_AG.NG.-.IBNG
02_AG.SE.94.SE7812
03_AB.BY.00.98BY10443
03_AB.RU.97.KAL153_2
03_AB.RU.98.RU98001
04_cpx.CY.94.CY032
04_cpx.GR.91.97PVCH
04_cpx.GR.97.97PVMY
05_DF.BE.-.VI1310
05_DF.BE.93.VI961
05_DF.ES.99.X492
06_cpx.AU.96.BFP90
06_cpx.ML.95.95ML127
06_cpx.ML.95.95ML84
06_cpx.SN.97.97SE1078
07_BC.CN.-.CNGL179
07_BC.CN.97.97CN001
07_BC.CN.97.CN54
07_BC.CN.98.98CN009
08_BC.CN.97.97CNGX 6F
08_BC.CN.97.97CNGX 7F
08_BC.CN.97.97CNGX 9F
08_BC.CN.98.98CN006
09_cpx.GH.96.96GH2911
09_cpx.SN.95.95SN1795
09_cpx.SN.95.95SN7808
09_cpx.US.99.99DE4057
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110
11_cpx.CM.02.02CM 4118STN
11_cpx.CM.96.4496
11_cpx.FR.99.MP1298
11_cpx.GR.-.GR17
12_BF.AR.97.A32989
12_BF.AR.99.ARMA159
12_BF.UY.99.URTR23
12_BF.UY.99.URTR35
13_cpx.CM.02.02CM 3226MN
13_cpx.CM.96.1849
13_cpx.CM.96.4164
14_BG.ES.00.X475
14_BG.ES.00.X477
14_BG.ES.00.X623
14_BG.ES.99.X397
15_01B.TH.02.02TH OUR1331
15_01B.TH.02.02TH OUR1332
15_01B.TH.99.99TH MU2079
15_01B.TH.99.99TH R2399
16_A2D.KE.00.KISII5009
16_A2D.KR.97.97KR004
N.CM.-.YBF106
N.CM.95.YBF30
O.BE.87.ANT70
O.CM.-.96CABB009
O.CM.91.MVP5180
O.SN.99.SEMP1299
CPZ.CD.-.ANT
CPZ.CM.98.CAM5
CPZ.GA.-.CPZGAB
CPZ.US.85.CPZUS

TAACATGTGGAAAAATGACATGGTAGAACAGATGCATGAGGATATAATCAGTTTATGGGATCAAAGCCTAAAGCCATGTGAAAAATTAACCCCACTCTGTGTTAGTTTAAAGTGCACATGATTGAAGAAT
-----A-----G-----G-----G-----A-----T-----T-----G-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----G-----T-----T-----CA-AGCTG-TTT- 6632
-----A-----G-----G-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----G-----T-----T-----CA-AGCTG-TTT- 6634
-----A-----G-----G-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----G-----T-----T-----CA-AGCTG-TTT- 6200
-----G-----A-----G-----G-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----G-----T-----T-----CA-AGCTG-TTT- 6646
-----A-----A-----G-----G-----A-----T-----C-----C-----G-----G-----T-----C-----C-----G-----T-----T-----TTA-----C-AT-----CCCC 5825
-----A-----G-----ATA-----T-----C-----A-----G-----G-----T-----C-----C-----G-----T-----T-----CA-----C-AC-----CG- 5800
-----A-----A-----A-----T-----C-----C-----G-----G-----T-----C-----C-----G-----T-----T-----TTA-A-CG-C-GC-GC 5984
-----A-----A-----A-----T-----C-----C-----G-----T-----C-----C-----G-----T-----T-----TCA-A-----C-----C-----C 6159
-----AG-----G-----A-----T-----C-----AG-----TCAG-----AACCTC-----C----- 6007
-----G-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----T-----C-----T-----C-----G----- 6622
-----G-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----T-----C-----T-----C-----G----- 5845
C-----G-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----T-----C-----T-----AG-----CG----- 5989
-----G-----AG-----C-----G-----G-----A-----C-----GC-----T-----T-----C-----T-----CA-----T-----T-----A-----GCA-CT-C- 6002
-----G-----AG-----C-----G-----G-----A-----C-----GC-----T-----T-----C-----T-----G-----A-----GCA-CT-TA 6671
-----A-----A-----G-----G-----A-----G-----GC-----T-----T-----G-----C-----C-----T-----G-----GCA-CC-T- 6665
-----T-----A-----ACA-----T-----T-----G-----C-----C-----T-----C-----T-----C-----G-----GCC 6020
-----T-----A-----CA-----C-----T-----T-----A-----G-----G-----C-----C-----T-----G-----GCC-CC-G 5995
-----T-----A-----C-----C-----T-----A-----G-----G-----C-----C-----T-----AATGCCA-TACCA 5988
-----T-----A-----C-----G-----T-----G-----T-----G-----C-----C-----CA-----T-----A-----GCT-CAITTA 6668
-----T-----G-----C-----T-----T-----G-----G-----G-----C-----T-----C-----TC-----T-----A-----A-----T-----TA 6655
-----T-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----T-----C-----C-----T-----A-----CG-----A-----CAG----- 5881
-----T-----A-----T-----T-----GG-----C-----T-----A-----G-----C-----TGCA 6697
-----A-----A-----T-----A-----G-----C-----G-----G-----C-----C-----G-----A-----T-----GAA-----G-----T-----GC-----G 5843
-----A-----A-----T-----G-----A-----G-----G-----C-----C-----G-----A-----T-----GAA-----G-----T-----GC-----G 5963
-----A-----A-----T-----G-----A-----G-----A-----G-----G-----C-----C-----G-----A-----T-----GAA-----G-----T-----GC-----G 5821
-----A-----A-----T-----A-----G-----G-----C-----C-----G-----T-----AAA-----G-----T-----GC-----G 5963
-----T-----T-----GA-----T-----G-----C-----C-----G-----A-----T-----GAA-----G-----T-----GC-----G 5805
-----T-----T-----GA-----T-----G-----G-----C-----C-----G-----A-----T-----AAA-----G-----T-----GC-----G 5811
-----T-----T-----GA-----T-----G-----G-----C-----C-----G-----A-----T-----GAA-----G-----T-----GC-----G 5805
-----T-----T-----GA-----T-----G-----G-----C-----C-----G-----A-----T-----AAA-----T-----GA----- 5954
-----A-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----G-----T-----C-----C-----CG-----G-----T-----CA-----AGAG-----C-----C 5843
-----A-----G-----A-----A-----C-----C-----C-----T-----G-----G-----T-----A-----CG-----C-----CG-----GA 5843
-----T-----AG-----G-----A-----C-----C-----C-----T-----G-----G-----T-----C-----C-----CG-----T-----CA-----CACC-----C-----G 5831
-----AG-----G-----CA-----C-----C-----C-----T-----A-----CA-----C-----TGCC-----T-----T-----C-----C-----CG-----T-----A-----CA-----C-----GC-----GA 5828
-----T-----G-----G-----T-----G-----A-----A-----G-----C-----C-----C-----A-----GCA-----T-----TGCC 6029
-----T-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----C-----C-----C-----G-----G-----TGCCCTC----- 6020
-----T-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----C-----C-----G-----G-----A-----G-----TGCCG 6018
-----G-----A-----T-----G-----A-----C-----C-----T-----C-----C-----C-----T-----GCAC-----G-----A-----CTG----- 5838
-----AGT-----C-----G-----A-----A-----GC-----T-----C-----C-----T-----G-----A-----G----- 5997
-----A-----T-----C-----G-----T-----A-----GC-----G-----T-----C-----C-----T-----A-----C-----A-----TGTA 6632
-----A-----G-----C-----G-----T-----A-----GC-----T-----G-----C-----T-----T-----GCA----- 5929
-----G-----T-----A-----ACA-----G-----G-----C-----C-----T-----T-----G-----A-----GCC-----CTGCC 6180
-----G-----T-----A-----ACA-----G-----G-----C-----C-----T-----T-----G-----A-----GCT-----TGCC 6633
-----T-----A-----A-----CA-----G-----G-----C-----C-----T-----T-----G-----A-----GCC-----TGTC 6651
-----G-----T-----A-----G-----A-----ACA-----G-----G-----C-----C-----T-----T-----G-----A-----GCC-----CTG-----A 6651
-----A-----CA-----G-----GAC-----T-----C-----GT-----T-----C-----CC-----T-----T-----T-----G-----CA-----C-----CT-----G 5863
-----G-----CA-----T-----G-----ACA-----T-----A-----CC-----T-----T-----A-----A-----CA-----C-----CT-----G 6042
-----C-----CA-----T-----G-----A-----T-----C-----GT-----T-----C-----G-----CC-----C-----T-----T-----A-----A-----CG-----C-----CC-----C 6042
-----G-----A-----C-----G-----A-----G-----C-----C-----T-----T-----M-----Y----- 6076
-----G-----A-----C-----G-----A-----G-----C-----C-----T-----T-----M----- 6079
-----G-----A-----C-----G-----A-----G-----C-----C-----T-----G-----T-----T-----C----- 6078
-----G-----A-----C-----G-----A-----G-----C-----C-----T-----T-----C----- 6079
-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----CC-----CT-----T-----G----- 5864
-----G-----T-----A-----A-----C-----C-----G-----A-----A-----C-----T-----A-----CC----- 5852
-----G-----T-----A-----G-----A-----C-----C-----T-----C-----G-----TT-----A-----T-----TC-----A-----G-----TTTC-----G-----ACAAA-----GG-----T-----AA-----CA-----AGCT-----GGA 6028
-----A-----T-----A-----T-----T-----C-----C-----G-----T-----T-----C-----C-----T-----T-----C-----GCT-----C-----TGG 6005
-----A-----A-----G-----TA-----C-----C-----T-----C-----C-----G-----T-----T-----GCA-----GCC-----CT----- 5810
-----G-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----T-----GCAGGG-----C-----A----- 5998
-----T-----G-----A-----A-----C-----A-----A-----C-----T-----C-----G-----A-----G-----T-----C-----T-----T-----A-----A-----C-----A-----GCTT-----T-----ACA-----AGC-----TGGG 6189
-----T-----G-----A-----A-----C-----A-----A-----A-----T-----C-----G-----A-----G-----T-----T-----A-----A-----C-----A-----GCTT-----T-----AC-----AGCT-----TGGG 6219
-----T-----A-----T-----A-----G-----A-----C-----T-----T-----C-----G-----T-----T-----A-----T-----TC-----A-----G-----TTTC-----G-----ACAAA-----GG-----T-----AA-----CA-----AGCT-----GGA 6680
C-----A-----G-----T-----C-----A-----A-----C-----C-----T-----C-----G-----TT-----A-----T-----T-----GA-----G-----TTTC-----G-----ACAAA-----G-----T-----T-----A-----G-----C-----CA----- 6110
-----G-----T-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----G-----TT-----T-----AG-----A-----G-----TTTC-----A-----ACAAA-----G-----C-----TGTA-----C-----C-----A-----CA 6670
C-----T-----A-----T-----A-----G-----A-----C-----T-----T-----A-----G-----T-----A-----T-----TC-----A-----G-----TTTC-----G-----ACAAA-----G-----T-----T-----AA-----C-----ATGTAC-----A 6691
-----TGCT-----AT-----T-----T-----AGT-----ACA-----A-----GN-----ACAA-----TCC-----A-----AT-----C-----A-----TA-----G-----A-----AAA-----G-----T-----T-----A-----GA-----AC-----TGGA 6055
-----A-----T-----C-----A-----G-----A-----T-----GT-----C-----G-----T-----A-----T-----C-----G-----A-----A-----C-----CA-----GC-----A-----T-----GACCC-----T-----C 6336
-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----T-----C-----C-----G-----T-----C-----T-----G-----G-----TT-----A-----CC-----GC-----G-----A-----GCCT-----CTT----- 6696
-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----G-----A-----T-----T-----CC-----C-----G-----T-----A-----T-----A-----G-----T-----G-----C-----A-----G-----CT-----TCT-----A-----CCCCG-----T-----G 6703

Env N M W K N D M V E Q M H E D I I S L W D Q S L K P C V K L T P L C V S L K C T D L K N gp120



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	GATACTAATACC.....AATAGTAGTAGCGGGAGAATGATAATGGAGAAAGGAGAGATAAAAACTGCTCTTCAATATCAGCA	6711
A1. KE. 00. MSA4069	ACA-A-GCC--A.....G-G--A-T-GAC-AC-GC-CAAT--GG-A--AG-----A-----G-G-C--	5922
A1. KE. 94. Q23_17	-TC-AC-CC--T.....GGA--C-GG-A--GCT-----G-C--	6151
A1. SE. 94. SE7253	ACCCAG---GT.....-AC--CAC--T-T-GA-G-G-----G-C--	5903
A1. TZ. 97. 97TZ02	A-C-GC-----CGGG--G-CAAG-A-G-C-T--A--A--G-A-C--	5888
A1. UA. 00. 98UA0116	A-C-AC-G--A.....GT-AC--AAC--C-ACGAT-ACTG-TCT-A--A-G-----C--C-G-C--	6707
A1. UG. 85. U455	A-C-AC-CC-AT.....-AC-AC-C-AAT-TC-CAGATGGA-T--GG-A--A-G-----T-----G-C--	6153
A1. UG. 92. 92UG037	A--A--TC-----C-TC-C-AAT--CTCAG-T-ACAT--G-A--A-----G-C--	6087
A2. CD. 97. 97CDKS10	A--GC-CC-AT.....-C-CTA-CGCCCT-GC---GCCCT--A-----T---T--G-T-C--	2821
A2. CD. 97. 97CDKTB48	AC--AC-CC-AT.....AGC--CT-A--A-----A-----GCC--	6027
A2. CY. 94. 94CY017_41	AGC--CC---G.....-A--C--TA-C-CCCA--GCCCCATT--T-A--A-----A-----CT-C--	6068
B. AR. 99. ARMA132	-C---C-----ACTAGTGGT-G--CC-A--C-ACT--CTATGCT-CC-G-GG--A--A-----C---TC--	5921
B. AU. 95. MBCC54	ACC-A---GT.....AGCGGGGTACTAAA-CC-A--A--TA-CG-GGGAGCGG--G-G--A-----C--	6082
B. BO. 99. BOL0122	AG--A---GT.....-C-----T-G-----CTG	5900
B. CN. -. RL42	-C-----T-GT-CG---GG--A-----C--	6079
B. ES. 89. S61K15	-----C.....AATAATAGTAGTGTACTAACCCC-C---TA-CG-GGGA--GGG--G-G--A-----T--C--	6739
B. GA. 88. OYI	AC--G--G--GT.....TTGAGGAATGCTACTAAT-CC-CA--TA-TT-GGAA-CG---AT-----C--C--	6268
B. GB. 83. CAM1	AC--GG-CC-AT.....AGTAGTG--T-GGAC--GA--GA-GGAGA--A-AT-----A-----G--C--	6715
B. NL. 86. 3202A21	-C-----C-----TA-CG-GG-T---A-----A-----G--A--	6709
B. TH. 90. BK132	AC-----A-----C--CCGAGGAA--GGAA-C-----A-G-----C--	6055
B. US. 83. RF	A--GG--C--AT.....GTC-C---G--CA--G-----C-----C-AG-T-C--	6229
B. US. 90. WEAU160	AC--A-TTG-AG.....AATGAGACTAATACC-----T--AG-GGAA-AG---G-G--A-G-----G--C--	6721
C. BR. 92. 92BR025	--CTAC---A-----CTGAT-ACAT-GGG---A-----T--T-----G-C--	6051
C. BW. 00. 00BW3891_6	ACC-G---GGT.....-C-GTTACCTAT-ATGAT-CCATA-T---A-----T-----G-A-C--	6077
C. BW. 96. 96BW0502	ACC-AC---TT.....A---AT--TTGAT-AC-GTA-T--G--A-G--T-----G-A-C--	6206
C. ET. 86. ETH2220	A-----GGTT.....-CA-ATAAT--T--C-AT-GT-CC--T-AT-A-G--T--T-----A-C--	6114
C. IL. 98. 98IS002	ACCCCTC--GAT.....-CCAT--TAAG-AG---T-----A-C--	6048
C. IN. 95. 95IN21068	AC-GG---GGT.....-CCCAC--TAA--CCTAC-ATGA-AGC-TGAAG-A---T-----GCA-C--	6055
C. IN. 99. 01IN565_10	-T--A-GT--G.....TCGAAT--TGAT-AC-ATACT-GG---A---GG-T--A---T-----G-C--	6082
C. KE. 00. KER2010	A--G---CC-G.....AATAGCACTAATGGG-CAG-C-A-GATACCTAGCA--ATGACAT--CGA--A-G--T-----CA-C--	5915
C. MM. 99. mIDU101_3	-T--AC-G--T.....GGTAGAAATGTTAGCAGTAGT-G-G---AT--T-CCTAC--TGG-A-CT-CACT--T-----CA-C--	6082
C. TZ. 97. 97TZ04	A---GGC-AT.....GTTGCA--GGAT-GT-CTAA--AT--C--T-----G-C--	5909
C. TZ. 98. 98TZ017	-C---ATC---A.....GTT-AT-AT-GCATT-GT-A--C--G-G--T-----T--G-A-C--	6068
C. ZA. 01. 2134MB	A-CTG--CAGAT.....GTCACTTTAAACTGTACAGATGCACAAGTAAATGCT-CC-AA-A--ATACCCTCCCT-ATGACAG-G---GC-G--T-----CA-C--	6178
C. ZA. 97. 97ZA003	A---CT--AT.....AAT-CC--A-CTGATA-T--TAATA-A--G-G--T-----A-C--	6026
C. ZM. 96. 96ZM651	ACC-GA---GTT.....AATAATAGCGTGGTT--A--CC-CAAATGTT-AT-AT-GCAT--T--C-G--T-----C-A-C--	6063
D. CD. 83. ELI	A-C-A-GGC--T.....TGG-GAAC-ATG-C-CT-CA--G-GAA--GA-G-----G-A-C--	6247
D. CD. 83. NDK	A-C-GC--GGG.....AATG-G-A-G--GAA--G-G-A-A-A-GG-----G-C--	6223
D. CD. 85. Z226	-G-A-GTC--A.....TG-AGAAT-AT-ATG-C-CA--G--AT-AGA-G-----A-CT--	6704
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	AGC-GC-C-GAG.....-CT-AATTG-AC-AC-GCAGC-CT-----G--T-----T--A-C--	5900
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	--A---TCTT-AAAACCTTCAATGAGACCATGAAAAATGAGACCATGAAAAATGAGAACATG--A-ACCTC-AT-AC-CC--A-A-ACCTC--T-AGACC--G-C---T-GGG-A-C--	5963
D. TD. 99. MN012	A--G-C-C-GTT.....-GCTAA-GT-CTAC--T-G-----A-C--	5913
D. UG. 94. 94UG114	-----C-CC-AT.....-CCAC--GA--GGC-----A-C--	6032
D. UG. 99. 99UGA08483	ACA-A-GTC--T.....AATACAACACTACTGCTAATACA-C-GCC-C--AAACA-AT-CC-CTGGTTG--T-TG-GA-G-----G-A-C--	5948
D. UG. 99. 99UGB21875	A--G-C-C--AT.....AATGCC-CT-AT-AT--G-CAT--CA-G-G-----G-A-C--	5900
F1. BE. 93. VI850	A-C-G.....CAGGAAA--CC--G-CA--GC-----T-----G-C--	6030
F1. BR. 93. 93BR020_1	A--GGC-CC-AT.....GACACT-T-GCC-TC-AT-AC-CTC--AGGAA--TCC--AG-CA--C-----T-----CA-C--	6048
F1. FI. 93. FIN9363	ACC-A-G-C--T.....CTCTC-GACCAA--A-T-CCC--AGGAA--ACC--G-CA--C-----T-----G-C--	6046
F1. FR. 96. MP411	AC--G---G.....ACT-CC-C-A-GA-ACC--C-CCCCGGAA--TC--G-CA--C-----T-----G-C--	5917
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	ACGG-----AT.....ACC--CAGCC--ATAAC-TC-CCC-GGAA--C---G-A-----T-----C--	5903
F2. CM. 95. MP255	ACC-TG-G-GA.....-T-A-G-ACC--CC--AGGAA--TC--G-A-----T--T-----G-A-C--	5909
F2. CM. 95. MP257	A--GTC-CCT-T.....TCTAAT---CC-CCTTG-CTCCT-ATG-T-CCATCTCG-AG-A-G-----T-----A-C--	5924
F2. CM. 97. CM53657	A-C-TC-C--AT.....GGGAAC-GC-CCCTGGATAAC-TC-CCC-GGAA--AC--G-A-----T-----C--	5906
G. BE. 96. DRCLB	A--G--C-CGG.....-AT-C-CT--G-GTACAGA--G-C-----G-C--	6653
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	ACC-----GGT.....ACTATAG--A--C-ATAAT-TC-C-G-GGAT-GT---A--A--CC-T--T--C-----A-C--	5924
G. FI. 93. HH8793_12_1	ACC--AGTAG--.....-ACGAA-GCG--AGTGCCCA--A-----A-C--	6102
G. NG. 92. 92NG083	-C--A-C---T.....GAGGC-AAT-AC-CTG--GAAA-C--A--A-----G-A-C--	6070
G. SE. 93. SE6165	A-AGGC--C-AA.....AGAAATAATAGCACTGATAATAGC-C-GAA-CC-A-AAT--C-CTG-GGATA-CCC--A-----G-A-C--	6138
H. BE. 93. VI991	ACA-A-GTA--A.....AAAAGT---AC---CA-AT-TC-AT---GGA---T-CAG--ACA--G-----G-A-CT--	6095
H. BE. 93. VI997	A--GA--C--A.....AGTAGC-GC-C-GTC-AT-CC-CT-GC-GTCCCTCAGC-AAT--AT--C--T-----G-A-CT--	6022
H. CF. 90. 056	A---CTC--A.....-ACT--C-GT--GGA--CAGG--G--AC--C--T-----G-A-CT--	6042
J. SE. 93. SE7887	A-C-G-----A.....-C---TAAC--T-GTG---GTAGTCCT-ATATC--G-C-----G-A-CT--	6024
J. SE. 94. SE7022	A-C-A--G---A.....G-----A--TA-TGC--GC-AC-ATAGTCCT-A-ATC-G-----G-A-CT--	6031
K. CD. 97. EQTB11C	A-CCG--CC-AT.....GCAAATAAGAACG---CC-A--T-AATGC--CTG-G-CATCA-CT-AC-----T-----A-C--	5918
K. CM. 96. MP535	ACC-A--GC---.....-A--A-GCAACT--C-CTG-GG-AAGCCC--C--A-----T-----A-C--	5907





B. FR. 83. HXB2
01_AE.CF.90.90CF4071
01_AE.JP.93.93JP_NH1
01_AE.TH.90.CM240
01_AE.TH.93.93TH9021
02_AG.CM.02.02CM_1677LE
02_AG.CM.97.97CM_MP807
02_AG.FR.91.DJ264
02_AG.NG.-.IBNG
02_AG.SE.94.SE7812
03_AB.BY.00.98BY10443
03_AB.RU.97.KAL153_2
03_AB.RU.98.RU98001
04_cpx.CY.94.CY032
04_cpx.GR.91.97PVCH
04_cpx.GR.97.97PVMY
05_DF.BE.-.VI1310
05_DF.BE.93.VI961
05_DF.ES.99.X492
06_cpx.AU.96.BFP90
06_cpx.ML.95.95ML127
06_cpx.ML.95.95ML84
06_cpx.SN.97.97SE1078
07_BC.CN.-.CNGL179
07_BC.CN.97.97CN001
07_BC.CN.97.CN54
07_BC.CN.98.98CN009
08_BC.CN.97.97CNGX_6F
08_BC.CN.97.97CNGX_7F
08_BC.CN.97.97CNGX_9F
08_BC.CN.98.98CN006
09_cpx.GH.96.96GH2911
09_cpx.SN.95.95SN1795
09_cpx.SN.95.95SN7808
09_cpx.US.99.99DE4057
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110
11_cpx.CM.02.02CM_4118STN
11_cpx.CM.96.4496
11_cpx.FR.99.MP1298
11_cpx.GR.-.GR17
12_BF.AR.97.A32989
12_BF.AR.99.ARMA159
12_BF.UY.99.URTR23
12_BF.UY.99.URTR35
13_cpx.CM.02.02CM_3226MN
13_cpx.CM.96.1849
13_cpx.CM.96.4164
14_BG.ES.00.X475
14_BG.ES.00.X477
14_BG.ES.00.X623
14_BG.ES.99.X397
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332
15_01B.TH.99.99TH_MU2079
15_01B.TH.99.99TH_R2399
16_A2D.KE.00.KISII5009
16_A2D.KR.97.97KR004
N.CM.-.YBF106
N.CM.95.YBF30
O.BE.87.ANT70
O.CM.-.96CMABB00
O.CM.91.MVP5180
O.SN.99.SEMP1299
CPZ.CD.-.ANT
CPZ.CM.98.CAM5
CPZ.GA.-.CPZGAB
CPZ.US.85.CPZUS
Env

GATACTAATACC.....AATAGTAGTAGCGGGAGAATGATAATGGAGAAAGGAGAGATAAAAAACTGCTCTTTCAATATCAGCA 6711
T-C--C-CA-AA.....TTTAACACAACAG-A-AGCCAGAAATAGA---ATC-GAAAT-C-AA--AG--GC---TC---T---A-C-- 6655
ACC-A-GTC-AT.....AACACA-CC-A-GTCTCTAAC-C---AGG--ATATA-C--AT-AG--G---TA---T---G-C-- 6719
ACC-A-GGC-GT.....AGCAAA-CC-A-GTCTCTAAC-T---AGG--ATATA-C--AT-AG--G---TA---T---G-C-- 6285
ACC-A-G-C-AA.....AACACA-TC-A-GTCTCTAAC-T---AGG--ACCTA-C--AT-AG--G---T---T---G-C-- 6731
A---AC-CCT-T.....-CC-A-A-C-AC--ATCT-GT--C-TGCCG--A-----T-----A-C-- 5898
ACC-G-C--A.....TACAGCAGCATC-G-A--AC-TGACTGAGGAA--GGAAT-----G-A-----G-C-- 5891
A--GC-GC-T.....TC-GTC-AGA-C-T-TCT-GGCACAT-C---G-A-----T-----G-C-- 6060
AGCTAC-GC-A.....AACCT--CT-GTGACAT--T-G-A-----A-C-----A-C-- 6232
AGC-GCGGC-A.....-T-TC-GA--ACAT-C-----A-----G-C-- 6071
A--GT--C--AT.....-A-AAT-CT--T-GCCCA-GA-TGA-G-A--G-----C---C-- 6692
--GGT--C--GT.....-C-AAT-CT-GT-GC--AA-A-TGATG-A-G-----C---C-- 5915
A--GA--C--GT.....-CC-ATGCT-GT-GC-T--A-AT--G-----C---C-- 6053
AC--A--G-----ATGGC-CTG--ATT---A-GA-----G---A-C-- 6066
ATC-T---GT.....ACTAACAATAGCACCACT-----C-G--AAT--C-CTG-G-A-AGT-C-C--A-----A-C-- 6768
A-A-G--C--AT.....-TACCCCC-ATG--CAACC-C-AAC-A-G-----A-C-- 6735
A--T-C-C-G-----AATTCC-CC-CC-ACTC-ACT-CCC---A-GAA---C--G-CAG--C-----T-----G-CT- 6105
--CC--C-CC--T.....AGCAAGAACATCAGTGCCACCCCT-GC-ACCC-AT-AC-CCC---AGGAA---C---G-CA---C---TA---A-C-- 6101
A--GC--T-----C--AAGCC-CTA-C-ACCCCC-G-G-A--TCAAG--CA-C-----T--C-----G-C-- 6067
-G-AC--A--A.....TTAGGTAACAATAGTACTAATAGTACATTAGG--AC-A--TACT-T-G-AGATGATATC-GCAAG--A-----A-C-- 6777
ACC-G--C--AT.....-C-CC-AAAAT-TC-CTG-GGA-AGCGG--A--A-----G-A-C-- 6731
C--GGA-TA-A.....-A-AAT-AC-CTG--GA--GT---A--A-----T---G-A-C-- 5951
AC--AAT---GT.....AATGAA-C-GTGG---AAA-TTT-CTG-G-A--C-G-A-A-----A-C-- 6782
A---G---GGT.....GCCAC-AT-A--CCTACCATGA-AGC-TGAAG--A--G---T-----GCA-C-- 5919
A---G---GAT.....CCTACCAT-A--CCTACCATGA-AGC-TGAAG--A--G---T-----GCA-C-- 6039
A---G---GAT.....CCTACCAT-A--CCTACCATGA-AGC-TGAAG--A--G---T-----GCA-C-- 5897
A---G---GGT.....CCT-C-AT-A--CCTGCCGTGA-AGC-TGAAG--A--G---T-----GCA-C-- 6039
A--GG---GGT.....CCTAC-AT-A--CCTAC-ATGA-AGCGTGAAG-----T-----GCA-C-- 5881
AC-GG---GGT.....CCTAC-AT-A--CCTAC-ATGA-AGCGTGAAG-----T-----GCA-C-- 5887
A--GG---GGT.....CCTAC-AT-A--CCTAC-CTGA-AGCGTGAAG-----T-----GCA-C-- 5881
-T--GC-G--AT.....G-C-CTGAG-CC--C--T-AG-----T-----GCA-C-- 6018
AGC-AACCC-A.....ACC-CG-GTGACGG-AGTG--T-AGA--GC-----A-C-- 5910
A-C-AC-CC-AT.....AAC-TT-C-GAGGAC-G-CG-----A--GGC-----G-C-- 5928
--C-AC--CC--.....-ACG-C-CG-GT-GCG-GA-T-A-G-----G-C-- 5895
A-A-----C-A.....-CG-GACA-T-GAA-C-GAAATAC-AAT--A-----G-C-- 5901
AC--A-G-C--T.....G-T-GTG-CCCCAGA--G-C-----CA-C-- 6084
A-CG-C--CGT.....-C---G--ACT-AC-GC-CTGATAGT-G-CAG-GA--G-----A-C-- 6096
AC--ACC--GAG.....G---GACTGTC-ATGCC-CTA-C-T-TC-GA-G-----A-C-- 6091
A----TC--A.....TGTCA--A--G-----T-----A-C-- 5887
ACA--GTG-AT.....G-C-ATRCGG--C--A-----R-A-CT- 6055
ACC-AC-GC--G.....GCTGTAGGAGCAGA-GTA-C-AAC-C---TGAA--A--G---A--G-----GGG-A-C-- 6720
.....GGGATA-CGC-AC--C-----A-----A-C-- 5975
C--GAC-C--AA.....-CA-ATAAT--C-CCC-GGAA--TC---G-CA--C-----T-----G-C-- 6259
AC-G-C---AT.....GCCACTGCCAATGGC-C-CAA-A-AAC-CCC--GAGGAA--CC--G-CA--C-----T-----G-C-- 6724
AG-G-C-CC-AT.....GGCACTC-A-A--CC-AT-AT--CC--CAGGAA--TT--G-A--C---T-TA-----G-CT- 6736
C-C-A-GGC-A.....CGCACCAATTC-C-CAA-ATA-C-CCC--AGGAA--C---G-CA--C-----TAG-----G-C-- 6739
A-C-TC-CC-T.....CTAAT-AC--C-CC-C-TC-GG--A--A-----AT-----G-CT- 5933
---GC-GC-T.....ATA-C--C-CC--CA-G-G-A--A-----AT-----G-C-- 6112
A-C-TC-CC-TA.....TC-----AT--A-----AT-----G-C-- 6097
RC-----C-A--TA-CCT-GAA--G-----A-----C-- 6152
-C-----A-C--TA-ACT-GAA-GG-----A-----C-- 6155
A---C-C-GAT.....C-A--C-ACT--T--TC--GAAAT-----A-----C-- 6154
AC--G---AT.....GCTACTAAT-CC-T-A--TA-CCT-GAA--G-----A-G-----C-- 6167
-C--C---TT.....-C--A--GG-A--AC-----T-----C-- 5922
A--G--CG-GT.....AGTAATGCTACTAAT-CC-A----CT-CT-CT-AT-----GT-----AC-----T-----C-- 5946
-----T.....-AT-G--C--A--AGG-----A-----T-----A-C-- 6092
ATC-G-G-C-A.....AACACGTCG-CC-A-G--A-C-TC-CA--C-ACTCT-C--AT--A--G---G---T---T-----G-C-- 6090
AGCTA---GG.....-CC-CT-AT-CCCCT-A--A-----A--C--T--- 5871
ACC-TC-G--G.....-CCCA--GCCCC--T-GCAATA-C-CC-TG-----TG-G-CT-C-- 6062
A---G-GCAGGG.....AAT-G-C--CC-ATA--C-GA-GATC-A--AG-CA--C-A--G---T---A-----A-C-- 6271
--GGAA-GG-A.....AATACA---TG-CA-CAA-AGA-CCAGAC--A-GAT-CAA-C-A--G---T---A-----GCA-C-- 6304
ACA-A---GAA.....AACCTT--G--G--TGAG--T--G-A-C-- 6726
A-C-AAGC--A.....-ACTCATC-GA---G--AC-CTCG---G--G--TGAC--T--G-A-CT- 6174
A---AA-CAGG.....CT-T-A-ATGA-ACA-T-AAT-----G-G--T--TAG--T--G-A-CT- 6734
--GG-A-T---A.....AACAAAT-GCTCC-TA-ATAATGAT-CC-GC-GTCCAG-GAACCTTG-G--C-G--TGAA--T--G-A-C-- 6776
ACAC---CA--A.....CCAAGTACAACAACAAGTACAGTA-CACCA-AG-CAACA-C-CCA---G-A--TGCGATGA--C--C--G-A--TAAC--T--CAG--- 6158
AT--GC-C---T.....-C--AC--TACAGAT-A-A--ATATA---A-ATA--G---T--TA--A--T-----G-CT- 6415
AGCCAGGCA-AA.....ACCTA-CAAACCG-CATCTTCTCC--CCTCTC--A--G-----T--A--T--G-G-CA- 6772
A---G--G-G-T.....G--ATACT-CT-ATATA--G-G-----T-----A-CT- 6761

D T N T N S S S G R M I M E K G E I K N C S F N I S gp120



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2 CAAGCATAAGAGGTAAGGTGCAGAAAGAATATGCATTTTTTATAAACTTGATATAATACCAATAGATAAT GATACTACCAGCTATAAGTT 6802

A1.KE.00.MSA4069 --GAG--T--G--A--AGAA---G--C--T--C-----G-G---T--G--A--T--G-A ATGCAAGGTAATAATAG-GAC-GT-AA---GAC- 6028

A1.KE.94.Q23_17 --GAAC--G--A--AGA---T--T--C-----G-----G-----G-----TA--G-A AATC-GGG--GTGAA---GAC-- 6245

A1.SE.94.SE7253 --GAGC--G--A--AAA---G--T--C-----G-----G-----G-----A--TA--G- AATGGTAATAACAGTAATA-C-G--GTGAG--G-- 6012

A1.TZ.97.97TZ02 --GAG---G-AC-AAAAG-C--T--T--C-----G-----G-----G-----A--TA--G-A AGTCAAGGTAGCAGTAG--AC-AT-AG---GA- 5994

A1.UA.00.98UA0116 --GAAC--A--AAG-A-A-CT-T-C-T--C-----G-----G-----G-----T--CT-G-G- AAT--G--GGCAG---GAC- 6801

A1.UG.85.U455 --GAAC---A--AAA---T--T--C-----G-----G-----G-----A--CA--A- ACT---AC-AT--T---GAC- 6247

A1.UG.92.92UG037 --GAAT--G--A--AAT-G--G-T--T--C-----G-----G-----G-----A--TA- GGTAATAACAG--G--ATCTG---GA- 6187

A2.CD.97.97CDKS10 --GAAG---A--A-AAA---TC---C-G-----G-G--A--TA--G-A AGTGACAGTAATAGTACAAAG---G---TCAG---GAC- 2933

A2.CD.97.97CDKTB48 --GAAC--A--A-AACA---TC--T--C-G-----G-----G-----G-----T--C--TA--GA AGTAAGAATAGTAG-TA--GT-CT---GAC- 6130

A2.CY.94.94CY017_41 --TAC---A--ACA-A---TT--T--C-G-----G-----G-----G-----A--C--T--G-A AGTGAAAATAAGAATACATCAGGTAG--A---TCTG---GAC- 6183

B.AR.99.ARMA132 --AA---A--A-----C-----GC-----G-----G-----AG--A---TC-----CT-- 6012

B.AU.95.MBCC54 --G--G--A-----C-----TC-----G-----G-----C-----AATAGTAC--A-----G-- 6179

B.BO.99.BOL0122 --G-A--AG-A---AA-----C-----T--G--G---C---G-----G-----GATAAT-G-G---C---G-- 5997

B.CN-.RL42 --A-AC-----C-----C-----G-----G-----G-----A-AG- G-----G-----G----- 6167

B.ES.89.S61K15 --A-----A-----C-----GT-----G-----A-AG- A--T--A--T-- 6830

B.GA.88.OYI --A--A--G--C-----C-----G-----G-----G-----A--GA--T--AA--T--G-- 6359

B.GB.83.CAM1 --AA-----G-----C-----C-----G-----G-----G-----C--A--A--T---CA- 6806

B.NL.86.3202A21 --A--G-A--A--C--T-----C-----G-----G-----AATAATACTAATACCAGCTA 6815

B.TH.90.BK132 --GAA--T-----C-----C-----G-----A-----A--T-----G-- 6146

B.US.83.RF --T-G---A--AC---A-----C-----G-GG---G---GGGTAATATTAGCCCTAAGAATAATACTAGCAATAATACTAGCTA-GGT-A---CA- 6359

B.US.90.WEAU160 --CT---AA--AGAA--CT-----C-----G-----G-----C-----A--A-----C-- 6812

C.BR.92.92BR025 --GAAG--A--AGAG--G-T-C-----C-----G-----G-----C--TA-G-- GAGAGTAGTAACAC-T--GGTGAT---GA- 6154

C.BW.00.00BW3891_6 --GAGC---A--AGAA---T--C-----C-----G-----G-----C--TA--GGG AAGAACAACC-GT-C-ATGAG---GA- 6177

C.BW.96.96BW0502 --GAAC--A--G-AAA--G--T-C-----C-----G-----G-----C--TC-GGGC AACA-CT---ATGAG---GA- 6300

C.ET.86.ETH2220 --GAAC--A--AAAAG--G-C-----C-----G-----G-----C--TA--C G-T---TGAT---GA- 6205

C.IL.98.98IS002 --GAA--A--AAA---T-----C-----G-----G-----C--TA--GGG GAAAAT--C-ACT---T---GA- 6145

C.IN.95.95IN21068 --GTA--A--A--AA--C-TG---C-----C-----G-----C--T-- GAGGAGCAGGAAAACGATAGCAACTC--G--GGGTAT---GA- 6170

C.IN.99.01IN565_10 --GAGC--A--A--AAA--C--TG-C-----C-----G-----G-----C--T--GG AAGAATGAGAGTAGCAACCCTAACACCT--GTGAG---GA- 6197

C.KE.00.KER2010 --GAA---A--CA---T--T--C-----G-----G-----G-----T--C--T--G-- GGTAATA--G--GT-CG---GA- 6012

C.MM.99.mIDU101_3 --GTTT--A--A--G-AAA--TC--TG---C-----C-----G-----G-----C--TA--G-G AAGAAATCTAGTGAAACTC--G--GAGTAT---GA- 6191

C.TZ.97.97TZ04 --GTAC---A--AAA---G-T-GT---C-----C-----G-----G-----A-C-CAG-G- A-CT---GTGAG---GA- 6000

C.TZ.98.98TZ017 --GAAC--A--AAA---TG---C-----C-----G-----G-----AGC-CA-C-GC AGCAGCA-CC---GTGAG---GA- 6165

C.ZA.01.2134MB --GAA--A--AAA---CG---C-----C-----G-----G-----T--C--TA- A-CT---ATGAA---TA- 6269

C.ZA.97.97ZA003 --GAAG--A--AAA---C-G-C-----C-----G-----G-----C--T--GGG AACGATAACAGCT--GT-AA--G-- 6126

C.ZM.96.96ZM651 --GAAC--A--A--AAA---T-TG---C-----C-----G-----G-----T--C--TA--G-G ACTGACGACTCTGAGACTGGCAACTC--G--AATAT---GA- 6178

D.CD.83.ELI --GTAC--A--A--AA---C--T-----C-----G-----G-----C-----AT GATAGTAGTACCA--G---AT---G-- 6350

D.CD.83.NDK --G--G--A--AG-G--C--T-----C-----G-----G-----C-----AATAATAGGACCA--G---T-AT---G-- 6321

D.CD.85.Z226 --GTAG--A--ACAA-AC--T-C-----C-----G-----G-----C-----GATAATAGTACCA--G---AT---G-- 6807

D.CM.01.01CM_0009BBY --GAAT--G--A--AAA---C-----C-----G-----G-----GA---G---GAGGATAATAGTACTGATAATAGTAC--GA-GGA-CT---G-- 6015

D.KE.01.01KE_NKU3006 --GAAT--A--A--A--C--TGC---C-----C-----G-----G-----AA--C---GGG G--A--A---GA- 6054

D.TD.99.MN012 --GTAG--AC--AA-A--C--C-----C-----C-----G-----G-----GAGGAAAATAGTAC--A-GAT-CT---GA- 6016

D.UG.94.94UG114 --GAA--A--AA-A--C--T-C-G---C-----C-----G-----G-----AA--A--G- AATGATAGT---AC---GAC- 6132

D.UG.99.99UGA08483 --GAAG--A--AA-A--C--T-----C-----C-----G-----G-----A--GA-G- A--A--AT---G-- 6039

D.UG.99.99UGB21875 --GAGG--A--AA-A--C--ATGC---C-----C-----G-----G-----G---G- AATAGTAAT---G---T---GA- 6000

F1.BE.93.VI850 --GAAG--A--AA--T---TT--C---GC-----GG-----G-----GC--- AACA--GC-GTGAA---G-C- 6124

F1.BR.93.93BR020_1 --GAA--A--CA--T---T-C---C-----C-----G-----G-----A--CA-C--G GAT--C-A--GA-CA--C-GAC- 6142

F1.FI.93.FIN9363 --GAAG--GA--A--AA---T-C---GC-----G-----G-----GA---CAGC- AATAATAGC-GGGAAGAA---G-C- 6143

F1.FR.96.MP411 --GAAG--A--AC--AA--T-G-T-A---C---C-----C-----G-----G-----CA--C AGCAG--G--GTGA---G-C- 6011

F2.CM.02.02CM_0016BBY --GAG--A--A--AG-A-A--T---T---AC-----A-----G-----T--A--A A---G--ATC---G-C- 5994

F2.CM.95.MP255 --GAGC-G-A--A--AA-AG--C--C-G---C-----C-G---GA---TA-G- AG--G--AT-TA---G-C- 6000

F2.CM.95.MP257 --GAG--A--CA-A-A---C-----C-----G-----G-----A--CA--C AG--A--T--T---G-C- 6015

F2.CM.97.CM53657 --GAG--AC-A--TTAA-A-A---C-----C-----G-----G-----CA- AG---GTGAA---G-C- 5997

G.BE.96.DRCBL --GAAC-G---A--AA-A--GC---C---GC---C---G-AC---G-G---TA--G-G ATGAATAATGAAAATAATGTTACAA---G---AT-G---G-C- 6768

G.CM.01.01CM_4049HAN --GAA-----AC--AA-AAG-C-G---C---GC---C---G-----G-----TA- A--GA--T---T-C- 6015

G.FI.93.HH8793_12_1 --GGAA-----GAAA-AG---C---GC---C---G-----G-----TA--G- GATAGTAGTAATAGTACAGGTA--TA--GT-AT---G-C- 6214

G.NG.92.92NG083 --GAA-GGG--C--AA-A--G---C---GC---C---G-----G-----TAG- GGGA--AG--T--T---G-C- 6164

G.SE.93.SE6165 --GAA--A--AAA---C---G---C---G-----G-----G-----TA- G-A--T-AT---G-C- 6226

H.BE.93.VI991 --GC-----A--AAC---G-T-C---C---C---G-GC---C---G--AG--T---G-A GGTGAAAGAAAATAAAG-GA--ATCAT---G-C- 6201

H.BE.93.VI997 --TGTA---A--CA---G--T-C---C---C---G-----G-----G-----T---G-G ACTAGTAATAATAATAATAGTA---G---T-AG--C-G-C- 6134

H.CF.90.056 --GTAC---A--CA---T-C---C---C---G-----G-----G-----T---C- A--G---TCAG---G-C- 6133

J.SE.93.SE7887 --GAA-----AA--AAG-A--C---G---C---GC---C---G--AA--G-G---T---G- A-C-A--AA-AT---TTC- 6115

J.SE.94.SE7022 --GAA-----AA--AAG-A--C---G---C---GC---C---G--AA--G-G---TA--G- C-A--AA--T---TTC- 6122

K.CD.97.EQTB11C --GAAC--A--A--AAA---G-TG-C---C---C---G-----G-----G-A--A-GC-A TCTGAAATTAATCAATC-GAAT-TGAAG---G-C- 6024

K.CM.96.MP535 --GAA--A--A--AA-A-A--G---C---C---G-----G-----C-G--C--TA--GGC GAGGGTAATAACAG--G---TGAA--C-G-C- 6010





B. FR. 83. HXB2

01_AE.CF.90.90CF4071
01_AE.JP.93.93JP_NH1
01_AE.TH.90.CM240
01_AE.TH.93.93TH9021
02_AG.CM.02.02CM 1677LE
02_AG.CM.97.97CM MP807
02_AG.FR.91.DJ264
02_AG.NG.-.IBNG
02_AG.SE.94.SE7812
03_AB.BY.00.98BY10443
03_AB.RU.97.KAL153_2
03_AB.RU.98.RU98001
04_cpx.CY.94.CY032
04_cpx.CM.91.97PVCH
04_cpx.GR.97.97PVMY
05_DF.BE.-.VI1310
05_DF.BE.93.VI961
05_DF.ES.99.X492
06_cpx.AU.96.BFP90
06_cpx.ML.95.95ML127
06_cpx.ML.95.95ML84
06_cpx.SN.97.97SE1078
07_BC.CN.-.CNG1179
07_BC.CN.97.97CN001
07_BC.CN.97.CN54
07_BC.CN.98.98CN009
08_BC.CN.97.97CNGX_6F
08_BC.CN.97.97CNGX_7F
08_BC.CN.97.97CNGX_9F
08_BC.CN.98.98CN006
09_cpx.GH.96.96GH2911
09_cpx.SN.95.95SN1795
09_cpx.SN.95.95SN7808
09_cpx.US.99.99DE4057
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110
11_cpx.CM.02.02CM 4118STN
11_cpx.CM.96.4496
11_cpx.FR.99.MP1298
11_cpx.GR.-.GR17
12_BF.AR.97.A32989
12_BF.AR.99.ARMA159
12_BF.UY.99.URTR23
12_BF.UY.99.URTR35
13_cpx.CM.02.02CM 3226MN
13_cpx.CM.96.1849
13_cpx.CM.96.4164
14_BG.ES.00.X475
14_BG.ES.00.X477
14_BG.ES.00.X623
14_BG.ES.99.X397
15_01B.TH.02.02TH OUR1331
15_01B.TH.02.02TH OUR1332
15_01B.TH.99.99TH MU2079
15_01B.TH.99.99TH R2399
16_A2D.KE.00.KISII5009
16_A2D.KR.97.97KR004
N.CM.-.YBF106
N.CM.95.YBF30
O.BE.87.ANT70
O.CM.-.96CMABB009
O.CM.91.MVP5180
O.SN.99.SEMP1299
CPZ.CD.-.ANT
CPZ.CM.98.CAM5
CPZ.GA.-.CPZGAB
CPZ.US.85.CPZUS

CAAGCATAAGAGGTAAGGTGCAGAAAGAATATGCATTTTTTATAAACTTGATATAATACCAATAGATAAT...GATACTACCAGCTATAAGTT 6802
--GAAC---A---A---G-G-TC---C---GGTC---C-G---T--G-GA...AATAGTGGGAAAATA--GG--GT--T---GA-- 6761
--GAAC---AC-A---AA-A---TG-TCC---C---G---G---A---A---AATAG--A--GT-AG---G--- 6813
--GAAC---C-A---AA---G-TCC---C---G---G---A---T--AG---AAGAAGAC--G--GTGAG---G--- 6382
--GAAC---A---AA---G-TCC---GC---G---C---GC-A---TA---TCC---AG---GTGAG---G--- 6822
--GAAT---G-A---AAA---TG-C-T-C---G---G-G-G---T--AGG---GCAA--GA--GTCAG---G--- 5992
--TGAAC---A---AAA---CG-TG--T-C---G---G-G-A-C-T---G---AAGA--A--GTCAG---GAC--- 5985
--GAAC---A---AAA---C---TG-C---G---G-G-A---TA-G-A---AGTAGC-A--GTCAG---G--- 6154
--GAAG---A---AAAA---GATGC---C---G---G-G-A---TA-G-A---AATA--GG--GTCAG---G--- 6326
--GAAC---A---AAA---TG---C---G-TA---G-G-A---TA-G-A---ACTGGG---AC-TTCAA---G--- 6168
--G--C-G---A---A-AA-A---C---C---G---G-G-A---A---GAT---G--- 6777
--GA-C-G---A---A---A-A---C---C---G-G-A---A---GAT---G--- 6000
--GA-C-G---A---A---A-A---C---C---G-G-A---A---GAT---G--- 6138
--GAA---G-A---AA-A---GC---C---G-A---G-G---TA-GC---AGAGTGCCAATTAATGGTAGTAATAGGAATAATAG---AGAAGAG---T--- 6190
--GAAG---A---CA-A---C---C---G---G-G---TA---G---AATGTGCCAATTAATAACTAGTAATACAAGT--GTA--GGGAG---G--- 6892
--GAA---A---AA-A---CT---GC---C---G---G---TA-G---AATAATAGTACTAATAGTAGGAGAAGTAGTA---A-GTGA---T--- 6856
--GAAG---AT-AC---AAA---T---T-C---C---G---G---CAG-GC---GATGACAGTAGC-A--G---T---G-C--- 6205
--GAAG---A---AATA---G-T-C---C---G---G-T---CA-G---AGC-GA-AAGAA---G-C--- 6192
--GTAG---AT-AC---AG-G-G---T-C---C---G---G---CA---GGCAG-GAC-AT-AA---G-C--- 6161
--GAA---A---ACAA---GC---C---G-C---G---T---GGG---GATAGTA--A--GTGAT---GA--- 6874
--GAA---A---CAAA---G---C-GC---C---G---G---TA-G---GGGAGTA--A--AT--T---GA--- 6828
--GAA---A---AAAA---CG-GC---C---G---G---TA-G---AATGGTA--AC-GT-CT---GA--- 6048
--GAAG---A-C---AAAA---C---C-GC---C---G-G-A-G-T---GG---AAAA---G-GT-CT---GA--- 6876
--GTAG---A-G-AA---C-TG---C---G---G---C-TAC-G---AAGAACTTAGGGAGAAGTCT--G-GAGTAT---GA--- 6028
--GTAG---A-G-AA---C-TG---C---G---G---C-TAC-G---AAGAACTATAGTGAAGTCT--G-GAGTAT---GA--- 6148
--GTAG---A-G-AA---C-TG---C---G---G---C-TAC-G---AAGAACTATAGTGAAGTCT--G-GAGTAT---GA--- 6006
--GTAG---A-AA---C-TG---C---G---G---T-TAC-G---AAGAACTCTAGTGGGAAGTCT--G-GAGCAT---GA--- 6148
--TTAT---A-G-AA-A---C-TG---C---G---G---CC-TA-G---GAGAACTCTGGTGAAGTCT--G-GAATAT---GA--- 5990
--TTAT---A-G-AA-A---C-TG---C---G---G---CC-TA-G---GAGAACTCTGGTGAAGTCT--G-GAGTAT---GA--- 5996
--TTAT---A-G-AA-A---C-TG---C---G---G---CC-TA-G---GAGAACTCTGGTGAAGTCT--G-GAGTAT---GA--- 5990
--GTAT---A---A-A---TG-C---C---G---G---C-TA-G---AAGAACTCTAGTGAAGTCT--G-GAGTAT---GA--- 6139
--GAAT---A---ACAC---T---T-C---G-TC---G-T---CA-GCA---AG--A--ATGAG---GAC--- 6001
--GAAT---A---AAAA---T-C---C---G---G-AA---CA-G-A---ACAAACAGAAAATA--GA-GTCAT---GAC--- 6031
--GAAC---A---ACAA---T-C-T-C---C---G---A---G-A-GA---AATGATA--G-GAT-AG---GAC--- 5992
--GAAT---A---CAC---T-C---C---G---G---CA-G-C---AATGAAACAAACCTTA--AC-GTGAG---GAC--- 6007
--GAAG---A---AA-A---C---C---G-GG---A---G-G---AG--A---GA--- 6175
--GAA---A---CA-A---C---C---G-GG---A---GG---AG--A---GAC--- 6187
--GAA---A---AAAA---C---C---G-TC---G-GG---A-T---GG---AATAC--A---G--- 6185
--GAAG-G---A---CA-AC---C---C---G---G---TA---AATAATAGTAGTACTA--GTA-GTGAT---T-C--- 5993
--GAA---A---AA-A-A---T---GC---C---G---G---C-TA-GG---AATAGTAATARTAGTAGTAGTA--G-A-GTGAG---G-C--- 6167
--GAGG---C-TA---AAATG---GT---C-GC---C---A---G-G---TA-GTG---A---T-CT---GA--- 6808
--GAAC-GA-A---AA-A---C---AGA-GC---C---G---G---TA-G---AGTAGTAGTA--TAGGTGAG---G-C--- 6075
--GAAG---A---CA-GT---T-CGG---C---G---C---CA---C---AGTAATGACAATASAAACACAGTAAT--C-G-GACCA--C-G-C--- 6383
--GAA---A---ACA-T---T-C---C---G---G---C-G---GC-G-GAA-CA--C-G-C--- 6815
--GAAG---A---CA-A---T-C-G---C---G---G---CAGC---AACAGTAGT--C-A-GGA-TA--C-G-C--- 6836
--GAAG---A---CA-T---T-CG---C---G---G---CAGC---GGCGGTAATAACAGTGGTAATGCAATGGAAACATA--GGA-CA--C-G-C--- 6860
--G-AT---A-G-AGA-T---T---CT-C---C---G---G---T---GG-A---AATAGTAATAGTAGTAATAGTA--G--GTGAA---GA--- 6045
--G-AG-G-C-A-G-AGA---T---CT-C---C---G-G---GA---T---GGGA---AATAGTAATAGTGGTAATAGTAG--G--GTGAA---GA--- 6224
--G-AT---A-G-AGA---T---CT-C---C---GA---T---GGGA---AATAGTAATAGTAGTAATAGTAG--G--ATGAA---A--- 6209
---C---A---A-A---C---C---G---A---G---GT---G--- 6237
---C---A---AA---M---C---GC---G-G-A---G---GT---G--- 6240
---C---A---A-M-R---C---C-GC---G-AG-G-C---A-GT---G--- 6245
---C---A---AA---C---C---G-G-A---G-C---A-GA---G--- 6258
---A-AC-G-A---C---C---T-G-A---A---GG---T---G--- 6007
---AC---A---G-C---C---G---T-G-A---A---A---T---G--- 6034
---AC---A---C---C---C-GC---G-GA-G---A---G--- 6174
--GAAG-G---A-G-AA---T-TCAG---G---G---A---G-G---AATAGTAGTAATAGTAGTAGTA--TA--GTGAG---GA--- 6202
--GAAC---A-GATAC---CG-T---T-CAG---C---G-G-A---TAG-G---AGTAGCAGTAGTAATAGTACACAG-GT-AT---GAC--- 5980
--GAAC---A---AAA---TCC-A---C-A---G---G-A-C-TA---G---AGTGACAGTAATGATACACTG-A--GGCAG---GAC--- 6171
--TGAG---A-GAAA-A-C---TT-CT-TC-G---GT-GAA---G-G---CA-AG---GGGACT--C-A--AT-CA---G-C--- 6368
--TGAGC---C-A---AAA-A-C---TT-CT-TC-G---GT-GAA---G-G---CA-GCC---T--A--AA-CA---G-C--- 6395
--TGTT---C-A---AC-AAA-G---A-C-G-TC-A-C---GT-TCA---T-G---GGA-C-GA-G-G---ACAAGCAGCACAAAATAAGACAA--C-GC-AA-TG---CA--- 6838
--GTTG-T-A---AC-ACATG---A-C-A-TC-A-C---GT-TCA---T-G---TAAGC-TA---G---GCAACTA-CGAA--ACTG---CA--- 6271
--GT-C-C-C-AC-AAA-G-C-A-C-G-TC-A-C---GT-TCA---C-G-GTAAGG-TA---G-C---TCAAATGCAGTAA--GGA--A-CA---T--- 6837
--GTTG-C-A---AC-AAA-G---A-C-G-TC-A-C---GT-TCA---T-G---GAAG---A-G-A---GCAAATGACACA-AGGA--TG---CA--- 6876
--G-AT-T-A---AAA-A---ATGA-A-CA-A---GGA---C-T---GAAGTGTG-C-G-C---AACAAT--G---A-T---T-C--- 6255
--TGAAG---A---AAA-A-G---T---T-TC-A---GT-GA---G---T---GAGG---AATAAGAG--A-GAT-C---GA--- 6512
--GAAT---A---AA-A-AC-G-TC---T-C-A---GTGGAG---G-G---AAC---GG---GAC---G-AC-A--CA---G-A--- 6863
--TGAAT---AC-AAA-A-C---TG---T-C-A---GT-GA---C-GCT-AT-CA---GT-GA---C-GCT-AT-CA---AT-C---GAC--- 6846

Env

T S I R G K V Q K E Y A F F Y K L D I I P I D N D T T S Y K L gp120



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	GACAAGTTGTAACACCTCAGTCATTACACAGGCCTGTCCAAAGGTATCCTTTGAG...CCAATTCCCATACATTATTGTGCCCGCGTGGTTTTGCGATTCTAAAATGTAATAATAAGACGTTCAATGGA	6929
A1.KE.00.MSA4069	A-T-A-----T-----C-----C-----A-----A-----C-----G-----T--AT-A--G--	6155
A1.KE.94.Q23_17	A-T-A-----T-----C-----G-----C-----T-----A-----A-----C-----G-----GG--G--GG--G	6372
A1.SE.94.SE7253	A-T-A-----T-----C-----T-----C-----A-----A-----C-----G-----GGG--GA-----	6139
A1.TZ.97.97TZ02	A-T-A-----T-----C-----G-----T-----C-----C-----A-----A-----C-----G-----GG--G--AGA--G--	6121
A1.UA.00.98UA0116	A-T-A-----T-----A-----C-----G-----T-----A-----A-----C-----G-----C--GG--CA-AT--T-C--	6928
A1.UG.85.U455	A-T-A-----T-----AC-----T-----C-----G-----A-----A-----G-----GG--CCTGA-----	6374
A1.UG.92.92UG037	A-T-A-----T-----C-C-----TC-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----GA-----	6314
A2.CD.97.97CDKS10	A-T-A-----T-----C-----C-----T-----T-----A-----A-----G-----G--GG--CC--GA-----	3060
A2.CD.97.97CDKTB48	A-T-A-----T-----C-----A-----T-----T-----A-----A-----A-----G-----GG--GAA-----	6257
A2.CY.94.94CY017_41	A-T-A-----T-----AC-----C-----A-----G-----A-----A-----T-----A-----G-----GG--CC--GA-----	6310
B.AR.99.ARMA132	--G-----A-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----AA-----	6139
B.AU.95.MBCC54	--T-----T-----A-----T-----AA-----A-----T-----A-----A-----G-----AG--A-----	6306
B.BO.99.BOL0122	--T-A-----T-----A-T-----AA-----A-----A-----A-----T-----A-----G-----G-----AT-----	6124
B.CN.-.RL42	--T-A-----T-----A-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----G-----C-----A-----	6294
B.ES.89.S61K15	--G-----A-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----	6957
B.GA.88.OYI	A-T-CA-----AC-----A-----A-----G-----A-----T-----A-----G-----G-----A-----	6486
B.GB.83.CAM1	--T-CA-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----	6933
B.NL.86.3202A21	--T-----T-----C-----T-----A-----T-----C-----G-----G-----A-----	6942
B.TH.90.BK132	--T-----C-----C-----G-----G-----A-----G-----	6273
B.US.83.RF	--T-CA-----TT-----AC-----CA-----G-----G-----A-----	6486
B.US.90.WEAU160	--T-A-----AT-----AC-----A-----A-----G-----G-----A-----	6939
C.BR.92.92BR025	A-T-A-----T-----C-----A-----A-----C--T-----C-----T-----T-----A-----G-----A-----G-----	6281
C.BW.00.00BW3891_6	A-T-A-----T-----C-----A-----A-----C--T-----C-----T-----T-----A-----A-----T-----G-----	6304
C.BW.96.96BW0502	A-T-A-----T-----G-----C-----A-----A-----C--T-----T-----T-----A-----A-----A-----G-----C-----A-----G	6427
C.ET.86.ETH2220	A-T-A-----T-----AC-----A-----A-----C--T--G-----T-----T-----A-----A-----G-----GAG--A-----C-----	6332
C.IL.98.98IS002	A-T-A-----T-----CTG-----A-----A-----CA-----C-----T-----T-----A-----A-----G-----CGG--A-----	6272
C.IN.95.95IN21068	A-T-A-----T-----T-----C-C-A-----A-----CA-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----	6297
C.IN.99.01IN565_10	A-T-A-----T-----C-----A-----A-----C--T-----T-----T-----C-----T-----A-----A-----G-----G-----	6324
C.KE.00.KER2010	A-T-AC-----C-----T-----C-----A-----A-----A-----C--T-----A-----A-----G-----G-----A-----G	6139
C.MM.99.mIDU101_3	A-T-A-----G-----T-----C-----A-----A-----CA-----T-----C-----T-----C-----T-----A-----A-----G-----GG--AA-----	6318
C.TZ.97.97TZ04	A-T-A-----T-----C-----A-----A-----C--T-----C-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----	6127
C.TZ.98.98TZ017	A-T-A-----T-----CAC-----A-----A-----C--T-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----A-----	6292
C.ZA.01.2134MB	A-T-A-----C-----T-----AC-----A-----A-----CA-----C-----G-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----C-G-A-----	6396
C.ZA.97.97ZA003	A-T-A-----T-----G-----ACTG-----A-----A-----C--T-----C-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----	6253
C.ZM.96.96ZM651	A-T-A-----T-----C-C-A-----A-----C--T-----C-----T-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----	6305
D.CD.83.ELI	A-T-A-----T-----C-----A-----T-----T-----A-----A-----G-----GAG--A-----	6477
D.CD.83.NDK	A-T-A-----G-T-----AC-----T-----A-----A-----A-----G-----GAG--A-----G-----	6448
D.CD.85.Z226	A-T-A-----T-----C-----T-----G-----A-----A-----A-----A-----GAG--A-----G-----	6934
D.CM.01.01CM_0009BBY	A-T-A-----T-----C-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----C-----C--G-C-----G-----	6142
D.KE.01.01KE_NKU3006	A-T-A-----T-----C-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----A-----C-----C--G-C-----G-----	6181
D.TD.99.MN012	A-T-A-----T-----C-----A-----T-----A-----A-----A-----GA-----G-----A-----	6143
D.UG.94.94UG114	A-T-A-----T-----C-----G-----A-----GA-----A-----A-----A-----CG--A-----A-----	6259
D.UG.99.99UGA08483	A-T-CA-----T-----C-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----	6166
D.UG.99.99UGB21875	A-T-A-----T-----C-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----Y-----	6127
F1.BE.93.VI850	A-T-A-----T-----AC-----T-----T-----T--GG--T-----C--T-----T-----A-----A-----A-----G-----A-----GA-----	6251
F1.BR.93.93BR020_1	A-T-A-----G-TG-----AC-----T-----T-----T--GG--T-----T-----A-----A-----G-----G--A--AT-----CA--G	6269
F1.FI.93.FIN9363	A-T-C-----T-----AC-----T-----T-----T--GG--T-----T-----A-----A-----G-----GG--A--G-----	6270
F1.FR.96.MP411	A-T-A-----T-----AC-----A-----T-----T-----T--GG--T-----T-----A-----A-----G-----GGG--CCA--G-----	6138
F2.CM.02.02CM_0016BBY	A-----T-----AC--G-----T-----G-----G-----T-----T-----T-----T-----A-----G-----G-----A--G-----	6121
F2.CM.95.MP255	A-T-A-----T-----TG-----ACTG-----T-----T-----T-----T-----A-----G-----G-----A--G-----	6127
F2.CM.95.MP257	A-T-A-----T-----AC--C-----T-----C-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A--A-----	6142
F2.CM.97.CM53657	ACT-----T-----AC--G-----T-----G-----G-----T-----T-----A-----T-----T-----G-----G-----AGA-----	6124
G.BE.96.DRCBL	-----A-----TGT-----AC-----A-----T-----A-----T-----A-----C-----G-----GTGG-----A-----	6895
G.CM.01.01CM_4049HAN	A-T-A-----TGT-----TC-----A-----T-----A-----GAT-----A-----T-----G-----GAG-----AT-----	6142
G.FI.93.HH8793_12_1	A-T-A-----TGT-----AC-----A-----T-----T-----GGAT-----C-----C-----T-----A--G-----G-----GG--A--GA-----	6341
G.NG.92.92NG083	A-T-CA-----TGT-----AC-----A-----T-----AAT-----C-----T-----A-----T-----G-----GGG-----GA-----	6291
G.SE.93.SE6165	A--CA-----TGT-----AC--C-----A-----T-----A-----T-----C-----T-----AA-----T-----G-----GGG-----GA-----	6353
H.BE.93.VI991	A-T-A-----T-----G-----A-----A-----T-----C-----G-----G-----T-----A-----G-----C-----GGG--A--AA--T-----	6328
H.BE.93.VI997	A-T-A-----C-----T-----T-----T-----C-----T-----T-----C-----C-----T-----T-----A-----T-----G-----C-----A-----T-----	6261
H.CF.90.056	A-T-A-----T-----A-----T-----C-----G-----A-----A-----T-----A-----C-----G-----C-----A-----A-----	6260
J.SE.93.SE7887	A-T-AC-----T-----A-----A-----T-----G-----T-----C-----A-----A-----T-----A-----G-----G-----AT-----	6242
J.SE.94.SE7022	A-T-AC-----T-----T-----A-----T-----G-----T-----C-----A-----A-----T-----A-----T-----G-----T-----	6249
K.CD.97.EQTB11C	A-T-A-----T-----AC--G-----T-----A-----C-----T-----A-----C-----G-----C-----A--G-----	6151
K.CM.96.MP535	A-T-A-----T-----AC-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----C-----G-----GG--A--G-----	6137



B. FR. 83. HXB2 GACAAGTTGTAACACCTCAGTCATTACACAGGCTGTCCAAGGTATCCTTTGAG...CCAATTCCCATACATTATTGTGCCCGCTGGTTTTGCGATTCTAAAATGTAATAAAGACGGTTC AATGGA 6929

01_AE.CF.90.90CF4071 A-T-CA-----T-T-----C-AG-----T-----A-----T-----T-----G-----G-----AT----- 6888

01_AE.JP.93.93JP_NH1 A-T-A-----T-T-----AG-----T-----A-----T-----T-----T-----A-----T-----A-----T-----G-----G-----AT-----G 6940

01_AE.TH.90.CM240 A-T-A-----T-T-----AG-----T-----A-----T-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----T-----G-----G-----AT-----G 6509

01_AE.TH.93.93TH9021 A-T-A-----T-T-----AG-----T-----A-----T-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----T-----G-----G-----AT-----G 6949

02_AG.CM.02.02CM_1677LE A-T-A-----T-A-----C-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----A----- 6119

02_AG.CM.97.97CM_MP807 A-T-A-----T-----C-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----GA----- 6112

02_AG.FR.91.DJ264 A-TC-A-----T-----C-----A--A-----A-----A-----T-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----A----- 6281

02_AG.NG.-.IBNG A-T-A-----T-----C-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----AGG----- 6453

02_AG.SE.94.SE7812 A-T-A-----T-----C-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----C-----A-----G-----G-----A----- 6295

03_AB.BY.00.98BY10443 --T-----T-----G-----G-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----A----- 6904

03_AB.RU.97.KAL153_2 --T-----T-----G-----G-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----C----- 6127

03_AB.RU.98.RU98001 --T-----T-----G-----G-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----A----- 6265

04_cpx.CY.94.CY032 A-T-A-----G-----AC-----A-----T-----C-----G--T-----T-----T-----T-----A-----A-----T-----G-----G-----A-----AT-----C----- 6317

04_cpx.GR.91.97PVCH A-TG-----T-----CAA-CA-----T-----C-----GT-GG-----T-----G-----GA-T-----G-----G-----G-----A-----AT-----C-----CC----- 7019

04_cpx.GR.97.97PVMY A-T-A-----TGT-----TC-----A-----T-----C-----A--AAG-----A-----T-----T-----A-----C-----G-----G-----A-----GA----- 6983

05_DF.BE.-.VI1310 A-T-A-----T-----AC-----A-----T-----T-----T-----T-----G-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----G-----G----- 6332

05_DF.BE.93.VI961 A-T-A-----T-----AC-----A-----T-----T-----T-----T-----A-----GT-GG-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----G----- 6319

05_DF.ES.99.X492 A-T-A-----T-----AC-----A-----T-----T-----T-----T-----A-----T-----G-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A----- 6288

06_cpx.AU.96.BFP90 A-T-A-----TGT-----AC-----A-----T-----T-----T-----T-----G-----T-----T-----T-----C-----G-----GGG-----GAT----- 7001

06_cpx.ML.95.95ML127 A-T-A-----TG-----AC-----A-----T-----T-----T-----T-----GA-T-----A-----C-----T-----T-----A-----T-----G-----GGG-----AT----- 6955

06_cpx.ML.95.95ML84 A-T-A-----T-----AC-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----G-----T-----A-----C-----C-----T-----A-----T-----G-----GGG-----AT----- 6175

06_cpx.SN.97.97SE1078 A-T-A-----TG-----AC-----A-----A-----T-----C-----G-----T-----A-----C-----C-----T-----A-----T-----G-----GGG-----A-----AT----- 7003

07_BC.CN.-.CNGL179 A-T-A-----T-----C-----A-----A-----CAAT-----T-----T-----T-----C-----CA-T-----A-----A-----A-----G-----G-----TA-----G 6155

07_BC.CN.97.97CN001 A-T-A-----T-----C-----A-----A-----CA-T-----T-----T-----T-----C-----CA-T-----A-----A-----A-----G-----G-----TA-----G 6275

07_BC.CN.97.CN54 A-T-A-----T-----C-----A-----A-----CA-T-----T-----T-----T-----C-----CA-T-----A-----A-----A-----G-----G-----TA-----G 6133

07_BC.CN.98.98CN009 A-T-A-----T-----C-----A-----A-----CA-T-----T-----T-----T-----C-----CA-T-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----GA-----G 6275

08_BC.CN.97.97CNGX_6F A-T-A-----T-----C-----A-----A-----CA-T-----T-----T-----T-----C-----CA-T-----A-----A-----A-----G-----G-----TA-----G 6117

08_BC.CN.97.97CNGX_7F A-T-A-----T-----C-----A-----A-----CA-T-----T-----T-----T-----C-----CA-T-----A-----A-----A-----G-----G-----TA-----G 6123

08_BC.CN.97.97CNGX_9F A-T-A-----T-----C-----A-----A-----CA-T-----T-----T-----T-----C-----CA-T-----A-----A-----A-----G-----G-----TA-----G 6117

08_BC.CN.98.98CN006 A-T-A-----T-----C-----A-----A-----CA-G-----T-----T-----T-----C-----C-----T-----A-----A-----G-----G-----A----- 6266

09_cpx.GH.96.96GH2911 A-T-A-----T-----C-----T-----T-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----GA----- 6128

09_cpx.SN.95.95SN1795 A-T-A-----T-----C-----T-----T-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----A-----A----- 6158

09_cpx.SN.95.95SN7808 A-T-A-----T-----C-----T-----T-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----AT-----C----- 6119

09_cpx.US.99.99DE4057 A-T-A-----T-----G-----C-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----T-----T-----G-----G-----A-----A----- 6134

10_CD.TZ.96.96TZ_BF061 A-T-A-----T-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A----- 6302

10_CD.TZ.96.96TZ_BF071 A-T-A-----T-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----C----- 6314

10_CD.TZ.96.96TZ_BF110 A-T-A-----T-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----G----- 6312

11_cpx.CM.02.02CM_4118STN A-T-A-----TG-----ACTG-----AG-----T-----T-----A-----A-----T-----T-----T-----A-----G-----GGG-----AGA-----GGG----- 6120

11_cpx.CM.96.4496 A-T-A-----TGT-----CTG-C-----A-----T-----Y-----A-----A-----T-----T-----A-----G-----GGG-----G-----A----- 6294

11_cpx.FR.99.MP1298 A-TTC-----TGT-----CTG-----A-----T-----A-----A-----T-----T-----A-----G-----G-----G-----GA----- 6935

11_cpx.GR.-.GR17 A-T-A-----TGT-----CAG-C-----A-----T-----CT-----A-----A-----T-----T-----C-----T-----A-----G-----C-----GGG-----GA----- 6202

12_BF.AR.97.A32989 ATT-CA-----T-----ACT-----T-----T-----T-----T-----G-----T-----G-----T-----TA-A-----A-----G-----G-----A-----AC-----G 6510

12_BF.AR.99.ARMA159 A-T-A-----T-----AC-----T-----T-----T-----T-----T-----G-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----C-----G-----G-----A-----A-----G 6942

12_BF.UY.99.URTR23 A-T-A-----T-----AC-----T-----T-----T-----T-----T-----G-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----G 6963

12_BF.UY.99.URTR35 A-T-A-----C-----T-----AC-----T-----T-----T-----T-----T-----G-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----G 6987

13_cpx.CM.02.02CM_3226MN A-T-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----A-----G-----G-----GA----- 6172

13_cpx.CM.96.1849 A-T-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----A-----G-----G-----G-----GA----- 6351

13_cpx.CM.96.4164 A-T-----T-----T-----TG-----A-----T-----C-----A-----A-----T-----T-----T-----A-----G-----G-----A----- 6336

14_BG.ES.00.X475 -----A-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----G-----C----- 6364

14_BG.ES.00.X477 -----A-----A-----A-----AC-----T-----T-----T-----T-----G-----C----- 6367

14_BG.ES.00.X623 -----A-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----G-----C----- 6372

14_BG.ES.99.X397 -----A-----A-----A-----AC-----T-----T-----T-----T-----G-----C----- 6385

15_01B.TH.02.02TH_OUR1331 A-T-A-----T-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----A----- 6134

15_01B.TH.02.02TH_OUR1332 A-T-A-----T-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----A----- 6161

15_01B.TH.99.99TH_MU2079 --G-AG-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----T----- 6301

15_01B.TH.99.99TH_R2399 A-T-CA-----T-----T-----A-----T-----A-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----G----- 6329

16_A2D.KE.00.KISII5009 A-T-A-----T-----C-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----AG-----GAC----- 6107

16_A2D.KR.97.97KR004 A-T-CA-----G-----T-----AC-----C-----T-----C-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----GG-CCC-GAA----- 6298

N.CM.-.YBF106 A-T-A-----T-----A-----CTG-G-----A-----T-----T-----ACTA-----T-----T-----T-----A-----C-----A-----AC-A-----C-----C-----A-----G-----G-----AGGA-AT-----T-----G----- 6495

N.CM.95.YBF30 A-T-A-----T-----A-----CTG-G-----A-----T-----T-----ACT-----T-----T-----T-----A-----C-----A-----AC-A-----C-----C-----A-----G-----G-----AGGA-AC-----T-----G----- 6522

O.BE.87.ANT70 A-T-A-----T-----A-----AC-----C-----G-----A-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----C-----T-----A-----A-----A-----T-----CT-T-----G-----C-----GC-CAGAA-----T----- 6965

O.CM.-.96CMABB009 A-T-A-----T-----A-----AC-----C-----AG-----A-----T-----T-----T-----T-----T-----C-----A-----C-----T-----A-----A-----A-----C-----CT-T-----G-----G-----C-----AA-----T----- 6398

O.CM.91.MVP5180 A-T-A-----T-----A-----A-----T-----C-----AG-----G-----G-----AGT-----T-----T-----T-----T-----T-----AA-A-----A-----C-----CT-T-----G-----G-----C-----CAGAC-----T----- 6964

O.SN.99.SEMP1299 A-TT-A-----T-----A-----AC-----AG-----A-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----C-----C-----T-----A-----G-----A-----A-----C-----CT-T-----G-----C-----GC-CAGA-----T----- 7003

CPZ.CD.-.ANT ATGGCAC-----C-----A-----ACT-----C-----AT-----GA-----TCTA-T-----A-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----T-----AT-G-----G-----G-----AG-----G-----GAT-----T-----CA----- 6382

CPZ.CM.98.CAM5 A-T-A-----T-----TA-----ACTG-----A-----A-----T-----AACT-----T-----T-----T-----A-----C-----A-----CC-A-----A-----AA-G-----G-----C-----A-----T----- 6639

CPZ.GA.-.CPZGAB A-TT-A-----C-----T-----TA-----C-----A-----A-----A-----AACG-----T-----T-----T-----A-----C-----A-----A-----A-----G-----A-----T-----C-----G-----AGAC-----TTCA----- 6990

CPZ.US.85.CPZUS --T-----A-----C-----A-----C-----CT-----A-----T-----T-----T-----ACC-----T-----T-----T-----A-----C-----A-----AC-A-----C-----C-----C-----G-----A-----AGAT-----A----- 6973

Env T S C N T S V I T Q A C P K V S F E . P I P I H Y C A P A G F A I L K C N N K T F N G gp120



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	ACAGGACCATTGTACAAATGTCAGCACAGTACAATGTACACATGGAATTAGGCCAGTAGTATCAACTCAACTGCTGTTAAATGGCAGTCTAGCAGAAGAAGAG . . . GTAGTAATTAGATCTGTCAATTTCA	7056
A1. KE. 00. MSA4069	CA--G----CCAG-----T-----C-----C-A-----T-----T-----C-----A--C-----AA--A--	6282
A1. KE. 94. Q23_17	-----GTT--C-AG-----C-----C-----C-A-----T-----G-----A--A-T-----A--AC-----AA--A--	6499
A1. SE. 94. SE7253	-----G--C-AC--A-----G--C-----C-A-----G-----A-----A--A-G-----AA--A--T	6266
A1. TZ. 97. 97TZ02	-----G-G-C-AG-----C-----C-A-----G-----A-TC-----A-AA-----AA--A--	6248
A1. UA. 00. 98UA0116	-----G--C-AGG-----C-----CC-A-----G-----GA-----A-G-----AA--A--	7055
A1. UG. 85. U455	-A--G-----C-GG-----C-A-----G-----AG--A--A--AGG-----AA--A--	6501
A1. UG. 92. 92UG037	-----G-T--C-AG-----C-----C-----G-----T-----G-A-----A-G-----AA--A--	6441
A2. CD. 97. 97CDKS10	-----C-AT-----T--T-----T-----C-----G-----A-----GA-G-----AA--A--T	3187
A2. CD. 97. 97CDKTB48	-A--GT--C-GT--T--T-----G-----C-----C-----G-----G-A-----A-G-----AA--A--T	6384
A2. CY. 94. 94CY017_41	-----GT--C-AG--T--T-----AA-----C-----G-----G-----G-G-AAAA--A-G-----AA--A--T	6440
B. AR. 99. ARMA132	-----A-----T-A--T-----T-----C-----G-----A-----A-----A-----C-----T	6266
B. AU. 95. MBCC54	-A-----T--A-----G-----A-----G-----C-----G-----A-----A-----AA-----A	6433
B. BO. 99. BOL0122	-----A-----T-----A-----G-----T-----G-----A-----A-----A-----A-----T-AG-----	6251
B. CN. -. RL42	-----A-----T-----T-----A-----G-----T-----T-----A-----A-----A-----T-AG-----	6421
B. ES. 89. S61K15	-A-----A-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----T	7084
B. GA. 88. OYI	-----A-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----AG-----	6613
B. GB. 83. CAM1	-A-----A-----G-G-C-----AT-----A-----A-----A-----A-----AA-----	7060
B. NL. 86. 3202A21	-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----T	7069
B. TH. 90. BK132	-AC-----A-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----T	6400
B. US. 83. RF	-----A-----G-----C-----T-----C-----A-----A-----A-----A-----AA-----	6613
B. US. 90. WEAU160	-AG-----C--A-----C-----A-----G-----C--T-----C-----A-----A-----AA-----	7066
C. BR. 92. 92BR025	-----C-AT-----T-----A--G-----C-A-----G-----A-----T-----T-----A--A-----AAA-----C-A	6408
C. BW. 00. 00BW3891_6	-----AT-----T-----A-----G-----A-----A-----C-----T-----A-G-----A--A-----AA-----C-G	6431
C. BW. 96. 96BW0502	-----C-AT-----T-----G-----A-----G-----G-A-----T--CG--A--G-----A--A-----AA-----C-G	6554
C. ET. 86. ETH2220	-----CCAT-----C-----AA-----G-----AT-----T--A-----GT-----AC-A-----T--AA-----C-G	6459
C. IL. 98. 98IS002	-----C-AT-----T-----AA-----G-----A-----T-----T-----A-----A-----AA-----C-G	6399
C. IN. 95. 95IN21068	-----CCAT-----A-----G-----A-----A-----T-----C-----G-G-----A--A-----AA-----C-G	6424
C. IN. 99. 01IN565_10	-----C-GT-----A-----A-----A-----T-----C-----A-----A-----A-----AA-----C-A	6451
C. KE. 00. KER2010	-----CCAG-----T-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----AA-----A-A	6266
C. MM. 99. mIDU101_3	-----C-CCGT-----T-----A-----G-----C-----A-----T-----C-----A-----A-----AA-----C-G	6445
C. TZ. 97. 97TZ04	-----G-GC-C-AT-----A-----G-----G-----A-C-----C--T--C-----G-----A--A-----AA-----C-G	6254
C. TZ. 98. 98TZ017	-----G--C--A-T-----G--C-----A--G-----A--C-----C--T--C-----G-----A--A-----AA-----A-A	6419
C. ZA. 01. 2134MB	-----C-A-----A-----T-----G-----A-----A-----T-----C-----GGA-----A--A-----AA-----A-G	6523
C. ZA. 97. 97ZA003	-----CAT-----T-----C-A-----G-----C-----A-----A-----A-----C-----GG-----A--A-----AA-----C-A	6380
C. ZM. 96. 96ZM651	-----CCAT-----A-----G-----A-----A-----A-----T-----C-----GG-----A--A-----AA-----C-G	6432
D. CD. 83. ELI	-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----CA-----C-AA-----C	6604
D. CD. 83. NDK	-----C-----CT-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-CA-----AA-----C	6575
D. CD. 85. Z226	-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-CA-----AA-----CC-----	7061
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	-----C-----C-----C-----A-----G-----T-----T-----G-----T-----C-----A-TA-G-----AA-----	6269
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	-G--T--C-A-----G-----G-----A-----G-----G-----T-----G-----T-----G-----AC-A-----AA-----C-T	6308
D. TD. 99. MN012	-----C-T--C-A-----C-----A-----G-----G-----T-----T-----G-----G-----A-----A-----G-----AA-----C	6270
D. UG. 94. 94UG114	-----T-----C-A-----G-----G-----A-----G-----T-----G-----G-----A-----A-----A-----AA-----C	6386
D. UG. 99. 99UGA08483	-TG--T-----AC-----A-----G-----G-----A-----G-----T-----G-----T-----G-----T-----A-A-T-----AA-----C	6293
D. UG. 99. 99UGB21875	-G--C--C-A-----T--G-----G-----AA-----G-----T-----G-----G-----G-----A--A-----AA-----C	6254
F1. BE. 93. VI850	-----G--C-AG-----T-----AA-----G-----T-----T-----C-----GT-----A-----C-----CAA-----A-T	6378
F1. BR. 93. 93BR020_1	-----GT--C-AG-----T-----AA-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----A-----C-----CAA-----A-T	6396
F1. FI. 93. FIIN9363	-G--G-----GG-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----G-----GT-----A--A-----C-----CAA-----C-T	6397
F1. FR. 96. MP411	-----G--C-AG-----T-----G-----A-----A-----T-----C-----G-----G-----T-----A--A-----C-----CAA-----A-T	6265
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	-A--GTT--C--G-----AA-----G-----A-----A-----CT-----A--A-T-----A--A-----AA-----A--	6248
F2. CM. 95. MP255	-----G-----CGA--G-----A-----G-----A-----C-----C-----C-----T-----A--A-----AAA-----A--	6254
F2. CM. 95. MP257	-----TT--C-GG--T-----AA-----G-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----GA-----AA-----A-T	6269
F2. CM. 97. CM53657	-----GTT--GG-----AA-----G-----A-----A-----C-----C-----G-----T-----A-----A-----AA-----A-T	6251
G. BE. 96. DRCBL	-----A-----AC-----T-----A-----A-----A-----C-G-----T-----A-----A-----CA-----T-----AA-----A-T	7022
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	-----T-----G-----T-----A-----G-----A-----C-G-----T-----T-----A-----A-----A-----AG-----AA-----	6269
G. FI. 93. HH8793_12_1	-----CA-----T-----A-----G-----A-----C-G-----T-----T-----G-----A-----A-----A-----A-----CA-----	6468
G. NG. 92. 92NG083	-----A-----T-----A-----G-----A-----C-G-----T-----T-----A-----AG-----A-----AA-----CA-----	6418
G. SE. 93. SE6165	-----A-----T-----A-----G-----A-----A-----AC-G-----T-----G-A-A-----A-----AA-G-----AA-----	6480
H. BE. 93. VI991	-----C-----C-----C-----G-----T-----A-----C-----A-----C-----TG--GAG--A-----AAA-----A-T	6458
H. BE. 93. VI997	-----TT-----T-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----G-----C-----CA-----AAA-----A-T	6388
H. CF. 90. 056	-----TT-----T-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----A-CA-----A-----AAA-----A-T	6387
J. SE. 93. SE7887	-----T-----C-A-----T-----C-----A-----G-----A-----A-----C-----A-----G-----C-----A--A-----CA-----T	6369
J. SE. 94. SE7022	-----C-A-----T-----C-----A-----G-----A-----A-----C-----G-----G-----C-----A--A-----AA-----A-T	6376
K. CD. 97. EQTB11C	-----G--C-----AA-----G-----T-----A-----C-----C-----A-----A-----T-----G-----AAG-----A-T	6278
K. CM. 96. MP535	-----A-----AA-----G-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----AA-----A-T	6264





B. FR. 83. HXB2

01_AE.CF.90.90CF4071
 01_AE.JP.93.93JP_NH1
 01_AE.TH.90.CM240
 01_AE.TH.93.93TH9021
 02_AG.CM.02.02CM_1677LE
 02_AG.CM.97.97CM_MP807
 02_AG.FR.91.DJ264
 02_AG.NG.-.IBNG
 02_AG.SE.94.SE7812
 03_AB.BY.00.98BY10443
 03_AB.RU.97.KAL153_2
 03_AB.RU.98.RU98001
 04_cpx.CY.94.CY032
 04_cpx.GR.91.97PVCH
 04_cpx.GR.97.97PVMY
 05_DF.BE.-.VI1310
 05_DF.BE.93.VI961
 05_DF.ES.99.X492
 06_cpx.AU.96.BFP90
 06_cpx.ML.95.95ML127
 06_cpx.ML.95.95ML84
 06_cpx.SN.97.97SE1078
 07_BC.CN.-.CNGL179
 07_BC.CN.97.97CN001
 07_BC.CN.97.CN54
 07_BC.CN.98.98CN009
 08_BC.CN.97.97CNGX_6F
 08_BC.CN.97.97CNGX_7F
 08_BC.CN.97.97CNGX_9F
 08_BC.CN.98.98CN006
 09_cpx.GH.96.96GH2911
 09_cpx.SN.95.95SN1795
 09_cpx.SN.95.95SN7808
 09_cpx.US.-.99.99DE4057
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF071
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF110
 11_cpx.CM.02.02CM_4118STN
 11_cpx.CM.96.4496
 11_cpx.FR.99.MP1298
 11_cpx.GR.-.GR17
 12_BF.AR.97.A32989
 12_BF.AR.99.ARMA159
 12_BF.UY.99.URTR23
 12_BF.UY.99.URTR35
 13_cpx.CM.02.02CM_3226MN
 13_cpx.CM.96.1849
 13_cpx.CM.96.4164
 14_BG.ES.00.X475
 14_BG.ES.00.X477
 14_BG.ES.00.X623
 14_BG.ES.99.X397
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1331
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1332
 15_01B.TH.99.99TH_MU2079
 15_01B.TH.99.99TH_R2399
 16_A2D.KE.00.KISII5009
 16_A2D.KR.97.97KR004
 N.CM.-.YBF106
 N.CM.95.YBF30
 O.BE.87.ANT70
 O.CM.-.96CMABB009
 O.CM.91.MVP5180
 O.SN.99.SEMP1299
 CPZ.CD.-.ANT
 CPZ.CM.98.CAM5
 CPZ.GA.-.CPZGAB
 CPZ.US.85.CPZUS
 Env

ACAGGACCATGTACAAATGTCAGCACAGTACAATGTACACATGGAATTAGGCCAGTAGTATCAACTCAACTGCTGTTAAATGGCAGTCTAGCAGAAGAAGAG...GTAGTAATTAGATCTGTCAATTTCA
 ---G---A---G---A---T---C---A---G---T---C---T---A...A---A---AA---C---
 ---G---A---TT---C---A---G---T---A---A---C---C---
 ---G---A---T---C---A---G---T---A---A---C---AAG---C---
 ---G---A---T---C---A---G---T---A---A---C---T---A---A---C---
 ---G-T---CCAG---T---C---C-A---A...G---AA---A---
 ---G---C-AG---C---C-AA---C---AC---A...AGG---AA---A---
 ---G---C-AG---T---C---C-A---A---G---AA---A---
 ---G---C-A---C---C-A---G---A...G---C---AA---A---
 ---G---C-AG---C---C-A---T-A---C---A---G---AA---T---
 ---G---T---A---G---T---C---A...
 ---G---T---A---T---
 ---G---T---A---G---T---C---
 TT---G---C---T-G---G---C---T---A---G---T---A---CT---ACG---AAA---A---
 TT---GT---C---C-G---C---T---A---G---T---A---CT---AC---G---G---AAA---
 T---T---C-A---T-G-G---C---T---A---T---A---CT---T---AC---G---C---AAA---C---
 ---C-AG---C---A---G---GT---C---A---GT...A---A---C---CAA---A---T
 ---G---C-AG---A---G---T---A---AGT...A---A---C---CAA---A---T
 ---G---G-A---A---G---T---A---C---TAG...A---A---CAA---A---T
 ---A---T---T---G---A---G---T-A-C-G---T---AA-C...A---AC---A-A---AA---CA---
 ---A---T---T---A---G---GT-A-C-G---T---A...A---A---A---AAA---CC---
 ---A---T---A---G---GT-A-C-G---T---T-A...A---A---A---AA---CCA---
 ---G---A---T---A---G---T-A-AC-G---T---G-A...A---A---A-A---AA---CC---
 ---CTAT---T---G---A---G---A---A---T---C---G---A...A---A---AA---C-G---
 ---CCAT---T---G---A---G---A---TG-T---T---C---G---A...A---A---G---AA---C-G---
 ---CCAT---T---G---A---G---A---T---T---C---G---A...A---A---AA---C-G---
 ---CCAT---T---G---A---G---A---T---C---A...A---A---AA---C-G---
 ---A---CCAT---T---G---A---G---A---T---C---AG...A---A---AA---C-G---
 ---A---CCAT---T---G---C---A---G---A---T---C---AG...A---A---AA---C-G---
 ---A---CCAT---T---G---A---G---A---T---C---AG...A---A---AA---C-G---
 ---A---C-AT---T---G---A---G---A---T---C---G...A---A---AA---C-G---
 ---AT---A---TT---G---G---G---G---T-A-C-G---T---C...A---A---AG---A---
 ---A---AC---TT---G---G---A---G---T-A-C-G---T---T...A---A---T---AG---A---
 ---A-C---AC---A---TT---G---A---G---T-A-C-G---T---A...A---A---G---AG---A---
 ---A---AC---TT---G---A---G---T-A-C-G---T---A-C...A---A---AG---A---
 ---G---C-A---CA---T---G---G---AA---G---T-A-G...A---A---AA---C---
 ---G-T---CGAC---T---G---A---G---T-A-G...A---A---AA---A---
 ---G---C---A---C---T---G---G---G---G---T-A-G...A---A---AG---C---
 CT---A---CGAG---T---C---C-A---C---A---G-G-A...A---A---G---CA---C---AT
 ---G---CCAG---C---C-A---A---A---G-G...AGG---AA---
 ---AG---C-AG---C---C-A---A---A---A---GG...AAG---AA---C---
 ---C-A---C---A---C---A---A---A---G...AGG---AA---CC---
 ---G-G---C-AG---AA---G---T-T---C---G---A---A---C---CAA---A---TT
 ---G-G---CCAG---G---AA---G---T-T---C---T...A---A---CAA---CA---T
 ---G-G---C-AG---AA---G---T-T---C---C---A---A---C---CAA---A---T
 ---G-G-T---CCA---AA---G---T-T---C---AA---T...A---C---CAA---A---T
 ---GT---C-AG---T---C---C---A---CA-T---GA...AAG---AA---C---T
 ---G---C-GG---T---C---C---C-A---G-A-TAAAC-A...AAG---G---AAA---C---T
 ---G---C-AG---T---C---C---C-A---C---A...A---G---AA---C---T
 ---C---A---A---A---G---A...A---G---AAA---C---
 ---A...A---A---G---AAA---C---
 ---C...A---G---AAA---C---T
 ---A...A---A---G---AAA---C---G---
 ---G---C---T---G---T---AG---
 ---G---T---T---AG---
 ---T---A---C---AG---C---
 ---T---A---G---AG---
 ---G-T---C-AG---T---T---A---G-C---C-G---C---G-AG-AAAA-A-G---AA---A-T
 ---G---C-AG---T---T---G-C---T---T---C-G---G-A-TAAAC-A---CA---A-T
 ---AT---AGC---G-T-T---C---A-A---GA---C---GT-AA-CC---A-CT---ATAC---T-T...A-T-T---CA...
 ---AT---AGC---G-T-T---C---A-A---GA---C---GT-AA-CC---A-CT---AATAC---T-GA...A-T-T---AA---AT...
 ---CA---C-G---CA-A-CGGT---TACT---C---AC---AGT---G-AA-A---G-CA---CT-TA---G-A-A...A-AG---G-TGG-AAAAG---A-TT
 ---T---C-AC---CA-TTCAGTG---TACT---T-C-A---AC-A-RAGT---T-AA-A---A-CA---TT-T---CA-A...A-AG---TGGGAAAA---A-T
 ---C-T---CCAC---A-TTCAGTG---TACT---C-C-A---AC---AGT---AA-AC-G---G-CA---CT-TAG---A...A-AG---TGGGAAAA---A-T
 ---C---C-AC---CA-T-CAG---TACT---C-C-AA---AC---AGT---AA-AA---G-CA---CT-T---G-A-C...A-AG---TGGGAAAA---A-TT
 GT---GATG---A---TCAGT---T-C-T---A-C---A-G-GG---ATGGT-A-A---A-C-TACCA-AC-A-CACTTCA---G-ATGG-CG---AAATG
 ---A---A---C---T---C---A---A---A---T---A---G---A-CC-T---A-C---T---G-G-CCC-CT---TGC---AG---AAG---C-A-
 ---A---TAA---T---A---T---G---T---AA---G-TA-C---GT-A-TA-T---A---T---T---G-A-C...A-ACTG-A---GTG-AG---AAGT
 ---AG---GAG---A---T---T---G---G---T---C-A-AA---G-GA-T-A-G-CA-AA---T---ACTA-A-T...TACTG-A---AG-AAA---C---TG
 T G P C T N V S T V Q C T H G I R P V V S T Q L L L N G S L A E E E . V V I R S V N F gp120



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	CGGACAATGCTAAA.....ACCATAATAGTACAGCTGAACACATCTGTAGAAATTAATTGTACAAGACCCCAACAATACAAGAAAAAGAAATCCGTATC...CAGAGAGGACCCAGGAGAGCATTGT	7177
B.FR.83.HXB2	CGGACAATGCTAAA.....ACCATAATAGTACAGCTGAACACATCTGTAGAAATTAATTGTACAAGACCCCAACAATACAAGAAAAAGAAATCCGTATC...CAGAGAGGACCCAGGAGAGCATTGT	7177
A1.KE.00.MSA4069	-A-----C-----T-----A-TGT-ATC---GAG-----C-C-G-T-----G-GAT-AG-----T-----ACA-A---CTA	6397
A1.KE.94.Q23_17	-AA-----C-----TT-----A-TGT-CA-C---GAC-----G---TC---T-----T-A-----T-----ACA---CTA	6614
A1.SE.94.SE7253	-A-----C-----A-T-C-GAGC---AC-----C---T-G-----C-T-A-----T-----ACA---CTA	6381
A1.TZ.97.97TZ02	-AA-----C-----A-----AT-TGT-ATC---GCC---T---TC---T-----G-T-A-----T-----CA-A---TA	6363
A1.UA.00.98UA0116	-A-----GC-----T-----T-CTGAGC---A-C-C-C---TC---TGG-G-G---A---C-T-A-----T-----ACA-A-C---CTA	7170
A1.UG.85.U455	-AA-----A-----T-----TGT-ATC---A---C---T-C---TT-----AT-A---GGTATAGT-T---T-----ACA---CTA	6622
A1.UG.92.92UG037	-AA-----TC-----A-----A-T---GAG---AC-----C---T---T-----G-TG-A-----T-----ACA-A---CTA	6556
A2.CD.97.97CDKS10	-AA-----C-----A-----T-T-TGA---G---CC---C---TC-----G---G-T-A-C-----TT-----ACA-TC---CTA	3302
A2.CD.97.97CDKTB48	-A-----C-----A-----T-T-T-A-C---CC-----C-----C-----T-A-C-----TTT-----ACAG-C---CTA	6499
A2.CY.94.94CY017_41	-AA-----C-----A-----T-T-T-AGC---CT---C---TC-----ACA---C-----TTT-----ACA---C---CTA	6555
B.AR.99.ARMA132	-----A-----TGA-----C-----G-----G---T-A-A-----T-----TA	6381
B.AU.95.MBCC54	--A-----A-----A-AGA---A-----T---AAC-----T-----A---TA	6548
B.BO.99.BOL0122	-----T-A---A-TC-----T-----T-AAA-----T-----C-TA	6366
B.CN.-.RL42	-A-----G-----GT-----TGA-----G---T-----G---T-A-A-----CT-----A---GGTA	6536
B.ES.89.S61K15	-----GT-----T-----TGA-----T-----G-G---T-A-A-G-AGGA-TGT-----C---A---TA	7208
B.GA.88.OYI	-AA-----T-----T-A-----C---G-ATCA-----T-----G---A-G---TA	6728
B.GB.83.CAM1	-AA-----A-----A-GGA-C-----T-----T-----G---A-G---TA	7175
B.NL.86.3202A21	-A-----TGA-----C-----G-T-A-A-----T-----A---TA	7184
B.TH.90.BK132	-A-----AGA-C-----T-----T-----G---AAC-----TG-----T-A-TA	6515
B.US.83.RF	-----T-----TG---C-----T---AAC-----AG-----T-A-TA	6728
B.US.90.WEAU160	-----A-----TGT---CA-----A---AAC-----TT-----T-C---TA	7181
C.BR.92.92BR025	-A-----TC-----A-----T-T-GA-----G-----G-----T-----T-AA-G-----T-----ACA---CTA	6523
C.BW.00.00BW3891_6	-AA-----TC-----A-----C-T-TGA-----G-G-----G-----T-----G-C-AA-G-----T-----ACA-A---CTA	6546
C.BW.96.96BW0502	-AA-----C-----TA-----A-T-T-A-C---A---GTG---GT---G-T-----T-----TG-AA-G-----T-----ACA-A---CTA	6669
C.ET.86.ETH2220	-AA-----C-----TA-----T-TGA-----C---G---G-T-----G---T-AA-G-----T-----ACA-A---CTA	6574
C.IL.98.98IS002	-AA-----C-----TA-----C-T-AGACC---GTA-----G-G---G-T-----G---T-GA-G-----T-----ACA-A---CTA	6514
C.IN.95.95IN21068	-AA-----TC-----A-----T-T-TCA-C---TG-----G---T-----T-AA-G-----T-----ACA-A---CTA	6539
C.IN.99.01IN565_10	-AA-----C-----A-----T-T-TCA---AA-----GTG---T-----T-----T-AA-G-----T-----ACA-ATG---CTA	6566
C.KE.00.KER2010	-AA-----TC-----A-----C-T-T-A---A---GTG---T-----GG---T-----TG-AA-A-----T-----ACA-A---TA	6381
C.MM.99.mIDU101_3	-A--C-TTC-----A-----A-T-TCA-C---G-A-----G-A-----T-----T-AA-A-----T-----ACA-A---CTA	6560
C.TZ.97.97TZ04	-AA-----TC-----A-----T-T-TGA-----G-----T-----G-G-C-AA-G-----T-----ACA-A---CTA	6369
C.TZ.98.98TZ017	-A-T-A-C-----A-----T-T-TGA-----T-----GG---T-----C-AA-G-----T-----ACA-A---CTA	6534
C.ZA.01.2134MB	-A-----ATC-----A-----G---T-T-A---AA-----GTG-----G---GG---T-----T-AA-G-----T-----ACA-A---CTA	6638
C.ZA.97.97ZA003	-AA-----ATC-----A-----C-C-T-TCG---A---GTA---G-----GG---T-----T-AA-G-----T-----ACA---CTA	6495
C.ZM.96.96ZM651	-AA-----TC-----A-----T-T-T-G---A---GTG---GT-----T-----C---T-AA-A-----T-----ACA-A---CTA	6547
D.CD.83.ELI	-AA-----C-----T-T-TGA-----A---CC---G---G---T-TC-A-----C---CA-C-----T---T---CA-T---C---CTA	6719
D.CD.83.NDK	-AA-----T-----T---TG---A---T-----G---T---AT---GC---G-CATCG-----T---T-A---CA-T---C---CTA	6690
D.CD.85.Z226	-AA-----T-----T---TGAG---C---C---G---T---GA---T---G-CATC-----T---TT---CA---GC---CTA	7176
D.CM.01.01CM_0009BBY	-A-----T-----A---G---T-T---A-A-A-C---CC---T---G---TGGT---C---G-T-A-A-----TTC---CAG---C---CTA	6384
D.KE.01.01KE_NKU3006	-AA-T-----T---C---G---T-T---GAG---AC-----G---TC-----C---G-T-A-A-----T---CA---C---CTA	6423
D.TD.99.MN012	-A-----A---G---T-T---A-A-C---C---T---G---TG-A-A-----T---A---CAG---C---CTA	6385
D.UG.94.94UG114	-AA-----T---TGAG---CC-----C-T---G---T-T-----C---T-CA-----T---CA---C---CT-	6501
D.UG.99.99UGA08483	-AA-T-----TT-----T-TGAG-----C---G---T-----T-C---TG-A-AG-----TG-----C---GGTA	6408
D.UG.99.99UGB21875	-AA-T-----GT-----T-TG-GA---A-C---C---C-T---G---T-----CG---T-CA-A-----T---CA---ATA	6369
F1.BE.93.VI850	-AA-T---A---C---T-T-TGA-----C-G-----G---G-T-A-A-----TT-----ACA-A---CTA	6493
F1.BR.93.93BR020_1	-A-T---A---G---C-T-TGA-----C-G-----ATC-----TT-----AC---T---TA	6511
F1.FI.93.FIN9363	-A-T---A---C---T-TGA-----C-G---C-----T-----T-A-----T---ACA-T---TA	6512
F1.FR.96.MP411	-A-T---A---C---T-TGA-AG---C-G-----T---A-A-----TT-----ACA---CTA	6380
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-A-T---A---T-T-TGA---A---A---C-----C-----T-A-----T---ACA-T---TA	6363
F2.CM.95.MP255	-A-T---A---T-T-T-G---AT---G---G-----G-G-A-----T---ACA-A---CT-	6369
F2.CM.95.MP257	-A-T---A---T-T-A-ATC---A-----G---T-A-A-----T---AC---CTA	6384
F2.CM.97.CM53657	-A-T---A---T-T-G---C---C-----C---T-----G-T-A-A-----T---AC---T---TA	6366
G.BE.96.DRCBL	-A-----C-----GT-----G-C-T-T-GG-----C-----G---TG-AGCA-----TT-----ACA---CTA	7137
G.CM.01.01CM_4049HAN	-A-----A-C-----T-----T-TGA-A-A---G---TC---T-AAAC-----TTC-----ACA---G---CTA	6384
G.FI.93.HH8793_12_1	-A-----A-C-----GT-----G---T-TGA-A---CG---GTC-----T-A-AC-----CTC---G---ACA---GC---CTA	6583
G.NG.92.92NG083	-A-----A-C-----GT-----G---T-T-ATAG-A---TC-----T-----T-A-CA-----TC---ACA---G---CTA	6533
G.SE.93.SE6165	-A-----A-C-----GT-----T-T-A-A---C-----C---TG---G-AA-A-G---GGA-TT-----ACA-A-G---CTA	6601
H.BE.93.VI991	-A-T---A-C---T-A-TGA-C---C---C---C---A-AGG---T---G---T-A-----T---G---ACA---CTA	6573
H.BE.93.VI997	-A-----A-C---TG-T-GTC-A---C---CC---C---T---T-----G-T-A-A-----TTC---G---CA---CTA	6503
H.CF.90.056	-A-----A-C---T-G---C-A---A-C---CA---C---G---T---T---G---C---T-A-A-----TT---G---AC---CTA	6502
J.SE.93.SE7887	-A-----C-----A---T-T-A-A---GTG---TAC---T-T-----G---G-T-A-AC-----TG-----ACA---TGC---CTA	6484
J.SE.94.SE7022	-A-----A---T-TGACA-----GTG---C---T-T-----G-T-A-AC-----TG-----ACA---TGC---CTA	6491
K.CD.97.EQTB11C	-AA-G---A-A---A---T-TGA-G-----G---A-G-----T-A-A-----T---A---CTA	6393
K.CM.96.MP535	-A-T---A-A---A---T-TGA-A---C-----G---A-----T-A-A-----TG-----A-A---CTA	6379



B.FR.83.HXB2 CGGACAATGCTAAA..... ACCATAATAGTACAGCTGAACACATCTGTAGAAATTAATTTGTACAGACCCCAACAACATACAAGAAAAAAGATCCGTATC... CAGAGAGGACCCAGGAGAGCATTGT 7177

01 AE.CF.90.90CF4071 -AA-----C-----G-C-T-T-A-----C-----C-----TTT--A--G-TG--C--TG-AA-A.....-T-----C---T---CTA 7130

01 AE.JP.93.93JP.NH1 -A-----C-----G-C-T-T-A-----C-----C-----TC-G-G--G--C-C-T-AAC-----T-G-----AC---T---GGTA 7182

01 AE.TH.90.CM240 -AA-----C-----G-C-T-T-A-----C-----C-----TC-----C--T--AAC-----T-----AC---T---CTA 6751

01 AE.TH.93.93TH9021 -AA-----C-----G-C-T-T-A-----C-----C-----TTC-----C--T--A-----T-----ACA---TT---CTA 7191

02 AG.CM.02.02CM.1677LE -A-----C-----C-----C-----T-AG-T-AGC-----A-----G-----GTC-----TGG-----T-A-----T-----CA-A---CTA 6361

02 AG.CM.97.97CM.MP807 -AA-----C-----T-----T-GTT-AGC-----A-----C-----T-----G--G-TG-A-----T-----ACA-A---CTA 6354

02 AG.FR.91.DJ264 -AA-----C-----A-----G-----T-GTG--GC-----AG--C-----T-----T-----G--TG-G-----T-----CA-A---CTA 6523

02 AG.NG.-.IBNG -AA-----C-----T-----T-GCT-ATC-----A-----C-----T-----G--TG-A-A-----T-----CA-A---CTA 6695

02 AG.SE.94.SE7812 -AA-----C-----T-----T-C-TGA-----A-----C-----TGG-----TGA-A-----T-----CA-A---CTA 6537

03 AB.BY.00.98BY10443 -----A-----AGC-----G-----G-----G-----G-----T-T-A-----TG-----TA 7146

03 AB.RU.97.KAL153 2 -----A-----AGC-----G-----G-----G-----G-----G-----T-T-A-----T-----TA 6369

03 AB.RU.98.RU98001 -----A-----AGC-----G-----G-----G-----G-----G-----T-T-A-----T-----TA 6507

04 cpx.CY.94.CY032 -A-----A-C-----AT-----TGCA-AGG-----A-----C-----TGG-----TG-A-A-----T-----G-----ACT-A---GGTA 6559

04 cpx.GR.91.97PVCH -A-----C-C-----AT-----TG--AGG-----A-----CG-C-TT-----G--GG--TGAA-----GGT-T-----G-----ACACA---GGTA 7267

04 cpx.GR.97.97PVMY -A-----A-C-----AT-----TCAGAGG-----A-----C-----T-----G--TG-A-A-----T-----A-A-A---GGT- 7225

05 DF.BE.-.VI1310 -A--T---A---A---A---C--T--TGA-----C--T-----G-----T-A-A-----TT-----ACA---CTA 6574

05 DF.BE.93.VI961 TA--T--A-A-----C--T--TGA-----C--G-----G-----T-A-C-----TT-----ACA---CTA 6561

05 DF.ES.99.X492 -ATCT--A-A-----AT-----T--TGA-----C--G-----G-----T-A-A-----TT-----CA---CTA 6530

06 cpx.AU.96.BFP90 -A-----A-C-----AT-----G-----T-TCAGC-----GG--C-----GGT-----T-ATCC-----TTT-----ACA--G--CA- 7243

06 cpx.ML.95.95ML127 -A-----A-C-----T-----G-----T-T-A-----G-----T-C-----T-----T-A-AC-----TT-----CA--G--CTA 7197

06 cpx.ML.95.95ML84 -AA-----C-G-----T-----G-----T-T-A-A-----C-----GG--C-----GT-----G-----T-A-CC-----CTT-----CA--G--CTA 6417

06 cpx.SN.97.97SE1078 -A-----AGC-G-----A-----T-----T-T-A-----A-----G-----C-----T-----T-ATCC-----TTT-C-----CA--G--CTA 7245

07 BC.CN.-.CNGL179 -AA-----TC-----A-----T-----T-TC-----GTA-----GG--T-----G-T-AA-G-----T-----ACA-A---CTA 6397

07 BC.CN.97.97CN001 -AA-----TC-----A-----T-----T-TC-----GTA-----GG--T-----T-AA-G-----T-----ACA-A---CTA 6517

07 BC.CN.97.CN54 -AA-----TC-----A-----T-----T-TC-----GTA-----GG--T-----T-AA-G-----T-----ACA-A---CTA 6375

07 BC.CN.98.98CN009 -AA-----TC-----A-----T-----T-TC-----GTA-----GG--T-----T-AA-G-----T-----ACA-A---CTA 6517

08 BC.CN.97.97CNGX 6F -AA-----TC-----A-----T-----T-TC-----GTA-----T-----T-AA-G-----T-----ACA-A---CTA 6359

08 BC.CN.97.97CNGX 7F -AA-----TC-----A-----T-----T-TC-----GTA-----T-----T-AA-G-----T-----ACA-A---CTA 6365

08 BC.CN.97.97CNGX 9F -AA-----TC-----A-----T-----T-TC-----GTA-----T-----T-AA-G-----T-----ACA-A---CTA 6359

08 BC.CN.98.98CN006 -AA-----TC-----A-----T-----T-TC-----GTA-----T-----G-T-AA-G-----T-----ACA-A---CTA 6508

09 cpx.GH.96.96GH2911 -AA-----TC-----GT-----T-GCTGATC-----ACG--G-----GTC--A-TGG-----C--TG-A-----T-----ACA-A-G--CTA 6370

09 cpx.SN.95.95SN1795 -AAG--C-----GT-----T--G-T-AGC-----A-----C-----T-----G--TG-A-A-----T-----ACA--G--CTA 6400

09 cpx.SN.95.95SN7808 -AA-T---C-----GT-----T--GT-GAGC-----AC-----C-----T-----ACA-A-G--CTA 6361

09 cpx.US.99.99DE4057 -A--T---A-C-----GT-----AT--GTTGAGC-----ATG-----C-----T-----C-G-TG-A-----T-----ACA-A-G--CTA 6376

10 CD.TZ.96.96TZ.BF061 -A--T---T-----AT-----G-----T--TGAG-----AC-----CGTG-----T-----G--T-AA-G-----T-----ACA-A---CTA 6544

10 CD.TZ.96.96TZ.BF071 -AAGT-G-CT-----T-----T-----T--TGAG-----AC-----C-G-----T-----T-AA-G-----T-----ACA-A---CTA 6556

10 CD.TZ.96.96TZ.BF110 -A--T---T-----T-----T--TGAG-----AC-----C-G-----T-----T-AA-G-----T-----ACA-A---CTA 6554

11 cpx.CM.02.02CM.4118STN -A-----T-----T-----T--T-----GTA-----AG-----C-----T-C-----TGG-----G-T-A-A-----T-----ACA--TC-CTA 6362

11 cpx.CM.96.4496 -AA-----T-----T-----T-----TG--GTC-R-AG-----C-----C-----T-----T-----T-AA-A-----T-----ACA--T---CTA 6536

11 cpx.FR.99.MP1298 -A-----T-----T-----T-----GT-----ATG-----C-----C-----T-----G-G-A-AG-----T-----AC--A-TG-CTA 7177

11 cpx.GR.-.GR17 -AA-----T-----T-----GTA-----AG-----C-----T-----T-----GG-T-A-A-----T-----ACA--T---TA 6444

12 BF.AR.97.A32989 -AC-T---A-A-----C--T--TGA-----C--G-----C-----T-----T-----T-A-A-----T-----A-----TA 6752

12 BF.AR.99.ARMAL59 -A--T---A-A-----T--T--TGA-----C--G-----C-----T-----T-----T-A-AG-----TT-----AC-G-----TA 7184

12 BF.UY.99.URTR23 -A--T---A-----T-----C--T--TGAC-----C--G-----G-----T-----T-----G-T-A-A-----T-----ACA-----TA 7205

12 BF.UY.99.URTR35 -A--T---TG-----A-----C--T--TGA-----C--G-----T-----T-----T-----T-A-AG-----CTG-----AC-----TA 7229

13 cpx.CM.02.02CM.3226MN -AAG-----TGC--AGC-A--AG-----C-----T--T-----T-----T-A-A-----T-----ACA-----CTA 6414

13 cpx.CM.96.1849 -A-----T-GG-----A-----TGCT--GC--AG-----C-----T-----T-----T-A-G-----T-----ACA-----CTA 6593

13 cpx.CM.96.4164 -A-----T-----TGCT-AGC-A--AG-----C-----T-----T-----G-----T-A-G-----T-----ACA-----CTA 6578

14 BG.ES.00.X475 -----A-----AGACC--A-----R-G--AAC-----TG-----T-----GGTA 6606

14 BG.ES.00.X477 -R-----AGC--A-----T-A-C-----TG-----T-----GTA 6609

14 BG.ES.00.X623 -----GGAGC--A--S-----G--AAC-----TG-----A--T-----GTA 6614

14 BG.ES.99.X397 GT-----A-----AGACC--A-----AAC-----TG-----T-----GTA 6627

15 01B.TH.02.02TH.OUR1331 -----GT-----TGA--C--T---G-----T-----T-A-A-----CT---A---CA---GGTA 6376

15 01B.TH.02.02TH.OUR1332 -AA-----GT-----TGA--A-----T-A-A-----CT---A---CA---GGTA 6403

15 01B.TH.99.99TH.MU2079 -A-----T-----A--TGA-----T-A-A-----T---T-----T-----GGTA 6543

15 01B.TH.99.99TH.R2399 -----G-----GT-----TGA-----G-T-A-A-----TG-----CAC---GGCA 6571

16 A2D.KE.00.KISII5009 -A-----C-----A-----T--T--TGAG-----C-----C-----GG--T-----T-A-C-----TT-----ACA--C---CTA 6352

16 A2D.KR.97.97KR004 -A-----A-----A-----T--T--CT-AGC-----C-----C-----G--GT-GG-CA-----GG--TG-A-C-----TT-----AC--C---CTA 6543

N.CM.-.YBF106C---GGGGT.....-ATC-GT-G--G-ATG--TGAGA-A--GTC--A-----G--AGGA--T-----G--GG-CAGG-G-AG.....-T-----T-CT-TGA-----TA 6722

N.CM.95.YBF30G-CAC-GT.....-ATC-GT-G--G-ATG--TGAGA-A--GCC--A-----G--AGGA--T-----G--GG-CAGG-G-AG.....-T-----T-CT-TGA-----TA 6752

O.BE.87.ANT70 T--AGG--GA-----AT--C-----GACC--A--T--TA-CC--A--C--G--CC--GA-----AC-A-TAG-C...-T-C--GAG--GA-A-----T--T-----TG--C--GGTA 7201

O.CM.-.96CMABB009 AA--T---A-C--G-----AT--CC-----GACC-----T--TA--A--A--T--A--C-----GAG-----AGGA--TC-G-AGGT-C--AG--AAAG-----C--T-----CTG--T--GGTA 6637

O.CM.91.MVP5180 -A--ATCA--A--G-----AT--C-----ACC--A-----TC--A--A--C--G--CC--C--T-----GAAGGA--TTGCAGAGGT-C--GAT--ATA-----C--T-----TGAG--GGCG 7203

O.SN.99.SEMP1299 -A-----ATG-----AT--C-----GACC--A--TT--TA--A--A--C--G--CC--GTG-----AAGGA--TC-GT--GT-C--GAG--A-AA-----T--T-----TG--C--GGTA 7242

CPZ.CD.-.ANT AATCTGTGCT-GT-----GAT-TGG-AA-G-AT-CG-A-AC-TA...AC---CA---T-----AGGA--T-GG--GT--G--ATC-A-AA-----T-----A-TGA-T---CTA 6624

CPZ.CM.98.CAM5 GAC--A-----T-----T-----AT--T--AGA-GGGA--TA--C--A--T-----TG-----AGGA--T--C--GC-----GG-CA-C-A-AG-----T-----GT--T--C---CTA 6878

CPZ.GA.-.CPZGAB -AA-A-----ACTGATGT-TGG-----AGTAGA-G-A--TAGTC-A-----CAT-----AGGA-----GGG-GAGG-G-AG-----T-----G-----A-TGA-C---TA 7232

CPZ.US.85.CPZUS -A--T-----TC-----AT--CTCAGAGGGA--CA--T--G--C-----TT-----AGGA-----GTGGG--ATG--A-AA-----CT-----A-TGA-T---TA 7206

Env T D N A K . . . T I I V Q L N T S V E I N C T R P N N N T R K R I R I . Q R G P G R A F V gp120



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

V3 loop end -|

B.FR.83.HXB2	T.....ACA.....ATAGGA.....AAA...ATAGGA...AAT...ATGAGACAAGCACATTGTAACATTAGTAGAGCAAAATGGAATAACACTTTAAACAGATAGCTAGCAAA	7268
A1.KE.00.MSA4069G--.....GC---TGCC.....-T-----G--...-A-----T-----TG-C-----GC-----A-----C-G-G-----AAC--	6491
A1.KE.94.Q23_17G--.....C---TGAC.....-T-----G..G--...-A-----T-----TG-C-C-----T---G-----G-----C-G-G-----GAA--	6708
A1.SE.94.SE7253G--.....C---TGAC.....-T-----C-G..G--...-A-----T-----TG-C-----T---GC-----A-----C-G-C-----T---CAC--	6475
A1.TZ.97.97TZ02G--.....C---TGAC.....-T-----G..G--...-A-----CT-----TG-C-----A-A-G-G-----A-----C-T---G-----CACG--	6457
A1.UA.00.98UA0116G--.....C---TGAT.....GT-----G..G-C...-A-A-----T-----TG-C-C-----GC-----G-----C-A-----AG-CAC--	7264
A1.UG.85.U455GT-----C---TAAA.....-T-----G..G--...-A-----T-----TG-C-----AGGG-C-----GA---A-C-----G-----GAAC--	6716
A1.UG.92.92UG037G--.....C---TGAT.....-T-----G..G--...-A-----T-----TG-C-----G-GT-C-----A-----C-C-----G---T-GAAC--	6650
A2.CD.97.97CDKS10G--.....C-A-TGAC.....-T-----G..G--...-A-----T-----GT---C-AC-A-A-----G-GC-T---C-A-G---GAAC--	3393
A2.CD.97.97CDKTB48G--.....ATAATAAC.....-T-----G..G--...-A-----T-----C-C-T-A-G-----GC-----C-----A-G---T-GAAC--	6593
A2.CY.94.94CY017_41G--.....C-AATGAA.....-T-----G..G-C...-A-----T-----C-AC-A-A---TT-----G-----C-A-G---GAAC--	6646
B.AR.99.ARMA132G--.....C---CAA.....GT-----G..G--...-A-----T-----A-----C-----C-T---T-----	6475
B.AU.95.MBCC54G--.....C-S-GAA.....-T-----G-C...-A-----T-----C-----T-G-C-----G-G-----G-----TA-----	6642
B.BO.99.BOL0122G--.....C---GAA.....-T-----G..G--...-A-----G-----GC-A-G-----G-----G-----TC-CA--	6460
B.CN.-.RL42G--.....C---CAA.....-T-----G..G--...-A-----C-----CA-----C-----A---AA-----	6630
B.ES.89.S61K15G--.....C---CAA.....-T-----G..G--...-A-----C-----CA-----C-----T---CA-----	7299
B.GA.88.OYIG--.....C-AA-CAA.....-T-----G..G--...-A-----C-----C-----G-G-A-----G-----CA-----	6822
B.GB.83.CAM1G--.....C---ACAGA.....-T-----G..G--...-A-----C-----TA-----C-----T---CA-----	7269
B.NL.86.3202A21G--.....C---CAA.....-T-----G..G--...-A-----C-----C-----T---CA-----	7278
B.TH.90.BK132G--.....C---GAA.....-T-----G..G--...-A-G-----CA-----GG-----T---AA-----	6609
B.US.83.RFG--.....C---CAA.....-T-----G..G--...-A-A-----C-----C-----G---T---CA-----	6822
B.US.90.WEAU160G--.....C---GAA.....-T-----G..G--...-A-G-----C-----A-GT-----T---GAA-----	7275
C.BR.92.92BR025G--.....C---GAA.....-T-----G..G--...-A-----A-GC-----C-A-----C-G-G---G-AA-----	6617
C.BW.00.00BW3891_6G--.....C---GAA.....-T-----G-C...-A-----T---C-----A-GA-AGC-CC-----GA-----C-G-G---AGC-A-----	6640
C.BW.96.96BW0502G--.....C---GAA.....-T-----G-C...-A-----T---T-----A-A-A-TG-----G-----C-GG-G---AG-AA-----	6763
C.ET.86.ETH2220G--.....C---GAC.....-T-----G..G--...-A-----GA-A-----A---C-C-A-G---AAGGAA-----	6668
C.IL.98.98IS002G--.....C---GGCC.....-T-----G..G--...-A-----GA-AGGGT-----G-G-----C-GG-G---T-GAA-----	6608
C.IN.95.95IN21068G--.....C---GAC.....-T-----G-C...-A-----GA-AT-G-----G-A-----C-A-TG-AG-AA-G-----	6633
C.IN.99.01IN565_10G--.....C---GAC.....-T-----G-C...-A-----AGT-C-----G-A-----T-TA-TG-AG-AA-----	6657
C.KE.00.KER2010G--.....C---TGAC.....-T-----G-C...-A-A-----T-----A-AG-----T-----G-AGG-AA-----	6475
C.MM.99.mIDU101_3G--.....CG--GAA.....-T-----G-C...-A-----A-CA-----G-A-----C-AG-G---G-AA-----	6654
C.TZ.97.97TZ04G--.....C---GAC.....-T-----G..G--...-A-G-C-----G-----AGG-----A-----C-AG---AGAGAA-----	6463
C.TZ.98.98TZ017G--.....C---GAA.....-T-----G..G--...-A-----AGC-----A-----C-AG-G---AAAGAA-G-----	6628
C.ZA.01.2134MBG--.....GC-AATGAC.....-T-----G-C...-A-----A-A-G-----CG-A-----C-A-G---AAGGAGG-----	6729
C.ZA.97.97ZA003G--.....C---GAC.....-T-----G-C...-A-----T-----GA-TG-C-----GA-----C-G-G---G-AA-----	6589
C.ZM.96.96ZM651G--.....C---GAC.....-T-----G-C...-A-----GA-T-C-----C-G-----CG-G-G---AGG-A-----	6641
D.CD.83.ELI-T-----C-A-TCA.....-G---TC-----TA-----AG-----T-----C-----G-A-----C---AG---A-----	6810
D.CD.83.NDK-ATA-----C---AAAAAG..AAG-----C-----T-C-----AG-----A-----C-----G-----CA-----	6793
D.CD.85.Z226	-ACAACA-A-----C-A-AGT-----T-----G-C...-A-A-----T-----T-----A-AATG-----G-A-----C---G---TA-----	7267
D.CM.01.01CM_0009BBYG--.....AT-AT-----T-----G-C...-A-A-----T-----T-----G-AA-G-T-----C-----C-G-G---A-----	6475
D.KE.01.01KE_NKU3006G--.....C-A-----GT-----G-C...-A-----T-----TT-----G-G-----A-G-A-G-G-----A-----C-G-G---AA-----	6514
D.TD.99.MN012G--.....C---GAC.....GT-----G-C...-A-G-----GA-A-C-----C-----C-AT-G-----AG-----	6476
D.UG.94.94UG114G--.....C-AA-----GT-----G..G--...-A-----G-----GG-----A-----C-----G---GAA-----	6592
D.UG.99.99UGA08483G--.....TC---TATA.....ACA-T-----G..G--...-A-----CG-----T-----C-----G---AA-----	6505
D.UG.99.99UGB21875G--.....C-AATCAC.....-T-----G..G--...-A-----AATG-----T-----G-A-G-----A-----C---G---AA-----	6460
F1.BE.93.VI850G--.....C---GCA.....-T-----G-C...-A-A-G-----G-A-C-----C-GG-GT-TG---AAGGCAG--	6587
F1.BR.93.93BR020_1G--.....C---GAA.....-T-----G-C...-C-A-G-----G-----G-A-C-----GG-----G---GC-A-G---AAGGCA-G	6605
F1.FI.93.FIN9363G--.....C---GAA.....-T-----G-C...-A-A-G-----G-----A-C-----A-----G-C-GAG---AAGGCAG-G	6606
F1.FR.96.MP411G--.....C---TGAT.....-T-----G..G--...-A-A-A-G-----T-----G-A-----A-G-A-C-----G---A---AA-C---G---CAAGAA-G	6474
F2.CM.02.02CM_0016BBYG--.....C---TGAG.....-T-----G-C...-A-A-G-----C-----C-A-G-A-CTG-----GCA-----TAG-G---GCAG-G	6457
F2.CM.95.MP255G--.....C---TGAA.....-T-----G..G--...-A-A-G-----T-----A-----A-CTG-----G-A-----A-TG-G-AG-G-AG-G	6463
F2.CM.95.MP257G--.....C---TGAG.....-T-----G..G--...-CA-A-G-----T-----G-----GA-AA-C-G-----T-G-----T-A-----CAG-G	6478
F2.CM.97.CM53657G--.....C---TACC.....GT-----C-----G..G--...-A-A-G-----T-----C-----A-G-A-CTG-----A-----G-GGAG---AAG-G	6460
G.BE.96.DRCBLG--.....C---GAA.....GT-----G-C...-A-A-G-----TG-----T-GA-----G-G-GC---GGG-TG-CCAGGCA---	7231
G.CM.01.01CM_4049HANG--.....C---TGAC.....-T-----GGC...-A-----TG-----G-----G-CA-TG-----A-TG-CA-A-CACTT	6478
G.FI.93.HH8793_12_1G--.....C---GGAC.....-T-----G..G--...-A-----G-----G-TG-----G-AG---T-----G-----TGA-G-GA---AAAGCA--	6677
G.NG.92.92NG083G--.....C---TGAT.....-T-----G-C...-A-----TG-----AT-----GGG-G-TG-----GA-TG-CA-AGCAC-G	6627
G.SE.93.SE6165G--.....C---TGCC.....-T-----G-C...-A-----TG-----C-A-AG-----AG-GG-C---C-GA-TG-C---GCAG--	6695
H.BE.93.VI991G--.....C---TGAC.....-TC-----G..G--...-A-G-----T-----T-----G-AA-C-----G-G-C---C-CA-G---ATC-C---	6667
H.BE.93.VI997G--.....C---TGAT.....-TC-----G..G--...-A-----TG-----G-AG-----G-----C---G---CAC---	6597
H.CF.90.056G--.....C---TGAC.....-TC-----G..G--...-A-----T-----A-G-C-----G-----C-C---G---T---CAC---	6596
J.SE.93.SE7887	C.....G--.....C---GAA.....-T-----G..G--...-A-G-A-----GA-AG-G-T-----G-----CGTAGAG-----CA---	6578
J.SE.94.SE7022	C.....G--.....C---GGAA.....-T-----G..G--...-A-GA-----T-----G-----AA-G-T-----CGTAGAG-----AA---	6585
K.CD.97.EQTB11CG--.....C---TGAC.....-T-----G..G--...-A-G-G-G-----CG--G-C-G-----A---G---C---AG---AAG-AAG--	6487
K.CM.96.MP535G--.....C---TGAT.....-T-----G..G--...-A-----G-----C-----G-A-----C-TG-----GCAGAG---AAGGAA-G	6473



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	TTAAGA GAACAATTGGAA AATAAT AAAACAATAATCTTT AAGCAATCC TCAGGAGGGGACCCAGAAATTGTAAACGCACAGTTTTA	7353
A1. KE. 00. MSA4069	-----C-G-----AAT -C -----GA GCTA-CCA A-T-T-----CAC--A-T-----	6573
A1. KE. 94. Q23_17	-----AC-T-C-----G -C -----A GCTA-C T-T-G-CAC--A-T-----	6790
A1. SE. 94. SE7253	-----T-T-C-GG -G -----TAGC TTT AC--A-T-----	6554
A1. TZ. 97. 97TZ02	---G-----C-T-C-AAT -C -----A -CTA-C A-T-T-----CAC--A-T-----	6539
A1. UA. 00. 98UA0116	-----C-T-C-AAT -C -----A-C TTT G-AC--A-T-----C	7346
A1. UG. 85. U455	---AG A-A-G-AAT -C GCTAGC TAT AC--A-T-----C	6798
A1. UG. 92. 92UG037	-----A-T-T-GGAAC -C -----T TAGC TTT AC--A-T-----	6732
A2. CD. 97. 97CDKS10	-----A-C-CCCT -AT -CCA-C T-T-----AC--A-T-----	3475
A2. CD. 97. 97CDKTB48	-----C-CCCT -C -----TAGC T AC--A-T-----	6675
A2. CY. 94. 94CY017_41	-----GA-CCCT -G -----C -CTA-C T AC--A-T-----	6728
B. AR. 99. ARMA132	C-----G-CAA -C -----GC -G -----G-T-----C-----	6557
B. AU. 95. MBCC54	---G-----AAG -G -----C-G -T-C T T-----	6724
B. BO. 99. BOL0122	---G-----GGTA -C -----G -T T-----	6545
B. CN. - . RL42	-----G -C -----G -T G-----T-----	6712
B. ES. 89. S61K15	-----G -C -----G -T T-----	7381
B. GA. 88. OYI	-----A A-G -----GC G-T-G T T-----	6904
B. GB. 83. CAM1	---A-----G -T -----G -T G-T-----	7351
B. NL. 86. 3202A21	-----A G -----G -GT--C T T-----	7360
B. TH. 90. BK132	---A-----AAC -T -----G -A T-----	6691
B. US. 83. RF	-----AC -C -----G -C-TC CTT-----	6904
B. US. 90. WEAU160	---GAAATAA AAG -----G-T -A T-----	7363
C. BR. 92. 92BR025	---GC-----G-C-CCCT -G -AA GCAA-GCA A--T-----AC--A-T-----C	6699
C. BW. 00. 00BW3891_6	---GT-----GC-CCCT -G -GA C-A-C-C TTT AC--A-T-----C	6722
C. BW. 96. 96BW0502	---GA-----C-CTCT -A -G AA-G G-A-CG-A T AC--A-T-----C	6845
C. ET. 86. ETH2220	---CA A-G-C-CCCT -C -----GAA T AC--A-T-----C	6750
C. IL. 98. 98IS002	---A-----C-CCCT -G -----GCA-C A-T-T-G AC--A-T-----C	6690
C. IN. 95. 95IN21068	---GC-----C-CCCT -A -TTC-A T AC--A-T-----C	6715
C. IN. 99. 01IN565_10	---GC-----C-C-CCCT -A -CATC T AC--A-T-----C	6739
C. KE. 00. KER2010	---GA-----C-CCCT -C -C GAA C-CA C-----T-G--C--A-T-----C	6557
C. MM. 99. mIDU101_3	---GC-----TC-CCCT -G -G -CTC C T-----C--A-T-----C	6736
C. TZ. 97. 97TZ04	---AG C-CCAT G -AT-G GCA-C T-----AC--A-T-----C	6545
C. TZ. 98. 98TZ017	---AG C-CCCT G-GC GC-AT-C GCA-C T-----AC--A-T-----C	6713
C. ZA. 01. 2134MB	---G-----A-C-CCCT -C -----GCT-C A-T-T-GG AC--A-T-----C	6811
C. ZA. 97. 97ZA003	---G-----C-CCCT -C -----CAA -CG TTG-G AC--A-T-----C	6671
C. ZM. 96. 96ZM651	---G-----C-CCCT -AC -----A-C T AC--A-T-----C	6723
D. CD. 83. ELI	---G-----ACC-TTC--AAC -A -C-T--AG -A-C -----AC--A-----	6892
D. CD. 83. NDK	C-G-----A-C-TTC--AAC -A -C-----CT -C -----AC-T-A-----TGC-----	6875
D. CD. 85. Z226	---G-----A-C-TTC--AAC -A -C-----T -A-C -----AC--A-----	7349
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	---G-----A-T-TC-A-AAC -C -----GT -GA-C -----AC--A-----	6554
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	---G-----A-C-TT-CCCC -C -----C -A-C -G T-----AC--A-----C	6596
D. TD. 99. MN012	---G-----A-AGTA--AAC -A -C-GAC GT -A-C -----A-----AC--A-----	6558
D. UG. 94. 94UG114	---G-----A-C-TTC--AAC -C-G -----C -T -A-C -G -----AC--A-----C	6674
D. UG. 99. 99UGA08483	---G-----GC-TT--CAAT -G -----C -T -A-C -----G-----AC--A-----C	6587
D. UG. 99. 99UGB21875	---G-----GC-TTC--AAC -G -----C -T -A-C -----T-----AC--A-----C	6542
F1. BE. 93. VI850	---AG TCG-T-CCCT -C-G--AA -C-----T T-----AC--T-----T-----	6672
F1. BR. 93. 93BR020_1	---G-G TCTT-T-CCCT -GC -AA -CTC T-----AC--G--T-A-----	6687
F1. FI. 93. FI9363	---AG CTT-T -----CAA -CTC T-----AC--T-----T-----	6685
F1. FR. 96. MP411	---C-G CT-TT -----AA -C-----T T-----AC--T-----T-----	6553
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	G-C-A A-C-TCAC-AAT -TT-----AA G--C--A -----T--G-AC--A-T-----	6536
F2. CM. 95. MP255	---C-A A--C-C -----C TTCT-G-GC -TTC TGT AC--A-T-----	6542
F2. CM. 95. MP257	---C-A C--A -----G GGG C-A-C--A G T-T AC--A-T-----	6557
F2. CM. 97. CM53657	G-CCA AGC-CC -----T CA GC-C-A T G-AC--A-T-----	6539
G. BE. 96. DRCBL	C--CAG T-C--ATT -----G-GC--GAA -CTC-T -----T-----AC--A-T-----C	7313
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	C--CAT A-GA--A-AAT -----G-C -TC G TG ACC--A-T-----C	6557
G. FI. 93. HH8793_12_1	C-----A-ATC -C -----G-C -C G-CTC-T G T-----AC--A-T-----C	6756
G. NG. 92. 92NG083	C--G A-ATC-A-AAT -----G-AC -C CTC-T G T-----AC--A-T-----C	6709
G. SE. 93. SE6165	C--G-G A-ATC--AAT -----AAG-GC-GC G-G-AC -C CTC-T G T-----AC--A-T-----C	6783
H. BE. 93. VI991	---G-----AGCT-C--AC -T-A C-A-C-C G-----TAT--G--A--A-T-----	6749
H. BE. 93. VI997	---T A-T-C--TC -----G--T--T -A-C-CA TG-G-AC--A-T-----	6679
H. CF. 90. 056	---G-----AT--C-GAAC -G -----G -C-AA ATG--G-AG--A-T-----	6678
J. SE. 93. SE7887	C-----C -----A -----CATC-C -----TAT-----G--A--T-----	6657
J. SE. 94. SE7022	C-----C -----GA -----CATC-C -----AT-----AC--A-T-----	6664
K. CD. 97. EQTB11C	---G-----A--C -C -----A C-A-C -----C-G-CAC--G--T-----	6566
K. CM. 96. MP535	C--A T--AAG -----GG-----CA -----A-C-C-AAAC -----A-----C-----TG-----	6558



B. FR. 83. HXB2
 01_AE.CF.90.90CF4071
 01_AE.JP.93.93JP_NH1
 01_AE.TH.90.CM240
 01_AE.TH.93.93TH9021
 02_AG.CM.02.02CM_1677LE
 02_AG.CM.97.97CM_MP807
 02_AG.FR.91.DJ264
 02_AG.NG.-.IBNG
 02_AG.SE.94.SE7812
 03_AB.BY.00.98BY10443
 03_AB.RU.97.KAL153_2
 03_AB.RU.98.RU98001
 04_cpx.CY.94.CY032
 04_cpx.GR.91.97PVCH
 04_cpx.GR.97.97PVMY
 05_DF.BE.-.VI1310
 05_DF.BE.93.VI961
 05_DF.ES.99.X492
 06_cpx.AU.96.BFP90
 06_cpx.ML.95.95ML127
 06_cpx.ML.95.95ML84
 06_cpx.SN.97.97SE1078
 07_BC.CN.-.CNGL179
 07_BC.CN.97.97CN001
 07_BC.CN.97.CN54
 07_BC.CN.98.98CN009
 08_BC.CN.97.97CNGX_6F
 08_BC.CN.97.97CNGX_7F
 08_BC.CN.97.97CNGX_9F
 08_BC.CN.98.98CN006
 09_cpx.GH.96.96GH2911
 09_cpx.SN.95.95SN1795
 09_cpx.SN.95.95SN7808
 09_cpx.US.99.99DE4057
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF071
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF110
 11_cpx.CM.02.02CM_4118STN
 11_cpx.CM.96.4496
 11_cpx.FR.99.MP1298
 11_cpx.GR.-.GR17
 12_BF.AR.97.A32989
 12_BF.AR.99.ARMA159
 12_BF.UY.99.URTR23
 12_BF.UY.99.URTR35
 13_cpx.CM.02.02CM_3226MN
 13_cpx.CM.96.1849
 13_cpx.CM.96.4164
 14_BG.ES.00.X475
 14_BG.ES.00.X477
 14_BG.ES.00.X623
 14_BG.ES.99.X397
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1331
 15_01B.TH.02.02TH_OUR1332
 15_01B.TH.99.99TH_MU2079
 15_01B.TH.99.99TH_R2399
 16_A2D.KE.00.KISII5009
 16_A2D.KR.97.97KR004
 N.CM.-.YBF106
 N.CM.95.YBF30
 O.BE.87.ANT70
 O.CM.-.96CMABB009
 O.CM.91.MVP5180
 O.SN.99.SEMP1299
 CPZ.CD.-.ANT
 CPZ.CM.98.CAM5
 CPZ.GA.-.CPZGAB
 CPZ.US.85.CPZUS
 Env

TAAAGA.....GAACAATTGGGA.....AATAAT.....AAAACAATAATCTTT.....AAGCAATCC...TCAGGAGGGGACCCAGAAATTGTAAACGCACAGTTTTA 7353
 ---GA-----G-C--AAT.....---G-----CAA-----A-C-C-ATAC-----A-T-T-----AC--T---CA----- 7309
 -G-A-----G-C--AAT.....---G-----G-----C-A-C-C-----A-T-----AC--T---TCA----- 7358
 ---A-----G-C-----G-----C-A-C-C-----A-T-T-----AC--T---TCA----- 6924
 ---A-----G-C--AAG.....---G-----C-----C-A-C-C-----A-T-T-----AC--T---TCA----- 7367
 ---G.....A-GAC--AAC.....---G-----AA-----GCTA-C-A.....TTT-----AC--A--T----- 6534
 ---G.....-GT-C-----G.....-A-C.....---AA-----GCTA-C-----TTT-----AC--A--T----- 6533
 ---G.....A-G-C-----C.....-C-----AA-----GCTA-CC-----TAT-----AC--A--T----- 6696
 ---AG.....ACGT-C--AAG.....-C.....-CC-----GCTA-CC-----T-----TGT-----AC--A--T----- 6871
 ---G.....-GT-T--AAT.....---CC-----G-TG-C-----TTT-----AC--A--T----- 6713
 ---A.....A-----G-----G-----T-----T-----T-----T----- 7322
 ---A.....A-----G-----G-----T-----T-----T-----T----- 6545
 ---A.....A-----A-G-----G-----T-----T-----T-----T----- 6683
 --G-A.....AG--TC--CCCT.....---AA-----GCT-C-C-----GT-----T-----AC--A--T--C----- 6735
 ---G.....-CT--TA-AAAGGCATAGGC.....---A-----T-----T-----G-----AC--A--T--C----- 7443
 ---A.....-C--CCCT.....---AC--CA-----GCT-C-A.....G-----GT-----AC--A--T-----C 7401
 --CAG.....TCT--C--CCCT.....---AA-----CTC-----T-----AC--T--T----- 6750
 C---G.....-CT--TA-AAAGGCATAGGC.....---G-A-----CTC-----G-----T-----AC--GC--T-T----- 6746
 ---C.....A-G-TTA-C.....---G-----G-----G-TC-C.....AT-----T-----G--AC--GC--T----- 6703
 C--GA.....-GTT--AAT.....-C.....-C-CAC--C-----TC--T.....G-----T-----AC--A--T----- 7419
 C--A.....-TC--AAT.....---G-AT--C--C-----TTC--A.....G-----T-----G--AC--A--T----- 7373
 C--A.....C--TCC-----CG-AC--C-----T-C--T.....G-----T-----AC--A--T----- 6590
 C--T.....GTC-----G-AC--C-----TTC--T.....G-----T-----AC--A--T----- 7418
 ---GC-----C--CCAG.....---AA-----GCATC-----T-----AC--A--T--C----- 6573
 ---GC-----C--CCAG.....---AA-----GCATC-----T-----G--AC--A--T--C----- 6693
 ---GC-----C--CCAG.....---AA-----GCATC-----T-----G--AC--A--T--C----- 6551
 ---GC-----C--CCAG.....---AA-----GCATC-----T-----AC--A--T--C----- 6693
 ---GC-----C--CCCT.....---AA--C.....GCATC-----T-----AC--A--T--C----- 6535
 ---GC-----C--CCCT.....---AA-----GCATC-----T-----AC--A--T--C----- 6541
 ---GC-----C--CCCT.....---AA-----GCATC-----T-----AC--A--T--C----- 6535
 ---GC-----C--CCCT.....---CA-----GCA-C-----T-----AC--A--T--C----- 6684
 ---A.....-G--C--AAT.....---G-----CGA-C-----TGT-----AC--A--T----- 6546
 ---A.....-C--AA-----G-----C-A-C-----TTT-----AC--A--T----- 6576
 ---G.....A--C--AAT.....---G-----C-A-C-----TAT-----AC--A--T--C----- 6534
 ---A.....-C--AAT.....---G-----G-----GA-C-----TTT-----G--AC--A--T--C--C----- 6552
 ---G.....-C-TT--AAC.....CGA.....CC-----T-----A-C-----AC--A--CC----- 6717
 C---G.....-C-TTC--AAC.....-A.....-C-A-----T-----A-CT--T.....-G-----G--AC--A--CC----- 6732
 ---G.....A--TTC--AAC.....-A.....-C-----CAT-----CGA-C-----G-----A-----G--AC--GAA--T--CC----- 6730
 ---C.....-G--AA-----C.....GAG-GCTCCC--C-----TAT-----A--A--T--C----- 6541
 ---GACC--A-C-----C.....Y.....-CTA-CCA-----TAT-----AC--A--T----- 6712
 ---A.....-G--AAC.....-A.....-C--AC-----TAGTA-----TAT-----AC--A--T--C----- 7347
 ---CAT.....A-TA-C-----C.....G-A-----TG-GCAT.....TTT-----G--AC--A--T----- 6617
 C---G.....TCTT-T--GCCT.....-C-----AA-----CTC-----A-----AC--T--T--C----- 6928
 ---G.....TCT--C-----AA-----CTC-----A-----AC--T--T--C----- 7357
 ---G.....TCTT-T--CTCT.....-C-T-----CA-----CTC-----A-----AC--T--T--C----- 7384
 ---AG.....TCT--T--CTCT.....G-----GC-GA--AA-----CTC-----T-----C--T--T--C----- 7405
 ---C-A-C-A-----GGA.....-C-----GCTA--CA-----TTT-----G--AC--A--T----- 6593
 ---A-T-T--GAA-GAT.....-C-----GCTA-TC-----TTT-----G--AC--A--T----- 6772
 ---CC--AAC.....-GACA.....GC-----G-----GCTA-TCA-----TAT-----AC--A--T----- 6760
 ---CATG.....G-----M--GT-----A-----T-----C----- 6782
 ---CA-G.....-T-----A-----A-----T-----C----- 6785
 ---C-G.....-T-----T-----T-----C----- 6790
 ---A-----CATG.....G-----C--GT-----A-----T-----C----- 6803
 ---G.....-C-----T-----G-----T----- 6549
 ---A.....-C-----G-----T-----G-----T----- 6576
 ---G.....-T-----C-----G-----A--GT-----C----- 6719
 ---G.....-G-----T-----G-----C--T----- 6750
 ---AT.....A-TTCC--CCCT.....-CTA-C--T.....G-----T-----G--CAC--A--T----- 6525
 ---A-T-C--CTCT.....-CCA-C-----G-----AT-----AC--A--T--G-C----- 6731
 A--A.....AG--TCC-G---C-A-C-C--CT--CAAGCTC--G-TAAA...AAT--A--T--G--AAC--CACTTA-TG--C----- 6898
 A--AG.....A-ATCC-G-G--A.....-C-AC--C--CAGGCTCGAG-GAGG...AAT-A--A--T--G--GAC--CACTTA-TG--C----- 6934
 -ATTT.....T-G-AAAC.....---CAGGT.....AGT-TT-AC-G-CA-C.....-T-CAG...AGC-T-A--T--GG-AAACCACTTACAC--- 7395
 -ATCT.....TTG-AAAC.....C---CAGGA.....CCT-GT-AC--CT-----GCTAC-AG...-T-T-A--TAT--G--AAG--CTTACA---C----- 6825
 -ATTT.....A-T-TTG-AAACCAA.....-CAG-GAAT.....GTT--C---A-C.....GCAG-A-T...AGT--T-A--TG--G--AAGCCATTTACA--- 7403
 -ATTT.....-C-TTAGGAAC.....CAAT.....ACAGTT-AC--CA-C.....G--GCAG...ATT--T-A--TT--GG-AAACCACTTGA---C----- 7439
 C-TGCG.....-G--T-GGAA.....-AGTAGACAACAAAACCAATGCG.....TG-AC--T.....CA--AT--A--T--T--G--AAA-GT---TT-G--- 6815
 A--GC.....A-GT-TGA-AA--GC-TA.....GC-A-G-C-C-----C-C--A--T-----AC--ATATG-TG--- 7057
 ---GC.....ACCTC--CAATCGA.....-CAGCA.....GCC-AC--CAC-C-----CAG-G.....-T-----A--T-----GG--CAC--CAT--T-TG--- 7414
 A--A.....A-GG-GAAAC.....CTG.....-C-AGG-GAG--A.....TT-C-AAT...G-----A-----G-G--ATATG-TGC--- 7382

L R . . . E O F G N N K T I I F K Q S . . S G G D P E I V T H S F gp120



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B.FR.83.HXB2 7456 ATGTGTGGAGGGGAATTTTCTACTGTAATTCACACAACTGTTTAATAGTACTTGG.....TTTAATAGTACTTGGAGTACTGAAGGGTCAAATAACACTGAAGGAAG

A1.KE.00.MSA4069 -----A-----T-----A--T-GGGC-----C--C-AC.....-A-G-C-C-GACATC-CTGA-----G--G--GTC--A 6667

A1.KE.94.Q23_17 -----A-----T-----A--T--GGCT-----C-----.....-A-GT--A--GCACCTT-G-A---CACTGAC-GC-CTCAG--GTC--A 6893

A1.SE.94.SE7253 -----A-----C-----T-----A--T--GGC-----C-----.....CCAAATGAC---GG-TA-----G--G--GTC--A 6651

A1.TZ.97.97TZ02 -----A-----C-----T-----A--T--AGC-----C--C-----.....T--CAC-AGAAC--C--GC-G-----G--G--GTC--GA 6639

A1.UA.00.98UA0116 -----A-----T-----C--A--T--G-C-----C-----.....-ACGAACA-GGCCCT-TCA-----G---AATG-CC-A 7440

A1.UG.85.U455 -----A-----T-----C--CA--T--GGC-----C-T-----.....-A-GGCAGCAT-----G---TG-GGCC--A 6886

A1.UG.92.92UG037 -----C--A-----T-----A--T--GGC-----.....GTAA-T--CA-T-CC-G--GCACGTC--A 6817

A2.CD.97.97CDKS10 -----A-----T-----A--T--AGC-----C--A-----.....-AG-A-G-CGCC--CAT-CA-GAG---G--G--GAC--A 3572

A2.CD.97.97CDKTB48 -----A-----T-----C--A--T--GGC-----C--A-----.....GAAATG-C---A-CAAACAG---T---G--GTC--A 6769

A2.CY.94.94CY017_41 -----C--A-----T-----C--A--T--GGC-----G--G-----.....GG--C-A-GG-AC-T-G-AC-GGCC-AC-CACCT-A-A-CACC-A 6831

B.AR.99.ARMA132 -----G--A-----A-----.....ACTGAAGGGTT-AATAGC-C-G-AGGAA-TA-C-C 6651

B.AU.95.MBCC54 -----G-----G-----.....ATT-A-GG-ACTC--AATG-A-CTGAA-GCAATG- 6815

B.BO.99.BOL0122 -----C-----A-----G-----.....AATTTTAC--G--CCTGGAAT-TG---AGT-----T--T--C--A-- 6654

B.CN.-.RL42 -----A-----T-----.....AATGA-----GTACT-GG--G-T---AC-----A 6803

B.ES.89.S6K15 -----A-----C-----.....-A-GG-ACTGCATGGTC-AATAAC-C-G-AGGAA-T-A--A 7478

B.GA.88.OYI -----A-----T-----.....-A-----TACTA---GGGCA-A-AGCACTGA 6989

B.GB.83.CAM1 -----A-----G-----C-----.....C-GTT--A-GG-ACTT-G-A---TACTGA-GGGTTA-A-A-CACTGA 7454

B.NL.86.3202A21 -----A-----T-----A-----.....-A-GAT-C-GGGA-T-TTA-TG-A-GGT-AA-TAAC-A 7454

B.TH.90.BK132 T-----A-----T-----A-----.....-A--GCACT-AAGG---G--GA--G--AGGA 6779

B.US.83.RF -----A-----G-----.....AAT-----G-----A 6995

B.US.90.WEAU160 -----A-----G-----.....CA-GCT-A-GG-ACTT--AAG---CTGAA-GG-C-GA 7457

C.BR.92.92BR025 -----A--A-----T--C--A--T--AGC-----A-AC-----.....ACCT-A--G-AC--AAAAC-T--CTGGAAC--A--A 6793

C.BW.00.00BW3891_6 -----A--A-----T--T--C--AT--T--AG-T-----GC-AAAC-----.....TG--AAAGAG--AA-CAT-A-T-G-G-T-TAA--AAT-A 6819

C.BW.96.96BW0502 -----A--A-----T--CG-CA--T-----A-AC-----.....A-TCCC-G-TTAAATGGT-CAG-A-A--TT--A 6936

C.ET.86.ETH2220 -----A--A-----T--C--A--T--A-C-----C--AAAA-----.....CT--AACTGTT--T-GCAGTAC--A 6832

C.IL.98.98IS002 -----A--A-----T--C--A--T--A-----A-AC-----.....CT-TC--A-AGTACA--T---T--G-ACITC--A 6781

C.IN.95.95IN21068 -----A--A-----T--C--A--T--GGC-----G--A-AC-----.....TGC--AATGA--AA-GA-TAATCA-G--G-A-TCC--A 6812

C.IN.99.01IN565_10 -----A--A-----T--C--A--T--A-----A-AC-----.....-AA-AC-CG-A--GTACA-AC-G-T-T-A--GTCC-- 6833

C.KE.00.KER2010 -----T-----A--T--GGC-----GAA--CTA-----.....C-CGGTTGAATGAT-CAT---G-TCTAATG- 6645

C.MM.99.mIDU101_3 -----A--A-----T--A--T--GGC-----G--A-AC-----.....AATGA--AT-CA---T--G-T--A--TA-T-A 6827

C.TZ.97.97TZ04 -----A--A-----T--CG--A--T--AGG--A-----GAA-G-CTT-----.....AATGAA-GACTGTTAATG-A-GT-G--GTC--A 6636

C.TZ.98.98TZ017 -----A--A-----C-----T--C--A--T--GGC-----GAA-G-CT-----.....GTT--A-GT-A-A-TTC--A 6789

C.ZA.01.2134MB -----A--A-----T--C--A--T--A-----AA-T-----.....G-T--AC--A-T-A 6884

C.ZA.97.97ZA003 -----A--A-----T--C--A--T--A-----A-AC-----.....TGC--AAT---AT-CAT-CAT---GCT--A--A--T-A 6768

C.ZM.96.96ZM651 -----A--A-----T--C--A--T--GGGC-----G--TA-A-AT-----.....A--G-A--T-A-AC--ATG- 6799

D.CD.83.ELI -----C-----A--T--GG-----A-----.....AA--T---G-A---A--A-ATTACAGAGTCA--T-A-AGCACT--A 6995

D.CD.83.NDK -----C--C-----A--T--AG-----A-----.....-A-C-GACTAAT-G--CAGGTTCAAT--A 6960

D.CD.85.Z226 -----C-----A--T--GG-----A-----.....G--T--G-AAATCAGAATGG-CTAAT-G--CAGAGTC--ATGA 7449

D.CM.01.01CM_0009BBY -----C-----A--T--A-----A-----.....AGTATTGG--CAT-GGAGGAT---A-GGAATGAT---T---C--TT--A 6663

D.KE.01.01KE_NKU3006 -----A--A-----C-----A--T-----G-----.....GA---A--AG---GA-AC-ACAAAT-G--CAGGG-GA-AATGC 6699

D.TD.99.MN012 -----A-----T--T--C--A--T--AT-T-----CA--AATT-----.....-A-GT-AAT-CA-TAA-GAATGAT-G--CTGAAA-TA-T-C 6655

D.UG.94.94UG114 -----T--C--A--T--AG-----A-----.....-AA-GGAAT-A--G---T--AGG-G-G-T-A-AC-CC-GA 6771

D.UG.99.99UGA08483 -----C-----C--A--T--GG-----G--GTA-----.....-AGAAT-A--ATC--ATAATG-A-CGGTAA-T--- 6681

D.UG.99.99UGB21875 -----A--A-----T--A-----A--TT-----.....AA--C---GA---G---T-TAATA--TCA--T-G-AC---G-A 6645

F1.BE.93.VI850 -----A--A-----CG--A--T--GG-----GAC--AG-C-----.....TCCAAT-A 6736

F1.BR.93.93BR020_1 -----ATG--A-----A--GATG-----GAC--AAAA-----.....TC--G---A-G-TTC--A 6763

F1.FI.93.FIN9363 -----A--A-----C--A--T--T-----A--AGTA-----.....CCTAAT-A 6749

F1.FR.96.MP411 -----A--A--G--C-----CG--A--T--GG-T-----GAA-G-GAA-----.....A-GTAC--A 6617

F2.CM.02.02CM_0016BBY G-----A--G-----CG-CA---GC-----C-----.....CA--ATT-CTTAAC-CA-CA-TG--TAAT-A 6615

F2.CM.95.MP255 -----A--A-----AC--CA--T--GG-----GAA--AGA-----.....GTGGCT-A-A-CAC--A 6615

F2.CM.95.MP257 -----A--A-----C--CA--TATT-----CAC--AA-A-----.....GTAATGAC-T-CTGTCTAAT---C--GAG--A--A 6651

F2.CM.97.CM53657 -----A--A--G-----C--CA--GT-GCT-----GCA--AAC-----.....ATGACTAATGCA-TG-ACAGTCC-A 6621

G.BE.96.DRCBL -----T-----A--T--GG---A-----A--G-ATA-----.....TT-AA-AGT---TAT-A--AAT-A 7395

G.CM.01.01CM_4049HAN -----A--A-----T-----A--T--G-----A--T-AAT-TAT-AA-TA-TAGT-CA--T-G-ACT-AG-A 6642

G.FI.93.HH8793_12_1 -----A-G--A-----T-----A--T--GG-----A-GAGACC-----.....-A--T-AAT-TAT-AA-TA-TAGT-CA--T-G-ACT-AG-A 6820

G.NG.92.92NG083 -----A--A--G-----T--C--A--T--GG-----A--A-ATT-----.....-GT-A-ATTAAT-A 6779

G.SE.93.SE6165 T-----A--A--G-----T-----A--T--GGC-----TCA-GCCT-----.....TT-AG-TCA--T-G-AGT-AG-A 8862

H.BE.93.VI991 -----A--G-----T--C--A--T-----A--T-----C--C-----.....ACCAATAGCAGCT---CC-A-GAC-CCTA-A-CA-CAAC-GC-CAGAA--TATC-C 6861

H.BE.93.VI997 -----C---A--A-----T--C--A--T--GGG-----G-----.....ACTG-GGCA-TATTAAT-TGCCA-A--CAG-C 6770

H.CF.90.056 -----A--A-----T--C--A--T--GGG-----G-----.....GAA-TGCAT-C--A-T-CACA---G---AA-G---A 6775

J.SE.93.SE7887 -----A-----A--T-----A--T--A-----C-----G-----.....GA-AA--A--GCATT-AAG-T-CA--TGACAC-A-TNA 6751

J.SE.94.SE7022 -----A-----T-----A--T--AC-----C-----G-----.....GA-GAGAAT-AC-T-A-G-ACA---GT--AA-T-AC-A 6761

K.CD.97.EQTB11C -----C---A--A-----C-----G--A-T--G-CAC-G--G--GAC--AGA-----.....GAG---AGGA 6633

K.CM.96.MP535 -----C--A-----C--A-----A-----GAG--AG-----.....-AG-A 6619





HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	TGACACAATCACC...CTCCCATGCAGAAATAAACAAATTTATAAAC...ATGTGGCAGAAAGTAGGAAAAGCAATGTATGCCCTCCCATCAGTGGACAAATTAGATGTTTCATCA...AATATTACAGGG	7577
A1. KE. 00. MSA4069	-----T-AGTT...-----G-----GG...-----CG-----C-----CCA--AT--A-----GAC-----C-----A	6788
A1. KE. 94. Q23_17	-----T-A-T...-----G-----T...-----G-C-C-----CCA-GT--A-AG--GA-----C-----A	7014
A1. SE. 94. SE7253	-----T-A-TT...T-----T-----G-C-C-----A-----CCA-AT--A-G--GA-----C-----A	6772
A1. TZ. 97. 97TZ02	-----T-A-T...-----A-----G-GG...-----G-C-C-----TCCA-GT--A-G--GA-----C-----A	6760
A1. UA. 00. 98UA0116	--GA-T-A-T...A-----G-----T...-----G-C-C-----T-TGAA-A-T-A-G--GA-----C-----A	7561
A1. UG. 85. U455	--G-T-A-T...A--T-----G-----T...-----G-C-C-----CAA-GT--A-G--GA-----C-----A	7007
A1. UG. 92. 92UG037	--G-T-A-T...-----G-----T...-----G-C-C-----CAA-GT--A-AG--GA-----C-----A	6938
A2. CD. 97. 97CDKS10	--GA-TT-G-T...-----G-G-----G-----G-----TGCA-GT--ATAT--A-----C-----A	3693
A2. CD. 97. 97CDKTB48	-----T-A-G...-----A-----G-----CCG-----TGCA-GT--A-AG--A-----C-----A	6890
A2. CY. 94. 94CY017_41	--GA-GT-A-T...-----G-----G-----G-----TGCA-AT--A-AG--A-----C-----A	6952
B. AR. 99. ARMA132	AA-A-T-----A...-----T-----G-----G-----AC-----C-----A	6772
B. AU. 95. MBCC54	AAG--T-----A...-----C--A-----C-----G-----A-----A-----A-----C-----A	6936
B. BO. 99. BOL0122	AA-T-TC-----A...-----T-----G-----G-----T-----A-----A-----C-----A	6775
B. CN. -. RL42	-AG--T-----A...-----T-----G-----G-----GAA-----C-----A	6924
B. ES. 89. S61K15	-----T-----A...-----T-----G-----G-----AA-----C-----A	7599
B. GA. 88. OYI	A-TA-T-----A...-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----A	7110
B. GB. 83. CAM1	AAGA-AT-T-A...-----T-----G-----G-----G-----CA-AC-----C-----A	7575
B. NL. 86. 3202A21	---A-AT-----A...-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----A	7575
B. TH. 90. BK132	AAGA-AT-----A...-----G-----G-----G-----G-A-----CA-C-----A	6900
B. US. 83. RF	-----T-----A...-----G-----G-----G-----A-----A-----AT-----C-----A	7116
B. US. 90. WEAU160	-A--AT-----A...-----G-----G-----G-----A-----GAA-----T-----C-----A	7578
C. BR. 92. 92BR025	-TCA-TC-----A...A-----T-----G-----G-GG-C-CG-----TGAA--AT-T-A-C--AG-----C-----A	6914
C. BW. 00. 00BW3891_6	-TCA-----A...-----G-----G-GG-----CG-----TGCA-AG--A-T--AA-----C-----A	6940
C. BW. 96. 96BW0502	C-GG-C-----A...A-A--T-----G-----G-----G-----TGCA-A-CC-A-C--GA-----G-----A	7057
C. ET. 86. ETH2220	-TTA-AC-----A...-----A-----G-----G-----CG-----TGAA-AT--A-TG--AG-----C-----A	6953
C. IL. 98. 98IS002	-TCA-C-----TA...-----A-----G-----G-----CG-----TGAG-A-C--A-C--AA-----G-----A	6902
C. IN. 95. 95IN21068	C-CA-AC-----A...A-----G-----G-----CG-----TGAA-A--A-C--AG-----C-----A	6933
C. IN. 99. 01IN565_10	CCCCA-AT-----A...A-----G-----G-----CG-----TGCA-A-C--A-C--AA-----C-----A	6954
C. KE. 00. KER2010	GACA-AC-----A...-----T-----G-----G-----CG-----TGCA-A-C--A-C--A-----A-C-----A	6766
C. MM. 99. mIDU101_3	-TCA-C-----A...-----G-----G-----CG-----T-TGCA-A-C--A-C--AA-----C-----A	6948
C. TZ. 97. 97TZ04	---C-----A...-----A-T-----G-----G-----C-----A-----A-AA-A-C-ATC--A-----C-C-----A	6757
C. TZ. 98. 98TZ017	--GA-T-----GAA...-----A-T-----G-----G-----CG-----A-----T-A-A-C--A-C--AT-----C-C-----A	6910
C. ZA. 01. 2134MB	CACA-C-----A...-----A-----G-----G-----CG-----TGCA-A-C--A-C--AAC-----GC-----A	7005
C. ZA. 97. 97ZA003	--CA-AC-----A...A-----G-----G-----CG-----TGTA-A-C--A-TG--AA-----C-----A	6889
C. ZM. 96. 96ZM651	-ACAC-C-----A...-----G-----T-----G-----G-----CG-----TGAA-A-C--AGC--AA-----G-----C-----A	6920
D. CD. 83. ELI	CACA-AC-----A...-----A-----G-----GA..TG-----C-----A-----T-----GAAA-A-C--CT-----C-----A	7113
D. CD. 83. NDK	--G--G-----A...-----G-----T-----G-----G-----GAA--T--A-----C-----A	7081
D. CD. 85. Z226	-A-AC-----A...-----A-----G-----G-----GAA-----AT-----C-----A	7570
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	---T-----A...-----T-----G-----G-----GCA-----A--A-----C-----A	6784
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	GAGT-A-----TA...-----C-----G-----G-----T-A-GCC-C-AC--T-----G-----A	6820
D. TD. 99. MN012	AAGA-AT--A...-----A-----C-----G-----G-----A-----C-----GCA-----A--A-----C-----A	6776
D. UG. 94. 94UG114	---G-----A...-----A-----G-----G-----TGAA--TTC-C-AC-----C-----A	6892
D. UG. 99. 99UGA08483	--G-----A-A...A-----C-----AGG-----G-----T-A--T--CC-----C-----A	6802
D. UG. 99. 99UGB21875	---G-----A...-----G-----G-----G-----TGAG--T--C-----C-----A	6766
F1. BE. 93. VI850	--G--T-----T...-----TC-G-----G-----G-----CG-----A-T-----TGCA--A-C--CC--AAC-----T	6857
F1. BR. 93. 93BR020_1	--G--T-----T...-----TC-----G-----G-----G-----CG-----AA-----TGCA-A-C--CC--AAC-----T	6884
F1. FI. 93. FIN9363	--G--T-----T...-----TC-----T-G-----G-----G-----CG-----G-----TGCA-A-C--CC--AAC-----T	6870
F1. FR. 96. MP411	--G--T-----TT...-----T-A-----G-----G-----CG-----T-G-----TGCA--GC--AC--AAC-----C-----C	6738
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	--GT--T-----TT...A-T-----T-----G-----G-----G-----A-G-----GCG-----TGCA--A--CAG--CAAC-----C-----T	6736
F2. CM. 95. MP255	C--A-AT-----T...-----T-----G-----T-G-----G-----A-G-A-----G-----TGAA--G--CCAG--A-C-----C-----T	6736
F2. CM. 95. MP257	---T-----T...-----T-----G-----G-----A-G-----C-G-----TGCC--A--CAG--AAC-----C-----T	6772
F2. CM. 97. CM53657	--G--TT-----T...-----T-----G-----G-----G-----A-G-----CG-----TGCC--A--CAG--AAC-----GC-----T	6742
G. BE. 96. DRCBL	---T-T-----A...-----TAAT--T-AG-----G-G-GA...-----G-----G-----G-----TGCA--A-C--C--AG-----C-----A	7516
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	---A-T-----A...-----T-A-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----GCC--A-C--C--AA-----C-----A	6763
G. FI. 93. HH8793_12_1	--GG-C-----A...-----TG-G-K-----G-G-GA...C-----G-----G-----GC-----T-----GCCAA-A-C--C--AA-----C-----A	6941
G. NG. 92. 92NG083	--G-T-----A...-----T-A-----G-G-GG...-----G-----G-----C-----T-----GCA--A-CC--GT--AA-----C-----A	6900
G. SE. 93. SE6165	--GG-T-----A...-----T-AG-----G-G-GA...-----G-----G-----C-----GCA--A-C--GA--AAC-----GC-----A	6983
H. BE. 93. VI991	A-GA-AT-----A...-----A-A-----A-----G-G-----G-----C-----A-----A-A-C--C--AT-----C-----A	6982
H. BE. 93. VI997	AA-A-AT--T-A...-----G-----A-----G-----T-----G-----G-----T-----T-AA-AGC--C--GT-----C-----A	6891
H. CF. 90. 056	C--A-AC--T-A...-----G-----G-----G-----CG-----CAA--A-C--TG--GT-----C-----A	6896
J. SE. 93. SE7887	C-CA--T-----A...A-A-----T-A-----G-G-GA...-----A-GGAC--C-----C-----TGCA--A-C--CG--CA-----C-----A	6872
J. SE. 94. SE7022	CACA--T-----A...A-A-----T-A-----G-G-GA...-----A-G-AC--C-----A-----GCA--A-C--C--CAA-----C-----A	6882
K. CD. 97. EQTB11C	-AC-----T-----A...A-----T-G-----G-A-----G-----G-----GC-----A-----C-GCA--A-C--CC--AG-----C-----A	6754
K. CM. 96. MP535	--GT--T-----A...-----T-----G-----G-----G-----A-----G-----TGCA--AGT--AC--AGC-----C-----A	6740





HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	CTGCTATTAAACAAGAGATGGTGGT.....AATAGCAACAATGAGTCCGAGATCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTTGGAGAAGTGAATTTATATAAATATAAAGTAG	7689
A1.KE.00.MSA4069	T-A-----G-----G-----GATG-T---AA-T-A-C---T-----T-----G-----	6897
A1.KE.94.Q23_17	-A-----G-----A-----GGAT-----TAAAT-A-C-----G-----	7126
A1.SE.94.SE7253	-A-G-----G-----GT-GTT--G-ACAAAT-A-C-----A-A-----G-----	6884
A1.TZ.97.97TZ02	-AA-----G-----G-----G-GAGG--ACCA-T-A-----A-----G-----	6872
A1.UA.00.98UA0116	-A-----A-----AGTGGAGCT-T-GCAGCAAG--C-A-----AT--A-----C-----G-----	7676
A1.UG.85.U455	-A-----G-----G-----C-A--T-CAA-AAAT--C-----A-----G-----	7119
A1.UG.92.92UG037	-AA-----G-----G-----GT-AT-G-G--CAGT-A-C-----T-----G-----G-----	7050
A2.CD.97.97CDKS10	A-AA---G-----G-----GC-T--CCA-TAGT--T--G-----G-----	3805
A2.CD.97.97CDKTB48	A-A--G-----C-----G-----AG--G-ATTAAT--C-----G-----	6999
A2.CY.94.94CY017_41	A-AA--G-----A-----TGGGACTAAT--C-----G-----	7061
B.AR.99.ARMA132	-----AATGAC-C--A--GT-GCA-TA-----A-----A-----C-----	6890
B.AU.95.MBCC54	---A-----A-----CG-C--A-----GG-----	7048
B.BO.99.BOL0122	-----G-----G-----G--AT--GAAGCA--C--T-----A--A-----	6887
B.CN.-.RL42	T-----AAT--GAA-G--GCCCA--C-----	7039
B.ES.89.S61K15	---A-----ATT--CCAG-C--CACCA--T--G-----A--A-----	7714
B.GA.88.OYI	-----AAG-C-C--CG--C-G-AT--A-----C-----C-----	7225
B.GB.83.CAM1	-----GAG-G-A--A-----C-----	7687
B.NL.86.3202A21	-----AAGGACG-G-A--G-C--G-A-T-----A--T-----	7693
B.TH.90.BK132	-----A-----AACCAA--G-G-C--C--A-T-A-----A-----C-----	7018
B.US.83.RF	-A-----G-----GAAG--CA-CT--ACTA-A-----T-----A-----G-----	7231
B.US.90.WEAU160	T-A-----AGT-G-GAAG-G--CC-A-----A-----A--T-----	7693
C.BR.92.92BR025	T-A--C-G--C-G--A-----CAG-T-TGC--CA-A--A--G--A-----G-----	7026
C.BW.00.00BW3891_6	--AT--GGT-C-T--A-A-----CAGGGAGAT--GT-TG--CCA--CA-----A--T-----C-----G-----	7061
C.BW.96.96BW0502	T-A--G--C-T--A-A-----AAA-CAG-TCCA--CA-A--A-----G-----C-----A-----	7172
C.ET.86.ETH2220	-A--C-G--C-T--A-CC-----AAAG-GCCAC-T-GCACAAAA--A-----A-----G-----	7068
C.IL.98.98IS002	---C-G-T-C-T--A-C-----ATAAAT--GA-CA-C--A-A--CA-----G--G-----C--G-----	7020
C.IN.95.95IN21068	-A-----GGT-C-T--A-A-----GAAGACAAAATAAT-CAGAG-CA--A--A-G--CA-----C--G-----	7060
C.IN.99.01IN565_10	A-A-----GGT-C-T--G-A-----AAA-CA-AGG-T--CA-A--A-----G-----	7069
C.KE.00.KER2010	--AT--GCA-C-T--A-G-----C--T-CA--A-AA-T--CA--G-----A--A--C-----C--G-----	6878
C.MM.99.mIDU101_3	-A-----GGT-C-T--A-A-----GTA-AC--CA-----A--A--T-----G-----	7051
C.TZ.97.97TZ04	A-----G--C-T--A-A--AATGATGATGGAGGAAATG--CAGGGTCAAG-C-A--CA-----G-----	6887
C.TZ.98.98TZ017	--AT--G--C-T--A-A-----AAT--G--CT--C-CAA-G--A-----G-----C-----	7025
C.ZA.01.2134MB	-G--GCT-C-T--A-A-----G-GG-G--CAGCA-A--A-----GA--A-----G-----	7117
C.ZA.97.97ZA003	G-A-----GT-C-T--A-A-----A-CA--C-G-A-A--CA-----A--A-----G-----	6998
C.ZM.96.96ZM651	-A-----GGTTC-G--A-A-----AGCACAAATGAT-GC-CA-T--A-CA-A--A-----C-----G-----G-----G-----	7044
D.CD.83.ELI	-A-----G-----TA-AT--T-G-ACTAA--C--T-----G-----	7225
D.CD.83.NDK	-A-----G-----GCA-AT--T-G-TCTCAT--C-A-----G-----	7193
D.CD.85.Z226	--AT--G-----CA-AT--T-G-TCTAA--C-----G-----	7682
D.CM.01.01CM_0009BBY	--AT--G-----AATAATAATTCTGGTAAT--TCTGGA--TCTA-A-----G-----A-----A-----A-----	6914
D.KE.01.01KE_NKU3006	--AT--G-----A-G-----T--T-G-ACTAAT--C--G-----G-----A-----G-----C-----	6932
D.TD.99.MN012	-A-----G-----A-----AACAACAATGCC--GCTTCT--TCTAGT-----G-----C-----A--T--A-----	6900
D.UG.94.94UG114	--AT--G--G-----GCA-T--AT-GT-GCC--AAT--C-----AA-----C-----	7007
D.UG.99.99UGA08483	--AT--G-----ACA--G-TGT-G-C--AAG--C-----C-----A-----C-----	6917
D.UG.99.99UGB21875	--AT--G--G-----G-----AATGCA--AT-CT--C-AAGT--C-----A-----C-----	6884
F1.BE.93.VI850	T-A--G-----ATG-G-G-A-CATT--C-----AG--A--AA-----C-----G-----	6966
F1.BR.93.93BR020_1	-G-----CTG--T-G-ACTAAT--C-----G-----A--AA-----	6993
F1.FI.93.FIN9363	-G-----CAG-G--AT-T-G--T-T--C-----G-----AA-----C-----	6985
F1.FR.96.MP411	-A-----CAGAGT--GAT-CT--AG-A-T--CT-----AG--A-C--AA-----A--C-----	6856
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-A-----G-----A-----G--AGGCA--A-CA-A--C--C-----AT--G--G--A-----G-----	6848
F2.CM.95.MP255	-A--G-----A-----GGAT-TTG-C-G-AAA--TC-----AT--A-----C-----G-----	6848
F2.CM.95.MP257	-A-----T-----G-----GAGGGA-----C-C-----G-----C-----G-----	6881
F2.CM.97.CM53657	-AA--G-----G-----A-AT-T-CCA-TAAT--C-C-----G-----C-----G-----	6854
G.BE.96.DRCBL	--AA-----G-----G--A--T-GCACTAGT-----AAA-----G-----AC--	7628
G.CM.01.01CM_4049HAN	--AA-----A-----AAT-C--GG-T--ACC--A-----A-----A-----T-----AC--	6878
G.FI.93.HH8793_12_1	-A-----A-----AATGCT--C-ATGCA-G--A-T--C-----C-----A--A-----A-----	7059
G.NG.92.92NG083	T-AA-----G-----AAT--C-ATG--G-ACAGAG--C-----G-----AC--	7015
G.SE.93.SE6165	--AA-----G-----AATAATAACAAT--CA-AT-CA-G--AGT-----G-----AC--	7107
H.BE.93.VI991	--AA--G--TTT--CC-G-----AT--T-CAA-TAAT-TT-C-----	7088
H.BE.93.VI997	T-AA-CC-G--TTAT--C-AA-A-----GG-A--T--TAAT-TT-C-----	7003
H.CF.90.056	--AA--G--TT--C-AG-----CGCGTCTGCA--AAATT-T-C-----G-----	7008
J.SE.93.SE7887	T-A-----G--C-T--A-A-----AACAGGGGAATGGC--TG-G--GCA-T--C-----AC--A--A-----	6996
J.SE.94.SE7022	T-AT-----G--C-T--A-A-----AACAGGAATGGC--TG-G--GCA-T--C-----AC--A--AA--T-----	7003
K.CD.97.EQTB11C	A--A--G-----AATGAC--AT-CT-GGACTGAG--C-----C-----A-----	6872
K.CM.96.MP535	A--A--G-----AT--T-C-C-TAAT--C-----C-----C-----G-----	6849





B. FR. 83. HXB2	CTGCTATTAAACAAGAGATGGTGGT.....AATAGCAACAATGAGTCCGAGATCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAGTGAATTATATAAATATAAAGTAG	7689
01_AE.CF.90.90CF4071	A-A----GGT-----AAA-T-GAA-TG-GACCAT--A-C-----A-----A-----C-----	7615
01_AE.JP.93.93JP_NH1	G-A----G-----GC-AT--G-CGA-TAA--C-----A--A-A-----	7676
01_AE.TH.90.CM240	A-A----G-----GT-AT--T-CG-TAA--C-----A-C--A-A-----	7242
01_AE.TH.93.93TH9021	A-A----G-----GC-AT--T-TGAGTAA--C-----A--A-A-----	7685
02_AG.CM.02.02CM_1677LE	--A--C-----A-G-----G-AT--T-G-ACAAAT--CT--G-----G-----G-----G-----	6864
02_AG.CM.97.97CM_MP807	--A--C-----A-G-----G-AGAT--T--CAAGT--CA--G-----G-----G-----G-----	6872
02_AG.FR.91.DJ264	--A--C-----A-G-----G-AT--T-G-ACAAAT--CT--G-----G-----G-----G-----	7023
02_AG.NG.-.IBNG	--A--C-----A-G-----AT--T-G-ACAAAT--A-C-----G-----G-----	7195
02_AG.SE.94.SE7812	--A--C-----A-G-----GAT--T--A-TA-A--C-----G-----	7076
03_AB.BY.00.98BY10443	-----G-CCAG-G-----GTA-----A-----	7643
03_AB.RU.97.KAL153_2	-----CCAG-G-----TTA-----T--T--A-----	6866
03_AB.RU.98.RU98001	-----CCAG-----TCA-----	7004
04_cpx.CY.94.CY032	A-AA--G-----CT--A-TA-T-----C-----C-----	7059
04_cpx.GR.91.97PVCH	A-AA--G-----ATAAGTAATAAT--GAG-CT--TAAT--C-C-----C-----T-C-----	7788
04_cpx.GR.97.97PVMY	A-AA--G-----AAT-GA-TG-T-C--GCAAT--C-----C-----C-----	7737
05_DF.BE.-.VI1310	A-A--GG-----A-----AATGGTAATG--TC--C-CA-A--A-----A-----C-----	7095
05_DF.BE.93.VI961	A-A--G-----GTA--TT-CT--TA-A--CA-----C-----	7046
05_DF.ES.99.X492	A-AA--G-----A-AA-----GAT--AT-GT-GCAGTAAT--CA-----C-----C-----	7003
06_cpx.AU.96.BFP90	A-AA--G-----G-----ATG-G--TCAGT--A-C-----C-G-----G-----	7737
06_cpx.ML.95.95ML127	--A--G-----G-----GG-ATG-T-GCA-TAGT--C-----A-----G-----G-----	7679
06_cpx.ML.95.95ML84	--A--G-----G-----CT--T-C-ACCAGT--A-----A-----G-----	6893
06_cpx.SN.97.97SE1078	--A--G-----GCA-----CA-T-A-----A-----A-----G-----	7724
07_BC.CN.-.CNGL179	--A--GGT-C-T--A-A-----CAGAGCCA--TA-A--CA-----A-----A-----G-----	6891
07_BC.CN.97.97CN001	T-A--GGT-C-T--A-A-----CAGAGCCA--TA-A--CA-----A-----A-----G-----	7011
07_BC.CN.97.CN54	--A--GGT-C-T--A-A-----CAGAGCCA--TA-A--CA-----A-----A-----G-----	6869
07_BC.CN.98.98CN009	--A--GGT-C-T--A-A-----CAGAG-CA--TA-A--CA-----A-----A-----G-----	7011
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	--A--GGT-C-T--A-A-----AGA-CAGAGCCA--A-TA-A--A-----AA-----A-----G-----	6868
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	--A--GGT-C-T--A-A-----AGA-CAGAGTCA--TA-A--A-----AA-----A-----G-----	6862
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	--A--GGT-C-T--A-A-----AGA-CAGAGTCA--TA-A--A-----AA-----A-----G-----	6850
08_BC.CN.98.98CN006	--A--GGT-C-T--A-A-----ACAGAGTCA-AT--A-CAA--GTA--A-----A-----A-----G-----	7023
09_cpx.GH.96.96GH2911	--AA-----G-----GTG--CAAT--C-----AC-----A-----A-----G-----G-----	6861
09_cpx.SN.95.95SN1795	--AG-----G-----CTGG--ACAAGT--C-----AC-----A-----A-----G-----	6888
09_cpx.SN.95.95SN7808	--AA-----G-----G-C-AT-CAGG--TAAT--A-C-----AT-----A-----A-----G-----	6864
09_cpx.US.99.99DE4057	--AA-----T-----G-G-----GAG-G-GC-ACAAAT--C-----AT-----A-A-T-----G-----	6882
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	--AG-G-G-----GCG--AT--T-G-C--AAT--C-----C-----C-----	7041
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	--AT-G-G-----A-A-A-----GGTGGTGCA--AT-CT-G-C--AAT--C-----A-----C-----C-----	7074
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	--AT-G-----GCAAAT--T-TC-GAGTGGG-----A-----	7054
11_cpx.CM.02.02CM_4118STN	T-A-----G-----GGTGGGACA--GAG-C-TCCACAAAT--C-----AC-----A--T-----G-----	6889
11_cpx.CM.96.4496	--A-G-----C-G-----GTG-AT--CAA-CAAT--C-----C-----C-----G-----	7036
11_cpx.FR.99.MP1298	T-A-----G-----CCA-AT--T-CCACCAGT--C--T-----AC-----A-----AA-----C-GG-----	7683
11_cpx.GR.-.GR17	--A-----G-----GAGGGG--GAT-C-T--G-AAA--C-----AC-----AA-----G-----G-----	6956
12_BF.AR.97.A32989	--A--G-----GAGACTGGGAATCAGACTGGG-CTG-G--A--A-T-----G-----A-----AA-----A-----	7240
12_BF.AR.99.ARMA159	--A--G-----G-----CTT--GAG-CT--C--A-T--A-C-----G-----A-----AA-----G-----	7654
12_BF.UY.99.URTR23	--A--G-----G-----AACAAAT--GCT-CT--A--A-T--C-----T-G-----A-----AA-----	7687
12_BF.UY.99.URTR35	--A--G-----G-----CATCCTGATAATC-TG-CTGGG--CG-A-T--C-----G-----A-----AA-----G-----	7712
13_cpx.CM.02.02CM_3226MN	--A-----C-AG-----GG-AT--T-GAACAAAT--C-----C-----T-----	6920
13_cpx.CM.96.1849	--A-----T-----GTGGG--AT--T-GGACAAAT--CA-----A-----AA-----G-----	7111
13_cpx.CM.96.4164	--A-----G-----GAT--T-GCCTAAAT--C-----	7081
14_BG.ES.00.X475	-----T-----G-----T-----ACTAA--C--T-----A-----A-----	7106
14_BG.ES.00.X477	-----C--T-----AT-----ACTAAT--C--T-----A-----A-----	7112
14_BG.ES.00.X623	-----GT-----AT-GT--C--A-----A-----A-----	7111
14_BG.ES.99.X397	-----T-----AGTAAACAAT--C-AT-CT--C-C-----T-----A-----A-----	7145
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	T-A-----AAGAGAAC--C-C-C--GACCAA--C--T-----R-----W-----	6879
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	T-A-----AAA--GAG-G--CACCA--C--T-----A-----	6903
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	T-A-----AAAAATGAG--C-CG--ACCA-----C-----A-----	7058
15_01B.TH.99.99TH_R2399	T-A-----AATAATGGGAACG--C--CA-AAA--C-----C-----	7083
16_A2D.KE.00.KISII5009	--A--G-----A-G-----ACC--GAG--A--A--C-----C-----	6855
16_A2D.KR.97.97KR004	A-A-----G-----AACAGTGGG--TGCAACCAAT--C-----G-----	7058
N.CM.-.YBF106	--A-TC--GA--C--A-----G-A--C-GTAA-A--CAG-ATAT--CTC-----A-C--GTTA-TCTC--CAA--C-G--G--C-----	7189
N.CM.95.YBF30	--G-TC--GA-TATAG--G-----CCTG--CCA-GAAACA--AG-ATAT--CTC-----A-C--GTTA-TCTC--CAA--G--G--C-----	7234
O.BE.87.ANT70	A--A-CC--CA--TG--AACACA-----TGG--C--G--CA-CAAT-TA-CA--T--AAT--G--C--AA--T-TA-----G-TC--C--C-----	7731
O.CM.-.96CMBB009	T-AA-TC--CA--T--CAAGTCA-----TGG--C--T--G--CCCCAGAT-TC-CA--T--AAT--G--C--AA--T-TA-----G-C-A--G--C--Y--C--G--A-----	7161
O.CM.91.MVP5180	A--A-TC--CAGTT--CAACCA-----TGG-ATTC--CA-GTAAA-T-CAC--T--A-T--G-----AA--T-TA-----C-A--G--C--C--C-----	7745
O.SN.99.SEMP1299	A--A-TC--CA-TTG--ATGCCA-----TGGAAC-GC-C--CAGCAA--CC-CA--T--AAC--G--AA--T-TA-----C--G-TC--C-----	7781
CPZ.CD.-.ANT	A-T-A-G--GGA-----CAA-----TAT-T--AA-T-TT-AAG-GTC--CT-C-A--G-AGCA--C-A-----GCG--G--G--CC--GG--CC--G--G-----	7112
CPZ.CM.98.CAM5	--C-CC--CGA-----CA--A-----GGA--AT-GG-A--CA-TA-TATA-CAG-GTAC--TC--G--A--A--TTG--GCT-----A-C-GG-----	7405
CPZ.GA.-.CPZGAB	--T-C-----TTC--CAC--CC-----GTG-C--A--G--GTAA-CT--CA--T--AC-----A-C--AA--T-T-----GC-C--G-----	7711
CPZ.US.85.CPZUS	A--A-T-C-TGAC-T-AGCATA-----AGCGCAGTC--A-G-T-G-AG-AATATA-CAG-G-TG--AC-----C-CTTTA--A-A-----C--G--G--G--G-----	7691
Env	L L L T R D G G N S N N E S E I F R P G G G D M R D N W R S E L Y K Y K V gp120	



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	Rev Responsive Element (RRE) Stem I	Env gp120 end \/ Env gp41 start	
B.FR.83.HXB2	TAAAAATTGAACCATTAGGAGTAGCACCCACCAAGGCAAAGAGAAGAGTGGTG.....	CAGAGAGAAAAAGAGCAGTG...GGA...ATAGGAGCTTTGTTCCCTT...GGGTTCTTGGG	7795
A1.KE.00.MSA4069	-----C-----G-----A-----	G-----T-----G-----TG-----A--	7003
A1.KE.94.Q23_17	--G-----C-----T-----G-----	G-----T-----G-----C-----A--	7232
A1.SE.94.SE7253	-----C-----G-----G-----	-----T-----C-G-----A-----A--	6990
A1.TZ.97.97TZ02	-----C-----GGA-----T-----	-----C-G-----G-C-----A--	6978
A1.UA.00.98UA0116	-----CA-----G-----A-T-----	-----C-G-----GCC-----A--	7782
A1.UG.85.U455	-----C-----G-----T-----	-----C-----A-C-----A--	7225
A1.UG.92.92UG037	-----C-----G-----G-----	-----T-----AC-----C-G-----A--	7156
A2.CD.97.97CDKS10	-----C-----T-----G-----	G-----T-----G-----T-----	3911
A2.CD.97.97CDKTB48	-----C-----A-----AG-----G-----	-----T-----T-----G-----T-----	7105
A2.CY.94.94CY017_41	-----C-----C-----T-----G-----A-----	-----G-----C-----G-----C-----	7167
B.AR.99.ARMA132	--C-----A-----G-----	-----C-----C-----	6996
B.AU.95.MBCC54	-----G-----G-----	-----G-----A-----A--	7154
B.BO.99.BOL0122	-----G-----G-----	-----ACG-----A-----	6996
B.CN.-.RL42	-----G-----	-----ACG-----A-----	7148
B.ES.89.S61K15	-----G-----	-----ATA-----A-----C-----	7823
B.GA.88.OYI	-----G-----	-----ATGC-----A-----	7334
B.GB.83.CAM1	-----G-----	-----GCG-----C-----	7796
B.NL.86.3202A21	-----G-----	-----G-----	7799
B.TH.90.BK132	-----T-----	-----G-----	7124
B.US.83.RF	--G-----G-----G-----T-G-----	-A-----ACA-----A-----	7340
B.US.90.WEAU160	-----G-----G-----T-G-----	-----ATGC-----A-----	7802
C.BR.92.92BR025	--G-----A-----A-----T-----G-----A-----G-----	G-----G-----G-----C-----	7132
C.BW.00.00BW3891_6	--G-----A-G-----G-----T-GT-----A-----G-----	G-----CA-----A-----	7164
C.BW.96.96BW0502	--G-----A-G-----G-----TG-----A-----G-----	G-----G-----G-----G-----	7278
C.ET.86.ETH2220	--G-----A-G-----C-----T-----C-----A-----G-----	G-----CA-----C-----	7171
C.IL.98.98IS002	--G-G-----A-G-----A-----T-----A-----G-----	G-----CA-----C-----A-----	7123
C.IN.95.95IN21068	--G-G-----A-G-----G-----T-CA-----A-----G-----	G-----G-----G-----	7166
C.IN.99.01IN565_10	--G-----A-G-----G-----TG-A-----A-----G-----	G-----C-----C-----A-----A-----	7172
C.KE.00.KER2010	--GG-----A-G-----G-----A-----TG-----A-----G-----	G-----G-----G-AC-----	6984
C.MM.99.mIDU101_3	--G-----C-G-----A-----TGGGA-----A-----G-----	G-----CA-----A-----	7154
C.TZ.97.97TZ04	--G-----A-G-----A-----TGC-----A-----	G-----G-----	6993
C.TZ.98.98TZ017	--G-----A-----G-----A-----TGG-----A-----	G-----G-----G-----C-----	7131
C.ZA.01.2134MB	--G-----G-----G-----A-----T-C-----A-----G-----A-----	G-----G-----G-----C-----	7223
C.ZA.97.97ZA003	--G-----A-G-----G-----G-----T-----A-----G-----A-----	G-----G-----G-----C-----	7104
C.ZM.96.96ZM651	--G-----A-G-----G-----A-----TG-----A-----G-----	G-----G-----G-----	7150
D.CD.83.ELI	--C-----C-----G-----	G-A-----A-A-----T-----A-----	7331
D.CD.83.NDK	--C-----A-----G-----G-----	G-A-----A-A-----C-----G-----	7299
D.CD.85.Z226	-----G-----C-----T-----G-----	G-A-----A-A-----C-----A-----	7788
D.CM.01.01CM_0009BBY	--G-----C-----C-----G-----	G-A-----A-A-----T-----A-----	7020
D.KE.01.01KE_NKU3006	--G-C-----C-----TC-----G-----	G-A-----A-A-----C-G-----A-----	7038
D.TD.99.MN012	--G-----C-----A-----A-----A-----A-----	G-A-----A-A-----AA-----T-----A-----G-----A-----A-----	7006
D.UG.94.94UG114	-----C-----A-----TC-----G-----GC-----A-----	G-A-----A-A-----C-G-----C-----	7113
D.UG.99.99UGA08483	-----C-----A-----TC-----G-----T-----A-----	G-A-----A-A-----C-----A-----	7023
D.UG.99.99UGB21875	--G-----G-----A-----TC-----G-----	G-A-----A-A-----C-----A-----	6990
F1.BE.93.VI850	--G-----C-----A-----CA-----	-----C-----C-----G-----T-----	7073
F1.BR.93.93BR020_1	--G-----C-----A-----CA-----	A-----G-----C-----C-----	7099
F1.FI.93.FIN9363	--G-----C-----G-C-----A-----CC-----	AG-----G-----C-----G-A-----A-----	7091
F1.FR.96.MP411	--G-----C-----GA-----C-----	-----G-----C-----A-A-----	6962
F2.CM.02.02CM_0016BBY	--C-----C-----C-----A-----T-----G-----A-----CA-----	A-----G-----A-----G-----	6954
F2.CM.95.MP255	--G-----C-----G-----A-----C-----	-----C-----G-----G-----C-----T-----	6954
F2.CM.95.MP257	-----C-----A-----CA-----	-----G-----A-----	6987
F2.CM.97.CM53657	-----C-----A-----CA-----AAG-----AGAG-A-----	-----G-----G-----C-----	6966
G.BE.96.DRCBL	-----CA-----T-----C-----A-----G-----G-----	G-----T-----G-----A-----C-----A-----	7734
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----CA-----T-----G-----G-----	G-----T-----G-----G-----C-----A-----	6984
G.FI.93.HH8793_12_1	-----A-----C-----G-----G-----	GG-----G-----T-----G-G-----G-C-----A-----	7165
G.NG.92.92NG083	-----CA-----T-----C-----G-----G-----	G-----T-----C-G-----G-C-----A-----	7121
G.SE.93.SE6165	-----CA-----T-----C-----G-----G-----	-----T-----C-G-----G-C-----A-----	7213
H.BE.93.VI991	-----C-G-----A-----G-----G-----	G-----A-----G-----T-----	7194
H.BE.93.VI997	-----C-G-----G-----G-----	G-----T-----G-----T-----	7109
H.CF.90.056	-----C-G-----A-----A-----G-----	G-----G-----CT-----	7114
J.SE.93.SE7887	--G-G-----G-----C-----A-----	G-----G-----G-----	7102
J.SE.94.SE7022	--G-GC-----G-----C-----A-----	G-----G-----G-----	7109
K.CD.97.EQTB11C	--C-G-----C-----A-----G-----G-----	-----G-----A-----G-----	6978
K.CM.96.MP535	--C-G-----C-----A-----G-----C-G-----	-----A-----T-----G-----T-----A-----	6955



	Rev Responsive Element (RRE) Stem I	Env gp120 end \ / Env gp41 start	
B.FR.83.HXB2	TAAAAATTGAACCATTAGGAGTAGCACCCACCAAGGCAAGAGAAGAGTGGTG.....	CAGAGAGAAAAAGAGCAGTG...GGA...ATAGGAGCTTTGTCCTT...GGGTTCTTGGG	7795
01_AE.CF.90.90CF4071	---C-----C-----GG-----G-----A-----A-A-T-----A--	-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A--	7721
01_AE.JP.93.93JP.NH1	---C-----C-----A-----G-----G-----G-----AT-A-A-T-----A--	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7782
01_AE.TH.90.CM240	---C-----C-----A-----G-----G-----G-----A-----A-T-----A--	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7348
01_AE.TH.93.93TH9021	---C-----C-----A-----G-----A-----G-----A-----A-T-----A--	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7791
02_AG.CM.02.02CM.1677LE	-----C---T---C-----A-----GG-----TGTT---C-G---G-C-----A--	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	6973
02_AG.CM.97.97CM.MP807	---C-----C---C-G---TG---A-----G-----G-----T---C-G---G-C-----T-A--	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	6978
02_AG.FR.91.DJ264	---C-----C---TA---C-T---A-----G-----G-----T---C-G---G-C---T---A--	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7129
02_AG.NG.-.IBNG	---C-----C---T---CGT---A-----G-----G-----G-T---C-G---G-C-----A--	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7301
02_AG.SE.94.SE7812	-----C---T---T---C-T---A-----G-----G-----C-TGTT---C-G---C---T---A--	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7185
03_AB.BY.00.98BY10443	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7749
03_AB.RU.97.KAL153.2	-T-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	6972
03_AB.RU.98.RU98001	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7110
04_cpx.CY.94.CY032	---G---A---AT---G---C-----A-----T-----G-CA-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7165
04_cpx.GR.91.97PVCH	---G---G---A---GGG---G---C-----A-----C-----C-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7894
04_cpx.GR.97.97PVMY	---C-----G---G---G---C-G---C-G-----C-----G---C-GGCTT-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7846
05_DF.BE.-.VI1310	---G-G---C---C---A---G---A-CA-----A-----A-----A-----C	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7201
05_DF.BE.93.VI961	---G-G---C---C---A---A-CA-----A-----G-----C-A-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7152
05_DF.ES.99.X492	---G-G---C---A-G---A-CA-----A-A---G-----C-G-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7109
06_cpx.AU.96.BFP90	-----A---C---A---TG---G---A---GG---T---C-G---A-----A--	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7843
06_cpx.ML.95.95ML127	-----A---A---A---G---A---GG-A-G---AGTT-G---C-G---G-T-----A--	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7788
06_cpx.ML.95.95ML84	-----A---C---A---G---G---A---GG---G---T---C-G---G-T-----A--	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	6999
06_cpx.SN.97.97SE1078	-----A---C---GA---G---A---GG---G---TGTT---C-G---G-T-----A--	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7833
07_BC.CN.-.CNGL179	---G---A-G---G---TGCA---A-G---G---G---G-----G-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	6997
07_BC.CN.97.97CN001	---G---A-G---G---T-CA---A-G-A---G---G---G-----G-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7117
07_BC.CN.97.CN54	---G---A-G---G---T-CAA---A-G---G---G---G-----G-----A--	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	6975
07_BC.CN.98.98CN009	---G---A-G---G---TGCA---A-G---G---G---G-----G-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7117
08_BC.CN.97.97CNGX.6F	---G---A-G---G---TGCA---A-G---G---G---G-----C---G-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	6974
08_BC.CN.97.97CNGX.7F	---G---A-G---G---TGCA---A-G---G---G---G-----C---G-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	6968
08_BC.CN.97.97CNGX.9F	---G---A-G---G---TGCA---A-G---G---G---G-----C---G-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	6956
08_BC.CN.98.98CN006	---G---A-G---G---TGCA---A-G---G---G---G-----C---G-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7129
09_cpx.GH.96.96GH2911	-----C---G---G---G---G---G---G---T---G---C-T-----A--	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	6967
09_cpx.SN.95.95SN1795	-----C---C---G---G---G---G---T---G---C-T-----A--	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	6994
09_cpx.SN.95.95SN7808	-----C---C---CC---T---G---G---C-T-----A--	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	6970
09_cpx.US.99.99DE4057	-----C---G---G---GA---T---G---G---C-T-----A--	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	6988
10_CD.TZ.96.96TZ.BF061	-----A---TC---C---G-A---A-A---C-G---G-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7147
10_CD.TZ.96.96TZ.BF071	-----C---TC---C---G-A---A-A---C-G---A-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7180
10_CD.TZ.96.96TZ.BF110	---GG---C---TC---G-A---A-A---C-G---G-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7160
11_cpx.CM.02.02CM.4118STN	---GG---A---C---G---A---G-A---G---G---C-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	6995
11_cpx.CM.96.4496	---GG-G---A---C---R---GA---G---G---T-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7142
11_cpx.FR.99.MP1298	---GG---A---C---G---A---AGTG---G---AC-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7792
11_cpx.GR.-.GR17	---G-G---A---C---T---A---G---G---C-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7062
12_BF.AR.97.A32989	---G---A---C---A---A-CA---C---G---C-A-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7346
12_BF.AR.99.ARMA159	---G---C---G---A-CA---AC-----G-----C-A-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7760
12_BF.UY.99.URTR23	---G---C---A---G---A-CA---A---T-----A-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7793
12_BF.UY.99.URTR35	---G---C---G---A-CA---A---A-----A-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7818
13_cpx.CM.02.02CM.3226MN	-----C---G-GA---G---A---GCA---A---T---C---G-C-----A--	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7026
13_cpx.CM.96.1849	-----C---G-GA---G-G---A---GCA---AGTT---C-G---G-C-----A--	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7220
13_cpx.CM.96.4164	-----C---G---G-G---A---ACA---C---G-G-C-----A--	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7187
14_BG.ES.00.X475	-----G---G---A---A---C-T-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7212
14_BG.ES.00.X477	-----G---G---A---A---C-T-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7218
14_BG.ES.00.X623	-----G---G---A---A---C-A-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7217
14_BG.ES.99.X397	-----G---G---A---A---C-T-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7251
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	-----C-T---A---A---ACA---A-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	6988
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	-----C---ACG---A-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7012
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	-----C---ACG---A-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7167
15_01B.TH.99.99TH_R2399	-----C---GCG---T-A-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7192
16_A2D.KE.00.KISII5009	---C-A---C---G---TC-C---G---G---T---A---C---G-C-----A--	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	6961
16_A2D.KR.97.97KR004	---C-A---T---G---GA---CA---G-G---CA---G-T---CTG-C-----	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7161
N.CM.-.YBF106	-T-GT-A---CA---AGGT-A-C-A---C-CACA---AGT---G---CCTTT---C---T-GC---T---TC-T---	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7298
N.CM.95.YBF30	-T-GC-A---CA---AGGT-A-T-A---C-CACA---AGT---G---CCTTT---C---T-GC---T---TC-T---	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7343
O.BE.87.ANT70	---GGG-AA---T-TA-T-G---ACGTATTGCA-GCC---CA-AAGCACT...AGAACT-T---T-G---ATGC-A---T-G---G-TC-AA---	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7849
O.CM.-.96CMABB009	---G-AA---T-TA-T---T-A-A-C-CA-GCC---CA-AGTACT...GGCGCT-T---G---CA---G---T-G---ATGC-A---T---A-TC-AA---	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7279
O.CM.91.MVP5180	---C-G-AA---T-TA-T---T-A---AATGTCA---CC-A-AA-AAACATTACACCCCT-C-G---A---T-G---ATGC-A---T-G---G-GC-AA---	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7866
O.SN.99.SEMP1299	---GG-AA---T-TA-T-G---T-A---AATTGCA-GCC---CA-AGGCACT...GGCACT-A---T-G---ATGC-A---T-A---G-TC-AA---	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7899
CPZ.CD.-.ANT	---G-G---RT-C---GTC---C-A-A-CA-GN---A-GCC---AAA-A...AAA...CAACACTCC---C-----GCA-T---GCTG---C---T-G---TC-TC-CA---	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7227
CPZ.CM.98.CAM5	-T-GC-A---CA---A-T---T-A-GCACAC---G---GCA---G---CCTTT---C---AC---C---TC-A---	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7514
CPZ.GA.-.CPZGAB	-TCG-A---G---T---TC---G---A-A---GA-GCATACA---GCAAGA...CAGAAAAG-C---C-G---CCTTC-T---C-G---AC---C---	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7832
CPZ.US.85.CPZUS	-C-GC-A---TA---G---AGGT---C-A-GCATACA---A---CCTTC---C---T-AC---G---TC-T---	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A--	7800
Env	V_K_I_E_P_L_G_V_A_P_T_K_A_K_R_R_V_V.....Q_R_E_K_R_A_V...G...I_G_A_L_F_L...G_F_L_G	Env gp120 end \ / Env gp41 start	gp41



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	RRE Stem I	Stem IIA	Stem IIIB	Stem IIB'	Stem IIC	Stem IIC'	Stem IIA'	Stem III-IV	Stem III-IV'	
B.FR.83.HXB2	AGCAGCAGGAAGCACTATGGGCGCAGGCTCAATGACGCTGACGGTACAGGCCAGACAATATTGCTCTGGTATAGTGCAGCAGCAGACAATTTGCTGAGGGCTATTGAGGCGCAACAGCATCTGTTGCAA									7925
A1.KE.00.MSA4069	-----A-----A-----C-----A-----A-G-----A-----T-----A-AA-A-----AG-									7133
A1.KE.94.Q23_17	-----A-G-----A-----A-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----									7362
A1.SE.94.SE7253	-----G-G-----A-----A-----C-----A-----A-----A-GT-----A-----T-----A-----A-----									7120
A1.TZ.97.97TZ02	-----C-----G-----G-A-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----									7108
A1.UA.00.98UA0116	-----T-----T-----G-G-----A-----C-----A-----A-G-----A-----T-----G-----C-----A-----									7912
A1.UG.85.U455	-----T-----A-----G-G-----A-----G-----A-----A-----C-----A-----T-----A-----A-----									7355
A1.UG.92.92UG037	-A---T-----A-----G-G-----A-----A-----C-----A-----A-G-----A-----T-----A-----A-----									7286
A2.CD.97.97CDKS10	-----T-----G-G-----A-----G-----A-----C-----A-----A-G-----A-----A-----T-----A-----A-----									4041
A2.CD.97.97CDKTB48	-----G-G-----A-----A-----A-----C-----A-----A-G-----A-----A-----T-----A-----GA-----AGG									7235
A2.CY.94.94CY017_41	-----G-G-----C-A-----A-----A-----C-----A-----A-G-----CA-----A-----A-----T-----A-----A-----									7297
B.AR.99.ARMA132	-----G-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----C-----A-----A-----A-----									7126
B.AU.95.MBCC54	-----G-----C-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----									7284
B.BO.99.BOL0122	-----G-----G-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----C-----A-----A-----A-----									7126
B.CN.-.RL42	-----G-----A-----A-----G-----A-----A-----GA-----A-----A-----A-----A-----									7278
B.ES.89.S61K15	-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----									7953
B.GA.88.OYI	-----CGG-----G-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----A-----C-----A-----									7464
B.GB.83.CAM1	-----TGG-----C-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----C-----A-----									7926
B.NL.86.3202A21	-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----									7929
B.TH.90.BK132	-----G-----G-----A-----A-----T-----A-----A-----C-----A-----A-----A-----									7254
B.US.83.RF	-----G-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----									7470
B.US.90.WEAU160	-----G-----A-----A-----T-----A-----A-----C-----A-----C-----A-----C-----CG--									7932
C.BR.92.92BR025	-----A-----A-----T-----G-----A-----A-----A-G-----A-----A-----A-----A-----									7262
C.BW.00.00BW3891_6	-----G-----G-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----									7294
C.BW.96.96BW0502	-----T-----G-----A-----A-----T-----G-----A-----A-----C-----A-----A-----A-----									7408
C.ET.86.ETH2220	-----G-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----A-G-----AA-----A-----A-----G									7301
C.IL.98.98IS002	-----C-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----									7253
C.IN.95.95IN21068	-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----A-G-----A-----A-----									7296
C.IN.99.01IN565_10	-----G-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----AA-T-----A-----									7302
C.KE.00.KER2010	-----G-----G-----A-----A-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G									7114
C.MM.99.mIDU101_3	-----G-----G-----G-----G-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----									7284
C.TZ.97.97TZ04	-----G-----G-----A-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----									7123
C.TZ.98.98TZ017	-G-----G-----G-----G-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----									7261
C.ZA.01.2134MB	-----G-----G-----A-----C-----G-----A-----GA-----G-----A-----A-----A-----									7353
C.ZA.97.97ZA003	-A-----G-----G-----A-----A-----C-----G-----A-----A-----GA-----A-----A-----									7234
C.ZM.96.96ZM651	-----G-----G-----A-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----									7280
D.CD.83.ELI	-----G-----CGG-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----									7461
D.CD.83.NDK	-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----C-----A-----A-----A-----A-----									7429
D.CD.85.Z226	-----G-----CGG-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----									7918
D.CM.01.01CM_0009BBY	-----G-----G-----A-----T-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----									7150
D.KE.01.01KE_NKU3006	-----G-----G-----G-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----									7168
D.TD.99.MN012	-----G-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----									7136
D.UG.94.94UG114	-A-----G-----G-----TG-----C-----GG-----A-----A-----A-----A-----A-----									7243
D.UG.99.99UGA08483	-A-----G-----G-----TG-----C-----GG-----C-----A-----A-----A-----C-----A-----									7153
D.UG.99.99UGB21875	-----G-----G-----C-----GG-----G-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----									7120
F1.BE.93.VI850	GA-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G									7202
F1.BR.93.93BR020_1	-----T-----G-----G-----A-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----A-----G									7229
F1.FI.93.FIN9363	C-----G-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----C-----CA-----A-----A-----G									7221
F1.FR.96.MP411	-----AC-----A-----G-----A-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G									7092
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G									7084
F2.CM.95.MP255	-----G-----GG-----C-----C-----A-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----A-----G									7084
F2.CM.95.MP257	-----C-----G-----G-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----AA-----A-----A-----G									7117
F2.CM.97.CM53657	-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G									7096
G.BE.96.DRCBL	-A-----G-----A-----A-----T-----C-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----G									7864
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G									7114
G.FI.93.HH8793_12_1	-----G-----G-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----G									7295
G.NG.92.92NG083	-----G-----G-----A-----C-----T-----C-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----									7251
G.SE.93.SE6165	-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----A-----AGG-----C-----A-----A-----G									7343
H.BE.93.VI991	-----G-----T-----A-----T-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----AC-----A-----G									7324
H.BE.93.VI997	-----T-----G-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----AC-----G									7239
H.CF.90.056	-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----AC-----G									7244
J.SE.93.SE7887	-A-----T-----G-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----A-----G-----A-----									7232
J.SE.94.SE7022	-A-----G-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----AN-A-----A-G									7239
K.CD.97.EQTB11C	-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G									7108
K.CM.96.MP535	-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G									7085



	Stem IIA	Stem IIIB	Stem IIB'	Stem IIC	Stem IIC'	Stem IIA'	Stem III-IV	Stem III-IV'	
B.FR.83.HXB2	AGCAGCAGGAAAGCACTATGGGCGCAGCCTCAATGACGCTGACGGTACAGGCCAGACAATTAATGTCTGGTATAGTGACAGCAGCAGACAATTTGCTGAGGGCTATTGAGGCGCAACAGCATCTGTTGCAA								7925
01_AE.CF.90.90CF4071	-----G-G-A-----A-----A-G-----A-----G-----								7851
01_AE.JP.93.93JP NH1	-----G-G-A-----A-----A-G-----A-----G-----								7912
01_AE.TH.90.CM240	-----G-G-A-----A-----A-G-----A-----G-----								7478
01_AE.TH.93.93TH9021	-----G-G-A-----A-----A-G-----A-----CG-----								7921
02_AG.CM.02.02CM 1677LE	-----G-G-----G-----C-----A-----G-----A-----T-----A-----A-----								7103
02_AG.CM.97.97CM MP807	.CGG-----A-----C-----A-----G-----A-----T-----A-----A-----								7105
02_AG.FR.91.DJ264	-----G-----A-----A-----G-----A-----T-----A-----A-----								7259
02_AG.NG.--.IBNG	-----GCGG-----A-----G-----C-----C-----AA-----A-----T-----A-----A-----								7431
02_AG.SE.94.SE7812	-----G-G-A-----A-----G-----C-----A-----A-----T-----A-----AG-----								7315
03_AB.BY.00.98BY10443	-----G-G-C-----A-----T-----C-----A-----A-----A-----								7879
03_AB.RU.97.KAL153 2	-----G-G-A-----A-----T-----C-----A-----A-----A-----								7102
03_AB.RU.98.RU98001	-----G-G-A-----A-----T-----C-----A-----A-----A-----								7240
04_cpx.CY.94.CY032	-----G-----C-----C-----A-----G-----A-----T-----A-----AG-----								7295
04_cpx.GR.91.97PVCH	-----G-C-A-----A-----G-----C-----A-----T-----G-----C-----A-----								8024
04_cpx.GR.97.97PVMY	-----G-G-A-----G-----G-----T-----C-----A-----G-----C-----A-----AG-----								7976
05_DF.BE.--.VI1310	-----G-G-AG-----A-----A-----A-----CA-----A-----A-----G-----								7331
05_DF.BE.93.VI961	-----G-G-----A-----A-----A-----CA-C-----A-----A-----G-----								7282
05_DF.ES.99.X492	-----G-----A-----A-----A-----CA-----A-----A-----G-----								7239
06_cpx.AU.96.BFP90	-A-----G-A-----T-----C-----A-----A-G-----A-----A-----G-----								7973
06_cpx.ML.95.95ML127	-A-----G-G-A-----T-----C-----A-----A-G-----A-----A-----G-----								7918
06_cpx.ML.95.95ML84	-A-----G-G-A-----C-----A-----A-G-----A-----A-----G-----								7129
06_cpx.SN.97.97SE1078	-A-G-----G-A-----T-----C-----C-----A-G-----A-----A-----G-----								7963
07_BC.CN.--.CNGL179	-T-----G-G-A-----T-----GC-----A-----A-G-----A-----A-----C-----								7127
07_BC.CN.97.97CN001	-T-----G-G-A-----GC-----A-----A-G-----A-----A-----G-----								7247
07_BC.CN.97.CN54	-T-----G-G-A-----GC-----A-----A-G-----A-----A-----G-----								7105
07_BC.CN.98.98CN009	-----G-G-A-----A-----A-G-----A-----A-----G-----								7247
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	-----G-G-A-----G-----A-----A-G-----A-----A-----A-----								7104
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	-----G-G-A-----G-----A-----A-G-----A-----A-----A-----								7098
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	-----G-G-A-----A-----A-G-----A-----A-----A-----								7086
08_BC.CN.98.98CN006	-----G-G-A-----A-----A-G-----A-----A-----A-----								7259
09_cpx.GH.96.96GH2911	-----G-----A-----C-----A-----A-----G-----C-----C-----T-----AA-----								7097
09_cpx.SN.95.95SN1795	-----G-----A-----C-----A-----A-----G-----C-----A-----T-----AA-----								7124
09_cpx.SN.95.95SN7808	-----G-----A-----C-----A-----A-----G-----C-----A-----T-----A-----								7100
09_cpx.US.99.99DE4057	-----G-----A-----T-----A-----A-----G-----C-----T-----A-----A-----								7118
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	-----A-----G-G-GC-----G-----A-----A-----A-----A-----								7277
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	-----A-----G-GC-----A-----A-----A-----A-----A-----								7310
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	-----A-----G-GT-----G-G-----A-----A-----A-----A-----								7290
11_cpx.CM.02.02CM 4118STN	-----G-----A-----C-----A-----A-G-----A-----C-----A-----A-----								7125
11_cpx.CM.96.4496	-----G-G-A-----A-----A-G-----A-----C-----A-----A-----A-R-----								7272
11_cpx.FR.99.MP1298	-----G-G-A-----A-----A-G-----A-----C-----A-----C-----A-G-----								7922
11_cpx.GR.--.GR17	-----G-G-A-----C-----A-----A-----A-----A-----C-----TA-----A-----								7192
12_BF.AR.97.A32989	-A-----G-A-----A-----A-----G-----Y-----A-----A-----G-----								7476
12_BF.AR.99.ARMA159	-----G-G-G-----A-----A-----A-----C-----CA-----A-----A-----G-----								7890
12_BF.UY.99.URTR23	-----G-G-A-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----								7923
12_BF.UY.99.URTR35	-----G-G-A-----A-----A-----A-G-----A-----A-----A-----T-----G-----								7948
13_cpx.CM.02.02CM 3226MN	-----G-C-----C-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----C-----A-----								7156
13_cpx.CM.96.1849	-TG-G-C-A-----C-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----A-----								7350
13_cpx.CM.96.4164	-----G-G-C-A-----C-----A-----A-----C-----A-----T-----A-----A-----								7317
14_BG.ES.00.X475	-----G-----T-----C-C-----A-----C-----A-----A-----A-----								7342
14_BG.ES.00.X477	-----G-G-T-----C-C-----A-----C-----A-----A-----A-----								7348
14_BG.ES.00.X623	-----G-----T-----A-----C-----A-----C-----A-----A-----A-----								7347
14_BG.ES.99.X397	-----G-----G-----T-----C-C-----A-----C-----A-----A-----A-----								7381
15_01B.TH.02.02TH OUR1331	-T-----G-----A-----G-----A-----GA-----A-----A-----C-----								7118
15_01B.TH.02.02TH OUR1332	-----G-----A-----G-----A-----GA-----A-----A-----A-----								7142
15_01B.TH.99.99TH MU2079	-A-----G-----G-----A-----GA-C-----A-----A-----A-----								7297
15_01B.TH.99.99TH R2399	-----G-----A-----A-----GA-C-----A-----A-----A-----								7322
16_A2D.KE.00.KISII5009	-----T-----A-----G-G-A-----C-----A-----A-G-----A-----A-----T-----C-----AG-----								7091
16_A2D.KR.97.97KR004	-----G-G-G-----C-----A-----A-----A-G-----A-----A-----T-----A-----AG-----								7291
N.CM.--.YBF106	-----G-----A-----A-----C-GAC-----A-----G-----A-----T-----C-----T-----A-----A-----T-----								7428
N.CM.95.YBF30	-----G-----A-----A-----C-GAC-----A-----G-----A-----T-----C-----T-----A-----A-----T-----								7473
O.BE.87.ANT70	T-----T-----GG-CA-----G-----A-CACACT-GC-AAAG-----A-----G-----CC-----A-----A-----AC-----C-----G-----AT-----C-----AGG-----								7979
O.CM.--.96CMABB009	T-----T-----GG-CAG-----C-----A-T-----C-AAAG-----C-----G-----G-----CC-----A-----A-----AC-----C-----G-----CT-----C-----AGG-----								7409
O.CM.91.MVP5180	T-----T-----GG-CAG-----G-A-CACAGTG-----C-AAAG-----A-----G-----CC-----A-----G-----AC-----C-----G-----A-----CT-----C-----AGG-----								7996
O.SN.99.SEMP1299	T-----T-----GG-CAG-----G-----A-CA-TCT-GA-AAAG-----A-----G-----CC-----A-----A-----AC-----C-----G-----AT-----C-----AGG-----								8029
CPZ.CD.--.ANT	T-----T-C-T-A-----G-----AG-----C-----A-----GA-T-GY-CCA-----T-A-----A-----GC-----C-----CAA-C-A-----A-A-----G-----A-----C-A-----G-----								7357
CPZ.CM.98.CAM5	-----A-----G-GT-----C-G-C-G-----A-----G-----A-----A-----CC-----C-A-----A-----A-----A-----T-----								7644
CPZ.GA.--.CPZGAB	T-----GG-G-A-----C-----G-GC-----G-----A-----T-----T-----AA-----A-----A-----T-----C-----A-----								7962
CPZ.US.85.CPZUS	-----A-----G-AGT-----C-----G-----A-----G-----A-----T-----C-----A-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----								7930
Env	A A G S T M G A A S M T L T V Q A R Q L L S G I V Q Q Q N N L L R A I E A Q Q H L L Q								gp41



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	Stem V	Stem V'	Stem I'		
B.FR.83.HXB2	CTCACAGTCTGGGGCATCAAGCAGCTCCAGGCAAGAATCCTGGCTGTGGAAAGATACCTAAAGGATCAACAGCTCCTGGGGATTGGGGTTGCTCTGGAAAACCTATTTCACACCCTGCTGTGCCTTGGGA			8055	
A1.KE.00.MSA4069	---	G---T-A---	C---G---	GC-----G---A-A---C---C---AA---C---	7263
A1.KE.94.Q23_17	---	G---T-A---	G---G---	-----G---A-A---C---C---AA---C---	7492
A1.SE.94.SE7253	---	T---T-A---	G---G---	-----G---A-A---C---C---AA---C---	7250
A1.TZ.97.97TZ02	---	T---T-A---	G---G---	-----G---A-A---C---C---AA---C---	7238
A1.UA.00.98UA0116	---	G---T-A---	G---G---	-----G---A-A---C---G---C---AA---C---	8042
A1.UG.85.U455	---	T---T-A---	G---G---	-----C---A-A---C---G---C---AA---C---	7485
A1.UG.92.92UG037	---	T---T-A---	G---G---	-----G---A-A---C---C---AA---C---	7416
A2.CD.97.97CDKS10	---	T---T-A---	G---G---	-----C---G---G---C---A---A---C---C---A---C---	4171
A2.CD.97.97CDKTB48	---	T---T-A---	G---G---	-----C---G---G---C---A---A---C---C---A---AGA---	7365
A2.CY.94.94CY017_41	---	T---T-A---	G---G---	-----G---G---G---A---A---C---C---G---A---C---	7427
B.AR.99.ARMA132	---	T---T-A---	G---G---	-----G---A-A---A---A---G---A---A---G---	7256
B.AU.95.MBCC54	---	T---T-A---	G---G---	-----G---A---C---A---A---A---G---	7414
B.BO.99.BOL0122	---	T---T-A---	G---G---	-----C---G---A---A---A---A---G---	7256
B.CN.-.RL42	---	C---G---	T---G---	-----A---G---A---A---A---A---G---	7408
B.ES.89.S61K15	---	T---T-A---	G---G---	-----A---G---G---T---C---A---A---G---	8083
B.GA.88.OYI	---	T---T-A---	G---G---	-----G---A---G---G---C---A---A---G---	7594
B.GB.83.CAM1	---	T---T-A---	G---G---	-----G---A---G---G---C---A---A---G---	8056
B.NL.86.3202A21	---	T---T-A---	G---G---	-----G---A---G---G---C---A---A---G---	8059
B.TH.90.BK132	---	T---T-A---	G---G---	-----G---T-A---G---G---C---A---A---G---	7384
B.US.83.RF	---	G---T-A---	G---G---	-----G---A---A---A---A---A---G---	7600
B.US.90.WEAU160	---	T---T-A---	G---G---	-----G---A---G---G---C---A---A---G---	8062
C.BR.92.92BR025	---	G---T-A---	T---A---	-----G---A---A---G---G---A---A---G---	7392
C.BW.00.00BW3891_6	---	G---T-A---	A---G---	-----A---A---G---G---A---A---G---	7424
C.BW.96.96BW0502	---	T---T-A---	A---G---	-----T---A---A---A---A---A---G---	7538
C.ET.86.ETH2220	---	G---T-A---	A---G---	-----A---A---C---G---A---A---G---	7431
C.IL.98.98IS002	---	G---T-A---	A---G---	-----A---A---T---A---A---A---G---	7383
C.IN.95.95IN21068	---	G---T-A---	A---G---	-----A---A---A---A---A---A---G---	7426
C.IN.99.01IN565_10	---	G---T-A---	A---G---	-----A---A---G---G---C---A---A---G---	7432
C.KE.00.KER2010	---	G---T-A---	A---G---	-----A---A---G---G---C---G---C---AA---A---A---	7244
C.MM.99.mIDU101_3	---	T---T-A---	G---G---	-----A---A---A---A---A---A---C---T---A---A---	7414
C.TZ.97.97TZ04	---	G---T-A---	A---G---	-----A---A---A---A---A---A---C---A---A---	7253
C.TZ.98.98TZ017	---	G---T-A---	A---G---	-----A---GA---A---C---A---A---G---C---A---A---	7391
C.ZA.01.2134MB	---	G---T-A---	A---G---	-----A---A---A---C---G---C---A---A---AT---	7483
C.ZA.97.97ZA003	---	G---T-A---	A---G---	-----A---A---A---C---C---A---A---A---	7364
C.ZM.96.96ZM651	---	G---T-A---	A---G---	-----A---A---A---AC---C---A---A---A---	7410
D.CD.83.ELI	---	G---T-A---	A---G---	-----A---A---A---A---A---A---C---AA---C---	7591
D.CD.83.NDK	---	G---T-A---	A---G---	-----G---A---A---A---A---A---C---AA---A---C---	7559
D.CD.85.Z2Z6	---	G---T-A---	A---G---	-----A---G---A---A---A---A---C---A---C---	8048
D.CM.01.01CM_0009BBY	---	T---T-A---	A---G---	-----A---G---G---A---A---A---C---A---C---	7280
D.KE.01.01KE_NKU3006	---	T---T-A---	A---G---	-----A---A---A---A---A---A---C---A---C---	7298
D.TD.99.MN012	---	G---A---T-A---	A---G---	-----A---AA---A---A---A---A---G---A---C---AA---C---A---	7266
D.UG.94.94UG114	---	T---T-A---	A---G---	-----C---A---A---A---A---A---C---A---A---C---	7373
D.UG.99.99UGA08483	---	T---T-A---	A---G---	-----C---A---A---G---G---A---A---A---C---AA---C---	7283
D.UG.99.99UGB21875	---	T---T-A---	A---G---	-----C---A---A---C---G---A---A---A---C---AA---C---	7250
F1.BE.93.VI850	---	T---T-A---	A---G---	-----C---A---C---C---C---C---A---AA---C---	7332
F1.BR.93.93BR020_1	---	T---T-A---	A---G---	-----C---A---C---C---C---C---A---AA---C---	7359
F1.FI.93.FIN9363	---	T---T-A---	A---G---	-----C---A---C---C---C---C---A---AA---C---	7351
F1.FR.96.MP411	---	T---T-A---	A---G---	-----G---T---A---A---A---C---C---A---AAC---C---	7222
F2.CM.02.02CM_0016BBY	---	T---T-A---	A---G---	-----G---C---A---A---A---A---C---G---C---AA---C---	7214
F2.CM.95.MP255	---	T---T-A---	A---G---	-----T---G---A---C---A---A---A---C---AA---A---GC---	7214
F2.CM.95.MP257	---	T---T-A---	A---G---	-----G---C---C---A---A---A---A---C---C---A---A---	7247
F2.CM.97.CM53657	---	T---T-A---	A---G---	-----G---C---C---C---A---A---A---A---C---AA---C---	7226
G.BE.96.DRCBL	---	T---T-A---	A---G---	-----G---G---C---C---A---A---A---C---AA---C---	7994
G.CM.01.01CM_4049HAN	---	T---T-A---	A---G---	-----G---G---C---T---A---A---A---C---AA---C---	7244
G.FI.93.HH8793_12_1	---	T---T-A---	A---G---	-----C---A---G---G---A---A---A---C---AA---C---	7425
G.NG.92.92NG083	---	T---T-A---	A---G---	-----T---G---A---A---A---A---A---C---AA---C---	7381
G.SE.93.SE6165	---	T---T-A---	A---G---	-----C---A---A---A---A---A---A---C---AA---C---	7473
H.BE.93.VI991	---	G---T---T-A---	A---G---	-----A---A---A---A---A---A---C---AA---C---	7454
H.BE.93.VI997	---	G---TG---T-A---	A---G---	-----G---A---A---A---A---A---C---AA---C---	7369
H.CF.90.056	---	G---T---T-A---	A---G---	-----G---C---G---A---A---A---C---AA---C---	7374
J.SE.93.SE7887	---	T---T-A---	A---G---	-----T---A---A---A---A---A---C---AA---C---	7362
J.SE.94.SE7022	---	T---T-A---	A---G---	-----T---A---A---A---A---A---C---AA---C---	7369
K.CD.97.EQTB11C	---	T---G---T-A---	A---G---	-----T---G---G---A---G---G---A---A---C---T---C---AA---C---	7238
K.CM.96.MP535	---	G---T---T-A---	A---G---	-----G---A---A---A---A---A---C---AA---C---	7215



	Stem V	Stem V'	Stem I'	
B.FR.83.HXB2	CTCACAGTCTGGGGCATCAAGCAGCTCCAGGCAAGAAATCCTGGCTGTGGAAAGATACCTAAAGGATCAACAGCTCCTGGGGATTGGGGTTGCTCTGGAAACTCATTTCACCACTGCTGTGCCTTGGGA			8055
01_AE.CF.90.90CF4071	-----T--A-----G-----		-----T--A--AC-----C-----A--C-----T-----C-----	7981
01_AE.JP.93.93JP NH1	-----T--A-----G-----		-----AT-T--A--AC-----C-----A--C-----C-----C-----	8042
01_AE.TH.90.CM240	-----T--A-----G-----		-----A-T--A--AC-----C-----A--C-----C-----C-----	7608
01_AE.TH.93.93TH9021	-----T--A-----G-----		-----A-T--A--AC-----C-----A--C-----C-----C-----	8051
02_AG.CM.02.02CM 1677LE	-----G-----T-----G-----C-----G-----		-----A--A-----C-----G-----C-----AA-----C-----	7233
02_AG.CM.97.97CM MP807	-----G-----T--A-----G-----C-----		-----A--A-----C-----C-----AA-----C-----	7235
02_AG.FR.91.DJ264	-----G-----T--A-----G-----C-----G-----		-----A--A-----C-----C-----A--A--C-----	7389
02_AG.NG.-.IBNG	-----G-----T--A-----G-----C-----G-----		-----A--A-----C-----C-----A--A--C-----	7561
02_AG.SE.94.SE7812	-----G-----T--A-----G-----C-A--GC-----		-----A--A-----C-----C-----A--A--C-----	7445
03_AB.BY.00.98BY10443	-----G-----G-----G-----			8009
03_AB.RU.97.KAL153 2	-----G-----G-----G-----			7232
03_AB.RU.98.RU9800I	-----G-----G-----G-----			7370
04_cpx.CY.94.CY032	-----G-----T--A-----G-----C-----C-----		-----A--A-----C-----C-----AA--A-----	7425
04_cpx.GR.91.97PVCH	-----G-----T--A-----G-----C-----C-----		-----C-----T-----C-----AA-----C-----	8154
04_cpx.GR.97.97PVMY	-----G-----G-T--A-----T-----G-----C-----C-----		-----G-----G-----C-----AAC-----	8106
05_DF.BE.-.VI1310	-----T--T--A-----G-----G-----		-----A--C-----CA-----A--C--T-----AG-----C-----	7461
05_DF.BE.93.VI961	-----T--A-----C-----G-----A-----GA-----		-----A--C--C-----C-----C-----AG-----C-----	7412
05_DF.ES.99.X492	-----T--A-----G-----G-----		-----A--C-----C-----C-----AA-----C-----	7369
06_cpx.AU.96.BFP90	-----T--A-----G-----		-----A--A-----C-----C-----TC--AA-----TC-----	8103
06_cpx.ML.95.95ML127	-----T--A-----G-----		-----A--A-----C-----C-----AA-----C-----	8048
06_cpx.ML.95.95ML84	-----T--A-----G-----		-----A--A-----C-----C-----AA-----C-----	7259
06_cpx.SN.97.97SE1078	-----T--A-----G-----GT-----		-----A--A-----C-----C-----AA-----C-----	8093
07_BC.CN.-.CNGL179	-----G-----T-----A--G-----A--A-----		-----A-----C-----C-----T-----A-----	7257
07_BC.CN.97.97CN001	-----G-----T-----A--G-----A--A-----		-----A-----C-----C-----T-----A-----	7377
07_BC.CN.97.CN54	-----G-----T-----A--G-----A--A-----		-----A-----C-----C-----T-----A-----	7235
07_BC.CN.98.98CN009	-----G-----T-----A--G-----A--A-----		-----A-----C-----C-----T-----A-----	7377
08_BC.CN.97.97CNGX 6F	-----G-----T-----A--A--G-----A--A-----		-----A-----C-----C-----T-----A-----	7234
08_BC.CN.97.97CNGX 7F	-----G-----T-----A--A--G-----A--A-----		-----A-----C-----C-----T-----A-----	7228
08_BC.CN.97.97CNGX 9F	-----G-----T-----A--A--G-----A--A-----		-----A-----C-----C-----T-----A-----	7216
08_BC.CN.98.98CN006	-----G-----T-----A--A--G-----A--A-----		-----A-----C-----C-----T-----A-----	7389
09_cpx.GH.96.96GH2911	-----G-----T--A-----G-----G-----		-----A--A-----C-----G-----C-----AA-----C-----	7227
09_cpx.SN.95.95SN1795	-----T--A-----G-----G-----		-----A--A-----C-----G-----C-----AA-----C-----	7254
09_cpx.SN.95.95SN7808	-----G-----T--A-----G-----G-----		-----A--A-----C-----C-----A-----C-----	7230
09_cpx.US.99.99DE4057	-----G-----T--A-----G-----AA-A-----G-----		-----A--AC-----C-----G-----C-----AA-----C-----	7248
10_CD.TZ.96.96TZ BF061	-----T--A-----G-----G-----		-----A--A-----A-----G--A-----AA-----C-----	7407
10_CD.TZ.96.96TZ BF071	-----T--A-----G-----C-----		-----A--A-----A-----AA-----C-----	7440
10_CD.TZ.96.96TZ BF110	-----T--A-----G-----C-----		-----A-----A-----	7420
11_cpx.CM.02.02CM 4118STN	-----T-----T--A-----G-----A-----C-----		-----A-----C-----AA-----C-----	7255
11_cpx.CM.96.4496	-----T-----T--A-----G-----A-----		-----A-----C-----AA-----C-----	7402
11_cpx.FR.99.MP1298	-----T--T-----T--A-----G-----A--T-----G-----		-----A-----C-----AA-----C-----	8052
11_cpx.GR.-.GR17	-----T-----T--A-----G-----A-----		-----A-----C-----AA-----C-----	7322
12_BF.AR.97.A32989	-----T--A-----G-----G-----		-----A--C-----C-----C-----AA-----C-----	7606
12_BF.AR.99.ARMA159	-----T--A-----G-----G-----		-----A--C-----C-----C--G-----AA-----C-----	8020
12_BF.UY.99.URTR23	-----G-----T--A-----G-----G-----		-----A--C-----C-----C-----AA-----C-----	8053
12_BF.UY.99.URTR35	-----G-----T--A-----G-----AG-----		-----A--C-----C-----C-----AA-----C-----	8078
13_cpx.CM.02.02CM 3226MN	-----G-----T--A-----G-----C-----G-----G-----		-----A--A-----A-----C-----AA-----	7286
13_cpx.CM.96.1849	-----G-----T--A-----A-----G-----A--A-----		-----A--A-----A-----C-----AA-----	7480
13_cpx.CM.96.4164	-----G-----T--A-----G-----A--A-----G-----		-----A--A-----A-----C--G-----AA-----	7447
14_BG.ES.00.X475	-----A-----G-----		-----A-----	7472
14_BG.ES.00.X477	-----A-----C-----C-----T-----		-----A-----	7478
14_BG.ES.00.X623	-----A-----		-----AA-----	7477
14_BG.ES.99.X397	-----A-----G-----		-----A-----	7511
15_01B.TH.02.02TH OUR1331	-----G-----A--A-----		-----A-----A-----	7248
15_01B.TH.02.02TH OUR1332	-----G-----		-----C-----A-----	7272
15_01B.TH.99.99TH MU2079	-----G-----		-----C-----	7427
15_01B.TH.99.99TH R2399	-----G-----		-----A--C-----	7452
16_A2D.KE.00.KISII5009	-----A-----T--A-----G-----A--G-----C-----		-----TT--A--A--A--C-----C-----TT-----C-----	7221
16_A2D.KR.97.97KR004	-----G-----T--A-----G-----C-----		-----C-----C-----CTT-----C-----	7421
N.CM.-.YBF106	---T--A-----T--A-----GA---A--G---T--GA--A-----T--GA---G--AA---AA--TC--A-----C---A-----ACT--A--TAT--CA-----			7558
N.CM.95.YBF30	---T--A-----T--A-----A--G---T--A--A-----T--G---G--AA---AA--TC--A-----C---A-----ACA--A--TAT--CA-----			7603
O.BE.87.ANT70	---AT--TR--A---T---GA--A---GA--TC--CC--G--A--CT--A---CC--TA--C--A--G--A---AA--CC--A---C--TAAA---G--AG--C--TA---AT--A--AAAA---			8109
O.CM.-.96CMABB009	---AT--T--A---T--GA---GA--TC--CC--G--AA--CT--A---CC--TTA--GC--A--G--A---AAACC--G---C--TAGA---GG--AA--C--TTA---AT--A--AAAA---			7539
O.CM.91.MVP5180	T--AT--T--A---T--T--GA--A---GA--TC--CC--G--AA--CT--A---CCCTTA--C--A--G--A--G---AAACC--A---C--TAAA---A--C--TTA---AT--A--AAAA---			8126
O.SN.99.SEMP1299	---AT--T--A---T---GA--A---GA--TC--CC--G--A--CT--A---CC--TAA--C--A--C--G--A---AAACC--A---C--TAAG---G--A--C--TA---AT--A--AAAA---			8159
CPZ.CD.-.ANT	---T--G---AG--A--A---G---T--A--C--G--AG---GA---A--AT--A--CC--C---TG---AC--GG--G--CC--TCA---A--G---			7487
CPZ.CM.98.CAM5	---T---T---A---A---G--T--T---A---G--A---AA--TC--A---C---A---GC---C--TTAT--CA--G---			7774
CPZ.GA.-.CPZGAB	---AT--A---AG--A--A--A--A--C---T--G--T---A---G---GC---G--A--T---CC--G---C---GGCTG--C--TTAT--CA--G---			8092
CPZ.US.85.CPZUS	---AT---T---T--A---T--A--C---G--A--T---T---G--A--A--TC--G---C---A---ACA---TTAT--CA---			8060
Env	L T V W G I K Q L Q A R I L A V E R Y L K D Q Q L L G I W G C S G K L I C T T A V P W			gp41



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

RRE	end -	AGT ... AATAAA ... TCTCTGGAACAGATTGGAATCAC ...	ACGACCTGGATGGAGTGGGACAGAGAAATTAACAATTACACAAG	
B.FR.83.HXB2	ATGCTAGTTGG			8143
A1.KE.00.MSA4069	-CT-----	-----TATA-TG-A--A--G--A--	-----T-----C---A---G-----G-----GA	7351
A1.KE.94.Q23_17	-CT-----	-----TG--A--CA--	-----T-----C-C-A---T-A-----CA	7580
A1.SE.94.SE7253	-CT-----	-----A-A-TG-A--A--G-AG--	-----T-----C-AC-A---G-----GA	7338
A1.TZ.97.97TZ02	-CT-----	-----A-AGTG--A--G-CA--	-----T-----C-C-A---T-----GA	7326
A1.UA.00.98UA0116	-CT-----	-----A-AGTG--A--GG-A--	-----T-----C-A---G--G--T-----A	8130
A1.UG.85.U455	-CT-----	-----A--GG-C--A--A--	-----T-----C-C-A---G-A---GT-G---G-	7573
A1.UG.92.92UG037	-CT-----	-----A--TG-A--A--G-AA--	-----T-----C-C-A---T-A---G-----T	7504
A2.CD.97.97CDKS10	-CT-----	-----G--A--TAC--GG--CA--	-----T-----T-C-A---T--G-----A	4259
A2.CD.97.97CDKTB48	-CT-----	-----G--A--A--G--AA--	-----T-----T-C-A---T-AG--G--C---GA	7453
A2.CY.94.94CY017_41	-CA-----	-----A--TG--G-CA--	-----T-----T-C-A---T-A---G-----A	7515
B.AR.99.ARMA132	-----	-----TATA-TG-T---G--A--	-----T-----C---G-----G-T-----G-	7344
B.AU.95.MBCC54	-----C---	-----A--GA--	-----T-----G---A---C-----A	7502
B.BO.99.BOL0122	--AG-----	-----AGTA--G--A--	-----T-----A---G-----G-	7344
B.CN.--.RL42	-----C---	-----C-TG--A--	-----T--T---A---G--G--T-----A	7496
B.ES.89.S61K15	-A-----	-----A-T--G--A--	-----T-----C---A--G---G-T-----A	8171
B.GA.88.OYI	-----	-----A-TG--G--A--	-----T-----C---A---G---G---CA	7682
B.GB.83.CAM1	-----	-----TA-----A-T---	-----T-----G---G-----A	8144
B.NL.86.3202A21	-----	-----TA-----A--	-----T-----G---G-----A	8147
B.TH.90.BK132	-----	-----TG-----A--	-----T-----C-A---A---G---G---G-	7472
B.US.83.RF	-----	-----A-TAT--A--	-----T-----C---A---G---G---G-	7688
B.US.90.WEAU160	-----G---	-----A--TT-C--A--	-----T-----G---G-----G-	8150
C.BR.92.92BR025	--T-----	-----AA--GG-T---A--	-----T-----C---T---G---GT---A	7480
C.BW.00.00BW3891_6	-C-----	-----AA--GG-T---A--	-----T-----C---T-A---G---GT---A	7512
C.BW.96.96BW0502	-CT-C-----	-----AT--TG--G--A--	-----T-----C---T---G---GT---GA	7626
C.ET.86.ETH2220	-CT-----	-----G---AA--GG--G--A--	-----T-----C---T---G---GT---T---GA	7519
C.IL.98.98IS002	-CT-----	-----AA--CGG--G--A--	-----T--T---C---T---G---GT---GA	7471
C.IN.95.95IN21068	-CT-----	-----C-G--A--AAA--G--G--A--	-----T-----C---T---G---GT---A	7514
C.IN.99.01IN565_10	-CT-C-----	-----AAAC-G-T-C--G-CA--	-----T-----C-A---T---G---GT---GA	7520
C.KE.00.KER2010	-CT-C-----	-----AAAC-G-T-C--A--	-----CT---C---T-A---T---G---GA	7332
C.MM.99.mIDU101_3	-CT-C-----	-----AA--G--CA--	-----T-----T-A---T---G---GA	7502
C.TZ.97.97TZ04	-CT-----	-----C---A--A--G--A--	-----T-----C---T---T---G-A	7341
C.TZ.98.98TZ017	-CT-----	-----A-A--GG-T---AGT---	-----T-----C---T---G---T---A	7479
C.ZA.01.2134MB	-CT-C-----	-----A-A--CG-A--A--	-----T-----C---T---G---GT---GA	7571
C.ZA.97.97ZA003	-CT-C-----	-----AAAAC-G-T--G--A--	-----T-----C---T---G---GT---GA	7452
C.ZM.96.96ZM651	-CATC-----	-----AAAAC-G-T--G--A--	-----T-----C---T---G---GT---A	7498
D.CD.83.ELI	-CT-----	-----G---AA--TG--C-GA--	-----T-----A---G---G---G---G-	7679
D.CD.83.NDK	-CT-----	-----G---A--TG--C-GA--	-----T-----A---G---G---G---G-	7647
D.CD.85.Z226	-CT-----	-----G---AA--TG-C--C-GA--	-----T-----A---G---G---G---G-	8136
D.CM.01.01CM_0009BBY	-T-----	-----A--TG-T--G-GA--	-----T-----C-A---A-A---G---G---G-	7368
D.KE.01.01KE_NKU3006	-C-----C---	-----A--GGT-T--G-GA--	-----T-----A---A---G---G---G---G-	7386
D.TD.99.MN012	-CT-----	-----G---A--TG-T--C-GA--	-----T-----A---C-A-AA--A-A---G---T---G-	7354
D.UG.94.94UG114	-CT-----C---	-----G-A--TG-A--A--	-----T-----A---A---G---G---T---GA	7461
D.UG.99.99UGA08483	-CT-----C---	-----A-A--T--GG-A--	-----T-----A---A---A---G---T---G-	7371
D.UG.99.99UGB21875	-CT-----C---	-----A-AC-GT-C--GG-A--	-----T-----A---A---G---G---G---G-	7338
F1.BE.93.VI850	-CT-----	-----A--G--A--	-----T-----A-AG--G---G---T---A	7420
F1.BR.93.93BR020_1	-CT-----	-----T--GG--GGGA--	-----T-----A-A--GG--G---T---A	7447
F1.FI.93.FIN9363	-CT-----	-----A--TG--A--	-----T-----C---A-A--G---G---T---A	7439
F1.FR.96.MP411	-CA-----	-----AT--TG--CA--	-----T-----C---A-A--G---T---A	7310
F2.CM.02.02CM_0016BBY	--T-----	-----A--G-A--GGAA--	-----T--G---C---A-A--G--CG-T---GA	7302
F2.CM.95.MP255	-CT-----	-----TAT--TG-C--G-CA-T---	-----T-----C---A-A--G---G---A	7302
F2.CM.95.MP257	-CT-----	-----AA--TG-A--GGAA--	-----T--A---A---A-AG--G---GG---GA	7335
F2.CM.97.CM53657	-T-----	-----A-A-TG-A--G-GA--	-----T-----C---A-A--G--C-GT---G-	7314
G.BE.96.DRCBL	-CA-----	-----TATA-TG--G-GA--	-----T--T---A--A---A--G---G---TA	8082
G.CM.01.01CM_4049HAN	-CA-----	-----T-T--TG-A--A--	-----T--T---A-A---A--G---G---T---CA	7332
G.FI.93.HH8793_12_1	-C-----	-----A--TATA-TG-C--G--A--	-----T-----AC-A---G---G---CA	7513
G.NG.92.92NG083	-CA-----	-----TATA-TG--G--A--	-----T--T---C-A-A---A--G---C---CA	7469
G.SE.93.SE6165	-C-T-----	-----TATA-TG-A--G-A--	-----T--T---A-A---A--G---C---TA	7561
H.BE.93.VI991	-CT-----	-----TG-A--G-CA--	-----T--T---A---A---G---GA	7542
H.BE.93.VI997	-CT-----C---	-----CTG-A--G-CA--	-----T--T---A---A---G---GA	7457
H.CF.90.056	-CT-----	-----A-A-AGTG-A--C--G-CA--	-----T--T---A---A---G---GA	7462
J.SE.93.SE7887	-----	-----TAT--GG-C--G-GA--	-----T-----AC-A---A--G---G---G-	7450
J.SE.94.SE7022	-----	-----TAT--GG-C--G-GA--	-----T-----AC-A---A--G---G---G-	7457
K.CD.97.EQTB11C	-CT-----C---	-----A-AGTG--G-GA--	-----T-----C---A-AG--G---GT---C-T---	7326
K.CM.96.MP535	-CT-----C---	-----TG--G--CA--	-----T-----A-A--G---GG---T---GA	7303



RRE end - |
 B.FR.83.HXB2 ATGCTAGTTGG.....AGT...AATAAA...TCTCTGGAACAGATTTGGAATCAC.....ACGACCTGGATGGAGTGGGACAGAGAAATTAACAATTACACAAG 8143
 01 AE.CF.90.90CF4071 -CT-C-----TATA-CG-A-----CA-----T-A-A-A-A-T-----A 8069
 01 AE.JP.93.93JP.NH1 -CT-C-C-----T-T-G-----T-A-A-A-A-G-----G-----A 8130
 01 AE.TH.90.CM240 -CT-C-C-----G-----T-T-G-----CA-----T-A-A-A-A-G-----G-----A 7696
 01 AE.TH.93.93TH9021 -CT-C-C-----TAT--G-A-----T-CA-----T-A-A-A-A-G-----G-----TA 8139
 02 AG.CM.02.02CM.1677LE --T-----A--T-TA-C-A-----GA-T.....T-----C-AC-A-----T-A-----G-----GA 7321
 02 AG.CM.97.97CM.MP807 -CT-----A-TATA-GG-T-A--G-AA-----T-----C-C-A-----T-----GT-----GA 7323
 02 AG.FR.91.DJ264 -C-----A-TATA-TG-C-A--G-A-----T-----C-C-A-----T-A-----G-----GA 7477
 02 AG.NG.-.IBNG -CT---C---A-T-TA-TG-C-A--G-A-----T-----AC-A-----G-A-----G-----GA 7649
 02 AG.SE.94.SE7812 -CT-----A-TAT-T-T-C-A--GG-A-----T-----C-C-A-----T-A-----GT-C-----CA 7533
 03 AB.BY.00.98BY10443 --A-----A--TG-C-----A-----T-----A-----T-----G----- 8097
 03 AB.RU.97.KAL153.2 -A-----C--A--TG-----A--A-----T-----A-----T-----G----- 7320
 03 AB.RU.98.RU9800I -A-----A--TA-----A-----T-----A-----T-----G----- 7458
 04 cpx.CY.94.CY032 -CT-----TATA-TG-T-A--G-CA-T.....T-----T-C-A-----T-A-----CA 7513
 04 cpx.GR.91.97PVCH -CT-----TATA-TG-T-A--GGCA-T.....T-----C-C-A-----T-A-----CA 8242
 04 cpx.GR.97.97PVMY -CT-----TAT--A-A--A--G-CA-T.....T-----C-C-A-----T-A-----GA 8194
 05 DF.BE.-.VI1310 -CT-----GA--GGG-----G-CA-----T-----A-A--G-----G-----T----- 7549
 05 DF.BE.93.VI961 -CT-----A--GG-----G-AA-----T-----C-----A-A--G--GG-C-G--TT--A 7500
 05 DF.ES.99.X492 -CT-----TAT--T-----G-AA-----T-----A-AG--GG--GG-C-G--TT--A 7457
 06 cpx.AU.96.BFP90 -CA-----A-TAT--TG-A-----GG-A-----T-----A-A-----T-G-----CA 8191
 06 cpx.ML.95.95ML127 -C-----C---A-TATA-TG-A-----G-A-----T-----A-A-----T-G-----CA 8136
 06 cpx.ML.95.95ML84 -C-----G---A-T-TA-TG-A-----A-----T-----A-A-----T-G-----CA 7347
 06 cpx.SN.97.97SE1078 -CAT-----A-TACAGTG-A-----G-A-----T-----A-A-----T-G-----CA 8181
 07 BC.CN.-.CNGL179 -CT-C-----AAA-G-----G-A-----T-----C-A-----T-A-----G-----A 7345
 07 BC.CN.97.97CN001 -CT-C-----AAA-G-----G-A-----T-----C-A-----T-A-----GT-----A 7465
 07 BC.CN.97.CN54 -CT-C-----AAA-G-----G-A-----T-----C-A-----T-A-----GT-----A 7323
 07 BC.CN.98.98CN009 -CT-C-----AA-G-G-----G-A-----T-----C-A-----T-A-----GT-----A 7465
 08 BC.CN.97.97CNGX.6F -CT-C-----AAC-G-----G-A-----T-----C-----T-AG-----GT-----A 7322
 08 BC.CN.97.97CNGX.7F -CT-C-----AAC-G-----G-A-----T-----C-----T-AG-----GT-----A 7316
 08 BC.CN.97.97CNGX.9F -CT-C-----AAC-G-----G-A-----T-----C-----T-AG-----GT-----A 7304
 08 BC.CN.98.98CN006 -CT-C-----AAC-G-----G-A-----T-----C-----T-AG-----GT-----A 7477
 09 cpx.GH.96.96GH2911 -CT-----AAC-TG-A--A--G-GA-T.....T-----C--A-----T-----GT-----CA 7315
 09 cpx.SN.95.95SN1795 -CT-----A-AAC-GG-A--A--G-CA-T.....T-----C-A-A-----T-----GT-----GA 7342
 09 cpx.SN.95.95SN7808 -CT-----AAC-TG-A--A--G-A-T.....T-----C-A-A-----T-----C-T-----CA 7318
 09 cpx.US.99.99DE4057 -CT-----AAC-G-A--A--G-A-T.....T-----C-A-A-----T-----GT-----CA 7336
 10 CD.TZ.96.96TZ.BF061 -CT---C---A-GGG-A-----G-A-----T-----A-G-----G-----G----- 7495
 10 CD.TZ.96.96TZ.BF071 -C-A--C---T-A--TGC-----A-----T-----T-----A-G-----G-----G----- 7525
 10 CD.TZ.96.96TZ.BF110 -CT---C---A--GG-----A-----T-----A-AG-----G-----G----- 7508
 11 cpx.CM.02.02CM.4118STN -CAG-----TATACTG-T-----G-GA-----T-----AC-A-----A--G-----G-----GC 7343
 11 cpx.CM.96.4496 -CAA-----A-TAT--TG-T-----CA-----T-----A-A-----A--G-----G-----CA 7490
 11 cpx.FR.99.MP1298 -CAT--C---ATATA-TG-----A-----T-----AC-A-----T--G-----CA 8143
 11 cpx.GR.-.GR17 ---T-----A-TATA-TG-----G-GA--GAGAAC-T--T--AA-A-----A--G-----G-----CA 7416
 12 BF.AR.97.A32989 -CT-----A--GG-----GGGA-----T-----A-A--G-----G-----T--A 7694
 12 BF.AR.99.ARMA159 -CT-----A--GG-A-----A-----T-----C-----A-A--G-----G-----T--CA 8108
 12 BF.UY.99.URTR23 -CT-----A--TG-----GA-----T-----A-AG--G--T-----T--A 8141
 12 BF.UY.99.URTR35 -CT-----GGG-T-----G-CA-----T--T--C-----A-AG--G--GG-----TT--CA 8166
 13 cpx.CM.02.02CM.3226MN -CT---C---A-AGTG-A--A--G-A-----T-----CG-C-A-----T-A-----GT--G--T--TA 7374
 13 cpx.CM.96.1849 -CT---C---A-AGTG-A--A--G-A-----T-----C-C-A-----T-A-----G--G-----GA 7568
 13 cpx.CM.96.4164 -CT---C---A-AAGTG-A--A--G-A-----T-----C-C-A-----T-A-----G--C-G-----A 7535
 14 BG.ES.00.X475 ---T---TG-C-----A-----T-----A-----G-----G----- 7560
 14 BG.ES.00.X477 ---TT-C-----A-----T-----G-----A-A-----G-----G----- 7566
 14 BG.ES.00.X623 ---A-TG-A-----A-----T-----C-----A-A-----G-----G----- 7565
 14 BG.ES.99.X397 ---GG-C-----A-----T-----C-----A-A-----G-----G----- 7599
 15 01B.TH.02.02TH.OUR1331 -A-----AT-CTG-----CA-----T--T--C-----A-----G-----A 7336
 15 01B.TH.02.02TH.OUR1332 -A-----C--A-TG-----CA-----T-----A-A-----A-----G----- 7360
 15 01B.TH.99.99TH.MU2079 ---A-TG-----G-A-----T--T-----A-----A-----G-----A 7515
 15 01B.TH.99.99TH.R2399 ---G---AA-TG-----G-A-T.....T--T-----T-A-----G-----GC----- 7540
 16 A2D.KE.00.KISII5009 --T---A-----G---AG-AA--CG-----C-----T-----T-C-A-A--T-A-----A-G-----G----- 7309
 16 A2D.KR.97.97KR004 -CT---GG---A-C-A--TG-C-----CA-----T-----T-C-A--G-----G-----G----- 7509
 N.CM.-.YBF106 --A--CY---AGC-----CC---CTAT--TACA--C--RG-A-T.....CTC-----CAAC-A-----TC-GA--G-A-GG--C--TT--G-- 7649
 N.CM.95.YBF30 --AG-C---AGC-----AC---CC---TAT--TACA--C-----A-T.....TTA-----CAAC-A-----TGAGA--G-A-GA--C--TT--G-- 7694
 O.BE.87.ANT70 --AGA-CA---TAGG-----AAC--AGC-----G-CAC-----TTA--A--CA--A-----TC-GC-G--A-G--CATA-GCTC 8191
 O.CM.-.96CMABB009 --A-CTCA---GGA-----G-A-----CTCA-----S-G-----CTA--A--CA--A-----TCA-C-G--A-G--CATA-GC-- 7621
 O.CM.91.MVP5180 -CA-ATCA---TCAGGA-----A--T-----T-----GAT--CAGT-----G-CA-----CTT--A--CA--C-A-----CA-C-C--A-----GTA-GCTC 8217
 O.SN.99.SEMP1299 -CA-G-CA---ACAAATTCACAAAT-----CC-----G-----T-A--TG-T-----G-CA-G-----CTA--A--CA--C-A-----TCAGC-G--A-G--CGTA-GTTC 8259
 CPZ.CD.-.ANT ---AA-TCC---GTAACTTCACGCAAAACATGTGCAAAAGAAC--C---G-G-T.....A-AC--TGT-----G-AA-T.....T--A--CAA--A-----TT-G-AC-G---CA--G 7602
 CPZ.CM.98.CAM5 ---C-----GCT--C-C-----CTAT--TG-----C-----A-T.....TTA--A--CAA--T-----T-A-A-GG-A--A-----T--G 7865
 CPZ.GA.-.CPZGAB -CAACTC---CCT-----G-G---GC--T-----CACAA--TG-C-----GGGA-T.....CTA--A--CA--C-A-----T-A-TT-G-GTCT--C-----G 8183
 CPZ.US.85.CPZUS ---A--CC-----C--CCTC--CTAT--TGCT-----GGCA-T.....CTA--T--CAA--A-----A--G-A-GA--C--TT--G-- 8151
 Env N A S W S . N K . S L E Q I W N H T T W M E W D R E I N N Y T S gp41



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	TTATTCATAATGATAGTAGGAGGCTTGGTAGGTTAAGAATAGTTTTTGTCTACTTTCTATAGTGAATAGAGTTAGGCAGGGATATTCACCATTATCGTTTCAGACCCACCTCCCAACC...CCGAGGG	Tat Rev intron end \ / Tat Rev exon 2 start	
B.FR.83.HXB2			8400
A1.KE.00.MSA4069	A---T-----AA---A-----G-----A-A-A-----C---T-G-A--C-----TAC---A....A---		7608
A1.KE.94.Q23_17	A---T---A-----AA---A-----G-----G-A-A-----C---T-G-A-----TAC---A....A---		7837
A1.SE.94.SE7253	A---T-----AA---A-----GT---G-TA-A-----C---T-G-A-----TAC---GA....A---		7595
A1.TZ.97.97TZ02	A---T-----AA---A-----G-----A-A-----C---T-G-A-----TAC---A....AG---		7583
A1.UA.00.98UA0116	A---T---A-----AA---A-----A-G-----A-A-----CCG---C---G-A-G-----TTAC---GCA---AGA---		8387
A1.UG.85.U455	C---TG---A-----AA---A-----A---G-----A-C-----C---TC-G-----TTGC---T---AGA---		7830
A1.UG.92.92UG037	A---T-----C-AA---A-----G-----G-A-A-----C---CC-----TAC---G-A....A---		7761
A2.CD.97.97CDKS10	A-----A---A-----A-G---A-A---G-----C---T-G-A-----T-CTAC---A....AGA---		4516
A2.CD.97.97CDKTB48	A---T-----A---A-----A---A---G---A-A-----C---G-A-----T-CTAC---A....AGA---		7710
A2.CY.94.94CY017_41	A---T-----A---A-----A---A---A-G---A-----C---TG-G-A-----T-CTAC---A....AGA---		7772
B.AR.99.ARMA132	-----A---G-----A---A-----C---A-C-----G-----G-T...A---		7601
B.AU.95.MBCC54	A-----AG-----T-----C-----G-----A-----C---C-----C-----G-----G---		7759
B.BO.99.BOL0122	A-----T-----C-----G-----A-----C-----A-----G-----G-----A---		7601
B.CN.-.RL42	A-----A-----A-----A-----C-----G-A-A-----G-T---G....A---		7753
B.ES.89.S61K15	A-----A-----A-----A-----G-----A-----G-----G-----G---AG---		8428
B.GA.88.OYI	A-----A-----T-AA-----A-A-----T-----C-----G-A-----G-T---GTT...A---		7939
B.GB.83.CAM1	A-----A-----T-AA-----A-A-----T-----C-----G-A-----G-T---GTT...A---		8401
B.NL.86.3202A21	A-----A-----A-----A-----G-----C-----G-----G-----G....A---		8404
B.TH.90.BK132	A-----A-----A-----A-----G-----C-----G-----G-----G....A---		7729
B.US.83.RF	A-----C---A-----A-----G-----C-----A-----C-----A-----G-----G....A---		7945
B.US.90.WEAU160	A-C-----A-----A-----A-----C---A-----G-----C-----A-----G-----G....A---		8407
C.BR.92.92BR025	A-----A-----A-----A-----G-C-----A-----C---C-G-----TTAC---A....A---		7737
C.BW.00.00BW3891_6	A-----A-----A-----A-----G-C-----C---T-G-T-----TTA---A....A---		7769
C.BW.96.96BW0502	A-----A-----A-----A-----G-----C---TC-GC-----TTAC---G-A....A---		7883
C.ET.86.ETH2220	A-----G---TG---A-----A-----G-----C---TTA---CA....A---		7776
C.IL.98.98IS002	A-----A-----A-----A-----G-----A-----C---T-G---C-----TTA---A....A---		7728
C.IN.95.95IN21068	A-----A-----A-----A-----GA-C-----C---T-G---C-----TTAC---G-A....CG---		7771
C.IN.99.01IN565_10	A-----A-----A-----A-----G-----A-A-----C---T-G-T-----TTAC---G-A....C---		7777
C.KE.00.KER2010	-----A-----T-A-----A-----A---T---GT-C-----C---T-G-----TTAC---A....A---		7589
C.MM.99.mIDU101_3	A-----A-----A-----A-----C---G-----C---T-G-----TTAC---G-A....AGA---		7759
C.TZ.97.97TZ04	A-----A-----T---A---C-----A-----G-----A-----C---T-G-A-----TTA---A....A---		7598
C.TZ.98.98TZ017	A-----A-----T---A---C-----A-----G-----A-----C---T-G-A-----TTAC---A....C---		7736
C.ZA.01.2134MB	A-----A-----A-----G-G---A-----G-----A-----A-----C---T-G-----TTAC---A....A---		7828
C.ZA.97.97ZA003	A-----A-----A-----A-----G-C---C---A-----G-----C---T-----TTA---CA....A---		7709
C.ZM.96.96ZM651	A---T-----AA---G---A-----A-----C-----T-G-----TTA---G-A....A---		7755
D.CD.83.ELI	A-----A-----A-----G---T---A-----C---TC-G-----T---G-----G....A---		7936
D.CD.83.NDK	-----C---A-----G---G---A-----C---TC-G-A-----T---GT-----G....A---		7904
D.CD.85.Z226	A-----A-----A-----G---T---A-----C---TC-G-A-----T---G-----G....A---		8393
D.CM.01.01CM_0009BBY	A-----C-----AA---C-----G---G---G-A-----G---C---TC---A-----T---G-----G....A---		7625
D.KE.01.01KE_NKU3006	A-----GT---T---A-----C---TC-G-----T---G-----G....A---		7643
D.TD.99.MN012	A-----C-----AA---A-----G---C---G-A-----C---TC-G-A-G-----T---G-----G....A---		7611
D.UG.94.94UG114	A-----A-----A-----G---G---A-----C---TC-G-A-----T---G-----G....A---		7718
D.UG.99.99UGA08483	C-----A-----AA---G-----G-----G---A---G-----C---TC-G-A-----T---G-----AC---		7628
D.UG.99.99UGB21875	A-----G-----T---A-----C---TC-----T---G-----G....A---		7595
F1.BE.93.VI850	A-----G-----A---C-----A-----A-----A-----C---T-G-A-A-----TTA---G....A---		7677
F1.BR.93.93BR020_1	A-----A---C-----A---G-----A-----A-----C---T-G-A-----TTA---G....A---		7704
F1.FI.93.FIN9363	A-----A---C-----A---G-----A-----A-----C---T-G-A-A-----TTA---G....C---		7696
F1.FR.96.MP411	A-----AA---A---C-----G-----A-----A-----C---T-G-A-A-----TTA---G....A---		7567
F2.CM.02.02CM_0016BBY	A-----C---G-----A---A-----G-----A-A---G-----T-----T-G-A-A-----TTA---G....A---		7559
F2.CM.95.MP255	A-----A---A-----A---G-----G---A-----C---T-G-A-A-----TTA---A....A---		7559
F2.CM.95.MP257	A-----A---A-----A---G-----G---A-----C---T-G-A-G-----TTA---A....T---		7592
F2.CM.97.CM53657	-----A---A-----A---G---G-G-A-A---G-----C---T-G-A-----TTAC---G....G---		7571
G.BE.96.DRCBL	A---TG-----AA-----G---A-----A-----C---C---T---C-----TT---ACCA...A---		8339
G.CM.01.01CM_4049HAN	A---T-----G-AA-----G-----G-----GA-----C---T-G-A-C-----TTAC---ACCA...A---		7589
G.FI.93.HH8793_12_1	A---T-----TC-AA---A-----A---A-----G-----A---G---C---T-G-T---C-----TTAC---ACCA...A---		7770
G.NG.92.92NG083	A-----T---AA-----G-----G-----A-----C---T-G---C-----TTAC---ATCA...A-C---		7726
G.SE.93.SE6165	A---T-----T---AA-----G-----A-----C---T-G-A-----TTAC---ACCA...A---		7818
H.BE.93.VI991	A-----TA-AA---C-----G-----A-----C---TC-G---T---A-----TTA---G-A...A-C---		7799
H.BE.93.VI997	A-----A-----CT---A---G-----A---G-----AGG-----C---T-G-T-----TTA---G-A...C---		7714
H.CF.90.056	A-----T---AA-----A---G-----A-----G-----C---T-G-T-----TTG---G-A...AC---		7719
J.SE.93.SE7887	A-----A---T---AA-----A---G---G---A-----C---T-G-A-----TTA---A....A-C---		7707
J.SE.94.SE7022	A-----A---AA-----A---G---G---A-----C---T-G-A-----TTA-T---A....A-C---		7714
K.CD.97.EQTB11C	A-----A-----A-----A---G---G---A-----C-----C---T-G-A-C-----TTAC---G....A---		7583
K.CM.96.MP535	A-----A-----A-----C---G---G---A-----C-----C---T-G-A-----TTA---T....A---		7560



	Tat Rev intron end \ / Tat Rev exon 2 start	
B. FR. 83. HXB2	TTATTCTAATGATAGTAGGAGGCTTGGTAGGTTTAAAGATAGTTTTTGTCTGTACTTTCTATAGTGAATAGAGTTAGGCAGGGATATCCACCATTATCGTTTCAGACCCACCTCCCAACC...CCGAGGG	8400
01 AE. CF. 90. 90CF4071	A---T-----T-AA-----G-----A-----C---T-G-A-----TTAC--ATCAT...A----	8326
01 AE. JP. 93. 93JP NH1	A---T-----T-AA-----A-----G-----C---T-G-TC-C-----CTTC--ATCAT...A----	8387
01 AE. TH. 90. CM240	A---T-----T-AA-----A-----G-----A-----C---T-G-T-C-----CTTC--ATCAT...A--A-	7953
01 AE. TH. 93. 93TH9021	A---T-----T-AA-----A-----G-----C-----C---T-G-T-C-----CTA--ATCAT...A----	8396
02 AG. CM. 02. 02CM 1677LE	A---T-----G-----T-A-----C-----T-A-----A-A-----C---T-G-A-C-----TTAC--ACCG...A----	7578
02 AG. CM. 97. 97CM MP807	A---T-----C-----T-A-----G-----AA-----A-A-----C-----C---T-G-A-C-----TTAC--ACCA...A----	7580
02 AG. FR. 91. DJ264	A---T-----T-AA-----G-----C-----G-----A-G-----A-A-----C---T-----A-C-----TTAC--ACCA...A----	7734
02 AG. NG. - . IBNG	A---T-----T-AA-----A-----G-----A-----A-----C---T-G-C-----TTAC--ACCA...A----	7906
02 AG. SE. 94. SE7812	A---T-----A-----T-AA-----C-----C-----G-----A-A-----C---T-G-T-C-----TTAC--ACCA...A----	7790
03 AB. BY. 00. 98BY10443	A-----A-----C-----A-----G-----A-----G-----G-----A-----A-----	8354
03 AB. RU. 97. KAL153 2	A-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----A-----	7577
03 AB. RU. 98. RU98001	A-----A-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----A-----	7715
04 cpx. CY. 94. CY032	A---T-----A-----C-----A-----G-----G-----A-----C---T-G-T-G-----TTA-----AACC-AAC--	7773
04 cpx. GR. 91. 97PVCH	A---T-----A-----C-----A-----G-----G-----A-----C---T-G-T-----TTA-----AAC--	8499
04 cpx. GR. 97. 97PVMY	A---T-----A-----A-----G-----A-----G-----C---T-G-T-CG-----TTA-----AACA-A-C--	8454
05 DF. BE. - . VI1310	A---T-----A-----C-----A-----G-----C-----A-----C---TC-G-A-----C-T-----G-----	7806
05 DF. BE. 93. VI961	A---T-----A-----C-----A-----G-----G-----A-----A-----C---TC-G-A-C-----T-----GG-----	7757
05 DF. ES. 99. X492	A---T-----A-----C-----A-----G-----A-----A-----C---C-----A-A-----T-----AAC--	7717
06 cpx. AU. 96. BFP90	A---T-----AA-----GA-----C-----C---T-G-----G-----TTA-----A-----A-C--	8448
06 cpx. ML. 95. 95ML127	A---TG-----A-----AT-----G-----T-----GT-----C-----C---T-G-----G-----TTA-----A-----A-C--	8393
06 cpx. ML. 95. 95ML84	A---T-----AA-----G-----C-----G-----C---T-G-----G-----TTA-----A-----AGC--	7604
06 cpx. SN. 97. 97SE1078	A---T-----AA-----A-----G-----CT-----C-G-----C---TC-G-----G-----TTA-----A-----T-AGC--	8438
07 BC. CN. - . CNGL179	A-----A-----A-----A-C-----G-----C-----C---T-G-----TTAC--G-A-----AG--	7602
07 BC. CN. 97. 97CN001	A-----A-----A-----A-----G-----C-----A-----C---T-G-----TTAC--G-A-----AG--	7722
07 BC. CN. 97. CN54	A-----A-----A-----A-----G-----C-----A-----C---T-G-----TTAC--G-A-----AG--	7580
07 BC. CN. 98. 98CN009	A-----A-----A-----A-----G-----C-----C-----C---T-G-----TTAC--G-A-----AG--	7722
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F	A-----A-----A-----A-----G-----C-----C---T-G-----T--TTAC--G-A-----AG--	7579
08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F	A-----A-----A-----A-----G-----C-----C---T-G-----TTAC--G-A-----AG--	7573
08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F	A-----A-----G-----A-----G-----C-----C---T-G-----T--TTAC--G-A-----AG--	7561
08 BC. CN. 98. 98CN006	A-----A-----A-----A-----G-----C-----C---T-G-----T--TTAC--A-----AG--	7734
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	-----A-----G-----G-----A-----C-----C---T-G-A-C-----TTAC-----A-----	7572
09 cpx. SN. 95. 95SN1795	A-----AA-----A-----G-----G-----A-----C-----C---T-G-A-C-----TTA-----A-----	7599
09 cpx. SN. 95. 95SN7808	A-----A-----A-----G-----G-----A-----C-----C---T-G-A-C-----TTA-----A-----	7575
09 cpx. US. 99. 99DE4057	A-----A-----A-----A-----G-----A-----C-----C---T-G-A-C-----TTA-----A-----	7593
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061	A-----AA-----G-----G-----T-----A-----C---TC-G-----G-C-----T-----G-----	7752
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071	A-----AA-----G-----G-----T-----A-----G-----C---TC-G-----T-----G-----	7782
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110	A-----A-----G-----G-----CA-----C---TC-G-----C-----T-T-----G-----	7765
11 cpx. CM. 02. 02CM 4118STN	A---T-----A-AA-----A-----G-----G-----A-----TG-----C-----C-G-A-----T-AA-----G-----A-CA--	7600
11 cpx. CM. 96. 4496	A---T-----A-AA-----A-----G-----G-----A-----TG-----C-----C-G-A-----T-AA-----AC-A--	7747
11 cpx. FR. 99. MP1298	A-T-T-----G-----A-----A-----G-----A-----TG-----C-----G-A-----TTAC-----A-----A-CA--	8400
11 cpx. GR. - . GR17	A---T-----AA-----A-----G-----G-----A-----TG-----C-----T-G-C-----G-----TTAC-----A-----A-CA--	7673
12 BF. AR. 97. A32989	A-----AA-----C-----A-----A-----A-----C---TG-G-A-A-----TA-----G-----G--	7951
12 BF. AR. 99. ARMA159	A-----A-----C-----G-----A-----A-----C---T-G-A-A-----TA-----G-----G--	8365
12 BF. UY. 99. URTR23	A-----A-----A-----A-----A-----C---TG-G-A-----TA-----G-----G--	8398
12 BF. UY. 99. URTR35	A-----A-----C-----G-----A-----A-----A-----G-C---TG-G-A-G-----TA-----G-----G--	8423
13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN	A---T-----A-----A-T-AA-----T-----G-----A-----A-G-----C---TG-G-A-----TTAC--A-C--CAGAG--	7634
13 cpx. CM. 96. 1849	A---T-----T-AA-----A-----G-----A-----A-T-----G-----C---T-G-A-----TTAC--ATC-----AA--	7825
13 cpx. CM. 96. 4164	A---T-----T-AA-----A-----G-----A-----G-----C---T-G-A-----TTAC--GC-----A--	7792
14 BG. ES. 00. X475	A---T-----A-----T-AA-----A-----G-----A-A-----A-----C---G-A-C-----TTAC--ACCA...A--	7817
14 BG. ES. 00. X477	A---T-----A-----T-AA-----A-----G-----A-A-----A-----C---G-A-C-----TTAC--ACCA...A--	7823
14 BG. ES. 00. X623	A---T-----A-----T-AA-----A-----G-----A-A-----A-----C---G-A-C-----TTAC--ACCA...A--	7822
14 BG. ES. 99. X397	A---T-----A-----T-AA-----A-----G-----A-A-----A-----C---G-A-C-----TTAC--ACCA...A--	7856
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331	A-----C-----A-----C---T-G-T-----CTTC--ATCAG...A----	7593
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332	A-----G-----A-----C---TG-G-T-C-----T--CTTC--ATCAG...A----	7617
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	A-----A-----C-----G-----C---T-G-TC-C-----CTA--ATCAG...A----	7772
15 01B. TH. 99. 99TH R2399	A---T-----T-AA-----A-----G-----A-----C---T-G-T-C-----CTA--ATCAG...A----	7797
16 A2D. KE. 00. KISII5009	A---T-----A-----A-A-----A-G-----A-----G-C-----A-----C---TG-G-A-----T--CTAC-----A-----AGC--	7566
16 A2D. KR. 97. 97KR004	A---T-----A-----A-A-----A-G-----A-----G-----G-----A-----C---TG-G-A-----T--CT-C-----G-----AGA--	7766
N. CM. - . YBF106	A-GCT-----G-----C-----A-TA-----CA-----TA-AAG--AA--A-AA-----A-AGCA-----T--CC-C-----G-----TTA-----G--AGCAG-C--	7909
N. CM. 95. YBF30	A-GCT-----C-----A-T-----CA-----CA-AAG-ATA--A-AA-----A-AGCA-----A-----G-A-----T--CC-T-----G-----TTA-----A-----G-A--	7951
O. BE. 87. ANT70	A-GCA-----C-----CAC-A-----GG-G-----G-TA-CA-GATA-----AA-----A-ACA-----CA--CC-C-----A-----T--C-AA--ATCA...AAGA--	8448
O. CM. - . 96CMBAB009	A-GCT-----A-----CAC-A-----A-----TA-CA-G-TA-----AA-C-----G-ACA-----CA--CC-C-----A-----T--CTAC--A-CG-----A-TT--	7878
O. CM. 91. MVP5180	A-GCT-----C-----G-----CAC-AA-----A-----G-TA--A-GATAA-----AA-C-----G-ACA-----CA--CC-C-----A-----T--CTG-----CA-----G-CA--	8474
O. SN. 99. SEMP1299	A-GCA-----C-----G-CAC-AA-----GG-G-----T--A-GATA-----AA-C-----A-ACA-----CA--CC-C-----A-----T--A-A-ATCA...AACC--	8516
CPZ. CD. - . ANT	A---T-T-----CTA-T-----AC-----TT-GC--TAT-G--AG-TGCT-A-GA-AG-----CAT--TC-G-A-----T--CTAC--A-A-----A-CA--	7859
CPZ. CM. 98. CAM5	A---TT-G-AG-----C-----T-AA-----T-----C--A-AGGAAT--TA-G--AG-TA-AGCA-AG-----C--T--CC-C-----G-----TTA-----G-----A-----A--	8122
CPZ. GA. - . CPZGAB	A-T--C-T--GC-----AA-CA-----G-----TA--A-GA-A--TT-C-AG-----C-GG-----C--C-----TC-C-----G-----TTA-----GT-----A-----	8440
CPZ. US. 85. CPZUS	A---TT--AG-----C-A-----A-----AA-C-----T--AGG--TGA--T--AC-----AGCA-A-----T-----T--CC-C-----A-----TTT-----A-----A-TC--	8408
Env gp41	L F I M I V G G L V G L R I V F A V L S I V N R V R Q G Y S P L S F Q T H L P T . P R	Env
Tat exon 2	P T S Q P . R G	Tat
Rev exon 2	N P P P N . P E G	Rev

Tat Rev intron end \ / Tat Rev exon 2 start

HIV-1/SIVcpz complete genomes



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	Premature stop in HXB2 Tat \	Tat ends most strains \	
B.FR.83.HXB2	GA...CCCGACAGGCCCGAAGGAATAGAAGAAGGTGGAGAGAGACAGACAGATCCATTTCGATTAGTGAACGGATCCTTGGCACTTATCTGGGACGATCTGCGGAGCCTGTGCCTCTTCAGCTA		8527
A1.KE.00.MSA4069	A-...-T-----A---C-----G-----CA--G-----G-----T--A-----GC-----C-----		7735
A1.KE.94.Q23_17	-T...-T-----A---C-----A-----CA--G-----G-----G-----T--A-----GCT-----C--A-----		7964
A1.SE.94.SE7253	-T...-T-----AG-A---C-----G-----CA--G-----G-----G-----T--A-----GC-----C--A-----		7722
A1.TZ.97.97TZ02	-T...-T-----G-A---C-----G-----CA--G--AC-G-----G-----T--A-----GC-----C-----		7710
A1.UA.00.98UA0116	---A-----G-A---CA-----CA--G-----G-----G-----T--A-----GC-----C-----		8514
A1.UG.85.U455	-T...-T-G-----A-G-A---C-----CA--G--A-----G-----C-----G-----T--A--GA--GC-----C--A-----		7957
A1.UG.92.92UG037	---T-----G-A---C-----CA--G-----G-----G--A--C-----G--G-T--A-----GC-----C-----A-----		7888
A2.CD.97.97CDKS10	-T...-T-----A--G-A---C-----G-----CA--AC-----G-----G-----T--G-----GC-----C--A-----		4643
A2.CD.97.97CDKTB48	---T-----G-A---C-----CA--G-----G-----G-----T--A-----GC-----C--A-----		7837
A2.CY.94.94CY017_41	-T...-T-----AG---CC-----G-----CA--G-----G-----G-----T--C-----GC-----C--A-----T--		7899
B.AR.99.ARMA132	---C-----T-----GA-----A-CT-----T--CA--G--C-----C-----T-----		7728
B.AU.95.MBCC54	---C-----G-----C-----T--A-----T-----C-----A-----C-----		7886
B.BO.99.BOL0122	---A-----C-----C-----GG-CG-----C-T--TA--A--C-----C-----A-----		7728
B.CN.-.RL42	---G-----C-----C-----GAGA-----C--T--T-----G-----A-----		7880
B.ES.89.S61K15	---GG-AA-----G-T--T--A--A-----T--C-----A-----		8555
B.GA.88.OYI	---C-----GGAA-----G-T--T--A-----C-----		8066
B.GB.83.CAM1	---G-----C-----GGG-----A-CT-----T--A--C-----C-----		8528
B.NL.86.3202A21	---C-----GG-----T--A-----C-----		8531
B.TH.90.BK132	---G-----C-----GGA--C-----G-T--T--A--A--T-----T-----A-----		7856
B.US.83.RF	---C-----G-----GGCG-TGC-----T--T--A-----T-----C-----AG-----		8072
B.US.90.WEAU160	---C-----GGAA-----G-T--T--AA-----T--C--A-----CT-----		8534
C.BR.92.92BR025	---A-----T--G--A---C-----CA-----G-----T--A-----GCG-----C-----T-----		7864
C.BW.00.00BW3891_6	---T-----T--G-A---C-----CA-----C-----T--A-----GC-----A-----		7896
C.BW.96.96BW0502	A-...-T-----T--G-A---C-----CA-----G-----C-----G-----T--A--G--GC-----C-----T-----		8010
C.ET.86.ETH2220	---T-----G--C-----CA--G-----A--C-----T--A--A--T--T-----C-----T-----		7903
C.IL.98.98IS002	---T-----T--G--C-----CA-----AG-G-----G-----T--AGT--GC-----C-----		7855
C.IN.95.95IN21068	---T-----T--G-A---C-----CA--A-----G-----T--A-----T-----C-----A-----		7898
C.IN.99.01IN565_10	---T-----T--AG--C-----CA--A-----TG-----G-----T--A-----GC-----C-----T-----		7904
C.KE.00.KER2010	---T-----T--G-A---C-----CA--A--G-----G-----T--A--G--GC-----C-----T-----		7716
C.MM.99.mIDU101_3	---T-----T--AG-A---C-----CA--A--AG-----G--T--A-----GC-----C-----A-----T-----		7886
C.TZ.97.97TZ04	---T-----T--G--C-----CA-----G-GA-----G-----T--A-----GC-----C-----		7725
C.TZ.98.98TZ017	---T-----T--G-A---C-----CA-----A-----G-----T--A-----GC-----C-----		7863
C.ZA.01.2134MB	---T-----T--G--C-----CA--G-----G-----G-----T--A--G--GC-----C--A-----T-----		7955
C.ZA.97.97ZA003	---T-----T--G-A---C-----CA--A--G-----G-G-----G-----T--A-----GC-----CT--A-----		7836
C.ZM.96.96ZM651	A-...-T-----A-G-A---C-----CA--A--G-----G-G-----G-----T--A-----GC-----C--A-----		7882
D.CD.83.ELI	---C-----C-----G-----G-GA-----GC-----T--C-----C-----A-----		8063
D.CD.83.NDK	---A-----C-----C-----G-----G-----TA--T-----T-----C--A--A-----		8031
D.CD.85.Z226	---C-----G-----C-----G-----T--CA-----A--A-----		8520
D.CM.01.01CM_0009BBY	---CA-----G--CC--A-----G-----T--CA-----A-----		7752
D.KE.01.01KE_NKU3006	---CA--G-----G-----G-----G-----TA--CA-----A-----T-----		7770
D.TD.99.MN012	---C-----G-----A-----G-----T--CA-----A-----		7738
D.UG.94.94UG114	A-...-GCA-----G-----C-----G-----TA--CA-----T--A--A-----T-----		7845
D.UG.99.99UGA08483	---GCA-----G-----CA--G-----G-----T-----G--A-----T--CAA-----A--A-----		7755
D.UG.99.99UGB21875	---G-----C-----G-----G-----T--CA--A-----A--A-----		7722
F1.BE.93.VI850	---C-----G-----CA--G--A-----G-G--C-----C-----T--A--T--GC-----A--A-----		7804
F1.BR.93.93BR020_1	A-...-C-----C-----CA--G--A-----G-GA-----C-----T--A--T--GC-----C--A-----		7831
F1.FI.93.FIN9363	A-...-C-----C-----CA--G--A-----G-G-----G-----T--A--T--G-----CT--A--A-----		7823
F1.FR.96.MP411	---C-----C-----CA-----A-----G-----T-----T--G--G-----C--A--A-----		7694
F2.CM.02.02CM_0016BBY	---G-----C-----CA--A-----G-GA-----G-----T--A-----GC-----		7686
F2.CM.95.MP255	---G-----C-----CC-----GA-----G-----T--AC-----C-----C--A-----TCT-----		7686
F2.CM.95.MP257	---A-----G-----C-----CA--A-----CA-----G-----T--A-----GC-----CT--CA-----G-----		7719
F2.CM.97.CM53657	A-...-AC-----G-----C-----CA--A--AC-----G-----G-----T--A-----GC-----C--A-----		7698
G.BE.96.DRCBL	A-...-C-----C-----G-----CA-----G-----T--A-----GC-----C--A-----		8466
G.CM.01.01CM_4049HAN	A-...-A-T--G-A---C-----CA--A--A-----A-----G-----T--A-----GC-----C--A-----T-----		7716
G.FI.93.HH8793_12_1	A-...-A-----C-----CA--A-----G-----G-----T--A--T--GC-----C-----		7897
G.NG.92.92NG083	A-...-T--G-AA--CC-----G-----C-----CA--G-----G-----G-----T--A--G--GC-----C-----T-----		7853
G.SE.93.SE6165	A-...-G-----C-----CA--G-----G-----AG-G-----G-----T--AC-G-----C-----		7945
H.BE.93.VI991	---AG--A-----C-----CA-----G-----G-----G-----T--C-----G-----C-----A-----		7926
H.BE.93.VI997	---C-----G-----C-----CA-----G-----G-----G-----T--AC-GA--G-----C--C-----		7841
H.CF.90.056	---C-----G-----C-----CA-----G-GA-----G-----T--AC--G--G-----C--C-----CA-----		7846
J.SE.93.SE7887	A-...G-----G-----C-----G-----CA--G--AC-----G-----T--C--A--T--GC-----C-----A-----T-----		7834
J.SE.94.SE7022	A-...G-----G-----C-----G-----CA--G--AC-----G-----T--A--T--GC-----C-----T-----		7841
K.CD.97.EQTB11C	---G-A-----A-----C-----G-----CA--A-----G-GA-----C-G--G-T--A--T--GC-----A--A-----		7710
K.CM.96.MP535	---G-A-----A-----C-----A-----A-----AG-----G--C--T--A--G--GC-----A-----		7687



	Premature stop in HXB2 Tat \	Tat ends most strains \	
B.FR.83.HXB2	GA...CCCAGCAGCCCGAAGGAATAGAAGAAGGTGGAGAGAGAGACAGATCCATTTCGATTAGTGAACGGATCCTTGGCACTTATCTGGGACGATCTGCGGAGCCTGTGCCTCTTCAGCTA		8527
01 AE.CF.90.90CF4071	A-...-A--A--C-----G-----CA--A-----G-G--C-----G--T--A--G--G-----		8453
01 AE.JP.93.93JP NH1	A-...-A--A--C-----C-----CA--G-----G-G-----C--T--A-----GC-----A-----		8514
01 AE.TH.90.CM240	A-...-A--A--C-----G-----C--CA--G-----AG-G-----G--T--A-----GC-----A-----		8080
01 AE.TH.93.93TH9021	A-...-A--A--C-----C-----C--CA-----G--G--GA-----G--T--A-----GC-----A-----		8523
02 AG.CM.02.02CM 1677LE	A-...-A--A--C-----AG-----CA-----AG-G-----G-----T--A--G--GC-----		7705
02 AG.CM.97.97CM MP807	A-...-G-A--C-----C-----CA--A-----G-GA-----G--T--A-----GC-----C--A-----		7707
02 AG.FR.91.DJ264	A-...-A--A--C-----G-G-----CA--A-----G-----C-G-----T--A-----GC-----		7861
02 AG.NG.-.IBNG	A-...-A--A--C-----G-----CA--A-----G-----G-----T--A-----GC-----		8033
02 AG.SE.94.SE7812	A-...-G--A--C-----C-----C-G-CA-----G-G-----G-----T--A-----GC-----		7917
03 AB.BY.00.98BY10443	---...-C-----A-----C-----T--A-----C--A-----G--T-----		8481
03 AB.RU.97.KAL153_2	---...-A-----C-----A-----T--A-----C--A-----T-----T-----		7704
03 AB.RU.98.RU98001	---...-C-----C-----C-----T--A-----C--A-----T-----T-----		7842
04 cpx.CY.94.CY032	---...-T-----G-----C-----C--CA-----AG-----C-----T--C-----C--A-----		7900
04 cpx.GR.91.97PVCH	A-...-GA-----C-----C--CA-----AG-----G-----G--T--C-----C--A-----		8626
04 cpx.GR.97.97PVMY	---...-C-----G--GC-----C--CA-----AT-GA-----T--C-G--G-----C--A-----		8581
05 DF.BE.-.VI1310	---...-A--C-----G-----CA-----G-----A-----G-----C--T--CA-----A--A-----		7933
05 DF.BE.93.VI961	---...-A--C-----G-----CA--G-----G-----GC--C-----TG-C-A-----C--A--A-----		7884
05 DF.ES.99.X492	---CAA-----C-----CA--G-----AG-----GC--G--G--TA-C-A-----C--A--A-----		7847
06 cpx.AU.96.BFP90	---...G-A-----G--A--C-----G-----CA--G--AC-----G-----G--T--A-----GC-----T--T-----		8575
06 cpx.ML.95.95ML127	---...G--A--C-----C-----CA--G--AC-----G-----T--A-----GC-----C--A-----T-----		8520
06 cpx.ML.95.95ML84	A-...GT-----G--C-----G-----CA--G--A-----G-----T--A-----GC-----		7731
06 cpx.SN.97.97SE1078	---...GT-----G--A--C-----G-----CA-----AC-----G-----T--A--T--GC-----A--A-----G-----		8565
07 BC.CN.-.CNGL179	---...-T--G-A--C-----A--CA-----A-----T--A--G--GC-----A-----		7729
07 BC.CN.97.97CN001	---...-T--G-A--C-----CA-----CA-----T--A--G--GC-----C--A-----		7849
07 BC.CN.97.CN54	---...-T--G-A--C-----A--CA-----G-----T--A--G--GC-----C--A-----		7707
07 BC.CN.98.98CN009	---...-T--G-A--C-----CA-----A-----T--A--G--GC-----A-----		7849
08 BC.CN.97.97CNGX 6F	---...-A-G--T--G-A--C-----CA-----A-AC--C-----T--A--G--GC-----C--A--A-----T-----		7706
08 BC.CN.97.97CNGX 7F	---...-A-G--T--G-A--C-----CA-----A-AC-----C-----T--A--GA--GC-----C--A--A-----T-----		7700
08 BC.CN.97.97CNGX 9F	---...-A-G--T--A--C-----CA-----A-AC-----C-----T--C--A--GC-----C--A--A-----T-----		7688
08 BC.CN.98.98CN006	---...-A-G--T--G-A--C-----CA-----A--A-----C-----T--A-----GC-----C--A--A-----T-----		7861
09 cpx.GH.96.96GH2911	A-...-C-----G-----CA--A--T-----A-----G-----T--C--G--GC-----C--A--A-----		7699
09 cpx.SN.95.95SN1795	---...-C-----G-----CA--A-----G-----T--A-----GC-----CT--A--A-----		7726
09 cpx.SN.95.95SN7808	---...-C-----G-----CA--A-----G-G-----T--A-----GC-----CT--A--A-----		7702
09 cpx.US.99.99DE4057	---...-CC-----G-----CA--A-----G-----G-----T--A-----GC-----C--A--A-----T-----		7720
10 CD.TZ.96.96TZ BF061	---...-G-----G-----G-----G-----T--A--G-----C--A--A-----		7879
10 CD.TZ.96.96TZ BF071	---...-CC--G-----G-----T--CT--GA--G-----C--A--A-----		7909
10 CD.TZ.96.96TZ BF110	---...-CA--G-----G-----G-----TA-CA-----A--A-----		7892
11 cpx.CM.02.02CM 4118STN	A-...-G-----C-----G-----CA--G--CAC-----G-----C-----C--G--T--A--GA--GC-----A--A-----		7727
11 cpx.CM.96.4496	A-...G-----G-----C-----G--A-----CA--G--AC-----G-----C--G--T--A-----A--A-----T-----		7874
11 cpx.FR.99.MP1298	A-...-A-----G-----C-----G--A-----CA-----AG-----G-----C-----T--A-----GC-----A--A-----T--T-G-CT-----		8527
11 cpx.GR.-.GR17	A-...-A-----G-----CCA-----G-----CA--G--AC--C-----C-----C--G--T--A-----GC-----A--A-----CT-----		7800
12 BF.AR.97.A32989	A-...-C-----C-----G-----CA--G--A-----AA-----G-----TA-CA-----C--C--A--A-----		8078
12 BF.AR.99.ARMA159	A-...-C-----C-----G-----CA--G--A--T-----G-G-----T--A-----C--A-----A-----T-----		8492
12 BF.UY.99.URTR23	A-...-G-----A--C-----C-----CA--G--A-----G-G-----T--AT--C-----C--A-----		8525
12 BF.UY.99.URTR35	---...G-----T--A--CC-----G-----CA--A-----G-G-----T--AT--C-----CT--A-----		8550
13 cpx.CM.02.02CM 3226MN	A-...-A--A--C-----C-----CA-----A-----G-----T--A-----GC-----C--A-----		7761
13 cpx.CM.96.1849	A-...-A--A--C-----A--C-----G-----CA-----A-----G--C-G--T--A-----GC-----		7952
13 cpx.CM.96.4164	A-...-A--A--C-----A--C-----G-----CA--G-----A-----C--G--T--A--GA--GC-----C--A-----T-----		7919
14 BG.ES.00.X475	A-...-G--A--C-----C-----CA-----A-----A-----G-----T--A--G--GCG-----C--A-----		7944
14 BG.ES.00.X477	A-...-G--A--C-----C-----CA-----A-----A-----G-----T--A--G--GCG-----A-----		7950
14 BG.ES.00.X623	A-...-G-----C-----R-----CA-----AC-----G-G-----G-----T--A-----GCT-----CM-----		7949
14 BG.ES.99.X397	A-...-G--A--C-----C-----CA-----A-----A-----G-----T--A--G--GCG-----A-----T-----		7983
15 01B.TH.02.02TH OUR1331	A-...-A-----C-----C-----C--C--G-----G-G--C-----G-----T--A--T--CT-----A-----		7720
15 01B.TH.02.02TH OUR1332	A-...-A-----G-----C-----C--CA--G-----G-G-----G-----T--A--A--T-----C-----A-----CT-----		7744
15 01B.TH.99.99TH MU2079	A-...G-----A-----A--C-----G-----C--CA--G--A--G-----G-GA-----G-----T--A--C--GC-----		7899
15 01B.TH.99.99TH R2399	A-...-A-----C-----C-----CA--G-----G-G--C-----C-----T--T--T--GC-----A-----		7924
16 A2D.KE.00.KISII5009	AT...-T-----AG-A--C-----G-----A-----CA--G-----G-----C-----CG-A--T--A-----GC--A-----		7693
16 A2D.KR.97.97KR004	AT...-A-----A--G--A--C-----C--G-----CA--G-----G-----G-----G-----T--A--G-----A--C--A-----		7893
N.CM.-.YBF106	---...-A-----A--A--C-----GC-T-----G-CA-----G-----G-----G-----T--G-----G--C--CA--A-----TGA-----CT-----		8036
N.CM.95.YBF30	---...-A-----A--A--C-----G--GC-T-----CA-----G-----G-----G-----G-----T--CA--T-----G--C--C--A-----TGA-----CT-----		8078
O.BE.87.ANT70	A-...G-A-GA-C--A-G-A--C--G--G-----AGA--G--GCC--G-GG--A-CC-CGCC-C-A--G-T--C--GT-G-ACACG--C--CA-A-CAA-AATAT-G-GG-CT--		8575
O.CM.-.96CMABB009	A-...G-A-GA-CAG-A--A--C--G-----A-----G-----G-GG-GCATC--GCA-CCA--G-T--CA--GT-G-ACACG--CAGCA--CAA-CAT-T-G-GG-TT--		8005
O.CM.91.MVP5180	A-...G-A-A-C--A-G-A--C--G-----AG-----GCC--AG-GG-CAGCC--GCCACCA--T--CA--AGT-G-ACACG--CA--CAA-AAT-T-G-GG-CT--		8601
O.SN.99.SEMP1299	A-...G-A-AGC--A-G--C--G-----G-----AC--G--TGCC--CG-TG--A-CC-GGCC-C-A--T--C--GT-G-ACACG--C--CA--CAA-AAT-T-G-GG--		8643
CPZ.CD.-.ANT	AT...-A--GCA--A--A--AG-----AGA--A-----GAT--G-GG-GGGCC--GCA-C--G-T--C--CT-G--TG--C--AC--A-AAT--AG-GG-T--		7986
CPZ.CM.98.CAM5	A-...-A-----GA--G-----C-----C--G-----G-----CGA--G--C--G--G-T--A--T--G-----A-----A--CCTGA-----TT-----		8249
CPZ.GA.-.CPZGAB	A-...-AA-GA--T--G--A--C--C--G-----C--CA-----AG-----AG-GA-----G--A--G--C-----C--C--A--A--G-GA--T--GG-----		8567
CPZ.US.85.CPZUS	A-...-A-----A-----C-----GC-C--A-A-C--AC-T-----A-CGA-----C--G--T--A-----G-----A-----A--CCTGA-----CT-----		8535
Env gp41	G . . . P D R P E G I E E E G G E R D R D R S I R L V N G S L A L I W D D L R S L C L F S Y		Env
Tat exon 2	- . . . P T G P K E S K K K V E R E T D P F D S		Tat
Rev exon 2	- . . . T R Q A R R N R R R W R E R Q R Q I H S I S E R I L G T Y L G R S A E P V P L Q L		Rev
	Premature stop in HXB2 Tat /	Tat ends most strains /	



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

Accession	Sequence	Position	Subtype
B.FR.83.HXB2	CCACCGCTTGAGAGACTTACTCTTGATTGTAACG.....AGGATTGTGGAAGCTTCTGGGACGC.....AGGGGTGGGAAGCCCTCAAATATTGG.....TGG	8615	in subtype C
A1.KE.00.MSA4069	--G--A-----CA--C-----C--A.....C-----A-AGCAGTCTCAAGGGGCTGAGACT-----G-G-----G--CT.....G--	7844	
A1.KE.94.Q23_17	-----CA-----CTG-----C-----A-AGCAGTCTCAAGGGGCTGAGACT-----G-A-----G--CT.....G--	8073	
A1.SE.94.SE7253	--T-----C-----CA-----CC-----C-----A-AGCAGTCTCAAGGGGCTGAGACT-----G-----G--CCT.....G--	7831	
A1.TZ.97.97TZ02	-----A-----CA-----C-----C-----A-AGCAGTCTCAAGGGGCTGAGACT-----G-G-----G--CT.....G--	7819	
A1.UA.00.98UA0116	--G--A-----CA--C-----C--G-----C-----A-AGCAGTCTCAAGGGGCTGAGACT-----G-G-----G--CT.....G--	8623	
A1.UG.85.U455	-----A-----CGC-----G-----AGC-----C-----A-AGCAGTCTCAAGGGGCTGAGACT-----G-G-----G--CT.....G--	8066	
A1.UG.92.92UG037	-----A-----CA-----C-G-----C-----C-----A-AGCAGTCTCAAGGGGCTGAGACT-----G-A-----G--CT.....G--	7997	
A2.CD.97.97CDKS10	-----A-----T-GCA-----G-----C-----A-AGCAGTCTCAAGGGGCTGAGACT-----G-G-----T-----G--	4752	
A2.CD.97.97CDKTB48	-----T-GCA-----C-G-----G-----G-----A-AGCAGTCTCAAGGGGCTGAGACT-----G-----C--CT.....G--	7946	
A2.CY.94.94CY017_41	-----T-GCA-A-----C-G-----C-----C-----A-TGCAGTCTCAAGGGGCTGAGACT-----GT-----GA--CT.....G--	8008	
B.AR.99.ARMA132	-----A-----C-G-----A-----AT-----	7816	
B.AU.95.MBCC54	-----A-----A-----GAT-----C-----	7974	
B.BO.99.BOL0122	-----A-----G-A-----T-----G-----	7816	
B.CN.-.RL42	-----G-----	7968	
B.ES.89.S61K15	-----A-----G-----T-----G-----	8643	
B.GA.88.OYI	-----A-----G-----T-----G-----	8154	
B.GB.83.CAM1	-----G-A-----	8616	
B.NL.86.3202A21	-----G-----	8619	
B.TH.90.BK132	-----G-----	7944	
B.US.83.RF	-----A-GT-----	8160	
B.US.90.WEAU160	-----TC-----C-A-----T-----T-----	8622	
C.BR.92.92BR025	-----A-----A-A-A-----C-G-----AGCG-----AGCAGCCTCAGGGGAATACAG--A-----AT--T-G--T-----G-A	7973	
C.BW.00.00BW3891_6	-----CA-A--G-GAC-G-----AGCG-----AGCAGTCTCAGGGGACTACAG-----T-----CT-----G-A	8005	
C.BW.96.96BW0502	-----A-----CA-A-----C-G-A-----AG-GT-----AG-----T-----CT-----G-A	8098	
C.ET.86.ETH2220	-----A-----C-G-----CA-----AGCAGTCTCAGGGGACTACAG-----A-----T-----CT-----G-A	8012	
C.IL.98.98IS002	-----A-----CA-A--G-G-C-G-----AGCA-----A-----AGCAGCCTCAGGGGAATACAG-----T--G--CTA-----G-A	7964	
C.IN.95.95IN21068	-----A-----CA-A--AG-G-C-G-----AG-GC-----CGCAGTCTCAGGGGACTACAG-----T-----CT-----G-A	8007	
C.IN.99.01IN565_10	-----A-----CA-A--AG-GAC-G-----AGGA-----AT-----T-----CT-----G-A	8013	
C.KE.00.KER2010	-----A-----GCA-A-----G-----G-G-----AGCAGTCTCAGGGGACTACAG-A-----T--G--CT-----G-A	7825	
C.MM.99.mIDU101_3	-----A-----C-----CA-A-CAG-GAC-G-----AG-G--G-----AGCAGTCTCAGGGGACTACAG-----T-----CT-----G-A	7995	
C.TZ.97.97TZ04	-----A-----CA-A--G-GACGG-----AGCA-----AACAGTCTCAGGGGACTACAG-----CCT-----G--	7813	
C.TZ.98.98TZ017	-----A-----CA-A--G-GAC-G-----AGCA-----AGCAGTCTCAGGGGACTACAG-----AT--T--G--CT-----G-A	7972	
C.ZA.01.2134MB	--G-----GCA-A--AG-GAC-G-----AG-G-----AGCAGTCTCAGGGGACTACAGG-----T--G--CTA-----G-A	8064	
C.ZA.97.97ZA003	-----AA-----CA-A--C-GT-----AGCA-----AGCAGTCTCAGGGGACTACAG-----T--G--CT-----G-A	7945	
C.ZM.96.96ZM651	-----A-----CA-A--G-GAC-G-----AGCG-----G-----A-----AGCAGTCTCAGGGGACTACAG-----T--G--CT-----G-A	7991	
D.CD.83.ELI	-----A-----A-----C-GT-----A-----CAT-----CT-----	8151	
D.CD.83.NDK	-----C-A-----A-----C-G-----G-----CCT-----	8119	
D.CD.85.Z226	-----A-----A-----C-G-----G-----CT-----	8608	
D.CM.01.01CM_0009BBY	-----A-----A-----G-----C-----CT-----	7840	
D.KE.01.01KE_NKU3006	-----A-----A-----C-----A-----G--C--T-----	7858	
D.TD.99.MN012	-----A-----A-----C-GT-----C-----CT-----	7826	
D.UG.94.94UG114	-----A-----A-----C-G-----A-----CT-----	7933	
D.UG.99.99UGA08483	-----A-----A-----C-----AC-----T-----T-----CCT-----	7843	
D.UG.99.99UGB21875	-----A-----A-----C-G-----A-----AC-----CT-----G--	7810	
F1.BE.93.VI850	--G-A-----CA-A-A-----C-G-----C-----AGGGGCTGAGG-----T-----CT-----G--	7892	
F1.BR.93.93BR020_1	--G-A-----CA-A-A-----C-G-----C-----AGGGGCTGAGG-----T-----CT-----G--	7919	
F1.FI.93.FIN9363	--G-A-----CA-A-A-----C-G-----C-----AGGGGCTGAGG-----T-----CT-----G--	7911	
F1.FR.96.MP411	--G-A-----CA-A-A-----C-G-A-----C-----C-----AGGGGACTAAGC-----A-----CTA-----	7782	
F2.CM.02.02CM_0016BBY	--G-A-----CA-A-A-----C-G-----C-----AGGGGACTGAAAG-----T-----CT-----	7774	
F2.CM.95.MP255	--G-A-----A-----A-----C-G-----C-----C-----AGGGGAGTGAAAG-----T-----CT-----	7774	
F2.CM.95.MP257	--T-----A-----CA-A-A-----C-G-----C-----C-----AAGGGACTGAAA-----T-----CT-----	7807	
F2.CM.97.CM53657	--G-A-----CA-A-A-----C-G-----C-----A-----AAGGGACTAATA-----AT-----CT-----G--	7786	
G.BE.96.DRCBL	-----CA-----C-G-----CG-----AACAGTCTCAAGGGGACTGAGATT-----T-----	8575	
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----A-----GTG-----C-G-----CA-C-----A-AGCAGCCTCAAGGGGACTGAGACT-----G-----G--T-----G--	7825	
G.FI.93.HH8793_12_1	-----CA-----A-C-G-----CG-----A-AACAGTCTCAAGGGGACTGAGACT-----G-G-----T-----	8006	
G.NG.92.92NG083	-----G-----G-----C-G-A-----CG-----AGCAGCCTCAAGGGGACTGAGACT-----G-----G--C--T-----	7962	
G.SE.93.SE6165	-----CCA-----G-----CA-----GT-----T-----T-----	8054	
H.BE.93.VI991	--G-----C-----G-----G-----GAGA-----CT-CT-----G--	8014	
H.BE.93.VI997	--G-T-----C-----TA-----G-----AA-----G-----CCT-----	7929	
H.CF.90.056	--G-T-----A-----GT-----C-----GAGA-----A-----CTC-----	7934	
J.SE.93.SE7887	-----A-----CG-----C-G-----C-----G-AC-----T-----GAT-----CT-----GT-	7922	
J.SE.94.SE7022	-----A-----CG-----C-G-----C-----G-AC-----T-----GAT-----CT-----GT-	7929	
K.CD.97.EQTB11C	--G-A-----A-----G-----A-----CG-----C-----C-----AGGGGACTGAAAG--A-T-----CCT-----	7798	
K.CM.96.MP535	--G-AA-----A-----A-----A-----G-----CC-----AGGGGACTGAGGG--T-----CT-----	7775	

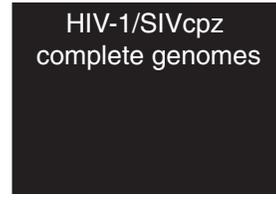


Accession	Sequence	Position	Subtype
B.FR.83.HXB2	CCACCGCTTGAGAGACTTACTCTTGATTGTAACG.....AGGATTGTGGAACCTCTGGGACGC.....AGGGGTGGGAAGCCCTCAAATATTGG.....TGG	8615	Rev CAA Gln -> TAA stop in subtype C
01_AE.CF.90.90CF4071	-----CA-----C-G-----C-----A-AGCAGTCTCAGGGGACTGAGAC-----G-----CT-----G--	8562	
01_AE.JP.93.93JP.NH1	-----CA-----G-----C-----A-AGCAGTCTCAGGGGACTGAGAC-----G-----CT-----G--	8623	
01_AE.TH.90.CM240	-G-----AC-----C-G-----CG-----A-AGCAGTCTCAGGGGACTGAGAC-----G-----CT-----G--	8189	
01_AE.TH.93.93TH9021	-----A-----C-----C-G-----C-----A-AGCAGTCTCAGGGGACTGAGAC-----G-----CT-----G--	8632	
02_AG.CM.02.02CM.1677LE	-----A-----CA-----C-----C-C-----G-----AGCAGTCTCAGGGGACTGAGACT-----CT-----	7814	
02_AG.CM.97.97CM.MP807	-----A-----TG-----TGT-----GG-C-----A-AGCAGTCTCAGGGGACTGAGACT-----T-CT-----G--	7816	
02_AG.FR.91.DJ264	-----A-----TG-----C-GT-----GC-----A-AGCAGTCTCAGGGGACTGAGACT-----T-----CT-----G--	7970	
02_AG.NG.-.IBNG	-----A-----A-----C-G-----C-----A-AACTGTCTCAGGGGACTGAGACT-----G-----CT-----	8142	
02_AG.SE.94.SE7812	-----A-----CG-----C-----G-----C-----A-----A-----CT-----	8005	
03_AB.BY.00.98BY10443	-----A-----C-----C-G-----A-----A-----	8569	
03_AB.RU.97.KAL153.2	-----A-----C-----G-----C-----	7792	
03_AB.RU.98.RU98001	-----A-----C-----G-----C-----	7930	
04_cpx.CY.94.CY032	-G-A-----A-----A-----G-----C-----GATA-----G-CT-----	7988	
04_cpx.GR.91.97PVCH	-----A-----A-----A-----C-----G-----GA-A-----G-CT-----	8714	
04_cpx.GR.97.97PVMY	-G-AA-----A-----G-----A-C-----GATA-----G-A-----G-CCT-----	8669	
05_DF.BE.-.VI1310	-----A-----AC-----A-----GT-----C-----CT-----	8021	
05_DF.BE.93.VI961	-----A-----A-----C-----G-----C-----CT-----	7972	
05_DF.ES.99.X492	-----A-----A-----C-----G-----AG-----G-----CT-----	7935	
06_cpx.AU.96.BFP90	-----A-----CGG-----C-----G-----C-----A-----AT-----CT-----G--	8663	
06_cpx.ML.95.95ML127	-----A-----CG-----C-----G-----C-----G-AC-----A-----GAT-----CCT-----G--	8608	
06_cpx.ML.95.95ML84	-----A-----CG-----C-----G-----C-----AC-----A-----GAT-----CCT-----	7819	
06_cpx.SN.97.97SE1078	-----TA-----CG-----CT-----C-----AC-----A-----GAT-----CCT-----G--	8653	
07_BC.CN.-.CNG1179	-----A-----CA-A-AG-G-C-G-A-----AG-G-----AACAGTCTCAGGGGACTACAG-A-----T-----CT-----G-A	7838	
07_BC.CN.97.97CN001	-----A-----G-G-CA-A-AG-G-C-G-----AG-G-----AACAGTCTCAGGGGACTACAG-A-----T-----CT-----G-A	7958	
07_BC.CN.97.CN54	-----A-----G-CA-CA-AG-G-C-G-----G-G-----AATAGTCTCAGGGGACTACAG-A-----T-----CT-----G-A	7816	
07_BC.CN.98.98CN009	-----A-----G-CA-A-AG-G-C-G-----AG-G-----AACAGTCTCAGGGGACTACAG-A-----T-----CT-----G-A	7958	
08_BC.CN.97.97CNGX.6F	-----A-----CA-A-AC-GAC-G-----AGGG-----AACAGCCTCAGGGGACTACAG-----T-----CT-----G-A	7815	
08_BC.CN.97.97CNGX.7F	-----A-----CA-A-AC-GAC-G-----AGGG-----AACAGCCTCAGGGGACTACAG-----T-----CT-----G-A	7809	
08_BC.CN.97.97CNGX.9F	-----A-----CA-A-AC-GAC-G-----AGGG-----AACAGCCTCAGGGGACTACAG-----T-----CT-----G-A	7797	
08_BC.CN.98.98CN006	-----A-----CA-A-AC-GAC-G-----AGGG-----AACAGCCTCAGGGGACTACAG-A-----T-----CT-----G-A	7970	
09_cpx.GH.96.96GH2911	-----A-----CA-----A-----C-----G-----C-----A-----A-----T-----C-GAT-----CT-----G--	7787	
09_cpx.SN.95.95SN1795	-----A-----CA-----A-----C-----G-----C-----A-----A-----T-----C-GAT-----CT-----G-A	7814	
09_cpx.SN.95.95SN7808	-----A-----CA-----A-----C-----G-----C-----A-----A-----T-----C-GAT-----CT-----G--	7790	
09_cpx.US.99.99DE4057	-----A-----CA-A-----C-----G-----C-----A-----T-----T-----C-GAT-----CT-----G--	7808	
10_CD.TZ.96.96TZ.BF061	-----A-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----CT-----	7967	
10_CD.TZ.96.96TZ.BF071	-----A-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----CT-----	7997	
10_CD.TZ.96.96TZ.BF110	-----A-----A-----A-----C-----C-----T-----AA-----CT-----	7980	
11_cpx.CM.02.02CM.4118STN	-----AA-----CA-----C-----G-----G-AC-----A-----GATT-----CT-----G--	7815	
11_cpx.CM.96.4496	-----A-----CR-----C-----G-----G-AC-----A-----GATT-----YCT-----G--	7962	
11_cpx.FR.99.MP1298	-----A-----CA-----C-----G-----A-----G-AC-----A-----ATT-----CT-----G--	8615	
11_cpx.GR.-.GR17	-----AA-----CA-----G-----G-----AC-----A-----GAGT-----CCT-----G--	7888	
12_BF.AR.97.A32989	-----A-----G-----G-----T-----	8166	
12_BF.AR.99.ARMA159	-----G-----G-----T-----	8580	
12_BF.UY.99.URTR23	-----A-----A-----AT-----	8613	
12_BF.UY.99.URTR35	-----A-----A-----T-----	8638	
13_cpx.CM.02.02CM.3226MN	-----CA-A-----C-----C-----AGCAGCCTCAGGGGACTGAGACT-----G-G-T-----CT-----	7870	
13_cpx.CM.96.1849	-----CA-----C-----C-----A-AGCAGTCTCAGGGGACTGAGACT-----G-G-----CCT-----	8061	
13_cpx.CM.96.4164	-----CA-----C-----C-----AGAGCAGTCTCAGGGGACTGAGACT-----G-G-----CT-----	8028	
14_BG.ES.00.X475	-----A-----CA-----A-----C-----G-----CA-----CT-----AGCAGTCTCAGGGGACTGAGACA-----G-G-----CT-----	8053	
14_BG.ES.00.X477	-----A-----CA-----A-----C-----G-----CA-----CT-----AACAGTCTCAGGGGACTGAGACT-----G-G-A-----CT-----K--	8059	
14_BG.ES.00.X623	-----A-----CA-----G-----C-----G-----CA-----CT-----AGCAGTCTCAGGGGACTGAGACT-----G-G-----CT-----	8058	
14_BG.ES.99.X397	-----A-----CA-----A-----C-----G-----CA-----CT-----AGCAGTCTCAGGGGACTGAGACT-----G-G-----CT-----	8092	
15_01B.TH.02.02TH.OUR1331	-----A-----AG-----G-----G-----C-----AGCAGTCTCAGGGGACTGAGACT-----G-----CT-----G--	7829	
15_01B.TH.02.02TH.OUR1332	-----A-----AG-----G-----G-----C-----AGCAGTCTCAGGGGACTGAGACT-----G-----CT-----G--	7853	
15_01B.TH.99.99TH.MU2079	-----A-----A-----G-----C-----C-----C-----AGCAGTCTCAGGGGACTGAGACT-----G-----CT-----G--	8008	
15_01B.TH.99.99TH.R2399	-----A-----CA-----C-----G-----C-----GA-C-----A-AACAGTCTCAGGGGACTGAGAC-----TT-----CCT-----G--	8033	
16_A2D.KE.00.KISII5009	-----T-GCA-----A-----CG-----C-----G-A-----A-AGCAGTCTCAGGGGACTGAGACT-----A-----G-----CT-----A-	7802	
16_A2D.KR.97.97KR004	-----T-GCA-----C-----C-----G-----C-----AGCAGCCTCAGGGGACTGAGACT-----G-----CT-----	8002	
N.CM.-.YBF106	-----GC-----C-----CA-----G-----C-----GA-C-----AGAGTCTCAGCAGGGGACTGCAACTACT-AAT-----CT-AGA-T-CGC-T-----	8145	
N.CM.95.YBF30	-----C-----C-----AC-G-----C-----C-----AGAGTCTCAGCAGGGGACTGCAACTACT-AAT-----CT-AGA-C-C-C-T-----	8187	
O.BE.87.ANT70	-----T-----CA-----GCA-CAGGGA-CCA-----A-G-GA-CAGCTA-----A-G-TTGGACTGTGGATCCTAGGGCAG-A-ATAATTA-T-TTTG-G-AT-----T-----GCA	8684	
O.CM.-.96CMABB009	-----T-----CA-----A-A-CAGGGA-CCA-----A-C-GAGCAG-----A-----TTTGTCTATGGACTCTGGGGCAA-----ATAACT-----A-----T-GCCTC-----AAA	8114	
O.CM.91.MVP5180	-----T-----CA-----A-A-CAGGGA-CCG-----C-GA-C-CTAC-----TTGGACTGTGGATCCTGGGACAA-A-ACAATT-----TTGT-G-CT-----T-----G-A	8710	
O.SN.99.SEMP1299	-----T-----CA-----GCA-CAGGGA-CCA-----C-G-GA-CAGC-A-----TTGGACTGTGGATCCTGGGACAG-A-ATAATTAGT-TTG-G-CT-----C-----ATA	8752	
CPZ.CD.-.ANT	-----GAT-----GC-----AC-----GT-----ACC-T-----C-----T-----C-----C-----CCTCTGCAGAATTACT-TC	8053	
CPZ.CM.98.CAM5	-----A-----T-----CA-----CC-GTG-----CA-----C-----A-----AGAGCATCAACAAGGGGACTGCAACA-TT-AA-----CTTTAGT-C-----CCTA-----AA	8358	
CPZ.GA.-.CPZGAB	-----GA-----C-----AG-----GC-----G-----A-----GTG-AGACAACCTC-A-----CGT-----G-----A-----AAT-----TTACAGCCTCAGACTGTCTACGG-----GAGA-----GTGCCTGT-----G--	8676	
CPZ.US.85.CPZUS	-----A-----GAG-----A-----A-----C-----G-----CA-----AC-----A-----C-----AGAACATCAACAAGGGGACTGCAACT-TT-AAT-----CT-AGAGC-CGC-----C-----	8644	
Env	H R L R D L L L I V T R I V E L L G R R G W E A L K Y W W		gp41
Rev	F P L E R L T L D C N E D C G T S G T Q G V G S P Q I L V		Rev



	Rev end \	
B.FR.83.HXB2	AATCTCCTACAGTATTGG.....AGTCAG...GAACTAAAGAATAGTGTCTGTAGCTTGTCTCAATGCCACAGCCATAGCAGTAGCTGAGGGGACAGATAGGGTTATAGAAGTAGTAC	8724
01_AE.CF.90.90CF4071	-G--T--GTCA-----G-----G--A-C-----A--CT---TG---T---A--A-----G-G-T-----C-----A--C--	8671
01_AE.JP.93.93JP.NH1	-C--T--GTTA-----C-----GA-T-----A--TCT---TG---T---A-----G-G-T-----C-----C--	8732
01_AE.TH.90.CM240	-T--GTTA-----G-C-----A-T-----A--TCT---TG---T---A-----C--G-G-T-----C-----C--	8298
01_AE.TH.93.93TH9021	-T--GTTA-----G-C-----A-T-----T-A--TCT---T-TG---T---A-----T---A-G-T-----C-----C--	8741
02_AG.CM.02.02CM.1677LE	-----T--GCA--C-----G-G-----G-----G-----A--AT---T--A-A-T---A---T-----A--TT-C-----C--A-C-----A--G--	7923
02_AG.CM.97.97CM.MP807	-----T--TCA--C-----G-C-G-----A--AT---TG--A-AGT--A---T-----A--CT-C-----A--A-----A--G--	7925
02_AG.FR.91.DJ264	-----T--GCA--C-----G-G-----A--AT---TG--A-A-T---A---T-----A--CT-C-----C--A-----A--G--	8079
02_AG.NG.--IBNG	-----T--TCA--C-----GT-----TA--TCA--C-----A--AT---T--A-A-T---A---T-----A--CT-----C--A-----A--G--	8251
02_AG.SE.94.SE7812	-----T--TC--C-----G-----A--T---TG--A--T---A---T-----A--TT-----C--A-----C-----	8114
03_AB.BY.00.98BY10443	-----T-----T-----G-----A--ATC--A-A---A--T---A---T-----G-T-----A--G--	8678
03_AB.RU.97.KAL153_2	-----T-----G-----A--ATC--A-AGG--A--T---A---T-----G-T-----A--G--	7901
03_AB.RU.98.RU9800I	-----T-----G-----A--ATC--A-A---A--T---A---T-----G-T-----A--G--	8039
04_cpx.CY.94.CY032	--CT---G-T-----G-A-----G-----A--AT---T-T---A---A-----A-----A-----C-----	8097
04_cpx.GR.91.97PVCH	--C---G-T-----G-A-----G--G-----A--AT---TG--A---A-----A-----A--C-----C-----	8823
04_cpx.GR.97.97PVMY	--C---G-T-----G-A-----GA--G--G-----A--T---TG--A---AG-----A-----A-----C--G--	8778
05_DF.BE.--VII310	-GC---CG--A-----G-----A-----T---A---AG--T-----A-----CTT-G--	8130
05_DF.BE.93.VI961	-G-----G-----A-----T---A---AG--T-----AA--C-----CTT-G--	8081
05_DF.ES.99.X492	-G-----A-----T---CA-----A---T-----C--A--C-----CTT-G--	8044
06_cpx.AU.96.BFP90	--C--GA--TGT-----G-A-----C-----A--T--AT-TG--AG--A-----A--CT-----GC-----	8772
06_cpx.ML.95.95ML127	-GC--GG--GTG-----G-A-----A--AT--A--TG--A--A---A-----A--C-----A-----	8717
06_cpx.ML.95.95ML84	-C--GG--GTGT-----G-A-----A--AA--TG--A--A---A---T-----A--CT-----A-----	7928
06_cpx.SN.97.97SE1078	-C--GG--GTGT-----G-A-----A--A--T--A--TG--A--A---A-----A--TT-----A-----A--G--	8762
07_BC.CN.--CNGL179	-G--TG-G--C-----G-----G--A--G--A--A---TC--G-TG--A--T---A-----A--A-----A-----T--	7947
07_BC.CN.97.97CN001	-G--TG-G--C-----G-----G--A--G--A--A---TC--G-TG--A--T---A-----A--A-----A-----T--	8067
07_BC.CN.97.CN54	-G--TG-G--C-----G-----G--A--G--A--A---TC--G-TG--A--T---A-----A--A-----A-----T--	7925
07_BC.CN.98.98CN009	-G--TG-G--C-----G-----G--A--G--A--A---TC--G-TG--A--T---A-----A--A-----A-----T--	8067
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	-G--TG-G-----G--T-----G--A--G--A--A---TC--G-TG--A--T---A-----A--A-----A--A--CAG-----	7924
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	-G--TG-G-----G--T-----G--A--G--A--A---TC--G-TG--A--T---A-----A--A-----A--A--CA-----	7918
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	-G--TG-G-----G--T-----G--A--G--A--A---TC--G-TG--A--T---A-----A--A-----A--A--CA-----	7906
08_BC.CN.98.98CN006	-G--TG-G-----G-G-TA-----G--A--G-----C--T-TG--A--T---A-----A--A-----A--G--A--CA-----	8079
09_cpx.GH.96.96GH2911	-----TGCG--A-----G-----A--T---T---A---A-----T-----C-----TT-G--	7896
09_cpx.SN.95.95SN1795	-----TGCG--A-----G-----A--T---T---A---A-----T-----C-----TT-G--	7923
09_cpx.SN.95.95SN7808	-----TGCG--A-----G-----T---T---A---A-----T-----A-----TT-G--	7899
09_cpx.US.99.99DE4057	--C--TG--A-----A-----T---A---A---A-----T-----AA--C-----CTT-G--	7917
10_CD.TZ.96.96TZ.BF061	-----A-----T-----A-----TG--A--T---A---A-----GCT-----A-----	8076
10_CD.TZ.96.96TZ.BF071	-----G--A-----TC-----A-----TG--A-----AG-----C-----A-----	8106
10_CD.TZ.96.96TZ.BF110	--C--GA--A-----T-----A-----T---A---A---A-----T-----A-----C-----A-----	8089
11_cpx.CM.02.02CM.4118STN	-G--TGC-----G-C-----G--CA--G-----T---TG-----T-----CA--A-----A-----C--C--	7924
11_cpx.CM.96.4496	-----AGC-----G-C--A-----G-----A--T---T---A---A-----AA--A-----G-----C--	8071
11_cpx.FR.99.MP1298	-----T--T-----G--A-----A--T---T---A---A-----A--A-----AA--A-----A-----C--	8724
11_cpx.GR.--GR17	-----AGC-----G-C--A-----G--G-----A--T---T-----A---A-----A-----G-----C--	7997
12_BF.AR.97.A32989	-----G-----A--C-----T---A--T---A---T-----A-----A-----CTT--	8275
12_BF.AR.99.ARMA159	-----G-----A-----T---A--A---T-----G-----AA--T-----CTT-G--	8689
12_BF.UY.99.URTR23	-----C-----A-----T---A--A---T-----A-----AA-----CTT-G--	8722
12_BF.UY.99.URTR35	-----C-----A-----T---A--A---T-----A-----AA-----CTT-G--	8747
13_cpx.CM.02.02CM.3226MN	-----A--GGTA-----G-----A--T-----A--CT---TG--AGT---AG--A-----T-----A-----GAC--G--	7979
13_cpx.CM.96.1849	-----GGTA-----G--G-----A--T-----A--C---TG--AGT---A--T-----T-----A-----GAC--G--	8170
13_cpx.CM.96.4164	-----GTTA-----G--G-----A--T-----T-A--TCT---T-TG--A--T-T---AG-----A-----GA--G--	8137
14_BG.ES.00.X475	-----T--GTTA-----G--G-----CA--AT---TG--A-AGT--A-----A--CT-----A--Y-----G--	8162
14_BG.ES.00.X477	-----T--GTTR-----G--G-----CA--AT---TG--A-AGT--A-----AC-----A--CT-----A--C-----G--	8168
14_BG.ES.00.X623	-----T--GTT-----G--G-----CA--AT---TG--A-A-T---A-----A--CT-----A--C-----G--	8167
14_BG.ES.99.X397	-----T--GTTA-----G-----CA--AT---TG--A-AGT--A---AT-----A--CT-----A--C-----G--	8201
15_01B.TH.02.02TH.OUR1331	-----T--GATA-----C-----A--C-----A--TCT---TG--T---A-----G--G--T-----A--AC--	7938
15_01B.TH.02.02TH.OUR1332	-----T--GTTA-----G--A-----G--A--C-----A--TCT---TG--A--T---A-----G--G--T-----C--	7962
15_01B.TH.99.99TH.MU2079	-----T--GTT-----G--C-----A--T-----A--TCT---TG--A--T---A-----G--G--T-----C--	8117
15_01B.TH.99.99TH.R2399	--C--T--G--TA-----G-----A--T-----A--TCT---T--T---T---A---A-----G--G--T-----C--	8142
16_A2D.KE.00.KISII5009	-----GTTA--C-AA-----G-----G--G--A-----A--T--AG--T---A--T---A-----A--A-----GC--A--	7911
16_A2D.KR.97.97KR004	--C--T--GTT-----G--G-----G-----A-----T--AT--T-----T-----A-----A-----A-----	8111
N.CM.--YBF106	GGAA-AA--GCA-----G-AA-A-----GT---AG-----A--C-----T---A--A---T---T-T---A-----T---C--	8254
N.CM.95.YBF30	GGAA-A--TGCA-----G-AA-A-----GT---G-G-----A--C-----T---A--A---T---T-T---A-----T---C--	8296
O.BE.87.ANT70	GC-G-AAC--A--C-----CTA--A-----T-GC-----ACA-----AG--CA--ACTT--AG--G-----CA--TT---T--CG--CA--A--C--C--GGA--	8793
O.CM.--96CMABB009	GC-G-AA--A--C-----CTA-----T-GCGA-----ACA-ATC--A--AG--R---TT--AG--G---ACT--CA--TT---T--C--CA---CTT--GT--C--	8223
O.CM.91.MVP5180	GC-G-AA--G--A-----CTA--A-----T-G--A-----ACA-A--C-----TG--A--T--TT--AG--GT---T--CA--TT---T--CG--CA--C--CTT--GTC--	8819
O.SN.99.SEMP1299	GC-G-AA--A--C-----CTA--A-----GT-GC-----ACA--C--A--AG--A---TT--AG--G---T--CA--TT---T--TC--CAA--A---TTT--GCA--	8861
CPZ.CD.--ANT	-GA--GTGCA--CC--CT--GAGAACAACTCTCAGCACCTCTG--ACAAT--A--C--GA--C--GAGATCA---AGAACA--TG--CAGACTT--T--TTGG---GG--AAAA-----CA--AC--TCT--CTC--C	8183
CPZ.CM.98.CAM5	GGAG--A--ACA--C-----G--AAGA-----G--A--C--A--T-----ACA-----AT--AG--A--A---A--T-----A--T--A-----AA-----GT--T--	8467
CPZ.GA.--CPZGAB	GGAA--TA--T--A-----G--AA-----G--A--A-----A--A--C-----TG-----A--A---T---T-----A--A--T-----AA--A-----CTT--T--	8785
CPZ.US.85.CPZUS	GGGG--AA--CGCT--C-----GCAAG-----G-----AGT-----ACA-----AT--AG--A--A---A-----A--A--T-----AA-----T--AC--A	8753
Env	N L L Q Y W S Q . E L K N S A V S L L N A T A I A V A E G T D R V I E V V	Env
Rev	E S P T V L E S . G T K E S	Rev

Rev end /





HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	Env gp41, gp160 end \	/ Nef start	
B.FR.83.HXB2	AAGGAGCTTGTAGAGCTATTCCGCCACATACCTAGAAGAATAAGACAGGGCTTGGAAAGGATTTTGCTATAA.....	GATGGGTGGCAAGTGGTCAAAAAGTAGTGTGATGGATGGCCTAC	8840
A1.KE.00.MSA4069	--A-AT-G-----T-----C-----T-----AGC-----C-----G-----CA-AG-G-----GA		8069
A1.KE.94.Q23_17	--A-AT-G-----C-T-----GT-----C-----A-----GC-----C-----G-----CA-AG-G-----GA		8298
A1.SE.94.SE7253	--A-AT-G-----T-A-----T-----T-----GA-GC-----T-----A-----CA-AG-G-----G-GA		8056
A1.TZ.97.97TZ02	--GAT-G-----T-----C-----A-----AGC-----A-----C-----GA-----C-----CA-AG-G-----GA		8044
A1.UA.00.98UA0116	--A-TT-----TA-----G-----C-----GCA-----GC-----A-----C-----G-----A-----CA-AG-G-----CA		8848
A1.UG.85.U455	--AC-AT-G-----T-A-----C-----A-----A-----GC-----C-----G-----AG-----CAGAG-G-A-----GA		8291
A1.UG.92.92UG037	--A-GCT-G-----T-A-----C-----G-----C-----GC-----A-----C-----AA-----G-----T-CA-AG-G-----GA		8222
A2.CD.97.97CDKS10	--A-----C-----T-A-----C-----C-----AGC-----A-----A-----GAA-----C-----CA-AG-G-----G-		4977
A2.CD.97.97CDKTB48	--A-----C-----C-----A-----C-----C-----GCG-----A-----A-----G-----A-----CCA-AG-G-----GA		8171
A2.CY.94.94CY017_41	--A-----TC-----T-A-----C-----A-----GC-----A-----A-----G-----G-----CA-ACCA-----G-		8233
B.AR.99.ARMA132	--A-CT-----T-----A-----A-----GC-----A-----A-----T-----A-----T-----G-		8035
B.AU.95.MBCC54	--A-----A-----C-----T-----C-----C-----T-----GC-----A-----A-----G-----G-----AC-----A-----AGG-		8199
B.BO.99.BOL0122	--A-----A-----T-----C-----A-----A-----GC-----C-----A-----AG-----G-----G-----G-		8035
B.CN.-.RL42	--A-----A-----T-----C-----A-----A-----GC-----C-----CA-----A-----T-----G-		8193
B.ES.89.S61K15	--A-----T-----T-----A-----A-----GC-----A-----AAA-----G-----G-----G-----G-		8868
B.GA.88.OYI	--A-----A-----T-----T-A-T-----A-----A-----GC-----T-----A-----AG-----G-		8379
B.GB.83.CAM1	--A-----T-----T-----A-----A-----C-----A-----C-----G-----G-----T-----G-		8841
B.NL.86.3202A21	--A-----G-----T-----GT-----A-----TC-----GC-----AGC-----AGC-----G-----G-----G-		8849
B.TH.90.BK132	--A-----T-A-----T-A-----C-----C-----GC-----A-----A-----TG-----G-----G-----G-		8163
B.US.83.RF	--A-AT-CT-----T-----TT-----A-----GC-----G-----A-----A-----AGA-----GG-----G-		8385
B.US.90.WEAU160	--A-----A-----T-----A-----A-----GC-----G-----A-----TA-----C-----GT-----G-		8847
C.BR.92.92BR025	----AT--G-----CT--A-----C-----T-----GCAGC-----A-----A-----GAA-----A-----T-----ACAG-G--C-----G-		8198
C.BW.00.00BW3891_6	T-----AT-----C-----A-----G-----C-----T-----GCAGC-----A-----A-----G-----G-----C-----A-----AG-----G-		8230
C.BW.96.96BW0502	--A-AT-----G-----T-----GCAGC-----A-----A-----G-----T-----C-----A-----AG-----G-		8317
C.ET.86.ETH2220	--A-AT-----G-----T-----CT--A-----A-----GCAGC-----A-----A-----G-----C-----AT-----T-----CCAG-A-----G-		8237
C.IL.98.98IS002	--AACAT--G--A--CT--A-----A-----T-----GCAGC-----A-----A-----AA-----C-----T-----CCAG-G-----G-		8189
C.IN.95.95IN21068	--A-AT-----G-----C-----A-----T-----T-----GCAGC-----A-----A-----G-----C-----T-----C-----CA-AG-----GA		8232
C.IN.99.01IN565_10	--A-AT-----C-----CTA-A-T-----A-----T-----GCAGC-----A-----A-----G-----GC-----C-----G-----G-		8232
C.KE.00.KER2010	--A-AT-----C-----TTA-----C-----C-----T-----GCAGC-----C-----A-----C-----C-----CA-AG-----G-		8050
C.MM.99.mIDU101_3	--CA-AT-----C-----A-----T-----T-----GCAGC-----AG-----A-----G-----G-----C-----CA-AG-----G-		8220
C.TZ.97.97TZ04	GG--AT--C-----C-----A-----A-----T-----CAGC-----AG-----A-----G-----C-----A-----AG-----G-----G-		8038
C.TZ.98.98TZ017	--GA-AT-----C-----A-----A-----A-----ACT-----TAG-----AG-----A-----G-----G-----GCC-AAA-AG-----G-----T-----G-		8197
C.ZA.01.2134MB	--A-AT-----CT--A-----C-----G-----A-----T-----T-----CAGC-----A-----A-----G-----A-----C-----CA-AG-----A		8289
C.ZA.97.97ZA003	--A-AT-----CT--TA-----T-----G-----A-----T-----T-----GCAGC-----A-----A-----G-----C-----CA-----G-----G-		8170
C.ZM.96.96ZM651	--A-AT-----C-----A-----G-----A-----T-----T-----CAGC-----A-----A-----G-----T-----C-----A-----AG-----G-		8216
D.CD.83.ELI	--A-----C-----G-----TTA-----C-----A-----TC-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----AG-G-----G-		8376
D.CD.83.NDK	--A-----C-----T-----TTA-----G-----C-----C-----C-----A-----C-----T-----A-----A-----A-----T-----AG-----G-		8344
D.CD.85.Z226	G-A-----C-----G-----TT-----C-----C-----A-----A-----C-----T-----C-----C-----GA-----A-----AG-----G-		8833
D.CM.01.01CM_0009BBY	--A-----T-----GC-----TT-----T-----C-----C-----A-----T-----A-----GC-----G-----A-----A-----A-----AG-----G-		8065
D.KE.01.01KE_NKU3006	--A-----T-----GT-----TTA-----C-----C-----C-----A-----T-----A-----GC-----G-----A-----A-----A-----AG-----G-		8083
D.TD.99.MN012	--A-----G-----G-----TTA-----C-----G-----T-----C-----GC-----G-----A-----A-----G-----A-----AG-----C-----G-		8051
D.UG.94.94UG114	--A-----GT-----TTA-----GT-----C-----G-----A-----A-----GC-----A-----A-----A-----A-----AG-----G-----G-		8158
D.UG.99.99UGA08483	--A-----AC-----TTA-----C-----C-----C-----A-----A-----GC-----A-----A-----A-----G-----A-----AG-----G-----G-		8068
D.UG.99.99UGB21875	--A-----G-----TT-----C-----C-----C-----C-----GC-----A-----A-----A-----A-----A-----AG-----G-----G-		8035
F1.BE.93.VI850	--A-----G-----G-----T-----A-----GCA-----GC-----G-----A-----G-----C-----A-----AG-----G-----G-		8117
F1.BR.93.93BR020_1	--A-----G-----T-----A-----GC-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----AG-----G-----G-		8144
F1.FI.93.FIN9363	--A-----GT-----G-----T-----A-----A-----AG-----A-----GC-----A-----A-----A-----A-----A-----AG-----G-----G-		8136
F1.FR.96.MP411	--A-----G-----G-----T-----A-----G-----G-----A-----A-----G-----A-----T-----A-----A-----AG-----G-----G-		8007
F2.CM.02.02CM_0016BBY	--A-----G-----T-----T-----C-----GC-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----AG-----A		7999
F2.CM.95.MP255	--A-----G-----G-----C-----T-----A-----TGCT-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----AG-----A		7999
F2.CM.95.MP257	--A-----G-----G-----T-----A-----TC-----T-----AGC-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----AG-----G-		8032
F2.CM.97.CM53657	--A-----G-----T-----TGCA-----GC-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----AAAG-----G-		8011
G.BE.96.DRCBL	--A-----G-----G-----T-----A-----A-----AGC-----A-----A-----AAA-----G-----AA-----AGC-----CGA		8800
G.CM.01.01CM_4049HAN	--C-----G-----T-----T-----A-----A-----A-----AGC-----A-----A-----A-----A-----A-----CA-----AG-----A		8050
G.FI.93.HH8793_12_1	--C-----T-----G-----T-----TTA-----C-----C-----G-----A-----A-----AGC-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----G-		8222
G.NG.92.92NG083	--A-----A-----T-----A-----G-----C-----G-----A-----A-----A-----AGC-----A-----A-----G-----CA-----AG-----CA		8187
G.SE.93.SE6165	--A-----A-----C-----T-----A-----C-----G-----A-----A-----A-----AGC-----C-----T-----A-----A-----CA-----AG-----CGA		8279
H.BE.93.VI991	--A-----G-----C-----T-----T-----T-----GC-----C-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----G-----G-		8240
H.BE.93.VI997	--A-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----AG-----G-----G-		8155
H.CF.90.056	--A-----G-----T-----T-----A-----GC-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----GA-----GG-----G-----T-----		8160
J.SE.93.SE7887	--A-----T-----TT-----T-----A-----AGC-----A-----A-----GAA-----A-----CA-----CA-----CA-----CA-----CA		8135
J.SE.94.SE7022	--A-----T-----TT-----T-----A-----AGC-----TT-----A-----A-----AGC-----A-----GAA-----CA-----CA-----CA-----CA		8142
K.CD.97.EQTB11C	--CA-----T-----T-----A-----TT-----T-----AC-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----AG-----T-----		8023
K.CM.96.MP535	--A-----T-----T-----A-----TT-----TC-----C-----AGC-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----AG-----G-		8000



```

Env gp41, gp160 end \ / Nef start
B.FR.83.HXB2 AAGGAGCTTGTAGAGCTATTTCGCCACATACCTAGAAGAATAAGACAGGCTTGGAAAGGATTTTCTATAA.....GATGGTGGCAAGTGGTCAAAAAGTAGTGTGATTGGATGGCCTAC 8840
01_AE.CF.90.90CF4071 --A-----G-----C-----T-----C-----A-----GC-----C-----CAA-----CA 8775
01_AE.JP.93.93JP.NH1 -G-----G-----C-----T-----C-----A-----GC-----G-----C-----A-----CA-AG-G-----CA 8848
01_AE.TH.90.CM240 -----G-----C-----T-----C-----A-----C-----G-----C-----AA-T-----CA-AG-G-----CA 8414
01_AE.TH.93.93TH9021 -----G-----C-----T-----C-----C-----GC-----C-----A-----CA-AG-G-----CA 8857
02_AG.CM.02.02CM.1677LE --A-CT-G-----A-----CC-----C-C-----TC-----T-----C-----CA-AG-G-----CA 8039
02_AG.CM.97.97CM.MP807 --A-----G-----TTA-----C-----G-----C-----GC-----C-----A-----CC-AG-G-----CCA 8041
02_AG.FR.91.DJ264 --A-T-G-----TA-----GT-----C-----A-TC-C-----GC-----C-----C-----CT-AG-G-----A 8195
02_AG.NG.--.IBNG --A-TGG-----A-----C-----C-----GC-----C-----C-----C-----CA-AG-G-----A 8367
02_AG.SE.94.SE7812 --A-----G-----T-A-----G-----C-----T-----GC-----C-----C-----C-----CA-AG-G-----CA 8230
03_AB.BY.00.98BY10443 --A-TT-----A-TA-----G-----C-----GCA--A-GC--A-----C-----G-----A-----CA-AG-G-----CA 8794
03_AB.RU.97.KAL153_2 --A-TT-----G-TA-----G-----C-----GCA--A-GC--A-----C-----G-----A-----CA-AG-G-----CA 8017
03_AB.RU.98.RU98001 --A-TT-----A-GC-----TA-----G-----C-----GCA--A-GC--A-----C-----G-----A-----CA-AG-G-----CA 8155
04_cpx.CY.94.CY032 -GA-----T-A-----C-----C-----T-----AGC-----T-----A-----A-----A-----CA-AG-----GA 8213
04_cpx.GR.91.97PVCH -GA-----A-----A-----G-----C-----T-----AAGC-----T-----A-----A-T-A-----CT-AG-G-----G 8939
04_cpx.GR.97.97PVMY -GA-AT-----T-A-T-----C-----T-----AGC-----T-----A-----A-----AAAT-A-----AG-----AG 8883
05_DF.BE.--.VI1310 --A-----G-----T-A-----C-----A-----GC-----A-----A-----A-----AG-----G-----G 8246
05_DF.BE.93.VI961 --A-----G-----G-TTA-----A-----A-----AGC-----A-----A-----A-----GA-AG-----G-----G 8197
05_DF.ES.99.X492 --A-T-G-----TTA-----A-----A-----AGC-----A-----A-----A-----AC--A-AG-----T--G 8160
06_cpx.AU.96.BFP90 --A-AT-T-----T-TTA-G-----A-A-T-----AGC-----A-----A-----AAA-A-----T-----CA 8876
06_cpx.ML.95.95ML127 --A-----T-----G-G-TTA-----C-----A-A-T-----AGC-----A-----A-----AA-A-----CA-AG-G-----CA 8833
06_cpx.ML.95.95ML84 --A-----T-----G-TTA-----A-GGCA-----AGC-----A-----A-----A-----CC-AG-----CA 8044
06_cpx.SN.97.97SE1078 --A-T-T-----T-C-TTA-G-C-----A-A-T-----AGC-----A-----A-----A-----C-CA-AG-G-----A 8878
07_BC.CN.--.CNGL179 -----TT-----CTA-A-----T-----GCAGC-----A-----A-----G-----A-----G-----CA-AG-----G 8063
07_BC.CN.97.97CN001 -----CT-----CTA-A-----T-----GCAGC-----A-----A-----G-----G-----G-----CA-AG-----G 8183
07_BC.CN.97.CN54 -----CT-----GCAGC-----CTA-AG-----T-----GCAGC-----A-----A-----G-----G-----G-----CA-AG-----G 8041
07_BC.CN.98.98CN009 -----CT-----CTA-A-----T-----GCAGC-----A-----A-----G-----G-----G-----CA-AG-----GA 8183
08_BC.CN.97.97CNGX_6F -----AT-----C-A-A-G-----T-----GCAGC-----A-----A-----G-----A-----G-----CA-AG-G-----G 8040
08_BC.CN.97.97CNGX_7F -----AT-----C-A-A-G-----T-----GCAGC-----A-----A-----G-----A-----G-----CA-AG-----G 8034
08_BC.CN.97.97CNGX_9F -----AT-----C-A-A-----T-----GCAGC-----A-----A-----G-----G-----G-----CA-AG-----G 8022
08_BC.CN.98.98CN006 -----AT-----C--A-----T-----GCAGC-----A-----A-----G-----G-----G-----CA-AG-----G 8195
09_cpx.GH.96.96GH2911 --A-G--G-----C-TT-T-----C-----T-----GC-----C-----C-----RCA-AG-G-----GA 8012
09_cpx.SN.95.95SN1795 --A-G--G-----C-TT-----C-----T-----AGC-----C-----C-----G-----AAA-AG-A-----GA 8039
09_cpx.SN.95.95SN7808 --A-G--G-----G-C-TT-----C-----C-----GC-----C-----C-----A-----A-AG-G-----GA 8015
09_cpx.US.99.99DE4057 --A-G--G-----C-T--G-----C-----A-----GC-----C-----C-----A-----AGA-CGC-----AGA 8033
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061 --A-----GTC-----TTA-----C-C-----G-----GC-----A-----A-----A-----A-----AG-----CA 8192
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071 --A-----GT--A-G-GATTA-----C-C-----G-----GC-----GC-----C-----A-----A-----A-----AG-----G 8222
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110 --A-----GT-----G-TTA-----C-C-C-----T-A-----AGC--A-----A-----A-----A-----T-CTG-----G 8205
11_cpx.CM.02.02CM.4118STN T-A-AT-TA---G---C-T-----T-----C-C-----C-----C-A-----C-----C-C-CA-AG-G-----GA 8040
11_cpx.CM.96.4496 -GA--T-TA-----AT-----C-----A-T-T-----TAGC-----C-----A-C-----CA-AG-G-----GA 8187
11_cpx.FR.99.MP1298 --TA---C-TA---T-----T-----C-----C-----GC-----GGGCTTGGCTATAAC-----A-----G-CA-AG-G-----GA 8854
11_cpx.GR.--.GR17 -TA-----TA-----A-T-A-T-----T-----GC-----C-----A-T-----CA-AG-G-----GA 8113
12_BF.AR.97.A32989 --A---G---A-----T-A-----GC-----A-----A-----GC-----C-----T-ACG-----CA 8391
12_BF.AR.99.ARMA159 --A-AT-G-----G-T-A-GC-----G-----A-----A-----GC-----C-----A-AG-----GA 8805
12_BF.UY.99.URTR23 --A-T-G-----G-T-A-GC-----T-----G-----GC-----C-----A-----GA-----GA 8835
12_BF.UY.99.URTR35 --A---G-----T-A-----T-----GC-----A-----A-----GC-----A-----AG-A-----GA 8863
13_cpx.CM.02.02CM.3226MN --A-AT-G-G---G---T-----G-C-----A---C-----GC--A-A-----C---G---A-----C---CA-AG-G-----AGA 8095
13_cpx.CM.96.1849 --A-AT-G-G---G---T-----G-C-----C-----C-----GC--A-A-----C---C---CACAG-G-----AG- 8286
13_cpx.CM.96.4164 --A-AT-G-G---G---T-----G-C-----C-----A---C-----GC--A-A-----C---C---CA-AG-G-----AG- 8253
14_BG.ES.00.X475 T-A--T-G---G---G---TTA-T-----GT-----A-----A-----AGC-C-TT-----C---GAA-----G---G---GA 8266
14_BG.ES.00.X477 --A-BG-G---G---AT--T-----A-----A-----AGC-C-TT-----C---GAA-----T-C...A-AGCA--G---GA 8281
14_BG.ES.00.X623 -TA--T-G---G---T--T-A-----A-----A-----AGC-----C---G-----C---TCCA-AG--G---GA 8283
14_BG.ES.99.X397 --A--T-G---G---T-A-T-----GT-----C---A---T-----AGC-C-TT-----C---G-----G---G---CGA 8305
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331 --A---G-----T-----C-----A-----T-----C---A-----CA-AG-G-----CA 8054
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332 --A---G-----T-----C-----A-----AGCC-----C---A-----C---CA-AG-G-----T---CA 8078
15_01B.TH.99.99TH_MU2079 --A---G---C---T---G-----C-----T---C-----GC-----C---AA-----CA 8221
15_01B.TH.99.99TH_R2399 --A---G---CT---T-----C-----A-----GC-----C---A-----C---CACAG-G-----CA 8258
16_A2D.KE.00.KISII5009 --A-AT-G-C-----A-G-----C-----C-----A-----GCA--A-----A---G-----C---T-CA-AG-A-----GA 8027
16_A2D.KR.97.97KR004 --A---C-----AT-A-----C-----A-----A-G-AGC--A-----A---G-----A---CT-ACCA-----G 8227
N.CM.--.YBF106 --A-ATAG-A-G-GA-ATTA-----C-----C-A-A-----AGCAC-TT-----A---AAAA-TT-----G---C---CC-AG-A-----AGA 8370
N.CM.95.YBF30 --A-ATAG-A-G-GA-ATTA-----C-----C-A-C-A-----AGCAC-A-----A---AAAG-TT-----G---C---CC-AG-A-----AGA 8412
O.BE.87.ANT70 --A-ATAG-A-C-GA---TA---C-A-G---T-----A-----A-G---AT-G-----C---AAA-GCA-T-AG---AAT-TGAG---G-AG- 8909
O.CM.--.96CMABB009 --A-ATAG-A-G-GA---T-TA---C-A-G---T-----A-G-A---A-GC---AT-G-----C---AAAT-TACTAA---AATATTCA---AG- 8339
O.CM.91.MVP5180 --A-ATAG-ACA-GAT-C-TT---C-A---T-----A-TGCA---A-C-AG-G-----C---GAATGCA---AGC---C-AAT-TGCA---T-AGA 8935
O.SN.99.SEMP1299 --A-GATAG-A---GA---TTA---C-A---T-----A-----A-G---AT-----C---AAA-GTA-T-GGT---GA---TAT-T-AG---T-AG- 8977
CPZ.CD.--.ANT --ACTATAGTC---ATC--AA-GG-AG---GC-C---A-G---TGCA--AAAT---A-----C---TCTGCA---T---TC-AG-----GT-GG 8291
CPZ.CM.98.CAM5 --AT--TAG-G---GC---TA---T-----G---T-----A-T-A---A-G---T-----C---AA-----C---G-G---G-AG- 8583
CPZ.GA.--.CPZGAB --T-TA-ACT---AT---A-AA---C---GC-C---A-GC---AGC---A-T---GCACTG..CATTAA---AAC---A---T---C---G-A-----GA 8913
CPZ.US.85.CPZUS G-A-GCTC-T-CT-G---ATA-----A-----T---G-A---C-A-G-A-GC---AT-----AA-----T---G---CA-AG-A-----AGA 8867
Env Q_G_A_C_R_A_I_R_H_I_P_R_R_I_R_Q_G_L_E_R_I_L_L_$.....M_G_G_K_W_S_K_S_S_V_I_G_W_P_T Nef
Env gp41, gp160 end / \ Nef start

```



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B. FR. 83. HXB2	TGTAAGGGAAAAGAAATGAGA...CGAGCT.....GAGCCAGCA.....GCAGATAGGGTGGGAGCAGCATCTCGAGACCTGGAAAAACATGGA	8919
A1. KE. 00. MSA4069	G-T-----G-----T-T.....CCT-----TCAG-A-A-----T-----A--TT-A-T--T-----	8148
A1. KE. 94. Q23_17	GA-T-----T-----C-----CCT-----CCAG-A-A-----T-----A--T-A-T-----	8377
A1. SE. 94. SE7253	G-C-----GC-A-----AGA-----CTTG-----AGAG-A-A-----T-----A--TT-A-T-----	8135
A1. TZ. 97. 97TZ02	G-T-----T-----CGT.....GCTCCTT-----GCCAG-A-A-----T-----A--TT-A-T-----	8129
A1. UA. 00. 98UA0116	GA-T-----T-A-----CCT-----CT-----AGAG-A-A-----C-----T-----A--TT-A-T-----	8930
A1. UG. 85. U455	G-T-----A-----GA-A-----CCTG-----A-AG-A-A-----T-----A--TT-A-T-----	8370
A1. UG. 92. 92UG037	G-T-----A-----A-A-CCTACAGCAGCAAGGGAA...AGAACAAGACAAGCCCTA-----A-AG-A-A-----T-----A--TT-A-T-----	8334
A2. CD. 97. 97CDKS10	-A-T-----G-----A-----A-A-CCTCCAGCAGCAGAAAGAGTAGGGGCAACAGCAAACTCCC-----AG-A-A-----TG-----T-----TT-AACT-C-----	5095
A2. CD. 97. 97CDKTB48	GA-T-----A-----CCTCCAGCAGCAGAA...GGAGTAAGACCAACTCCT-----T-----AG-A-A-----TG-----A--TT-A-CC-G-----	8280
A2. CY. 94. 94CY017_41	-A-T-----G-----A-----A-A-CCTCCAACAGCACAA...AGAACAGAAGCAGTGTCT-----CCAG-A-A-----TG-----A--TT-A-CT-CT-----	8342
B. AR. 99. ARMA132	-----G-----GA-----G-----G-----GG-----A-----T-----G-----G-----T-----	8114
B. AU. 95. MBCC54	-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----G-----T-----	8223
B. BO. 99. BOL0122	-----G-----A-----AA-----G-----G-----A-----T-----G-----G-----T-----	8114
B. CN. -. RL42	-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----G-----T-----	8272
B. ES. 89. S61K15	-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----G-----T-----	8924
B. GA. 88. OYI	-A-----AG-----GAGCTACA...GCCACCT-----AG-----T-----A-----T-----	8473
B. GB. 83. CAM1	-----CA-----GAGCCA...CGAGCT-----GG-----T-----A-----T-----	8932
B. NL. 86. 3202A21	-A-----A-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----G-----T-----	8928
B. TH. 90. BK132	-----A-----A-A-AAGCCA...GCT-----G-----A-----T-----A-----	8251
B. US. 83. RF	-----CA-----AA-----G-----G-----A-----T-----G-----G-----T-----	8464
B. US. 90. WEAU160	-A-----A-----A-----AG-----T-----T-----C-----	8926
C. BR. 92. 92BR025	-A-----A-----G-----A-----GG-A-A-----C-----G-----T-----T-----C-----G	8274
C. BW. 00. 00BW3891_6	-----A-----G-----A-----GG-A-A-----C-----A-----T-----A-----T-----	8309
C. BW. 96. 96BW0502	-----A-----A-----A-A-AGACCAGCAGTA...GAGGGGAGAACT-----T-----GG-A-A-----A-----T-----A-----T-----	8420
C. ET. 86. ETH2220	-A-----A-----A-----CT-----GG-A-A-----G-----A-----T-----A-----C-----T-----G	8316
C. IL. 98. 98IS002	-----A-----A-----A-----AG-----AG-A-A-----G-----A-----T-----A-----GG-----A-G	8268
C. IN. 95. 95IN21068	-A-----A-----G-----A-----GG-A-A-----G-----A-----T-----A-----T-----G-----T-----	8311
C. IN. 99. 01IN565_10	-A-----A-----GAGCCAGCAGCA...A-----A-----A-----T-----A-----T-----	8320
C. KE. 00. KER2010	-----G-----GG-A-A-----G-----A-----T-----A-----T-----T-----	8129
C. MM. 99. mIDU101_3	CA-----A-----G-----A-----A-----AG-A-A-----G-----A-----T-----A-----T-----T-----	8299
C. TZ. 97. 97TZ04	-----A-----A-----A-A-GAGCCAGCAGCAGAG...AGAACAAGAAGAACT-----GG-A-A-----G-----A-----T-----A-----T-----G	8147
C. TZ. 98. 98TZ017	-----A-----A-----A-----GG-A-A-----G-----G-----A-----T-----A-----CT-----G	8276
C. ZA. 01. 2134MB	G-----TA-----G-----G-----A-----A-----GG-A-CA-----G-----A-----T-----A-----T-----	8368
C. ZA. 97. 97ZA003	-A-----A-----G-----A-----G-----A-----G-----AG-----T-----A-----T-----T-----	8249
C. ZM. 96. 96ZM651	-----A-----G-----A-----A-----A-----GG-A-A-----G-----A-----T-----A-----T-----T-----	8295
D. CD. 83. ELI	-A-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----A-----T-----G-----	8455
D. CD. 83. NDK	-A-----A-----AA-A-----T-----G-----A-----T-----G-----	8423
D. CD. 85. Z226	-A-----A-----A-----A-----T-----G-----A-----T-----G-----	8912
D. CM. 01. 01CM_0009BBY	-A-----A-----A-----A-----A-----AATCCTATT-----G-----A-----T-----AA-----T-----G	8150
D. KE. 01. 01KE_NKU3006	-A-----A-----A-----A-----AT-----T-----AG-----T-----G-----G-----	8162
D. TD. 99. MN012	-A-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----G-----A-----T-----T-----G-----G	8130
D. UG. 94. 94UG114	-A-----A-----A-----A-----A-----A-----AG-----C-----G-----G-----G	8237
D. UG. 99. 99UGA08483	-A-----A-----A-----T-----T-----AG-----C-----G-----G-----G-----G	8147
D. UG. 99. 99UGB21875	-A-----A-----A-----A-----A-----AG-----G-----G-----G-----G-----G	8114
F1. BE. 93. VI850	---G-----G-----A-A-C-----CCTA-----AG-----TG-----T-----A-----C-----G-----GG---	8196
F1. BR. 93. 93BR020_1	-A-----G-----G-----A-CCCTCCA...ACCCCT-----GG-----TG-----A-----T-----A-----G-----GG-----G	8232
F1. FI. 93. FIN9363	-A-----C-----C-----CCTCCAG-----AG-----TG-----A-----T-----A-----G-----GG-----G	8218
F1. FR. 96. MP411	-----A-----GA-----C-----CCT-----AG-----TG-----A-----T-----A-----T-----GG-----GA-----G	8086
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	G-----A-----A-----C-----CCTGT-----AG-----AAG-TG-----A-----T-----A-----T-----G	8078
F2. CM. 95. MP255	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----AG-----GAA-----TG-----A-----T-----A-----C-----G-----G	8066
F2. CM. 95. MP257	-A-----A-----A-----A-----A-----A-----AG-----A-----TG-----A-----T-----A-----T-----G-----G	8099
F2. CM. 97. CM53657	-A-----A-----A-----A-----C-----T-----GCA...CCAG-----TG-----A-----T-----A-----T-----G	8090
G. BE. 96. DRCBL	G-----C-----A-----A-CAC-----CCTG-----AG-A-A-----T-----A-----TT-A-T-GG-----	8879
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	G-----A-----A-----A-A-C-----CCTATA-CAG-----A-GAAGAAGCA-----CAG-A-A-----T-----A-----TT-A-CT-GG-----	8114
G. FI. 93. HH8793_12_1	G-----A-----A-----A-A-CCCAATA...AGACAAACCCCA-----AG-----A-----T-----A-----TT-A-CT-GG-----	8316
G. NG. 92. 92NG083	GA-----A-----A-----A-----CCTGT-----AG-A-A-----T-----A-----TT-A-CT-GG-----	8266
G. SE. 93. SE6165	G-----A-----A-----AACA-C-----CCTA-----AG-A-A-----T-----A-----TT-A-T-GG-----	8358
H. BE. 93. VI991	-----A-----G-----A-----A-----A-----AG-----A-----TG-----A-----TT-A-T-G-----G	8319
H. BE. 93. VI997	-----A-----G-----A-----A-----C-----G-----A-----T-----T-----T-----G-----GA-----G	8234
H. CF. 90. 056	-A-----G-----G-----A-----T-----AG-----A-----TG-----T-----TT-----T-----G-----GC-----G	8239
J. SE. 93. SE7887	G-----G-----G-----CCC-----CT-----G-----A-----TG-----A-----TT-----CT-----G-----G	8217
J. SE. 94. SE7022	G-----C-----G-----G-----GCT-----CCT-CT-----G-----A-----TG-----A-----TT-----CT-----G-----G	8227
K. CD. 97. EQTB11C	K. CD. 97. EQTB11C...AA-A-A-----CCT-----G-----T-----A-----T-----G	8102
K. CM. 96. MP535	-A-----A-----ACGACCAGCAGCA...GACAGGGTGGGAACAC-A-----CG-----T-----A-----CT-----G	8106





B. FR. 83. HXB2 TGTAAGGGAAAGAATGAGA...CGAGCT...GAGCCAGCA...GCAGATAGGGTGGGAGCAGCATCTCGAGACCTGGAAAAACATGGA 8919

01_AE.CF.90.90CF4071 GA-C-----A-G...-A-A...CCTGT-----A---AG-A-A-----T---A---T----- 8854

01_AE.JP.93.93JP_NH1 G-C-----A--A-AG...-A-A...CCT-----AG-A-A-----T---A---T----- 8927

01_AE.TH.90.CM240 G-C-----A--A-AG...-A-A...CCT-----A---AG-A-A-----T---A---T----- 8493

01_AE.TH.93.93TH9021 G-C-----A--A-AG...-A-A...CCT-----AG-A-A-----G-T---A---T---GA--- 8936

02_AG.CM.02.02CM_1677LE GA-T-----A-----A-A...CCCTG-----GG-A-A-----A---TT-A-T-G----- 8118

02_AG.CM.97.97CM_MP807 G-T-----C-----A-A...CCT-----AG-A-A-----A---TT-A-T-G----- 8120

02_AG.FR.91.DJ264 G-T-----A-T-----AGA-C...CCT-----ACAG-A-A-----A---TT-A-T-G----- 8274

02_AG.NG.-.IBNG G-T-T-A-----A-A-C...CCTA-----ACAG-A-A-----A---TT-A-T-G----- 8446

02_AG.SE.94.SE7812 GA-T-----C-----A-A-C...CCT-----AGAG-A-A-----A---TT-A-T-G----- 8309

03_AB.BY.00.98BY10443 G-T-----A-----CCT...-CT-----AGAG-A-A---C---T---A---TT---T-GT--- 8876

03_AB.RU.97.KAL153_2 G-T-----A-----CCT...-CT---G-----AGAG-A-A---C---T---A---TT---T-GT--- 8099

03_AB.RU.98.RU98001 GA-T-----AC-----CC...T-CT-----AGAG-A-A---C---T---A---TT---T-GT--- 8237

04_cpx.CY.94.CY032 GA-----G-----CGAGCTGAGCCAGAAAGA...ATGAGGCGAGCTCAAGCT-----CAG-A-A---TG---A---T---C-----G 8328

04_cpx.GR.91.97PVCH GA-----G-----CGAGCTGAGCCAGCA...GCTCAAGCT-----CAG-A-A---TG---A---T---C-----G 9042

04_cpx.GR.97.97PVMY G-----G-----CGAGCTGAGCCA...GCTCGAGCT-----TAG-A-A---TG---A---T---A---C---T---G 8983

05_DF.BE.-.VI1310 -A-----A-----CA-C...CCT-----AG-----TG-T-A---T-A---C---T---GG-G 8325

05_DF.BE.93.VI961 -A-----A-----A-CCCTCCAGCAGCA...-GAG-----AG-----T---G---A---T---A---G---G 8288

05_DF.ES.99.X492 AA-----A-----A-C...CCT-----AG-----AG-----T---A---TT-A---G---GG-G 8239

06_cpx.AU.96.BFP90 G-----G-----A-CCCACCA...ACA-AAG-----AG-A-A---TG---A---TT---T-G---G 8964

06_cpx.ML.95.95ML127 G-----A-----A-A-CCCGCCA...ACA-AGG-----A-AG-A-A---T---A---TT-A---T-G---G 8921

06_cpx.ML.95.95ML84 G-----A-----A-A-CCCGCC...AACA-AGG-----AG-A-A---TG---A---TT---T-C---G 8132

06_cpx.SN.97.97SE1078 G-----A-----A-A-CCCACCAGCAGCA...GAGAGACAAACCCCA...AG-A-A---G---A---TT---CT-G---G 8981

07_BC.CN.-.CNGL179 -A-----G-----A...G-----G-----T----- 8139

07_BC.CN.97.97CN001 -A-----G-----A-A...G-----G-----T----- 8262

07_BC.CN.97.CN54 -A-----G-----A-A...G-----G-----T----- 8120

07_BC.CN.98.98CN009 -A-----G-----A-GAG...C-----G-----T---G----- 8262

08_BC.CN.97.97CNGX_6F -A---A-----A-----A...G-----G-----T----- 8119

08_BC.CN.97.97CNGX_7F -A---A-----A-----A...G-----G-----T----- 8113

08_BC.CN.97.97CNGX_9F -A---A-----A-----A...G-----G-----T----- 8101

08_BC.CN.98.98CN006 -A---A-----A-----A...G-----G-----T----- 8274

09_cpx.GH.96.96GH2911 GA-T-----A-----A-A-C...TCCCMTCC-----AG-----G---A---TT-A-GT-GR---G 8094

09_cpx.SN.95.95SN1795 GA-T-----A-----A-AGC...CCC-----AG-----C-A---TT---CT-G---G 8118

09_cpx.SN.95.95SN7808 GA-T-----A-A-----A...CCC-----AG-----G---A---C-GG---G 8094

09_cpx.US.99.99DE4057 GA-T-----A-A-----A-AGCCCA...CA-----AG---A---C---A---TT---AGT-GG-G---G 8115

10_CD.TZ.96.96TZ_BF061 G-----A-----A-A...AGT-----GG-A-A---G---A---T-A-CT---TT---G 8271

10_CD.TZ.96.96TZ_BF071 -A-----A-----A-A-GATCCA...AGAAGAACT-----AG-----G---A---T---G---G 8316

10_CD.TZ.96.96TZ_BF110 G-----CA-G...A-GA...T-----AG-----G---A---T---G---G 8284

11_cpx.CM.02.02CM_4118STN GA-T-----A-----CA-C...CCTCCAACAG-----GG-A-A---A---AA---TT-A---TT--- 8125

11_cpx.CM.96.4496 GA-T---A-----T-A-----CA-CCC...CCGRC-A-----AG-A-A---T---AA---TT-A---TT--- 8272

11_cpx.FR.99.MP1298 GA-T-----A-----CA-CGT...CCA-T-----AG-A-A---T---AA---TT-A---G--- 8939

11_cpx.GR.-.GR17 GA-T-----T-A-----CA-CCT...CCAACAG-----AG-A-A---T---AA---TT-A---G--- 8198

12_BF.AR.97.A32989 -A-----C-----C...CCT-----AG-----TG---A---T-A---G---GG-G 8470

12_BF.AR.99.ARMA159 GA-----T-----C...CCT-----AG-----TG---A---T-A---C---GG-G 8884

12_BF.UY.99.URTR23 AA-----C-----CCTCCAGCAGCA...GCCCT-----AG-----TG---A---T-A---G---GG-G 8929

12_BF.UY.99.URTR35 GA-----C-----C...CCT-----AG-----T---A---T-A---C---GG-G 8942

13_cpx.CM.02.02CM_3226MN GA-----A-G...AA-A...CCTCCAGCTCCT-----A-ATAG-A-A---T---A---TT-A-T--- 8183

13_cpx.CM.96.1849 -A-----A-----A-A-CCTCCAAC...AACACCTCCT-----ACAG-A-A---T---T---A---TT-A-T--- 8347

13_cpx.CM.96.4164 -A-----A-G...A-A-CCTCCAAC...AACACCTCCT-----ACAG-A-A---T---T---A---TT-A-T--- 8347

14_BG.ES.00.X475 G-----C-----A-----A-C...CCT-----TAG-A-A---A---A---TT-ATCT-G--- 8345

14_BG.ES.00.X477 G-----A-----A-C...TCCAA-----CAG-A-A---TG---A---TT-A-CT-G--- 8363

14_BG.ES.00.X623 GA-----A-----A-CCCTCCAGCAGCA...GAA-CT-----CAG-A-A---T---A---TT-A-CT-G--- 8377

14_BG.ES.99.X397 G-----A-----A-CCCTCCA...GTAGCACC-----TAG-A-A---T---A---TT-A-CT-G--- 8396

15_01B.TH.02.02TH_OUR1331 GA-C-----A-G...A...CCT-----A---AG---A---T---A---T---A---T--- 8133

15_01B.TH.02.02TH_OUR1332 GA-C-----A-AG...A...CCT-----AG-A-A---T---A---T---A---T--- 8157

15_01B.TH.99.99TH_MU2079 G-C-----A--A-AG...-A-A...CCT-----GG-A-A---T---G---A---T---C---C--- 8300

15_01B.TH.99.99TH_R2399 G-C-----C---T-A-AG...-A-A...CCTG-----AG-A-A---T---A---T---A---T--- 8337

16_A2D.KE.00.KISII5009 G-T---G-----A-GCCAGCAGCA...GAGGAA-CA-A...AG-A-A---TG---A---TT-A-CTGC-G--- 8121

16_A2D.KR.97.97KR004 -A-T---G-----A-CCTCCAGCAGCA...GAACGAACCCTCCA-CAG...AG-A-A---T---A---TT-A-CT-C-G---G 8333

N. CM.-.YBF106 AA-C-A-----A-AGA-A-A-CCA...TAG-A-A---TT---A---A---CT---T-GA-G 8452

N. CM.95.YBF30 AA-C-A-----A-CAAACGCAAGAA...CCAGCAGTA-----TAG-A-CA-----T---A---T---A---CT---T-GA-G 8506

O. BE.87.ANT70 A---A-----A-A-AGAACTTTC...CCTGAGTCT--A--TGC...CC-G-A-A---CAGATC--CA-G--AT-A-C-GCTAGA--- 9006

O. CM.-.96CMABB009 A---CTAA-C-----R-A--TCCCCTACC...CMTGACCCT-A-C---CCCG-A-A---CAGCTC--A-G--GT-A-C-GCCAGA--- 8433

O. CM.91.MVP5180 A---A-T-----T-CTCTCTGAT...CCTCAAC-A--TGT...CC-G-A-A---T-TC--CA-G--GT-A-C-G-CTAGA-G 9029

O. SN.99.SEMP1299 A-C-A-----G-A--TCCCCT...GATCCT--A--TGT...CC-G-A-A---CA-ATC--CA-G--AT-A-C-GCTAGA--- 9068

CPZ.CD.-.ANT A-C---AC--GC---T-G...AA-ATA...C-TGA-A--AAT...C---GATA-A--GC-CTGTGGAAC--AT---CC-GTAGA-G 8373

CPZ.CM.98.CAM5 ---T-AC---G-A...A-A...CCA...TCAG-A-A---C---TC-A-A---T-A---GGC-G--- 8662

CPZ.GA.-.CPZGAB G-C---AAG---A-G...GA...CCA...GG-A-A---A---TT---GAAG---A---G---C--- 8992

CPZ.US.85.CPZUS A-C-AA-C---T---A-A-CAG...ACAACAG...AG-A-A---C-T-TC---A---T-A---C---G---G 8952

Nef V R E R M R R A E P A A D R V G A A S R D L E K H G Nef



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	CAATGACTTACAAGGCAGCTGTAGATCTTAGCCACTTT...TTAAAAGAAAAGGGGGGACTGGAAGGGCTAATTCACCTCCCAAAGAAGACAAGATATCCTTGATCTGTGGATCTACCACACACAAGGCTA	9155
A1.KE.00.MSA4069	-----G--A--C-----T--T--CTT--AGG-A--A-----G--A-----	8378
A1.KE.94.Q23_17	-----G--G--C-----A-----T--T--G--T--TAGG-A--A-----G--T-----	8607
A1.SE.94.SE7253	-----G--C--G--C-----T--T--T--T--AG--A-----G--A-----	8365
A1.TZ.97.97TZ02	-----T--CA--C--G--C-----T--T--T--T--AGG--A-----G-----AT	8359
A1.UA.00.98UA0116	-G----A--T--G--T--C--C-----T--T--T--CT--A-G-A--A-----G--T-----T--	9166
A1.UG.85.U455	-----T--T--T--C--TT-----T--T--T--A-G-A--A-----G--T-----A-T	8606
A1.UG.92.92UG037	-----T--C--CG--TT-----T--T--T--A-G-A--A-----G-----	8564
A2.CD.97.97CDKS10	-----C--T--G--T--T--C-----T--T--T--G-A--C-----G--A-----	5323
A2.CD.97.97CDKTB48	-G----C--G--T-----T--T--T--G--C-----C-----G--A-----G--	8516
A2.CY.94.94CY017_41	-----C--T--G--GT--T--C--TT-----T--T--T--G-A--C-----A--G-----	8581
B.AR.99.ARMA132	-----G--C--G--G-----G-----AG-----	8350
B.AU.95.MBCC54	-T-AC-A--CTGGTTGC--CTGGCTAGAAGCA-----A-G-----GG-----	8382
B.BO.99.BOL0122	-----A--A-----G-----G--T-----GT-----A--G-----T	8350
B.CN.-.RL42	-----G--C--T-----G-----T-----	8508
B.ES.89.S61K15	-----GT--C-----	9039
B.GA.88.OYI	-----G--T-----T-----G--A-----T-----G--T-----	8709
B.GB.83.CAM1	-----T-----A-----A--T-----G-----	9168
B.NL.86.3202A21	-----G--T-----T-----	9164
B.TH.90.BK132	-----G--C-----T-----CA-----G-----T-----	8490
B.US.83.RF	-T-----T-----T-----G-GTT--G-A-----G-T-----	8706
B.US.90.WEAU160	-----GCAT-----T-----A-----G-----T-----	9155
C.BR.92.92BR025	-----T-----TA--C--C--TT-----G-----T-----T-----TA-G-A--G--C-----T--G--TA-----	8513
C.BW.00.00BW3891_6	-----T--G--A--T--C--TT--T--A-----T-----T-----TA-G-A--G--G--A--T--G--T--T-----	8549
C.BW.96.96BW0502	-----T--A--G--AT--C--G--TT-----T--G--T-----A-G-A--G--A--T--G--T-----T	8659
C.ET.86.ETH2220	-----T-----AT--C--C--T-----T-----T-----A-G-A--G--G--T-----T--G--TA-----T	8555
C.IL.98.98IS002	-----G--AT--C--C--TT-----T-----T-----TA-G-A--GA--G-----T--G--TA-----T--	8507
C.IN.95.95IN21068	-----TT--G--AT--C--TT-----T-----T-----TA-G-A--G-----T--G--T-----	8526
C.IN.99.01IN565_10	-----T--G--AT--T--C--TT-----T-----T-----A-G-A--G-----T--G--C-----T	8556
C.KE.00.KER2010	-----CGT--G--AA--C--C--TT-----T--T--T-----TA-G-A--G--C--A--T--A--G--TA-----T	8368
C.MM.99.mIDU101_3	-----G--TT--G--AT--T--C--TT-----T-----T-----A-G-A--G--G-----T--G--T-----	8538
C.TZ.97.97TZ04	-----T--G--AT--TA--C--TT-----T-----T-----TA-G-A--G--G-----T--G--TA-----	8386
C.TZ.98.98TZ017	-----T--T--A--C--TTT-----T-----T-----TA-G-A--G--A--T--G--T-----	8515
C.ZA.01.2134MB	-----T--G--AT--C--C--TT-----T-----T-----TGG--T--G--AG--G--C-----T--G--T-----T--T	8607
C.ZA.97.97ZA003	-----TT--AT--C--C--TT-----T-----CT--TA-G-A--G--A--T--G--T--T--G-----T--T	8488
C.ZM.96.96ZM651	-----T-----A--C--C--TT-----T-----T-----TA-G-A--G--A--T--G--T--T--G-----T	8531
D.CD.83.ELI	-----A--A--C-----C-----TGG--A--AG-----G-----T--G--A-----AT	8694
D.CD.83.NDK	-----A--A--T-----TGG--A--G--A-----G-----T--G--A-----AT	8662
D.CD.85.Z2Z6	-----A--G--GT-----A--G--A-----G-----	9081
D.CM.01.01CM_0009BBY	-----G--T-----G--T-----G-----T--G-----	8386
D.KE.01.01KE_NKU3006	-----G--C-----G-----T--TGG--A--G--A-----G-----T--G--A-----	8401
D.TD.99.MN01Z	-----G--T-----G--T-----G-----T-----	8366
D.UG.94.94UG114	-----A--G--C--A-----T--G--TGG--CG--A-----G-----T--G-----T	8473
D.UG.99.99UGA08483	-----T-----G--T-----T--TGG--CG--A-----G--T-----C--G-----T	8386
D.UG.99.99UGB21875	-----G-----G-----T--TGG--A--GCA-----C--T--G--A-----	8353
F1.BE.93.VI850	-----C--T-----C--T-----T-----T-----A-G-A--GG--C-----G--T-----	8432
F1.BR.93.93BR020_1	-----C--T-----G--C--T-----T-----T-----A--G-----G-----	8468
F1.FI.93.FIN9363	-----T-----G--T--T--C--T--G-----CN-N-----T--W--T-----A--G--A-----G-----C--T-----	8454
F1.FR.96.MP411	-T-----TT-----T-----C-----T-----T-----A--G--A-----A-----G--T-----T	8322
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----T-----G-----C-----C--T-----T-----T-----CT--AGG--A-----A-----A--G--T-----	8314
F2.CM.95.MP255	-----T-----C-----C--T-----T-----T-----A--G--A-----G-----T-----T--	8299
F2.CM.95.MP257	-----T-----CC--G--C--T-----T-----T-----AGG--A-----A--T-----T-----G-----	8332
F2.CM.97.CM53657	-----T-----G--T--C--C--TTT-----T-----T-----A--G-----A-----G-----	8326
G.BE.96.DRCBL	-T-----T-----T--GT--T--C--TT-----T-----T-----G--T-----A--G--A-----G-----C--A--G--T--T-----A--T	9118
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----T-----T-----T--T--C--TT-----T-----T-----G--T-----A--GCA-----C-----G--T--T-----A--T	8332
G.FI.93.HH8793_12_1	-----C--T-----T--T--C--TT-----T-----T-----T-----A--G--A-----C-----CT--G--TA--T-----A--T	8555
G.NG.92.92NG083	-----T-----T-----T--T--C--TT-----T-----T-----T-----A--G--A-----C-----A--G--TA--T-----A--T	8505
G.SE.93.SE6165	-----TT--GT--T--T--C--TT-----T-----T-----T-----A--G--A-----G-----C-----G--A--T-----A--	8597
H.BE.93.VI991	-----C--T-----G--T--T--C-----T-----T-----T-----A--G--A-----G-----G--TA-----T-----	8558
H.BE.93.VI997	-----C--T-----C--G--C-----T-----T-----T-----A--G--A-----G-----T--A--G--TA--G-----	8473
H.CF.90.056	-----C--T-----G--T--T--C-----T-----T-----T-----A--GCA-----G--C-----T--A--G--TA-----	8478
J.SE.93.SE7887	-----A-----G-----T-----TT-----T-----T-----T-----A--G--A-----G-----G--TC--TA-----T--	8453
J.SE.94.SE7022	-----A-----A--G--T--T-----TT-----T-----T-----T-----A--G--A-----G-----G--TC--TA-----T--	8463
K.CD.97.EQTB11C	-----TT--G--T--T--GG--TT-----T-----T-----T-----A--G-----G-----G--T--T--T-----T	8338
K.CM.96.MP535	-----T-----T--T--CG--TT-----T-----T-----T-----A--G--A-----A-----G--T--T-----T--T	8342



poly-purine tract
 - - - - - / 3' LTR U3 start

B.FR.83.HXB2 CAATGACTTACAAGGCAGCTGTAGATCTTAGCCACTTT...TTAAAAGAAAAGGGGGGACTGGAAGGGCTAATTCACCTCCAAAAGAAGACAAGATATCCTTGATCTGTGGATCTACCACACACAAGGCTA 9155

01_AE.CF.90.90CF4071 -----T---G---T-T-----G--TT-----T-----T---A-G-A-----G-----T-A---G---TA-T--G-----T 9084

01_AE.JP.93.93JP.NH1 -----TT---G---T-T-----TT-----T-----T---A-G-A-----G-----CT-A---G---TA-T--G-----T 9157

01_AE.TH.90.CM240 -----T---G---T-T-----TT-----T-----T---A-G-A-----G-----CT-A---G---TA-T--G-----T 8723

01_AE.TH.93.93TH9021 -----T---G---T-T-----TT-----T-----T---A-G-A-----G-----CT-A---G---TA-T--G-----T 9175

02_AG.CM.02.02CM.1677LE -C-----T---A---G-T-----C-----T-----T---A-G-A-----G-T-----G---T-----AAT 8354

02_AG.CM.97.97CM.MP807 -----TT---T---T-T-----C-----T-----T---A-G-A-----A-----G---T-----A-T 8356

02_AG.FR.91.DJ264 -----T---G---T-C-----CG--TT-----T-----T---A-G-A-----G---G-----G---T-----A-T 8510

02_AG.NG.-.IBNG -----T---G---T-C-----C-----T-----T---A-G-A-----A-----G---T-----A-T 8682

02_AG.SE.94.SE7812 -----T---G---T-C-----C-----T-----T---A-G-A-----A-----G-T---T-----A-T 8545

03_AB.BY.00.98BY10443 -G-----A--T-----T-C-----C-----T-----T---A-G-A-----G---A-----G---T-----C 9112

03_AB.RU.97.KAL153_2 -G-----A--T---G---T-C-----C-----T-----T---A-G-A-----A-----G---T----- 8335

03_AB.RU.98.RU98001 -G-----A--T---G---T-C-----C-----T-----T---A-G-A-----A-----G---T----- 8473

04_cpx.CY.94.CY032 -----C--TT--A-G---T-----C-----T-----T---A-G-A-----G-----G-----G---T-----T-T 8567

04_cpx.GR.91.97PVCH -----TT--A---CC-----C-----T-----T---A-GCA-----G-----G---TA-----T-T 9281

04_cpx.GR.97.97PVMY -----T--A-----C-----C-----T-----T---A-G-A-----G-----G---TA-----T-T 9222

05_DF.BE.-.VI1310 -----T-----C---T-----T-----T---A-G-A-----T-----G---A-----T-- 8564

05_DF.BE.93.VI961 -----T--A-G---T-----C---T-----T-----TGG--AGG-A-----A-G-----T---G---A----- 8524

05_DF.ES.99.X492 -----T--A-----C---T-----T-----TGG--G-A-----C-----T---G---T----- 8478

06_cpx.AU.96.BFP90 -----T--A--T---T-T-----C---TT-----T-----T---A-G-A-----G---G-----G---TA-----T-T 9200

06_cpx.ML.95.95ML127 -----TT---GT---T-T-----G---TT-----T-----T---A-G-A-----A-----C---G---T-----T-- 9157

06_cpx.ML.95.95ML84 -----TT--A-GT---T-T-----C---TT-----T-----T---A-G-A-----C-----G---T-----T-T 8368

06_cpx.SN.97.97SE1078 -----C--T--A--T---CT-T-----G---TT-----T-----T---A-G-A-----G-----G---T-----T-T 9223

07_BC.CN.-.CNGL179 -----G---C-----T-----T-----T---TA-G-A---G---G-----T---G---T----- 8375

07_BC.CN.97.97CN001 -----G-----G-----TT-----T-----T---TA-G-A---G---G-----T---G---T----- 8498

07_BC.CN.97.CN54 -----G-----TT-----T-----T---TA-G-A---G---G-----T---G---T----- 8356

07_BC.CN.98.98CN009 -----G---C-----TT-----T-----T---TAGG-A---G---G-----T---G---T----- 8498

08_BC.CN.97.97CNGX_6F -----TT---G---AT-C---C---TT-----T-----T---TA-G-A---G---G-----T---G---T----- 8355

08_BC.CN.97.97CNGX_7F -----TT---G---AT-G---C---TT-----T-----T---TA-G-A---G---G-----T---G---T----- 8349

08_BC.CN.97.97CNGX_9F -----TT---G---AT-G---C---TT-----T-----T---TA-G-A---G---G-----T---G---T----- 8337

08_BC.CN.98.98CN006 -----TT---G---AT-T---C---TT-----T-----T---TA-G-A---G---G-----T---G---T----- 8510

09_cpx.GH.96.96GH2911 -----T---G---C---C---TT-----T-----T---A-G-A-----A-----G----- 8330

09_cpx.SN.95.95SN1795 -----TT---G---T-T---C---TT-----T-----T---AGG-A-----A-----G----- 8354

09_cpx.SN.95.95SN7808 -----T---G---T-T---C-----T-----T---A-G-----A-----G----- 8330

09_cpx.US.99.99DE4057 -----TT---G---T-C---C---TT-----T-----T---A-G-A-----A-----G---A----- 8354

10_CD.TZ.96.96TZ_BF061 -----TT---G---AT-C---CG--TT-----T-----T---T-G-A---GA---C-----T---G---TA-----T 8510

10_CD.TZ.96.96TZ_BF071 -----CT-G---C---TT-----T-----T---TA-G---C-----T---G---A-----T-T 8555

10_CD.TZ.96.96TZ_BF110 -----T---G---AC-C---C-----T-----T---A-G---G---C-----T---G---A-----T 8523

11_cpx.CM.02.02CM.4118STN -----T---G---T-T---G---TT-----T-----T---A-G-AG---G---C-----G---T---T----- 8361

11_cpx.CM.96.4496 -----CT-T---G---TT-----T-----T---A-G-A-----A---A---C-----G---TA-T-----A-- 8508

11_cpx.FR.99.MP1298 -----T-----T-T---C---G---TT-----T-----T---A-G-A-----G---C-----G---T---T----- 9172

11_cpx.GR.-.GR17 -----T---G---T-T---TT-----T-----T---A-G-A-----G-----C---G---TC-TA-T-----A-T 8434

12_BF.AR.97.A32989 -----T---G---T---C---T-----T-----T---A-G-A-----G-----G---A-----T-- 8706

12_BF.AR.99.ARMA159 -----TT---G---T-C-----T-----T---A-G-A-----A---G-----G---T---T----- 9120

12_BF.UY.99.URTR23 -----T---G-----C---T---T-----T-----T---AG-G-A---A---G-----A---G-----T-T 9165

12_BF.UY.99.URTR35 -----T---G---A---C---TT-----T-----T---A-G-A-----C-----G---G-----T-- 9178

13_cpx.CM.02.02CM.3226MN -----T--A-G---T-T---G---TT-----T-----T---A-G-A-----C-----C---G---T---T-----T-T 8413

13_cpx.CM.96.1849 -----T--A-G---T-T---G---TT-----T-----T---A-G-A-----C-----C---G---T---T----- 8580

13_cpx.CM.96.4164 -----T--A-G---T-T---G---TT-----T-----T---A-G-A-----A-----C---G---T---T----- 8577

14_BG.ES.00.X475 -----T---AT---T-T---C---TT-----T-----T---A-GCC-----C-----G---TA-T-----A-T 8584

14_BG.ES.00.X477 -----TT---T---T-T---CG--TT-----T-----TGG--A-GCA-----C-----G---TA-T-----A-T 8602

14_BG.ES.00.X623 -----T--A--T---T-T---CR--TT-----T-----T---T---GCA-----C-----G---TA-T-----A-T 8616

14_BG.ES.99.X397 -----TT---GT---T-T---C---TT-----T-----T---A-GCA-----C-----G---TA-T-----A-T 8635

15_01B.TH.02.02TH_OUR1331 -----T---G---T-T---TT-----T-----T---A-G-A-----G-----CT-A---G---TA-----T 8363

15_01B.TH.02.02TH_OUR1332 -----T---G---T-T---TT-----G-----CT-G---G---TA-T-----T-G---A-T 8387

15_01B.TH.99.99TH_MU2079 -----TT---A---T-T---TT-----T-----T---A-G-A-----G-----T-A---G---TA-T-----T 8530

15_01B.TH.99.99TH_R2399 -----TT---T---T-T---TT-----C-----T-----T---A-G-A-----G-----CT-A---G---TA-T-----T 8567

16_A2D.KE.00.KISII5009 -----C-----A-----T-T---G---TT-----T-----TGG--G-A-----C-----G---A-----T 8360

16_A2D.KR.97.97KR004 -----C-----G---GT-T---C-----G-----G-----A-G-A---G---C-----G---A-----T 8572

N.CM.-.YBF106 -----C--T--A--G---T-T---TC-TT-----T-----G-TGG--AG-A---G---A-T--A--C--C---G-T---T-----T-T 8688

N.CM.95.YBF30 -----A--C--T--ACAG---T-T---TC-TT-----T-----G-TGG--AG-A---G---T--A--C--C---G-T---AT 8745

O.BE.87.ANT70 -----C--T--A--G---AT-T---C--C---TT-----T-----A-----T---T---T---A---GC---A---G---T---G---TA---T---G---A-T 9242

O.CM.-.96CMABB009 -----C--T--A--GC---T-T---C---TT-----T-----A-----T---T---T---T---AG---GC---A---G---T---G---TA---T---G---A-T 8669

O.CM.91.MVP5180 -----C--TT--A---CT-T---C--C---TT-----T-----A-----T---T---T---T---AG---GC---A---G---C---A---T---T---G---A-T 9265

O.SN.99.SEMP1299 -----C--T--A--G---AT-T---C--C---TT-----T-----A-----T---T---T---T---AG---GC---A---G---T---G---TA---T---G---A-T 9304

CPZ.CD.-.ANT -----C-----AG-A---ATT-----C---GTCATGN-----T-----TN-----T-NN-A---TT-A---GC---C-----A---A-----G-TTA---C---G---AAT 8609

CPZ.CM.98.CAM5 -----A-----CA---T-T---T-A-----T-----G---T---AC---A---G---G---A---C---G---T---T-----G---AAT 8901

CPZ.GA.-.CPZGAB -----T--A-----T-T---TCA-----T-----T---G---T---AGG-----G-----C---C---G---T---T-----T 9228

CPZ.US.85.CPZUS -----C-----ACA---AT-C---T-AG--TT-----T-----G---T---T---AG-----G-----A---C---G---T---T-----AAT 9194

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



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

Nef premature end in HXB2 \

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	CTTC...CCTGATTAGCAGA...ACTACACACCCAGGCCAGGG...GTCAGATATCCACTGACCTTTGGATGGTGCTACAAGCTAGTACCAGTTGAGCCAGATAAGATAGAAGAG...GCCAATAAAGGAGAG	9276
A1.KE.00.MSA4069	T---...---C-G---T---...---C---A-A---T-G---G-T---G-AG---GA---T-C-G-G---	8499
A1.KE.94.Q23_17	T---...---G---T---...AC-G-TC---A-A---G---T---T---G-AG---GA---T-C-G-G---	8728
A1.SE.94.SE7253	---...---C-G---T---A---...---C---A-A---T-T---T---G-AG---GC---T-G-G---	8486
A1.TZ.97.97TZ02	T---...---G---T---...A---T---C---A-A---G---T---T---G-AG---GA---T-C-G-G---	8480
A1.UA.00.98UA0116	---...---G---T-T-C---A-T---TC---A-A---G---C---AC-G-AG---CAG-G---	9287
A1.UG.85.U455	---...---G---T---A---A---C---A-A---T---T---C-G-AG---G-A---T-C-GG---	8727
A1.UG.92.92UG037	---...---G---T---A---A---C---A-A---T---T---G-TGA---G-AG---G-A---T-C-GG---	8685
A2.CD.97.97CDKS10	---...---G---T---...C-G-TC---A-A---T---T---TC-G-G---T-CGG-G-G---	5323
A2.CD.97.97CDKTB48	---...---G---T---...C-G-TC---A-A---T---T---TC-G-G---T-CGG-G-G---	8637
A2.CY.94.94CY017_41	---...---G---T---A---T---A---T---T---A---TC-G-G---A---T-C-G---	8702
B.AR.99.ARMA132	---...---G---C---...C---T---T---C-G---A---CG---	8471
B.AU.95.MBCC54	---...---G---G---AC-G---G---G-AA---G---GG---A	8503
B.BO.99.BOL0122	---...---A-G-T---AC-GG---T---C---CC-AG---AGA---G---	8471
B.CN.--.RL42	---...---G---T---G---ACT-T-G---T---T---AC-G---A---CG---	8629
B.ES.89.S61K15	---...---G---...A---TG---T---T---A-G-T---CC-G---	9039
B.GA.88.OYI	T---...---G---...A---TG---T---T---A-G-T---CC-G---	8830
B.GB.83.CAM1	---...---G---...A---G---A---T---T---A---G---GC-G---A---	9289
B.NL.86.3202A21	---...---G---...A---G---T---T---T---A---G---G---G---	9285
B.TH.90.BK132	---...---G---T---...TC---T---T---C---G---G---G-A	8611
B.US.83.RF	---...---C-G---...AC---T---T---T---G---G---C-G---	8827
B.US.90.WEAU160	---...---G---...ACT---C---TG---T---T---G-A---G---A---T-C-GG---	9276
C.BR.92.92BR025	---T---...---G-A---A---G-T-C---T---G---C-AGGG-AG-G---	8634
C.BW.00.00BW3891_6	---...---G-A---G-A---...C-AGGG-AG---A---CG---A	8670
C.BW.96.96BW0502	---...---C-G-A---G-A---A---T-G-G---C-AGGG-AG-G---	8780
C.ET.86.ETH2220	---...---G-A---A---T---T---C-AG-G-AG-G---A...AT-G---	8676
C.IL.98.98IS002	---...---G-ATG---A---T---C-AGGG-AG---A---A-C---	8628
C.IN.95.95IN21068	---...---G-A---G-A---TC---T---G---T---C-AGGG-AG---	8647
C.IN.99.01IN565_10	-C-...---G-A---A---C---G---T---T---C-AGAG-AG---	8677
C.KE.00.KER2010	---...---G-A---G-A---T---T---G---C-AGGG-AG---	8489
C.MM.99.mIDU101_3	---...---G-A---G-A---A---C---T---T---C-AGGG-TG---	8659
C.TZ.97.97TZ04	---...---G-A---G-A---C---G---G---G-AG---G---	8507
C.TZ.98.98TZ017	---...---G-A---G-A---C---G---G---G-AG---G---C...T---	8633
C.ZA.01.2134MB	---...---G-A---G-A---T---G---G---C-A-G-AG---	8728
C.ZA.97.97ZA003	---...---G-A---G-A---T---G---G---C-AGGG-AG---	8609
C.ZM.96.96ZM651	---...---C-G-A---G-A---T---G---G---G-AG---G---CG---A	8652
D.CD.83.ELI	---...---G-A---A---A---A---G---T---C-GG-G---A---A-C-G---	8815
D.CD.83.NDK	---...---C-G---A---C---T---C---T---C-GG-G---C-G-A---	8783
D.CD.85.Z226	---...---G---...A---T---A---T-G---AT-A-GG-G---	9081
D.CM.01.01CM_0009BBY	---...---G---...A---T---A---T-G---AT-A-GG-G---AAT-C-G---	8421
D.KE.01.01KE_NKU3006	---...---G-A---C---A-T---A---G---T-G---T-CA-GGT-G---	8522
D.TD.99.MN012	---...---G---...AC---T---G---T-G---T---AG-C-G---	8487
D.UG.94.94UG114	---...---G-A-T---A-T---A---G---T-G-T---A-G---A-GG-G---	8594
D.UG.99.99UGA08483	---...---G-A---T---A---TTG---A-A-GG-G---G...AA-C-G---	8495
D.UG.99.99UGB21875	---...---G-A---A-T---A---T---T---T---G-G-G---A---CAG---	8474
F1.BE.93.VI850	---...---G---...A---G---T---T---AG-G-G---A---G---	8553
F1.BR.93.93BR020_1	---...---G---...A---A-G-G---T---C---GG-G---A---G---	8589
F1.FI.93.FIN9363	---C...---G---G---G---G---T---G---G---A---G---	8577
F1.FR.96.MP411	---...---G---C---A-T---TC---T---T---T---T---G-G---A---G---A	8443
F2.CM.02.02CM_0016BBY	---...---G---...A---T---C---T---T---T---G---G---A---G---	8349
F2.CM.95.MP255	---...---G---...CC---T---T---T---T---G---G---A---G---	8420
F2.CM.95.MP257	---...---G---...ACT---T---G---T---T---G---G---A---G---	8453
F2.CM.97.CM53657	---...---G---...ACT---GTC---G---T---A-G---A-G---TCAG-G---G-A---	8447
G.BE.96.DRCBL	---...---A-G---TG---ACT---GTC---G---T---A-G---A-G---TCAG-G---G-A---	9239
G.CM.01.01CM_4049HAN	---...---A-C-G---TG---ACT---CT---G---CT---A---G---T---CAGT-G---G-A---	8367
G.FI.93.HH8793_12_1	---...---A-G---ACT---CTC---G---T---A---A-G---C---CAG---G-A---	8676
G.NG.92.92NG083	---...---A-G---ACT---TC---C---G---T---A---A-G---T---CAG-G---G-A---	8626
G.SE.93.SE6165	---...---A-G---ACT---TC---C---G---T---A---A-G---T---CAG-G---G-A---	8718
H.BE.93.VI991	---...---C-G-T---AG---C---C---G---T---A---G---A-T---C-GG-TG-G---	8679
H.BE.93.VI997	T---...---G---AGG---C-C---G---T---T---A---T---C-GG-G---AG---	8594
H.CF.90.056	---...---C-G---AG---T---C---G---T---T---AA-T---C-GG-G---C---	8599
J.SE.93.SE7887	---...---C-G-A---A---C---T---A---T---AGCG-AG---G-A---T-G---	8574
J.SE.94.SE7022	---...---C-G-A---AC-B---C---T---A---T---T---AGCG-AG---G-A---	8584
K.CD.97.EQTB11C	---...---G-A---A---C---T---T---AGAG-AG---C-G---	8459
K.CM.96.MP535	---...---G-A---A---C---G---T---CAG-AG---A---CAG---	8463



Nef premature end in HXB2 \

B.FR.83.HXB2 CTTC...CCTGATTAGCAGA...ACTACACACCAGGCCAGGG...GTCAGATATCCACTGACCTTTGGATGGTGTCTACAAGCTAGTACCAGTTGAGCCAGATAAGATAGAAGAG...GCCAATAAAGGAGAG 9276

01_AE.CF.90.90CF4071 ---G---A---AC---C---TGT---T---AGAG-AG---G---A---A 9205

01_AE.JP.93.93JP NH1 ---G---A---AC---TC---TGT---T---A-AG-AG---G---A---C---A---A 9278

01_AE.TH.90.CM240 ---G---A---A---TC---TGT---T---C-A-AGAG-AG---G---A---C---A---A 8844

01_AE.TH.93.93TH9021 ---G---T---A---C---TGT---G---T---C-A-GAG-AG---G---A---C---A---A 9296

02_AG.CM.02.02CM 1677LE ---A---G---ACT---C---G---T---A-G-T---C-AG-G---G---A---A 8389

02_AG.CM.97.97CM MP807 ---A-C-G---A---ACT---C---G---T---A-G-T---C-AG-G---G---A---A 8477

02_AG.FR.91.DJ264 ---A---G---T---A---ACT---C---G---T---A-A-A---A-G-T---CAG-G---G---A---A 8631

02_AG.NG.--IBNG ---A---G---A---TC---G---T---A---A-G-T---CAG-G---G---A---G--- 8803

02_AG.SE.94.SE7812 ---A---G---ACT---TC---G---T---A---A-G-T---CAG-C---GA-A---A-C-G--- 8666

03_AB.BY.00.98BY10443 ---G---T---T---C---A-T---TC---G-A-A---C---C---GG-AG---CAG-G--- 9233

03_AB.RU.97.KAL153 2 ---G---T---T---C---A-T---TC---A-A---G---C---C---G-AG---CAG-G--- 8441

03_AB.RU.98.RU9800I ---G---T---T---C---A-T---TC---A-A---G---C---C---G-AG---CAG-G--- 8594

04_cpx.CY.94.CY032 ---G-G-T---A---AG---TC---TG---T---T---A-T---C-GG-G-G---C-G--- 8688

04_cpx.GR.91.97PVCH ---G---A---AG---TC---TG---T---T---A-T---C-GG-G-G---C-G--- 9402

04_cpx.GR.97.97PVMY ---G---A---AC---TC---TG---T---T---A-T---C-GG-G-G---A---AT-C-GC--- 9343

05_DF.BE.--VI1310 ---C---G---A-T---G-T---T---T---A-T---GG-G---GA---G--- 8685

05_DF.BE.93.VI961 ---G---G---AC---C---G---T---T---T---A---GG-G---A---G--- 8645

05_DF.ES.99.X492 ---G---A---A---C---G---T---T---A---T---GG---A---C--- 8596

06_cpx.AU.96.BFP90 ---G---A---AC---TC---T---T---T---T---GG-AG---A---CTT-C--- 9321

06_cpx.ML.95.95ML127 ---C---G---A---A-T---C---T---T---A---AA---G---C-T---AGGG-AG---A---AA-C--- 9278

06_cpx.ML.95.95ML84 ---G---A---A---C---T---T---G---C-T---AGGG-AG---A---AT-C--- 8489

06_cpx.SN.97.97SE1078 ---G---A---A---C---T---T---T---G---C-T---A-GG-AG---A---AG-C--- 9344

07_BC.CN.--CNGL179 ---G---A---TC---T---G---T---T---C---AGGG-AG---CG---A 8496

07_BC.CN.97.97CN001 ---G---C---TC---T---G---T---T---C---AGGG-AG---A---CG---A 8619

07_BC.CN.97.CN54 ---G---C---TC---T---G---T---T---C---AGGG-AG---CG-G---A 8477

07_BC.CN.98.98CN009 ---G---C---TC---T---G---T---T---C---AGGG-AG---CG---A 8619

08_BC.CN.97.97CNGX 6F ---C-G-C---A---TC---T---G---T---T---C---AGGG-AG---CG---A 8476

08_BC.CN.97.97CNGX 7F ---C-G-C---A---TC---T---G---T---T---C---AGGG-AG---CG---A 8470

08_BC.CN.97.97CNGX 9F ---C-G-C---A---TC---T---G---T---T---C---AGGG-AG---CG---A 8458

08_BC.CN.98.98CN006 ---G---C---G---A---AA---TC---T---G---T---C---AGGG-A---CG---A 8631

09_cpx.GH.96.96GH2911 ---A---G---A---A---T---T---T---T---G---A-T---A-GG-AG---G---C-GG--- 8451

09_cpx.SN.95.95SN1795 ---A---G---A---A---T---T---T---T---G---A-T---A-GG-AG---G---C-GG--- 8475

09_cpx.SN.95.95SN7808 ---A---G---A---AC---T---T-A---T---T---G---A-T---A-GG-AG---G---C-GG--- 8451

09_cpx.US.99.99DE4057 ---A---G---A---A---T---T---T---T---G---A-T---A-GG-AG---G---C-GG--- 8389

10_CD.TZ.96.96TZ BF061 ---G---A---A---G---T---T---T---C---AGAG-AG-G---G--- 8631

10_CD.TZ.96.96TZ BF071 ---G---A---A-T---G---G---C---A-GG-AG-G---G--- 8676

10_CD.TZ.96.96TZ BF110 ---G---A---A-T---G---G---C---AGGG-AG-G---G---G--- 8644

11_cpx.CM.02.02CM 4118STN ---G---A---AC---C---TGT---T---T---C---GG-AG---G---C-G--- 8396

11_cpx.CM.96.4496 ---G---A---AC---C---TGT---T---T---C---GG-AG---G---C-G--- 8629

11_cpx.FR.99.MP1298 ---G---A---AC---C---TG---T---T---T---AGGG-AG---G---G--- 9293

11_cpx.GR.--GR17 ---G---T---A---C---TGT---T---T---C---AGAG-AG---G---G--- 8555

12_BF.AR.97.A32989 ---G---A---A---G---T---T---T---C---GG-G---A---A---G--- 8827

12_BF.AR.99.ARMA159 ---G---TG---G---T---T---C---TGG-G---A---G--- 9241

12_BF.UY.99.URTR23 ---G---T---G---G---T---T---C---GG-G---A---CG--- 9286

12_BF.UY.99.URTR35 ---G---A---A---G---T---T---C---CGG-G---A---G--- 9299

13_cpx.CM.02.02CM 3226MN ---G---A---A---C---TGT---A---T---T---A---T-CA-AG-AG---G---G---A 8448

13_cpx.CM.96.1849 ---G---A---A---G---A---C---TGT---T---T---A---T-CAGAG-AG---G---G---A 8701

13_cpx.CM.96.4164 ---G---A---A---C---TGT---T---T---A---T-CAGAG-AG---G---G---A 8698

14_BG.ES.00.X475 ---A---G---CCT---C---G---T---A---A---A---G-T---CAG-G---G---A---T-C--- 8705

14_BG.ES.00.X477 ---A---G---ACT---TC---G---T---A---A---A---G-T---CAG-G---G---A---T--- 8723

14_BG.ES.00.X623 ---A---G---ACT---C---A---G---T---A---A---A---T---CAG-G---G---A---AA-C--- 8737

14_BG.ES.99.X397 ---A---G---ACT---C---G---T---A---A---A---A-G-T---CAG---G---A---T-C--- 8756

15_01B.TH.02.02TH OUR1331 T---G---A---A---C---TGT---T---T---T---AGAG-TGC---G---A---C---AG-A 8484

15_01B.TH.02.02TH OUR1332 T---G---A---A---G-C---TGT---T---T---T---AGAG-AG---G---A---C---AG-A 8508

15_01B.TH.99.99TH MU2079 ---G---A---A---C---TG---T---T---T---C---AG-G-TG---G---AA---C---A 8651

15_01B.TH.99.99TH R2399 ---G---A---A---TC---TGT---T---T---T---CA-AGAG-AG---G---A---GC---A 8688

16_A2D.KE.00.KISII5009 ---G---T---A---AC---TC---A---A---T---T---TC-G---A---T-C-G-G--- 8481

16_A2D.KR.97.97KR004 ---G---GGT---A---A-T---C---A---A---T---T---CAGT---C-G-G---G---T-C-G-G--- 8693

N.CM.--YBF106 ---C---G---A---T---C---CY-TG---T---A---T---GTCAGAG---AGCAG---A---T---G---C 8809

N.CM.95.YBF30 ---C---G---T---A---A-T---C---CG-A---T---T---A---T-GTCAG-T---AG-AG---T---G---C 8866

O.BE.87.ANT70 ---G---A---A---AC---G-TC---A---A---TG-TT---A---GTCAGA---AG-GC---AGACTA---G---C-T-T--- 9366

O.CM.--.96CMABB009 ---C---C---G---G---A---A---AC---TC---A---C---CTA-T---A---AACAGA---AG-GC---AGATTG---G---C-T-T---A 8793

O.CM.91.MVP5180 ---G---TGT---G---A---A---CCT---TC---A---A---TG-TT---A---G---GTCAG---AG-GC---GAGACTG-GT---C-AAT---A 9389

O.SN.99.SEMP1299 ---G---GG---A---CCA---TC---A---G---TA-TT---T---GTCAGA---C-G---GC---G---ACTA-GA---C---GT-T--- 9428

CPZ.CD.--ANT ---G---T---GA---A---A---T---CTGTAGA---T-TT---T---A---AT-CCA---CC-G-T-AT--- 8715

CPZ.CM.98.CAM5 T---C---G---A---A---A---C---A---T---T---G---TC-GACA---GG-AG-G---GA-A---CG--- 9022

CPZ.GA.--CPZGAB ---C---G---A---A---A---ACA---TC---CTGT---T---A---G---CC-GACAGAG---GC---G---C---A---G---T 9349

CPZ.US.85.CPZUS ---C---G---T---C---T---A---A---A---C---A---A---G---TT---T---C---TC-CACAGA---GG-AG---GC--- 9315

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

Nef premature end in HXB2 /



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	AAC...ACCAGCTTGTACACCCCTGTGAGCCTGCATGGGATGGATGACCCGGAGAGAGAAGTGTAGAGTGGAGGTTTGACAGCCGCTAGCATTTCATCACGTGGCCCGAGAGCTGCATCCGGAGTACT	9403
A1.KE.00.MSA4069	...-A---C-----GA-AT-T--A-----A---G-TGA-----A---A-GA-----A-----G--C-AAGA--AGA---T--A-----T--	8626
A1.KE.94.Q23_17	...-A---C-A-----GA-AT-T-AA-----A-----TGAA-----A---A-----A-----G--C-AA-A--AGA---A-----GG-	8855
A1.SE.94.SE7253	...-A---TC-A-----A-T--AA-----A-----TGAA-----A---ACA-AG--C-----G--AAGA--AGA---A-----T--	8613
A1.TZ.97.97TZ02	...-A---C-----GA-AT-T-AA-----A-----TGA-----A---A-----A-----GT-----G--C-GA-A--AGA---AA---AA-----T--	8607
A1.UA.00.98UA0116	...-A---C-A-----A-AT--AA--C-A-----A-----TGA-----A---A-----AT-----A-----T-----G--TC-AACA--AGA---A-----T--	9414
A1.UG.85.U455	...-A---TC-AC-----A-AT--AA-----AG-A-----TGAA-----A---A-----AT-----A-----TAC--G--AA-A--AGA---TTAT-----T--	8854
A1.UG.92.92UG037	...-A---AT--C-A-----A-AT--AA-----A-----A-----TGA-----A---ACA-AG--A-----A-----G--CGAGTA--AAA-AA-----TT-	8812
A2.CD.97.97CDKS10	5323
A2.CD.97.97CDKTB48	...-A---T-A-----CA-AT--AA-----AGCA--G-----T-A-----A-----A-----A-----T--T-----G--GC-GAGA--C-A---A-----A-----T--	8764
A2.CY.94.94CY017_41	...-A---A-----A-AT--AA-----AG-A-----T-A-----A-----AGA-----GA-----T--AA-----G--CGGAGA--AGA-----G--	8829
B.AR.99.ARMA132	...-A-----A-----AA-----G-----A-----A-----AT-----A-----A-----A-----T-----T-----	8598
B.AU.95.MBCC54	...-A---AC---C-GTTGG-----A-----A-----A-----A-----GAC---CCA-----AGGAGG-GT---G--TGAGTGAC-----T-----	8555
B.BO.99.BOL0122	...-A---C-C-G-----A-----AA-----A-----A-----G-T-----A-----C-----TA-----C-----A-----T-----	8598
B.CN.-.RL42	...-A-T-----C-----A-----AA-----AGCT-----A-----C-----AT-----A-----T-----A-C-----A-----A-----C-----A-----C-----	8756
B.ES.89.S61K15	9039
B.GA.88.OYI	...-A-----T-----A-A-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----G-----A-----G-----	8957
B.GB.83.CAM1	...G-----A-----A-----A-----A-----AC-AT-----A-----A-----A-----A-----AA-----T-----	9416
B.NL.86.3202A21	...-A-----A-----A-----C-----A-----A-----AC-AT-----A-----A-----T-----A-----A-----T-----	9412
B.TH.90.BK132	...-A-T-----A-----A-----A-----A-----AT-----A-----A-----G-----G-----A-----AA-----	8738
B.US.83.RF	...-A-----A-AT-----A-----A-----A-----T-----A-----C-----C-----C-----AA-----	8954
B.US.90.WEAU160	...-A-----A-----A-----AT-----A-----A-----AT-----A-----AAA-----A-----A-----	9403
C.BR.92.92BR025	...-A---AC-----A-----T-A-----A-----G--TT-AC-C-----A-----C-----A-----A-----T-T-----CG-AGA--A-----C-----A-----T--	8761
C.BW.00.00BW3891_6	...-A-T-----C-----A-A--T-A-----A-----G--TGAA-C-----G-----A-----AGA-----A-----T-A-----C-----CGCAGA--A-----C-----A-----GG-	8797
C.BW.96.96BW0502	G...-A-T-T-----C-----A-----A-----A-----G--TGAA-C-----G-----A-----A-----A-----T-AA-----CGCAGA--A-----C-----AT-----T--	8907
C.ET.86.ETH2220	...-A-T-----C-G-----C-----A-----G--TGAA-C-----A-----A-----A-----T-A-----C-----CGCAGA--A-----C-----A-----T-----	8803
C.IL.98.98IS002	...-A-T-T-----C-----A-A-----A-----G--TGAA-A-----A-----C-----A-----T-TT-----CGCAGA--A-----C-----T-A-----T--	8755
C.IN.95.95IN21068	G...-A-T-T-----C-----T-----A-----A-----G--TGACC-C-AC-----A-----G-T-----A-----T-AA-----CAC-A--AG-----C-----A-----TT-	8774
C.IN.99.01IN565_10	...-A-C-TC-----A-T-----A-----A-----G--TGGA-C-----C-----AT-----A-----A-----CGCA-A--A-----C-----A-----TT-	8804
C.KE.00.KER2010	...-A-T-T-----C-----A-----A-----A-----G--TGAA-----A-----AG-----CA-----T-----T-----CACAGA--C-----C-----AA-----T--	8616
C.MM.99.mIDU101_3	G...-A-T-T-----C-----A--TT-----A-----A-----G--TGAAC-CG-----C-GC-----A-----T-AA-----C-CAGA--AG-----C-----A-----TT-	8786
C.TZ.97.97TZ04	-T...-A-T-T-----C-----A-A-----A-----A-----G--TGAA-C-----A-----A-----A-----T-A-----GCAGA--A-----C-----A-----T--	8634
C.TZ.98.98TZ017	...-G-T-T-----C-----A-----A-----A-----C-----G--TGAA-C-----A-----AGA-----A-----T-T-----CACAGA--A-----C-----A-----T--	8760
C.ZA.01.2134MB	G...-A-T-T-----C-----A-A-----A-----A-----G--TGGA-A-----A-----A-----A-----A-----A-----CGCAGA--A-----C-----A-----T--	8855
C.ZA.97.97ZA003	...-A-T-TC-----C-----A-----A-----AC-A--G--TGAT-----A-----A-----CA-----C-----A-----CGCAGA--A-----C-----A-----GG-	8736
C.ZM.96.96ZM651	...-A-T-TC-----C-----A-----A-----A-----A-----TGATC-C-----A-----A-----A-----T-A-----CA-A-A--A-----A-----T--	8779
D.CD.83.ELI	-C...-A-----A-----A-AT-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----G-G--AA-----A-----T--	8942
D.CD.83.NDK	G...-A-T-----A-----T-----A-----A-----A-----G-----C-----AT-----A-----A-----A-----A-----C--G-G--AA-----T--	8910
D.CD.85.Z226	9081
D.CM.01.01CM_0009BBY	8421
D.KE.01.01KE_NKU3006	...-A-T-----A-----T-----A-----A-----G-----AT-----A-----A-----TA-A--C--G-A--AA-----AC-A-----	8649
D.TD.99.MN012	...-AGT-T-----C-----A-----T-----A-----AG-----G--T-----G-T-----A-----A-----AAA-----A-G-A--AAA--AA--AA-----T--	8614
D.UG.94.94UG114	G...-A-T-----GA-A-A-----A-----A-----G-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----G-A--AA--AA-AT-AAA-----	8721
D.UG.99.99UGA08483	...-A-T-----T-----A-----A-----A-----G-----T-----C-GAT-----A-----A-----A-----A-----R-----G-A--TMA--ATA-----R--A-----	8622
D.UG.99.99UGB21875	...-A-T-----A-----A-----A-----A-----G-----AG-----A-----A-----A-----A-----G-A--AA--AA-ATAAA-----T--	8601
F1.BE.93.VI850	...-A-T-----CA-----AA-----A-----G--TGAA-C-----AC-GAG-----A-----A-----G--C-GAGA--A-A--A-----AGA-----T--	8680
F1.BR.93.93BR020_1	...-A-T-----C-----CA-----AA-----A-----G--TGAA-C-----AC-GA-A-----GA-----T-G--C-GAGA--A-A--A-----AGA-----	8716
F1.FI.93.FIN9363	...-A-T-----C-----CA-----AA-----A-----G--TGAA-C-----AC-GA-A-----A-----G-----G--C-GA-A--A-A--A-----AGA-----T--	8704
F1.FR.96.MP411	...-A-T-----C-----AA-----AA-----A-----TGAA-C-----AC-GAGA-----GA-----T--T--G-----AGA--A-A--A-----AAA-----T--T--	8570
F2.CM.02.02CM_0016BBY	8349
F2.CM.95.MP255	...-A-T-----A-----A-----A-----A-----G--TGAA-C-----AGA-----A-----A-----C-GAGA--A--A--AGA-----TT-	8547
F2.CM.95.MP257	...-A-T-T-----A-----A-----A-----A-----G--TGAC-C-AG-----A-----CA-----GC-GAGA--TA-A--A-----AGA-----	8580
F2.CM.97.CM53657	...-A-T-T-A-G-----A-----AA-----A-----G--GAA-C-G-----A-----A-----A-----TC-----CGGAGA--AGA--A--A-----	8574
G.BE.96.DRCBL	...-A---C-----CA-CT--A-----A-----G--GAA-TG-----C-G-TA-----A-----TA--G--CGGAGA--T-A-----	9366
G.CM.01.01CM_4049HAN	8367
G.FI.93.HH8793_12_1	...-A---TC-A-----CA-TT-G-A-----A-----G--GA-----C-----C-GATA-----A-----TA-----CGGAGA--C-A-----T--	8803
G.NG.92.92NG083	...-T---TC-A-----CA-CT--A-----A-----G--TGAA-C-----C-G-TA-----A-----A-----TA-----CGGAGA--C-A-----	8753
G.SE.93.SE6165	...-A---TC-A-----CA-CT--A-----A-----G--GAA-C-----C-G-T-----A-----TA-----CGGAGA--A-A-----	8845
H.BE.93.VI991	...-A-----A-----T-----AA-----A-----A-----G--T-----A-----AC-AT-----A-----T-----A-----C-GAGA--AGA--AA-----T--	8806
H.BE.93.VI997	...-A-T-C-C-T-----A-AT--A-----A-----G--GAA-G-----C-GAT-----A-----T-----C-CACA--ACA-----AAA-----T--	8721
H.CF.90.056	...-A-----C-----CA-----A-----A-----G--TGAC-G-----C-GAT-----AA-----T-----A-----GACA--T-----TAAA-----	8723
J.SE.93.SE7887	...-A-T-C-----CA-AT--A-----A-----A-----G--TGAA-A-----C-----A-----A-----TC-----CGGAGA--A-A-----TT-	8701
J.SE.94.SE7022	...-A-T-C-----C-CAT--A-----A-----A-----G--TGAA-A-----C-----A-----A-----TC-----CGGAGA--A-A-----TT-	8711
K.CD.97.EQTB11C	...-A-T-C-----A-A-A-----A-----G--TGAAC-C-----A-----A-----A-----TTC--G--CGAA-A--T-----A-----	8586
K.CM.96.MP535	G...-A-T-C-----CA-A-A-----A-----A-----G--TGAAC-C-----A-----A-----AT-----A-----TTC--CGAAGA--A-----C-----	8590



Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	AAC...ACCAGCTTGTACACCCCTGTGAGCCTGCATGGGATGGATGACCCGGAGAGAGAAGTGTAGAGTGGAGGTTTACAGCCGCTAGCATTTCATCACGTGGCCCGAGAGCTGCATCCGGAGTACT	9403
01 AE.CF.90.90CF4071	...-A-T-TC-----CA-----A-----A-A-G-TGAA-A-----C-GAT-----A-----TTC-----CGAAGA-A-A-----A-----A-----	9332
01 AE.JP.93.93JP.NH1	...-A-T-C-----CA-----A-----A-----GAA-A-----C-GAT-----A-----TGC-----G-AGAAGA-A-A-----AA-----A-----T-----	9405
01 AE.TH.90.CM240	...-A-T-C-----CA-----A-----A-A-G-GAA-A-----C-GAT-----A-----TGC-----CGAA-A-----A-----A-A-----A-----	8971
01 AE.TH.93.93TH9021	...-A-T-C-----CA-----A-----A-A-G-GAA-C-----G-----C-GAT-----A-----TTC-----CGAA-A-----A-A-----A-----G-----A-----	9423
02 AG.CM.02.02CM.1677LE	...-A-T-T-A-----CA-CT-T-A-----A-----G-----GAA-C-----C-G-TC-----A-----T-A-----G-----T-----GA-A-----AGA-----T-----A-----A-----T-----	8389
02 AG.CM.97.97CM.MP807	...-A-T-T-A-----CA-CT-T-A-----A-----G-----GAA-C-----C-G-TC-----A-----T-A-----G-----T-----GA-A-----AGA-----T-----A-----A-----T-----	8604
02 AG.FR.91.DJ264	...-A-T-A-----CA-CT-T-A-----A-----G-----GAA-C-----AC-G-TC-----A-----TA-----G-----AGAAGA-A-A-----A-----G-----T-----	8758
02 AG.NG.-.IBNG	...-A-T-A-----CA-CT-T-AA-----A-----G-----GAC-T-----C-GATC-----A-----TA-A-----G-----CAGA-ACA-TA-----A-----	8930
02 AG.SE.94.SE7812	...-A-T-A-----CA-CT-T-A-----A-----G-----GAA-C-----C-G-TC-----A-----TA-A-----G-----CACA-AAA-T-----A-----T-----	8793
03 AB.BY.00.98BY10443	...-A-C-A-----A-AT-----A-C-----A-A-----TGA-----A-A-----AT-----A-----T-----G-----TC-AA-CA-----AGA-----T-----	9360
03 AB.RU.97.KAL153.2	...-A-C-A-----A-AT-----AA-C-----A-----TGA-----A-A-----AT-----A-----T-----G-----TC-AA-CA-----AGA-----T-----	8568
03 AB.RU.98.RU98001	...-A-C-A-----A-AT-----AA-C-----A-----TGA-----A-A-----AT-----A-----T-----G-----TC-AA-CA-----AGA-----T-----	8721
04 cpX.CY.94.CY032	...-T-T-C-G-----A-A-----A-----A-----G-TGAA-----A-A-----A-----T-----G-----ACA-G-----A-----A-----T-----	8815
04 cpX.GR.91.97PVCH	...-A-T-T-C-G-----A-A-----A-----A-----G-TGAA-----A-A-----A-----T-----CA-A-----A-A-----A-----T-----	9529
04 cpX.GR.97.97PVMY	G...-A-T-T-C-G-----A-A-----A-----A-----G-TGAA-----C-----A-----A-----T-TG-----ACAGA-----A-----T-----	9470
05 DF.BE.-.VI1310	G...-A-T-----C-----CA-----A-----A-----G-TGAT-C-----AC-GC-----A-----A-----G-----AAGA-A-A-----A-----AGA-----A-----T-----	8812
05 DF.BE.93.VI961	...-A-T-----C-----CA-CA-AA-----A-----G-TGAA-TG-----A-AG-----A-----TC-----AA-A-----A-A-----A-----AGA-GC-----A-A-----T-----	8772
05 DF.ES.99.X492	G-A...GG-T-C-AC-----CA-----AA-----A-A-----TG-A-C-A-----A-A-A-----AAA-----AA-G-----C-----A-----AA-C-----A-A-----T-----	8723
06 cpX.AU.96.BFP90	...-A-T-C-----CA-AT-----A-----AGCA-G-----TGAA-A-----A-----A-----TC-----AGGAGA-A-A-----A-----AAA-----T-----	9448
06 cpX.ML.95.95ML127	...-A-C-----CA-T-----A-----AGC-----G-TGAA-AG-----C-AT-----A-----TC-----CGAAGA-A-A-----A-----C-----TT-----	9405
06 cpX.ML.95.95ML84	...-A-T-C-----CA-----A-----A-----G-TGAA-----A-----AT-----A-----TC-----CGGAGA-ACA-----A-----A-----TT-----	8616
06 cpX.SN.97.97SE1078	...-R-----C-----CA-T-----A-----AG-----T-A-AR-----AT-----A-----TC-----G-----CGGAGA-A-A-----AR-----AW-----T-----	9471
07 BC.CN.-.CNGL179	G...-A-T-----C-----T-----A-----A-----G-TGAAC-C-----A-----A-----A-----T-AA-----CACAGA--TG-----C-----A-----A-----T-----	8623
07 BC.CN.97.97CN001	G...-A-T-----C-----T-----A-----A-----G-TGATC-C-----A-----A-----C-----A-----T-AA-----CACAGA-AG-----C-----A-----A-----T-----	8746
07 BC.CN.97.CN54	G...-A-T-----C-----T-----A-----A-----G-TGATC-C-----A-----A-----A-----T-AA-----CACAGA-AG-----C-----A-----A-----T-----	8604
07 BC.CN.98.98CN009	...-A-T-----C-----T-----A-----C-----A-----G-TGAAC-C-----A-----A-----A-----T-AA-----CACAGA-AG-----C-----A-----A-----T-----	8746
08 BC.CN.97.97CNGX.6F	G...-A-T-T-C-----CT-----A-----A-----G-TGAAC-C-----A-----A-----A-----T-AA-----CACAGA-AG-----C-----A-----A-----T-----	8603
08 BC.CN.97.97CNGX.7F	G...-A-T-T-C-----CT-----A-----A-----G-TGAAC-C-----A-----A-----A-----T-AA-----CACAGA-AG-----C-----A-----A-----T-----	8597
08 BC.CN.97.97CNGX.9F	G...-A-T-T-C-----CT-----A-----A-----G-TGAAC-C-----A-----A-----A-----T-AA-----CACAGA-AG-----C-----A-----A-----T-----	8585
08 BC.CN.98.98CN006	G...-A-T-T-C-----CT-----A-----A-----G-TGAAC-C-----A-----A-----A-----T-AA-----CACAGA-AA-----T-----A-----T-----	8758
09 cpX.GH.96.96GH2911	...-A-----T-----AA-----AG-----TCA...-GAG-----C-GAT-----AC-----C-GA-A-----YA-A-----A-----AAA-----T-----	8575
09 cpX.SN.95.95SN1795	...-A-T-C-----A-T-T-AA-----A-A-G-TT-A-AG-----A-AC-GAT-----A-----AC-----C-GA-A-----C-A-----AA-----AAA-----T-----	8602
09 cpX.SN.95.95SN7808	...-A-T-----A-AT-----AA-----C-A-G-----T-A-A-----G-AC-GAT-----A-----AC-----C-GA-A-----A-A-----A-----AA-----T-----	8578
09 cpX.US.99.99DE4057	...-A-----T-----AA-----AG-----TCA...-GAG-----C-GAT-----AC-----C-GA-A-----YA-A-----A-----AAA-----T-----	8389
10 CD.TZ.96.96TZ.BF061	...-A-T-----C-----CA-----A-----A-----G-TAAAC-TG-----A-----T-----A-----AC-----CACA-A-----A-A-----C-----A-----T-----	8758
10 CD.TZ.96.96TZ.BF071	...-A-----C-G-----CA-----A-----A-----G-TG-AC-CG-----A-----ATA-----CA-----T-AAA-----CACACA-----A-----C-----T-----	8803
10 CD.TZ.96.96TZ.BF110	...-A-----C-----CA-----A-----A-----A-T-A-C-----A-----A-----A-----T-AG-----CA-A-----A-----C-----A-----T-----	8771
11 cpX.CM.02.02CM.4118STN	...-A-C-TC-----CA-AT-----A-----A-A-G-TGAA-A-----A-----AGA-----A-----TTC-----CGAAGA-A-A-----R-----T-----	8396
11 cpX.CM.96.4496	...-A-C-TC-----CA-AT-----A-----A-A-G-TGAA-A-----A-----AGA-----A-----TTC-----CGAAGA-A-A-----R-----T-----	8756
11 cpX.FR.99.MP1298	...-A-T-C-----T-CA-AT-----AA-----A-----TGAA-AG-----AT-----A-----TC-----CGAA-A-----A-A-----A-----C-T-----	9420
11 cpX.GR.-.GR17	...-A-T-C-----CA-----A-----A-A-G-TGAA-T-----AGA-----A-----TTC-----CGAAGA-A-A-----A-----C-T-----	8682
12 BF.AR.97.A32989	...-A-T-----C-----CA-----AA-----A-----TGAA-C-----AC-GAG-----A-----TA-G-----AGA-----T-T-----A-----AAA-----T-----	8954
12 BF.AR.99.ARMA159	...-A-T-----C-----CA-----AA-----A-----TGAA-C-----AC-GATA-----A-----G-GC-AA-AG-----T-A-----A-----AAA-----A-----GG-----	9368
12 BF.UY.99.URTR23	...-A-T-----G-----CA-----AA-----A-A-G-TGGA-C-A-----AC-G-TA-----A-----G-C-GAGG-----A-A-----A-----AGA-----A-----	9413
12 BF.UY.99.URTR35	...-A-T-----C-----CA-----AA-----A-----G-TGA-----AC-GC-----A-----A-----A-----G-----CGGAGA-A-A-----A-----AAA-----T-----T-----	9426
13 cpX.CM.02.02CM.3226MN	...-A-T-C-C-----AA-----A-----A-A-G-TG-A-----A-----A-AT-----A-----TTC-----CGAA-A-----A-A-----A-----T-----	8448
13 cpX.CM.96.1849	...-A-T-C-C-----AA-----A-----A-A-G-TGAA-A-----A-----A-AT-----A-----TTC-----CGAAGG-----A-----A-----A-----T-----	8828
13 cpX.CM.96.4164	...-A-T-C-C-----AA-----A-----A-A-G-TGAA-A-----A-----A-AT-----A-----TTC-----CGAAGG-----A-----A-----A-----T-----	8825
14 BG.ES.00.X475	-T...-A--T-A-----CA-CT--A-----AC--G--TG-A-C-G-G--C-GATA--A-----TA-----CGGAGA--A-A-----A-----T-T-----	8832
14 BG.ES.00.X477	-T...-A--T-A-----CA-CT--AA-----A--G--TG-A-C-AT-G--C-G-TA--A-----TA-----CGGAGA--A-A-----A-----T-----	8850
14 BG.ES.00.X623	-T...-A--T-A-----CA-CT--A-----A--GGR-TGGA-C-AT-G--C-GAGA--RA-----TA-----CGGAGA--A-A-----A-----K-T-----	8864
14 BG.ES.99.X397	-T...-A--T-A-----CA-CT--A-----A--G--TG-A-C-AT-G--C-GATA--A-----TA-----CGGAGA--A-A-----A-----A-T-T-----	8883
15 01B.TH.02.02TH.OUR1331	...-A-T-C-----G-----CA-----A-----ACAA-G-----GAA-A-----C-GAT-----A-----TC-----CGAA-A-----ACA-----A-----A-----	8611
15 01B.TH.02.02TH.OUR1332	...-A-T-C-----CA-----A-----ACAA-----TGAA-C-----C-GAT-----A-----TC-T-----CGAA-A-----A-A-----A-----C-----A-----T-----	8635
15 01B.TH.99.99TH.MU2079	...-A-T-C-----CA-----A-----A-----G-GAA-A-----C-GA-----CA-----TG-----CGAA-A-----A-A-----A-----T-----	8778
15 01B.TH.99.99TH.R2399	...-A-T-C-----CT-----A-----A-----ACAA-----GA-----T-A-----C-GAT-----AA-----TG-----CGAA-A-----A-A-----T-----C-----A-----T-----	8815
16 A2D.KE.00.KISII5009	...-A-----A-----A-----T-----AA-----A-----A-G-----T-----G-----AG-----A-----T-----A-----G-----AGGAGA-----A-----	8608
16 A2D.KR.97.97KR004	-C...-A-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----A-----GT-----T-----T-A-----T-----C-GGTA-----AAA-----T-----	8820
N.CM.-.YBF106	-T...-ATGC-C-CC-G--T-CA-AT-T-AA--AG-A-----TGATC-C-A-C-----C-G-T-----C-----TC-----G-----AGAAGA-----A-----AAA-----C-T-----	8936
N.CM.95.YBF30	...-ATGC-C-C-----CA-AT-T-AA--AGCA-----TGATC-T-A-----G-T-----C-----A-----ATCT-----AGAAGA-----T-A-----AA-----TT-----	8993
O.BE.87.AN770	-GG...G-T-ATC-CC-G-T-A-CAT-TGCC--AT-T-A-TA-AC-T-A--A-AC-GAT--A-----T-----ATCT--GCAACACC-T-T-TATGATAACT--C-A--CT--	9493
O.CM.-.96CMABB009	-GG...G-T-A-C-C-----T-A-CTT-TAAT--CT-T-----CC-CG-G--A-C-GA-A-CAA-----ATCA-----TAACACC-T-A--A-ATACTA-C-A--CTG--	8920
O.CM.91.MVP5180	G-T...G-T-TC-TC--T-A-CTT-TAAT--AGCT-G-TG-AC-CG-G-GA-AC-A-A-CA-----T-ATCAT--GC--AACA-TA-A--TGC-AAA--C-A--CT--	9516
O.SN.99.SEMP1299	-GG...G-T-C-CC-G-T-A-CTT-AAAC--CT-T-A--AAACC-CG-GC--A-AC-GA-A-CA-----T-ATCA--GCAGCACC-T-T-TATG-TAACCA-C-A--CT--	9555
CPZ.CD.-.ANT	-GG...A--TAC-CC-C-----CTT-TACA--AGAT-GA-----AC-T-A--GA-C--AGA--GAA-----TGCAA--GATGAGAAGA--A-T-AA--AAGA--C-T-A-T--	8842
CPZ.CM.98.CAM5	-C...-AT-TAC-C-T-----CA-AT--AA--A-----G--TGAAC-TG-----C-----TC-----A-G-G--TC-GA-A--C-A--A--A-AA-----T-----	9149
CPZ.GA.-.CPZGAB	...-A-T-C-----G-----T-----CA-AT-T-A-----A-----A-----TGA-----C-A-----G-----C-----G-TC-----C-C-----A-G-G-C--AAGA-TA-T--A--AA-----	9476
CPZ.US.85.CPZUS	-C...-A--TAC-C-G--CA-T--A-----A-----A-----TGAAC-TG-C-----ATC-----CA-----CTGAA--G--TCGGAGA--AGA--TAA-----A-----	9442
Nef	N . T S L L L H P V S L H G M D D P E R E V L E W R F D S R L A F H H V A R E L H P E Y	Nef



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	TCF-1 alpha binding site -	Nef end \		-NF-kappa-BII
B.FR.83.HXB2	TC.....	AAGAAGCTGCTGACAT.CGAGC.TT.....	GCTACAA.....	GGG 9437
A1.KE.00.MSA4069	A-.....	AG-----C.A--AG.--	-----GAC-	8660
A1.KE.94.Q23_17	A-.....	G-----C.A--AG.--	-----T-GACT	8889
A1.SE.94.SE7253	A-.....	AG-----C.A--AG.--	-----GAC-	8647
A1.TZ.97.97TZ02	A-.....	AG-----C.A--AG.--	-----GAC-	8641
A1.UA.00.98UA0116	A-.....	AG-----C.A--C-	-----GAC-TGAAGTT	9460
A1.UG.85.U455	ATAAAGACTG.....	AG-----C.A--AG.--	-----GAC-	8896
A1.UG.92.92UG037	A-.....	AG-----C.A--GAG.--	-----GACT	8846
A2.CD.97.97CDKS10	5323
A2.CD.97.97CDKTB48	A-.....	AG-----C.A--AG.A-	-----GAC-CAGAAGTT	8813
A2.CY.94.94CY017_41	A-.....	AG-----C.A--AG.--	-----GACG	8863
B.AR.99.ARMA132	A-.....	G-----C-----	-----T-----	8632
B.AU.95.MBCC54	A-GT-C--TTGGGGACTTTCC.....	AA--	8581
B.BO.99.BOL0122	A-AAAGATTGATTGCT.....	GACAGTGTCTAC-GAG-G-----	G.A--T-----	8659
B.CN.-.RL42	A-.....	AG-----T-----	T-----	8790
B.ES.89.S61K15	9039
B.GA.88.OYI	A-.....	AG-----	T-----G	8991
B.GB.83.CAM1	A-.....	AG-----	T-----	9450
B.NL.86.3202A21	A-.....	G-----	T-----	9446
B.TH.90.BK132	A-.....	G-----	T-----	8772
B.US.83.RF	A-.....	AG-----T-----	T-----	8988
B.US.90.WEAU160	-T.....	AG-----T-----	T-----	9437
C.BR.92.92BR025	A-.....	AG-----T.C.A--AG.-ACAAA..	GACT--GAC-CAG.....	8808
C.BW.00.00BW3891_6	A-.....	AG-----C.A--A-	-----CT--	8821
C.BW.96.96BW0502_	A-.....	AG-----C.A--GAG.GGACTT..	TCT--GAC-TAA.....	8953
C.ET.86.ETH2220	A-.....	AG-----C.A--C-	-----	8827
C.IL.98.98IS002	A-.....	AG-----C.A--A-	-----	8779
C.IN.95.95IN21068	A-.....	AG-----C.G--A-	-----	8801
C.IN.99.01IN5655_10	A-AAAC.....	AG-----C.A--A-	-----	8849
C.KE.00.KER2010_	A-AAAGACTGCTG.....	AGGTCCTTACA-AG-----	C.A--A-----	8640
C.MM.99.mIDU101_3	A-.....	AG-----C.A--A-	-----	8809
C.TZ.97.97TZ04	A-.....	AG-----C.A--A-	-----	8658
C.TZ.98.98TZ017	A-.....	AG-----C.A--AG.AGACT..	TT--GAC-CAG.....	8804
C.ZA.01.2134MB	A-.....	AG-----C.A--A-	-----	8879
C.ZA.97.97ZA003	A-.....	AG-----C.A--A-	-----	8760
C.ZM.96.96ZM651	A-.....	AG-----C.A--A-	-----	8803
D.CD.83.ELI	A-.....	A-----A-----C-----	T-----	8976
D.CD.83.NDK	A-.....	AG-----T-----	C-----	8944
D.CD.85.Z2Z6	9081
D.CM.01.01CM_0009BBY	8421
D.KE.01.01KE_NKU3006	A-.....	AG-----C-----	T-----	8682
D.TD.99.MN012	-TAAAGACTGCT.....	GACTGAGT-AG-----	C.-A--T-----	8669
D.UG.94.94UG114	A-.....	AG-----C-----	T-----	8755
D.UG.99.99UGA08483	A-.....	AG-----C-----A-	T-----	8656
D.UG.99.99UGB21875	A-.....	AG-----C-----T--	T-----	8635
F1.BE.93.VI850	A-CAA.....	GACTGAG-----C.A--A--	-----GAC-CAGAAGAA.....	TCTAAAA--
F1.BR.93.93BR020_1	A-CAA.....	GACTGAG-----C.A--A--	-----GAC-CAGAAGA.....	ATCTAAA--
F1.FI.93.FIN9363	A-CGA.....	GACTGAG-T-----C.A--A--	-----GAC-CAGAAGA.....	ATCTAA--
F1.FR.96.MP411	AT.....	C.A--	-----	8578
F2.CM.02.02CM_0016BBY	8349
F2.CM.95.MP255	A-.....	C-AG-----	-----	8555
F2.CM.95.MP257	A-.....	AG-----	-----	8588
F2.CM.97.CM53657	A-AAAGACTG.....	GA-----T.C.A--AG.A-	T--A--	8616
G.BE.96.DRCBL	A-.....	AG-----C.A--AG.--	-----GAC-AGGGGACTTTAA.....	GTTGCTGACAAA--
G.CM.01.01CM_4049HAN	9423
G.FI.93.HH8793_12_1	AT.....	-----C.A--AG.--	-----GAC-A.....
G.NG.92.92NG083	A-.....	AG-----C.A--AG.--	-----GAC-A.....	G-----
G.SE.93.SE6165	A-.....	AG-----C.A--AG.--	-----GAC-A.....	G-----
H.BE.93.VI991	A-.....	AG-----C.A--AG.--	-----GAC-CAGAAGAT.....	TCTATACA--
H.BE.93.VI997	A-.....	AG-----T.C.A--AG.A-	T--GAC-----	8856
H.CF.90.056	A-.....	AG-----C.A--AGA-	T--GA-----	8755
J.SE.93.SE7887	A-.....	AG-----A.A--AG.--	T--GCG.....	8735
J.SE.94.SE7022	A-.....	AG-----A.A--AG.--	T--GCG.....	8745
K.CD.97.EQTB11C	A-.....	AG-----	-----	8594
K.CM.96.MP535	A-.....	AG-----	-----	8598



	TCF-1 alpha binding site -	Nef end \		-NF-kappa-BII
B.FR.83.HXB2	TC.....	AAGAAGCTGCTGACAT.CGAGC.TT.....	GCTACAA	GGG 9437
01_AE.CF.90.90CF4071	A-.....	-----A.A--AG--..	TA--ACT	A-- 9366
01_AE.JP.93.93JP.NH1	AT.....	-----A.A--AG--..	T--ACT	A-- 9439
01_AE.TH.90.CM240	AT.....	-----A.G--AG--..	T--T	A-- 9004
01_AE.TH.93.93TH9021	AT.....	-----GAG-----A.A--AG--..	T--ACT	A-- 9457
02_AG.CM.02.02CM.1677LE	-----C.A--GAG--..	---GAC---	8389
02_AG.CM.97.97CM.MP807	A-.....	-----C.A--AG--..	---GAC-A---	8638
02_AG.FR.91.DJ264	AT.....	-----C.A--AG--..	---GAC-A---	8793
02_AG.NG.-.IBNG	A-.....	-----C.A--AG--..	---GAC---	8964
02_AG.SE.94.SE7812	A-AAAGACTGCTGA.....	CACTTCTAC-AG-----C.A--AG--..	GAC-GGGACTT.....	TCTGACA-- 8862
03_AB.BY.00.98BY10443	A-.....	-----C.A--..C-	---GACGTGAAGTT.....	GCTGACA-- 9406
03_AB.RU.97.KAL153.2	A-.....	-----C.A--..C-	---GAC-TGAAGTT.....	GCTGACA-- 8614
03_AB.RU.98.RU9800I	A-.....	-----C.A--..C-	---GAC-TGAAGTT.....	GCTGACA-- 8767
04_cpx.CY.94.CY032	A-.....	-----C.A--AG--..	---GAC-A---	A-- 8851
04_cpx.GR.91.97PVCH	A-.....	-----AG-----	---AG-----	A-- 9543
04_cpx.GR.97.97PVMY	A-.....	-----C.A--AG--..	---GAC-A---	A-- 9506
05_DF.BE.-.VI1310	A-CAA.....	GACTGAG-----C.A--AA.C-	---GAC-CAGGAAGTGCTGACAC.....	AGAAGCTTTCTACAA-- 8883
05_DF.BE.93.VI961	A-CAA.....	GACTGAG-----C.A--..	---GAC-CAGAAGTT.....	TTTACAA-- 8825
05_DF.ES.99.X492	A-CAA.....	G-CG-----C.A--..A-	---GAC-CAGAAGAT.....	TTCTACA-- 8775
06_cpx.AU.96.BFP90	A-.....	-----AG-----A...-G.C-	---GAC-AAGAAGTT.....	TCTAATG-- 9494
06_cpx.ML.95.95ML127	A-.....	-----AG-----A.A--AG--..	T--ACG	A-- 9439
06_cpx.ML.95.95ML84	A-.....	-----AG-----A.A--AG--..	T--GCG	A-- 8650
06_cpx.SN.97.97SE1078	AYAAAGACTGCTGA.....	CAGCCTCAC-AG-----A.A--AG--..	T--GAC---	A-- 9526
07_BC.CN.-.CNGL179	A-.....	-----AG-----C.A--A-	-----	A-- 8647
07_BC.CN.97.97CN001	A-.....	-----AG-----C.A--A-	-----	A-- 8770
07_BC.CN.97.CN54	A-.....	-----AG-----C.A--A-	-----	A-- 8628
07_BC.CN.98.98CN009	A-.....	-----AG-----C.A--A-	-----	A-- 8770
08_BC.CN.97.97CNGX.6F	A-.....	-----AG-----C.A--A-	-----	A-- 8627
08_BC.CN.97.97CNGX.7F	A-.....	-----AG-----C.A--A-	-----	A-- 8621
08_BC.CN.97.97CNGX.9F	A-.....	-----AG-----C.A--A-	-----	A-- 8609
08_BC.CN.98.98CN006	A-.....	-----AG-----C.A--AG.GG	A--TTT-CTGCTGACACAG.....	AA-- 8806
09_cpx.GH.96.96GH2911	A-.....	-----AG-----C.A--AG--..	---GC-G.....	A-- 8609
09_cpx.SN.95.95SN1795	A-.....	-----AG-T-----CAA--AG--..	---ACT---	A-- 8636
09_cpx.SN.95.95SN7808	A-.....	-----AG-----C.A--AG--..	---GC-G.....	A-- 8612
09_cpx.US.99.99DE4057	-----	-----	A-- 8389
10_CD.TZ.96.96TZ.BF061	A-.....	-----AG-T-----C.A--A-	-----	A-- 8782
10_CD.TZ.96.96TZ.BF071	A-.....	-----A-----C.A--A-	-----	A-- 8827
10_CD.TZ.96.96TZ.BF110	A-.....	-----AG-----C.A--A-	-----	A-- 8795
11_cpx.CM.02.02CM.4118STN	-----	-----	A-- 8396
11_cpx.CM.96.4496	A-AAA.....	GACT-AG-----C.A--AG--..	---GAC---	A-- 8796
11_cpx.FR.99.MP1298	A-.....	-----AG-----C.A--AG--..	A--GAC---	A-- 9454
11_cpx.GR.-.GR17	A-AAA.....	GACT-AG-----C.A--AG--..	GAC-TAAAAGTT.....	GCTGACA-- 8737
12_BF.AR.97.A32989	A-CAA.....	GGCTGAG-----C.A--..A.C-	---GAC-CAGAAGA.....	ATCTGAA-- 9008
12_BF.AR.99.ARMA159	ATAAA.....	GACTGAG-----C.A--..A.C-	---GAC-CAGAAGA.....	ATCTAAA-- 9422
12_BF.UY.99.URTR23	A-CAAGACTGAGACTGCTACACAGAGAGTCTGACTGCTGACAC-GAG-G-	-----C.A--AG.AA	T--A-	A-- 9488
12_BF.UY.99.URTR35	A-AAA.....	GACTGAG-----C.A--..A.G-	---GAC-CAGAAGA.....	ATCTAAA-- 9480
13_cpx.CM.02.02CM.3226MN	-----	-----	A-- 8448
13_cpx.CM.96.1849	A-.....	-----AG-----A.--A.--TT	-----	A-- 8853
13_cpx.CM.96.4164	A-.....	-----AG-----A.A--A-.A-C	C---	A-- 8854
14_BG.ES.00.X475	A-.....	-----A-----C.--C	---GAC-CAGAAGTTG.....	CTGACAAG-- 8880
14_BG.ES.00.X477	A-.....	-----AG-----C.--C	---GAC-CAGAAGTTG.....	CTGACAAG-- 8898
14_BG.ES.00.X623	A-.....	-----AG-----M-----C.A--C	---GAC-CAGAAGTTG.....	CTGACAAG-- 8912
14_BG.ES.99.X397	A-.....	-----AG-----C.--C	---GAC-CAGAAGTTG.....	CTGACAAG-- 8931
15_01B.TH.02.02TH.OUR1331	AT.....	-----AG-----A.A--AG--..	T--ACT	A-- 8645
15_01B.TH.02.02TH.OUR1332	AT.....	-----AG-----A.A--AG.A-	T--GACT	A-- 8669
15_01B.TH.99.99TH.MU2079	AT.....	-----AG-----A.A--AG--..	T--ACT	A-- 8812
15_01B.TH.99.99TH.R2399	AT.....	-----AG-----A.A--AG--..	T--ACT	A-- 8849
16_A2D.KE.00.KISII5009	A-.....	-----A-----C.A--AG--..	---GAC---	A-- 8642
16_A2D.KR.97.97KR004	A-.....	-----AG-----C.A--AG.C-	---GAC-CAGAAGTT.....	GCTGACA-- 8869
N.CM.-.YBF106	A-.....	-----A.G-GA--TACACG	-----	A-- 8969
N.CM.95.YBF30	A-.....	-----A.G-GA--TA.....CT--GAC-AGGGACTT	-----	TATACTTG-- 9047
O.BE.87.ANT70	--CAGAAGG.....	ACT--A-----C.T--AGA-	---GAC-CT	GT--A 9541
O.CM.-.96CMABB009	--AACAAA.....	GACTGA-----A--C.A--AGA-	---GAC-CC	GC-- 8967
O.CM.91.MVP5180	--CC.....	C--T-.A-----C.T-C	-----	A-- 9540
O.SN.99.SEMP1299	--TAACAAG.....	GACT-A-----C.T--AGA-	---GAC-CT	GC-- 9602
CPZ.CD.-.ANT	--AGAGACTAAGACTG.....	CTAACAGGCGGATAT-A--C-----G.A-CA	-----	A-- 8892
CPZ.CM.98.CAM5	ATGGAGACCACAACC	AGCGCTGCGCAGT	-----	A-- 9196
CPZ.GA.-.CPZGAB	A-AAAGACTGACTTTAGA.....	CTGGCGCATGCGCAC	-----TC.T-C	A-- 9530
CPZ.US.85.CPZUS	--CGGAAGCTGATGGCTGT.....	AACCGCGCAGGCGCAAT-A	-----TG.A-GA-	T--A-- 9506
Nef	F.....	K N C \$	Nef end 7	



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	NF-kappa-B II	NF-kappa-B I	SPI-III	SPI-II	SPI-I	TATA box								
B.FR.83.HXB2	ACTTTC	GCTG	GGGACTTCC	AGGGAGGC	GTGGCC	TGG	CGGGGACTGGGGAGTGGC	.GAGCCCTCAGATCCTGCATATAAGCAGCTGCT	9525					
A1.KE.00.MSA4069				-GA-GT-	-TT-		-AGT-	.C-A-	G-	8749				
A1.KE.94.Q23_17				-GA-GT-	-TT-		-AGT-	.C-A-	G-	8978				
A1.SE.94.SE7253		A-C		-GA-GT-	-TT-		-AGT-	.T-A-	G-	8736				
A1.TZ.97.97TZ02	T			-GA-GT-	-TT-G-		-AGT-	.T-A-	G-	8730				
A1.UA.00.98UA0116		G		-GA-GT-	-TT-		-AGTC-	.C-	T-A-	G-	9548			
A1.UG.85.U455		A		.GA-	-GA-GT-	-TT-		-AGT-	T-	G-	8985			
A1.UG.92.92UG037				-GA-GT-	-TT-		-AGT-	.T-A-	G-	8935				
A2.CD.97.97CDKS10										5323				
A2.CD.97.97CDKTB48		A-G		-GA-GT-	-TG-A-		-AGT-	.T-A-	G-	8899				
A2.CY.94.94CY017_41				.A-	-GA-GT-	-TG-		-AGT-	.T-A-	G-	8951			
B.AR.99.ARMA132				-T-	-GA-GC-	-A-				G-	8721			
B.AU.95.MBCC54	-GGCG-G			AA-	-GA-GC-	C-		A-	-G-	G-	8665			
B.BO.99.BOL0122		A			-GA-GC-	A-		A		G-	8748			
B.CN.-.RL42				.A-	-GA-GC-	A-			C	GT-	G-	8878		
B.ES.89.S61K15					-GA-GC-						G-	9039		
B.GA.88.OYI				.A-	-GA-GC-				C		G-	9079		
B.GB.83.CAM1					-GA-GT-						G-	9539		
B.NL.86.3202A21					-GA-GC-						G-	9535		
B.TH.90.BK132				.A-	-GA-GC-						G-	8860		
B.US.83.RF				.A-	-GA-GT-						G-	9076		
B.US.90.WEAU160		A			-GA-GC-	-AT-		A			G-	9525		
C.BR.92.92BR025		A		-G-G-		A-GA-GA-	-T-		C-		.C-A-	G-	8894	
C.BW.00.00BW3891_6		A		ACTGG	.GGGCGTTCCA-	GA-GA-	-T-		C-		.C-A-	G-	8921	
C.BW.96.96BW0502				AATG	.GGGCGTTCCA-	GA-GT-	-T-		AT-		.T-	.C-A-	G-	9052
C.ET.86.ETH2220		C		ACTG	.GGGCGTTCCA-	GA-GA-G-	-T-				.C-A-	G-	8925	
C.IL.98.98IS002				ACTG	.GGGCGTTCCA-	G-	-GA-	-T-			.T-A-	G-	8876	
C.IN.95.95IN21068				ACTG	.GG	CGTTCCA-	GA-GT-	-T-			.T-	.C-A-	G-	8898
C.IN.99.01IN565_10				ACTG	.GG	CGTTCC-	-GA-GT-	-T-			.T-	.C-A-	G-	8946
C.KE.00.KER2010	TT	C		ACTG	.GGGCGTTCCA-	GA-GT-	-T-		A-		.T-	.C-A-	G-	8739
C.MM.99.mIDU101_3		G		ACTG	.GGGCGTTCCA-	GA-GT-	-T-				.T-	.C-A-	G-	8908
C.TZ.97.97TZ04				ACTG	.GGGCGTGCCA-	GA-GA-	-T-				.CTA-	G-	8756	
C.TZ.98.98TZ017				ACTG	.GGGCGTGCCA-	G-	-GA-	-T-			.C-A-	G-	8902	
C.ZA.01.2134MB		CT		ACTG	.GGGCGTTCCA-	GA-GA-	-T-				.T-	.C-A-	G-	8978
C.ZA.97.97ZA003				ACTG	.GG	CGTTCCA-	.A-GT-	-T-		A-	.T-	.C-A-	G-	8857
C.ZM.96.96ZM651				ACTGG	.GGTCCA-	GA-GT-	-T-				.T-	.C-A-	G-	8900
D.CD.83.ELI					.A-	-GA-GC-	-A-				.T-A-	G-	9064	
D.CD.83.NDK					.A-	-GA-GC-			T-		.T-A-	G-	9032	
D.CD.85.Z226											.T-A-	G-	9081	
D.CM.01.01CM_0009BBY													8421	
D.KE.01.01KE_NKU3006					.A-	-GA-GC-	-AC-A-G-		ACT-		.T-A-	G-	8770	
D.TD.99.MN012					.A-	-GA-GC-					.C-A-	G-	8757	
D.UG.94.94UG114					.A-	-GA-GC-	-AA-A-G-				.T-A-	G-	8842	
D.UG.99.99UGA08483					.A-	-GA-GC-	-A-G-G-				.T-A-	G-	8743	
D.UG.99.99UGB21875						-GA-GC-	-AA-				.T-A-	G-	8723	
F1.BE.93.VI850		A			.A-	-AG-	-G-CCAG-A-				.TCA-	G-	C-	8823
F1.BR.93.93BR020_1		A			.A-	-AG-	-GT-G-C-A-GA-G-				.TCA-	G-	C-	8858
F1.FI.93.FIN9363		A			.A-	-AG-	-G-CCAG-A-				.TCA-	G-	C-	8845
F1.FR.96.MP411													8578	
F2.CM.02.02CM_0016BBY													8349	
F2.CM.95.MP255													8555	
F2.CM.95.MP257													8588	
F2.CM.97.CM53657						.A-	-AG-	-GT-CCAG-A-		C-	.T-A-	G-	C-	8704
G.BE.96.DRCBL		CC				-GA-GC-	C-		A-	-G-	.T-A-	-AG-	C-	9512
G.CM.01.01CM_4049HAN						-GA-GC-	C-	A-	A-	A-	.T-A-	-AG-	C-	8927
G.FI.93.HH8793_12_1		CT				-AGA-GC-	C-		A-	G-	.T-A-	-AG-	C-	8877
G.NG.92.92NG083		CT				-GA-GC-	C-		A-	AGT-	.T-A-	-AG-	C-	8969
G.SE.93.SE6165		A-CT				-GA-GC-	C-				.T-A-	-AG-	C-	8969
H.BE.93.VI991						-GA-GT-	-T-			A-	.T-A-	G-	8943	
H.BE.93.VI997						-GA-GC-	C-T-			-GA-T-	.TTA-	G-	8842	
H.CF.90.056						-GA-GC-	-AT-			-GA-	.C-A-	G-	8843	
J.SE.93.SE7887						-GA-GA-				-GT-	.T-A-	G-	8824	
J.SE.94.SE7022						-GA-GT-				-GT-	.T-A-	G-	8834	
K.CD.97.EQTB11C													8594	
K.CM.96.MP535													8598	





	NF-kappa-B II	NF-kappa-B I	SPI-III	SPI-II	SPI-I	TATA box																									
B.FR.83.HXB2	ACTTTCC	GCTG	GGGACTTTCC	AGGGAGGC	GTGGCC	TGG	GC	GGGACTGGGAGTGGC	GAGCCCTCAGATCCTGCATATAAGCAGCTGCT	9525																					
01_AE.CF.90.90CF4071				A-GT				AGT	T-A	G	A	C	9454																		
01_AE.JP.93.93JP NH1				GA-GT	G			AGT	T-A	G	A	C	9527																		
01_AE.TH.90.CM240				GA-GT	G			AGT	T-A	G	A	C	9092																		
01_AE.TH.93.93TH9021				A-GA-GT	T			AGT	T-A	G	A	C	9544																		
02_AG.CM.02.02CM 1677LE													8389																		
02_AG.CM.97.97CM_MP807		CA		G-GA-GT	TT			AGT	T-A	CG		C	8727																		
02_AG.FR.91.DJ264		A		GA-GT	TG			AGT	T-A	CG		C	8881																		
02_AG.NG. .IBNG		A		GA-GT	TT			AGT	T-A	C-G		C	9052																		
02_AG.SE.94.SE7812		A		GA-GT	TT			AGT	T-A	G	A	C	8950																		
03_AB.BY.00.98BY10443		G		GA-GT	ATT			AGT	T-A	G		C	9494																		
03_AB.RU.97.KAL153_2		G		GA-GT	TT			AGT	T-A	G		C	8702																		
03_AB.RU.98.RU98001		G		GA-GT	TT			AGT	T-A	G		C	8855																		
04_cpx.CY.94.CY032		CC		GA-GC	C			AGT	T-A	G	A	C	8940																		
04_cpx.GR.91.97PVCH													9543																		
04_cpx.GR.97.97PVMY		CC		GA-GC	C			AGT	T-A	G		C	9595																		
05_DF.BE. .VI1310				GA-GC	A				TGA	G		C	8971																		
05_DF.BE.93.VI961				A-GA-GS	AA				TCA	G		C	8912																		
05_DF.ES.99.X492		A		A-GA-GT	A			G	TTA	G		C	8847																		
06_cpx.AU.96.BFP90				A-GA-GT				G	T-A	A	G	A	C	9582																	
06_cpx.ML.95.95ML127		A		G-GT	A			G	T-A	A-AC	G	A	C	9527																	
06_cpx.ML.95.95ML84				A-G	GT	G		T-G					8697																		
06_cpx.SN.97.97SE1078				GA-GY				G	T-A	A	G	A	C	9615																	
07_BC.CN. .CNGL179		G		ACTGG	NGG	CGTTCTA	GA-GT	T	A	A	A	T	C-C	G	8747																
07_BC.CN.97.97CN001		G		ACTG	GGGTGTTCTA	GA-GT	T		T	C	A	G		8868																	
07_BC.CN.97.CN54		G		ACTG	GGGCGTTCTA	GA-GT	T		T	C	A	A	G	8725																	
07_BC.CN.98.98CN009		G		ACTG	GGGCGTTCTA	GA-GT	T		T	C	A	G		8868																	
08_BC.CN.97.97CNGX_6F				ACCG	GGGCGTTCCA	GA-GT	T		T	C	A	G		8724																	
08_BC.CN.97.97CNGX_7F				ACCG	GGGCGTTCCA	GA-GT	T		T	C	A	G		8718																	
08_BC.CN.97.97CNGX_9F				ACCG	GGGCGTTCCA	GA-GT	T		T	C	A	G		8706																	
08_BC.CN.98.98CN006				ACTG	GGGCGTTCCA	GA-GT	T		T	C	A	G		8903																	
09_cpx.GH.96.96GH2911		AA						GA-GT						8698																	
09_cpx.SN.95.95SN1795								GA-GT						8725																	
09_cpx.SN.95.95SN7808		A						AG	G	AACAG				8699																	
09_cpx.US.99.99DE4057														8389																	
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061				AATG	GG	CGTTCCA	GA-GA	T		A	A			T-A	G	C	8879														
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071		T		ACTG	GGGCGTTCCA	GA-GA	T							T-A	C	G	C	8925													
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110				ACTG	GGGCGTTCCA	G-GT	T							T-A	G	C	8893														
11_cpx.CM.02.02CM_4118STN																	8396														
11_cpx.CM.96.4496																	8819														
11_cpx.FR.99.MP1298								GA-GT						T-A	G	A	C	9543													
11_cpx.GR. .GR17								GA-GT						T-A	AG	A	C	8826													
12_BF.AR.97.A32989								A-AG	G	GCCAG	A			T-T				9096													
12_BF.AR.99.ARM159								A-AG	G	GCCAG	A			T				9510													
12_BF.UY.99.URTR23								A-AG	G	GCCAG	A			T				9576													
12_BF.UY.99.URTR35		A						A-AG	G	GCCAG	A			T				9568													
13_cpx.CM.02.02CM_3226MN																		8448													
13_cpx.CM.96.1849		A						GC-GT						T-A	A			8916													
13_cpx.CM.96.4164																		8854													
14_BG.ES.00.X475								GA-GC	C	A				A	G			8945													
14_BG.ES.00.X477																		8901													
14_BG.ES.00.X623								GA-GC	C					A	G			8983													
14_BG.ES.99.X397								GA-GC	C					A	G			8997													
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331								A-GA						AGT				T-A	G	A	C	8733									
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332								GA-GT						GT				T-A	G	A	C	8757									
15_01B.TH.99.99TH_MU2079								GA-GT						AGT	A			T-A	G	A	C	8900									
15_01B.TH.99.99TH_R2399								GA-GT						AGT				T-A	G	A	C	8937									
16_A2D.KE.00.KISII5009								A-GA	GT	TG	A			AGT				T-A	G		C	8729									
16_A2D.KR.97.97KR004								GA-GT						AGT				T				8954									
N.CM. .YBF106								CA						G				A				9045									
N.CM.95.YBF30								CA						G				A				9124									
O.BE.87.ANT70								AGCAA						AGACT				ACACTGCG					9646								
O.CM. .96CMABB009								TAACCTA	AAGACT					ACAC	GGC			ACCG	GGGAGGG	CA	G		G		TTC		T-A	AG	C	9084	
O.CM.91.MVP5180								AGA						CT				ACACTGCG						TTC		T-A	AG	C	9642		
O.SN.99.SEMP1299								AGCAG						AGACT				ACACGGCG						TTC		T-A	AG	C	9708		
CPZ.CD. .ANT								GTG						TCT				CTAT	GA	A	TA			CAGT		T	TTC	G	C	G	8982
CPZ.CM.98.CAM5								T						AA				AA	G	GA	G	CT	A		A		C			9261	
CPZ.GA. .CPZGAB														AA				GA	AG	T	G	AG		GT		T	TT		G	9618	
CPZ.US.85.CPZUS														AA				AA	G	GT	G	T	A		A		C			9591	



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	3' LTR U3 end \ / 3' LTR repeat start		3' LTR Poly-A signal R repeat end \ / 5' LTR U5 start
B.FR.83.HXB2	TTTTGCCTGTACTGGGTCTCTC.TGGTTAG..ACCAGATCTGAGCCTGGGAGCTCTCTGGC.....TAACTAGGGAACCCACTGCTTAA.GCCTCAATAAAGC.TTGCCTT.GAG.TG.CTTCAAGT..	9639	
	* TAR element	^ stem	loop
	stem		
A1.KE.00.MSA4069	---C-----T-G---		---G-A-----
A1.KE.94.Q23_17	---C-----T-----		---G-G-----
A1.SE.94.SE7253	---C-----T-----A-----A-----		---G-A-----
A1.TZ.97.97TZ02	---C-----T-----C-----		---G-A-----
A1.UA.00.98UA0116	---C-----C-----		---G-----T-----
A1.UG.85.U455	---C-----T-----		---G-G-----G-----G-----
A1.UG.92.92UG037	---C-C-T-----T-G---		---G-G-----
A2.CD.97.97CDKS10
A2.CD.97.97CDKTB48	---GC---A-----C-T---G-----A-----A-----		---G-AG-----
A2.CY.94.94CY017_41	---C-C-A-----T-G-----A-----C-----		---G-AG-----A-----C-----
B.AR.99.ARMA132
B.AU.95.MBCC54	C-C-----		---G-----
B.BO.99.BOL0122
B.CN.-.RL42A-----A-C-----	G-----
B.ES.89.S61K15
B.GA.88.OYI-A-C-----C-----	
B.GB.83.CAM1
B.NL.86.3202A21-A-----	-G-----
B.TH.90.BK132
B.US.83.RF-A-----A-----T-----	
B.US.90.WEAU160G-----
C.BR.92.92BR025	---C-----A-G---		---T-G-----
C.BW.00.00BW3891_6	---C-----A-G---		---T-G-----CT-----
C.BW.96.96BW0502
C.ET.86.ETH2220	---C---T---C-----A-G---		---T-G-----
C.IL.98.98IS002	---C---T---A-G---		---T-C-----T-----
C.IN.95.95IN21068	---C-----A-G---		---T-C-----
C.IN.99.01IN565_10	---GC---A-G---		---T-----
C.KE.00.KER2010	---C-----A-G---		---T-----
C.MM.99.mIDU01_3	---C-----A-G---		---T-----CTG---C-----
C.TZ.97.97TZ04	---C-----A-G---		---CT-G-----
C.TZ.98.98TZ017	---C-----A-G---		---CT-----C.T-----
C.ZA.01.2134MB	---C-----A-G---		---T-----CT-----
C.ZA.97.97ZA003	---C-----A-G---		---GC---T-----C.T-----
C.ZM.96.96ZM651	---C---T---A-G---		---T-----C.T-----
D.CD.83.ELIT-----G-----
D.CD.83.NDK	---C-----T-----		---T-----
D.CD.85.Z2Z6
D.CM.01.01CM_0009BBY
D.KE.01.01KE_NKU3006-T-----T-----	G-----
D.TD.99.MN01Z	C-----T-----T-----A-----		---G-----G-----A-----
D.UG.94.94UG114	---C-----T-----AC-----		---G-A-----C-----
D.UG.99.99UGA08483	---C-----T-----T-----A-----		---G-----
D.UG.99.99UGB21875	---C-----T-----T-----C-A-----		---G-----
F1.BE.93.VI850	---C-----A-----T-----G-----		---G-G-----
F1.BR.93.93BR020_1	---C-----A-----T-----C-----		---G-----T-----
F1.FI.93.FIN9363	---C---T---A-----T-----		---G---A---G-----
F1.FR.96.MP411
F2.CM.02.02CM_0016BBY
F2.CM.95.MP255
F2.CM.95.MP257
F2.CM.97.CM53657	---GC---C-----T-----		---G-----
G.BE.96.DRCBL	---C-C---T-----T-----		---G-AG-----GA-----
G.CM.01.01CM_4049HAN
G.FI.93.HH8793_12_1	---C-C---G-----T---G-----T-----C-----		---G-AG-A-----A-----G-----GCATGCA..
G.NG.92.92NG083	---C-C---T---G-----T-----T-----		---GG-AG-----C-----
G.SE.93.SE6165	---C-C---T-----T-----		---G-AG-----A-----AA---CC-----
H.BE.93.VI991	---C---T---A-----		---G-----G-----GCATGC..
H.BE.93.VI997	---C-C---T---G-----T-----		---GG-C-A-----G-----GCATGC..
H.CF.90.056	---C---T---T-----		---G---A---T-----
J.SE.93.SE7887	---C---T---T-----		---G-----G-----GCATGCA..
J.SE.94.SE7022	---C---T---T-----		---G-----G-----GCATGCA..
K.CD.97.EQTB11C
K.CM.96.MP535



	3' LTR U3 end \ / 3' LTR repeat start	3' LTR Poly-A signal R repeat end \ / 5' LTR U5 start	
B.FR.83.HXB2	TTTTCCTGTACTGGGTCTCTC.TGGTTAG..ACCAGATCTGAGCCTGGGAGCTCTCTGGC.....TAACTAGGGAACCCACTGCTTAA.GCCTCAATAAAGC.TTGCCTT.GAG.TG.CTTCAAGT..	9639	
	TAR element stem bulge loop stem		
01_AE.CF.90.90CF4071	---C-T-----T-A-----G-----C-----G-A-----A-----	9567	
01_AE.JP.93.93JP.NH1	---C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----	9641	
01_AE.TH.90.CM240	---C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----	9203	
01_AE.TH.93.93TH9021	C-C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----	9659	
02_AG.CM.02.02CM.1677LE	8389	
02_AG.CM.97.97CM.MP807	---C-C-----T-C-G-----T-----G-AGA-----	8801	
02_AG.FR.91.DJ264	---C-C-----T-C-----T-----A-----G-AG-----	8961	
02_AG.NG.-.IBNG	---C-C-----T-C-----T-----G-GGA-----	9166	
02_AG.SE.94.SE7812	---C-C-----T-C-----T-----A-----G-AGA-----G-GCATGC..	9063	
03_AB.BY.00.98BY10443	---C-----T-----G-----T-----	9607	
03_AB.RU.97.KAL153.2	---C-----G-----A-----	8808	
03_AB.RU.98.RU98001	---C-----G-----	8961	
04_cpx.CY.94.CY032	---C-C-----G-----C-----	9050	
04_cpx.GR.91.97PVCH	---C-----A-----A-----G-C-----	9543	
04_cpx.GR.97.97PVMY	---C-----	9699	
05_DF.BE.-.VI1310	---C-T-----A-----T-----G-----G-GCATGC..	9083	
05_DF.BE.93.VI961	---C-----T-----	8990	
05_DF.ES.99.X492	8847	
06_cpx.AU.96.BFP90	---C-C-T-----T-C-----T-----A-----G-AG-----AT-----	9696	
06_cpx.ML.95.95ML127	---C-C-T-----T-C-----T-----A-----G-AG-----AC-----	9641	
06_cpx.ML.95.95ML84	8697	
06_cpx.SN.97.97SE1078	---C-C-T-----T-C-----T-----A-----G-AG-----T-----	9729	
07_BC.CN.-.CNGL179	---C-----A-C-----AG-GGAGGC	8863	
07_BC.CN.97.97CN001	---C-----A-C-----C-----	8978	
07_BC.CN.97.CN54	---C-----A-C-----	8829	
07_BC.CN.98.98CN009	---C-----A-C-----C-----	8978	
08_BC.CN.97.97CNGX.6F	---C-----A-----G-----	8802	
08_BC.CN.97.97CNGX.7F	---C-----A-----G-----	8796	
08_BC.CN.97.97CNGX.9F	---C-----A-----G-----	8784	
08_BC.CN.98.98CN006	---C-----A-----G-----C.T-----	9013	
09_cpx.GH.96.96GH2911	---C-T-----T-G-----A-----G-A-----C-A-----	8811	
09_cpx.SN.95.95SN1795	---C-T-----G-----T-A-----A-----G-A-----	8803	
09_cpx.SN.95.95SN7808	---C-T-----T-G-----A-----G-A-----	8777	
09_cpx.US.99.99DE4057	8389	
10_CD.TZ.96.96TZ.BF061	---C-----A-G-----C-----T-G-----C-----	8976	
10_CD.TZ.96.96TZ.BF071	---G-----G-----T-----T-----	9023	
10_CD.TZ.96.96TZ.BF110	---G-----A-G-----T-----T-G-----	8992	
11_cpx.CM.02.02CM.4118STN	8396	
11_cpx.CM.96.4496	8819	
11_cpx.FR.99.MP1298	C-C-T-----A-----T-----G-G-A-----T-----	9657	
11_cpx.GR.-.GR17	---C-C-T-----A-----G-----AA-CC.GA.A-----	8935	
12_BF.AR.97.A32989	---C-----A-----T-----G-----	9174	
12_BF.AR.99.ARMA159	---C-----A-G-----TA-----G-----	9624	
12_BF.UY.99.URTR23	---C-----A-G-----T-----G-----	9690	
12_BF.UY.99.URTR35	---C-C-----A-----T-----GG-----	9682	
13_cpx.CM.02.02CM.3226MN	8448	
13_cpx.CM.96.1849	8916	
13_cpx.CM.96.4164	8854	
14_BG.ES.00.X475	8945	
14_BG.ES.00.X477	8901	
14_BG.ES.00.X623	8983	
14_BG.ES.99.X397	8997	
15_01B.TH.02.02TH.OUR1331	---C-T-----T-G-----G-----C-----G-A-----A-----AG-----	8842	
15_01B.TH.02.02TH.OUR1332	---C-----T-----G-----G-----C-----G-AG-----A-----G-----AG-----	8867	
15_01B.TH.99.99TH.MU2079	---GC-----T-G-----G-----C-----G-A-----A-G-----T-----	8999	
15_01B.TH.99.99TH.R2399	---C-T-----T-----G-----C-----G-A-----	9017	
16_A2D.KE.00.KISII5009	---C-----A-----T-----G-----A-----A-----G-A-AA-----	8806	
16_A2D.KR.97.97KR004	---C-C-T-----T-----G-----A-----G-AG-----A-----G.C-----	9064	
N.CM.-.YBF106	9045	
N.CM.95.YBF30	---C-C-T-----T-C-G-----TA-T-----ATAT--G-----	9182	
O.BE.87.ANT70	---C-T-----C-----GG-TAGAG-----G-----C-----C-----CTCTAGCT-----G-CG-----CG-----AG-----	9754	
O.CM.-.96CMABB009	---C-T-----TAG-TAGAG-----G-T-----C-----C-----A-----CTCTAGCTA-----	9158	
O.CM.91.MVP5180	---CC-T-----C-----TAG-TAGAG-----G-----C-----C-----CTCTAGCT-----G-----CG-----AG-----C-----	9754	
O.SN.99.SEMP1299	---ACC-T-----C-----GG-TAGAGA-----G-----C-----C-----CTCTAGCT-----G-----CG-----AG-----C-----	9820	
CPZ.CD.-.ANT	---GC-T-----TAA-----CC-GAG-----A-----TAATTTT-GG-AG-A--C--TG--T-----	9068	
CPZ.CM.98.CAM5	9261	
CPZ.GA.-.CPZGAB	---C-----T-----CAC-G-----T-----AC-----GTG-A-----TA-TG-C-----	9732	
CPZ.US.85.CPZUS	C-C-T-----C-----AA-----C-----G-GTA-----T-----	9703	



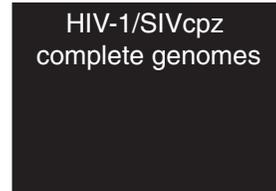
HIV-1/SIVcpz
complete genomes

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	A.....GTGTGT..GCCCGTCTGTTG.TG.TGACTCTGG.TAACTAG.AGATCC.CTCAGACCCCTTTTAGTCAGTGTGGAAAAATCTCTAGCA	9719
A1.KE.00.MSA4069TGA.....AC-C--A-G--..-T.....	8825
A1.KE.94.Q23_17TGA.....AC-C--A-G--..-T.....	9169
A1.SE.94.SE7253TGA.....AC-C--A-G--..-T.....	8813
A1.TZ.97.97TZ02TGA.....AC-C--A-G--..-T.....	8829
A1.UA.00.98UA0116ATGA.....TAC-C--G---.TA.....	9740
A1.UG.85.U455A..TTGA.....AC-A--A-T---.TA.....	9178
A1.UG.92.92UG037TGA.....A.....	8999
A2.CD.97.97CDKS10TGA.....A.....	5323
A2.CD.97.97CDKTB48TGA.....A.....	8972
A2.CY.94.94CY017_41TGA.....A.....	9060
B.AR.99.ARMA132TGA.....A.....	8802
B.AU.95.MBCC54TGA.....A.....	8709
B.BO.99.BOL0122TGA.....A.....	8829
B.CN.--.RL42TGA.....A.....	8985
B.ES.89.S61K15TGA.....A.....	9039
B.GA.88.OYITGA.....A.....	9190
B.GB.83.CAM1TGA.....A.....	9591
B.NL.86.3202A21TGA.....A.....	9631
B.TH.90.BK132TGA.....A.....	8996
B.US.83.RFTGA.....A.....	9128
B.US.90.WEAU160TGA.....A.....	9719
C.BR.92.92BR025TGA.....A.....	8959
C.BW.00.00BW3891_6TGA.....A.....	9086
C.BW.96.96BW0502_TGA.....A.....	9056
C.ET.86.ETH2220TGA.....A.....	9031
C.IL.98.98IS002TGA.....A.....	8986
C.IN.95.95IN21068TGA.....A.....	9002
C.IN.99.01IN565_10TGA.....A.....	9054
C.KE.00.KER2010TGA.....A.....	8817
C.MM.99.mIDU101_3TGA.....A.....	9073
C.TZ.97.97TZ04TGA.....A.....	8834
C.TZ.98.98TZ017TGA.....A.....	9012
C.ZA.01.2134MBTGA.....A.....	9089
C.ZA.97.97ZA003TGA.....A.....	8967
C.ZM.96.96ZM651TGA.....A.....	9009
D.CD.83.ELITGA.....A.....	9176
D.CD.83.NDKTGA.....A.....	9143
D.CD.85.Z226TGA.....A.....	9081
D.CM.01.01CM_0009BBYTGA.....A.....	8421
D.KE.01.01KE_NKU3006TGA.....A.....	8848
D.TD.99.MN012TGA.....A.....	8850
D.UG.94.94UG114TGA.....A.....	8952
D.UG.99.99UGA08483TGA.....A.....	8821
D.UG.99.99UGB21875TGA.....A.....	8801
F1.BE.93.VI850TGA.....A.....	8903
F1.BR.93.93BR020_1TGA.....A.....	8968
F1.FI.93.FIN9363_TGA.....A.....	8925
F1.FR.96.MP411TGA.....A.....	8578
F2.CM.02.02CM_0016BBYTGA.....A.....	8349
F2.CM.95.MP255TGA.....A.....	8555
F2.CM.95.MP257TGA.....A.....	8588
F2.CM.97.CM53657TGA.....A.....	8782
G.BE.96.DRCBLTGA.....AC-C--AT---.TA.....	9705
G.CM.01.01CM_4049HANTGA.....AC-C--AT---.TA.....	8367
G.FI.93.HH8793_12_1TGA.....AC-C--AT---.TA.....	9047
G.NG.92.92NG083TGA.....AC-C--AT---.TA.....	8987
G.SE.93.SE6165TGA.....AC-C--AT---.TA.....	9074
H.BE.93.VI991TGA.....AC-C--AT---.TA.....	9056
H.BE.93.VI997TGA.....AC-C--AT---.TA.....	8955
H.CF.90.056TGA.....AC-C--AT---.TA.....	8953
J.SE.93.SE7887TGA.....AC-C--AT---.TA.....	8943
J.SE.94.SE7022TGA.....AC-C--AT---.TA.....	8953
K.CD.97.EQTB11CTGA.....AC-C--AT---.TA.....	8594
K.CM.96.MP535TGA.....AC-C--AT---.TA.....	8598



		3' LTR U5 end \	
B.FR.83.HXB2	A.....GTGTGT..GCCCGTCTGTTG.TG.TGACTCTGG.TAACTAG.AGATCC.CTCAGACCCCTTTTAGTCAGTGTGGAAAATCTCTAGCA		9719
01_AE.CF.90.90CF4071	G.....-----GA.-AGGA.-----		9597
01_AE.JP.93.93JP.NH1	G.....-----GT.-AGGA.-----AC-C---A-T-AA.TA-----		9720
01_AE.TH.90.CM240		9203
01_AE.TH.93.93TH9021	G.....-----GT.-AGGA.-----AC-C---A-T-A-.TA-----		9738
02_AG.CM.02.02CM.1677LE		8389
02_AG.CM.97.97CM.MP807		8801
02_AG.FR.91.DJ264		8961
02_AG.NG.-.IBNG-A-TG--TGA.-----		9201
02_AG.SE.94.SE7812		9063
03_AB.BY.00.98BY10443-ATGA.-----AC-C---A-G---AA-----		9687
03_AB.RU.97.KAL153.2		8808
03_AB.RU.98.RU9800I		8961
04_cpx.CY.94.CY032		9050
04_cpx.GR.91.97PVCH		9543
04_cpx.GR.97.97PVMY		9699
05_DF.BE.-.VI1310		9083
05_DF.BE.93.VI961		8990
05_DF.ES.99.X492		8847
06_cpx.AU.96.BFP90-TGA.-----AC-C---A-.TA-----		9775
06_cpx.ML.95.95ML127-TGA.-----ACGC--G-G-.T-----		9719
06_cpx.ML.95.95ML84		8697
06_cpx.SN.97.97SE1078-G-.TTGA.-----AC-C---AAG-.TA-----		9808
07_BC.CN.-.CNG1179	TAGAAGGA-A-A-ATG--A---AA-CCTCAATAA-GCT--CC-TGAGT-CG-CGGAGGCT--AGGAGAG--ATG-CAC-K--GCCTCAATAA-		8957
07_BC.CN.97.97CN001		8978
07_BC.CN.97.CN54		8829
07_BC.CN.98.98CN009		8978
08_BC.CN.97.97CNGX.6F		8802
08_BC.CN.97.97CNGX.7F		8796
08_BC.CN.97.97CNGX.9F		8784
08_BC.CN.98.98CN006		9013
09_cpx.GH.96.96GH2911-TGA.-----AC-C---A-GAG-.TA-----GTGGCGCCCGAACAGGGACTTGAAAGCGAAAGTTAA	8926	
09_cpx.SN.95.95SN1795		8803
09_cpx.SN.95.95SN7808		8777
09_cpx.US.99.99DE4057		8389
10_CD.TZ.96.96TZ.BF061		8976
10_CD.TZ.96.96TZ.BF071		9023
10_CD.TZ.96.96TZ.BF110		8992
11_cpx.CM.02.02CM.4118STN		8396
11_cpx.CM.96.4496		8819
11_cpx.FR.99.MP1298-A-----TGA.-----T---AGTC-GTGT.-----		9736
11_cpx.GR.-.GR17		8935
12_BF.AR.97.A32989		9174
12_BF.AR.99.ARMA159-A-T-----TGA.-----A-C-----		9704
12_BF.UY.99.URTR23-TGA.-----TA-----A-----		9770
12_BF.UY.99.URTR35-TGA.-----A-----		9762
13_cpx.CM.02.02CM.3226MN		8448
13_cpx.CM.96.1849		8916
13_cpx.CM.96.4164		8854
14_BG.ES.00.X475		8945
14_BG.ES.00.X477		8901
14_BG.ES.00.X623		8983
14_BG.ES.99.X397		8997
15_01B.TH.02.02TH.OUR1331		8842
15_01B.TH.02.02TH.OUR1332		8867
15_01B.TH.99.99TH.MU2079		8999
15_01B.TH.99.99TH.R2399		9017
16_A2D.KE.00.KISII5009		8806
16_A2D.KR.97.97KR004		9064
N.CM.-.YBF106		9045
N.CM.95.YBF30		9182
O.BE.87.ANT70		9754
O.CM.-.96CMABB009		9158
O.CM.91.MVP5180-T-A-----C.AA.-C-----GT-----		9793
O.SN.99.SEMP1299-T-A-----C.GA.-C-----T-----		9859
CPZ.CD.-.ANT		9068
CPZ.CM.98.CAM5		9261
CPZ.GA.-.CPZGAB-TA--A--C.A-ACA.-----TTAAA--TAGTCAA.-----		9811
CPZ.US.85.CPZUS-TA--C--C.A-TGA.-----A-TC--A-AAGTAG-.T-----		9781

09_cpx.GH.96.96GH2911 (cont.) TAGGGACTCGAAAGCGAAAGTTCCAGAGAAGTTCTCTCGACGAGGACTCGGCTTGCTGAGGTGCACACAGCAAGAGGCGAGAGCGGCGACTGGTGAGTACCCATATTTTTT 9039





HIV-1/SIVcpz
complete genomes

318

