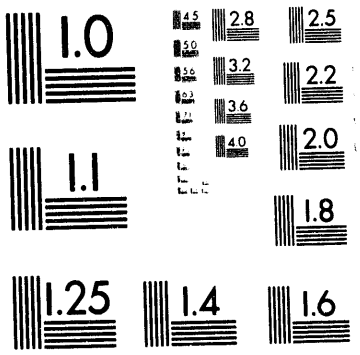

1.0
1.1
1.25
1.4
1.6
1.8
2.0
2.2
2.5
2.8
3.2
3.6
4.0
4.5
5.0
5.6
6.3
7.1
8.0
9.0
10.0
11.2
12.5
14.0
16.0
18.0
20.0
22.4
25.0
28.0
32.0
36.0
40.0

1 of 11

HUMAN RETROVIRUSES and AIDS 1993 I–II

A COMPILATION AND ANALYSIS OF NUCLEIC ACID AND AMINO ACID SEQUENCES

Edited by

Gerald Myers
Theoretical Division
Los Alamos National Laboratory

Bette Korber
Theoretical Division
Los Alamos National Laboratory

Simon Wain-Hobson
Laboratory of Molecular Retrovirology
Pasteur Institute

Randall F. Smith
Human Genome Center
Baylor College of Medicine

George N. Pavlakis
Frederick Cancer Research Facility
National Cancer Institute

Database and Analysis Staff

Ethan Allen, Rhoshel Lenroot, Kersti MacInnes, Miranda McEvilly
Theoretical Division
Los Alamos National Laboratory

This publication is being funded by the Division of AIDS, National Institute of Allergy and Infectious Diseases, through an interagency agreement with the U. S. Department of Energy.

Published by Theoretical Biology and Biophysics
Group T-10, Mail Stop K710
Los Alamos National Laboratory, Los Alamos, New Mexico 87545 USA

LA-UR 93-3063

DISTRIBUTION OF THIS DOCUMENT IS UNLIMITED

HUMAN RETROVIRUSES and AIDS 1993 III–V

A COMPILATION AND ANALYSIS OF NUCLEIC ACID AND AMINO ACID SEQUENCES

Edited by

Gerald Myers
Theoretical Division
Los Alamos National Laboratory

Bette Korber
Theoretical Division
Los Alamos National Laboratory

Simon Wain-Hobson
Laboratory of Molecular Retrovirology
Pasteur Institute

Randall F. Smith
Human Genome Center
Baylor College of Medicine

George N. Pavlakis
Frederick Cancer Research Facility
National Cancer Institute

Database and Analysis Staff

Ethan Allen, Rhoshel Lenroot, Kersti MacInnes, Miranda McEvilly
Theoretical Division
Los Alamos National Laboratory

This publication is being funded by the Division of AIDS, National Institute of Allergy and Infectious Diseases, through an interagency agreement with the U. S. Department of Energy.

Published by Theoretical Biology and Biophysics
Group T-10, Mail Stop K710
Los Alamos National Laboratory, Los Alamos, New Mexico 87545 USA

LA-UR 93-3063

MASTER

Los Alamos
Los Alamos National Laboratory
Los Alamos, New Mexico 87545

GERALD MYERS
HIV Sequence Database
Group T-10, Mail Stop K710
(505) 665-0480; e-mail: glm%life@lanl.gov
FAX: (505) 665-3493

August 1993

Dear Colleague,

Enclosed is the first installment of the 1993 database compendium, consisting of approximately 750 pages of text and either three MAC or seven PC-DOS diskettes. The second installment, which will be almost as large, should be ready in about six weeks. It will include more Part I entries, in-depth annotation of Part II sequence alignments (in particular for HIV-1 gag, rev, nef and env V1-V2), Part III analyses, and more Part IV entries. Other than the new focus on cellular protein coding sequences in Part IV, the scope of the database has not changed. However, a separate publication concerned with HIV immunological data will be published sometime in 1994.

In a recent editorial (AIDS Research and Human Retroviruses 9:697) I raised the question of what might be done to help HIV researchers in the face of the explosive growth in sequence information (depicted in the two graphs on the enclosed compendium covers). The database's strategy has been to emphasize alignments, consensus sequences, paradigmatic sequences, and viral subtyping. This is an especially appropriate time for users to tell us what other needs the database might address. For example, we have sensed a growing need for sequence alignments in a computer-readable form, and in this release are experimenting with inclusion of alignment files on diskettes. Please let us know whether this is worthwhile.

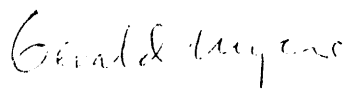
In response to requests from researchers, we are now obtaining accession numbers for sequences and preparing GenBank submissions prior to publication of the sequences in the journals. It is, however, becoming increasingly difficult for us to assist researchers in the analysis of their data because the analysis component of the database project has prior obligations to the variation programs of the NIAID Division of AIDS and the WHO Global Program on AIDS. We are able to provide public domain software to groups as we have done in the last year for the CDC, the University of Alabama at Birmingham, and Georgetown University; and Bette Korber and I are preparing a fairly detailed chapter solely concerned with methods in retroviral sequence analysis for a Cold Spring Harbor monograph to be published early in 1994. These will enable sequencers and their collaborators to do their own analyses.

(over)

An Equal Opportunity Employer/Operated by University of California

We had planned for an earlier publication of this database compendium in 1993, but the set of HMJ/WRAIR HIV-1 gag sequences that was always envisioned to constitute a large part of this release has only recently been made public (AIDS 7:769). We are fortunate to be able to present (prior to publication) the highly divergent HIV-1 ANT70 and MVP5180 sequences, which along with the gag sequence set will be of immense interest to the HIV research community. Viral subtyping, that is to say the cladistic classification introduced in the 1992 compendium, is being carried further in this release, specifically in the Part I and Part II alignments and in Part III sequence analyses. It is awkward that different groups are now simultaneously uncovering and naming new subtype sequences: for example, a previously unrecognized gag sequence variant has been designated "subtype E" although it may have no special relationship to the HIV-1 variant designated "E" on the basis of the envelope coding sequence. While most of these naming problems will be transitory, they do require patience on the part of the HIV research community. (To be safe, the newly recognized Cameroonian isolates, ANT70 and MVP5180, have been tentatively designated by "O".)

Suggestions, comments, and data for the database can be brought to any of the editors. Simon Wain-Hobson, of Institut Pasteur, has become an editor in 1993, replacing Jay Berzofsky, who will have a continuing role in the separate publication effort in 1994 for immunological data.



CONTENTS

More detailed tables of contents are to be found within the various parts of the compendium. The following provides merely an overview.

ACKNOWLEDGMENTS ii

INTRODUCTION iii

GLOSSARY and LANDMARKS v

PART I. HIV and SIV NUCLEIC ACID SEQUENCES

A. HIV-1 Sequences

Introduction and Contents I-A-1

Nucleotide Alignments and Consensus Sequences 15

Entries 173

B. HIV-2/SIV Sequences

Nucleotide Alignments and Consensus Sequences I-B-1

Entries 82

C. SIVAGM, SIVMND, and SIVSYK Sequences

Nucleotide Alignments and Consensus Sequences I-C-1

Entries 44

PART II. HIV and SIV AMINO ACID SEQUENCES

A. HIV-1 Sequences

Introduction and Contents II-A-1

Amino Acid Alignments and Consensus Sequences 5

B. HIV-2/SIV Sequences

Amino Acid Alignments and Consensus Sequences II-B-1

C. SIVAGM, SIVMND, and SIVSYK Sequences

Amino Acid Alignments and Consensus Sequences II-C-1

PART III. ANALYSIS

PART IV. RELATED SEQUENCES

PART V. DATABASE COMMUNICATIONS

Introduction V-1

Supplemental References (1992 and 1993 References) 2

Floppy Diskettes

ACKNOWLEDGMENTS

We thank the many researchers who have made their sequences available prior to publication. Those contributions are specifically acknowledged in the appropriate contexts of the compendium; however, special mention should be made of Dr. James Bradac of the Vaccine Development Branch of the AIDS Division, NIAID, NIH, and of Dr. Saladin Osmanov of the Global Program on AIDS of the World Health Organization, who generously released unpublished sequence data produced through their offices.

We thank Dr. Jay Berzofsky, NIH, NCI, Bethesda, for his support of the sequence database. Beginning in 1994, a separate database publication concerned with molecular immunological data will be initiated; Jay has been instrumental in getting that new dimension of the HIV database started.

Chuck Calef, of Information Services, Los Alamos National Laboratory, is responsible for the excellent typesetting of this edition.

INTRODUCTION

This compendium and the accompanying floppy diskettes are the result of an effort to compile and rapidly publish all relevant molecular data concerning the human immunodeficiency viruses (HIV) and related retroviruses. The scope of the compendium and database is best summarized by the five parts that it comprises: (I) HIV and SIV Nucleotide Sequences; (II) Amino Acid Sequences; (III) Analyses; (IV) Related Sequences; and (V) Database Communications. Information within all the parts is updated at least twice in each year, which accounts for the modes of binding and pagination in the compendium.

While this publication could take the form of a review or sequence monograph, it is not so conceived. Instead, the literature from which the database is derived has simply been summarized and some elementary computational analyses have been performed upon the data. Interpretation and commentary have been avoided insofar as possible so that the reader can form his or her own judgments concerning the complex information. In addition to the general descriptions below of the parts of the compendium, the user should read the individual introductions for each part.

Part I. HIV and SIV Nucleotide Sequences. Annotated nucleic acid sequences of HIV and SIV are presented in a form close to that of the GenBank Sequence Library. Our few modifications of standard GenBank format were instituted to better serve the particular community for which this database is intended.

The LOCUS name or identifier of an entry may differ slightly from that found in the GenBank or EMBL libraries, but the ACCESSION numbers are identical for entries in all three databases. Thus each entry is universally and uniquely traceable. Large sets of PCR-derived sequences are represented using a single sequence entry followed by an alignment of all the sequences in the set. When available, the entire range of ACCESSION numbers for the PCR set is usually indicated within the representative entry. The SOURCE line provides information, when available, about the infectivity or biological activity of the molecular clone from which a sequence has been derived. REFERENCES are limited to literature or personal communications having authority for the original sequence data; references that review sequence information, or that shed light upon the function or variation of coding and regulatory sequences, are listed in Part V.

Entries in Part I are annotated within the sequence, while their GenBank or EMBL-formatted versions on the floppy diskettes make use of FEATURES tables. The hard-copy annotation includes coding regions, regulatory structures, splice sites, and other features of functional significance. The authority for this annotation is largely invariance, the recurrence of patterns such as TATAA and AATAAA. Although our practice has been to conservatively annotate, we caution the user against docility: sequence information regarding transcripts, for example, is far from certain or complete at this time. Part I is divided into three subsections, A, B, and C, concerned with HIV-1s, HIV-2/SIVs, and SIVAGMs, SIVMND and SIVSYK.

Part II. Amino Acid Sequences. This section contains in alignment the amino acid sequences of all known coding regions and open reading frames of HIV-1, HIV-2, and SIVs. Beginning in 1993, Part II is broken down into subsections A, B and C, for HIV-1s, HIV-2/SIVs and SIVAGMs respectively. Consensus sequences and AACC consensus-like patterns are given with their respective alignments. Protein processing sites are annotated when known. The reader should consult the introduction to Part II for further explanation of the presentation and annotation of the amino acid sequences.

Part III. Analysis. This section is open-ended with the constraint that the sequence analyses and compilations be basic and of interest to the diversity of users. Currently the analyses include phylogenetic trees, HIV V3 Loop amino acid sequences, summaries of protein variability and molecular evolutionary patterns of the various regions of the HIV and SIV genomes, and envelope glycosylation patterns.

Part IV. Related Sequences. Heretofore, this section of the compendium has featured HIV related viral sequences—of nonprimate lentiviruses and the human T-cell lymphotropic viruses. Beginning in 1993, Part IV entries include, with greater emphasis, coding sequences for cellular proteins involved with HIV pathogenesis. Entries are presented in the same format as Part I entries.

Part V. Database Communications. This part consists of a printed supplemental reference list and diskettes. The supplemental reference list contains so-called "secondary references" that review sequence information and shed light upon the function or variation of coding and regulatory sequences. These references are captured from the molecular subset of MEDLINE as communicated through GENINFO at the National Center for Biomedical Communications, National Library of Medicine, National Institutes of Health, Bethesda, Maryland.

The floppy diskettes contain the nucleic acid sequences from Part I and Part IV and the translated amino acid sequences of coding regions. Beginning in 1993, sequence alignments are also included to meet user requests. For the most current information regarding database files, see the READ.ME file on each diskette. Nucleotide entries are presented in GenBank format for North American users and in EMBL format for European users (unless otherwise requested). Similarly, amino acid sequences are in either PIR or Swiss-Prot format. The diskettes themselves are either 5.25" IBM-DOS format or 3.5" Macintosh format, depending upon what has been requested. If there is any trouble using these files with software designed to work with the format we have sent, please let us know the name of the program you are using and the file that it could not handle.

A comprehensive compilation of the nucleic acid and protein sequences published in the Human Retroviruses and AIDS Database since 1987 is available in the NCBI Data Repository through Internet FTP (File Transfer Protocol). To transfer data over the Internet via anonymous FTP type: `ftp ncbi.nlm.nih.gov` or `ftp 130.14.20.1`. Enter `anonymous` for the login name and your electronic mail address for the password. Change directory to `'repository/aids-db'` to download the entries from the AIDS database.

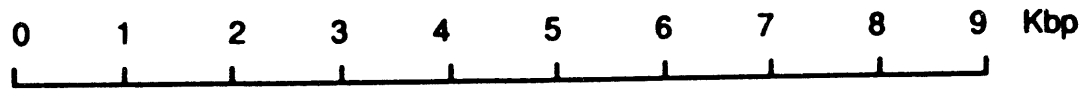
The NCBI also offers several CD-ROMs containing HIV and SIV sequence information. The ENTREZ:Sequences CD contains the GenBank, NCBI backbone, PIR, SWISS-PROT, and MEDLINE databases with retrieval software for users with Macintosh and PC-compatible computers running Microsoft Windows. The second CD, NCBI-GenBank, will contain the complete GenBank database in the currently distributed flatfile format. Each release of this CD will contain a full GenBank release with new data incorporated from direct submissions, the NCBI Backbone (journal scanning), and the EMBL and DDBJ databases. The third CD, NCBI-Sequences, will include the integrated dataset provided on the Entrez:Sequences CD in the ASN.1 standard data description format. Questions about services or software provided by the NCBI may be directed to the NCBI via phone: (301) 496-2475, fax: (301) 480-9241, or email: `info@ncbi.nlm.nih.gov`.

We are prepared to quickly enter both protein and nucleotide sequences into the Human Retroviruses and AIDS database, and in the case of nucleotide sequences, oversee their entry into the GenBank and EMBL libraries. Submission of unpublished sequences is invited and encouraged. Sequence data or inquiries regarding the database should be addressed to

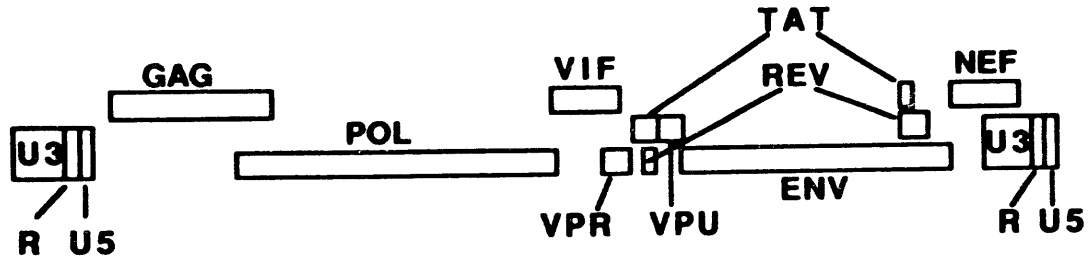
Gerald Myers
Theoretical Division
T-10, MS K710
LANL
Los Alamos, NM 87545

(505)-665-0480; fax (505)-665-3493
e-mail: glm%temin@lanl.gov

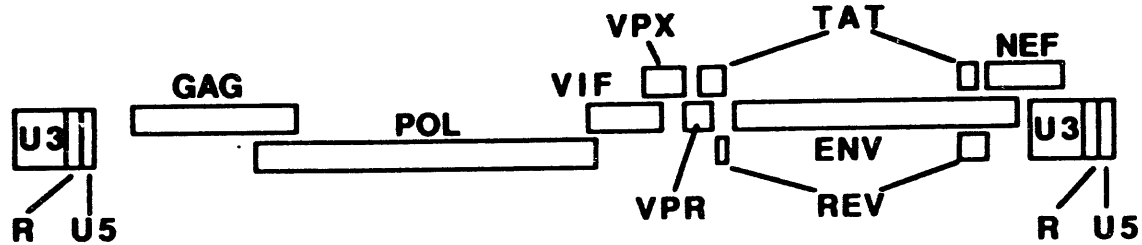
A short glossary follows.



HIV-1



HIV-2



AUG 93

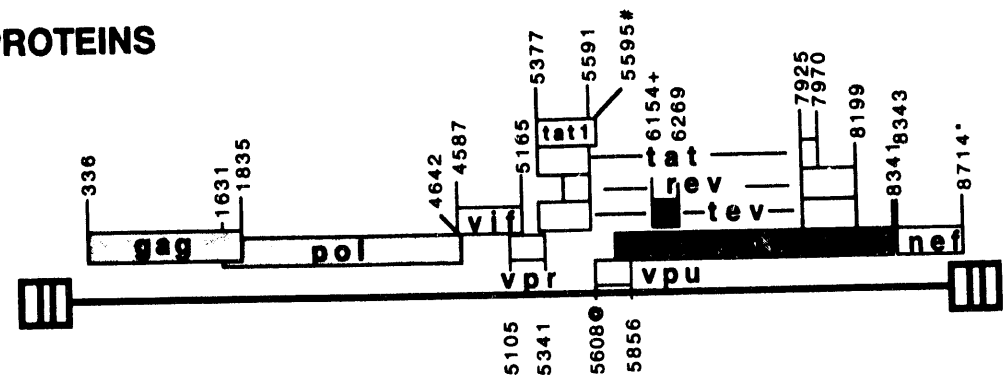
GLOSSARY

HIV/SIV PROTEINS

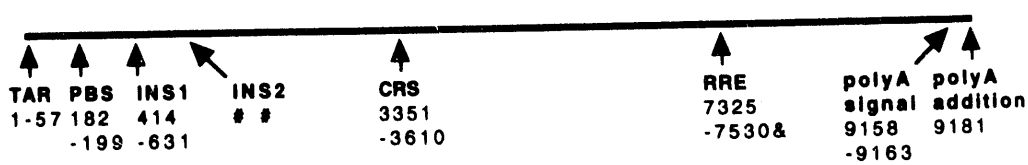
Name	Typical Size	Function	Localization
GAG	p55/p17/p24/p7 p6/p2/p1	structural capsid proteins	virion
POL	p66/p51/p32	viral enzymes	virion
ENV	gp120/gp41	viral surface (SU) and transmembrane (TM) glycoproteins	plasma membrane, virion envelope
TAT	p16/p14	viral transactivator	primarily in nucleolus/nucleus
REV	p19	RNA transport, stability and utilization factor (phosphoprotein)	primarily in nucleolus/nucleus
VIF	p23	promotes virion infectivity	Golgi?
VPR	p10–15	unknown, also called 'rap' (rapid)	virion
VPU	p16	promotes extra-cellular release of viral particles (phosphoprotein)	integral membrane protein
NEF	p27–p25	unknown (myristoylated protein)	cytoplasm, plasma membrane
VPX	p12-16	unknown, appears to be a duplication of VPR in HIV-2 and SIVs only	virion
TEV	p28	tripartite tat-env-rev protein (found only in HXB2; also named tnv)	primarily in nucleolus/nucleus

LANDMARKS ON THE HIV-1 GENOMIC RNA

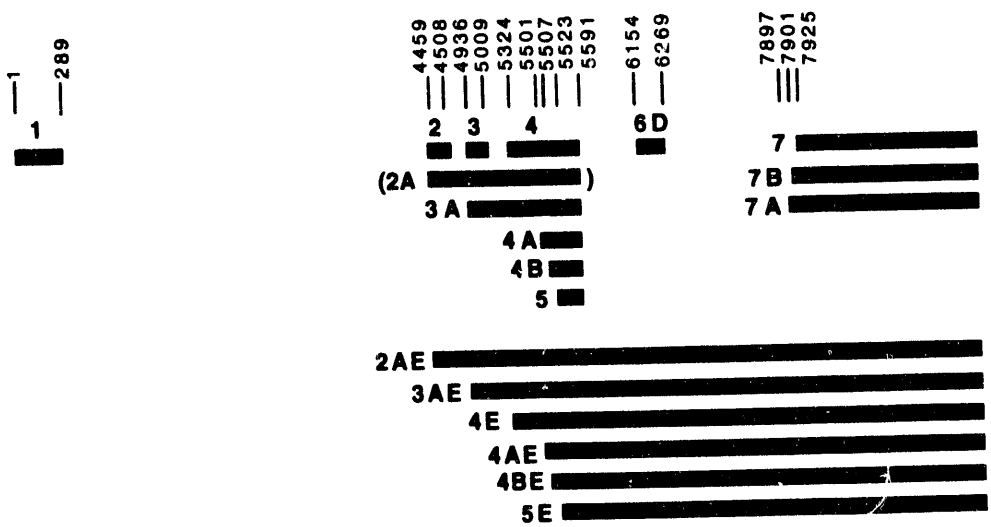
PROTEINS



RNA SITES



SPLICE SITES AND EXONS



LANDMARKS:

HIV GENOMIC STRUCTURAL ELEMENTS

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

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

RRE Rev responsive element (also named CAR), an RNA element encoded within the env region of HIV-1. It consists of approximately 200 nucleotides (positions 7327 to 7530 from the start of transcription in HIV-1HXB2R.) RRE is necessary for Rev function; it contains a high affinity site for Rev; in all, approximately seven binding sites for Rev exist within the RRE RNA. Other lentiviruses (HIV-2, SIV, visna, CAEV) have similar RRE elements in similar locations within env, while HTLVs have an analogous RNA element (RXRE) serving the same purpose within their LTR; RRE is the binding element for Rev protein, while RXRE is the binding element for Rex protein. RRE (and RXRE) form complex secondary structures important for specific protein binding.

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

INS Instability RNA sequences found within the structural genes of HIV-1 and of other complex retroviruses. Multiple INS elements exist within the genome and can act independently; one of the best characterized elements spans nucleotides 414 to 631 in the gag region of HIV-1HXB2R.

GENES AND GENE PRODUCTS

GAG group specific antigens or capsid proteins. The precursor is the p55 myristoylated protein, which is processed to p17 (MAtrix) p24 (CApsid) and p7 (NucleoCapsid) proteins by the viral protease. Other small proteins are generated from the gag polyprotein by protease cleavage.

POL generates the viral enzymes protease, reverse transcriptase and integrase after processing of a gag-pol precursor polyprotein by the viral protease; the Gag-Pol precursor is produced by ribosome frameshifting.

ENV viral glycoproteins produced as a precursor (gp160) and processed to the external glycoprotein gp120 and the transmembrane glycoprotein gp41. The mature proteins are held together by noncovalent interactions; as a result, a substantial amount of gp120 is released (shed) into the medium. gp120 contains the binding site for the CD4 receptor.

TAT Transactivator of HIV gene expression. One of the two necessary viral regulatory factors (Tat and Rev) for HIV gene expression. Two forms are known, Tat-1exon (minor form) of 72 amino acids and Tat-2exon (major form) of 86 amino acids. The electrophoretic mobility of these two forms in SDS gels is anomalous, with apparent sizes of approximately 16 kD and 14 kD for Tat-2exon and Tat-1exon, respectively. Low levels of both proteins are found in persistently infected cells. Tat has been localized primarily in the nucleolus/nucleus by immunofluorescence. It acts by binding to the TAR RNA element and activating transcription initiation and/or elongation from the

LTR promoter. It is the first eukaryotic transcription factor known to interact with RNA rather than DNA and may have similarities with prokaryotic anti termination factors.

REV The second necessary regulatory factor for HIV expression. A 19 kD phosphoprotein, localized primarily in the nucleolus/nucleus, Rev acts by binding to RRE and promoting the nuclear export, stabilization and utilization of the viral mRNAs containing RRE. Rev is considered the most functionally conserved regulatory protein of lentiviruses (although it is mutationally quite unstable).

VIF Viral infectivity factor, typically 23 kD. Required for the efficient transmission of cell-free virus in tissue culture. In the absence of Vif the produced viral particles are defective, while the cell-to-cell transmission of virus is not affected significantly. Accumulates in the Golgi system and is not found in the virion.

VPR Virion associated protein of unknown function found in HIV-1, HIV-2, SIVmac and SIVmnd; typically 15 kD. Probably homologous to VPX of HIV-2/SIVs.

VPU "oUt" protein, promotes extracellular release of viral particles. Found only in HIV-1. Integral membrane phosphoprotein of 16 kD; similar to M2 protein of influenza virus; may be involved in env maturation; not found in the virion.

NEF Approximately 27 kD non-virion protein found in the cytoplasm of infected cells. It is myristoylated and associated with the inner plasma membrane. One of the first HIV proteins to be produced in infected cells, it is the most immunogenic of the accessory proteins. During tissue culture propagation, Nef is dispensable and probably counter-selected. On the contrary, SIV Nef is required for viral propagation in animals. Nef affects the levels of CD4 and may modulate intracellular signaling pathways.

VPX Virion protein of 12 kD found only in HIV-2/SIVs. Function unknown. Vpu/Vpx may be used to distinguish between HIV-1 and HIV-2 infection.

TEV (also named tnv) Tripartite 28 kD viral phosphoprotein produced by some HIV-1 strains. Found primarily in the nucleolus/nucleus. Tev contains the first exon of Tat, a small part of Env and the second exon of Rev. It exhibits both Tat and Rev functions and can functionally replace both essential regulatory proteins of HIV-1. It is produced very early in infection.

STRUCTURAL PROTEINS/VIRAL ENZYMES The products of gag, pol and env genes, which are essential components of the retroviral particle.

REGULATORY PROTEINS Tat and Rev proteins of HIV/SIV and Tax and Rex proteins of HTLVs. Modulators of transcriptional and posttranscriptional steps of virus gene expression; essential for virus propagation.

ACCESSORY OR AUXILIARY PROTEINS additional virion and non-virion-associated proteins produced by HIV/SIV retroviruses: Vif, Vpr, Vpu, Vpx, Nef. Their exact function is mostly unknown. Although the accessory proteins are in general not necessary for viral propagation in tissue culture, they have been conserved in the different isolates; this conservation and experimental observations suggest that their role in vivo is very important.

COMPLEX RETROVIRUSES Retroviruses regulating their expression via viral factors and expressing additional proteins (regulatory and accessory) essential for their life cycle. By one interpretation, all retroviruses are "complex" and HIV is said to be merely one of the "more complex."

I

HIV and SIV Nucleic Acid Sequences

Nucleotide sequence alignments were generated using the PIMA program developed by Randy Smith and Temple Smith (*Protein Engineering* **5**:35, 1992). By this approach, a protein pattern is created which then serves as a template for the nucleotide sequence alignment. Hand-editing, when required, was done with the MASE program (D. V. Faulkner and J. Jurka, *TIBS* **13**:321, 1988). For information concerning either of these programs, contact Dr. Randall Smith, Institute of Molecular Genetics, Baylor College of Medicine, Houston, Texas, 713-798-4735.

With few exceptions, only full-length coding sequences were included in these alignments. Mixed case consensus sequences are used as the reference sequences for each alignment. Upper case letters indicate 100% conservation of nucleotide bases in a given position of the alignment, and lower case letters represent bases conserved in at least 50% of the sequences. To reduce the alignment uncertainty with the large HIV-1 set, sequence subtypes (see below and Part III) were constituted and consensus sequences were generated for each. Highly divergent sequences were not included in the consensus sequences for the HIV-1 A, B, C, D and E sequence subtype alignments but may themselves be part of a consensus, Consensus.O, that includes the ANT70, MVP5180 and CPZ sequences but occasionally other sequences such as that of MAL. Large deletions, if present in only one sequence (*i.e.*, the HIV2nihz *nef* coding region sequence), were also excluded from the consensus sequences.

When unpublished sequences contribute to consensus sequences, as is frequently the case, the user will be informed.

Prior to the 1992 database compendium, HIV-1 sequences had been roughly classified as 'U.S.' and 'African.' In light of many new HIV-1 *gag* and *env* sequences, it became more useful, starting with the 1992 compendium, to categorize HIV-1 sequences into five or more sequence subtypes, depending upon the coding sequence. The bases for this classification, discussed at greater length in Part III, were:

i) subtypes are approximately equidistant from one another in *env* (a "star phylogeny");

ii) the *env* phylogenetic tree is for the most part congruent with *gag* phylogenetic trees;

iii) two or more samples are required to define a sequence subtype.

Subtype naming problems have arisen for several reasons: first, viral samples such as MAL and TN243 appear to be hybrid, clustering with one sequence subtype in *gag* and another sequence subtype in envelope; second, a heretofore unrecognized variant in *gag* is designated "E" when it may have no relationship to the HIV-1 variant previously designated "E" on the basis of the envelope coding sequence; and finally, variants are being equivocally named as different investigators discover different outliers (e.g., there are currently two different "F" sequence subtypes). We ask database users to be patient with these problems, most of which are unavoidable (recombination) or transitory (same name for different variants). In the case of hybrid viruses, gene sequences are aligned in this compendium according to the best fit with one of the existing subtypes or, as mentioned above, with Consensus.O. With respect to subtype designations, envelope classification is given primacy because envelope coding sequences were the original basis for the classification in the 1992 compendium, and because envelope diversification continues to receive the greatest attention. Hence outlying *gag* subtypes reported by Louwagie *et al.*, *AIDS* 7:769–780, 1993, are designated "(E)", "(F)", and "(G)" herein, to avoid confusion with envelope sequence subtypes that have been designated "E" and "F". As these unusual samples are sequenced in both coding regions, this situation should resolve.

Fortunately, the majority of HIV-1 variants being characterized in the centers of the pandemic fall into one of the five sequence subtypes based upon *env* coding sequences. The discovery of the MVP5180 virus in Cameroon, its close relationship to ANT70 and the likelihood that 5% to 10% of infected Cameroonians carry this virus, is an interesting exception. We are grateful to Dr. Lutz Gurtler and his colleagues, at the Max van Pettenkofer Institute in Munich, for making the complete MVP5180 sequence available prior to publication, and to Drs. Eric Saman and Marleen vanden Haesevelde, at Innogenetics in Belgium, for making the complete ANT 70 sequence also available prior to publication. These viral sequences are classified as subtype O.

There are at least two sequence subtypes for the HIV-2s, A and B, however we do not have sufficient information about these at this time to warrent classification and generation of consensus sequences analogous to what can be done with HIV-1 subtype sequences. We expect more information about HIV-2 sequence subtypes by 1994.

The authority for some of the annotation is limited largely to invariance—the recurrence of patterns such as AATAAA, for example. The reader should be cautious in drawing upon this information.

Only new and revised sequences are reported as entries in this section. Short sequences, typically generated through PCR, of necessity must usually be presented as aligned sets rather than as GenBank-formatted entries, however accession numbers can usually be provided for the sequences that appear in alignment. Sequence entries from previous years are presented in the 1990, 1991, and 1992 compendiums. The Tables of Contents for those follow directly below.

PART I HIV and SIV Nucleic Acid Sequences

Introduction I-A-1
Contents(1993) I-A-2
Contents(1992) I-A-2
Contents(1991) I-A-4
Contents(1990) I-A-6

A. HIV-1 Sequences

Nucleotide alignments of HIV-1 sequences I-A-9
HIVANT70C (L20587, M31171) 173
HIVMVP5180 (L20571) 177
HIVBCSG3C (L02317) 181
HIVBZ162 (L11751) 185
HIVBZ167 (L11752) 186
HIVBZ190 (L11753) 187
HIVBZ200 (L11754) 188
HIVCI20 (L11755) 189
HIVCI32 (L11756) 190
HIVCI4 (L11757) 191
HIVCI51 (L11758) 192
HIVCI59 (L11759) 193
HIVDJ258 (L11763) 194
HIVDJ259 (L11764) 195
HIVG109 (L11765) 196
HIVG141 (L11766) 197
HIVIC144 (L11767) 198
HIVK112 (L1168) 199
HIVK124 (L11769) 200
HIVK29 (L11770) 201
HIVK31 (L11771) 202
HIVK7 (L11772) 203
HIVK88 (L11773) 204
HIVK89 (L11774) 205
HIVK98 (L11775) 206
HIVLBV105 (L11776) 207
HIVLBV23 (L11777) 208
HIVLBV217 (L11778) 209
HIVLBV2310 (L11779) 210
HIVPH136 (L11780) 211
HIVPH153 (L11781) 212
HIVSE365 (L11797) 213
HIVSM145 (L11803) 214
HIVTN238 (L11760) 215

HIVTN240 (L11761) 216
HIVTN245 (L11762) 217
HIVUG266 (L11798) 218
HIVUG268 (L11799) 219
HIVUG270 (L11800) 220
HIVUG274 (L11801) 221
HIVUG280 (L11802) 222
HIVVI174 (L11782) 223
HIVVI191 (L11783) 224
HIVVI203 (L11784) 225
HIVVI205 (L11785) 226
HIVVI310 (L11786) 227
HIVVI313 (L11787) 228
HIVVI32 (L11788) 229
HIVVI325 (L11789) 230
HIVVI354 (L11790) 231
HIVVI415 (L11791) 232
HIVVI525 (L11792) 233
HIVVI557 (L11793) 234
HIVVI57 (L11794) 235
HIVVI59 (L11795) 236
HIVVI69 (L11796) 237
HIV17M1234 (L04602) 238
HIVA101MA (M96458, M96493-M96496) 239
HIVA151RW (M96459) 240
HIVA161RW (M96460) 241
HIVA171RAW (M96461) 242
HIVA81SE (M96456) 243
HIVB54CH (M96497, M96457, M96499, M96498) 244
HIVLAIB2M2 (M96466) 245
HIVLAIB8M2 (M96464, M96463, M96465, M96467-M96470) 246
HIVLAIC319 (M96481, M96471-M96480, M96482-M96492) 247
HIVDLC23 (M96462) 250
HIV109A11X (L16594, L16591-L16593, L16595-L16620) 251
HIVNET12 (L01282, L01283-L01297) 253
HIVAMTAN (L01298, L01299-L01339) 254
HIVZ6555 (L19623, L19624-L19636) 259
HIVFLPI01 (L22590, L22591-L22605) 261
HIVFLPID (L22606) 264
HIV1789V (M93383, M93364-M93382) 265
HIVP896 (M96155) 269
HIVB10561 (L19226, L19225-L19237, L19240-L19246, L20963) 271
HIVC11893X (L11457, L11458-L11525) 277

HIVM12199 (L15721, L15722-L15735) 281
HIVRA14018 (L19571, L19572-L19579) 283
HIVMA236X (L15143, L15138-L15142, L15144-L15187) 285
HIVMB293X (L15098, L15085-L15097, L15099-L15137) 292

B. HIV-2 and Related SIV Sequences

Nucleotide alignments of HIV-2 and SIV sequences 1-B-1
HIV2UC1 (L07625) 82
HIV21971P6 (L16971) 86
HIV25132P1 (L16970) 87
HIV25132E2 (L16963, L16970-L16971) 88
HIV2GB1221 (L10638) 90
HIV2GB1222 (L10637) 91
HIV2GH2P22 (D10458) 92
HIV2S52907 (S52907) 93
HIV21888A (L08462) 94
SIVSMP209 (L20008, L20009, L20098-L20099) 96

C. SIVAGM and SIVMND Sequences

Nucleotide alignments of AGM sequence 1-C-1
SIVAGMT17 (L19250) 44
SIVAGMT27 (L19251) 45
SIVAGMT40 (L19252) 46
SIVAGMT49 (L19253) 47
SIVAGMT9 (L19254) 48
SIVAGMTBO5 (M81070) 49
SIVAGMTB14 (M80208) 50
SIVAGMTB30 (M81071) 51
SIVAGMTB53 (M81072) 52
SIVAGMSD29 (M81073) 53
SIVAGMSD30 (M81074) 54
SIVAGMSD37 (M81075) 55
SIVAGMSD45 (M81076) 56
SIVSYK (L06042) 57

PART I HIV and SIV Nucleic Acid Sequences

A. HIV-1 Sequences

Nucleotide alignments of HIV-1 sequences I-A-9
HIVCAM1 (D10112) 118
HIVYU10 (M93259 M89974) 122
HIVYU2 (M93258 M89974) 126
HIVGUN (M59192 M59193) 130
HIVD31 (X61240 X16109) 132
HIVSF2B13 (pending) 136
HIVNH5 (pending) 138
HIVGLNEF1 and related sequences (X63040-X63045) 141
HIVGD110 and related sequences (M92995) 144
HIVH5986 and related sequences (pending) 147
HIVZAM18 (L03705) 170
HIVZAM19 (L03706) 171
HIVZAM20 (L03707) 172
HIVTB1321 (L03696) 173
HIVTB1322 (L03697) 174
HIVTN2431 (L03702) 175
HIVTN2432 and related sequences (L03698-L03704) 176
HIVT7787 and related sequences (pending) 183
HIVNOF (pending) 187
HIVD687 (pending) 188
HIVD747 (pending) 189
HIVD757 (pending) 190
HIVD760 (pending) 191
HIVD1044 (pending) 192
HIVM6506 and related sequences (pending) 193
HIVZ6555 and related sequences (pending) 196
HIVU3079 and related sequences (pending) 199
HIVU44342 (M98408-M98416) 212
HIVSIM1 (pending) 218
HIVKIGA93 and related sequences (pending) 220

B. HIV-2 and Related SIV Sequences

Nucleotide alignments of HIV-2 and SIV sequences I-B-1
HIV2FO784 (M87115-M87117; M87111-M87114;
M87106-M87110; M87069-M87105) 61
HIV22238 (M87135-M87139; M87118-M87134) 78
HIV27312A (M87144-M87145; M87140-M87143) 85
HIV2STV (M86924 M31113) 89
HIV2ISYR (J04498) 91
HIV2GB12 and related sequences(pending) 95
HIV2GHLTR (M69108) 98
SIVSMMLIB1 (M62651) 99
SIVSMM9 (M80194) 100

C. SIVAGM and SIVMND Sequences

Nucleotide alignments of AGM sequences I-C-1

PART I. HIV and SIV Nucleic Acid Sequences

A. HIV-1 Sequences

Nucleotide alignments of HIV-1 sequences I-A-3
HIVLAI (K02013; M64186-190; M64194-198; M64203-223) 70
HIVNL43 (M19921) 76
HIVJB01 (X57447) 80
HIVJB02 (X57450) 83
HIVJB03 (X57465) 89
HIVBAL (M68893) 92
HIVADA (M60472) 95
HIVSWB40 (M27951; M27946) 96
HIVSWB88 (M27952; M31462; M27947; M58206) 97
HIVM77, HIVV77, HIVT77 (M61278; pending) 100
HIVM82, HIVV82, HIVT82 (M61402; pending) 103
HIVNJA (M61028-M61045 117
HIVU455 (M62320) 122
HIVCBL4 (M63474; M63475) 126
HIVSF170 (four segments) (M66533-M66535; M81729) 127
HIVABA2 (M75686) 132
HIVACP1 (M80660) 135
HIVACH9 (M80661) 136
HIVJM (M80662) 137
HIVWM (M80663) 138
HIVHP200 (M81692) 139
HIVHP1089 (M81693) 140
HIVHP1098 (M81694) 141
HIVJRFL (pending; M74978-M75007) 142
HIVSPBL14 (M74960; M74955-M74977) 148
HIVSPBR1 (M74964) 149
HIVTIBL7 (M75016; M75008-M75028) 152
HIVTIBR1 (M75022) 153
HIVRJS (M37491; M37573-M37577) 156
HIVSB (three segments) (M77228-M77230) 158
HIVFLD (Florida Dental Case V3V4V5 Sequences)
(M90847-M90966; M91084-M91115; M91121-M91149)
(M91153-M91156; M92100-M92150) 161
HIVHEI (X61351-X61359; X64746-X64745) 306
HIVYU10 (M89974) 324
HIVAM113 (M74591-M74640) 327
HIVAM49501 (M74641-M74684) 328
HIVMA208 (M79342-M79354; M90025-M90046) 333
HIVMOM1 (two segments) (M76789-M76799; M76900-M76912) 346
HIVTOT1 (two segments) (M76842-M76862; M76942-M76947) 346

HIVMOM2 (two segments) (M76800-M76818; M76913-M76925) 351
HIVTOT2 (two segments) (M76863-M76875; M76948-M76963) 351
HIVMOM3 (two segments) (M76819-M76841; M76926-M76941) 356
HIVTOT3 (two segments) (M76876-M76899; M76964-M76973) 356

B. HIV-2 and Related SIV Sequences

Nucleotide alignments of HIV-2 and SIV sequences I-B-1
HIV2D194 (J04542; X52223) 58
HIV2D205 (X16109; X61240) 62
SIVMM251 (M19499; X06393; M15897; M16125; Y00283;
X06879; Y00294; Y00295; X06391) 66
SIVMM239 (M33262) 71
SIVMM1A1 (M76764) 76
SIVMM32H (D01065) 80
Nucleotide alignments of SIVMM 84
SIVSTAK (three segments) (X57323; X60667; X60668) 109
HIVCAM2 (D00835) 112

C. SIVAGM and SIVMND Sequences

Nucleotide alignments of AGM sequences I-C-1
SIVAGM677 (M66437) 22
SIVMND121 (M62883; M62884) 26
SIVAGM381 (M73537; M73538) 27
SIVAGM384 (M73539) 27
SIVAGM385 (M81730-M81733 28
SIVAGM386 (M81734) 29

PART I. HIV AND SIV NUCLEIC ACID SEQUENCES

A. HIV-1 Sequences

Nucleotide alignments of HIV-1 sequences I-A-3
HIVBRU (K02013) 60
HIVNL43 (M19921) 64
HIVHXB2R (K03455 M38432) 68
HIVPCV12 (M11840) 72
HIVMN (M17449) 74
HIVSC (M17450) 78
HIVJH3 (two segments)(M21137 M21138) 80
HIVBRVA (M21098) 83
HIVSF2 (K02007) 85
HIVHAN (EMBL assignment) 89
HIVOYI (M26727) 93
HIVCDC451(two segments)(M13136 M13137) 97
HIVNY5(K03346) 101
HIVJFL (M31451) 102
HIVTRA (two segments)(M27956 M27948) 104
HIVBAN (two segments)(M27953 M27944) 105
HIVBOS1 (M27910) 106
HIVPHIL1 (M27911) 107
HIVMAB (M27955) 108
HIVSWB88 (three segments)(M27952 M31462 M27947) 109
HIVSWB40 (two segments)(M27951) 111
HIVWMJ2 (two segments)(K03457 M12507) 112
HIVRF (M17451 M12508) 115
HIVMAL (K03456) 119
HIVELI (K03454) 123
HIVZ2Z6 (M22639) 127
HIVZ6 (K03458) 131
HIVZ321 (M15896 J00001) 134
HIVJY1(J03653) 136
HIVZ3 (K03347) 138
HIVNDK (M27323) 140
HIVANT70 (M31171) 144
HIVJRCSF (M38429) 145
HIVJRFL (EMBL assignment) 149
HIVMFA (M33943) 153
HIVN1TE (M36998) 155
HIVSF33 (M38427) 156
HIVSF162 (M38428) 158
HIVALA1 (M38430) 160
HIVNY5CG (M38431) 162

SIVCPZCG (X52154) 166

B. HIV-2 and related SIV sequences

Nucleotide alignments of HIV-2 and SIV sequences I-B-1
HIV2ROD (M15390) 46
HIV2NIHZ (J03654) 50
HIV2ISY (J04498) 54
HIV2ST (M31113) 58
HIV2GH1 (M30895) 62
HIV2BEN (M30502) 66
HIV2D205 (X16109) 70
HIV2D194 (J04542) 73
SIVMM142 (M16403 Y00277) 77
SIVMM251 (M19499X06393) 81
SIVMM239 (M33262) 86
SIVMMP11 (M23164) 90
SIVMNE (M32741) 91
SIVSMMH4 (X14307) 95
SIVSMMM7 (M27256) 99
SIVSMMPBJ (M31325) 100

C. SIVAGM and SIVMND Sequences

Nucleotide alignments of AGM sequences I-C-1
SIVAGMTYO (X07805) 19
SIVAGM385 (M21311) 23
SIVAGM266 (M22974) 24
SIVAGM155 (M29975) 25
SIVAGM677 (M29973) 29
SIVAGM90 (M33718) 30
SIVAGM692 (two segments)(M33719 M29974) 31
SIVAGM3 (M30931) 33
SIVMNDGB1 (M27470 X15781) 37

Contents (1990)

HIV-1 LTR

The authority for the LTR annotation is given on pages I-A-4 through I-A-9 of APR 90 and in the review by Richard Gaynor, AIDS 6:347-363 (1992). Variability of LTR sequences must be kept in mind with respect to binding sites for cellular factors COUP (chicken ovalbumin upstream promoter), AP-1 (activator protein), UBP-1 (untranslated binding protein), LBP-1 (leader binding protein), NRE and NRF. The MAL and Z321 LTR sequences could not be easily assigned to any of the known subgroups. LTR sequences are not currently available for the env defined subtypes C and E. The unpublished sequence CPZ-ant (Vanden Haesevelde and Saman, Innogenetics,Belgium) is reflected in Consensus.O. Consensus O also includes the ANT70 and MVP5180 Cameroonian isolates, whose sequences were made available prior to publication by Drs. Eric Saman and Marleen vanden Haesevelde, Innogenetics, Belgium, and by Dr. Lutz Gurtler and colleagues, Max v. Pettenkofer Institute, Munich.

U3 start ->

```
CONSENSUS.A TGGATGGGTTAATT?ACTC???GA?AAGACAAGAAATCCTTGATCTGTGGGTCTA??ACACACAAGG?T?     61
HIVU455     -------------C----ACA--A-------------------------------TC---------A-T     70
HIVSF170    -------------T----CAG--G-------------------------------CA---------C-A     70
CONSENSUS.B TGGAaGGGcTAaTttacTCcCaaaaaAGACAaGAtATcCTTGATcTGTGGaTctAcCACACACAAGGCTA     70
HIVLAI      ----A---C--A-TCAC--C-AACGA-----A--T--C------C-----A-CT-C--------------     70
HIVHXB2     ----A---C--A-TCAC--C-AACGA-----A--T--C------C-----A-CT-C--------------     70
HIVN1TE     ----A---C--A-TCAC--C-AACGA-----A--T--C------C-----A-CT-C--------------     70
HIVMN       ----T---T--A-TTAC--C-AAAAG-----A--C--C------C-----G-CT-C--------------     70
HIVBRVA     ----A---C--A-TCAC--C-AACAA-----A--T--C------T-----G-CT-T--------------     70
HIVSC       ----A---C--A-.CAC--C-AGAGA-----A--T--C------C-----A-CT-C--------------     69
HIVJH3                                                                               0
HIVBAL1     ----A---C--A-TCAC--C-AAAAA-----A--T--C------T-----G-CT-C--------------     70
HIVJ233                                                                              0
HIVKEBO                                                                              0
HIVJRCSF    ----A---C--A-TTAC--A-AGAAA-----A--T--C------C-----A-CT-C--------------     70
HIVJRFL     ----A---C--A-TCAC--A-AGAAA-----A--T--C------C-----G-CT-C--------------     70
HIVOYI      ----A---C--A-TTAC--C-AGAAA-----A--T--T------C-----G-CT-T--------------     70
HIVSF2      ----A---C--A-TTGG--C-AAAGA-----A--G--C------C-----A-CT-C--------------     70
HIVNY5      ----A---C--A-TTGG--C-AAAGA-----A--T--C------C-----A-CT-C--------------     70
HIVNL43     ----A---C--A-TTGG--C-AAAAA-----A--G--C------C-----A-CT-C--------------     70
HIVSF162    ----A---T--A-TTAC--C-AAAAA-----A--T--C------C-----A-CC-C--------------     70
HIVCAM1     ----A---A--A-TTAC--C-AAAGA-----G--T--C------C-----A-CT-C--------------     70
HIVCDC4     ----A---C--G-TTAC--C-AACAA-----A--T--C------C-----G-CT-C--------------     70
HIVSF33     ----A---C--G-TTAC--C-AAAAA-----A--T--C------C-----A-CT-C--------------     70
HIVHAN      ----A---T--A-TTAC--C-CAAAA-----A--G--C------C-----G-CT-C--------------     70
HIVD31                                                                               0
HIVSWB884   ----A---C--G-TCAC--C-AAAAA-----A--G--C------C-----G-CT-C--------------     70
HIVRF       ----T---C--G-GTTC--C-AGAAA-----A--T--C------C-----G-TT-C--------------     70
HIVYU2      ----A---C--A-TCAC--C-AACAA-----A--T--C------C-----G-CT-C--------------     70
CONSENSUS.D TGGAAGGGCTAATTTGGTCcAAaAaaAGACAAGAgATCCTTGATCTTTGGGTCTACAACACACAAGGCAT     70
HIVELI      --------------------C--A-AG--------G-----------------------------------     70
HIVZ2Z6     --------------------A--A-GA--------C-----------------------------------     70
HIVNDK      --------------------C--G-AA--------G-----------------------------------     70
HIVCBL41                                                                             0
CONSENSUS.O TGGAtGGGtTAaTTTacTCCca?AaaAGAcaAGAaATCCTtGAtCT?TGGgTcTAtcAcACaCAaGGcTt     68
HIVMAL      ----T---T--G---GG---CCA-AA---CA---A-----T--T--G---G-C--CC-C--A--A--C-A     70
HIVZ321     ----T---C--A---AC---AAG-AA---CA---A-----T--C--G---G-C--TC-T--A--A--C-T     70
HIVANT70    ----A---T--A---AC---CAT-AA---GC---A-----G--T--T---G-G--TA-C--T--G--A-T     70
HIVMVP5180  ----T---T--A---AC---CAT-AG---GC---A-----G--T--C---A-A--TC-C--T--G--A-T     70
CPZGAB      ----A---T--G---AC---AGG-GA---CA---G-----T--C--C---G-C--TC-C--A--A--C-T     70
```

HIV-1 LTR

```
                        /<--        COUP        -->/AP-1/<-COUP->/AP-1/
CONSENSUS.A CTTCCCTGATTGGCAGAATTACACACCAGGGCCAGG?A?CAGAT?CCC.ACTAACATTTGGATGGTGCT?    126
HIVU455     ------------------------------------A-T-----A---.--------------------A    139
HIVSF170    ------------------------------------G-C-----T---.--------------------T    139
CONSENSUS.B cTTCCCTGAtTgGCAGAAcTACACAcCAGGgccagGgatcAGATatCC?AcTGaccttTGGATGGTGCTt    139
HIVLAI      C---------T-G------C------C----GCCAG-GGTC----AT--.-C--ACCTT-----------A    139
HIVHXB2     C---------T-A------C------C----GCCAG-GATC----AT--.-C--ACCTT-----------A    139
HIVN1TE     C---------T-G------C------C----GCCAG-GATC----AT--.-C--ACCTT-----------A    139
HIVMN       C---------T-G------C------C----GCCAG-GATC----AT--.-C--ACCTT-----------T    139
HIVBRVA     C---------T-G------C------C----GCCAG-GGTC----AT--.-C--ACCTT-----------T    139
HIVSC       C---------T-G------C------C----GCCAG-GATC----AT--C-C--TGTTT-----------T    139
HIVJH3                                                                               0
HIVBAL1     C---------T-G------C------C----GCCAG-GACC----TT--.-C--ACCTT-----------T    139
HIVJ233                                                                              0
HIVKEBO                                                                              0
HIVJRCSF    C---------T-G------C------G----ACCAG-GGTC----TT--.-C--ACCTT-----------T    139
HIVJRFL     C---------T-G------C------C----GCCAG-AATC----TT--.-T--ACCTT-----------T    139
HIVOYI      T---------T-G------C------C----GCCAG-GATC----AT--.-C--TGCTT-----------T    139
HIVSF2      C---------T-G------T------C----GCCAG-GATC----AT--.-C--ACCTT-----------T    139
HIVNY5      C---------T-G------C------C----GCCAG-GATC----AT--.-C--ACCTT-----------T    139
HIVNL43     C---------T-G------C------C----GCCAG-GATC----AT--.-C--ACCTT-----------T    139
HIVSF162    C---------T-G------C------C----GCCAG-GATC----AT--.-C--ACCTT-----------T    139
HIVCAM1     C---------T-G------C------C----GCCAG-GATC----AT--.-C--ACATT-----------T    139
HIVCDC4     C---------T-G------C------C----GCCAA-GACC----TC--.-C--ACCTT-----------T    139
HIVSF33     C---------T-G------C------C----GCCAG-GGTC----TT--.-C--ACCTT-----------T    139
HIVHAN      C---------T-G------C------C----GCCAG-GGTC----AT--.-C--ACCTT-----------T    139
HIVD31                                                                               0
HIVSWB884   C---------T-G------C------C----GCCAG-GACC----GG--.-C--ACCCC-----------T    139
HIVRF       C---------C-G------C------C----GCCAG-GACC----AT--.-C--ACCTT-----------T    139
HIVYU2      C---------T-G------C------C----G...G-GACT----GG--.-C--ACCTT-----------T    136
CONSENSUS.D CTTCCCtGATTGGCAgAACTACACACCAGGGCCAGGGATCAGATAtCC.ACTgACCTTTGGATGGTGCTt    139
HIVELI      ------T---------A-----------------------------T--.---A---------------A    139
HIVZ2Z6     ------T---------G-----------------------------T--.---G---------------T    139
HIVNDK      ------C---------G-----------------------------C--.---G---------------T    139
HIVCBL41                                                                             0
CONSENSUS.O CTTCCCTGAtTGGCAgaacTACACAcCaGGaCCAGGaac?AGaTtCCC.ACTgac?TTtGGATGGTgcTT    135
HIVMAL      ---------T-----GAAT------C-A--G-----GATT--A-T---.---GACC--C-------GC--    139
HIVZ321     ---------T-----CAAC------C-A--G-----GACC--A-A---.---GTGT--T-------GC--    139
HIVANT70    ---------T-----GAAC------C-A--A-----AACC--G-T---.---GACA--T-------TG--    139
HIVMVP5180  ---------T-----GTGT------C-G--A-----ACCT--A-T---.---GACA--T-------TG--    139
CPZGAB      ---------C-----GAAC------A-A--A-----AACA--A-T---.---CTGT--T-------GC--    139
```

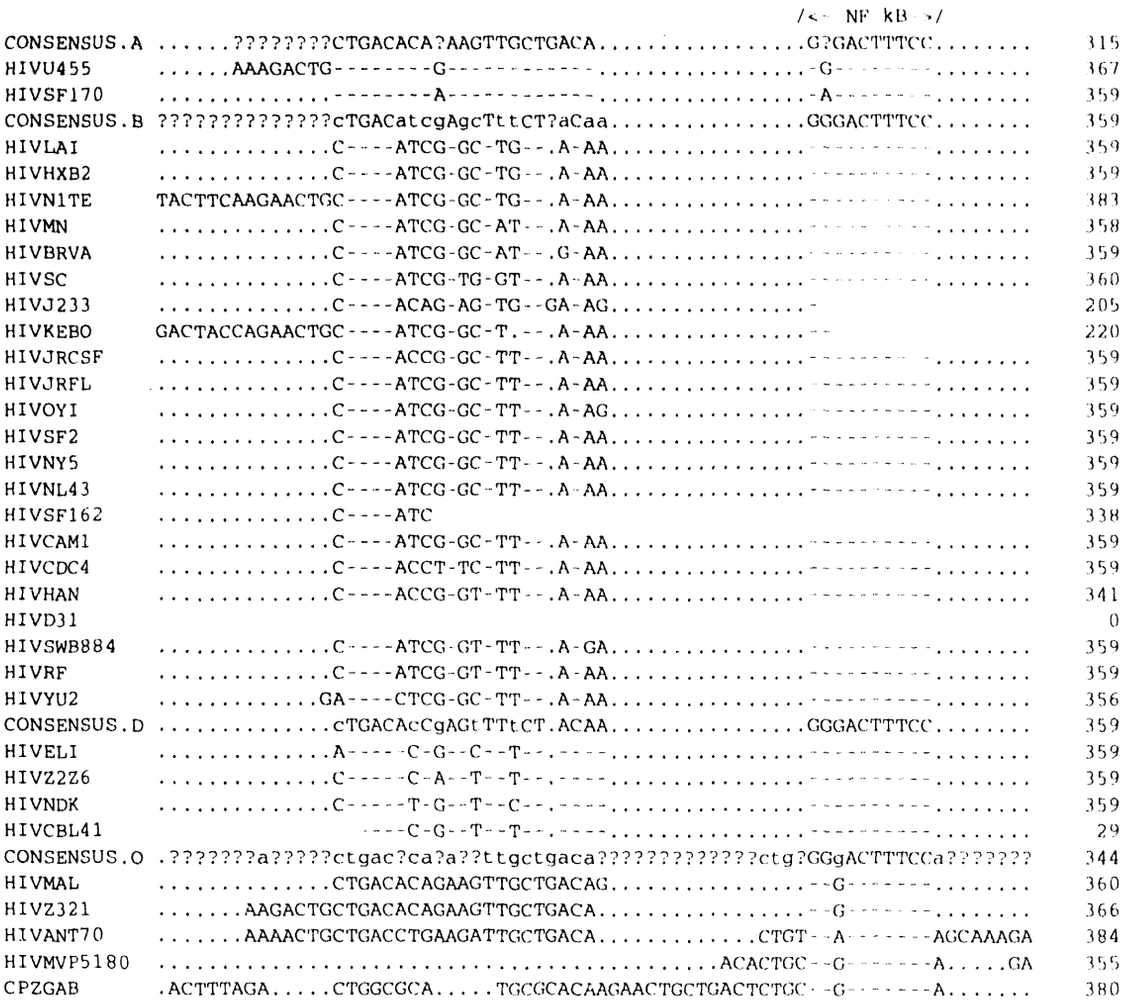
```
                                        /<--              NF-AT              -->/
CONSENSUS.A CAAGCTAGTACCAGT...TGATCCAG??...G?AGTAGAG?A?G??AC?G??GGAGAGA?CAACAG?CTA   178
HIVU455     ---------------...--------CT...-A-------G-A-CT--T-GA-------A------T---   203
HIVSF170    ---------------...--------AG...-G-------A-G-AC--G-TG-------C------C---   203
CONSENSUS.B CAAGcTAGTACCAgT...tgAgCcAGag...aaggtagaagaggccaatgaAggAGAGAacaaCagctTg   203
HIVLAI      ----C--------G-...TG-G-C--AT...AAGGTAGAAGAGGCCAATAA-GG-----ACAC-AGCT-G   203
HIVHXB2     ----C--------G-...TG-G-C--AG...AAGTTAGAAGAAGCCAACAA-GG-----ACAC-AGCT-G   203
HIVN1TE     ----C--------G-...TG-G-A--AG...AAGGTAGAAGAAGCCAATGA-GG-----ACAT-CGCT-G   203
HIVMN       ----C--------G-...TG-G-C--AG...AAGATAGAAGAGGCCAATAA-GG-----ACAA-TGCT-G   203
HIVBRVA     ----C--------G-...TG-G-C--AG...AAGATAGAAGAGGCCAATGA-GG-----ACAA-AGTT-G   203
HIVSC       ----C--------G-...TA-A-C--AG...AAGATAGAAGAAGCCAATGA-GG-----ACAA-AGCT-G   203
HIVJH3                                                                              0
HIVBAL1     ----C--------G-...TG-G-C--AG...AAGGTAGAAGAGGCCAATGA-GG-----ACAA-TGCT-G   203
HIVJ233           ------A-...GG-T-C--CA...GAGATAGAGAAAGCCAATGA-GG-----ACAA-AGTT-A    57
HIVKEBO           ------G-...TG-G-C--AG...AAGGTAGAAGAGGCCAATGA-GG-----GAAA-AACT-G    57
HIVJRCSF    ----C--------G-...TG-T-C--AG...AAGGTAGAAGAGGCCAATGA-GG-----ACAA-TGCT-G   203
HIVJRFL     ----C--------G-...TG-G-C--AA...AAGGTAGAAGAGGCCAATGA-GG-----ACAA-TGCT-G   203
HIVOYI      ----T--------A-...GG-T-C--AC...CAGGTAGAAGAGGCCAACGA-GG-----ACAA-AGCT-G   203
HIVSF2      ----C--------G-...TG-G-C--AG...AAGGTAGAAGAGGCCAATGA-GG-----ACAA-AGCT-G   203
HIVNY5      ----T--------G-...TG-G-C--GG...CAGGTAGAAGAGGCCAATGA-GG-----ACAA-AGCT-G   203
HIVNL43     ----T--------G-...TG-A-C--AG...CAAGTAGAAGAGGCCAAATA-GG-----AGAA-AGCT-G   203
HIVSF162    ----C--------G-...TG-T-C--AT...TATGTAGAAGAGGCCAATGC-GG-----ACAA-AGCT-G   203
HIVCAM1     ----C--------G-...TG-G-C--AG...CAGGTAGAAGAGGCCAATAA-AG-----ACGC-AGCT-G   203
HIVCDC4     ----C--------C-...TG-G-C--AG...CAGGTAGAAGAGGCCAACGA-GG-----ACAA-AGCT-G   203
HIVSF33     ----T--------G-...AG-G-C--AG...AAAGTAGAAGAGGCCAATGA-GG-----ACAA-AGCT-G   203
HIVHAN      ----T--------G-...TG-A-C--A.....................TGA-GA-----ACAG-AGCC-G   185
HIVD31                                                                              0
HIVSWB884   ----C--------G-...CG-G-C--AG...AAGGTAGAAGAGGCCAATGA-GG-----ACAA-AGCT-G   203
HIVRF       ----C--------G-...TG-G-C--AT...AAGGTAGAAGAGGCCACTGA-GG-----ACAA-AGCT-G   203
HIVYU2      ----C--------G-...TG-G-C--AG...AAGATAGAAGAGGCCAATGC-GG-----ACAA-TGCT-G   200
CONSENSUS.D CgAGCTAGTACCAGT...TGATCCACaG...GAGGTAGAAGAgGcCACTGAAgGAGAGacCAACtGCTTG   203
HIVELI      -G-------------...--------A-...-----------A-A-------G-----AC----A-----   203
HIVZ2Z6     -G-------------...--------G-...-----------G-C-------G-----AC----T-----   203
HIVNDK      -C-------------...--------A-...-----------G-C-------A-----GA----T-----   203
HIVCBL41                                                                            0
CONSENSUS.O tAAacTaGTaCCagTg?caga???agag...gaaGtagaacaaGccAATacAggaGAgaacaactgtCTg   198
HIVMAL      T--GT-A--A--AA-...GAGTCCAGAG...GAA-TAGAGGAG-CC---GA-GGA--GAACAACTGT--G   203
HIVZ321     C--GC-A--A--AG-...TGATCCAAGA...GAA-TAGAGGAA-CC---AC-GGA--GAACAACTGC--G   203
HIVANT70    T--AC-A--A--AG-GTCAGAAGAAGAG...GCA-AAAGACTA-GA---AC-TGT--GAGGGCTAAT--C   206
HIVMVP5180  T--AC-G--A--AG-GTCAGCAGAAGAG...GCA-AGAGACTG-GT---AC-AAT--AGATGCTAGT--T   206
CPZGAB      C--AC-A--G--CC-GACAGA...GGAG...CAG-TAGAACAA-CC---GA-GGA--TAACAACTGC--G   203
```

HIV-1 LTR

```
                                                    /<-- NF-AT -->/
CONSENSUS.A ?TACACCCTATATGCCAACATGGA?T?GATGATGA?GA?A?AGAA???TTAATGTGGAAGTTTGACAG??    237
HIVU455     C----------------------G-A--------A--G-A----GTG--------------------TA    273
HIVSF170    T----------------------A-G--------G--A-G----ACA--------------------CC    273
CONSENSUS.B TtAcacCCtatgaGcCtGcATGGgAtgGAtgACccgGAgagaGAAGtgtTagtgTGGAagTtTGACAgCc    273
HIVLAI      -T-CAC--TGTGA-C-T-C----A-TG--TG--CCT--GAGA----TGT-AGAG----GG-T-----G-C    273
HIVHXB2     -T-CAC--TGTGA-C-T-C----A-TG--TG--CCG--GAGA----TGT-AGAG----GG-T-----G-C    273
HIVN1TE     -T-AGC--TGTGA-C-T-C----G-TG--TA--CCG--GAGA----TAT-AGAG----GG-T-----G-C    273
HIVMN       -T-CAC--TATGA-C-A-C----.-TG--TG--CCG--GAGA----TGT-AGTG----AG-C-----G-C    272
HIVBRVA     -T-CAC--TATGA-C-A-C----A-TG--TG--CCG--GAGA----TGC-GCAG----GG-T-----G-C    273
HIVSC       -T-CAC--GATGA-C-T-C----G-TG--GG--CCG--GAGA----TGT-AGAG----GG-T-----A-C    273
HIVBAL1     -C-CAC--TATGA-C-T-C----G-TG--TG--CCG--GAAA----TGT-AGCA----AG-T-----G-A    273
HIVJ233     -T-CAC--CATCT-T-A-C----A-TG--GG--GAA--CAGA----TGC-GGTC----GA-T-----G-A    127
HIVKEBO     -T-CGC--TCTGA-C-T-C----A-TG--TG--CCA--GAGA----TGT-AGAG----GG-T-----G-C    127
HIVJRCSF    -T-CAC--TATGA-C-A-C----A-TG--CG--CCA--GAAG----TGT-AGTG----AG-T-----G-A    273
HIVJRFL     -T-CAC--TATGA-C-A-C----G-TA--GG--CCG--GAAG----TGT-AGAG----GG-T-----G-A    273
HIVOYI      -T-CAT--TATAA-C-T-C----G-TG--TG--CCA--GAAA----TGT-AGTG----AG-T-----G-C    273
HIVSF2      -T-CAC--TATGA-C-T-C----G-TG--GG--GCG--GAAA----TGT-AGTG----GG-T-----G-A    273
HIVNY5      -T-CAC--TATGA-C-A-C----G-TG--GG--CCG--GGGA----TAT-AGTG----AG-T-----G-C    273
HIVNL43     -T-CAC--TATGA-C-A-C----G-TG--GG--CCG--GGGA----TAT-AGTG----AG-T-----G-C    273
HIVSF162    -T-CAC--TATGA-C-A-C----G-TG--TG--CCG--GAAA----TAT-AGTG----GG-T-----G-C    273
HIVCAM1     -T-CAC--TATGA-C-A-C----G-TG--TG--CCA--GAAA----TAC-AATG----AG-T-----G-C    273
HIVCDC4     -T-CAC--TATGA-C-A-G----G-TG--TG--CCA--GAAA----TGT-AGTG----AG-T-----G-C    273
HIVSF33     -T-CAC--TATGA-C-T-C----G-TG--GG--CCG--GAAA----TGT-AGTG----AG-T-----G-C    273
HIVHAN      -T-CAC--TGCGA-C-T-C----G-CA--GG--ACG--GAGA----TGT-AAAG----AG-T-----G-C    255
HIVSWB884   -T-CAC--TATGA-C-T-C----A-TG--GG--CCG--GAAA----TGT-AGTG----AG-T-----G-A    273
HIVRF       -T-CAC--TATAT-C-T-C----G-TG--TG--CCA--GAAA----TGT-AGTG----AG-T-----G-C    273
HIVYU2      -T-CAC--TATGA-C-A-C----A-TG--TG--CCG--GAGA----GGT-AGAG----GG-T-----G-C    270
CONSENSUS.D TTACACCCTaTaTGCCAGCAtGGAATGGAGGACcCGGAGAGAcAAGTGTTAAagTGGAGATTTAACAGCA    273
HIVELI      ---------A-A--------T------------C---------C---------AA---------------    273
HIVZ2Z6     ---------G-A--------T------------A---------G---------AG---------------    273
HIVNDK      ---------A-G--------A------------C---------C---------TG---------------    273
HIVCBL41                                                                             0
CONSENSUS.O tTaCAtCC?at?tGtca?CATGGaatgGA?GAtgcagA?agaGAagT?cTaat?TGGaagTTTGAcAGct    261
HIVMAL      T-A--C--TATTA-CCAA-----AATG--G--CGCAG-AAGA--AG-GC-AAAA---AAG-----C--CA    273
HIVZ321     T-A--C--CATGA-CCAG-----AATG--T--TGATG-AAGA--AG-GT-AATG---AAG-----C--CT    273
HIVANT70    C-G--T--AGCAT-TGCC-----ATTT--A--TACAC-TAAA--AA-AC-GATG---AAG-----T--AT    276
HIVMVP5180  C-A--T--AGCTT-TAAT-----AGCT--G--TGCAC-CGGG--GA-AC-AAAA---CAG-----T--AT    276
CPZGAB      T-G--T--CATAT-TCAG-----GATG--A--TGAGG-CAAA--GG-CT-GGTC---CGC-----C--CA    273
```

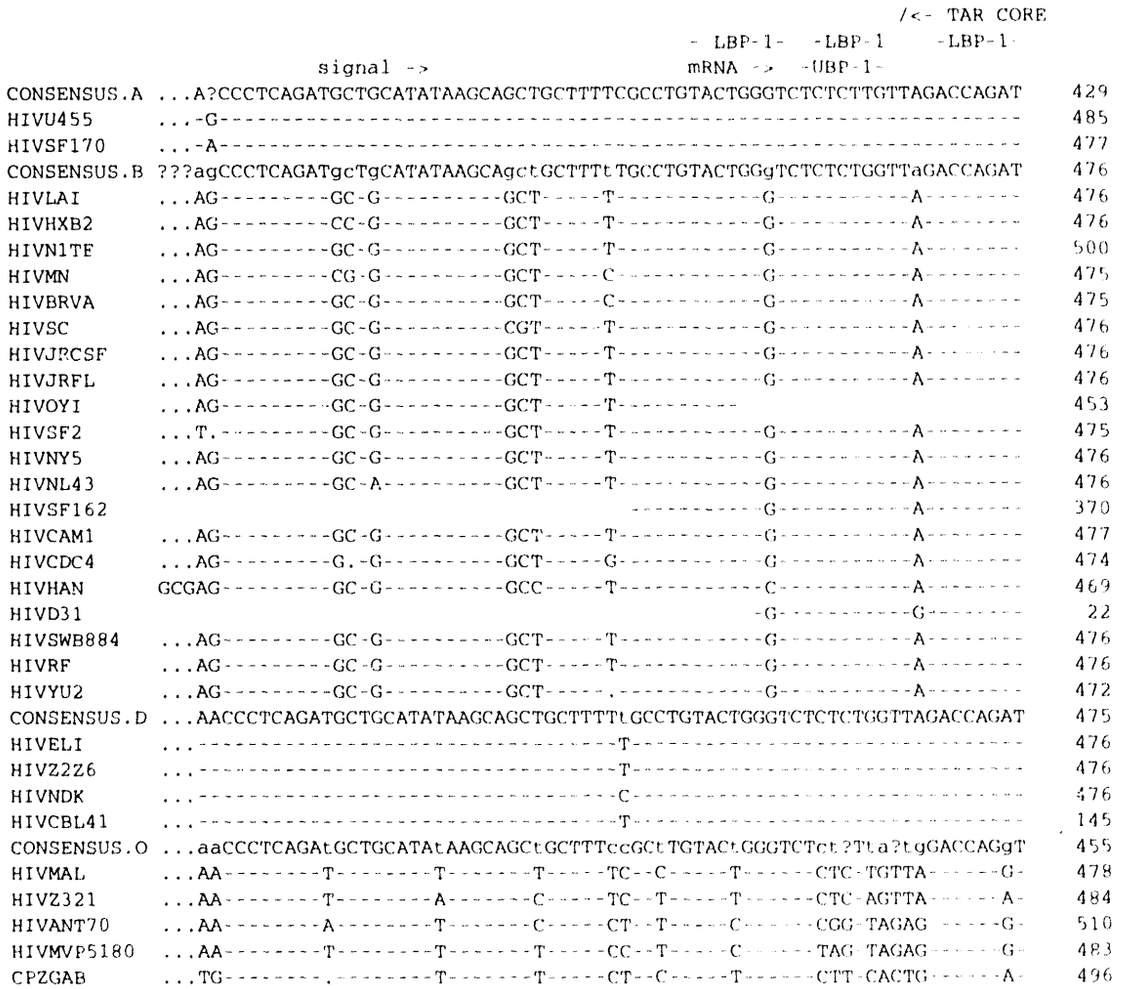
```
                    /<- IL2/NRE ->/
                  <-     NRF      ->
CONSENSUS.A ?CCTGG.CATTAAAACACAGAGC??A?GAG?TGCATCCGGAGTTCTA?AAA....GACTG.....  286
HIVU455     C-----.----------------TT-T---C----------------T---.....-----.....  328
HIVSF170    G-----.----------------CC-A---A----------------C---.....-----.....  328
CONSENSUS.B gcCTaG.cATTtcatCAcatgGCcCGAGAgctgcATCCGGAGTacTaCAAa??..gACTg??????????  328
HIVLAI      GC--A-.C---TCAT--CGTG--C-----GCTGC---------AC-T---G....A---G.....  328
HIVHXB2     GC--A-.C---TCAT--CATG--C-----GCTGC---------AC-T---G....A---G.....  328
HIVN1TE     GC--A-.C---TCAT--CGTG--C-----GCTGC---------AC-T---G....A---TGCATCCGGAG  338
HIVMN       AC--A-.C---TCAG--TTAT--C-----GCTGC---------AC-A---G....A---G.....  327
HIVBRVA     GC--A-.C---TCAT--CATG--C-----GCTGC---------AC-A---G....A---G.....  328
HIVSC       GC--A-.C---TCAT--CATG--C-----TCTGC---------AC-A---A....G---GT.....  329
HIVJH3                                                                          0
HIVBAL1     GC--A-.C---CCAT--CGTG--C-----A                                      302
HIVJ233     GC--G-.C---AAAA--CAAA--T-----GCTGC---------TC-A---A....G---G.....  182
HIVKEBO     GC--A-.C---TCAT--CAAG--C-----GCTGC---------AC-A---G....A---GC.....T  184
HIVJRCSF    AG--A-.C---GCAT--CGTG--C-----GCTGC---------AC-A---G....G---G.....  328
HIVJRFL     AG--A-.C---TCAT--CGTG--C-----GCTGC---------AC-A---G....G---G.....  328
HIVOYI      GC--A-.C---TCGT--CATG--C-----GGTGC---------AC-A---A....G---G.....  328
HIVSF2      AA--A-.C---TCAT--CATG--C-----GCTGC---------AC-A---A....G---G.....  328
HIVNY5      TC--A-.C---TCGT--CATG--C-----GCTGC---------AC-A---A....G---G.....  328
HIVNL43     TC--A-.C---TCGT--CATG--C-----GCTGC---------AC-A---A....G---G.....  328
HIVSF162    GC--C-.G---TCAT--CATG--C-----GCTCG---------AC-A---AAA..G---G.....  330
HIVCAM1     GC--A-.C---TCAT--CATG--C-----GAAGC---------TC-A---A....G---G.....  328
HIVCDC4     TC--A-.C---TCGT--CATG--C-----GCTGC---------AC-A---A....G---G.....  328
HIVSF33     AC--A-.C---TCGT--CATG--C-----GCTGC---------AC-A---A....G---GC      329
HIVHAN      AT--A-.C---TCAT--CAAG--C-----GCTGC---------AC-A---A....G---G.....  310
HIVD31                                                                          0
HIVSWB884   GC--A-.C---TCAC--CAAG--C-----GCTGC---------AT-A---A....G---G.....  328
HIVRF       GC--C-.C---TCAT--CGTC--C-----GAAGC---------AC-A---A....G---G.....  328
HIVYU2      GC--A-.C---TCAT--CGTG--C-----GCTGC---------AC-A---G....A---.....  324
CONSENSUS.D GACTAG.CAtTTGAgCACAAGGCCCGAGAGcTGCATCCGGAGTTCTACAAA....gACTG.....  328
HIVELI      ------.--T----G---------------A--------------------....A----.....  328
HIVZ2Z6     ------.--T----A---------------C--------------------....G----.....  328
HIVNDK      ------.--C----G---------------C--------------------....G----.....  328
HIVCBL41                                                                        0
CONSENSUS.O c?cTaG?ca?tAa?aCAtataGCcagagaaaa?CAtCCgGAGttCTaCaaa????gACTg.....  312
HIVMAL      GCC-A-.CACT-AGA--CAGA--CAGAGAACAA--T--G---TA--A-AAA....G---G.....  328
HIVZ321     CCC-A-.CACG-AAA--CCTA--CCGAGAGATG--T--G---TT--A-AAA....G---A.....  328
HIVANT70    CTC-A-GCAAC-C.C--TGTT--TATGATAACT--C--A---CT--T-CAG.AAGG---A.....  334
HIVMVP5180  CAT-A-.GCTT-ACA--TATA--CCTGCAAAAG--C--A---CT--T-CCCAAGTA---G.....  335
CPZGAB      GGC-G-.CCTT-AGA--TATT--CAGAGAACAA--T--G---TA--A-AAA....G---G.....  328
```

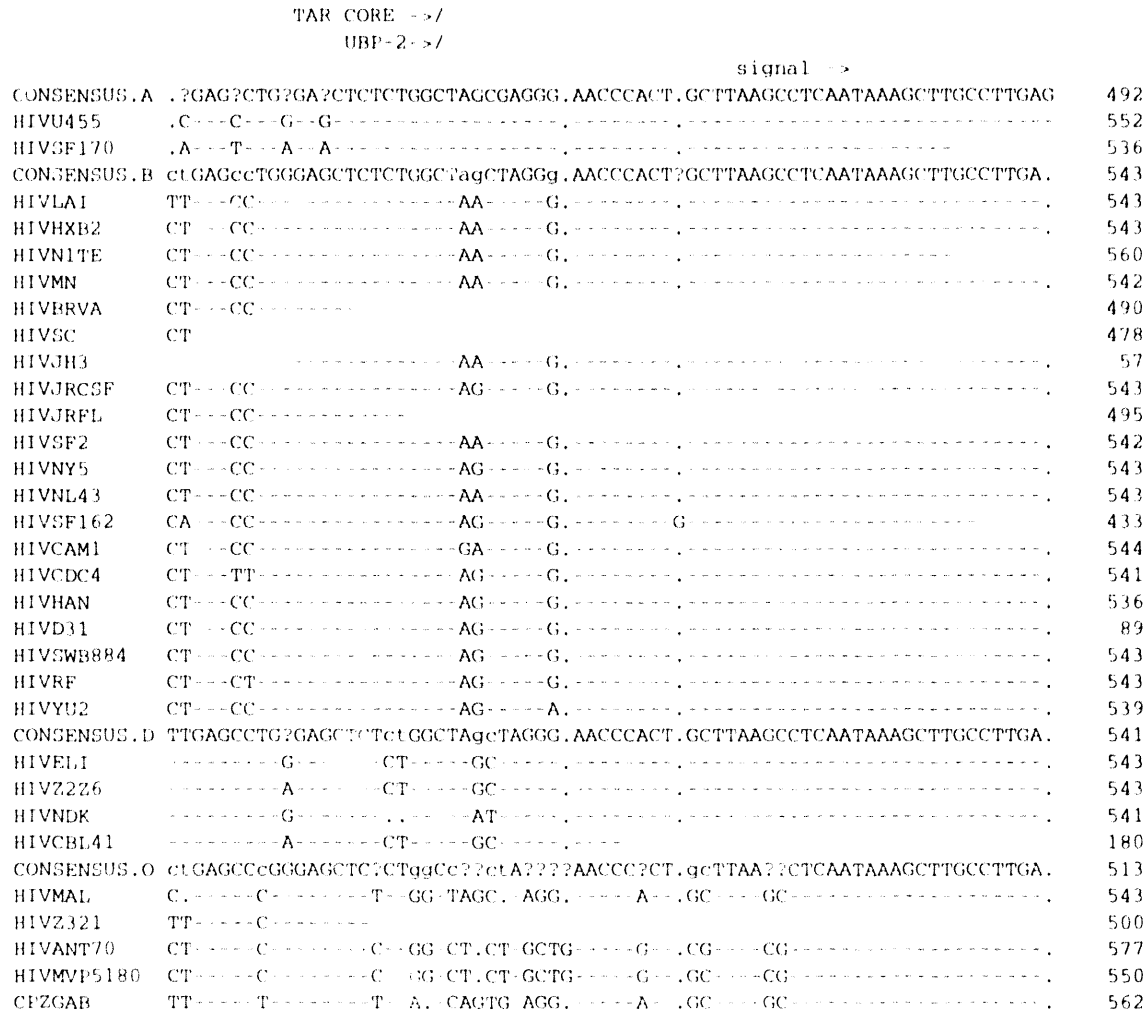
HIV-1 LTR


/<- NF kB ->/
CONSENSUS.A ......????????CTGACACA?AAGTTGCTGACA.....G?GACTTTCC..... 315
HIVU455 ......AAAGACTG--------G----------.....-G-------..... 367
HIVSF170 ..............--------A----------.....-A-------..... 359
CONSENSUS.B ????????????????cTGACatcgAgcTttCT?aCaa.....GGGACTTTCC..... 359
HIVLAI .....C----ATCG-GC-TG--.A-AA.....---------..... 359
HIVHXB2 .....C----ATCG-GC-TG--.A-AA.....---------..... 359
HIVN1TE TACTTCAAGAACTGC----ATCG-GC-TG--.A-AA.....---------..... 383
HIVMN .....C----ATCG-GC-AT--.A-AA.....---------..... 358
HIVBRVA .....C----ATCG-GC-AT--.G-AA.....---------..... 359
HIVSC .....C----ATCG-TG-GT--.A-AA.....---------..... 360
HIVJ233 .....C----ACAG-AG-TG--GA-AG.....- 205
HIVKEBO GACTACCAGAACTGC----ATCG-GC-T.--.A-AA.....-- 220
HIVJRCSF .....C----ACCG-GC-TT--.A-AA.....---------..... 359
HIVJRFL .....C----ATCG-GC-TT--.A-AA.....---------..... 359
HIVOYI .....C----ATCG-GC-TT--.A-AG.....---------..... 359
HIVSF2 .....C----ATCG-GC-TT--.A-AA.....---------..... 359
HIVNY5 .....C----ATCG-GC-TT--.A-AA.....---------..... 359
HIVNL43 .....C----ATCG-GC-TT--.A-AA.....---------..... 359
HIVSF162 .....C----ATC 338
HIVCAM1 .....C----ATCG-GC-TT--.A-AA.....---------..... 359
HIVCDC4 .....C----ACCT-TC-TT--.A-AA.....---------..... 359
HIVHAN .....C----ACCG-GT-TT--.A-AA.....---------..... 341
HIVD31 0
HIVSWB884 .....C----ATCG-GT-TT--.A-GA.....---------..... 359
HIVRF .....C----ATCG-GT-TT--.A-AA.....---------..... 359
HIVYU2 .....GA----CTCG-GC-TT--.A-AA.....---------..... 356
CONSENSUS.D .....cTGACAcCgAGtTTtCT.ACAA.....GGGACTTTCC..... 359
HIVELI .....A-----C-G--C--T--.----.....---------..... 359
HIVZ2Z6 .....C-----C-A--T--T--.----.....---------..... 359
HIVNDK .....C-----T-G--T--C--.----.....---------..... 359
HIVCBL41 ----C-G--T--T--.----.....---------..... 29
CONSENSUS.O .???????a?????ctgac?ca?a??ttgctgaca?????????????ctg?GGgACTTTCCa?????? 344
HIVMAL .....CTGACACAGAAGTTGCTGACAG.....--G-------..... 360
HIVZ321 .....AAGACTGCTGACACAGAAGTTGCTGACA.....--G-------..... 366
HIVANT70 .....AAAACTGCTGACCTGAAGATTGCTGACA.....CTGT--A-------AGCAAAGA 384
HIVMVP5180 .....ACACTGC--G-------A.....GA 355
CPZGAB .ACTTTAGA.....CTGGCGCA.....TGCGCACAAGAACTGCTGACTCTGC--G-------A..... 380

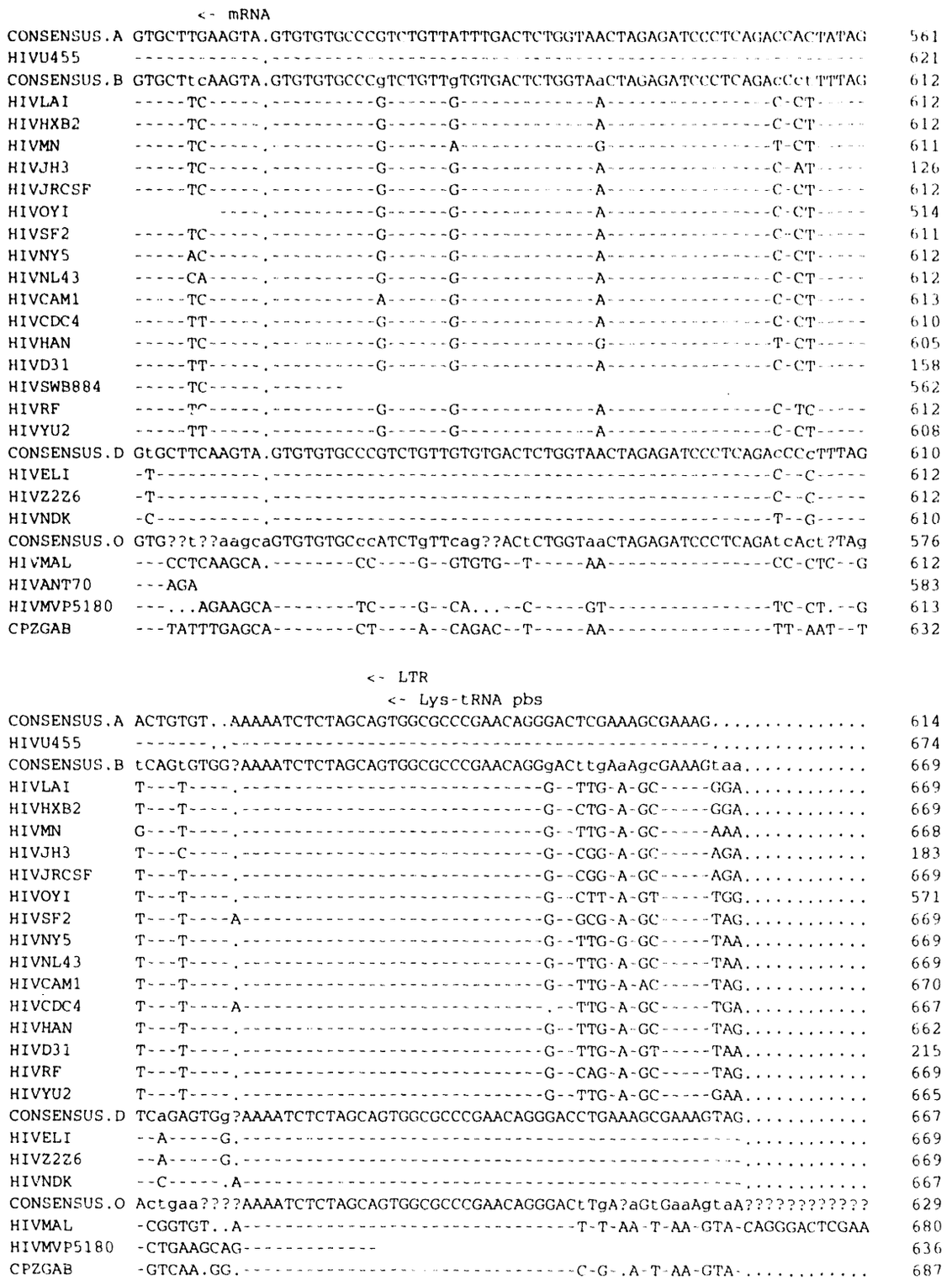
```
                          /<- NF-kB ->/      Sp-1       Sp-1      Sp-1
CONSENSUS.A ..?CT........GGGGACTTTCC??.GGGAGGTGTGGTTTGGGCGGAGTTGGGGAGTGGCT........   363
HIVU455     ..A--........-----------GA.-----------------------------------........   418
HIVSF170    ..G--........-----------AG.-----------------------------------........   410
CONSENSUS.B ..gcT........GGGGacTTTCcAG.GG?AggcgtGgCcTGGGCGGGACtGGGGAGTGGCg????????   409
HIVLAI      ..GC-........----AC----C--.--.-GGCGT-G-C----------T----------G........   409
HIVHXB2     ..GC-........----AC----C--.--.-GGCGT-G-C----------T----------G........   409
HIVN1TE     ..GT-........----AC----C--.--.-GGCGT-G-C----------T----------G........   433
HIVMN       ..GC-........----AC----C--.--.-GGTGT-G-C----------C----------G........   408
HIVBRVA     ..GC-........----AC----C--.--.-GGC.T-G-C----------T----------G........   408
HIVSC       ..GC-........----CA----C--.--.-GGCGC-G-.----------T----------G........   409
HIVJRCSF    ..GC-........----AC----C--.--.-GGCGT-G-C----------T----------G........   409
HIVJRFL     ..AC-........----AC----C--.--.-GGCGT-G-C----------T----------G........   409
HIVOYI      ..GC-........----AC----C--.--.-GGCGT-G-C----------C----------G........   409
HIVSF2      ..GC-........----AC----C--.--.-GGCGT-G-C----------T----------G........   409
HIVNY5      ..GC-........----AC----C--.--.-GGTGT-G-C----------T----------G........   409
HIVNL43     ..GC-........----AC----C--.--.-GGTGT-G-C----------T----------G........   409
HIVCAM1     ..GC-........----AC----C--.--G-GGTGT-G-C----------T----------G........   410
HIVCDC4     ..GC-........----AC----A--.--.-G.CAT-G-C----------T----------G........   408
HIVHAN      ..GC-........----AC----C--.--.-GGCGT-A-C----------T----------TGGGGAGTG   399
HIVSWB884   ..GC-........----AC----C--.--.-AGCGT-G-C----------T----------G........   409
HIVRF       ..GC-........----AC----C--.--.-GGTGT-G-C----------T----------G........   409
HIVYU2      ..GC-........----AC----C--.--.-AGCGT-G-C----------T----------G........   406
CONSENSUS.D ..GCT........GGGGACTTTCCaG.GG.AGGcGTgg?ctGGGCGGGACTgGGgAGTGGCT........   408
HIVELI      ..---........-----------A-.--.---C--GGACT----------G--G-------........   409
HIVZ2Z6     ..---........-----------G-.--.---C--GGACT----------G--G-------........   409
HIVNDK      ..---........-----------A-.--.---C--GGCCT----------T--G-------........   409
HIVCBL41    ..---........-----------A-.--.---A--AACGG----------G--.-------........    78
CONSENSUS.O ??gct????????gGGGACTTTCCaG?gggaGG?g?gac??gGGcgGG?tcGGGGaGTGGcT?.......   390
HIVMAL      ..GCT........G----------A-.GGGA--CGTAACTTG--CG--ACC----A----C-........   411
HIVZ321     ..GCT........G----------A-.GGGA--TGTGGCCTG--CG--GTT----A----T-........   417
HIVANT70    CTGCTGACACTGCG----------A-TGGGA--...GACAGG--GC--TTC----A----C-........   443
HIVMVP5180  CTGCTGACACTGCG----------A-.CGTG--AGGGATAAG--GC--TTC----A----C-........   416
CPZGAB      .............A----------G-GGAGA--TGGTCGGGA--CG--GTT----T----C-T.......   430
```

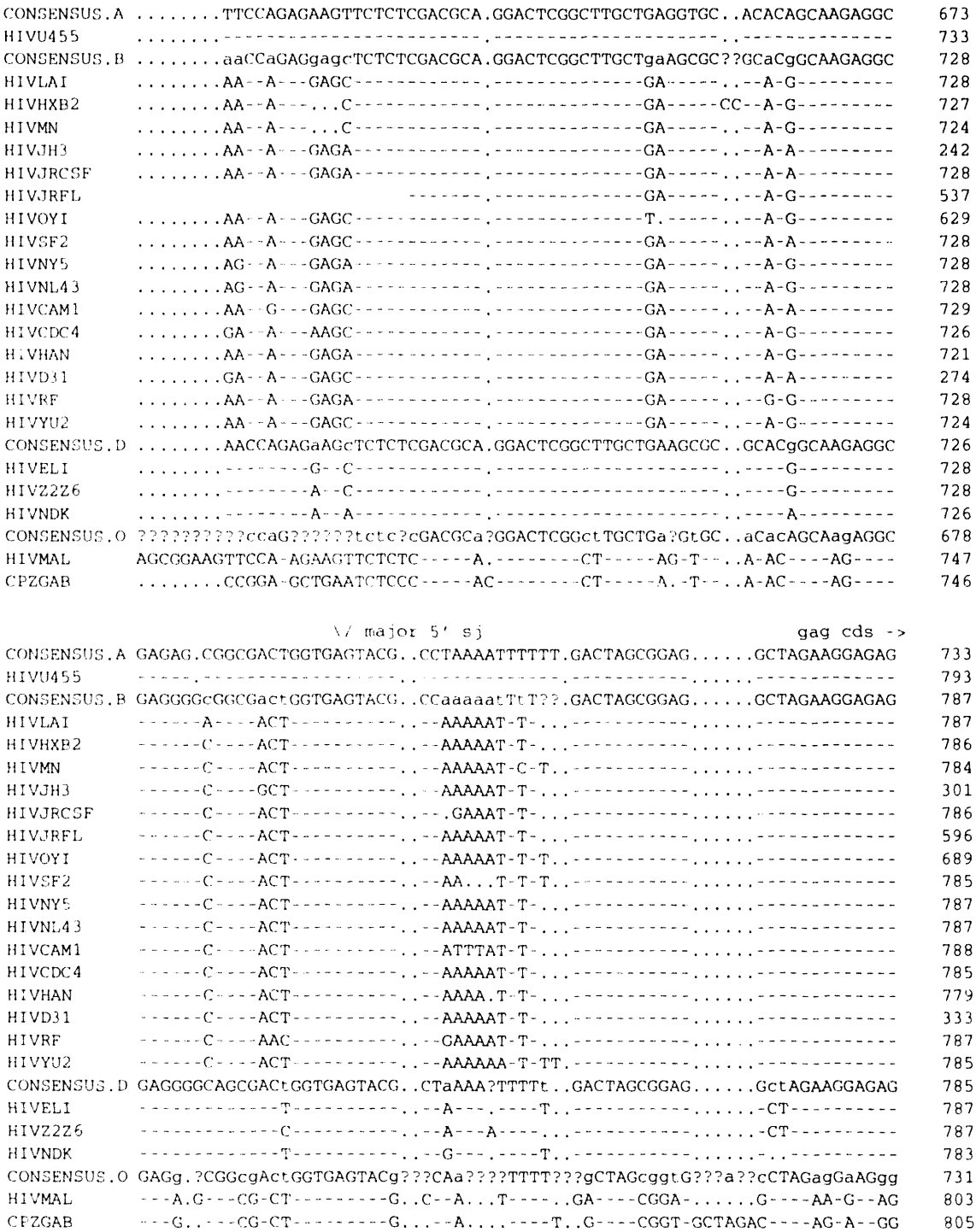
HIV-1 LTR


/<- TAR CORE
- LBP-1- -LBP-1 -LBP-1-
signal -> mRNA -> -UBP-1-
CONSENSUS.A ...A?CCCTCAGATGCTGCATATAAGCAGCTGCTTTTCGCCTGTACTGGGTCTCTCTTGTTAGACCAGAT 429
HIVU455 ...-G---------- 485
HIVSF170 ...-A---------- 477
CONSENSUS.B ???agCCCTCAGATgcTgCATATAAGCAgctGCTTTtTGCCTGTACTGGgTCTCTCTGGTTaGACCAGAT 476
HIVLAI ...AG---------GC-G----------GCT-----T----------G----------A-------- 476
HIVHXB2 ...AG---------CC-G----------GCT-----T----------G----------A-------- 476
HIVN1TF ...AG---------GC-G----------GCT-----T----------G----------A-------- 500
HIVMN ...AG---------CG-G----------GCT-----C----------G----------A-------- 475
HIVBRVA ...AG---------GC-G----------GCT-----C----------G----------A-------- 475
HIVSC ...AG---------GC-G----------CGT-----T----------G----------A-------- 476
HIVJRCSF ...AG---------GC-G----------GCT-----T----------G----------A-------- 476
HIVJRFL ...AG---------GC-G----------GCT-----T----------G----------A-------- 476
HIVOYI ...AG---------GC-G----------GCT-----T---------- 453
HIVSF2 ...T.---------GC-G----------GCT-----T----------G----------A-------- 475
HIVNY5 ...AG---------GC-G----------GCT-----T----------G----------A-------- 476
HIVNL43 ...AG---------GC-A----------GCT-----T----------G----------A-------- 476
HIVSF162 ----------G----------A-------- 370
HIVCAM1 ...AG---------GC-G----------GCT-----T----------G----------A-------- 477
HIVCDC4 ...AG---------G.-G----------GCT-----G----------G----------A-------- 474
HIVHAN GCGAG---------GC-G----------GCC-----T----------C----------A-------- 469
HIVD31 -G----------G-------- 22
HIVSWB884 ...AG---------GC-G----------GCT-----T----------G----------A-------- 476
HIVRF ...AG---------GC-G----------GCT-----T----------G----------A-------- 476
HIVYU2 ...AG---------GC-G----------GCT-----,----------G----------A-------- 472
CONSENSUS.D ...AACCCTCAGATGCTGCATATAAGCAGCTGCTTTTtGCCTGTACTGGGTCTCTCTGGTTAGACCAGAT 475
HIVELI ...----------T---------- 476
HIVZ2Z6 ...----------T---------- 476
HIVNDK ...----------C---------- 476
HIVCBL41 ...----------T---------- 145
CONSENSUS.O ...aaCCCTCAGAtGCTGCATAtAAGCAGCtGCTTTccGCtTGTACtGGGTCTct?TtA?tgGACCAGgT 455
HIVMAL ...AA--------T--------T-------T-----TC--C-----T------CTC-TGTTA------G- 478
HIVZ321 ...AA--------T--------A-------C-----TC--T-----T------CTC-AGTTA------A- 484
HIVANT70 ...AA--------A--------T-------C-----CT--T-----C-------CGG-TAGAG-----G- 510
HIVMVP5180 ...AA--------T--------T-------T-----CC--T-----C-------TAG-TAGAG------G- 483
CPZGAB ...TG--------,--------T-------T-----CT--C-----T------CTT-CACTG------A- 496


TAR CORE ->/
UBP-2->/
signal ->
CONSENSUS.A .?GAG?CTG?GA?CTCTCTGGCTAGCGAGGG.AACCCACT.GCTTAAGCCTCAATAAAGCTTGCCTTGAG 492
HIVU455 .C---C---G--G---------.--------.---------- 552
HIVSF170 .A---T---A--A---------.--------.---------- 536
CONSENSUS.B ctGAGccTGGGAGCTCTCTGGCTagCTAGGg.AACCCACT?GCTTAAGCCTCAATAAAGCTTGCCTTGA. 543
HIVLAI TT---CC---------AA----G.--------.----------. 543
HIVHXB2 CT---CC---------AA----G.--------.----------. 543
HIVN1TE CT---CC---------AA----G.--------.---------- 560
HIVMN CT---CC---------AA----G.--------.----------. 542
HIVBRVA CT---CC-------- 490
HIVSC CT 478
HIVJH3 ----------AA----G.--------.----------. 57
HIVJRCSF CT---CC---------AG----G.--------.----------. 543
HIVJRFL CT---CC---------- 495
HIVSF2 CT---CC---------AA----G.--------.----------. 542
HIVNY5 CT---CC---------AG----G.--------.----------. 543
HIVNL43 CT---CC---------AA----G.--------.----------. 543
HIVSF162 CA---CC---------AG----G.--------G---------- 433
HIVCAM1 CT---CC---------GA----G.--------.----------. 544
HIVCDC4 CT---TT---------AG----G.--------.----------. 541
HIVHAN CT---CC---------AG----G.--------.----------. 536
HIVD31 CT---CC---------AG----G.--------.----------. 89
HIVSWB884 CT---CC---------AG----G.--------.----------. 543
HIVRF CT---CT---------AG----G.--------.----------. 543
HIVYU2 CT---CC---------AG----A.--------.----------. 539
CONSENSUS.D TTGAGCCTG?GAGCTCTctGGCTAgcTAGGG.AACCCACT.GCTTAAGCCTCAATAAAGCTTGCCTTGA. 541
HIVELI ---------G-----CT----GC----.--------.----------. 543
HIVZ2Z6 ---------A-----CT----GC----.--------.----------. 543
HIVNDK ---------G-------..---AT----.--------.----------. 541
HIVCBL41 ---------A-------CT----GC----.---- 180
CONSENSUS.O ctGAGCCcGGGAGCTC?CTggCc??ctA????AACCC?CT.gcTTAA??CTCAATAAAGCTTGCCTTGA. 513
HIVMAL C.----C---------T--GG-TAGC.-AGG.-----A---.GC----GC----------. 543
HIVZ321 TT----C-------- 500
HIVANT70 CT----C---------C--GG CT.CT GCTG-----G---.CG----CG----------. 577
HIVMVP5180 CT----C---------C--GG CT.CT GCTG-----G---.GC----CG----------. 550
CPZGAB TT----T---------T--A.-CAGTG AGG.-----A---.GC----GC----------. 562

HIV-1 LTR


<- mRNA
CONSENSUS.A GTGCTTGAAGTA.GTGTGTGCCCGTCTGTTATTTGACTCTGGTAACTAGAGATCCCTCAGACCACTATAG 561
HIVU455 621
CONSENSUS.B GTGCTtcAAGTA.GTGTGTGCCCgTCTGTTgTGTGACTCTGGTAaCTAGAGATCCCTCAGAcCct TTTAG 612
HIVLAI 612
HIVHXB2 612
HIVMN 611
HIVJH3 126
HIVJRCSF 612
HIVOYI 514
HIVSF2 611
HIVNY5 612
HIVNL43 612
HIVCAM1 613
HIVCDC4 610
HIVHAN 605
HIVD31 158
HIVSWB884 562
HIVRF 612
HIVYU2 608
CONSENSUS.D GtGCTTCAAGTA.GTGTGTGCCCGTCTGTTGTGTGACTCTGGTAACTAGAGATCCCTCAGAcCCcTTTAG 610
HIVELI 612
HIVZ2Z6 612
HIVNDK 610
CONSENSUS.O GTG??t??aagcaGTGTGTGCccATCTgTTcag??ACtCTGGTaaCTAGAGATCCCTCAGAtcAct?TAg 576
HIVMAL 612
HIVANT70 583
HIVMVP5180 613
CPZGAB 632
<- LTR
<- Lys-tRNA pbs
CONSENSUS.A ACTGTGT..AAAAATCTCTAGCAGTGGCGCCCGAACAGGGACTCGAAAGCGAAAG..... 614
HIVU455 674
CONSENSUS.B tCAGtGTGG?AAAATCTCTAGCAGTGGCGCCCGAACAGGgACttgAaAgcGAAAGtaa..... 669
HIVLAI 669
HIVHXB2 669
HIVMN 668
HIVJH3 183
HIVJRCSF 669
HIVOYI 571
HIVSF2 669
HIVNY5 669
HIVNL43 669
HIVCAM1 670
HIVCDC4 667
HIVHAN 662
HIVD31 215
HIVRF 669
HIVYU2 665
CONSENSUS.D TCaGAGTGg?AAAATCTCTAGCAGTGGCGCCCGAACAGGGACCTGAAAGCGAAAGTAG..... 667
HIVELI 669
HIVZ2Z6 669
HIVNDK 667
CONSENSUS.O Actgaa????AAAATCTCTAGCAGTGGCGCCCGAACAGGGACttgA?aGtGaaAgtaA?????????? 629
HIVMAL 680
HIVMVP5180 636
CPZGAB 687


\/ major 5' sj
gag cds ->
CONSENSUS.A
HIVU455
CONSENSUS.B
HIVLAI
HIVHXB2
HIVMN
HIVJH3
HIVJRCSF
HIVJRFL
HIVOYI
HIVSF2
HIVNY5
HIVNL43
HIVCAM1
HIVCDC4
HIVHAN
HIVD31
HIVRF
HIVYU2
CONSENSUS.D
HIVELI
HIVZ2Z6
HIVNDK
CONSENSUS.O
HIVMAL
CPZGAB

HIV-1 LTR

```
CONSENSUS.A AAA                                736
HIVU455     ---                                796
CONSENSUS.B AGA?                               790
HIVLAI      --                                 789
HIVHXB2     --                                 788
HIVMN       --                                 786
HIVJH3      --                                 303
HIVJRCSF    --                                 788
HIVJRFL     --                                 598
HIVOYI      ---                                692
HIVSF2      ---G                               789
HIVNY5      --                                 789
HIVNL43     --                                 789
HIVCAM1     --                                 790
HIVCDC4     --                                 787
HIVHAN      ---                                782
HIVD31      ---T                               337
HIVRF       --                                 789
HIVYU2      --                                 787
CONSENSUS.D AGA                                788
HIVELI      --                                 789
HIVZ2Z6     --                                 789
HIVNDK      ---                                786
CONSENSUS.O cGAAGTCTCTAGG???AG?AAG             749
HIVMAL      A-     805
CPZGAB      C------------GGG--.---             826
```

HIV-1 GAG

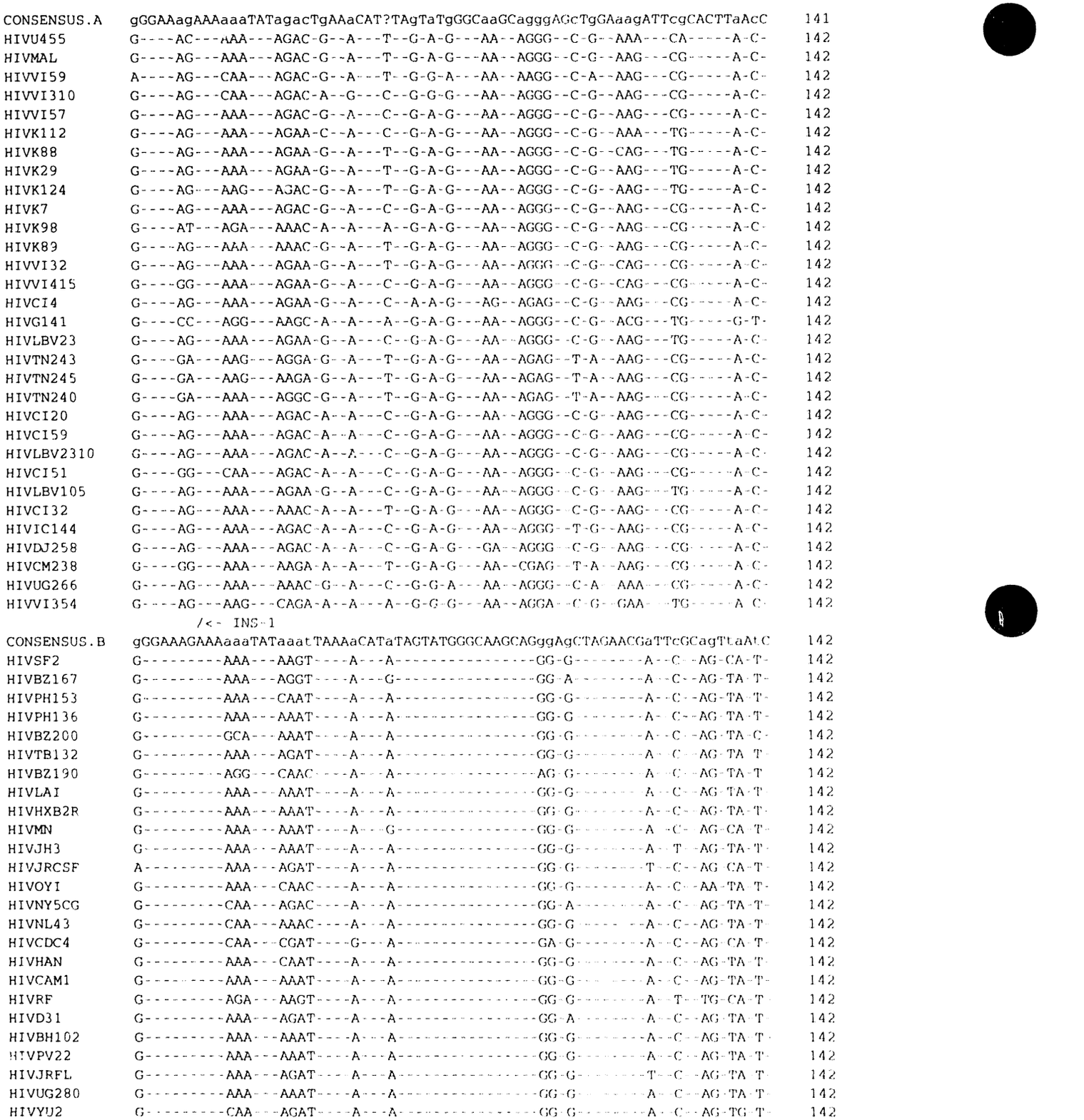
In addition to the sequence subtypes A,B,C and D defined for both gag and env in the 1992 database compendium, three new gag sequence subtypes (E,F,G) have been proposed by researchers at the Henry M. Jackson Foundation and Walter Reed (Louwagie et al., AIDS 7:769, 1993). Below, the letter designation of their subtype (E) is parenthesized to indicate that this subtype over the gag region has no implied relation to the E subtype previously defined in 1992 for the envelope coding sequence. Moreover, gag subtype (F) sequences may have no relation to the newly discovered env subtype F sequences. There are currently only two sequences in each of the H.M.J./WRAIR proposed subtypes (F) and (G); these sequences and their proposed designations are shown with outlying sequences under Consensus.O. The unpublished sequence CPZ-ant is reflected in Consensus.O (Vanden Haesevelde and Saman, Innogenetics, Belgium). The highly unusual ANT70 and MVP5180 sequences from Cameroon were kindly provided prior to publication by Drs. Eric Saman and Marleen vanden Haesevelde, of Innogenetics, Belgium, and by Dr. Lutz Gurtler and colleagues at the Max v. Pettenkofer Institute, Munich.

HIV-1 GAG

```
CONSENSUS.A   ATgGGTGCGAGAgcGTCagTatTaAgtGggggaaaATTaGATgcaTgGgAgAaaATTcgGtTAaGGCCaGg   71
HIVU455       --G---------GC---AG-AT-A-GC-GGAAAAA---A---TCA-G-G-G-AA---CG-T--A----A-G   71
HIVMAL        --G---------GC---AG-AT-A-GC-GGGGAAA---A---GCA-G-G-G-AA---CG-T--A----A-G   71
HIVVI59       --A---------GC---AG-AT-A-GC-AGGGAAA---A---GCA-A-G-G-AA---CG-T--A----A-G   71
HIVVI310      --G---------GC---AG-AT-A-GC-GGGGAAA---A---AAG-G-G-G-AA---CG-T--A----A-G   71
HIVVI57       --G---------GC---AG-AT-A-GC-GAGGAAA---A---GCA-G-G-G-AA---CG-T--A----A-G   71
HIVK112       --G---------GC---AG-AT-A-GT-GGGGAAA---A---GCA-G-G-G-AA---CG-T--A----A-G   71
HIVK88        --G---------GC---AG-AT-A-GT-GGGGAAA---A---GCA-G-G-G-AG---CG-T--A----A-G   71
HIVK29        --G---------GC---AG-AT-A-GT-GGGGAAA---A---GCA-G-G-G-AA---CG-T--A----A-G   71
HIVK124       --G---------GC---AG-AT-A-GC-GGGGAAA---A---GCA-G-G-G-AA---CG-T--A----A-G   71
HIVK7         --A---------GC---AG-AT-A-GC-GGGGACA---A---AGA-A-G-G-AA---CG-T--A----A-G   71
HIVK98        --G---------AC---AG-AT-A-GT-GGGGAAA---A---GCA-G-G-G-AA---CG-T--A----A-G   71
HIVK89        --G---------GC---AG-AT-A-GC-GGGGAAA---A---ACG-G-G-G-AA---CG-T--A----A-G   71
HIVVI32       --G---------GC---AG-AT-A-GT-GGGGAAA---A---GCA-G-G-G-AA---AG-T--A----A-G   71
HIVVI415      --G---------GC---AG-AT-A-GT-GGGGAAA---A---GCA-G-G-G-AA---CG-T--A----A-G   71
HIVCI4        --G---------GC---AG-AT-A-GT-GGGGAAA---A---GCG-G-G-G-AA---CG-C--A----A-G   71
HIVG141       --G---------GC---AG-AT-A-GC-GGGGAAA---G---GAT-G-G-A-AA---CA-T--C----A-G   71
HIVLBV23      --G---------GC---AG-AT-A-GC-GGGGAAA---A---GCA-G-G-A-GA---AG-T--A----A-G   71
HIVTN243      --G---------GC---AG-AT-A-GT-GGGGAAA---A---GCA-G-G-A-AA---CG-T--C----A-G   71
HIVTN245      --G---------GC---AG-AT-A-GT-GGGGAAA---A---GCA-G-G-A-AA---CG-T--C----A-G   71
HIVTN240      --G---------GC---AG-AT-A-GT-GGGGAAA---A---GCA-G-G-A-AA---CG-T--C----A-G   71
HIVCI20       --G---------GC---AG-AT-G-GT-GGGGAAA---A---GCA-G-G-G-AA---CG-T--A----A-G   71
HIVCI59       --G---------GC---GG-AT-A-GT-GGGGAAA---A---GCA-G-G-G-AA---CG-T--A----A-G   71
HIVLBV2310    --G---------GC---AG-AT-A-GT-GGGGAAA---A---TCA-G-G-G-AA---CG-T--A----A-G   71
HIVCI51       --G---------GC---AA-AT-A-GT-GGGGAAA---A---TCA-G-G-G-AA---CG-T--A----A-G   71
HIVLBV105     --G---------GC---AG-GT-A-GC-GGGGAAA---A---ACA-G-G-G-AA---CG-C--A----A-G   71
HIVCI32       --G---------GC---GG-AT-A-GT-GGGGACG---A---GCA-G-G-G-AA---CG-T--A----A-G   71
HIVIC144      --G---------GC---AG-AT-A-GC-GAGGAAA---G---GCA-G-G-G-AA---CG-T--A----A-G   71
HIVDJ258      --G---------GC---AG-AT-A-GT-GGGGAAA---A---TCA-G-G-G-AG---CG-T--A----A-G   71
HIVCM238      --G---------GC---AG-AT-A-CT-GGGGAAA---A---GCA-G-G-A-AA---CG-T--C----A-G   71
HIVUG266      --G---------GT---AG-AT-A-GC-AGGGGAA---A---GCA-A-G-G-AA---CG-T--A----A-A   71
HIVVI354      --G---------GC---AA-AC-A-GC-GGGGAAA---A---GCA-G-A-A-GA---CG-T--A----G-G   71
CONSENSUS.B   ATGGGTGCGAGAGCGTCaGTAtTAAGcGggGGagAATTaGAtagaTGGgAaAaaATTCGGtTAaGGCCAgG   71
HIVSF2        ----------------G---T----C-GG--AG----A--TAAA---G-A-AA------T--A-----G-   71
HIVBZ167      ----------------G---T----C-GG--AG----A--TAGG---G-A-AA------T--A-----G-   71
HIVPH153      ----------------A---T----C-GG--GA----A--TAGA---G-A-AA------C--A-----G-   71
HIVPH136      ----------------A---T----C-GG--AG----A--CAGA---G-A-GA------T--A-----G-   71
HIVBZ200      ----------------A---C----C-GG--AG----A--TAAA---G-A-AA------T--A-----G-   71
HIVTB132      ----------------A---T----C-GG--AC----A--TAGA---A-G-AA------T--C-----G-   71
HIVBZ190      ----------------A---T----C-GG--AA----A--TAAA---G-A-AA------T--A-----G-   71
HIVLAI        ----------------A---T----C-GG--AG----A--TCGA---G-A-AA------T--A-----G-   71
HIVHXB2R      ----------------A---T----C-GG--AG----A--TCGA---G-A-AA------T--A-----G-   71
HIVMN         ----------------G---T----C-GG--AG----A--TCGA---G-A-AC------T--A-----G-   71
HIVJH3        ----------------A---T----C-GG--AG----A--TCGA---G-G-AA------T--A-----G-   71
HIVJRCSF      ----------------A---T----C-GG--AG----G--TAGG---G-A-AA------T--A-----G-   71
HIVOYI        ----------------A---T----C-GG--AG----A--TAAA---G-A-AA------T--A-----G-   71
HIVNY5CG      ----------------G---T----C-GG--AG----A--TAAA---G-A-AA------T--A-----G-   71
HIVNL43       ----------------G---T----C-GG--AG----A--TAAA---G-A-AA------T--A-----G-   71
HIVCDC4       ----------------A---T----C-GG--AG----A--TAGA---G-A-AA------T--A-----G-   71
HIVHAN        ----------------A---T----C-GG--AG----A--CAAA---G-A-AA------T--A-----G-   71
HIVCAM1       ----------------A---T----C-GG--AG----A--TAAA---G-A-AA------T--A-----G-   71
HIVRF         ----------------A---T----C-GC--AA----A--CAAA---G-A-AA------T--A-----A-   71
HIVD31        ----------------A---T----C-GG--AG----A--TAGA---G-A-AA------T--A-----G-   71
HIVBH102      ----------------A---T----C-GG--AG----A--TCGA---G-A-AA------T--A-----G-   71
HIVPV22       ----------------A---T----C-GG--AG----A--TCGA---G-A-AA------T--A-----G-   71
HIVJRFL       ----------------A---T----C-GG--AA----G--TAAA---G-A-AA------T--A-----G-   71
HIVUG280      ----------------A---T----C-GG--AG----A--TAGA---G-A-AA------T--C-----G-   71
HIVYU2        ----------------A---T----T-CG--GG----A--TAAG---G-A-AA------T--A-----G-   71
```

```
CONSENSUS.C     ATGGGTGCGAGAGCGTCAaTATTAAgAGGcGgAAAATTAGATacaTGGGAaAaAATTAgGtTAAgGCCAGG   71
HIVUG268        ------------------G------G---C-G----------ACC-----A-A-----A-T---G------   71
HIVSM145        ------------------A------G---C-G----------GCA-----A-G-----G-T---G------   71
HIVZAM18        ------------------A------A---G-G----------ACA-----A-A-----G-T---G------   71
HIVZAM19        ------------------A------R---G-G----------GCA-----A-A-----G-T---G------   71
HIVZAM20        ------------------A------G---G-G----------AAA-----G-A-----G-T---G------   71
HIVDJ259        ------------------A------G---C-A----------GCC-----A-A-----A-C---G------   71
HIVVI313        ------------------A------G---C-G----------ACC-----A-G-----A-T---A------   71
CONSENSUS.D     ATGGGTGCGAGAGCGTCaGTATTAAgCGGGGGAaAAtTaGATgaaTGGGAAAaAATTCgGTTACGGCCAGG   71
HIVELI          ------------------A-------G-------A--T-A---AAA-------A-----G------------   71
HIVZ2Z6         ------------------A-------G-------A--T-G---GCA-------A-----G------------   71
HIVNDK          ------------------A-------G-------A--T-A---ACA-------G-----G------------   71
HIVVI205        ------------------A-------G-------A--T-A---CAA-------A-----G------------   71
HIVG109         ------------------A-------G-------C--T-A---GCA-------G-----G------------   71
HIVK31          ------------------A-------G-------A--T-A---GAA-------A-----A------------   71
HIVUG274        ------------------A-------G-------A--T-A---GAA-------A-----G------------   71
HIVUG270        ------------------G-------G-------A--C-A---GAA-------A-----G------------   71
HIVSE365        ------------------A-------G-------C--T-A---CGA-------A-----G------------   71
HIVVI203        ------------------A-------C-------A--T-A---TCG-------A-----G------------   71
CONSENSUS.(E)   ATGGGTGCGAGAGCGTCAGTATTAAGCGGgGGAAAAtTAGATGCATGGGAAAAAATTCggTTAAGgCCgGG   71
HIVVI174        ------------------------------G------T--------------------AG-----G--G--   71
HIVVI69         ------------------------------G------T--------------------GA-----A--G--   71
HIVBZ162        ------------------------------A------C--------------------GG-----G--A--   71
CONSENSUS.O     ATGGGtGCGaGaGCGTCaGTatTaAgcGGgggaAaatTaGATgcaTGGGAaaaaaTtcGGtT?agGCCaGG   70
HIVLBV217(F)    -----T---A-A-----A--AT-A-GC--GGGA-AAT-A---GAA-----AAAAA-TA--C-GAG---A--   71
HIVVI191(F)     -----T---A-A-----A--AT-A-GC--GGGA-AAC-A---GCA-----AAAAA-TC--T-GAG---A--   71
HIVVI525(G)     -----T---A-A-----A--AT-G-GC--GGGA-GAT-A---GCT-----GAAAA-TC--T-AAG---A--   71
HIVVI557(G)     -----T---A-A-----A--AT-A-GC--GGGA-AAT-A---GCA-----GAAAA-TC--T-GAG---A--   71
HIVVI325        -----T---A-A-----A--AT-A-GC--GGGA-AAT-G---ACA-----AAAAA-TC--T-AAG---A--   71
HIVANT70        -----T---A-T-----T--GT-G-CA--AAGC-AAT-G---GCA-----ACAAA-TA--T-AAA---A--   71
HIVMVP5180      -----T---A-A-----T--GT-G-CA--GAGT-AAT-G---GCA-----ACGAA-TA--T-AAG---A--   71
CPZGAB          -----T---A-A-----A--TC-A-CA--GGGA-AAT-A---CGC-----AAAAG-TC--C-TAG---C--   71
```

HIV-1 GAG


CONSENSUS.A gGGAAagAAAaaaTATagacTgAAaCAT?TAgTaTgGGCaaGCagggAGcTgGAaagATTcgCACTTaAcC 141
HIVU455 G----AC---AAA---AGAC-G--A---T--G-A-G---AA--AGGG--C-G--AAA---CA-----A-C- 142
HIVMAL G----AG---AAA---AGAC-G--A---T--G-A-G---AA--AGGG--C-G--AAG---CG-----A-C- 142
HIVVI59 A----AG---CAA---AGAC-G--A---T--G-G-A---AA--AAGG--C-A--AAG---CG-----A-C- 142
HIVVI310 G----AG---CAA---AGAC-A--G---C--G-G-G---AA--AGGG--C-G--AAG---CG-----A-C- 142
HIVVI57 G----AG---AAA---AGAC-G--A---C--G-A-G---AA--AGGG--C-G--AAG---CG-----A-C- 142
HIVK112 G----AG---AAA---AGAA-C--A---C--G-A-G---AA--AGGG--C-G--AAA---TG-----A-C- 142
HIVK88 G----AG---AAA---AGAA-G--A---T--G-A-G---AA--AGGG--C-G--CAG---TG-----A-C- 142
HIVK29 G----AG---AAA---AGAA-G--A---T--G-A-G---AA--AGGG--C-G--AAG---TG-----A-C- 142
HIVK124 G----AG---AAG---AGAC-G--A---T--G-A-G---AA--AGGG--C-G--AAG---TG-----A-C- 142
HIVK7 G----AG---AAA---AGAC-G--A---C--G-A-G---AA--AGGG--C-G--AAG---CG-----A-C- 142
HIVK98 G----AT---AGA---AAAC-A--A---A--G-A-G---AA--AGGG--C-G--AAG---CG-----A-C- 142
HIVK89 G----AG---AAA---AAAC-G--A---T--G-A-G---AA--AGGG--C-G--AAG---CG-----A-C- 142
HIVVI32 G----AG---AAA---AGAA-G--A---T--G-A-G---AA--AGGG--C-G--CAG---CG-----A-C- 142
HIVVI415 G----GG---AAA---AGAA-G--A---C--G-A-G---AA--AGGG--C-G--CAG---CG-----A-C- 142
HIVCI4 G----AG---AAA---AGAA-G--A---C--A-A-G---AG--AGAG--C-G--AAG---CG-----A-C- 142
HIVG141 G----CC---AGG---AAGC-A--A---A--G-A-G---AA--AGGG--C-G--ACG---TG-----G-T- 142
HIVLBV23 G----AG---AAA---AGAA-G--A---C--G-A-G---AA--AGGG--C-G--AAG---TG-----A-C- 142
HIVTN243 G----GA---AAG---AGGA-G--A---T--G-A-G---AA--AGAG--T-A--AAG---CG-----A-C- 142
HIVTN245 G----GA---AAG---AAGA-G--A---T--G-A-G---AA--AGAG--T-A--AAG---CG-----A-C- 142
HIVTN240 G----GA---AAA---AGGC-G--A---T--G-A-G---AA--AGAG--T-A--AAG---CG-----A-C- 142
HIVCI20 G----AG---AAA---AGAC-A--A---C--G-A-G---AA--AGGG--C-G--AAG---CG-----A-C- 142
HIVCI59 G----AG---AAA---AGAC-A--A---C--G-A-G---AA--AGGG--C-G--AAG---CG-----A-C- 142
HIVLBV2310 G----AG---AAA---AGAC-A--A---C--G-A-G---AA--AGGG--C-G--AAG---CG-----A-C- 142
HIVCI51 G----GG---CAA---AGAC-A--A---C--G-A-G---AA--AGGG--C-G--AAG---CG-----A-C- 142
HIVLBV105 G----AG---AAA---AGAA-G--A---C--G-A-G---AA--AGGG--C-G--AAG---TG-----A-C- 142
HIVCI32 G----AG---AAA---AAAC-A--A---T--G-A-G---AA--AGGG--C-G--AAG---CG-----A-C- 142
HIVIC144 G----AG---AAA---AGAC-A--A---C--G-A-G---AA--AGGG--T-G--AAG---CG-----A-C- 142
HIVDJ258 G----AG---AAA---AGAC-A--A---C--G-A-G---GA--AGGG--C-G--AAG---CG-----A-C- 142
HIVCM238 G----GG---AAA---AAGA-A--A---T--G-A-G---AA--CGAG--T-A--AAG---CG-----A-C- 142
HIVUG266 G----AG---AAA---AAAC-G--A---C--G-G-A---AA--AGGG--C-A--AAA---CG-----A-C- 142
HIVVI354 G----AG---AAG---CAGA-A--A---A--G-G-G---AA--AGGA--C-G--GAA---TG-----A-C- 142
/<- INS-1
CONSENSUS.B gGGAAAGAAAaaaTATaaatTAAAaCATaTAGTATGGGCAAGCAGggAgCTAGAACGaTTcGCagTtaA!C 142
HIVSF2 G---------AAA---AAGT----A---A----------GG-G--------A--C--AG-CA-T- 142
HIVBZ167 G---------AAA---AGGT----A---G----------GG-A--------A--C--AG-TA-T- 142
HIVPH153 G---------AAA---CAAT----A---A----------GG-G--------A--C--AG-TA-T- 142
HIVPH136 G---------AAA---AAAT----A---A----------GG-G--------A--C--AG-TA-T- 142
HIVBZ200 G---------GCA---AAAT----A---A----------GG-G--------A--C--AG-TA-C- 142
HIVTB132 G---------AAA---AGAT----A---A----------GG-G--------A--C--AG-TA-T- 142
HIVBZ190 G---------AGG---CAAC----A---A----------AG-G--------A--C--AG-TA-T 142
HIVLAI G---------AAA---AAAT----A---A----------GG-G--------A--C--AG-TA-T 142
HIVHXB2R G---------AAA---AAAT----A---A----------GG-G--------A--C--AG-TA-T- 142
HIVMN G---------AAA---AAAT----A---G----------GG-G--------A--C--AG-CA-T- 142
HIVJH3 G---------AAA---AAAT----A---A----------GG-G--------A--T--AG-TA-T- 142
HIVJRCSF A---------AAA---AGAT----A---A----------GG-G--------T--C--AG-CA-T- 142
HIVOYI G---------AAA---CAAC----A---A----------GG-G--------A--C--AA-TA-T- 142
HIVNY5CG G---------CAA---AGAC----A---A----------GG-A--------A--C--AG-TA-T- 142
HIVNL43 G---------CAA---AAAC----A---A----------GG-G--------A--C--AG-TA-T- 142
HIVCDC4 G---------CAA---CGAT----G---A----------GA-G--------A--C--AG-CA-T- 142
HIVHAN G---------AAA---CAAT----A---A----------GG-G--------A--C--AG-TA-T- 142
HIVCAM1 G---------AAA---AAAT----A---A----------GG-G--------A--C--AG-TA-T- 142
HIVRF G---------AGA---AAGT----A---A----------GG-G--------A--T--TG-CA-T- 142
HIVD31 G---------AAA---AGAT----A---A----------GG-A--------A--C--AG-TA-T- 142
HIVBH102 G---------AAA---AAAT----A---A----------GG-G--------A--C--AG-TA-T- 142
HIVPV22 G---------AAA---AAAT----A---A----------GG-G--------A--C--AG-TA-T- 142
HIVJRFL G---------AAA---AGAT----A---A----------GG-G--------T--C--AG-TA-T- 142
HIVUG280 G---------AAA---AAAT----A---A----------GG-G--------A--C--AG-TA-T- 142
HIVYU2 G---------CAA---AGAT----A---A----------GG-G--------A--C--AG-TG-T- 142

```
CONSENSUS.C     gGGAAaGAAAcacTATATGaTaAAACAccTAGTaTGGGCAAGCAGGGAGCTgGaAAgATTTGCACTTaACc   142
HIVUG268        G----A----TGC------A-G-----CC----C----------------G-G--G----------A--T   142
HIVSM145        G----A----CAC------A-A-----CC----A----------------G-A--G----------A--C   142
HIVZAM18        G----A----CAC------A-A-----CC----A----------------G-A--G----------A--C   142
HIVZAM19        G----A----CAT------A-A-----CC----A----------------A-A--G----------A--C   142
HIVZAM20        G----A----CAT------A-A-----TT----A----------------G-A--G----------A--C   142
HIVDJ259        A----G----CGC------C-A-----CC----C----------------G-A--A----------A--C   142
HIVVI313        G----A----CAC------A-G-----CC----A----------------G-A--G----------G--C   142
CONSENSUS.D     aggAaagAAAAAATATaaaCTaAAACATaTagTATGGGCAAGCAGgGAgCTagAACGATtTgCAcTTAATC   142
HIVELI          AGG-AAG---------AGA--A------A-AG-------------G--G--AG------A-G--C------   142
HIVZ2Z6         AGG-AAG---------AGA--A------C-AG-------------G--G--AG------T-G--C------   142
HIVNDK          AGG-AAG---------GCA--A------T-GA-------------G--G--AG------T-A--C------   142
HIVVI205        AAA-AGC---------AGA--A------A-AG-------------G--G--AA------T-G--C------   142
HIVG109         GGG-AAG---------CAA--A------A-AG-------------G--A--AG------T-G--C------   142
HIVK31          GGG-CAC---------AAA--A------A-AG-------------G--G--AG------T-G--A------   142
HIVUG274        GGG-AAC---------AAA--A------A-AG-------------G--G--GG------T-G--A------   142
HIVUG270        GGG-AAC---------AAA--A------C-AG-------------G--G--AG------T-G--C------   142
HIVSE365        AGG-AAG---------AAG--A------A-AG-------------G--A--AG------T-G--C------   142
HIVVI203        AGG-AAG---------AGA--G------A-AG-------------A--G--AG------T-G--C------   142
CONSENSUS.(E)   GGGaAaGAAAAAATAtAgAaTGAAGCATCTAgTATGGGCAAGCAGGGAgcTAGAAcGATTTGCAaTTgATC   142
HIVVI174        ---G-A---------T-G-A----------G---------------GC-----C--------A--G---   142
HIVVI69         ---A-G---------C-A-A----------A---------------AT-----A--------C--G---   142
HIVBZ162        ---A-A---------T-G-T----------G---------------GC-----C--------A--A---   142
CONSENSUS.O     gggaAagAAaaaaTAtAggcTaAAaCAttTaGTaTGGGCAAGcaggGAGCTggAaagaTttGCacttaacc   141
HIVLBV217(F)    GGGA-AG--AAAA--T-GAA-G--A--TT-A--A--------CAGG-----GG-GAGA-TT--ACTTAACC   142
HIVVI191(F)     GGGA-AG--ACAA--T-GAA-A--G--TC-A--A--------CAGG-----GG-AAAA-TT--ACTTAACC   142
HIVVI525(G)     GGGA-AG--ACAA--T-GGC-A--A--TC-A--A--------CAGA-----GG-AAGA-TT--ACTTAACC   142
HIVVI557(G)     GGGA-AG--AAAA--T-GAC-G--A--TT-A--A--------CAGG-----GG-AAGA-TT--ACTCAACC   142
HIVVI325        AGGA-GC--AAAA--T-GGC-A--A--TC-A--A--------CAGG-----AG-ACGA-TT--ACTTAACC   142
HIVANT70        ATCT-AA--GAAA--T-GAC-A--A--CT-A--A--------CAGA-----GG-AAGA-TC--ATGTAATC   142
HIVMVP5180      ATCT-AA--GGCA--T-GGC-A--A--TT-A--A--------CAGG-----GG-AAGA-AC--ATGTAATC   142
CPZGAB          GGGA-GA--AAGA--T-TGA-G--A--TT-A--A--------CAGG-----GG-AAGA-TC--ATGTGACC   142
```

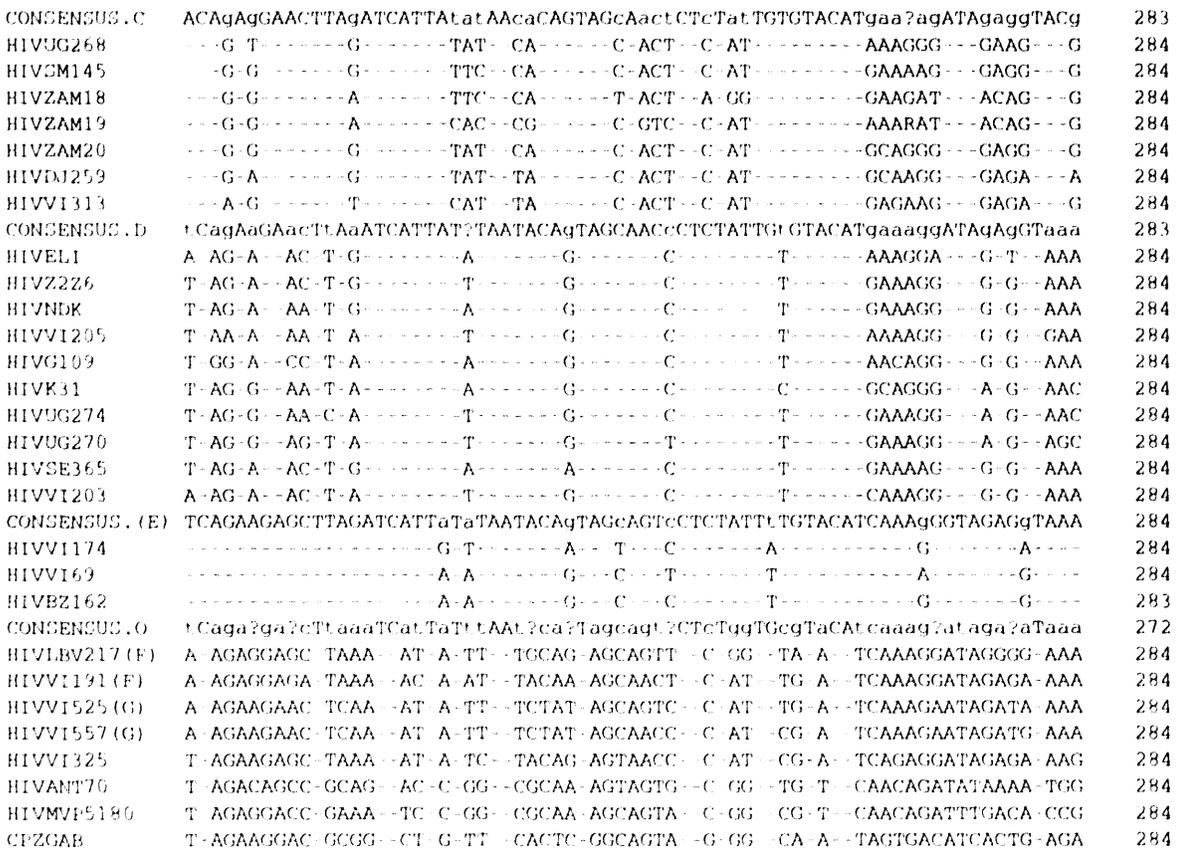
HIV-1 GAG

```
CONSENSUS.A   CtaGccTTtTagAaACAgcaGaagGatGTcAacaaaTAaTggaACAgtTacAatCAgcTcTcaagACAGga   212
HIVU455       -TG-CC--T-AG-A---GCA-AAG-AT--C-GCAAA--C-GGG---AT-AC-AC--GC-C-CCAG----GA   213
HIVMAL        -TG-CC--T-AG-A---GGA-AAG-AT--C-ACAAA--A-GGA---GC-AC-AT--AC-C-CAAG----GA   213
HIVVI59       -TA-CC--T-AG-A---ACA-AAG-AT--C-ACAAA--A-AGA---AT-AC-AC--GC-C-CAAG----GA   213
HIVVI310      -TA-CC--T-AG-A---ACG-AAG-AT--C-ACAAA--A-AGA---GT-AC-AC--GC-C-CAAG----GA   213
HIVVI57       -TA-CC--T-AG-A---ACA-AAG-AT--C-ACAAA--C-GGA---GT-AC-AC--GC-C-AAAG----GA   213
HIVK112       -TA-CC--T-AG-G---ACA-AAG-AT--C-ACAAA--A-GGA---GT-AC-AT--GC-C-CAAG----GA   213
HIVK88        -CA-CC--T-AG-A---GCA-AAG-AT--C-ACAAA--A-GGA---GT-AC-AT--GC-C-CAAG----GA   213
HIVK29        -TA-CC--T-AG-A---ACA-AAG-AT--C-ACAAA--A-AGA---GT-AC-AC--GC-C-CAAA----GA   213
HIVK124       -TA-CC--T-AG-A---ACA-AAG-AT--C-ACAAA--A-GGA---GT-AC-AT--TC-C-CAAG----GA   213
HIVK7         -TA-CC--T-AG-A---ACA-AAA-GT--C-ACAAA--A-GGA---GT-AC-AT--GC-C-CAAG----GA   213
HIVK98        -TG-CC--T-AG-A---ACA-AAG-GT--C-GCAAA--A-GAA---GT-AC-AT--GC-C-CCAG----GA   213
HIVK89        -TA-CC--T-AG-A---ACA-AAG-GT--C-ACAAA--A-GGA---AT-AC-AC--GC-C-CAAG----GG   213
HIVVI32       -TA-CC--C-GG-A---AAA-AAG-AT--C-ACAGA--A-GGA---GT-AG-AT--GC-C-CAAG----GA   213
HIVVI415      -TG-CC--T-AG-A---GCA-AAG-AT--C-ACAAA--C-GGA---GT-AC-GC--GC-C-CAAG----GA   213
HIVCI4        -TA-CC--T-AG-A---ACA-AAG-AT--C-ACAGA--A-GGC---GT-AC-AT--GC-C-CAAG----GA   213
HIVG141       -CA-CC--C-AG-G---TCA-AGG-CT--A-ACAAA--C-AGG---GC-AC-AC--GC-C-TAAG----GA   213
HIVLBV23      -TG-CC--T-AG-A---GCA-AAG-AT--C-ACAAA--A-GGG---GT-AC-AA--GC-C-CCAG----GG   213
HIVTN243      -TG-CC--T-AG-A---GCA-AAG-AT--C-ACAAA--A-AGA---GT-AC-GT--AC-C-CAAG----GA   213
HIVTN245      -TG-CC--T-AG-A---GCA-AAG-AC--C-ACAAA--A-AAG---GT-AC-GT--AC-C-CAAG----GA   213
HIVTN240      -TA-CT--T-AG-A---GCA-AAG-AT--C-ACAAA--A-AGA---GT-AC-GT--AC-C-CAAG----GA   213
HIVCI20       -CA-CC--T-AG-A---GCA-GAG-AT--C-GCAAC--A-GGA---GT-AC-AG--CA-C-CAGG----GA   213
HIVCI59       -TG-CC--T-AG-A---GCA-ATG-AT--C-ACAAC--A-GGA---GT-AC-AT--GC-C-CAGG----GA   213
HIVLBV2310    -TG-CC--T-AG-A---GCA-AAG-AT--C-ACAAT--A-GGA---GT-AC-AT--GC-C-CAGG----GA   213
HIVCI51       -TA-CC--T-AG-A---GCA-AAG-AT--C-ACAAA--A-AGA---GT-AC-AT--GC-C-CAAA----GA   213
HIVLBV105     -TG-CC--T-AG-A---GCA-AAG-AT--C-ACAAA--C-AGA---GT-AC-AC--TC-G-TAAA----GA   213
HIVCI32       -TA-CC--T-AG-A---TCA-AAG-AT--C-ACAAC--A-AGA---GT-CC-AT--AC-C-CGGG----GA   213
HIVIC144      -TG-CT--T-AG-A---GCA-AAG-AT--C-ACAAC--A-GGA---GT-AC-AT--AC-C-CAAG----GA   213
HIVDJ258      -TG-CC--T-AG-A---GCA-AAG-AT--C-ACAGT--A-GGA---GT-AC-AT--GC-C-CGGG----AA   213
HIVCM238      -TG-CC--T-AG-A---GTA-AAG-AT--C-ACAAA--A-AGA---GT-AC-GT--AC-C-CAAG----GA   213
HIVUG266      -TA-CC--T-AG-A---ACA-AAG-AT--C-AAGAA--C-AGA---AT-AC-AC--GC-C-CCAG----GA   213
HIVVI354      -CG-TC--T-AA-A---GCA-AAG-AT--C-ACAGA--A-GGA---AT-AC-AT--GC-C-CAAA----GA   213
                                  - - - INS-1 - - -
CONSENSUS.B   CtgGCCTgtTaGAaaCatCagaaGGcTGtaGAcAaATAcTgggACAgcTACaaCCatcCCTTcAGACaGGA   213
HIVSF2        -TG----GT-A--AA-AT-AGAA--C--CA--C-A---T-GGG---GC---AG--ATC----C----A---   213
HIVBZ167      -TG----AC-A--AA-GG-AGCA--C--TA--C-A---C-GGG---GC---AG--ATC----C----T---   213
HIVPH153      -TG----GT-A--AA-AT-AGAA--C--TA--C-A---C-GGG---GC---AT--AGC----C----A---   213
HIVPH136      -TG----GT-A--AA-AT-AGGA--C--TA--C-A---T-GGA---GC---AA--AGC----C----A---   213
HIVBZ200      -CG----TC-A--AA-AT-AGAA--C--TC--A-A---A-AGG---GC---AA--ATC----C----A---   213
HIVTB132      -TG----AT-G--AA-GT-AGAA--C--TA--C-A---C-GGG---GC---AA--AAG----C----A---   213
HIVBZ190      -TG----GT-A--GA-AG-AGAA--C--TA--C-A---C-GGG---GC---AA--ATC----C----A---   213
HIVLAI        -TG----GT-A--AA-AT-AGAA--C--TA--C-A---C-GGG---GC---AA--ATC----C----A---   213
HIVHXB2R      -TG----GT-A--AA-AT-AGAA--C--TA--C-A---C-GGG---GC---AA--ATC----C----A---   213
HIVMN         -TG----GT-A--AA-AT-AGAA--C--TA--C-A---C-GGG---GC---AA--ATC----C----A---   213
HIVJH3        -TA----GT-A--AA-AT-GGAA--C--TA--C-A---C-GGG---GC---AA--ATC----C----A---   213
HIVJRCSF      -TG----GT-A--AT-AT-AGAA--C--TA--C-A---C-GGG---AC---AA--ATC----A----A---   213
HIVOYI        -TG----GT-A--AA-AT-AGAA--T--TA--C-A---C-GGG---GC---AA--ATC----A----A---   213
HIVNY5CG      -TG----TT-A--GA-AT-AGAA--C--TA--C-A---C-GAG---GC---AA--ATC----C----A---   213
HIVNL43       -TG----TT-A--GA-AT-AGAA--C--TA--C-A---C-GGG---GC---AA--ATC----C----A---   213
HIVCDC4       -TG----TT-A--AA-AT-AAAA--C--TA--C-A---C-GGG---GT---AA--ATC----C----A---   213
HIVHAN        -TG----GT-A--AA-AT-AGAA--C--TA--C-G---A-GGG---GC---AA--GTC----C----A---   213
HIVCAM1       -TG----TT-A--GA-AT-AGAA--C--TA--C-A---C-GGG---GC---AA--GTC----C----A---   213
HIVRF         -TA----TT-A--GA-AG-AGAG--C--TA--C-A---C-GGG---GC---AA--AGC----C----A---   213
HIVD31        -TG----GT-A--AA-AT-AGAA--C--TA--C-A---T-GGG---GC---AA--ATC----C----A---   213
HIVBH102      -TG----GT-A--AA-AT-AGAA--C--TA--C-A---C-GGG---GC---AA--ATC----C----A---   213
HIVPV22       -TG----GT-A--AA-AT-AGAA--C--TA--C-A---C-GGG---GC---AA--ATC----C----A---   213
HIVJRFL       -TG----GT-A--AT-AT-AGAA--C--TA--C-A---C-GGG---AC---TA--AGC----A----A---   213
HIVUG280      -TG----AT-A--AA-AT-AGAA--C--TA--C-A---C-GGG---GC---AA--AGC----C----A---   213
HIVYU2        -TG----GT-A--AA-AT-AGAA--C--TA--C-A---C-GGG---GC---AA--GTC----C----A---   213
```

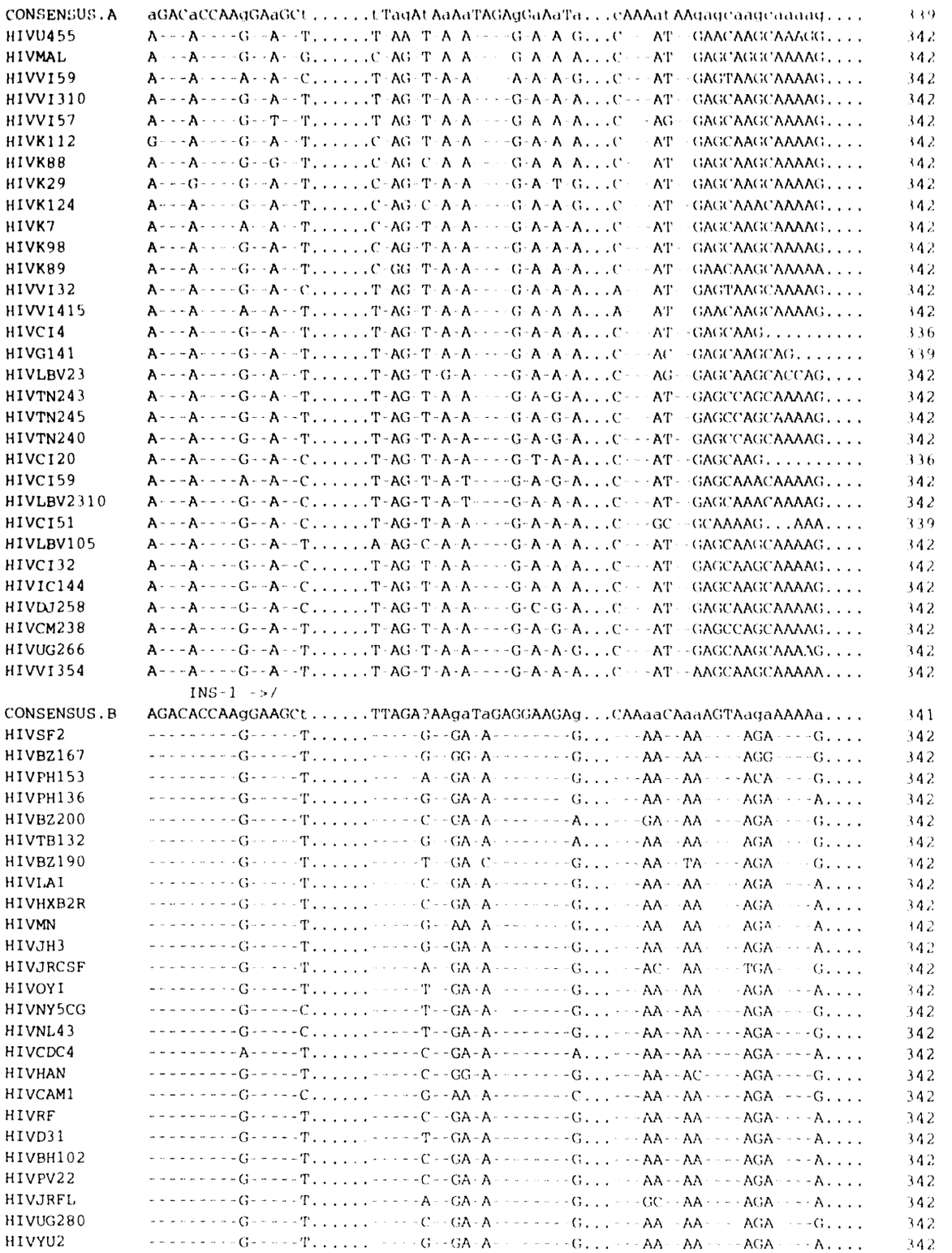
```
CONSENSUS.C     CTgGcCTTTTAGAgACAtCAgAaGGCTGTAaAcAAATAATaAaAcAGCTaCAaCCAgCTcTTCAGACAGGa  213
HIVUG268        --G-C--------A---T--G-A-------A-C-------G-A-C----A--A---G--C----------G  213
HIVSM145        --G-C--------G---T--G-A-------A-C-------G-A-C----G--A---G--C----------A  213
HIVZAM18        --G-C--------G---T--G-A-------A-C-------A-A-C----A--A---T--A----------A  213
HIVZAM19        --G-T--------G---T--G-A-------A-C-------A-A-C----A--A---G--C----------A  213
HIVZAM20        --G-C--------G---G--G-C-------A-C-------A-G-C----A--T---G--C----------A  213
HIVDJ259        --A-C--------G---T--G-A-------A-C-------A-G-C----A--A---G--C----------A  213
HIVVI313        --G-C--------G---T--C-A-------G-G-------A-A-A----A--A---G--C----------A  213
CONSENSUS.D     CTGGCCTTTTAGAgACatCAGAaGGcTGTAaACAAATAATaGgaCAGCTACAaCCAgcTaTtcagaCAGGA  213
HIVELI          ------------A--AT----A--C----A---------A-GG---------A---GC-A-TCAGA-----  213
HIVZ2Z6         ------------G--AT----T--C----A---------A-GA---------A---GC-A-CCGGA-----  213
HIVNDK          ------------G--AT----A--C----A---------A-GA---------A---TC-A-TCAAA-----  213
HIVVI205        ------------G--AT----A--C----G---------A-AA---------A---GC-A-TCAGA-----  213
HIVG109         ------------G--AG----A--C----A---------A-AA---------C---AA-C-TCAGT-----  213
HIVK31          ------------A--AC----A--C----A---------G-GA---------C---GC-A-TCAGA-----  213
HIVUG274        ------------A--AT----A--C----A---------G-GA---------A---GC-C-TAAGA-----  213
HIVUG270        ------------A--CT----A--C----A---------G-GA---------A---TC-A-TCAGA-----  213
HIVSE365        ------------G--AT----A--T----G---------A-GA---------A---GC-A-TCAGA-----  213
HIVVI203        ------------G--AT----A--C----A---------A-AA---------A---TC-A-TCAGA-----  213
CONSENSUS.(E)   CTGGcCTTCTAGAAACAtCAGAAGGCTGTagaaAAATAATAGGACAGtTACAAcCATCCCTTCAGACAGGA  213
HIVVI174        ----T-----------C-----------AGGA-------------C-----A----------------  213
HIVVI169        ----C-----------T-----------AGAA-------------T-----C----------------  213
HIVBZ162        ----C-----------T-----------CAA.-------------T-----C----------------  212
CONSENSUS.O     CtggcCTttTaGAaAca?caGAaGG?tgTcaacAa?taaTacaaCAgtTaca?CCagCtcTcaAgAcAgGa  208
HIVLBV217(F)    -TGGC--CT-A--A-CAACA--A--TTG-CAAC-AATAC-GCAA--GT-GCAA--AT-TC-CC-G-C-G-A  213
HIVVI191(F)     -TGGC--TT-A--A-CAACA--A--CTG-CAAC-AATAA-GAGA--GT-GCAA--AG-TC-CC-G-C-G-A  213
HIVVI525(G)     -TGGC--TT-A--A-CATCA--A--CTG-CTAC-GATAA-AGAA--GC-ACAG--AG-TC-TA-G-C-G-A  213
HIVVI557(G)     -CGAC--TT-A--C-CAGCA--A--CTG-CTAC-ATTAA-AGAA--GC-ACAA--AG-TC-TA-G-C-G-A  213
HIVVI325        -CAGC--TT-A--G-CAACA--A--CTG-CGGC-AATAA-AAGA--AT-ACAA--AT-CC-TC-G-C-G-A  213
HIVANT70        -TGAG--AC-A--A-CTGCA--G--TAA-GAGA-GCTGC-ACAG--GT-AGAG--AG-TC-CA-G-C-G-G  213
HIVMVP5180      -TGGT--AT-A--A-CTGCA--A--TAC-GAGC-ACTGC-ACAG--GT-AGAG--AG-TC-CA-G-C-G-G  213
CPZGAB          -CGGG--AA-G--A-GTAAG--A--ATG-ACTA-ATTGT-ACAA--AT-AGAG--AG-TC-CA-A-C-G-C  213
```

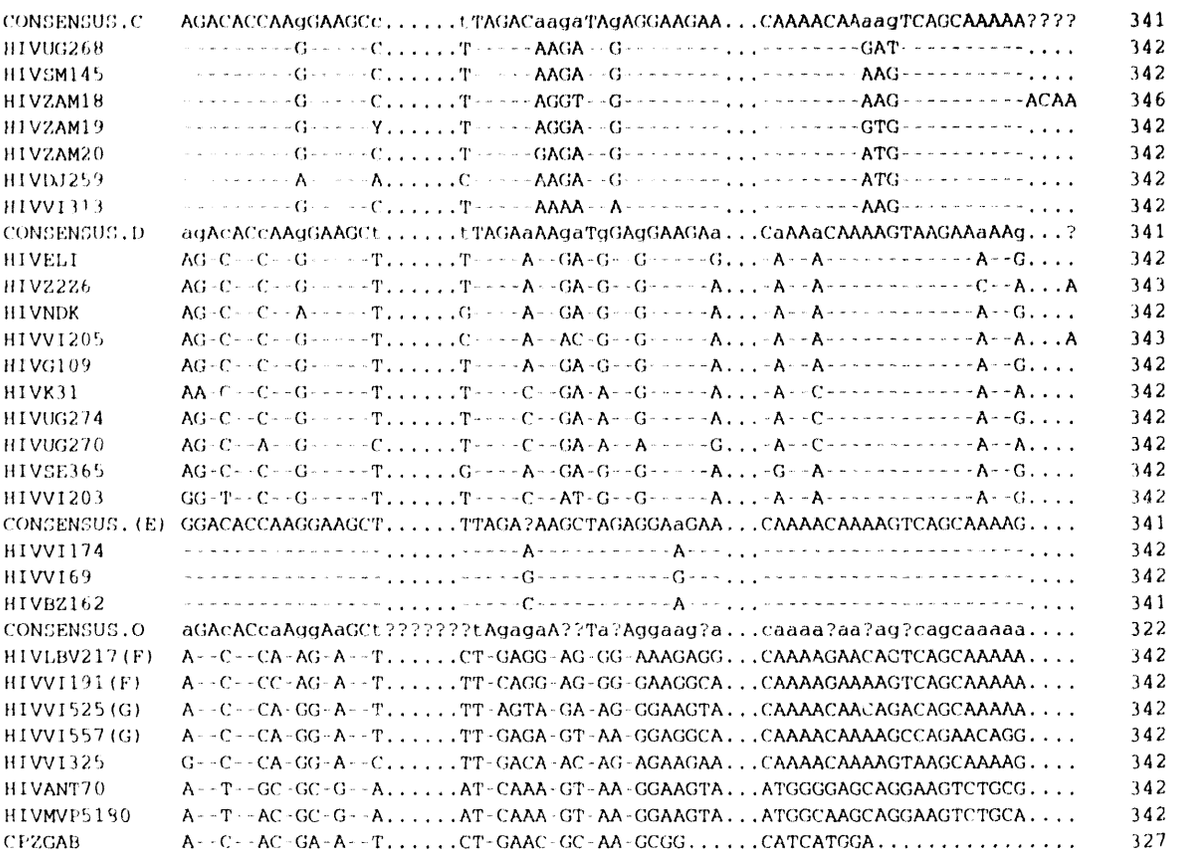
HIV-1 GAG

```
CONSENSUS.A   ?CAgAAGAAcTtAaaTCaTTAtttAAtaCagTAGcAacCCTcTatTGcgTaCAtcaaaggATAgA?gTAAa  281
HIVU455       A--G-----C-T-GA--A---TAT--TA-AG---C-GT---C-AT--TG-A--TCAAAGG---G-TG---A  284
HIVMAL        T--G-----A-T-AA--A---TAT--TA-AG---C-AC---C-AT--TG-A--TCAAAGG---G-TG---A  284
HIVVI59       A--G-----C-T-GA--A---TTT--TG-AG---C-GT---C-AT--CG-A--TCAACGG---G-TA---A  284
HIVVI310      A--G-----C-A-GA--A---TTT--TA-AA---C-GT---C-AT--TG-A--TCAACGG---G-GG---A  284
HIVVI57       A--G-----C-T-AA--A---TTT--TA-AG---C-GT---C-AT--CG-A--TCAACGG---G-GG---A  284
HIVK112       A--G-----C-T-GA--A---TTT--TA-AG---C-AC---C-AT--CG-A--TCAAAGG---G-TG---A  284
HIVK88        A--G-----C-T-GA--A---TTC--TA-AG---C-AC---C-AT--TG-A--TCAAAGA---G-TG---A  284
HIVK29        A--G-----C-T-GA--A---TTT--TA-AG---C-AC---C-AT--CG-A--TCAACGG---G-GG---A  284
HIVK124       A--G-----A-T-GA--A---TTT--TG-AG---C-GT---C-AT--TG-A--TCAACGG---G-GG---A  284
HIVK7         A--G-----C-T-GG--A---TAT--TA-AG---C-AC---C-AT--TG-A--TCGACAG---G-GG---A  284
HIVK98        A--G-----C-T-GA--G---TAT--TA-AG---C-AC---C-AT--CG-A--TCAACGG---G-TG---A  284
HIVK89        A--G-----C-T-GA--A---TTT--TA-AG---C-AC---C-GG--CG-A--TCAACAA---A-TG---A  284
HIVVI32       A--G-----A-T-AA--A---TAT--TA-AG---C-GT---C-TT--TG-A--TCAACGG---G-TG---A  284
HIVVI415      A--G-----A-T-AA--A---TAT--TA-AG---C-AC---C-AT--TG-A--TCAGAGG---G-TG---A  284
HIVCI4        A--G-----C-T-GA--A---TAT--CA-AG---C-AC---C-AT--CG-A--TCAACGG---G-TG---A  284
HIVG141       T--G-----C-C-AA--C---TAT--TA-AG---C-AC---C-AT--TG-A--TGCAAGA---G-AA---A  284
HIVLBV23      A--G-----C-A-AA--A---CAT--TA-AG---C-GT---C-AT--CG-G--TCAAAGG---G-TG---A  284
HIVTN243      T--G-----C-T-AA--A---TTT--TA-AG---C-AC---C-GG--CG-A--CCAAAGG---G-GG---A  284
HIVTN245      T--G-----C-T-AA--A---TTT--TA-AG---T-AC---C-GG--CG-G--CCAAAGG---G-GG---A  284
HIVTN240      T--G-----C-T-AA--A---TTT--TA-AG---C-AC---C-GG--CG-A--CCAAAGG---G-GG---A  284
HIVCI20       T--G-----C-T-AA--A---TTT--TA-AA---C-AC---T-GG--CG-A--TCAAAGG---G-CA---A  284
HIVCI59       T--G-----C-T-AA--A---TTT--TG-AA---C-GT---T-GG--CG-A--TCAAAGG---G-CA---A  284
HIVLBV2310    T--G-----C-T-AA--A---TTT--TA-AA---C-AC---T-GG--CG-A--TCAAAGG---G-CG---A  284
HIVCI51       T--G-----C-T-GA--A---TTT--TA-AG---C-AC---T-GG--CG-A--TCAAAGG---G-CA---A  284
HIVLBV105     T--G-----C-T-GA--A---TTT--TA-AG---T-AC---C-TG--TG-A--TCAACGG---G-GG---G  284
HIVCI32       T--G-----C-T-GA--A---TAT--TA-AA---C-AC---T-GG--TG-A--TCGAAGG---G-GA---A  284
HIVIC144      T--G-----G-T-AA--A---TTT--TA-AA---C-AC---T-AT--CA-A--TCAAAGG---G-CA---G  284
HIVDJ258      T--A-----C-T-AA--A---TAT--TA-CA---C-GT---T-GG--CG-A--TCAAAGG---G-CA---A  284
HIVCM238      T--G-----C-T-AA--A---TTT--TA-AG---C-AC---C-GG--CG-A--CCAAAGG---G-GG---A  284
HIVUG266      G--G-----C-T-GA--C---TAT--TA-AG---C-GT---C-AT--CG-A--TCAAAGG---G-GA---A  284
HIVVI354      T--G-----C-T-AA--A---TTT--TA-AG---C-AC---C-AT--TG-A--TCAAAAG---A-TG---A  284
                                    - - - INS-1 - - -
CONSENSUS.B   tCAGAAGAactTAgATCATTatATAAtaCAgTAGCaaccCTcTATTGTGtgCATCAAaggATAGAggTAAa  284
HIVSF2        T-------ACT--G------ATA---TA--G----AACC--C-------TA------AGG-----TG---A  284
HIVBZ167      T-------ACT--G------ATA---TA--G----AACC--C-------TA------AAG-----TG---G  284
HIVPH153      A-------ACT--G------ATA---TA--G----AACC--C-------TG------AAC-----GG---A  284
HIVPH136      T-------ACT--A------ACA---TA--G----AACC--C-------TG------AAG-----TG---A  284
HIVBZ200      T-------ACT--G------ATA---TA--G----AGTC--C-------CG------AAG-----TG---A  284
HIVTB132      T-------ACT--G------ATA---TA--A----AGTC--C-------TA------AAG-----GG---A  284
HIVBZ190      T-------ACT--A------ATT---TG--G----AGTC--C-------TG------CAG-----GG---A  284
HIVLAI        T-------ACT--G------ATA---TA--G----AACC--C-------TG------AGG-----GA---A  284
HIVHXB2R      T-------ACT--G------ATA---TA--G----AACC--C-------TG------AGG-----GA---A  284
HIVMN         T-------ACT--A------ATA---TA--G----AACC--C-------TG------AAG-----GA---A  284
HIVJH3        T-------ACT--A------ATT---TA--G----AACC--C-------TG------AGA-----GG---A  284
HIVJRCSF      T-------ACT--C------ATA---TA--G----AACC--C-------TA------AGG-----GA---A  284
HIVOYI        T-------AAT--G------ATA---TA--G----AACT--T-------TG------AAG-----GG---A  284
HIVNY5CG      T-------ACG--G------ATT---TA--G----AGTC--C-------TG------AGG-----TG---A  284
HIVNL43       T-------ACT--G------ATA---TA--A----AGTC--C-------TG------AGG-----TG---A  284
HIVCDC4       T-------ACT--G------ATA---TA--G----AACC--C-------TG------AGG-----GG---G  284
HIVHAN        T-------ACT--G------ATA---TA--G----AACC--C-------TG------AAG-----GG---A  284
HIVCAM1       T-------ACT--G------ATA---TA--G----AACC--C-------TG------AAG-----TG---A  284
HIVRF         T-------ACT--A------ATA---TG--G----AACC--C-------TA------AAT-----GG---G  284
HIVD31        T-------ACT--G------ATT---CA--G----AACC--C-------TG------AGG-----GG---A  284
HIVBH102      T-------ACT--G------ATA---TA--G----AACC--C-------TG------AGG-----GA---A  284
HIVPV22       T-------ACT--G------ATA---TA--G----AACC--C-------TG------AGG-----GA---A  284
HIVJRFL       T-------ACT--G------ATA---TA--G----AACC--C-------TA------AGG-----GG---A  284
HIVUG280      T-------ACT--G------GTT---TA--G----AACC--C-------TG------AGG-----TG---A  284
HIVYU2        T-------GCT--G------ATA---TA--G----CACC--C-------TA------AAG-----GG---A  284
```



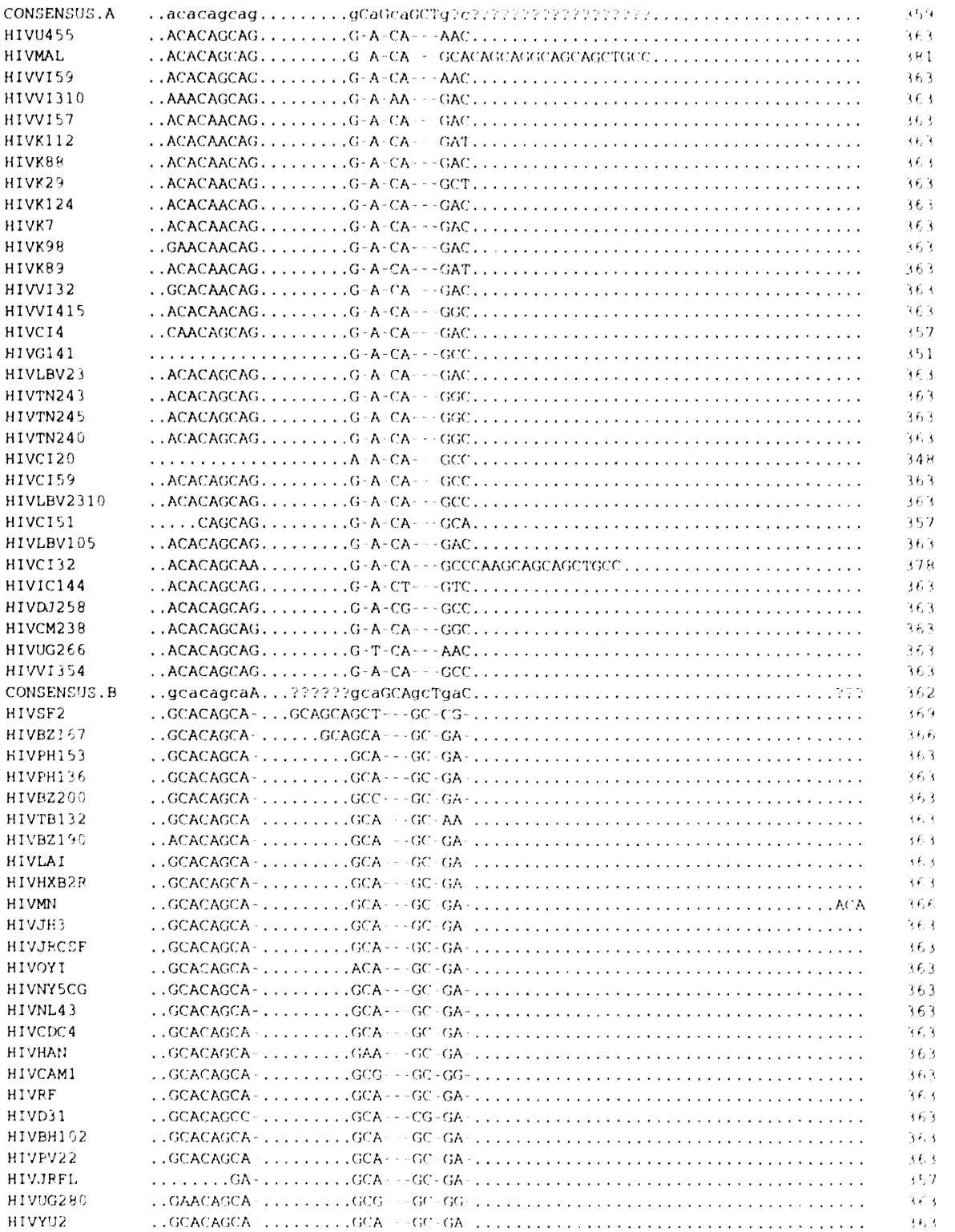
HIV-1 GAG


CONSENSUS.A aGACaCCAAgGAaGCt.....tTaqAt AaAaTAGAgGaAaTa...cAAAat AAgagcaagcaaaaq.... 339
HIVU455 A---A----G--A--T.....T AA T A A----G A A G...C--AT GAACAAGCAAAGG.... 342
HIVMAL A---A----G--A--G.....C AG T A A---G A A A...C--AT GAGCAGGCAAAAG.... 342
HIVVI59 A---A---A--A--C.....T AG T A A---A A A G...C--AT GAGTAAGCAAAAG.... 342
HIVVI310 A---A----G--A--T.....T AG T A A----G A A A...C--AT GAGCAAGCAAAAG.... 342
HIVVI57 A---A----G--T--T.....T AG T A A---G A A A...C--AG GAGCAAGCAAAAG.... 342
HIVK112 G---A----G--A--T.....C AG T A A---G A A A...C--AT GAGCAAGCAAAAG.... 342
HIVK88 A---A----G--G--T.....C AG C A A---G A A A...C--AT GAGCAAGCAAAAG.... 342
HIVK29 A---G----G--A--T.....C AG T A A---G A T G...C--AT GAGCAAGCAAAAG.... 342
HIVK124 A---A----G--A--T.....C AG C A A---G A A G...C--AT GAGCAAACAAAAG.... 342
HIVK7 A---A----A--A--T.....C AG T A A---G A A A...C--AT GAGCAAGCAAAAG.... 342
HIVK98 A---A----G--A--T.....C AG T A A---G A A A...C--AT GAGCAAGCAAAAG.... 342
HIVK89 A---A----G--A--T.....C GG T A A---G A A A...C--AT GAACAAGCAAAAA.... 342
HIVVI32 A---A----G--A--C.....T AG T A A---G A A A...A--AT GAGTAAGCAAAAG.... 342
HIVVI415 A---A----A--A--T.....T AG T A A---G A A A...A--AT GAACAAGCAAAAG.... 342
HIVCI4 A---A----G--A--T.....T AG T A A---G A A A...C--AT GAGCAAG..... 336
HIVG141 A---A----G--A--T.....T AG T A A---G A A A...C--AC GAGCAAGCAG..... 339
HIVLBV23 A---A----G--A--T.....T AG T G A---G A A A...C--AG GAGCAAGCACCAG.... 342
HIVTN243 A---A----G--A--T.....T AG T A A---G A G A...C--AT GAGCCAGCAAAAG.... 342
HIVTN245 A---A----G--A--T.....T AG T A A---G A G A...C--AT GAGCCAGCAAAAG.... 342
HIVTN240 A---A----G--A--T.....T AG T A A---G A G A...C--AT GAGCCAGCAAAAG.... 342
HIVCI20 A---A----G--A--C.....T AG T A A---G T A A...C--AT GAGCAAG..... 336
HIVCI59 A---A----A--A--C.....T AG T A T---G A G A...C--AT GAGCAAACAAAAG.... 342
HIVLBV2310 A---A----G--A--C.....T AG T A T---G A A A...C--AT GAGCAAACAAAAG.... 342
HIVCI51 A---A----G--A--C.....T AG T A A---G A A A...C--GC GCAAAAG...AAA.... 339
HIVLBV105 A---A----G--A--T.....A AG C A A---G A A A...C--AT GAGCAAGCAAAAG.... 342
HIVCI32 A---A----G--A--C.....T AG T A A---G A A A...C--AT GAGCAAGCAAAAG.... 342
HIVIC144 A---A----G--A--C.....T AG T A A---G A A A...C--AT GAGCAAGCAAAAG.... 342
HIVDJ258 A---A----G--A--C.....T AG T A A---G C G A...C--AT GAGCAAGCAAAAG.... 342
HIVCM238 A---A----G--A--T.....T AG T A A---G A G A...C--AT GAGCCAGCAAAAG.... 342
HIVUG266 A---A----G--A--T.....T AG T A A---G A A G...C--AT GAGCAAGCAAAAG.... 342
HIVVI354 A---A----G--A--T.....T AG T A A---G A A A...C--AT AAGCAAGCAAAAA.... 342
INS-1 ->/
CONSENSUS.B AGACACCAAgGAAGCt.....TTAGA?AAgaTaGAGGAAGAg...CAAaaCAaaAGTAagaAAAAa.... 341
HIVSF2 ---------G-----T.....-----G--GA A-------G.....AA--AA----AGA---G.... 342
HIVBZ167 ---------G-----T.....-----G--GG A-------G.....AA--AA----AGG---G.... 342
HIVPH153 ---------G-----T.....---A--GA A-------G.....AA--AA---ACA---G.... 342
HIVPH136 ---------G-----T.....-----G--GA A------G.....AA--AA----AGA---A.... 342
HIVBZ200 ---------G-----T.....-----C--GA A-------A.....GA--AA----AGA---G.... 342
HIVTB132 ---------G-----T.....----G--GA A-------A.....AA--AA----AGA---G.... 342
HIVBZ190 ---------G-----T.....-----T--GA C-------G.....AA--TA----AGA---G.... 342
HIVLAI ---------G-----T.....-----C--GA A-------G.....AA--AA----AGA---A.... 342
HIVHXB2R ---------G-----T.....-----C--GA A-------G.....AA--AA----AGA---A.... 342
HIVMN ---------G-----T.....-----G--AA A-------G.....AA--AA----AGA---A.... 342
HIVJH3 ---------G-----T.....-----G--GA A-------G.....AA--AA----AGA---A.... 342
HIVJRCSF ---------G-----T.....-----A--GA A-------G.....AC--AA----TGA---G.... 342
HIVOYI ---------G-----T.....-----T--GA A-------G.....AA--AA----AGA---A.... 342
HIVNY5CG ---------G-----C.....-----T--GA A------G.....AA--AA----AGA---G.... 342
HIVNL43 ---------G-----C.....-----T--GA A-------G.....AA--AA----AGA---G.... 342
HIVCDC4 ---------A-----T.....-----C--GA A-------A.....AA--AA----AGA---A.... 342
HIVHAN ---------G-----T.....-----C--GG A-------G.....AA--AC----AGA---G.... 342
HIVCAM1 ---------G-----C.....-----G--AA A-------C.....AA--AA----AGA---G.... 342
HIVRF ---------G-----T.....-----C--GA A-------G.....AA--AA----AGA---A.... 342
HIVD31 ---------G-----T.....-----T--GA A-------G.....AA--AA----AGA---A.... 342
HIVBH102 ---------G-----T.....-----C--GA A-------G.....AA--AA----AGA---A.... 342
HIVPV22 ---------G-----T.....-----C--GA A-------G.....AA--AA----AGA---A.... 342
HIVJRFL ---------G-----T.....-----A--GA A-------G.....GC--AA----AGA---A.... 342
HIVUG280 ---------G-----T.....-----C--GA A------G.....AA--AA----AGA---G.... 342
HIVYU2 ---------G-----T.....----G--GA A------G.....AA--AA----AGA---A.... 342



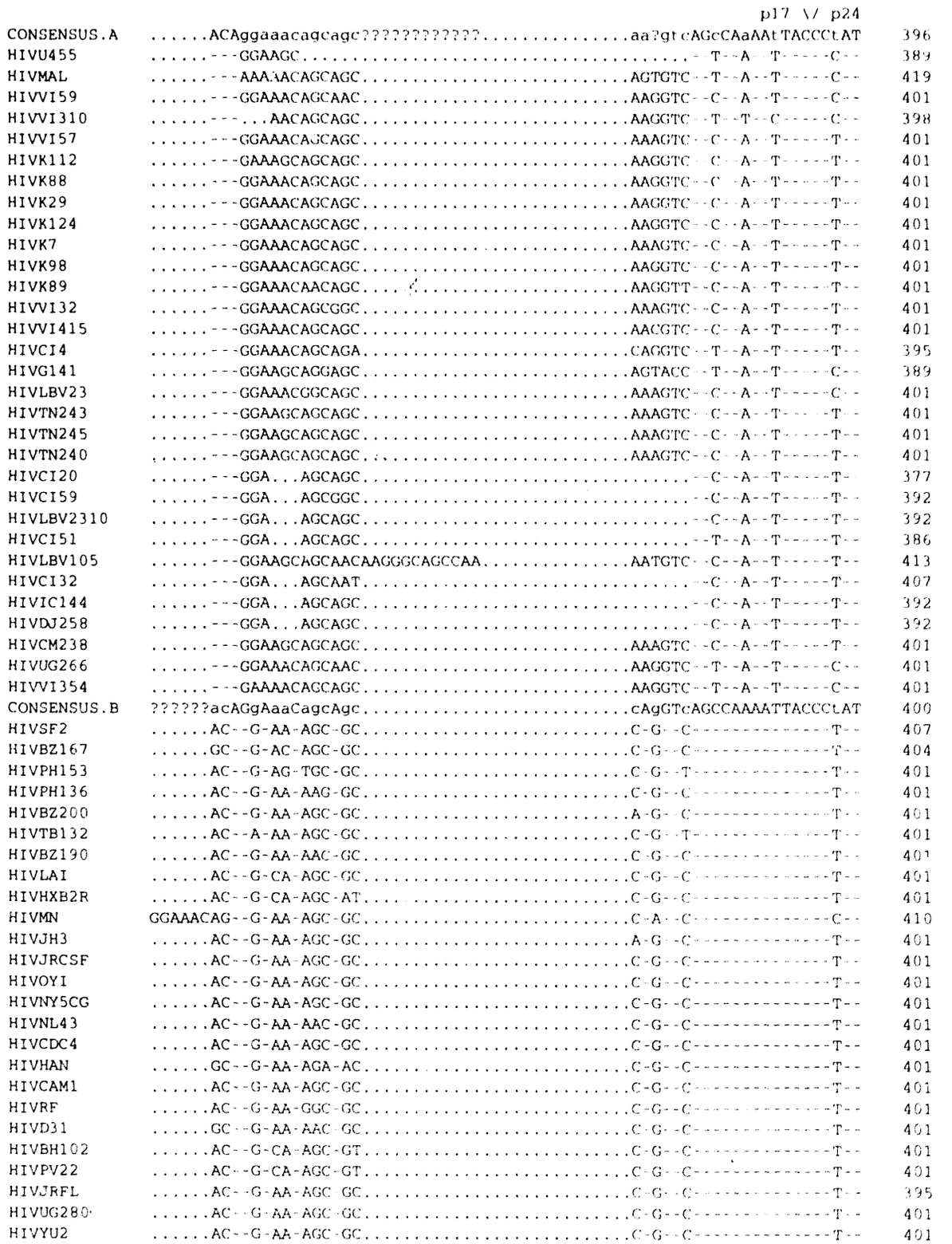
```
CONSENSUS.C     AGACACCAAgGAAGCc.....tTAGACaagaTAgAGGAAGAA...CAAAACAAaagTCAGCAAAAA????    341
HIVUG268        ---------G-----C......T-----AAGA--G---------...---------GAT---------....    342
HIVSM145        ---------G-----C......T-----AAGA--G---------...---------AAG----------....    342
HIVZAM18        ---------G-----C......T-----AGGT--G---------...---------AAG----------ACAA    346
HIVZAM19        ---------G-----Y......T-----AGGA--G---------...---------GTG----------....    342
HIVZAM20        ---------G-----C......T-----GAGA--G---------...---------ATG----------....    342
HIVDJ259        ---------A-----A......C-----AAGA--G---------...---------ATG----------....    342
HIVVI313        ---------G-----C......T-----AAAA--A---------...---------AAG----------....    342
CONSENSUS.D     agAcACcAAgGAAGCt.....tTAGAaAAgaTgGAgGAAGAa...CaAAaCAAAAGTAAGAAaAAg...?    341
HIVELI          AG-C--C--G-----T......T----A--GA-G--G-----G...A--A----------A--G....    342
HIVZ2Z6         AG-C--C--G-----T......T----A--GA-G--G-----A...A--A----------C--A...A    343
HIVNDK          AG-C--C--A-----T......G----A--GA-G--G-----A...A--A----------A--G....    342
HIVVI205        AG-C--C--G-----T......C----A--AC-G--G-----A...A--A----------A--A...A    343
HIVG109         AG-C--C--G-----T......T----A--GA-G--G-----A...A--A----------A--G....    342
HIVK31          AA-C--C--G-----T......T----C--GA-A--G-----A...A--C----------A--A....    342
HIVUG274        AG-C--C--G-----T......T----C--GA-A--G-----A...A--C----------A--G....    342
HIVUG270        AG-C--A--G-----C......T----C--GA-A--A-----G...A--C----------A--A....    342
HIVSE365        AG-C--C--G-----T......G----A--GA-G--G-----A...G--A----------A--G....    342
HIVVI203        GG-T--C--G-----T......T----C--AT-G--G-----A...A--A----------A--G....    342
CONSENSUS.(E)   GGACACCAAGGAAGCT......TTAGA?AAGCTAGAGGAaGAA...CAAAACAAAAGTCAGCAAAAG....    341
HIVVI174        ----------.....------A----------A---...--------------------....    342
HIVVI169        ----------.....------G----------G---...--------------------....    342
HIVBZ162        ----------.....------C----------A---...--------------------....    341
CONSENSUS.O     aGAcACcaAggAaGCt???????tAgagaA??Ta?Aggaag?a...caaaa?aa?ag?cagcaaaaa....    322
HIVLBV217(F)    A--C--CA-AG-A--T......CT-GAGG-AG-GG-AAAGAGG...CAAAAGAACAGTCAGCAAAAA....    342
HIVVI191(F)     A--C--CC-AG-A--T......TT-CAGG-AG-GG-GAAGGCA...CAAAAGAAAAGTCAGCAAAAA....    342
HIVVI525(G)     A--C--CA-GG-A--T......TT-AGTA-GA-AG-GGAAGTA...CAAAACAACAGACAGCAAAAA....    342
HIVVI557(G)     A--C--CA-GG-A--T......TT-GAGA-GT-AA-GGAGGCA...CAAAACAAAAGCCAGAACAGG....    342
HIVVI325        G--C--CA-GG-A--C......TT-GACA-AC-AG-AGAAGAA...CAAAACAAAAGTAAGCAAAAG....    342
HIVANT70        A--T--GC-GC-G--A......AT-CAAA-GT-AA-GGAAGTA...ATGGGGAGCAGGAAGTCTGCG....    342
HIVMVP5180      A--T--AC-GC-G--A......AT-CAAA-GT-AA-GGAAGTA...ATGGCAAGCAGGAAGTCTGCA....    342
CPZGAB          A--C--AC-GA-A--T......CT-GAAC-GC-AA-GCGG......CATCATGGA.................    327
```

HIV-1 GAG


CONSENSUS.A ..acacagcag.....gCaGCaGCTg?c??????????????????..... 359
HIVU455 ..ACACAGCAG.....G-A-CA---AAC..... 363
HIVMAL ..ACACAGCAG.....G A-CA - GCACAGCAGGCAGCAGCTGCC..... 381
HIVVI59 ..ACACAGCAC.....G-A-CA---AAC..... 363
HIVVI310 ..AAACAGCAG.....G-A-AA---GAC..... 363
HIVVI57 ..ACACAACAG.....G-A-CA--GAC..... 363
HIVK112 ..ACACAACAG.....G-A-CA--GAT..... 363
HIVK88 ..ACACAACAG.....G-A-CA---GAC..... 363
HIVK29 ..ACACAACAG.....G-A-CA---GCT..... 363
HIVK124 ..ACACAACAG.....G-A-CA---GAC..... 363
HIVK7 ..ACACAACAG.....G-A-CA---GAC..... 363
HIVK98 ..GAACAACAG.....G-A-CA---GAC..... 363
HIVK89 ..ACACAACAG.....G-A-CA---GAT..... 363
HIVVI32 ..GCACAACAG.....G-A-CA---GAC..... 363
HIVVI415 ..ACACAACAG.....G-A-CA---GGC..... 363
HIVCI4 ..CAACAGCAG.....G-A-CA---GAC..... 357
HIVG141 .....G-A-CA---GCC..... 351
HIVLBV23 ..ACACAGCAG.....G-A-CA---GAC..... 363
HIVTN243 ..ACACAGCAG.....G-A-CA---GGC..... 363
HIVTN245 ..ACACAGCAG.....G-A-CA---GGC..... 363
HIVTN240 ..ACACAGCAG.....G-A-CA---GGC..... 363
HIVCI20 .....A-A-CA---GCC..... 348
HIVCI59 ..ACACAGCAG.....G-A-CA---GCC..... 363
HIVLBV2310 ..ACACAGCAG.....G-A-CA---GCC..... 363
HIVCI51 .....CAGCAG.....G-A-CA---GCA..... 357
HIVLBV105 ..ACACAGCAG.....G-A-CA---GAC..... 363
HIVCI32 ..ACACAGCAA.....G-A-CA---GCCCAAGCAGCAGCTGCC..... 378
HIVIC144 ..ACACAGCAG.....G-A-CT---GTC..... 363
HIVDJ258 ..ACACAGCAG.....G-A-CG---GCC..... 363
HIVCM238 ..ACACAGCAG.....G-A-CA---GGC..... 363
HIVUG266 ..ACACAGCAG.....G-T-CA---AAC..... 363
HIVVI354 ..ACACAGCAG.....G-A-CA---GCC..... 363
CONSENSUS.B ..gcacagcaA...??????gcaGCAgcTgaC.....??? 362
HIVSF2 ..GCACAGCA-...GCAGCAGCT---GC-CG-..... 369
HIVBZ167 ..GCACAGCA-.....GCAGCA---GC-GA-..... 366
HIVPH153 ..GCACAGCA-.....GCA---GC-GA-..... 363
HIVPH136 ..GCACAGCA-.....GCA---GC-GA-..... 363
HIVBZ200 ..GCACAGCA-.....GCC---GC-GA-..... 363
HIVTB132 ..GCACAGCA-.....GCA---GC-AA..... 363
HIVBZ190 ..ACACAGCA-.....GCA---GC-GA-..... 363
HIVLAI ..GCACAGCA-.....GCA---GC-GA..... 363
HIVHXB2R ..GCACAGCA-.....GCA---GC-GA..... 363
HIVMN ..GCACAGCA-.....GCA---GC-GA.....ACA 366
HIVJH3 ..GCACAGCA-.....GCA---GC-GA..... 363
HIVJRCSF ..GCACAGCA-.....GCA---GC-GA..... 363
HIVOYI ..GCACAGCA-.....ACA---GC-GA..... 363
HIVNY5CG ..GCACAGCA-.....GCA---GC-GA..... 363
HIVNL43 ..GCACAGCA-.....GCA---GC-GA..... 363
HIVCDC4 ..GCACAGCA-.....GCA---GC-GA..... 363
HIVHAN ..GCACAGCA-.....GAA---GC-GA..... 363
HIVCAM1 ..GCACAGCA-.....GCG---GC-GG-..... 363
HIVRF ..GCACAGCA-.....GCA---GC-GA..... 363
HIVD31 ..GCACAGCC-.....GCA---CG-GA..... 363
HIVBH102 ..GCACAGCA-.....GCA---GC-GA..... 363
HIVPV22 ..GCACAGCA-.....GCA---GC-GA..... 363
HIVJRFL .....GA-.....GCA---GC-GA..... 357
HIVUG280 ..GAACAGCA-.....GCG---GC-GG-..... 363
HIVYU2 ..GCACAGCA-.....GCA---GC-GA..... 363

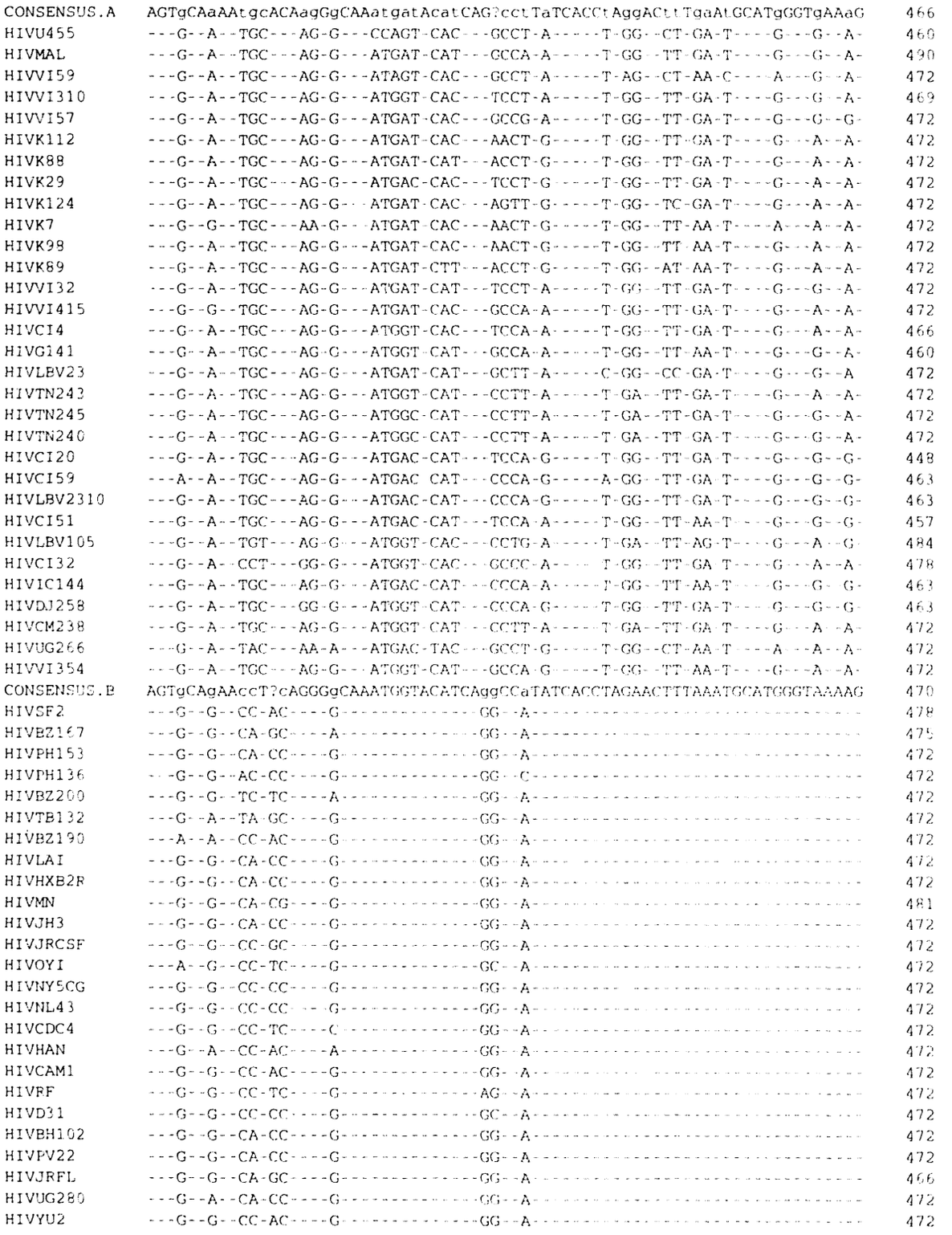
```
CONSENSUS.C     ??ACAcAgcag.....gcaaaagcgGCTGAC.....  365
HIVUG268        ....-G-AACA.....-----.....  357
HIVSM145        ....-C-GCAG.....GCAAAAGCG-----.....  366
HIVZAM18        AA---C-GCAG.....GCAAAAGCG-----.....  372
HIVZAM19        ....-C-GCAG.....GCAAAAGAG-----.....  366
HIVZAM20        ....-C-GCAG.....GCAAAAACG-----.....  366
HIVDJ259        ....-C-GAAG.....GCAGAAACA-----.....  366
HIVVI313        ....-C-GCAG.....GCAGCAGCG-----.....  366
CONSENSUS.D     ??gcACAGCAA?????????GcAaCAGCTGAc.....  362
HIVELI          ..GC-----.....-C-G------C.....  363
HIVZ2Z6         AGGC-----.....-C-G------C.....  366
HIVNDK          ..AC-----.....-C-G------T.....  363
HIVVI205        GAGC-----.....-C-G------C.....  366
HIVG109         ..GC-----GCACAGCAA-C-A------C.....  372
HIVK31          ..GC-----.....-A-A------C.....  363
HIVUG274        ..GC-----..... C-A------C.....  363
HIVUG270        ..GC-----.....-C-A------C.....  363
HIVSE365        ..GT-----.....-C-A------C.....  363
HIVVI203        ..GC-----.....-C-A------C.....  363
CONSENSUS.(E)   ..AcAcAGCAa.....g?gGCAGCTGAC.....  361
HIVVI174        .. C-C----G.....-----.....  360
HIVVI69         ..-A-C----A.....GTG-----.....  363
HIVBZ162        ..-C-A---- A.....GCG-----.....  362
CONSENSUS.O     ..acacagcag.....???g?aac?g??ga??????????.....??????????  338
HIVLBV217(F)    ..ATACAGCAG.....GCA.....GAT.....  357
HIVVI191(F)     ..ACACAAACG.....GAG.....  354
HIVVI525(G)     ..ACACAGCAA.....GCAACAGCTGAT.....  363
HIVVI557(G)     ..ACACAGCAG.....GCAACAGGTGAT.....  363
HIVVI325        ..GCACAGCAA.....GAAACAGCTAAC.....  363
HIVANT70        ..GACGCCGCT.....AAGGAAGAC.....  360
HIVMVP5180      ..GAGGCCGCT.....AAGGAAGAA.....  360
CPZGAB          ..GAACAACAG.....AGCAAAACTGAAAGTAACTCAGGA.....  360
```

HIV-1 GAG


p17 \/ p24
CONSENSUS.A ......ACAggaaacagcagc????????????.....aa?gtcAGcCAaAAttTACCCtAT 396
HIVU455 .....---GGAAGC.....T--A--T-----C-- 389
HIVMAL .....---AAAAACAGCAGC.....AGTGTC--T--A--T-----C-- 419
HIVVI59 .....---GGAAACAGCAAC.....AAGGTC--C--A--T-----C-- 401
HIVVI310 .....---...AACAGCAGC.....AAGGTC--T--T--C-----C-- 398
HIVVI57 .....---GGAAACAGCAGC.....AAAGTC--C--A--T-----T-- 401
HIVK112 .....---GAAAGCAGCAGC.....AAGGTC--C--A--T-----T-- 401
HIVK88 .....---GGAAACAGCAGC.....AAGGTC--C--A--T-----T-- 401
HIVK29 .....---GGAAACAGCAGC.....AAGGTC--C--A--T-----T-- 401
HIVK124 .....---GGAAACAGCAGC.....AAGGTC--C--A--T-----T-- 401
HIVK7 .....---GGAAACAGCAGC.....AAAGTC--C--A--T-----T-- 401
HIVK98 .....---GGAAACAGCAGC.....AAGGTC--C--A--T-----T-- 401
HIVK89 .....---GGAAACAACAGC.....AAGGTT--C--A--T-----T-- 401
HIVVI32 .....---GGAAACAGCGGC.....AAAGTC--C--A--T-----T-- 401
HIVVI415 .....---GGAAACAGCAGC.....AACGTC--C--A--T-----T-- 401
HIVCI4 .....---GGAAACAGCAGA.....CAGGTC--T--A--T-----T-- 395
HIVG141 .....---GGAAGCAGGAGC.....AGTACC--T--A--T-----C-- 389
HIVLBV23 .....---GGAAACGGCAGC.....AAAGTC--C--A--T-----C-- 401
HIVTN243 .....---GGAAGCAGCAGC.....AAAGTC--C--A--T-----T-- 401
HIVTN245 .....---GGAAGCAGCAGC.....AAAGTC--C--A--T-----T-- 401
HIVTN240 .....---GGAAGCAGCAGC.....AAAGTC--C--A--T-----T-- 401
HIVCI20 .....---GGA...AGCAGC.....--C--A--T-----T- 377
HIVCI59 .....---GGA...AGCGGC.....--C--A--T-----T-- 392
HIVLBV2310 .....---GGA...AGCAGC.....--C--A--T-----T-- 392
HIVCI51 .....---GGA...AGCAGC.....--T--A--T-----T-- 386
HIVLBV105 .....---GGAAGCAGCAACAAGGGCAGCCAA.....AATGTC--C--A--T-----T-- 413
HIVCI32 .....---GGA...AGCAAT.....--C--A--T-----T-- 407
HIVIC144 .....---GGA...AGCAGC.....--C--A--T-----T-- 392
HIVDJ258 .....---GGA...AGCAGC.....--C--A--T-----T-- 392
HIVCM238 .....---GGAAGCAGCAGC.....AAAGTC--C--A--T-----T-- 401
HIVUG266 .....---GGAAACAGCAAC.....AAGGTC--T--A--T-----C-- 401
HIVVI354 .....---GAAAACAGCAGC.....AAGGTC--T--A--T-----C-- 401
CONSENSUS.B ??????acAGgAaaCagcAgc.....cAgGTcAGCCAAAATTACCCtAT 400
HIVSF2 .....AC--G-AA-AGC-GC.....C-G--C----------T-- 407
HIVBZ167 .....GC--G-AC-AGC-GC.....C-G--C----------T-- 404
HIVPH153 .....AC--G-AG-TGC-GC.....C-G--T----------T-- 401
HIVPH136 .....AC--G-AA-AAG-GC.....C-G--C----------T-- 401
HIVBZ200 .....AC--G-AA-AGC-GC.....A-G--C----------T-- 401
HIVTB132 .....AC--A-AA-AGC-GC.....C-G--T----------T-- 401
HIVBZ190 .....AC--G-AA-AAC-GC.....C-G--C----------T-- 401
HIVLAI .....AC--G-CA-AGC-GC.....C-G--C----------T-- 401
HIVHXB2R .....AC--G-CA-AGC-AT.....C-G--C----------T-- 401
HIVMN GGAAACAG--G-AA-AGC-GC.....C-A--C----------C-- 410
HIVJH3 .....AC--G-AA-AGC-GC.....A-G--C----------T-- 401
HIVJRCSF .....AC--G-AA-AGC-GC.....C-G--C----------T-- 401
HIVOYI .....AC--G-AA-AGC-GC.....C-G--C----------T-- 401
HIVNY5CG .....AC--G-AA-AGC-GC.....C-G--C----------T-- 401
HIVNL43 .....AC--G-AA-AAC-GC.....C-G--C----------T-- 401
HIVCDC4 .....AC--G-AA-AGC-GC.....C-G--C----------T-- 401
HIVHAN .....GC--G-AA-AGA-AC.....C-G--C----------T-- 401
HIVCAM1 .....AC--G-AA-AGC-GC.....C-G--C----------T-- 401
HIVRF .....AC--G-AA-GGC-GC.....C-G--C----------T-- 401
HIVD31 .....GC--G-AA-AAC-GC.....C-G--C----------T-- 401
HIVBH102 .....AC--G-CA-AGC-GT.....C-G--C----------T-- 401
HIVPV22 .....AC--G-CA-AGC-GT.....C-G--C----------T-- 401
HIVJRFL .....AC--G-AA-AGC-GC.....C-G--C----------T-- 395
HIVUG280 .....AC--G-AA-AGC-GC.....C-G--C----------T-- 401
HIVYU2 .....AC--G-AA-AGC-GC.....C-G--C----------T-- 401

```
CONSENSUS.C     ......???GGA.....................................aAgGTCAGTCAAAATTatCCTAT   391
HIVUG268        ......AAA---.....................................A-G----------AT-----   386
HIVSM145        ..........-.....................................A-G----------AT-----   392
HIVZAM18        ..........-.....................................C-G----------AC-----   398
HIVZAM19        ..........-.....................................A-A----------AC-----   392
HIVZAM20        ..........-.....................................A-A----------TT-----   392
HIVDJ259        ......AAG---.....................................A-G----------TT-----   395
HIVVI313        ......AAT---.....................................A-G----------AT-----   395
CONSENSUS.D     ......acaagaaacAgCAgC.....................CAGGTCAGCCAAAATTAtCCTAT   400
HIVELI          ......ACAGGAAAC-A--G-.....................----------------T-----   401
HIVZ226         ......GCAGGGAAC-A--G-.....................----------------T-----   404
HIVNDK          ..............G--G-.....................----------------C-----   392
HIVVI205        ......ACAAAGAAC-G--G-.....................----------------T-----   404
HIVG109         ......ACAAGAAAC-G--A-.....................----------------T-----   410
HIVK31          ......ACAAGAAAC-G--G-.....................----------------T-----   401
HIVUG274        ......ACAAGAAAC-G--G-.....................----------------T-----   401
HIVUG270        ......ACAAGAAAC-G--G-.....................----------------T-----   401
HIVSE365        ......TCAGGAAAC-A--G-.....................----------------C-----   401
HIVVI203        ......ACAAGAAAC-G--G-.....................----------------C-----   401
CONSENSUS.(F)   ......AAAGGg.....................................GTCAGTCAaAATTACCCTAT   3
HIVVI174        ..........A.....................................--------G----------   386
HIVVI69         ..........G.....................................--------A----------   389
HIVBZ162        ..........G.....................................--------A----------   388
CONSENSUS.O     ??????aaagga?a?g?cag?????????????????????????ca?gtcagtcaAAATTAcCCtaT   371
HIVLBV217(F)    ......AAAGGAGACAACAGC.....................CAAGTCAGCCA------T--TA-   395
HIVVI191(F)     ......GAAGGAAACAGCAGT.....................CAAGTCAGTCA------T--TA-   392
HIVVI525(G)     ......AAGGAAAAAGACAAA.....................AAGGTCAGTCA------T--CA-   401
HIVVI557(G)     ......AAAGGAAATGGCAAC.....................AAGATCAGTCA------T--TA-   401
HIVVI425        ......AAAGGG...GTCAGT.....................CA------C--TA-   389
HIVANT70        ......ACAAGC...GCAAGG.....................CAGGCGGGTCA------C--TA-   395
HIVMVP5180      ......ACAAGC...CCTAGG.....................CAGACAAGTCA------C--TA-   395
CPZGAB          ......AGCCGTGAAGGGGGAGCCAGTCAAGGCGCTAGTGCCTCTGCTGGCATTAGTGG------C--CC-   425
```

HIV-1 GAG



```
CONSENSUS.C    AGTgCAgAATCTcCAAGGGCAAATGgTACAcCAGgCCaTaTCACCTAGAACtTTGAATGCaTGGGTaAAAG   462
HIVUG268       ---G--G-----C----------G----C---G--C-A----------T--------A-----A----   457
HIVSM145       ---G--G-----C----------G----C---G--A-A----------C--------A-----A----   463
HIVZAM18       ---G--G-----C----------A----C---G--A-A----------T--------A-----A----   469
HIVZAM19       ---G--G-----C----------G----C---G--A-A----------A--------A-----G----   463
HIVZAM20       ---A--G-----T----------G----T---G--A-A----------T--------A-----A----   463
HIVDJ259       ---A--G-----C----------G----C---C--C-A----------T--------A-----A----   466
HIVVI313       ---G--A-----C----------G----C---C--A-G----------T--------G-----A----   466
CONSENSUS.D    AGTgCAaAACcTaCAgGGGCAaATGGTACAcCAgGcCaTaTCACCTAGaACtTTgAAcGCATGGGTaaAAG   471
HIVELI         ---G--G---C-A--G-----A--------T--G-C-A-A--------A--T--G--C--------AA---   472
HIVZ2Z6        ---G--G---C-A--G-----A--------T--G-C-A-A--------A--T--G--C--------AA---   475
HIVNDK         ---G--G---C-A--G-----A--------T--G-C-A-A--------A--T--G--C--------AA---   463
HIVVI205       ---G--G---C-A--A-----A--------T--G-C-A-A--------A--T--A--T--------AG---   475
HIVG109        ---G--A---C-G--G-----A--------C--G-C-C-G--------A--T--G--C--------AA---   481
HIVK31         ---G--A---C-A--G-----A--------C--G-T-A-G--------G--C--G--C--------AA---   472
HIVUG274       ---G--A---C-A--G-----A--------C--G-C-A-A--------A--T--G--T--------AA---   472
HIVUG270       ---A--A---T-A--G-----A--------C--G-C-A-A--------A--T--G--C--------AA---   472
HIVSE365       ---G--A---C-A--G-----A--------C--A-C-C-A--------G--T--G--C--------CA---   472
HIVVI203       ---G--A---C-A--G-----G--------C--G-C-C-A--------A--T--G--C--------AA---   472
CONSENSUS.(E)  AGTACAaAATCTTCAGGGACAAATGGTACAtCAGgCtATATCACCTAGAACTTTAAATGCATGGGTAAAGG   458
HIVVI174       ------A----------------------T---G-T-------------------------------   457
HIVVI69        ------A----------------------C---G-C-------------------------------   460
HIVBZ162       ------G----------------------T---T-T-------------------------------   459
CONSENSUS.O    agTacagaatgc?caaGGgcaaatggtaCAcCAggCcaTatCaCCtAG?ACtTTaAATGCaTGGGTaAAag   440
HIVLBV217(F)   AG-GCAGAATGCACAA--GCAAATGGTA--C--GC-CA-AT-A--T--G--T--A-----A-----A--AG   466
HIVVI191(F)    AG-GCAGAATGCACAA--GCAAATGGTA--C--GC-CT-AA-A--T--A--T--G-----A-----A--AG   463
HIVVI525(G)    AG-ACAGAATGCCCAA--GCAGATGGTA--C--GG-CA-AT-A--T--G--C--A-----A-----A--AG   472
HIVVI557(G)    AG-ACAAAATGCCCAA--ACAGCCGGTA--C--GG-CA-AT-A--T--G--C--A-----A-----A--AG   472
HIVVI325       AG-ACAGAATATGCAG--GCAAATGGTA--C--GC-CC-AT-A--T--A--T--A-----A-----G--AG   460
HIVANT70       AG-ATCAAATGCGCAG--ACAAATGGTA--T--GG-CA-CT-C--C--G--T--A-----A-----A--GG   466
HIVMVP5180     AG-AACAAATGCACAG--ACAAATGGTA--T--AG-CA-CT-C--C--G--T--A-----A-----A--GG   466
CPZGAB         CG-ACAAAATGCTCAA--GCAGATGGTG--T--GG-CA-CT-A--C--A--C--G-----A-----A--AG   496
```

HIV-1 GAG

```
CONSENSUS.A   taaTAGAagAaAagGcTTTcAgcCcAGAaGTaATACCCAtGTTctCaGcaTTaTCAGAgGGaGCcACccCa   537
HIVU455       TAG----AG-C-AG-C---C-GC-C---A--A-------T---TT-A-CA--A-----G--A--C--CC-A   531
HIVMAL        TAA----AG-A-AG-C---C-GC-C---A--G-------T---CT-A-CA--A-----G--G--C--CC-A   561
HIVVI59       TAG----AG-A-AG-C---C-GC-C---A--A-------T---CT-A-AA--A-----A--A--C--CC-A   543
HIVVI310      TAA----AG-A-GG-C---C-GC-C---G--A-------T---TT-A-CA--A-----G--A--C--CC-A   540
HIVVI57       TAA----AG-A-AG-C---C-GC-C---A--A-------T---CT-A-CA--A-----A--A--C--CC-A   543
HIVK112       TAA----AG-A-AG-C---C-GC-C---A--A-------T---CT-G-CA--A-----A--A--C--CC-A   543
HIVK88        TAA----AG-A-AG-C---C-GC-C---A--A-------T---CT-A-CA--A-----A--A--C--CC-A   543
HIVK29        TAA----AG-A-AG-C---C-GC-C---A--A-------T---CT-A-CA--A-----A--A--C--CC-A   543
HIVK124       TAA----AG-A-AG-C---C-GC-C---A--A-------T---CT-A-CA--A-----A--A--C--CC-A   543
HIVK7         TAA----AG-A-AG-C---C-GC-T---A--A-------T---TT-A-CA--A-----A--A--C--CC-A   543
HIVK98        TAA----AG-A-AA-C---C-GC-C---A--A-------T---CT-A-CT--A-----A--A--C--CC-A   543
HIVK89        TAA----AG-A-AG-C---C-GC-C---A--A-------T---CT-A-CA--A-----A--A--C--CC-A   543
HIVVI32       TAA----AG-A-AG-C---T-GC-C---A--A-------C---CT-A-CA--G-----A--A--C--CC-A   543
HIVVI415      TAA----AG-A-AG-C---C-GC-C---A--A-------T---CT-A-CA--A-----A--A--C--TC-A   543
HIVCI4        TAA----AG-A-AG-C---C-GC-C---A--A-------T---TT-A-CA--A-----A--A--C--CC-A   537
HIVG141       TAA----AG-A-AG-C---C-GC-C---A--A-------T---CT-A-CA--A-----A--A--C--CC-A   531
HIVLBV23      CAA----AG-A-AG-C---T-GC-C---A--A-------T---CA-A-CA--A-----G--A--C--CC-A   543
HIVTN243      TAG----AG-A-AG-G---T-AC-C---A--A-------T---CT-A-CA--A-----G--A--C--CC-A   543
HIVTN245      TAG----AG-A-AG-G---T-AC-C---A--A-------T---CT-A-CA--A-----G--A--C--CC-A   543
HIVTN240      TAG----AG-A-AG-G---T-AC-C---A--A-------T---CT-A-CA--A-----G--A--C--CC-A   543
HIVCI20       TAA----GG-A-AG-C---C-GC-C---A--A-------T---TA-A-CA--A-----G--A--C--CC-A   519
HIVCI59       TAA----AG-A-AG-C---C-GC-C---A--A-------T---TA-A-CA--A-----G--A--C--CC-A   534
HIVLBV2310    TAA----AG-A-AG-C---C-GC-C---A--A-------T---TT-A-CA--A-----G--A--C--CC-A   534
HIVCI51       CAA----AG-A-GG-C---T-GC-C---A--A-------T---TT-A-CA--A-----G--A--C--CC-G   528
HIVLBV105     TGA----AG-G-AG-G---C-AC-C---A--A-------T---CT-A-CA--A-----G--A--T--CC-A   555
HIVCI32       TAA----AG-G-AG-C---C-GC-C---A--G-------T---TA-A-CA--A-----A--A--C--CC-A   549
HIVIC144      TAA----AG-A-AG-C---C-GC-C---A--A-------T---TT-A-CA--A-----G--A--C--CC-G   534
HIVDJ258      TAA----GG-A-AG-C---C-GC-C---A--A-------T---TA-A-CA--A-----G--A--C--CC-A   534
HIVCM238      TAG----AA-A-AG-G---T-AC-C---A--A-------T---CT-A-CA--A-----G--A--C--CC-A   543
HIVUG266      TAG----GG-A-AG-C---C-GC-C---A--A-------T---TT-A-CA--A-----A--A--C--CT-A   543
HIVVI354      TAA----AG-A-AA-G---C-GT-C---A--A-------T---CT-A-CA--A-----G--A--C--CC-A   543
CONSENSUS.B   TagTaGAAGAgAAGGCtTTcAGCCCaGAaGTaATACCCATGTTTtCAGCATTAtCAGAAGGaGCCACCCCa   541
HIVSF2        -AG-A-----A-----T--C-----A--A--A----------T--------T-------A--------A   549
HIVBZ167      -GA-A-----G-----T--C-----A--A--A----------T--------T-------A--------A   546
HIVPH153      -AG-A-----G-----T--C-----A--A--A----------T--------T-------A--------A   543
HIVPH136      -AG-A-----G-----T--C-----A--A--A----------T--------T-------A--------A   543
HIVBZ200      -AG-A-----G-----T--C-----A--G--A----------T--------T-------A--------A   543
HIVTB132      -AG-A-----A-----T--C-----A--G--A----------T--------T-------A--------A   543
HIVBZ190      -AG-A-----A-----T--C-----A--A--A----------T--------G-------A--------A   543
HIVLAI        -AG-A-----G-----T--C-----A--A--G----------T--------T-------A--------A   543
HIVHXB2R      -AG-A-----G-----T--C-----A--A--G----------T--------T-------A--------A   543
HIVMN         -AG-A-----G-----T--C-----A--A--A----------T--------T-------A--------A   552
HIVJH3        -AG-A-----G-----T--T-----A--A--A----------T--------T-------A--------G   543
HIVJRCSF      -AA-A-----G-----T--C-----C--A--A----------T--------T-------A--------A   543
HIVOYI        -AG-A-----G-----T--C-----A--A--A----------T--------G-------A--------A   543
HIVNY5CG      -AG-A-----G-----T--C-----A--A--A----------T--------T-------A--------A   543
HIVNL43       -AG-A-----G-----T--C-----A--A--A----------T--------T-------A--------A   543
HIVCDC4       -AA-A-----G-----T--C-----A--A--T----------G--------T-------C--------A   543
HIVHAN        -AG-G-----G-----T--C-----A--A--A----------T--------T-------A--------A   543
HIVCAM1       -AG-A-----G-----T--C-----A--A--A----------T--------T-------A--------A   543
HIVRF         -AG-A-----G-----T--T-----A--A--A----------T--------T-------A--------A   543
HIVD31        -AG-A-----G-----T--C-----A--A--A----------T--------T-------A--------A   543
HIVBH102      -AG-A-----G-----T--C-----A--A--A----------T--------T-------A--------A   543
HIVPV22       -AG-A-----G-----T--C-----A--A--G----------T--------T-------A--------A   543
HIVJRFL       -AG-A-----G-----T--C-----C--A--A----------T--------T-------A--------A   537
HIVUG280      -AG-A-----G-----T--T-----A--A--A----------T--------T-------A--------A   543
HIVYU2        -AG-G-----G-----G--C-----A--A--A----------T--------T-------A--------A   543
```

```
CONSENSUS.C     TAATAGAgGagAAgGCtTTcAGCCcagag?TAATACCCATGTTTACAGCATTATCAGAAGGAGCCACCCCa   532
HIVUG268        -------G-AA--G--T--C----CAGAGG-----------------------------------------A   528
HIVSM145        -------A-AG--G--C--T----CGGAGA-----------------------------------------G   534
HIVZAM18        -------G-GA--A--C--T----CAGAGA-----------------------------------------A   540
HIVZAM19        -------G-RA--G--T--C----CA.......................................... 489
HIVZAM20        -------G-AG--G--T--A----AGAGGA-----------------------------------------A   534
HIVDJ259        -------G-AG--G--T--C----CAGAAG-----------------------------------------A   537
HIVVI313        -------G-AG--G--T--C----CGGAGG-----------------------------------------A   537
CONSENSUS.D     TAATAGAaGA?AAGGctTTcAgcCCaGAaGTaAtACCCATGTTTtCAGCAtTaTCAGAAGGAGCCACcCCA   541
HIVELI          -------A--A----CT--C-GC--A--A--A-T----------T-----T-A----------C---     543
HIVZ2Z6         -------A--A----CT--C-GC--A--A--A-T----------T-----T-A----------C---     546
HIVNDK          -------A--A----CC--C-GC--G--A--A-T----------T-----T-A----------C---     534
HIVVI205        -------A--A----CT--C-GC--C--A--G-C----------T-----T-A----------T---     546
HIVG109         -------A--G----CT--C-AC--A--G--A-T----------G-----T-G----------C---     552
HIVK31          -------G--G----CT--T-GC--A--A--A-T----------T-----T-A----------C---     543
HIVUG274        -------G--G----CT--T-GC--A--A--A-T----------A-----T-A----------C---     543
HIVUG270        -------G--G----CT--T-GC--A--A--A-T----------T-----T-A----------C---     543
HIVSE365        -------A--G----AT--C-GC--A--A--G-T----------A-----C-A----------C---     543
HIVVI203        -------G--A----CT--C-AT--A--A--A-T----------T-----T-A----------C---     543
CONSENSUS.(E)   TGATAGAAGAGAAgGCTTTTAGcCCAGAAGTAATACCCATGTTtTCAGCATTATCAGAAGGgGCCACtCCA   529
HIVVI174        ------------A--------C-------------------C----------------G-----C---     528
HIVVI69         ------------G--------T-------------------T----------------A-----T---     531
HIVBZ162        ------------G--------C-------------------T----------------G-----T---     530
CONSENSUS.O     tagTAGAaGAaAAggccTT?AgcCCaGAagTaATaCCcATGTTttcaGCatTatCAGAaGGaGCcacccCa   510
HIVLBV217(F)    TAG----A--A--GGCC--C-GT--A--AG-A--A--C-----TTCA--AT-AT----A--A--CACTC-A   537
HIVVI191(F)     TAA----A--A--GAAC--C-GT--A--AG-A--A--C-----TTCA--AT-AT----A--A--CACCC-A   534
HIVVI525(G)     TAG----A--A--GGCT--T-GC--A--AG-A--A--T-----TTCA--AT-AT----A--A--CACCC-A   543
HIVVI557(G)     TAG----A--G--GGCT--T-GC--A--AG-A--A--C-----TTCA--AT-AT----A--A--CACCC-A   543
HIVVI325        TAA----A--A--GGCT--C-GC--A--AG-A--A--C-----TTCA--AT-AG----T--A--CACTC-A   531
HIVANT70        CAG----A--A--AGCC--T-AC--T--AA-C--T--T-----CATG--AT-GT----G--A--AATTT-C   537
HIVMVP5180      CAG----A--G--GGCC--T-AC--T--AA-T--T--T-----TATG--AT-AT----A--G--TGTCC-C   537
CPZGAB          TGG----G--A--GGCA--T-GC--T--GG-A--A--A-----TTCA--TC-AT----G--A--CTTAC-T   567
```

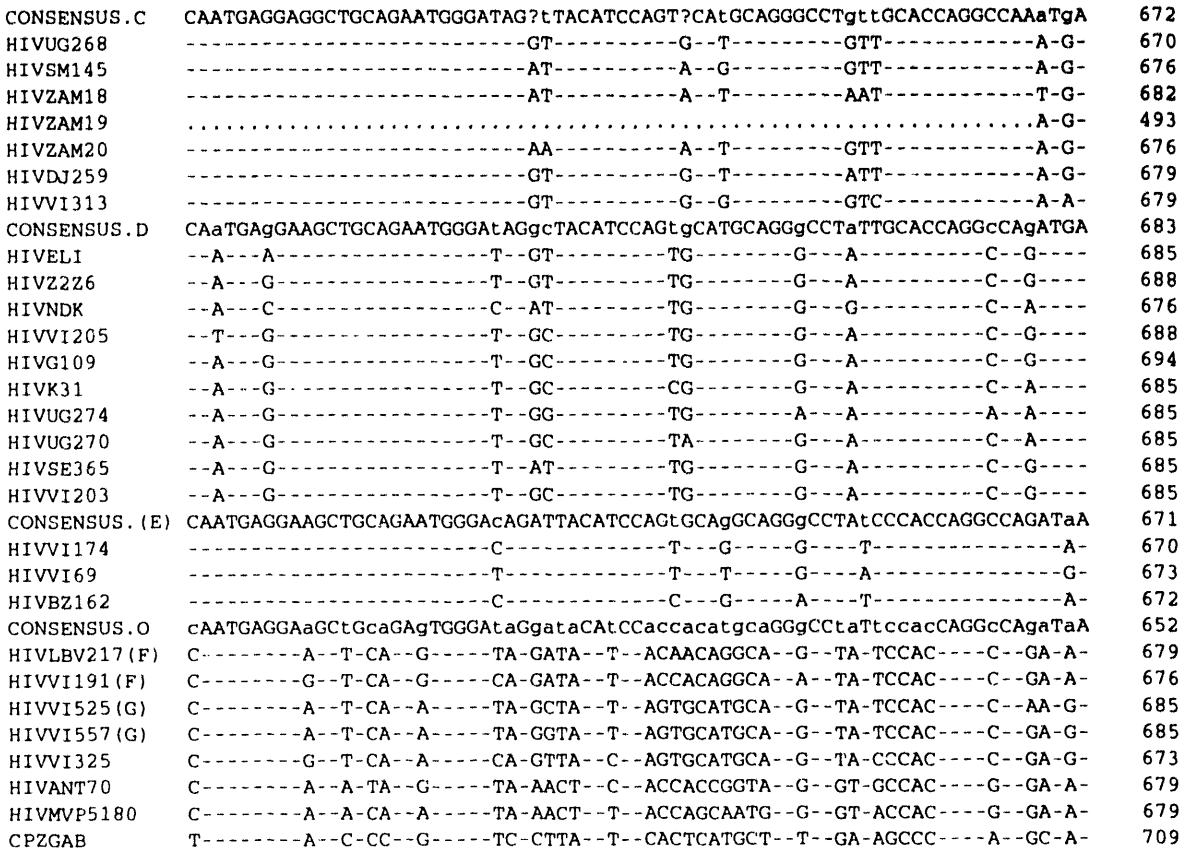
HIV-1 GAG

```
CONSENSUS.A   CAagATtTaAAtatgATGcTgAAcatAGTggggGGaCAcCAgGCAGCtATGCAaATGtTaAAagAtaCcAT   608
HIVU455       --AG--T-A--TATG---C-G--TGT---GGGG--A--C--G-----T-----A---T-A--AG-TA-C--   602
HIVMAL        --AG--T-A--TATG---C-G--CAT---TGGA--A--C--G-----T-----A---T-A--AG-TA-C--   632
HIVVI59       --AG--T-A--TATG---C-A--TGT---AGGA--A--C--G-----T-----A---T-A--AG-TA-C--   614
HIVVI310      --AG--T-A--TATG---C-G--TAT---AGGG--A--C--G-----C-----A---T-A--AG-TA-C--   611
HIVVI57       --AG--T-G--TATG---C-G--CAT---GGGG--G--C--G-----T-----A---T-A--AG-TA-C--   614
HIVK112       --AG--T-A--TATG---C-A--CAT---GGGG--A--C--G-----T-----A---T-A--AG-TA-C--   614
HIVK88        --AG--T-A--TATG---C-G--CAT---GGGG--A--C--G-----T-----A---T-A--AG-TA-C--   614
HIVK29        --AG--T-A--TATG---C-G--CAT---GGGG--A--T--G-----T-----A---T-A--AG-TA-C--   614
HIVK124       --AG--T-A--TATG---C-G--CAT---GGGG--A--C--G-----T-----A---T-A--AA-TA-C--   614
HIVK7         --AG--T-A--TGTG---C-G--CAT---AGGG--A--C--G-----T-----A---T-A--AG-CA-C--   614
HIVK98        --AG--T-A--TGTG---C-G--CAT---GGGG--A--C--G-----T-----A---T-A--AG-CA-C--   614
HIVK89        --AG--T-A--TATG---C-G--TAT---GGGG--A--C--G-----T-----A---T-A--AG-TA-C--   614
HIVVI32       --AG--T-A--TATG---C-A--TAT---GGGG--A--C--G-----T-----A---T-A--AG-TG-C--   614
HIVVI415      --AG--T-A--TATG---C-G--CAT---AGGG--A--C--G-----T-----A---T-A--AG-TA-A--   614
HIVCI4        --AG--T-A--TATG---C-G--TAT---GGGG--A--C--A-----T-----A---T-A--AG-TA-C--   608
HIVG141       --AG--T-A--TATG---C-G--CAT---TGGA--A--C--G-----T-----A---T-A--AG-TA-C--   602
HIVLBV23      --AG--T-A--TATG---C-G--CAT---GGGG--A--C--G-----T-----A---T-A--AG-TA-C--   614
HIVTN243      --AG--T-A--TATG---C-A--TAT---GGGG--A--C--G-----A-----A---T-A--AG-AA-C--   614
HIVTN245      --AG--T-A--TATG---C-A--TAT---GGGG--A--C--G-----A-----A---T-A--AG-AA-C--   614
HIVTN240      --AG--T-A--TATG---T-A--TAT---GGGG--A--C--G-----A-----A---T-A--AG-AA-C--   614
HIVCI20       --AG--T-A--TATG---C-A--CAT---GGGG--A--C--A-----A-----G---T-A--AG-TA-C--   590
HIVCI59       --AG--T-G--TATG---C-A--CAT---GGGG--A--C--G-----A-----G---T-A--AG-TA-C--   605
HIVLBV2310    --AG--T-G--TATG---C-A--CAT---GGGG--A--C--G-----A-----A---T-A--AG-TA-C--   605
HIVCI51       --AG--T-A--TATG---C-A--CAT---GGGG--A--C--G-----A-----G---T-A--GG-TA-C--   599
HIVLBV105     --AG--T-A--TATG---C-G--CAT---GGGG--A--C--G-----T-----A---T-A--AG-TA-C--   626
HIVCI32       --GG--T-A--CACC---T-A--CAC---AGGG--A--C--A-----C-----A---T-A--AG-TA-C--   620
HIVIC144      --AG--T-A--TATG---C-A--CAT---GGGG--A--C--G-----A-----G---T-G--AG-TA-C--   605
HIVDJ258      --AG--C-A--TATG---C-A--CAT---GGGG--A--C--G-----A-----G---T-A--AG-TA-C--   605
HIVCM238      --AG--T-A--TATG---C-A--TAT---GGGG--A--C--G-----A-----A---T-A--AG-AA-C--   614
HIVUG266      --AG--T-A--TATG---C-G--TGT---AGAA--A--C--G-----T-----A---C-A--GG-TA-C--   614
HIVVI354      --AA--C-A--TATA---C-A--CAT---TAAA--A--T--G-----T-----A---T-A--AG-TA-C--   614
CONSENSUS.B   CAAGATtTAAAcACcATGcTAAACACAGTGGGGGGACAtCAAGCAGCcATGCAAATGtTAAAAGAgACcAT   612
HIVSF2        ------T----C--C---C-------------------T--------C---------T-------G--T--   620
HIVBZ167      ------T----C--C---T-------------------C--------C---------T-------T--C--   617
HIVPH153      ------T----C--C---C-------------------T--------C---------T-------G--C--   614
HIVPH136      ------T----C--T---C-------------------T--------C---------T-------G--C--   614
HIVBZ200      ------T----C--C---C-------------------T--------C---------T-------A--C--   614
HIVTB132      ------T----C--C---C-------------------T--------C---------T-------G--C--   614
HIVBZ190      ------T----C--C---C-------------------T--------C---------T-------G--C--   614
HIVLAI        ------T----C--C---C-------------------T--------C---------T-------G--C--   614
HIVHXB2R      ------T----C--C---C-------------------T--------C---------T-------G--C--   614
HIVMN         ------T----C--C---C-------------------T--------C---------T-------G--C--   623
HIVJH3        ------T----C--C---C-------------------T--------C---------T-------A--C--   614
HIVJRCSF      ------T----C--C---C-------------------T--------T---------C-------A--C--   614
HIVOYI        ------C----C--C---C-------------------T--------C---------T-------G--C--   614
HIVNY5CG      ------T----T--C---C-------------------T--------C---------T-------G--C--   614
HIVNL43       ------T----T--C---C-------------------T--------C---------T-------G--C--   614
HIVCDC4       ------T----C--C---C-------------------T--------C---------T-------G--C--   614
HIVHAN        ------T----C--C---C-------------------T--------C---------T-------A--C--   614
HIVCAM1       ------T----C--C---C-------------------T--------C---------T-------G--C--   614
HIVRF         ------T----C--C---C-------------------T--------C---------T-------G--T--   614
HIVD31        ------T----C--C---C-------------------T--------C---------T-------G--C--   614
HIVBH102      ------T----C--C---C-------------------T--------C---------T-------G--C--   614
HIVPV22       ------T----C--C---C-------------------T--------C---------T-------G--C--   614
HIVJRFL       ------T----C--C---C-------------------T--------C---------C-------G--C--   608
HIVUG280      ------T----C--C---C-------------------T--------C---------T-------G--C--   614
HIVYU2        ------T----C--C---C-------------------C--------C---------T-------G--C--   614
```

```
CONSENSUS.C     CAAGATtTaAACACCATGtTAAATACAGTgGGGGGACAtCAAGCAGCCATGCAaATGTTAAAAGAtACcAT    603
HIVUG268        ------T-A---------C----------G--------T-------------A----------C--C--    599
HIVSM145        ------T-A---------T----------G--------T-------------A----------T--C--    605
HIVZAM18        ------T-A---------T----------G--------T-------------G----------T--C--    611
HIVZAM19        ..........................................................................    489
HIVZAM20        ------C-A---------T----------G--------C-------------A----------C--C--    605
HIVDJ259        ------T-A---------T----------G--------T-------------A----------T--C--    608
HIVVI313        ------T-G---------T----------A--------T-------------A----------T--A--    608
CONSENSUS.D     CAaGATtTAAAcaCCATGcTAAAcACaGtGGGGGGaCATCAaGCAGCcATGCAAATGtTAAAaGAgACCAT    612
HIVELI          --A---T----CA-----C----C--A-T------A-----A-----C---------C----A--G-----    614
HIVZ2Z6         --A---T----TA-----C----C--A-T------A-----A-----C---------C----G--G-----    617
HIVNDK          --A---T----CA-----C----C--A-T------A-----A-----T---------C----A--G-----    605
HIVVI205        --G---T----CA-----C----C--A-T------A-----T-----T---------C----A--G-----    617
HIVG109         --A---C----CA-----T----T--A-C------A-----A-----T---------T----A--G-----    623
HIVK31          --A---T----CA-----C----C--G-T------G-----A-----C---------T----A--G-----    614
HIVUG274        --G---T----CA-----C----C--A-T------A-----A-----C---------T----A--A-----    614
HIVUG270        --A---T----CG-----C----C--A-T------A-----A-----C---------T----A--G-----    614
HIVSE365        --G---T----CA-----T----C--A-T------A-----A-----C---------T----A--A-----    614
HIVVI203        --A---T----CA-----C----T--A-T------A-----A-----C---------T----A--G-----    614
CONSENSUS.(E)   CAAGATTTAAACACCATGcTAAAtACAGTGGGGGGACATCAaGCAGCcATGCAAATGTTAAAAGACACCAT    600
HIVVI174        ------------------C----T----------------A-----T-----------------------    599
HIVVI69         ------------------C----C----------------G-----C-----------------------    602
HIVBZ162        ------------------T----T----------------A-----C-----------------------    601
CONSENSUS.O     cAaGAttTaAAtaccatGctaAAtacagTgGGgGgaCAtCAAGcaGCtaTgCAaaTgctaAAgGAtacaAT    581
HIVLBV217(F)    C-A--TC-A--TACCAT-CTA--TACAG-G--G-GA--T----CA--TA-G--AA-GCTA--G--TACT--    608
HIVVI191(F)     C-A--TT-A--TACCAT-CTA--CACAG-G--G-GG--T----CA--TA-G--AA-GCTA--G--TACT--    605
HIVVI525(G)     C-A--CT-A--TGCCAT-CTA--TACAG-G--G-GG--T----CA--CA-G--AA-ACTA--A--TACA--    614
HIVVI557(G)     C-A--TT-A--TGCCAT-TTA--TATAG-G--G-GA--T----CA--CA-G--AA-GTTA--A--TACA--    614
HIVVI325        C-A--TT-A--CACCAT-CTA--CACAG-G--G-GA--T----CA--TA-G--AA-GTTA--A--TACT--    602
HIVANT70        T-T--TA-T--TACTAT-CTA--TGCCA-A--A-GA--T----GA--TT-A--AG-GCTA--G--AGTA--    608
HIVMVP5180      T-T--TA-C--TACCAT-CTG--TGCCA-A--G-GA--C----GG--TT-A--AG-GTTG--G--AGTA--    608
CPZGAB          C-G--TG-T--CACCAT-TTA--TGCAG-A--G-GA--T----GA--CA-G--AG-GCTA--G--AGTC--    638
```

HIV-1 GAG

```
CONSENSUS.A   cAATGagGAaGCTGCAGaaTgGGAcAGg?tACAtCCAGTaCatGCAgGGCCTattcCaCcagGcCAgaTgA   678
HIVU455       C----AG--A-------AG-G---C--GTT---T-----G-AT---G-----ATTC-A-CAG-C--GA-G-   673
HIVMAL        C----AG--A-------AC-G---C--GGT---T-----A-AT---G-----ATTC-C-CAG-C--GA-G-   703
HIVVI59       C----AA--A-------AA-A---C--GTT---T-----G-AT---A-----ATTC-A-CAG-C--GA-G-   685
HIVVI310      C----AG--A-------AA-G---C--GGT---T-----A-AG---G-----GTTC-A-CAG-C--GA-G-   682
HIVVI57       C----AG--A-------AA-G---C--GTT---T-----A-AT---G-----ATTC-A-CAG-C--AA-G-   685
HIVK112       C----AG--A-------AA-G---C--GTT---T-----A-AT---G-----ATTC-A-CAG-C--GA-G-   685
HIVK88        C----AG--A-------AA-G---C--GTT---T-----A-AT---G-----ATTC-A-CAG-C--GA-G-   685
HIVK29        C----AG--A-------AA-G---C--GTT---T-----A-AT---G-----ATTC-A-CAG-C--GA-G-   685
HIVK124       C----AG--A-------AA-G---C--GTT---T-----A-AT---G-----ATTC-A-CAG-C--GA-G-   685
HIVK7         C----AA--A-------AA-A---C--GTT---T-----A-AT---G-----ATCC-A-CAG-C--GA-G-   685
HIVK98        C----AA--A-------AA-G---T--GTT---T-----A-AT---G-----ATTC-A-CAG-C--GA-G-   685
HIVK89        C----AG--A-------AA-G---C--GTT---T-----A-AT---G-----ATTC-A-CAG-C--AA-G-   685
HIVVI32       C----AG--A-------GA-G---C--GTT---T-----A-AT---G-----ATTC-A-CAG-C--AA-G-   685
HIVVI415      C----AG--A-------AA-G---C--GTT---T-----A-AT---G-----ATTC-A-CAG-C--AA-G-   685
HIVCI4        C----GG--A-------AA-G---C--GGT---T-----A-AT---G-----ATTC-A-TAG-C--GA-G-   679
HIVG141       C----AG--A-------AC-G---C--GAC---T-----A-AT---G-----GCTC-A-CAG-C--AA-G-   673
HIVLBV23      T----AG--G-------AA-G---C--GGT---T-----A-AG---G-----TATC-A-CAG-C--GC-G-   685
HIVTN243      C----AG--A-------AA-G---T--GGT---C-----A-AT---G-----ATTC-A-CAG-C--GA-G-   685
HIVTN245      C----AG--A-------AA-G---T--GGT---C-----A-AT---G-----ATTC-A-CTG-C--GA-G-   685
HIVTN240      C----AG--A-------AA-G---T--GGT---C-----A-AT---G-----ATTC-A-CAG-C--GA-G-   685
HIVCI20       C----AA--A-------AA-G---C--GGT---T-----A-AC---G-----ATTC-A-CAG-C--GA-G-   661
HIVCI59       C----AG--A-------AA-G---C--GGT---T-----A-AG---G-----ATTC-A-CAG-C--GA-G-   676
HIVLBV2310    C----AG--A-------AA-G---C--AGT---T-----A-AT---G-----ATTC-A-CAG-C--GA-G-   676
HIVCI51       C----AG--A-------AA-G---C--AAC---T-----A-AT---G-----ATTC-A-CAG-C--GA-G-   670
HIVLBV105     C----AG--A-------AA-G---C--GAC---T-----A-GT---G-----ATTC-A-CAG-C--GA-G-   697
HIVCI32       C----AG--A-------AA-G---T--AGT---T-----A-AT---G-----ATTG-A-CAG-C--GA-G-   691
HIVIC144      C----AG--A-------AA-G---C--GGT---T-----A-AT---G-----ATTC-A-CAG-C--GA-G-   676
HIVDJ258      C----AG--A-------AA-G---C--GGT---T-----A-AT---G-----ATTC-A-CAG-C--AA-G-   676
HIVCM238      C----AG--A-------AA-G---T--GGT---C-----A-AT---G-----ATTC-A-CAG-C--GA-G-   685
HIVUG266      C----AA--A-------AA-A---C--GTT---T-----G-AA---A-----ATTC-A-CTG-C--GA-G-   685
HIVVI354      C----AG--A-------AA-G---C--GAT---T-----A-AG---G-----ATTC-A-CAA-T--GA-A-   685
CONSENSUS.B   CAATGAGGAAGCTGCAGAATgGGATAGAtTgCAtCCAGtgCAtGCAGGGCCTaTTgCaCCAGGcCAgATGA   683
HIVSF2        --------------------G-------G-G--T----TG--T---------A--G-A-----C--A----   691
HIVBZ167      --------------------G-------T-G--T----TG--T---------A--G-A-----C--A----   688
HIVPH153      --------------------G-------T-G--T----TG--T---------A--G-A-----C--G----   685
HIVPH136      --------------------G-------T-G--T----TG--T---------G--G-G-----C--G----   685
HIVBZ200      --------------------A-------T-G--T----TG--T---------A--G-A-----C--G----   685
HIVTB132      --------------------G-------T-G--T----TG--T---------A--G-A-----C--G----   685
HIVBZ190      --------------------G-------T-G--T----TG--T---------A--G-A-----C--G----   685
HIVLAI        --------------------G-------G-G--T----TG--T---------A--G-A-----C--G----   685
HIVHXB2R      --------------------G-------G-G--T----TG--T---------A--G-A-----C--G----   685
HIVMN         --------------------G-------T-G--T----TG--T---------A--A-A-----C--G----   694
HIVJH3        --------------------G-------T-G--T----CG--G---------A--G-A-----C--G----   685
HIVJRCSF      --------------------G-------T-G--T----TG--T---------A--G-A-----C--G----   685
HIVOYI        --------------------G-------T-G--T----TA--T---------A--G-A-----C--G----   685
HIVNY5CG      --------------------G-------T-G--T----TG--T---------A--G-A-----C--G----   685
HIVNL43       --------------------G-------T-G--T----TG--T---------A--G-A-----C--G----   685
HIVCDC4       --------------------G-------T-G--T----TG--T---------A--G-A-----C--G----   685
HIVHAN        --------------------G-------T-G--C----TG--T---------A--G-A-----C--G----   685
HIVCAM1       --------------------G-------T-G--T----TG--T---------A--G-A-----C--G----   685
HIVRF         --------------------G-------T-G--T----TG--T---------A--G-A-----T--G----   685
HIVD31        --------------------G-------T-G--T----TG--T---------A--G-A-----C--G----   685
HIVBH102      --------------------G-------G-A--T----TG--T---------A--G-A-----C--G----   685
HIVPV22       --------------------G-------G-G--T----TG--T---------A--G-A-----C--G----   685
HIVJRFL       --------------------G-------T-G--T----TG--T---------A--G-A-----C--A----   679
HIVUG280      --------------------G-------T-G--T----TG--T---------A--G-A-----C--G----   685
HIVYU2        --------------------G-------T-G--T----TG--T---------A--G-A-----C--G----   685
```



```
CONSENSUS.C     CAATGAGGAGGCTGCAGAATGGGATAG?tTACATCCAGT?CAtGCAGGGCCTgttGCACCAGGCCAAaTgA  672
HIVUG268        ---------------------------GT----------G--T---------GTT------------A-G-  670
HIVSM145        ---------------------------AT----------A--G---------GTT------------A-G-  676
HIVZAM18        ---------------------------AT----------A--T---------AAT------------T-G-  682
HIVZAM19        ..........................................................................A-G-  493
HIVZAM20        ---------------------------AA----------A--T---------GTT------------A-G-  676
HIVDJ259        ---------------------------GT----------G--T---------ATT------------A-G-  679
HIVVI313        ---------------------------GT----------G--G---------GTC------------A-A-  679
CONSENSUS.D     CAaTGAgGAAGCTGCAGAATGGGAtAGgcTACATCCAGtgCATGCAGGgCCTaTTGCACCAGGcCAgATGA  683
HIVELI          --A---A-----------------T--GT---------TG--------G---A----------C--G----  685
HIVZ2Z6         --A---G-----------------T--GT---------TG--------G---A----------C--G----  688
HIVNDK          --A---C-----------------C--AT---------TG--------G---G----------C--A----  676
HIVVI205        --T---G-----------------T--GC---------TG--------G---A----------C--G----  688
HIVG109         --A---G-----------------T--GC---------TG--------G---A----------C--G----  694
HIVK31          --A---G-----------------T--GC---------CG--------G---A----------C--A----  685
HIVUG274        --A---G-----------------T--GG---------TG--------A---A----------A--A----  685
HIVUG270        --A---G-----------------T--GC---------TA--------G---A----------C--A----  685
HIVSE365        --A---G-----------------T--AT---------TG--------G---A----------C--G----  685
HIVVI203        --A---G-----------------T--GC---------TG--------G---A----------C--G----  685
CONSENSUS.(E)   CAATGAGGAAGCTGCAGAATGGGAcAGATTACATCCAGtGCAgGCAGGgCCTAtCCCACCAGGCCAGATaA  671
HIVVI174        ------------------------C-------------T---G-----G----T--------------A-  670
HIVVI69         ------------------------T-------------T---T-----G----A--------------G-  673
HIVBZ162        ------------------------C-------------C---G-----A----T--------------A-  672
CONSENSUS.O     cAATGAGGAaGCtGcaGAgTGGGAtaGgataCAtCCaccacatgcaGGgCCtaTtccacCAGGcCAgaTaA  652
HIVLBV217(F)    C--------A--T-CA--G-----TA-GATA--T--ACAACAGGCA--G--TA-TCCAC----C--GA-A-  679
HIVVI191(F)     C--------G--T-CA--G-----CA-GATA--T--ACCACAGGCA--A--TA-TCCAC----C--GA-A-  676
HIVVI525(G)     C--------A--T-CA--A-----TA-GCTA--T--AGTGCATGCA--G--TA-TCCAC----C--AA-G-  685
HIVVI557(G)     C--------A--T-CA--A-----TA-GGTA--T--AGTGCATGCA--G--TA-TCCAC----C--GA-G-  685
HIVVI325        C--------G--T-CA--A-----CA-GTTA--C--AGTGCATGCA--G--TA-CCCAC----C--GA-G-  673
HIVANT70        C--------A--A-TA--G-----TA-AACT--C--ACCACCGGTA--G--GT-GCCAC----G--GA-A-  679
HIVMVP5180      C--------A--A-CA--A-----TA-AACT--T--ACCAGCAATG--G--GT-ACCAC----G--GA-A-  679
CPZGAB          T--------A--C-CC--G-----TC-CTTA--T--CACTCATGCT--T--GA-AGCCC----A--GC-A-  709
```

HIV-1 GAG

```
CONSENSUS.A   GaGAACCAAggGGaAGtGAcATAGCAGGaacTACTAGtAcCctTcaaGAAcAAaTaggaTgGATgACa...   746
HIVU455       -A-------GG--A--T--C---------AAC------C-C-GT-CAA---C--A-AGGA-G---G--A...   741
HIVMAL        -A-------GA--A--T--C---------AAC------T-C-CT-CAA---C--A-AGGA-G---G--A...   771
HIVVI59       -A-------AA--A--T--C---------AAC------T-C-CT-CAA---C--A-AAGA-A---G--A...   753
HIVVI310      -A-------GG--A--T--C---------AAC------T-C-CT-CAA---C--A-AGGA-G---G--C...   750
HIVVI57       -A-------GG--G--T--C---------AAC------C-C-CC-CAA---C--A-AGGA-G---G--A...   753
HIVK112       -A-------GG--A--T--C---------AAC------T-C-CC-CAA---C--A-AGGA-G---G--A...   753
HIVK88        -A-------GG--A--T--C---------AAC------T-C-CC-CAA---C--A-AGGA-G---G--A...   753
HIVK29        -A-------GG--A--T--C---------AAC------T-C-CC-CAA---C--A-AGGA-G---G--A...   753
HIVK124       -A-------GG--A--C--C---------AAC------T-C-CC-CAA---C--A-AGGA-G---G--A...   753
HIVK7         -A-------GA--A--T--C---------AAC------T-C-CC-CAA---C--T-ACAA-G---G--A...   753
HIVK98        -A-------GG--A--T--C---------AAC------T-C-CC-CAA---C--T-ACAA-G---G--A...   753
HIVK89        -A-------GG--A--T--C---------AAC------T-C-CC-CAA---C--C-AGGG-G---G--A...   753
HIVVI32       -A-------GG--A--T--C---------AAC------T-C-CC-CAA---C--A-AGGA-G---G--A...   753
HIVVI415      -A-------GG--A--T--C---------AAC------T-C-AC-CAA---C--A-AGCA-G---G--A...   753
HIVCI4        -A-------GG--A--T--C---------AAC------T-C-CT-CAA---C--A-AGGA-G---G--A...   747
HIVG141       -A-------GG--A--T--C---------AAC------T-C-CT-CAA---C--A-AGGA-G---G--A...   741
HIVLBV23      -G-------GG--A--T--C---------AAC------T-C-CT-GCA---C--A-ACAA-G---G--A...   753
HIVTN243      -G-------GG--A--T--C---------AAC------T-C-CT-CAA---C--A-AGGA-G---G--A...   753
HIVTN245      -G-------GG--A--T--C---------AAC------T-C-CT-CAA---C--A-AGGA-G---G--A...   753
HIVTN240      -G-------GG--A--T--C---------AAC------T-C-CT-CAA---C--A AGGA-G---G--A...   753
HIVCI20       -A-------GG--A--T--C---------AAC------T-C-CT-CAA---C--A-AGGA-G---G--A...   729
HIVCI59       -G-------GG--A--T--C---------GAC------T-A-CT-CAA---C--A-AGGA-G---G--A...   744
HIVLBV2310    -G-------GG--A--T--C---------AAC------T-A-CT-CAA---C--A-AGGA-G---G--A...   744
HIVCI51       -G-------GG--A--T--C---------AGT------T-C-CT-CAA---C--A-AGGA-G---G--A...   738
HIVLBV105     -A-------GG--A--T--C---------AAC------T-C-CT-CAA---C--A-AGGA-G---A--A...   765
HIVCI32       -A-------GG--A--T--T---------AAC------T-C-CT-CAG---C--A-AGCA-G---G--A...   759
HIVIC144      -G-------GG--A--T--C---------AAC------T-A-CT-CAA---T--A-AGGA-G---G--A...   744
HIVDJ258      -G-------GG--A--T--C---------AAC------T-C-CT-CAA---C--A-AGGA-G---G--A...   744
HIVCM238      -G-------GG--A--T--C---------AAC------T-C-CT-CAA---C--A-AGGA-G---G--A...   753
HIVUG266      -A-------GA--A--T--C---------AAC------T-C-GT-CAA---C--G-GAGA-A---G--A...   753
HIVVI354      -A-------GG--A--T--T---------AAC------T-C-AC-CAA---C--A-AGGA-G---G--A...   753
CONSENSUS.B   GAGAACCAAGGGGAAGTGACATAGCAGGaACtACTAGTACCCTTCAGGAaCAAATAGGaTGGATgACA...   751
HIVSF2        ----------------------------A--T----------------A--------A-----G---...   759
HIVBZ167      ----------------------------A--T----------------A--------A-----G---...   756
HIVPH153      ----------------------------A--T----------------A--------A-----G---...   753
HIVPH136      ----------------------------A--T----------------A--------A-----G---...   753
HIVBZ200      ----------------------------A--T----------------A--------A-----G---...   753
HIVTB132      ----------------------------A--T----------------A--------A-----A---...   753
HIVBZ190      ----------------------------A--T----------------A--------T-----G---...   753
HIVLAI        ----------------------------A--T----------------A--------A-----G---...   753
HIVHXB2R      ----------------------------A--T----------------A--------A-----G---...   753
HIVMN         ----------------------------A--T----------------A--------A-----G---...   762
HIVJH3        ----------------------------A--T----------------A--------A-----G---...   753
HIVJRCSF      ----------------------------G--T----------------A--------A-----G---...   753
HIVOYI        ----------------------------A--T----------------A--------A-----G---...   753
HIVNY5CG      ----------------------------A--T----------------A--------A-----G---...   753
HIVNL43       ----------------------------A--T----------------A--------A-----G---...   753
HIVCDC4       ----------------------------A--T----------------A--------A-----G---...   753
HIVHAN        ----------------------------A--T----------------A--------A-----G---...   753
HIVCAM1       ----------------------------A--T----------------G--------A-----G---...   753
HIVRF         ----------------------------A--C----------------A--------A-----G---...   753
HIVD31        ----------------------------A--T----------------A--------A-----G---...   753
HIVBH102      ----------------------------A--T----------------A--------A-----G---...   753
HIVPV22       ----------------------------A--T----------------A--------A-----G---...   753
HIVJRFL       ----------------------------A--T----------------A--------A-----G---...   747
HIVUG280      ----------------------------G--T----------------A--------A-----G---...   753
HIVYU2        ------------------------ ----A--T----------------A--------A-----G---...   753
```

```
CONSENSUS.C     GAGAaCCAAGGGGAAGTGACATAGCAGGAACTACTAGTAcCCTTCAgGAACAaATAgcaTGGATGACA...  740
HIVUG268        ----A-----------------------------------C------A-----A---AAT---------...  738
HIVSM145        ----C-----------------------------------C------G-----A---GCA---------...  744
HIVZAM18        ----A-----------------------------------C------G-----G---GCA---------...  750
HIVZAM19        ----A-----------------------------------C------G-----G---GCA---------...  561
HIVZAM20        ----A-----------------------------------C------G-----A---GCA---------...  744
HIVDJ259        ----A-----------------------------------A------G-----A---GCA---------...  747
HIVVI313        ----G-----------------------------------C------G-----A---GCA---------...  747
CONSENSUS.D     GAGAaCCAAGGGGAAGTGATATAGCaGGAACtACtAGTAcCCTTCAGGAaCAAaTAG?aTGGATGACA...  750
HIVELI          ----A-------------------A-----T--T----C---------A---A---CA---------...  753
HIVZ2Z6         ----A-------------------A-----T--T----C---------A---A---CA---------...  756
HIVNDK          ----A-------------------A-----T--T----C---------A---A---CA---------...  744
HIVVI205        ----A-------------------A-----T--T----C---------A---A---CA---------...  756
HIVG109         ----A-------------------A-----T--T----C---------A---A---CC---------...  762
HIVK31          ----A-------------------A-----A--T----C---------G---A---GA---------...  753
HIVUG274        ----A-------------------C-----T--T ---C---------A---A---GA---------...  753
HIVUG270        ----G-------------------A-----T--C- --T---------A---G---GA---------...  753
HIVSE365        ----A-------------------A-----T--T----C---------A---A---GA---------...  753
HIVVI203        ----A-------------------A-----T--T----C---------A---A---GA---------...  753
CONSENSUS.(E)   GGGAACCTAGGGGAAGTGAtATAGCTGGAACTACTAGTACCCTTCAGGAACAAATACAaTGGATGACA...  739
HIVVI174        -------------------C-----------------------------------A---------...  738
HIVVI69         -------------------T-----------------------------------G---------...  741
HIVBZ162        -------------------T-----------------------------------A---------...  740
CONSENSUS.O     G?GAaCCaAggGGaAGtGAtATaGCaGGaACtACtAG?ACcctgCAgGAaCAaATaa?aTGGAtgaCa???  717
HIVLBV217(F)    -A--C--A-GG--A--T--T--A--A--G--T--T--T--CCTG--G--A--A--AAGA----TGA-C...  747
HIVVI191(F)     -G--A--G-GG--A--T--T--A--A--A--T--T--T--CCTA--G--A--A--CAGA----TGA-C...  744
HIVVI525(G)     -A--A--A-GG--A--C--T--A--A--A--T--T--T--CCTT--G--A--A--AGCA----TGA-A...  753
HIVVI557(G)     -A--A--A-GG--A--T--T--A--A--A--T--T--T--CCTT--G--A--A--AGCA----TGA-A...  753
HIVVI325        -A--A--T-GG--G--T--T--A--A--A--T--C--C--CCTT--G--A--A--AACA----TGA-A...  741
HIVANT70        -G--A--A-CA--A--T--C--T--T--G--A--T--C--CCAG--A--G--A--TCAC----CTA-C...  747
HIVMVP5180      -G--A--A-CA--A--T--C--T--T--A--A--T--C--ACAG--A--G--A--TATA----CTA-TAGA  750
CPZGAB          -G--G--A-GG--T--T--T--A--A--G--C--C--C--ACTG--G--A--A--TGGG----CAA-A...  777
```

HIV-1 GAG

```
CONSENSUS.A   ......agcAAtCCACCtatCCCaGTgGGagAcATcTATAaaAgaTggATAaTccTgGGatTAAATAAaAT   811
HIVU455       ......GGC--T-----TAT---A--G--AG-C--C----GA-GA-GG---A-CC-G--AT-------A--   806
HIVMAL        ......AGC--C---- TAT---A--G--AG-C--C----AA-GA-GG---A-CC-G--AT-------A--   836
HIVVI59       ......GGC--C-----TAT---A--A--TG-C--C----GA-GA-GG---A-CC-A--AT-------A--   818
HIVVI310      ......AGC--C-----TGT---A--A--AG-A--C----AG-GA-GG---A-CC-G--AT-------A--   815
HIVVI57       ......AGC--C-----TAT---A--G--GG-C--C----AA-GA-GG---A-CC-G--AT-------A--   818
HIVK112       ......AGC--C-----TAT---A--G--AG-C--C----AA-GA-GG---A-CC-G--AT-------A--   818
HIVK88        ......AGC--T-----TAT---A--G--AG-C--C----AA-GA-GG---A-CC-G--AT-------A--   818
HIVK29        ......GGC--C-----TAT---A--G--AG-C--C----AA-GA-GG---A-CC-G--AT-------A--   818
HIVK124       ......AGT--C-----TAT---A--G--AG-C--C----AA-GA-GG---A-CC-G--AT-------A--   818
HIVK7         ......AGC--T-----TAT---A--A--AG-C--C----AA-GA-GG---A-CC-A--AT-------A--   818
HIVK98        ......AGC--C-----TAT---A--G--AG-C--C----AA-GA-GG---A-CC-G--AT-------A--   818
HIVK89        ......AGC--C-----TAT---A--G--GG-C--C----AA-GA-GG---A-CC-G--AT-------A--   818
HIVVI32       ......AGC--C-----TAT---G--G--AG-C--T----AA-GA-GG---A-CC-G--AT-------A--   818
HIVVI415      ......GGC--C-----TAA---A--G--AG-C--C----AA-GA-GG---A-CT-G--AT-------A--   818
HIVCI4        ......AGC--T-----TGT---G--G--AG-G--C----GA-GA-GG---A-CC-G--AT-------G--   812
HIVG141       ......AGC--C-----TAT---A--G--AG-A--C----AA-GA-GG---A-CC-G--AT-------A--   806
HIVLBV23      ......AGC--T-----TAT---A--G--AG-C--C----GA-AA-GG---A-CC-A--AT-------A--   818
HIVTN243      ......AAC--T-----TAT---A--G--AG-C--C----AA-GG-GG---A-CC-G--AT-------A--   818
HIVTN245      ......AAC--T-----TAT---A--G--AG-C--C----AA-GG-GG---A-CC-G--AT-------A--   818
HIVTN240      ......AAC--T-----TAT---A--G--AG-C--C----AA-GG-GG---A-CC-G--AT-------A--   818
HIVCI20       ......AGC--T-----TGT---A--G--AG-A--C----AA-GA-GG---G-CC-G--AT-------A--   794
HIVCI59       ......AGC--T-----TAT---A--G--GG-A--C----AA-GA-GG---G-TC-G--AT-------A--   809
HIVLBV2310    ......AGC--T-----TAT---A--G--AG-A--C----AA-GA-GG---G-TC-G--AT-------A--   809
HIVCI51       ......AGC--T-----TAC---A--G--AG-A--C----AA-AA-GG---A-CC-G--GT-------A--   803
HIVLBV105     ......AGT--C-----TGT---A--G--AG-C--C----AA-GA-GG---A-CC-G--GT-------A--   830
HIVCI32       ......AAC--T-----CAT---G--A--AG-A--C----AA-GA-GG---A-CC-G--AT-------A--   824
HIVIC144      ......AGC--T-----TAT---A--G--AG-A--C----AA-GA-GG---G-CC-G--AT-------A--   809
HIVDJ258      ......AGC--T-----TAT---A--G--AG-C--C----AA-GA-GG---A-CC-G--AT-------A--   809
HIVCM238      ......AAC--T-----TAT---A--G--AG-C--C----AA-GG-GG---A-CC-G--AT-------A--   818
HIVUG266      ......AGC--C-----TAT---A--A--AG-A--C----GA-GA-AG---A-CC-A--AC-------A--   818
HIVVI354      ......GGC--T-----TAT---A--G--AA-A--C----AA-AA-GA---A-CC-G--AT-------A--   818
CONSENSUS.B   ......aaTAATCCACCTAtcCCAGTaGGAgAAATcTAtAAaAGaTgGATAATccTgGGaTTAAATAAAAT   816
HIVSF2        ......AA----------TC-----A---G----C--T--A--A-G------CC-G--A----------   824
HIVBZ167      ......AA----------TC-----A---A----C--T--A--A-G------CC-G--A----------   821
HIVPH153      ......AA----------TC-----A---G----C--T--A--A-G------CC-A--A----------   818
HIVPH136      ......AA----------TA-----A---G----C--T--A--A-G------TA-G--A----------   818
HIVBZ200      ......AA----------TC-----A---G----C--T--A--A-A------CC-G--A----------   818
HIVTB132      ......CA----------TC-----A---G----T--C--A--A-G------AC-G--A----------   818
HIVBZ190      ......AA----------TC-----A---G----C--T--A--A-G------CA-G--A----------   818
HIVLAI        ......AA----------TC-----A---G----T--T--A--A-G------CC-G--A----------   818
HIVHXB2R      ......AA----------TC-----A---G----T--T--A--A-G------CC-G--A----------   818
HIVMN         ......AA----------TC-----A---G----C--T--A--A-G------CC-G--A----------   827
HIVJH3        ......AG----------TC-----A---G----C--T--A--A-G------CC-G--A----------   818
HIVJRCSF      ......AA----------TC-----A---G----C--T--A--A-G------CC-G--G----------   818
HIVOYI        ......AA----------TC-----A---G----C--T--A--A-G------CC-G--A----------   818
HIVNY5CG      ......CA----------TC-----A---G----C--T--A--A-G------CC-G--A----------   818
HIVNL43       ......CA----------TC-----A---G----C--T--A--A-G------CC-G--A----------   818
HIVCDC4       ......AA----------CC-----A---G----C--T--A--A-G------CC-G--A----------   818
HIVHAN        ......AA----------TC-----A---G----A--T--G--A-G------CC-G--A----------   818
HIVCAM1       ......AA----------TC-----A---G----C--T--A--A-G------TC-G--A----------   818
HIVRF         ......AA----------TC-----A---G----C--T--A--G-G------TC-G--A----------   818
HIVD31        ......AA----------TC-----G---G----T--T--A--A-G------CC-G--A----------   818
HIVBH102      ......AA----------TC-----A---G----T--T--A--A-G------CC-G--A----------   818
HIVPV22       ......AA----------TC-----A---G----T--T--A--A-G------CC-G--A----------   818
HIVJRFL       ......AA----------TC-----A---G----C--T--A--A-G------CC-G--G----------   812
HIVUG280      ......AA----------TC-----A---G----C--T--A--A-G------TC-G--A----------   818
HIVYU2        ......AA----------TC-----A---G----C--T--A--A-G------CC-G--A----------   818
```

```
CONSENSUS.C     ......a?TAACCCaCCTaTTCCAGTgGGAGAcATCTATAAAAGATGGATAATTCTGGGGTTAAATAAaAT  804
HIVUG268        ......AG------A---A-------G-----A-----------------------------------A--  803
HIVSM145        ......AG------A---A-------G-----C-----------------------------------A--  809
HIVZAM18        ......AA------A---G-------G-----C-----------------------------------A--  815
HIVZAM19        ......AA------A---G-------G-----C-----------------------------------G--  626
HIVZAM20        ......GC------A---G-------G-----A-----------------------------------A--  809
HIVDJ259        ......AG------C---A-------G-----C-----------------------------------A--  812
HIVVI313        ......AA------A---A-------A-----C-------------------- -------------A--  812
CONSENSUS.D     ......agcAAtCCaCCtATCCCAGTAggAgAAATcTAtAAAAgATGGATAATccTgGGATTAAATAAaAT  815
HIVELI          ......AGT--C--A--T---------GG-G----C--T----G---------TG-G----------A--  818
HIVZ2Z6         ......AGC--C--A--T---------GG-G----C--T----G---------CC-G----------A--  821
HIVNDK          ......AGC--C--A--T---------GG-G----C--T----G---------CC-G----------A--  809
HIVVI205        ......AGC--C--A--T---------AA-A----C--T----G---------CC-A----------A--  821
HIVG109         ......GCC--T--A--T---------GG-G----A--T----A---------CA-G----------A--  827
HIVK31          ......AAC--T--A--T---------GG-G----C--C----G---------CC-A----------A--  818
HIVUG274        ......AGC--T--G--T---------GG-G----C--T----G---------CC-A----------A--  818
HIVUG270        ......AGC--T--A--T---------GG-G----C--T----G---------CC-A----------A--  818
HIVSE365        ......AAT--T--A--C---------GG-G----C--T----G---------CC-G----------G--  818
HIVVI203        ......AGT--T--A--T---------GG-G----C--T----G---------CC-G----------A--  818
CONSENSUS.(E)   ......AgCAAcCCACCTgTCCCAGTGGGAGAaATCTATAAAAGATGGATCATCCTAGGATTAAATAAAAT  804
HIVVI174        ......-A---C------G-------------A-----------------------------------  803
HIVVI69         ......-G---T------A-------------C-----------------------------------  806
HIVBZ162        ......-G---C------G-------------A-----------------------------------  805
CONSENSUS.O     ??????agcAAtccacctaTCCCAGT?GGaGAcaTcTATAaaAgATGGaTaaTccTgGGatTAAAtAAaaT  781
HIVLBV217(F)    ......AGC--TCCACCTA-------G--A--AA-T----AA-G----A-AA-CC-G--GT----T--AA-  812
HIVVI191(F)     ......AGT--TCCACCTA-------G--A--CA-T----AA-G----A-AA-CC-G--AT----C--AA-  809
HIVVI525(G)     ......GGC--TCCAGCTA-------G--A--CA-C----AA-G----A-AA-CC-G--AT----T--GA-  818
HIVVI557(G)     ......AGC--TCCCCCTA-------G--A--CA-C----AA-G----A-AA-CC-G--AT----T--AA-  818
HIVVI325        ......AGC--CCCACCTG-------G--A--AA-C----AA-G----A-AA-CC-G--TT----T--AA-  806
HIVANT70        ...AGGCCC--CCAACCTA-------A--A--CA-C----GA-A----A-AG-GT-A--AC----C--AA-  815
HIVMVP5180      ...GGGGCT--...CTCTA-------A--A--CA-C----GA-A----A-AG-GC-A--AC----C--AA-  815
CPZGAB          ......GCA--TCCTCCCA-------A--G--TG-T----GA-G----G-AA-TT-A--GT----C--AG-  842
```

HIV-1 GAG

```
CONSENSUS.A   AGTaAGaATGTATAGcCCTgttAGCATttTgGAcaTAAgaCAAgggCCaAAaGAaCCcTTcAgaGAcTATG   882
HIVU455       ---A--A--------C---GTT-----TT-G--CA---GA---GGG--A--A--A--C--C-GG--T----   877
HIVMAL        ---A--A--------C---GTC-----TT-G--CA---GA---GGG--A--G--A--T--T-GA--C----   907
HIVVI59       ---A--A--------C---GTA-----TT-G--CG---GA---AGG--A--A--A--C--C-AG--C----   889
HIVVI310      ---A--A--------C---GTT-----TC-G--CA---GA---GGA--A--A--A--T--C-GA--C----   886
HIVVI57       ---A--A--------C---GTT-----TT-G--CA---AA---GGG--G--A--A--T--C-GA--C----   889
HIVK112       ---A--A--------C---GTT-----TT-G--TA---AA---GGG--A--A--A--C--C-GA--T----   889
HIVK88        ---A--A--------C---GTT-----TT-G--TG---AA---GGA--A--A--A--C--C-GA--T----   889
HIVK29        ---A--A--------C---GTT-----TT-G--TA---AA---GGG--A--A--A--C--C-GA--T----   889
HIVK124       ---A--A--------C---GTT-----TT-G--CA---AA---GGG--A--A--A--C--C-GA--T----   889
HIVK7         ---A--A--------C---GTT-----TT-A--TA---GA---AGG--A--A--A--C--C-GA--C----   889
HIVK98        ---A--A--------C---GTT-----TT-G--TA---AA---GGG--A--A--G--C--C-GA--C----   889
HIVK89        ---A--A--------C---GTT-----TT-G--TA---AA---GGG--A--A--A--C--C-GA--T----   889
HIVVI32       ---A--A--------C---GTT-----TT-G--CA---AA---GGG--A--A--A--C--C-GA--C----   889
HIVVI415      ---G--A--------C---ACT-----TC-G--TG---AA---GGG--A--A--A--C--C-GA--C----   889
HIVCI4        ---A--A--------C---GTT-----TT-G--CA---GA---GGG--A--A--A--T--C-GA--C----   883
HIVG141       ---A--A--------C---GTC-----TT-G--CA---GA---GGG--A--A--A--T--T-GG--C----   877
HIVLBV23      ---A--G--------C---GTT-----AT-G--CA---GA---GGG--A--A--A--C--C-GA--C----   889
HIVTN243      ---A--A--------C---ATT-----TT-G--CA---GA---GGG--A--A--A--C--C-GA--C----   889
HIVTN245      ---A--A--------C---GTT-----TT-G--CA---GA---GGG--A--A--A--C--C-GA--C----   889
HIVTN240      ---A--A--------C---GTT-----TT-G--CA---GA---GGG--A--A--A--C--C-GA--C----   889
HIVCI20       ---A--A--------T---GTC-----TT-G--CA---GA---GGA--A--A--A--C--T-GA--T----   865
HIVCI59       ---C--A--------C---GTC-----TT-G--CA---GA---GGG--A--A--A--C--T-GA--T----   880
HIVLBV2310    ---A--A--------C---GTC-----TT-G--CA---GA---GGG--A--A--A--C--T-GA--T----   880
HIVCI51       ---A--A--------C---GTC-----TT-G--CA---GA---GGG--A--G--A--C--T-GA--T----   874
HIVLBV105     ---A--A--------C---GTC-----TT-G--CA---AG---GGG--A--A--A--C--T-GA--C----   901
HIVCI32       ---A--A--------C---GTC-----CT-G--TA---GA---GGG--A--A--A--C--T-GA--T----   895
HIVIC144      ---A--A--------C---GTC-----TT-G--CA---GA---GGG--A--A--A--C--T-GA--T----   880
HIVDJ258      ---A--A--------C---GTC-----TT-G--CA---GA---GGG--A--A--A--C--T-GA--T----   880
HIVCM238      ---A--A--------C---ATT-----TT-G--CA---GA---GGG--A--A--A--C--C-GA--C----   889
HIVUG266      ---A--A--------C---GTT-----TT-A--CA---GA---GAG--A--A--A--C--T-AA--A----   889
HIVVI354      ---A--A--------C---GTC-----TT-G--CA---GA---GGG--A--A--A--C--C-GG--A----   889
CONSENSUS.B   AGTAAGaATGTATAGcCCtaccAGcATTcTgGAcATAAgaCAAGGaCCaAAgGAACCcTTTAGAGAcTATg   887
HIVSF2        ------A--------C--TACC--C---C-G--C----GA-----A--A--G-----C---------T---G   895
HIVBZ167      ------G--------C--TATC--C---T-G--C----GA-----A--A--G-----C---------C---G   892
HIVPH153      ------G--------C--TACC--T---C-G--T----GA-----A--A--G-----C---------C---G   889
HIVPH136      ------G--------T--TACT--C---C-G--C----AA-----A--A--G-----C---------C---G   889
HIVBZ200      ------G--------C--TACC--C---C-G--C----GA-----G--A--G-----C---------C---G   889
HIVTB132      ------G--------C--TACC--C---T-G--C----GA-----A--A--G-----C---------C---G   889
HIVBZ190      ------A--------C--TACC--C---C-G--C----AA-----A--A--G-----T---------C---G   889
HIVLAI        ------A--------C--TACC--C---C-G--C----GA-----A--A--A-----C---------C---G   889
HIVHXB2R      ------A--------C--TACC--C---C-G--C----GA-----A--A--G-----C---------C---G   889
HIVMN         ------G--------C--TTCC--C---C-G--C----GA-----A--A--G-----C---------C---G   898
HIVJH3        ------G--------C--TTCC--C---C-G--C----GA-----A--A--G-----C---------C---G   889
HIVJRCSF      ------G--------C--TGTC--C---C-G--C----GA-----A--A--G-----C---------C---G   889
HIVOYI        ------A--------C--TACC--C---C-G--C----GA-----A--A--G-----C---------C---G   889
HIVNY5CG      ------A--------C--TACC--C---C-G--C----GA-----A--A--G-----C---------C---G   889
HIVNL43       ------A--------C--TACC--C---C-G--C----GA-----A--A--G-----C---------C---G   889
HIVCDC4       ------A--------C--CATC--C---C-A--C----GA-----A--A--A-----C---------C---G   889
HIVHAN        ------A--------C--TACC--C---C-G--T----AA-----A--A--A-----C---------T---G   889
HIVCAM1       ------A--------C--TACC--C---C-G--C----GG-----A--A--G-----C---------C---G   889
HIVRF         ------A--------C--CATC--C---C-G--C----GA-----A--T--G-----C---------C---G   889
HIVD31        ------A--------C--TACC--C---C-G--C----GA-----A--A--G-----C---------C---G   889
HIVBH102      ------A--------C--TACC--C---C-G--C----GA-----A--A--A-----T---------C---G   889
HIVPV22       ------A--------C--TACC--C---C-G--C----GA-----A--A--A-----C---------C---C   889
HIVJRFL       ------G--------C--TACC--C---C-G--C----GA-----A--A--G-----C---------C---G   883
HIVUG280      ------G--------T--TACC--C---C-G--C----AA-----A--A--G-----C---------C---G   889
HIVYU2        ------A--------T--TACC--C---C-G--C----GA-----A--A--G-----C---------T---G   889
```

```
CONSENSUS.C     AGTaAGAATGTATAGCCCTGTCAGCATTTTgGACATAAaACAAGGGCCAAAGGAACCcTTTAGAGACTATG   875
HIVUG268        ---A-------------------------G-------A-----------------C-------------   874
HIVSM145        ---A-------------------------A-------A-----------------C-------------   880
HIVZAM18        ---C-------------------------G-------A-----------------T-------------   886
HIVZAM19        ---C-------------------------G-------G-----------------C-------------   697
HIVZAM20        ---A-------------------------G-------G-----------------C-------------   880
HIVDJ259        ---A-------------------------G-------G-----------------T-------------   883
HIVVI313        ---A-------------------------G-------A-----------------C-------------   883
CONSENSUS.D     AGTAAgAATGTATAGcCCTGTcAGcATtTTGGACATAAGACAaGGACCAAAggAACCcTTTAGAGAcTATG   886
HIVELI          -----G---------C-----C--C--T-------------G--------GG----T--------C----   889
HIVZ2Z6         -----G---------C-----C--C--T-------------G-------S-GG----T--------C----   892
HIVNDK          -----G---------C-----C--C--T-------------G--------GG----T--------C----   880
HIVVI205        -----A---------C-----T--C--T-------------G--------AA----T--------C----   892
HIVG109         -----G---------C-----C--C--T-------------A--------AG----C--------C----   898
HIVK31          -----G---------C-----C--C--T-------------A--------GG----C--------C----   889
HIVUG274        -----G---------C-----C--T--A-------------A--------GG----C--------C----   889
HIVUG270        -----G---------C-----C--C--T-------------A--------GG----A--------C----   889
HIVSE365        -----G---------T-----C--C--T-------------A--------AG----C--------T----   889
HIVVI203        -----G---------C-----T--C--T-------------A--------GG----C--------C----   889
CONSENSUS.(E)   AGTAAGAATGTATAGCCCTGTCAGCATTTTGGACATAAGACAAGGGCCAAAAGAaCCCTTTAGAGACTATG   875
HIVVI174        ------------------------------------------------------A---------------   874
HIVVI69         ------------------------------------------------------A---------------   877
HIVBZ162        ------------------------------------------------------G---------------   876
CONSENSUS.O     aGTaAgaAtGTAtaGcCCtGTcAGcATttTgGAcATaAgaCAaGGgCCAAAaGAacCcTTtAGAGAtTATG   852
HIVLBV217(F)    A--A-GA-T---TA-C--T--C--C--TT-G--C--A-GA--A--G-----A--AC-C--T-----T----   883
HIVVI191(F)     A--A-GA-T---TA-C--T--C--C--TT-G--T--A-GA--A--G-----A--AC-C--T-----T----   880
HIVVI525(G)     A--A-GA-T---TA-T--T--C--C--TT-G--C--A-AA--A--A-----A--AC-C--T-----C----   889
HIVVI557(G)     A--A-GA-T---TA-C--T--C--C--TT-G--C--A-GA--A--G-----A--AC-C--T-----C----   889
HIVVI325        A--A-GA-T---CA-C--T--C--C--TT-G--C--A-AA--A--G-----A--AT-C--T-----C----   877
HIVANT70        G--A-AA-T---CA-C--A--G--C--CT-A--T--T-AG--G--A-----G--AC-A--T-----C----   886
HIVMVP5180      G--A-AA-T---CA-T--A--G--C--CT-A--T--T-GG--G--A-----A--AC-A--C-----T----   886
CPZGAB          G--T-GA-T---TT-C--A--A--T--CC-T--C--C-GA--A--G-----G--GC-C--T-----T----   913
```

HIV-1 GAG

```
CONSENSUS.A   TagAtAggTTCTtTAAaactcTcAGAGCtgAgcAaGCTaCaCAgGagGTAAAaaacTggATGACaGAaACc   953
HIVU455       -AG-T-GA----T---AACTC-C-----TG-GC-A---A-A--G-AT-----AAAC-GG-----A--A--C   948
HIVMAL        -AG-T-GG----T---AACTC-C-----TG-GC-A---A-A--G-AG-----AAAT-GG-----A--A--C   978
HIVVI59       -AG-C-GA----T---AATTC-C-----TG-GC-A---A-A--G-AG-----AAAC-GG-----A--A--C   960
HIVVI310      -AG-T-GA----T---AACTC-C-----TG-GC-G---A-A--G-CA-----AAAC-GG-----A--A--C   957
HIVVI57       -AG-T-GG----T---GGTTC-C-----TG-GC-A---T-A--G-AC-----AAAT-GG-----A--A--C   960
HIVK112       -AG-T-GG----T---AACTC-C-----TG-GC-A---A-A--G-AG-----AGGT-GG-----A--A--A   960
HIVK88        -AG-T-GG----T---AACCC-C-----TG-GC-A---A-A--G-AG-----AGGT-GG-----A--A--A   960
HIVK29        -AG-T-GG----T---AACTC-C-----TG-GC-A---A-A--G-AG-----AGGC-GG-----A--A--A   960
HIVK124       -AG-T-GG----T---AACTC-C-----TG-GC-A---A-A--G-AG-----AGGT-GG-----T--A--A   960
HIVK7         -AG-T-GG----T---AGCTC-C-----TG-AC-A---T-A--G-AT-----AGGT-AG-----A--A--A   960
HIVK98        -AG-T-GG----T---AGCTC-C-----TG-GC-A---A-A--G-AG-----AGGT-GG-----A--A--A   960
HIVK89        -AG-T-GG----T---AACTC-C-----TG-GC-A---A-G--A-AC-----AAAT-GG-----A--A--A   960
HIVVI32       -AG-T-GA----T---AACTC-C-----TG-AC-A---A-A--G-AG-----AGGT-GG-----A--A--T   960
HIVVI415      -TG-T-GG----T---AATTC-C-----TG-GC-A---A-A--G-AG-----AGGT-GG-----A--A--C   960
HIVCI4        -AG-T-GG----T---ATGTC-C-----TG-GC-A---A-A--G-AA-----AAAT-GG-----A--A--C   954
HIVG141       -AG-T-GG----T---AACTC-C-----TG-GC-A---A-A--G-AG-----AAAT-GG-----A--A--C   948
HIVLBV23      -AG-T-GG----T---AACTC-C-----TG-GC-A---A-A--G-AT-----AAAC-GG-----A--A--A   960
HIVTN243      -AG-T-GG----A---AACTC-C-----GG-AC-A---A-A--G-AG-----AAAC-GG-----A--A--C   960
HIVTN245      -AG-T-GG----A---AACTC-C-----GG-AC-A---A-A--G-AG-----AAAC-GG-----A--A--C   960
HIVTN240      -AG-T-GG----A---AACTC-C-----GG-AC-A---A-A--G-AG-----AAAC-GG-----A--A--C   960
HIVCI20       -AG-T-GG----T---AACTT-G-----TG-AC-A---A-G--G-AG-----AAAC-GG-----A--A--C   936
HIVCI59       -AG-T-GG----T---AACTT-G-----TG-AT-A---A-G--G-AG-----AAAC-GG-----A--A--C   951
HIVLBV2310    -AG-T-GG----T---AGTTT-G-----TG-AC-A---A-G--G-AG-----AAAC-GG-----A--A--C   951
HIVCI51       -AG-T-GG----T---AACTT-G-----TG-AC-A---A-G--G-AG-----AAAC-GG-----A--A--C   945
HIVLBV105     -AG-C-GG----T---AACTT-A-----TG-GC-A---A-A--G-AC-----GAAT-GG-----A--C--C   972
HIVCI32       -AG-T-GG----A---AACTT-G-----TG-AC-A---T-A--G-AG-----AAAC-GG-----A--A--C   966
HIVIC144      -AG-T-GG----T---AACTC-G-----TG-AC-A---T-G--G-AG-----AAAC-GG-----A--A--C   951
HIVDJ258      -AG-T-GG----T---AACTT-G-----TG-AC-A---A-G--G-AG-----AAAC-GG-----A--A--C   951
HIVCM238      -AG-T-GG----A---AACTC-C-----GG-AC-A---A-A--G-AG-----AAAC-GG-----A--A--C   960
HIVUG266      -AG-T-AG----T---AACTC-C-----TG-GC-A---A-A--G-AT-----AAAC-AG-----A--A--C   960
HIVVI354      -AA-T-GG----T---AACGC-C-----TA-GC-A---A-A--G-AG-----AAAT-GA-----A--A--C   960
CONSENSUS.B   TAGAccGgTTCTATAAaACtCTAAGAGCcGAgCAaGCttCACAgGAgGTAAAAAAttGGAtGACAGAAACC   958
HIVSF2        ----CC-G--------A--T--------C--A--A--TT----G--T--------TT---T----------   966
HIVBZ167      ----CC-G--------A--T--------C--G--G--TT----G--T--------TT---T----------   963
HIVPH153      ----CC-G--------A--T--------C--G--A--TT----G--T--------TT---T----------   960
HIVPH136      ----CC-G--------A--T--------C--G--A--TT----G--A--------TT---T----------   960
HIVBZ200      ----TC-G--------G--T--------C--G--A--TT----G--G--------TT---T----------   960
HIVTB132      ----CC-G--------G--T--------C--G--A--CT----G--G--------TT---T----------   960
HIVBZ190      ----CC-G--------A--T--------C--G--A--TT----G--A--------TT---T----------   960
HIVLAI        ----CC-G--------A--T--------C--G--A--TT----G--G--------TT---T----------   960
HIVHXB2R      ----CC-G--------A--T--------C--G--A--TT----G--G--------TT---T----------   960
HIVMN         ----CC-G--------A--T--------C--G--A--TT----G--G--------CC---C----------   969
HIVJH3        ----CC-G--------A--T--------C--G--A--TT----G--G--------TT---T----------   960
HIVJRCSF      ----CC-G--------A--C--------C--G--A--TA----G--G--------TT---T----------   960
HIVOYI        ----CC-G--------A--T--------C--G--A--TT----G--T--------TT---T----------   960
HIVNY5CG      ----CC-G--------A--T--------C--G--A--TT----G--G--------TT---T----------   960
HIVNL43       ----CC-A--------A--T--------C--G--A--TT----A--G--------TT---T----------   960
HIVCDC4       ----CC-G--------A--G--------T--G--A--TT----G--G--------TT---T----------   960
HIVHAN        ----CC-G--------A--C--------C--G--A--TA----G--A--------TT---T----------   960
HIVCAM1       ----CA-G--------A--T--------T--A--A--TT----G--G--------TT---T----------   960
HIVRF         ----CC-G--------A--T--------C--G--A--TT----G--T--------TT---T----------   960
HIVD31        ----CC-G--------A--T--------C--G--A--TA----G--G--------TT---T----------   960
HIVBH102      ----CC-G--------A--T--------C--G--A--TT----G--G--------TT---T----------   960
HIVPV22       ----CC-G--------A--T--------C--G--A--TT----G--G--------TT---T----------   960
HIVJRFL       ----CC-G--------A--T--------C--G--A--TT----G--G--------TT---T----------   954
HIVUG280      ----CC-G--------A--T--------C--G--A--TT----G--G--------TT---T----------   960
HIVYU2        ----CC-G--------A--T--------C--G--A--TT----G--G--------TT---T----------   960
```

```
CONSENSUS.C     TAGAtCGGTTCTTTAAAACtTTAAGAGCTGAACAAGCtaCaCAAGATGTAAAAAAtTGGATGACAGAcACC   946
HIVUG268        ----T-------------C----------------TA-A-------------T-----------C---   945
HIVSM145        ----C-------------T----------------TA-A-------------T-----------C---   951
HIVZAM18        ----C-------------T----------------TA-A-------------T-----------A---   957
HIVZAM19        ----T-------------T----------------TA-A-------------T-----------A---   768
HIVZAM20        ----C-------------T----------------TA-A-------------C-----------C---   951
HIVDJ259        ----T-------------C----------------AT-T-------------T-----------C---   954
HIVVI313        ----T-------------T----------------TA-A-------------T-----------C---   954
CONSENSUS.D     TAGA?CGGTTCTATAAAACtcTAAGaGCcGAGCAAGCTtCACAgGAtGTaAAAaatTGGATGAC?GAAACC   955
HIVELI          ----C-------------TC----A--C---------T----G--T--A---AAT--------A------   960
HIVZ2Z6         ----C-------------TC----A--C---------T----G--A--A---GGT--------A------   963
HIVNDK          ----C-------------TC----A--C---------T----G--T--A---AAC--------A------   951
HIVVI205        ----C-------------TC----A--C---------T----G--T--G---AAC--------A------   963
HIVG109         ----C-------------TC----A--C---------T----G--T--A---AAC--------C------   969
HIVK31          ----T-------------TT----A--T---------T----A--T--A---AAT--------C------   960
HIVUG274        ----T-------------TC----G--C---------T----G--T--A---AAT--------T------   960
HIVUG270        ----T-------------AC----G--C---------T----A--T--A---AAT--------T------   960
HIVSE365        ----T-------------TC----A--C---------A----G--G--A---AAT--------T------   960
HIVVI203        ----T-------------TC----A--C---------A----A--G--A---AAT--------C------   960
CONSENSUS.(E)   TAGACAGgTTCTTTAAAACcCTAAGAGCTGAGcAAGCTACACAGGAAGTAAAGGGTTGGATGACAGACACc   946
HIVVI174        -------G-----------T-----------C-----------------------------------T   945
HIVVI69         -------A-----------C-----------G-----------------------------------C   948
HIVBZ162        -------G-----------C-----------C-----------------------------------C   947
CONSENSUS.O     TaGAtaGgTTcTttAAAaCttTaAGaGCtGAgCAaGCtaCaCAggaaGTaAAaaatTGGATGACaGAcACc   923
HIVLBV217(F)    -A--TA-G--C-TT---A-TT-G--A--T--G--A--TA-A--GGAT--A--AAAC--------A--C--T   954
HIVVI191(F)     -A--TA-G--C-TT---A-AC-G--A--T--G--A--TA-A--GGAA--A--AGGC--------A--C--C   951
HIVVI525(G)     -A--CA-G--C-TT---A-TT-A--A--T--G--A--CA-A--GGAT--A--GAAT--------A--C--C   960
HIVVI557(G)     -A--TA-G--C-TT---G-TT-A--A--T--A--A--TA-A--GGAG--G--AGGT--------A--C--C   960
HIVVI325        -A--CA-G--T-TC---A-TC-A--A--T--A--A--CA-A--GGAA--A--AAAT--------A--C--C   948
HIVANT70        -A--TC-G--C-AC---A-AT-A--A--T--G--A--TA-T--AGAA--A--AAAT--------A--A--T   957
HIVMVP5180      -A--TC-G--T-AC---A-AT-A--A--T--G--A--TA-T--AGAA--A--GAAT--------A--A--C   957
CPZGAB          -G--CA-A--C-AC---A-TT-A--G--T--G--A--TT-A--GGAA--G--AAAT--------T--C--T   984
```

HIV-1 GAG

```
CONSENSUS.A   tTgcTggTCCAAAAtGCgAAtCCAGAcTGTAAgtCCATttTAAgAgcatTagGa?cagggGCtaCaTTAgA  1023
HIVU455       T-GC-GG-------T--G--T-----C-----GT----TT---G-GCAT-AG-GCCAGGG--TA-A---G-  1019
HIVMAL        T-GC-GG-------T--G--T-----C-----GA----TT---A-GCAT-AG-ACCAGGG--TA-A---G-  1049
HIVVI59       T-GC-GG-------T--G--T-----C-----GT----TT---A-AGAT-AA-AGTAAGG--TA-A---G-  1031
HIVVI310      T-GC-GG-------T--A--T-----T-----GT----TT---A-GCAT-AG-AACAGGA--AA-A---G-  1028
HIVVI57       T-GC-GG-------T--G--T-----T-----GT----TT---G-GCAT-AG-AACAGGG--TA-A---G-  1031
HIVK112       T-AC-GG-------T--A--T-----T-----GT----TT---G-GGAT-AG-AACAGGA--TA-A---G-  1031
HIVK88        T-AC-GG-------T--A--T-----T-----GT----TT---G-GCAT-AG-AACAGGG--TA-A---G-  1031
HIVK29        T-AC-GA-------C--A--T-----T-----GT----TT---G-GCAT-AG-AGCAGGG--TA-A---G-  1031
HIVK124       T-AC-GG-------T--A--T-----T-----GT----TT---G-GCAT-GG-AGCAGGG--TA-A---G-  1031
HIVK7         T-AC-AG-------T--A--T-----T-----GT----TT---A-GCAT-AG-AACAGGG--CA-A---G-  1031
HIVK98        T-AC-GG-------T--A--T-----T-----GT----TT---A-GCAT-AG-AACAGGG--TA-A---G-  1031
HIVK89        T-GC-GG-------T--A--T-----T-----GT----TT---G-GCAT-AG-AACAGGG--TA-G---G-  1031
HIVVI32       T-GC-GG-------T--A--T-----T-----GT----TT---G-GCAT-AG-ACCAGGG--TA-A---G-  1031
HIVVI415      T-GC-GG-------T--A--T-----T-----GA----TT---G-GCAT-AG-AACAGGG--TA-A---G-  1031
HIVCI4        T-GC-GA-------T--A--T-----C-----GT----TT---G-GCAT-AG-AACAGGG--TA-A---G-  1025
HIVG141       T-GC-GG-------T--G--T-----C-----GA----TC---G-GCAT-AG-ACCAGGG--TA-A---G-  1019
HIVLBV23      T-GT-GG-------T--G--T-----C-----AA----TT---G-GCAT-AG-AGCAGGG--TA-A---G-  1031
HIVTN243      T-GC-AG-------T--G--T-----C-----GT----TT---A-GCAT-AG-AACAGGA--TA-A---G-  1031
HIVTN245      T-GC-AG-------T--G--T-----C-----GT----TT---A-GCAT-AG-ATCAGGA--TA-A---G-  1031
HIVTN240      T-GC-AG-------C--G--T-----C-----GT----TT---A-GCAT-AG-AACAGGA--TA-A---G-  1031
HIVCI20       T-GC-GG-------T--A--T-----C-----GT----TT---G-GCAT-AG-ACCAGGG--TA-A---G-  1007
HIVCI59       T-GC-GG-------T--G--T-----C-----GT----TT---G-GCAT-AG-GCCAGGG--TA-A---G-  1022
HIVLBV2310    T-GC-GG-------T--G--T-----C-----GT----TT---G-GCAT-AG-ACCAGCG--TA-A---G-  1022
HIVCI51       T-GC-GG-------T--G--T-----C-----GT----TT---G-GCAT-AG-ACCAGGG--TA-A---G-  1016
HIVLBV105     C-GT-GG-------T--G--C-----T-----AA----TT---G-GCAT-GG-ACCAGGG--TT-A---G-  1043
HIVCI32       T-GC-GG-------T--G--T-----C-----GT----TT---A-GCAT-GG-ACCAGGG--TA-A---G-  1037
HIVIC144      T-GC-GG-------T--G--T-----C-----GA----TT---G-GCAT-AG-ACCAGGG--TA-A---G-  1022
HIVDJ258      T-GC-GG-------T--G--T-----C-----GT----CT---G-GCAT-AG-ACCAGGG--TA-A---G-  1022
HIVCM238      T-GC-AG-------T--G--T-----C-----GT----TT---A-GCAT-AG-AACAGGA--TA-A---G-  1031
HIVUG266      T-GC-AG-------T--G--T-----T-----GT----TT---G-GCCT-AA-ACCAAAG--TA-A---G-  1031
HIVVI354      C-GC-GG-------T--G--T-----T-----GA----TC---G-GGAC-AG-AGCCGGG--TA-A---A-  1031
CONSENSUS.B   TTgtTGGTCCaAAATgCgAAcCCAGATTGTAAgACTATTTTAAAAGCATTgGGaCCaGcaGCtACAcTAGA  1029
HIVSF2        --GT------A----G-A--C----------G----------------G--A--A-CA--T---C----  1037
HIVBZ167      --GT------A----G-G--C----------G----------------G--T--A-CA--T---C----  1034
HIVPH153      --GC------A----G-A--C----------G----------------A--A--A-CA--T---T----  1031
HIVPH136      --GT------A----G-A--C----------G----------------G--A--A-CA--T---C----  1031
HIVBZ200      --GT------A----G-G--C----------G----------------G--A--A-CA--T---C----  1031
HIVTB132      --GT------C----G-G--C----------G----------------G--A--A-CA--T---C----  1031
HIVBZ190      --GT------A----T-G--C----------G----------------G--A--A-CA--T---C----  1031
HIVLAI        --GT------A----G-G--C----------G----------------G--A--A-CA--T---C----  1031
HIVHXB2R      --GT------A----G-G--C----------G----------------G--A--A-CG--T---C----  1031
HIVMN         --GT------A----G-G--C----------G----------------G--A--A-CA--T---C----  1040
HIVJH3        --GT------A----G-A--C----------G----------------G--A--C-CA--T---C----  1031
HIVJRCSF      --GT------A----G-G--C----------A----------------G--A--A-CA--T---C----  1031
HIVOYI        --GT------A----G-A--C----------G----------------G--A--A-CA--T---C----  1031
HIVNY5CG      --GT------A----G-G--C----------G----------------G--A--A-CA--T---C----  1031
HIVNL43       --GT------A----G-G--C----------G----------------G--A--A-GA--G---C----  1031
HIVCDC4       --GT------A----G-G--C----------G----------------G--A--A-CA--T---C----  1031
HIVHAN        --GT------A----G-G--T----------G----------------A--A--A-CA--T---C----  1031
HIVCAM1       --GT------A----G-G--C----------G----------------G--A--A-CA--T---C----  1031
HIVRF         --CC------A----G-G--C----------A----------------G--A--A-CA--T---C----  1031
HIVD31        --GT------A----G-G--C----------G----------------G--A--A-CA--T---C----  1031
HIVBH102      --GT------A----G-G--C----------G----------------G--A--A-CG--T---C----  1031
HIVPV22       --GT------A----G-G--C----------G----------------G--A--A-CA--T---C----  1031
HIVJRFL       --GT------A----G-G--C----------G----------------G--A--A-CA--C---C----  1025
HIVUG280      --GT------A----T-G--C----------G----------------G--A--A-CA--T---C----  1031
HIVYU2        --GT------A----G-G--C----------G----------------G--A--A-CA--T---C----  1031
```

```
CONSENSUS.C     TTGTTGGTCCAAAATGCGAACCCAGATTGTAAGACCATTtTAAGAGCATTAGGaCCAGggGCTtCAtTAGA   1017
HIVUG268        ----------------------------------------T-------------G----GA---T--T----   1016
HIVSM145        ----------------------------------------T-------------A----GG---T--T----   1022
HIVZAM18        ----------------------------------------T-------------A----CG---A--T----   1028
HIVZAM19        ----------------------------------------T-------------A----CG---A--T----    839
HIVZAM20        ----------------------------------------C-------------A----GG---A--T----   1022
HIVDJ259        ----------------------------------------T-------------G----GG---T--C----   1025
HIVVI313        ----------------------------------------T-------------G----GG---T--T----   1025
CONSENSUS.D     TTGTTGGTcCAAAATGCgAACCCAGATTGtAaaActATCTTAAAAGCATTgGGACCAg?gGCTACAtTAgA   1025
HIVELI          --------C--------A----------C-AG-CT-------------G------CAG------C--G-   1031
HIVZ2Z6         --------C--------A----------T-AG-CC-------------G------CAG------C--G-   1034
HIVNDK          --------C--------A----------T-AA-CT-------------G------CAG------C--G-   1022
HIVVI205        --------C--------A----------T-AA-CT-------------G------CAG------C--A-   1034
HIVG109         --------C--------G----------T-AA-CT-------------G------GCA------T--G-   1040
HIVK31          --------T--------G----------T-AA-CT-------------G------GGG------T--G-   1031
HIVUG274        --------C--------G----------T-GA-CT-------------G------GGG------T--G-   1031
HIVUG270        --------C--------G----------T-AA-CT-------------G------GCG------T--G-   1031
HIVSE365        --------C--------G----------T-AA-AT-------------A------GGG------T--G-   1031
HIVVI203        --------C--------G----------T-AA-CT-------------G------GGG------T--G-   1031
CONSENSUS.(E)   TTGTTGgTCCAaAATGCGAACCCaGATTGTAAgACCATcTTAAAAGCAtTGGGACCAGGGGCTACACTAGA   1017
HIVVI174        ------G----A----------A--------G-----C---------T----------------------   1016
HIVVI69         ------A----G----------G--------A-----C---------A----------------------   1019
HIVBZ162        ------G----A----------A--------G-----T---------T----------------------   1018
CONSENSUS.O     tTgtTggTcCAaAAtgC?AAcCCAGATTGtAAgaa?ATttTaAaagCaTTaGGaccaGgaGCtaCa?TAGA    991
HIVLBV217(F)    T-GT-GG-C--A--TG-G--C--------T--GACC--CT-A-AAG-A--A--ACCA-GA--TA-AC----   1025
HIVVI191(F)     T-GT-GG-C--A--TG-G--C--------T--GACC--CT-A-GAG-A--A--ACCA-GA--TA-AC----   1022
HIVVI525(G)     T-GT-GG-C--A--TG-G--T--------C--GAAT--TT-A-AAG-A--A--AACA-GG--TT-AA----   1031
HIVVI557(G)     T-GT-GG-C--A--TG-G--T--------T--GACT--TT-A-GAG-A--A--ACAA-GG--TT-AA----   1031
HIVVI325        C-GT-GG-C--A--CG-A--C--------T--GACC--TT-A-AAG-G--G--ACCA-GG--TT-AT----   1019
HIVANT70        C-GC-TG-T--A--TG-C--T--------C--ACAG--TT-G-AAT-A--A--GCCA-GA--TA-CT----   1028
HIVMVP5180      T-GC-TG-T--G--TT-A--C--------T--ACAA--TC-G-AAG-A--A--ACCA-AA--TA-TT----   1028
CPZGAB          C-CT-AG-G--G--TG-A--C--------T--GCAA--TC-A-AAG-A--G--ACCT-GG--CA-CC----   1055
```

HIV-1 GAG

```
                                                                    p24 \/
CONSENSUS.A   aGAaATGATGACAgCaTgcCAgggAGTggGaGgACCcgGcCAtAAaGCAagggTtTTgGCTGAgGCAATgA  1094
HIVU455       A--A---------G-A-GC--GGG---GG-A-G---CG-C--T--A---AGGG-T--G-----G-----G-  1090
HIVMAL        A--A---------G-A-GC--GGG---GG-A-G---CA-T--T--A---AGAG-T--G-----G-----G-  1120
HIVVI59       A--A---------G-A-GC--GGG---AG-A-G---CG-C--T--G---AAGG-T--G-----G-----A-  1102
HIVVI310      A--A---------G-A-GC--GGG---GG-A-G---CA-C--T--A---AGGA-C--G-----A-----G-  1099
HIVVI57       A--A---------G-A-GC--GGG---GG-A-G---CA-C--T--A---AGGG-T--G-----G-----G-  1102
HIVK112       A--A---------G-A-GC--GGG---GG-A-G---CG-C--T--A---AGGA-T--G-----G-----G-  1102
HIVK88        A--A---------G-A-GC--GGG---AG-A-G---CG-C--T--A---AGGG-T--G-----G-----G-  1102
HIVK29        A--A---------G-A-CC--GGG---GG-A-G---CG-C--T--A---AGGG-T--G-----G-----G-  1102
HIVK124       A--A---------G-A-GC--GGG---GG-A-G---CA-T--T--A---AGAG-C--G-----G-----G-  1102
HIVK7         A--A---------G-A-GC--GGG---AG-A-G---CA-C--C--A---AAGG-T--A-----G-----G-  1102
HIVK98        A--A---------G-A-GC--GGG---GG-A-G---CG-C--T--A---AGGG-T--A-----G-----G-  1102
HIVK89        A--A---------G-A-GC--GGG---GG-C-G---CG-C--T--A---AGGG-T--G-----G-----G-  1102
HIVVI32       A--A---------G-A-GT--GGG---GG-A-G---CG-C--T--A---AGGG-T--G-----G-----G-  1102
HIVVI415      A--A---------G-A-GC--AGG---GG-A-G---CG-C--T--A---AGGG-T--G-----G-----G-  1102
HIVCI4        A--A---------G-A-GC--GGG---AG-A-G---CG-C--T--A---AGGG-T--G-----G-----G-  1096
HIVG141       A--A---------G-A-GC--GGG---TG-A-G---TG-C--T--A---AGAG-T--A-----A-----G-  1090
HIVLBV23      A--G---------G-A-GC--GGG---GG-A-G---CG-C--T--A---AGGG-T--G-----A-----G-  1102
HIVTN243      A--A---------G-A-GC--GGG---GG-A-G---TA-C--T--A---AGGG-T--G-----G-----G-  1102
HIVTN245      A--A---------G-A-GC--GGG---GG-A-G---TA-C--T--A---AGGG-T--G-----G-----G-  1102
HIVTN240      A--A---------G-A-GC--GGG---GG-A-G---TA-C--T--A---AGGG-T--G-----A-----G-  1102
HIVCI20       A--A---------G-A-GT--GGG---GG-A-G---TG-C--T--A---AGGG-T--G-----G-----G-  1078
HIVCI59       A--A---------G-T-GT--GGG---GG-A-G---TG-C--T--A---AGGG-T--G-----G-----G-  1093
HIVLBV2310    A--A---------G-A-GT--GGG---GG-A-G---TG-C--T--A---AGGG-T--G-----G-----G-  1093
HIVCI51       G--A---------T-A-GT--GGG---GG-A-G---CG-C--T--A---AGGG-T--G-----G-----G-  1087
HIVLBV105     A--A---------G-A-GT--GGG---GG-A-G---CG-C--T--A---AGGG-C--G-----A-----G-  1114
HIVCI32       A--A---------G-A-GT--GGG---GG-A-G---TG-C--T--A---AGGG-T--G-----G-----G-  1108
HIVIC144      A--A---------G-A-GT--GGG---GG-A-G---TG-C--T--A---AGGG-T--G-----G-----G-  1093
HIVDJ258      G--A---------T-A-GT--GGG---GG-A-G---TG-C--T--A---AGGG-T--G-----G-----G-  1093
HIVCM238      A--A---------G-A-GC--GGG---GG-A-G---TA-C--T--A---AGGG-T--G-----G-----G-  1102
HIVUG266      A--A---------G-A-GC--AAG---AA-A-G---CA-C--T--A---CAGG-T--A-----G-----G-  1102
HIVVI354      A--A---------G-A-GC--GGA---GG-A-A---CG-C--T--A---AGGG-T--G-----A-----G-  1102
CONSENSUS.B   aGAAATGATGaCAGCATGTCAGGGaGTgGGaGGaCCcgGcCATAAaGCAAGAgTTTTGGCtGAAGCaATGA  1100
HIVSF2        A---------A-------------A--G--G--A--CG-C-----A------G-------T-----C----  1108
HIVBZ167      G---------A-------------A--G--A--A--CG-T-----A------G-------A-----A----  1105
HIVPH153      A---------A-------------A--G--A--A--CG-C-----A------G-------T-----A----  1102
HIVPH136      A---------A-------------A--G--A--A--AA-C-----A------G-------G-----G----  1102
HIVBZ200      A---------T-------------A--G--A--A--CG-C-----A------G-------A-----A----  1102
HIVTB132      A---------A-------------A--G--A--T--CG-C-----G------G-------G-----A----  1102
HIVBZ190      A---------A-------------A--G--G--A--CG-C-----A------G-------T-----A----  1102
HIVLAI        A---------A-------------A--G--A--A--CG-C-----G------G-------T-----A----  1102
HIVHXB2R      A---------A-------------A--A--A--A--CG-C-----G------G-------T-----A----  1102
HIVMN         A---------A-------------A--G--A--A--TG-T-----A------G-------G-----G----  1111
HIVJH3        A---------A-------------A--G--A--A--CG-C-----A------G-------T-----A----  1102
HIVJRCSF      A---------A-------------A--G--A--A--CG-C-----A------G-------T-----A----  1102
HIVOYI        A---------A-------------A--G--G--A--CG-C-----A------G-------T-----A----  1102
HIVNY5CG      A---------A-------------A--G--G--A--CG-C-----A------G-------T-----A----  1102
HIVNL43       A---------A-------------A--G--G--A--CG-C-----A------G-------T-----A----  1102
HIVCDC4       A---------A-------------A--G--G--A--CG-C-----A------G-------T-----A----  1102
HIVHAN        A---------A-------------A--G--G--A--CG-C-----A------G-------T-----A----  1102
HIVCAM1       A---------A-------------A--G--G--A--CG-C-----A------G-------T-----A----  1102
HIVRF         A---------A-------------A--A--G--A--CA-C-----A------A-------T-----A----  1102
HIVD31        A---------A-------------A--G--G--A--CG-C-----A------G-------T-----A----  1102
HIVBH102      A---------A-------------A--A--A--A--CG-C-----G------G-------T-----A----  1102
HIVPV22       A---------A-------------A--G--A--A--CG-C-----G------G-------T-----A----  1102
HIVJRFL       A---------A-------------A--G--A--A--CG-C-----A------G-------T-----A----  1096
HIVUG280      A---------A-------------T--G--A--A--CG-C-----A------G-------A-----A----  1102
HIVYU2        A---------A-------------A--G--G--A--CG-C-----A------G-------T-----A----  1102
```

```
CONSENSUS.C     AGAAATGATGACAGCATGTCAGGGAGTGGGAGGACCTagCCACAAAGCAAGAGTGTTgGCtGAGGCAATGA  1088
HIVUG268        ------------------------------------GG----------------G--T----------  1087
HIVSM145        ------------------------------------GC----------------G--T----------  1093
HIVZAM18        ------------------------------------AG----------------A--T----------  1099
HIVZAM19        ------------------------------------AG----------------A--T----------   910
HIVZAM20        ------------------------------------AG----------------G--T----------  1093
HIVDJ259        ------------------------------------AG----------------G--T----------  1096
HIVVI313        ------------------------------------GG----------------G--C----------  1096
CONSENSUS.D     aGAAATGATGACaGCaTGtCAGGgaGTGGGgGgaCCCaGtCATAAAGCAAGAGTttTGGCtGAgGCAATGA  1096
HIVELI          A----------A--A--T----GA-----G-GG---A-C--------------TC----T--G-------  1102
HIVZ2Z6         A----------A--A--T----GA-----G-GG---A-C--------------TC----T--G-------  1105
HIVNDK          A----------A--A--C----GA-----G-GG---G-C--------------TT----T--G-------  1093
HIVVI205        A----------A--A--T----AA-----G-GG---A-C--------------TT----T--G-------  1105
HIVG109         A----------A--A--T----GA-----G-GA---A-T--------------TT----T--G-------  1111
HIVK31          A----------A--A--T----GA-----A-GA---G-T--------------TT----T--G-------  1102
HIVUG274        A----------A--A--T----GA-----A-GA---A-T--------------CT----T--G-------  1102
HIVUG270        G----------G--A--T----GA-----G-GA---A-T--------------TT----C--G-------  1102
HIVSE365        A----------A--C--T----GG-----G-AA---A-T--------------CT----T--G-------  1102
HIVVI203        A----------A--A--T----GA-----G-GA---A-T--------------CT----T--A-------  1102
CONSENSUS.(E)   AGAAATGATGACAGCATGTCAGGGAGTGGGAGGACCTGGCCATAAGGCaAGAGTTTTGGCTGAGgCAATGA  1088
HIVVI174        ------------------------------------------A--------------G------  1087
HIVVI69         ------------------------------------------A--------------A------  1090
HIVBZ162        ------------------------------------------G--------------G------  1089
CONSENSUS.O     aGAaATGaTgacAGC?TGtCAgGGAGTgGGAGGaCC??gcCAtAAaGCaAgagTttTaGCtGAaGCaATGa  1059
HIVLBV217(F)    A--A---A-GAC---A--C--G-----G-----A--CAGC--T--A--A-GAG-TT-A--T--A--G---A  1096
HIVVI191(F)     A--A---A-GAC---A--C--G-----G-----A--CGGC--T--A--A-GAG-TT-A--T--A--A---A  1093
HIVVI525(G)     A--A---A-GAC---A--T--G-----G-----A--TAGC--C--A--A-GAG-TT-G--T--G--A---A  1102
HIVVI557(G)     A--A---A-GAC---C--C--G-----G-----G--TGGC--T--A--A-AAG-TT-G--T--G--A---A  1102
HIVVI325        G--A---A-GAC---A--T--A-----G-----A--TGGC--T--A--A-GAA-TT-G--T--G--A---A  1090
HIVANT70        A--G---A-GGT---C--T--G-----A-----A--AACT--T--G--C-GAG-GC-A--A--A--A---G  1099
HIVMVP5180      A--A---A-GGT---C--T--A-----A-----G--AACT--C--G--A-AAA-AC-A--A--A--A---G  1099
CPZGAB          G--A---A-GAC---T--T--A-----A-----A--ATCT--T--G--A-GGG-TC-A--T--A--C---T  1126
```

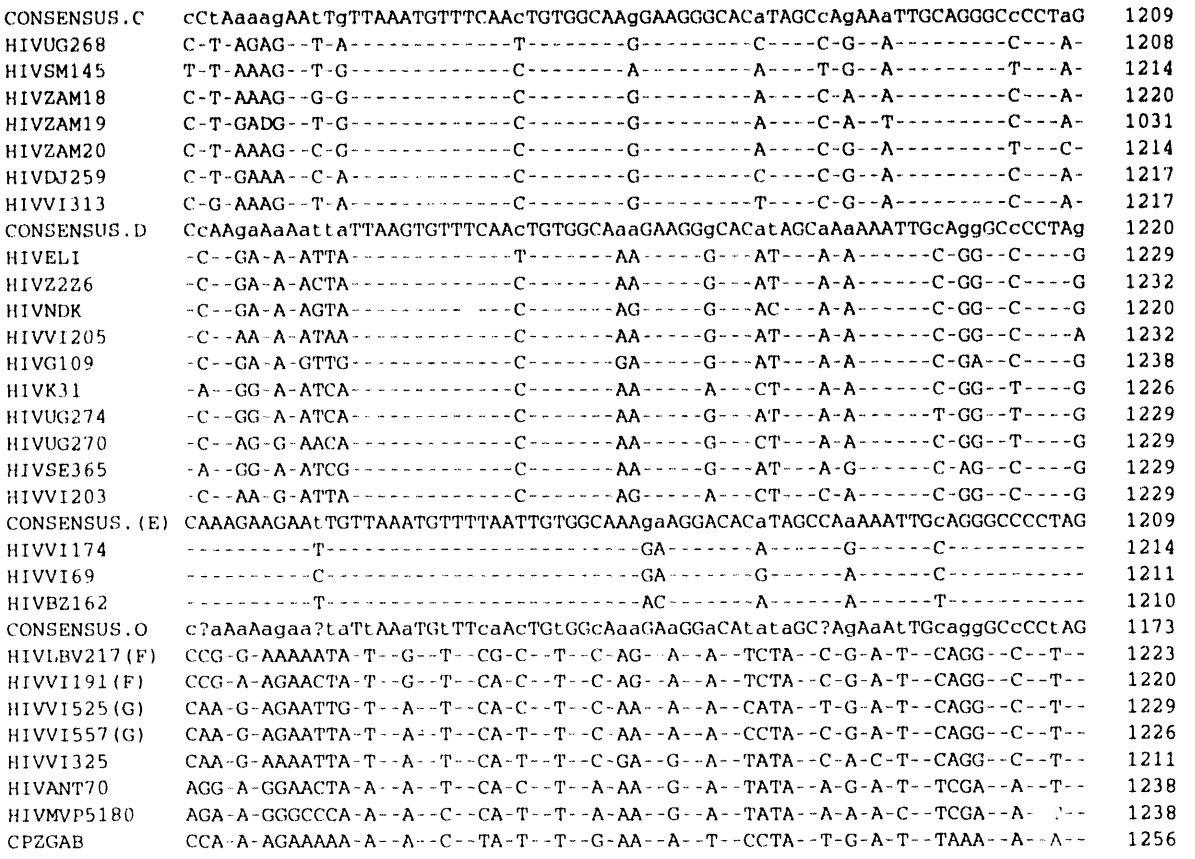
HIV-1 GAG

```
CONSENSUS.A   GtCAaGtacaacAt?caAac.........??????????aTAATGATgCAgAgaGGcaAttTt...aggGGc   1143
HIVU455       -T--A-TACAAC-GACA-GC.................A-------G--G-GA--CA-TT-T...AGG--C   1140
HIVMAL        -C--A-CAACAA-TTCA-CT............GCTGCCA-------G--G-GA--TA-TT-T...AAG--C   1176
HIVVI59       -T--A-TACAAC-GACA-GC.................A-------G--G-GA--CA-TT-T...AAG--C   1152
HIVVI310      -T--G-CACAAC-TACA-AC.................A-------T--G-GG--CA-TT-T...AAG--C   1149
HIVVI57       -T--A-TACAAC-GCCA-AC.................A-------G--G-GA--CA-TT-T...AGG--C   1152
HIVK112       -T--A-TACAAC-TACA-AC.................A-------G--G-GA--CA-CT-T...AGG--C   1152
HIVK88        -T--G-TACAAC-TACA-AC.................A-------G--G-GA--CA-TT-T...AGG--C   1152
HIVK29        -T--A-TGCAAC-TACA-AC.................A-------G--G-GA--CA-TT-T...AGG--C   1152
HIVK124       -C--A-CAACAA-TAAT-TA.........AATGCTGCTG-------G--G-GA--CA-TT-T...AAG--C   1161
HIVK7         -T--A-CACAAC-GACA-AT.................A-------G--G-GA--CA-TT-T...AAA--C   1152
HIVK98        -C--A-TACAAC-GGCA-AC.................A-------G--A-GA--CA-TT-T...AGG--C   1152
HIVK89        -T--G-TACAAC-TACA-AC.................A-------G--G-GG--CA-TT-T...AGA--C   1152
HIVVI32       -T--C-TACAAC-GGCA-AC.................A-------G--A-GA--CA-TA-C...AGG--C   1152
HIVVI415      -T--A-TACAAC-TACA-AC.................A-------G--G-GA--CA-TT-T...AAA--C   1152
HIVCI4        -T--A-TACAAC-TACC-AC.................A-------G--G-AA--CA-TT-T...AGG--T   1146
HIVG141       -T--A-TACAAA-TGCC-AC.................A-------G--G-AA--CA-TT-T...AAG--C   1140
HIVLBV23      -T--A-TACAAC-TACA-AC.................G-------G--G-GA--CA-CT-T...AGG--T   1152
HIVTN243      -C--C-CACAAC-TGCA-AT.................A-------G--G-GA--CA-TT-T...AAG--C   1152
HIVTN245      -C--C-CACAAC-TGCA-AT.................A-------G--G-GA--CA-TT-T...AAG--C   1152
HIVTN240      -C--C-CACAAC-TGCA-CT.................A-------G--G-GA--CA-TT-C...AAG--C   1152
HIVCI20       -T--A-TACAAC-GTCC-AC.................A-------G--G-GA--CA-TT-T...AGG--C   1128
HIVCI59       -T--A-TACAAC-GTCC-AC.................A-------G--G-GA--CA-TT-T...GGG--C   1143
HIVLBV2310    -T--A-TACAAC-GACC-AC.................A-------G--G-GA--CA-TT-T...AGG--C   1143
HIVCI51       -T--A-TACAAC-GTCC-AC.................A-------G--G-GA--CA-TT-T...AGG--C   1137
HIVLBV105     -T--A-TACAAC-TCCA-AC.................A-------G--G-GA--CA-TT-T...AAG--C   1164
HIVCI32       -T--A-TACAAC-GTCC-AC.................A-------G--G-GA--CA-CT-T...AAG--C   1158
HIVIC144      -T--A-TACAAC-GTCC-AC.................A-------G--G-GA--CA-TT-T...AGG--C   1143
HIVDJ258      -T--G-TACAAC-ATCC-AC.................A-------G--G-GA--CG-TT-T...AGG--C   1143
HIVCM238      -C--C-CACAAC-GGCA-GT.................A-------G--G-GA--CA-TT-T...AAG--C   1152
HIVUG266      -T--A-TACAAC-GACA-GC.................A-------G--G-GA--CA-TT-T...AAA--C   1152
HIVVI354      -T--A-TACACA-TACA-GC.................A-------G--G-GA--CA-TT-T...AAG--C   1152
CONSENSUS.B   GCcAAGta......acaaat......???tCAgctaccataATGaTgCAgAgaGGcAAtTTT...Aggaac   1153
HIVSF2        --C---TA......ACAAAT.........C--GCTAACATA---A-G--G-GA--C--T---...-GGAAC   1161
HIVBZ167      --C---TA......CCAAAT......AGTT--GCTACCATA---A-G--G-AA--C--T---...-GAAAC   1161
HIVPH153      --C---CA......ACAAAC.........T--GCTACCATG---C-G--G-GA--C--T---...-GGAAC   1155
HIVPH136      --C---TA......ACAAAT.........T--GCTACCGCC---A-G--G-GA--C--T---...-GGAAC   1155
HIVBZ200      --T---TA......ACAAAT.........T--GCAGCCATA---A-G--G-GA--C--T---...-GGAAC   1155
HIVTB132      --C---TG......ACAAAT.........T--GCTACCATA---A-G--G-AA--C--A---...-GGAAC   1155
HIVBZ190      --C---TA......ACAAAT.........T--GCTACCATA---A-G--G-GA--C--T---...-GGAAC   1155
HIVLAI        --C---TA......ACAAAT.........T--GCTACCATA---A-G--A-GA--C--T---...-GGAAC   1155
HIVHXB2R      --C---TA......ACAAAT.........T--GCTACCATA---A-G--G-GA--C--T---...-GGAAC   1155
HIVMN         --C---TA......ACAAAT.........T--GCTACCATA---A-G--G-GA--C--T---...-GGAAT   1164
HIVJH3        --C---TA......ACAAAT.........T--ACTACCATA---A-G--G-GA--C--T---...-GGAAC   1155
HIVJRCSF      --C---TA......ACAAAT.........C--GCTACCATA---A-G--G-GA--C--C---...-GGAAC   1155
HIVOYI        --C---TA.........AAT.........T--GTCACCGTA---A-G--G-AA--C--T---...-AGAAC   1152
HIVNY5CG      --C---TA......ACAAAT.........C--GCTACCATA---A-A--G-GA--C--T---...-GAAAC   1155
HIVNL43       --C---TA......ACAAAT.........C--GCTACCATA---A-A--G-AA--C--T---...-GGAAC   1155
HIVCDC4       --C---TA......ACAAAT.........T--GCTACCATA---A-G--G-GA--C--C---...-GGAGA   1155
HIVHAN        --C---TA......ACAGGT.........T--GCTGCCATA---A-G--G-GA--C--T---...-GGAAC   1155
HIVCAM1       --C---TA......ACAAAT.........T--GCTACCATA---A-G--G-GA--C--T---...-GGAAC   1155
HIVRF         --C---TA......ACAAAT.........T--GCTACCATA---C-G--G-AA--T--T---...-GGGAC   1155
HIVD31        --C---TA......ACAAAT.........T--GCTACTGTA---A-G--G-GA--C--T---...-GGAAC   1155
HIVBH102      --C---TA......ACAAAT.........A--GCTACCATA---A-G--G-GA--C--T---...-GGAAC   1155
HIVPV22       --C---TA......ACAAAT.........A--GCTACCATA---A-G--G-GA--C--T---...-GGAAC   1155
HIVJRFL       --C---TA......ACAAAT.........C--GCTACCATA---A-G--G-GA--C--C---...-GGAAC   1149
HIVUG280      --C---TA......ACAAAT.........C--GTTAACATA---A-G--G-AC--C--T---...-GGAAC   1155
HIVYU2        --C---TA......ACAAAT.........T--GCTACCATA---A-G--G-GA--C--T---...-GGAAC   1155
```

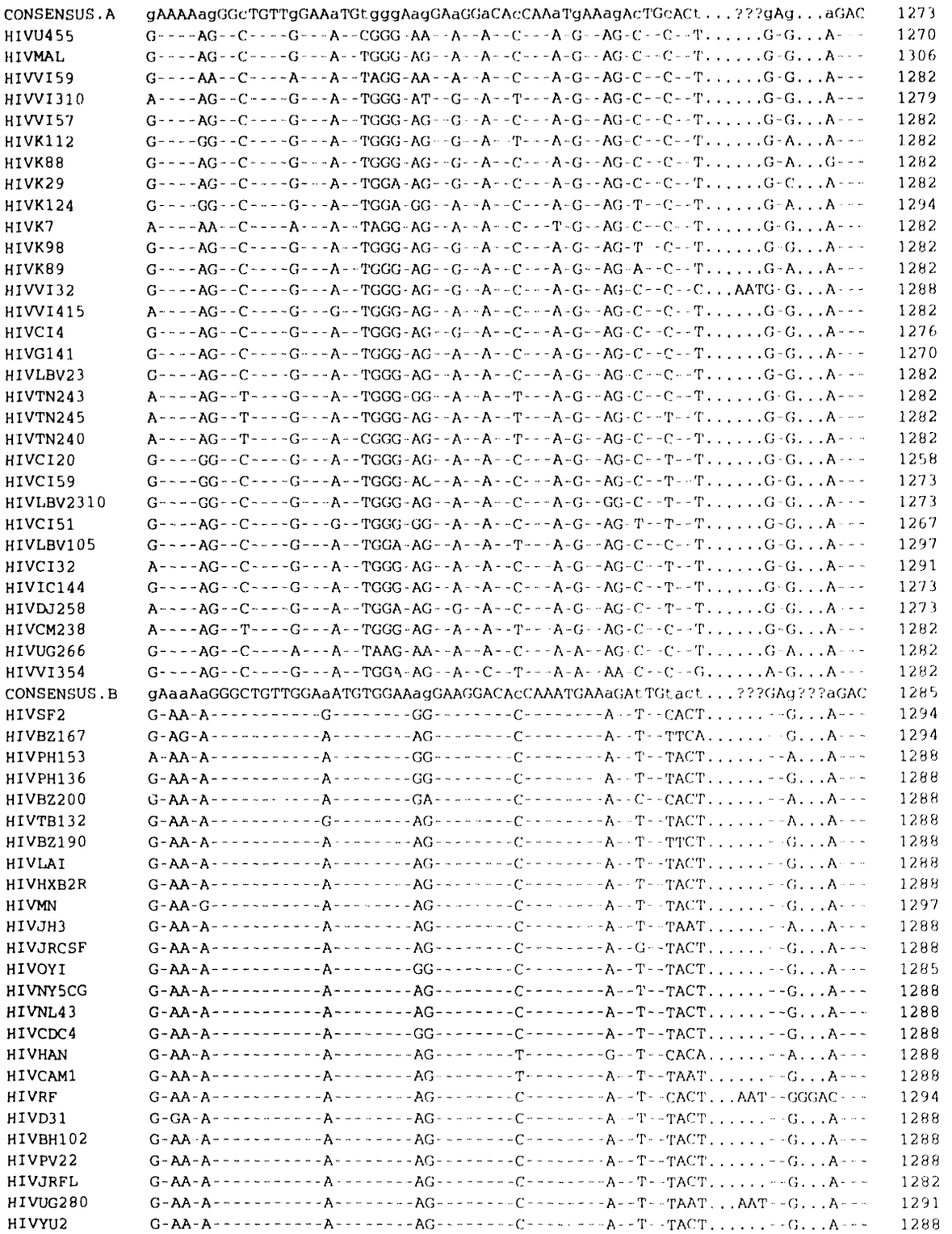
```
CONSENSUS.C     GCCAAgCAAaCAatacAAac.................aTAaTGATGCAgAgAaGCAATTTT...AAaGGc   1138
HIVUG268        -----G---A--ATAT--AC.................A--A-------G-G-A--------...--G--C   1137
HIVSM145        -----G---A--ATAT--AC.................A--C-------A-G-G--------...--A--C   1143
HIVZAM18        -----G---A--ATAC--AC.................A--C-------G-G-A--------...--A--A   1149
HIVZAM19        -----G---A--GTAC--CY.................R--A-------G-G-A--------...--A--A    960
HIVZAM20        -----A---A--GTGC--AT.................G--A-------G-G-G--------...--A--C   1143
HIVDJ259        -----G---C--ACAC--AC.................A--A-------G-A-A--------...--G--C   1146
HIVVI313        -----G---A--ATAT--AC.................A--A-------G-A-A--------...--A--C   1146
CONSENSUS.D     GCCAAGca......acaaaT......tcA?aT?ctgC?atAATgATGCAgAgAGgcAAtTTt...AAgGG?   1149
HIVELI          ------CA......ACAAA-......TC-GT-ACTA-AGC---G-----G-G--GC--T--T...--G--C   1158
HIVZ2Z6         ------CA......ACAAA-......TC-GC-GCCG-AGT---G-----G-G--GC--T--T...--G--C   1161
HIVNDK          ------TA......ACAGG-......TC-GC-ACTG-AGT---G-----G-G--GC--T--T...--G--C   1149
HIVVI205        ------CA......ACAAG-......TC-GC-ACTG-AGT---A-----G-G--GC--T--T...--G--C   1161
HIVG109         ------CA......ACAAG-......TC-AA-GCTG-CAT---G-----G-A--GT--T--T...--A--C   1167
HIVK31          ------CA.........AA-......GG-AA-ACTG-TAT---G-----G-G--GC--T--T...--G--C   1155
HIVUG274        ------CC......ACAAA-......GC-AA-ACTG-TAT---G-----G-G--GT--T--T...--G--C   1158
HIVUG270        ------CC......TCAAA-......GC-AA-GCTG-TAT---G-----A-G--CC--C--T...--G--T   1158
HIVSE365        ------CA......ACAAG-......TC-GC-GCTG-CAT---G-----G-G--GC--T--T...--G--T   1158
HIVVI203        ------CA......ACAAA-......AC-AA-GTTG-CAT---G-----G-G--GC--T--C...--G--C   1158
CONSENSUS.(E)   GCCAAGCA......ACAAAT......??????GCAgCcATAaTGATGCAGAAAAGTAAcTTT...AAGGGC   1138
HIVVI174        --------.....----------.....ACAGCA---G-C---A---------------C---...------   1143
HIVVI169        --------.....----------.....---G-C---A---------------T---...------   1140
HIVBZ162        --------.....----------.....---A-T---C---------------C---...------   1139
CONSENSUS.O     gcca?Gca?a?????ca?at????????a???aCagc?aTaaTgaTgCAgAaagG?aa?ttt???aagggc   1105
HIVLBV217(F)    GCCAG-CA......TCAGGT......ACAGCAA-AGCCA-AA-GA-G--G-AAG-CAATTTT...AAGGGC   1152
HIVVI191(F)     GCCAA-CA......TCAGGT......GTAGCAG-AGCCA-GA-GA-G--A-AAA-CGGGTTT...AAGGGC   1149
HIVVI525(G)     GCCAA-TA......ACAAAT......ACACATG-AGCCA-AA-GA-G--G-AAG-CAACTTT...AAGGGT   1158
HIVVI557(G)     GCCAA-TAAAT...ACAAAT............G-AGTTA-GA-GA-G--G-AAG-TAACTTC...AAGGGC   1155
HIVVI325        GCCAG-TA......ACAAAT............A-AACCA-AA-GA-G--G-GAG-AAACTTT...AAGGGC   1140
HIVANT70        CTACA-CCCAGCAAGATTTGAAAGGAGGATACA-AGCAG-AT-CA-G--A-GAG-GCAAAAT...CCAATT   1167
HIVMVP5180      CTTCT-CCCAGCAAGATTTAAAAGGAGGATACA-AGCAG-AT-CA-G--A-GAG-GCAGAAT...CCAAAT   1167
CPZGAB          CAATG-TTCAG...AATCAA......GGGAGAG-AGATG-TT-CT-C--G-AGG-ACAAGGT...GCGGGC   1185
```

HIV-1 GAG

```
CONSENSUS.A   cagaaaaga???aTtAAgTGtTTcAAcTGTGGcAaAGAaGGaCAccTAGCcAgAAATTGcAggGCcCCTAg  1211
HIVU455       CCGAGAAGA...A-T--G--T--C--C-----C-A---A--A--CC----C-A------T-GG--C----G  1208
HIVMAL        CAGAAAAGA...A-T--G--T--C--C-----C-A---A--A--CC----C-G------C-GG--C----G  1244
HIVVI59       CAGAAAAGA...A-T--G--T--C--C-----C-A---A--A--TC----C-G------C-GG--C----G  1220
HIVVI310      CAAAAAAGA...A-T--A--T--C--C-----C-A---A--A--TC----C-G------C-GG--C----G  1217
HIVVI57       CAGAGAGGA...A-T--G--T--C--C-----C-A---A--A--CC----C-G------C-GG--C----G  1220
HIVK112       CAGAAAAGG...A-T--G--T--C--C-----C-A---A--A--CC----C-G------C-GG--C----G  1220
HIVK88        CAGAAAAGG...A-T--G--T--C--C-----C-A---A--A--CC----C-G------C-GG--C----G  1220
HIVK29        CAGAAAAGG...A-T--G--T--C--C-----C-A---A--A--CC----C-G------T-GA--C----G  1220
HIVK124       CCAAAGAAAATCA-T--A--T--C--C-----C-A---A--G--CA----A-A------C-GG--T----G  1232
HIVK7         CAAAAAACG...A-T--G--T--T--T-----C-A---A--A--CC----C-G------C-GG--C----G  1220
HIVK98        CAAAAAAGG...A-T--G--T--T--T-----C-A---A--A--CC----C-G------C-GG--C----G  1220
HIVK89        CAGAAAAGG...A-T--G--T--C--C-----C-A---A--A--CC----C-G------T-GG--C----G  1220
HIVVI32       GGCTAGAAAAGAA-T--G--T--C--C-----C-A---A--A--CC----C-G------C-GG--C----G  1223
HIVVI415      CAGAGAAGA...A-T--G--C--C--T-----C-A---A--A--CC----C-G------C-GG--C----G  1220
HIVCI4        CAGAAAAGA...A-T--G--T--C--C-----C-A---A--A--CC----C-G------C-GG--C----G  1214
HIVG141       CAGAAAAGA...A-T--G--T--C--C-----C-A---A--A--CC----C-G------C-GG--C----G  1208
HIVLBV23      CAGAAAAGA...A-T--G--T--C--C-----C-A---A--A--CC----C-G------C-GG--C----G  1220
HIVTN243      CAAAAAAGA...A-T--G--C--C--C-----C-A---A--A--CC----C-G------C-GG--C----G  1220
HIVTN245      CAAAAAAGA...A-T--G--C--C--C-----C-G---A--A--CC----C-G------C-GG--C----G  1220
HIVTN240      CAGAAAAGA...A-T--G--C--C--C-----T-G---A--A--CC----C-G------C-GG--C----G  1220
HIVCI20       CAAAGAACA...A-A--A--T--C--C-----C-A---A--A--CC----C-G------C-AG--C----G  1196
HIVCI59       CAGAGAACA...A-A--G--T--C--C-----C-A---A--A--CC----C-G------C-AG--C----G  1211
HIVLBV2310    CAGAGAACA...A-A--G--T--C--C-----C-A---A--A--CC----A-G------C-AG--C----G  1211
HIVCI51       CAGAGAACA...A-A--G--T--C--C-----C-A---A--A--CC----C-G------C-AG--C----G  1205
HIVLBV105     CAGAAAAGAATCA-T--G--T--C--C-----C-A---A--A--TC----C-G------C-GG--C----G  1235
HIVCI32       CAAAGAAAGTTCG-T--G--T--C--C-----C-A---G--A--CA----A-A------C-GG--C----G  1229
HIVIC144      CAGAGAACA...A-A--G--T--C--C-----C-A---A--A--CC----C-G------C-AG--C----G  1211
HIVDJ258      CAGAGAACA...A-A--G--T--C--C-----C-A---A--A--CC----C-G------C-AG--T----G  1211
HIVCM238      CAGAAAGGA...A-T--G--C--C--C-----C-G---A--A--CC----C-G------C-GG--C----G  1220
HIVUG266      CAGAAAAGA...A-T--G--T--C--C-----C-A---A--A--CC----C-G------C-AG--C----A  1220
HIVVI354      CAAAAAAAA...A-T--G--T--C--C-----C-A---A--A--CC----C-G------C-AG--C----G  1220
CONSENSUS.B   caaagAAAgA?tgTtAAgTGtTTCAAtTGTGGCAAAGaaGGgCACatAGCcAaAAAtTGCAgGGCcCCTAG  1223
HIVSF2        CAAAG---G-CTG-T--G--T-----T----------AA--G---AT---C-A---T----G---C-----  1232
HIVBZ167      CAAAG---G-TTG-T--G--T-----T----------AA--G---AT---C-A---T----G---C-----  1232
HIVPH153      ACAAG---G-CTG-T--G--T-----T----------AA--A---AT---C-G---T----A---C-----  1226
HIVPH136      CAAAG---A-TTG-T--G--T-----T----------AA--G---AT---C-A---T----G---C-----  1226
HIVBZ200      CAAAG---G-CTG-T--G--T-----T----------AA--G---AT---A-A---T----G---C-----  1226
HIVTB132      CAAAG---G-TTG-T--G--T-----T----------AA--G---AT---C-A---T----G---C-----  1226
HIVBZ190      CAAAG---G-CTG-T--A--T-----T----------AA--A---AT---C-A---C----G---C-----  1226
HIVLAI        CAAAG---G-TTG-T--G--T-----T----------AA--G---AT---C-G---T----G---C-----  1226
HIVHXB2R      CAAAG---G-TTG-T--G--T-----T----------AA--G---AC---C-G---T----G---C-----  1226
HIVMN         CAAAG---G-TTA-C--G--C-----T----------AA--G---AT---C-A---T----G---C-----  1235
HIVJH3        CAAAG---G-TTA-T--G--T-----T----------AA--G---TT---C-G---T----G---C-----  1226
HIVJRCSF      CAAAG---G-ATG-T--G--T-----T----------AA--G---AT---C-G---T----G---C-----  1226
HIVOYI        CAAAG---G-CTG-T--G--T-----T----------AA--G---AT---C-A---T----G---T-----  1223
HIVNY5CG      CAGAA---G-CTG-T--G--T-----T----------AA--G---AT---C-A---T----G---C-----  1226
HIVNL43       CAAAG---G-CTG-T--G--T-----T----------AA--G---AT---C-A---T----G---C-----  1226
HIVCDC4       CAAGG---G-CTG-T--G--T-----T----------AA--G---AT---T-G---T----A---C-----  1226
HIVHAN        CAAAG---G-CTG-T--G--T-----T----------AA--G---AT---C-G---T----G---C-----  1226
HIVCAM1       CAAAG---G-CTG-T--G--T-----C----------TC--G---AT---T-A---T----G---C-----  1226
HIVRF         CAAAG---A-TTG-T--G--T-----C----------TA--G---AT---C-A---T----G---C-----  1226
HIVD31        CAAAG---G-CTG-T--G--T-----T----------AA--G---AT---C-A---T----G---C-----  1226
HIVBH102      CAAAG---G-TGG-T--G--T-----T----------AA--G---AC---C-G---T----G---C-----  1226
HIVPV22       CAAAG---G-TGG-T--G--T-----T----------AA--G---AC---C-G---T----G---C-----  1226
HIVJRFL       CAAAG---G-TTG-T--G--T-----T----------AA--G---AT---C-G---T----G---C-----  1220
HIVUG280      CAAAG---G-TTG-T--G--T-----C----------TA--G---AT---C-A---T----G---C-----  1226
HIVYU2        CAAAG---A-CTG-T--G--T-----T----------AA--G---AT---C-A---T----G---T-----  1226
```


CONSENSUS.C cCtAaaagAAtTgTTAAATGTTTCAAcTGTGGCAAgGAAGGGCACaTAGCcAgAAaTTGCAGGGCcCCTaG 1209
HIVUG268 C-T-AGAG--T-A----------T--------G---------C----C-G--A---------C---A- 1208
HIVSM145 T-T-AAAG--T-G----------C--------A---------A----T-G--A---------T---A- 1214
HIVZAM18 C-T-AAAG--G-G----------C--------G---------A----C-A--A---------C---A- 1220
HIVZAM19 C-T-GADG--T-G----------C--------G---------A----C-A--T---------C---A- 1031
HIVZAM20 C-T-AAAG--C-G----------C--------G---------A----C-G--A---------T---C- 1214
HIVDJ259 C-T-GAAA--C-A----------C--------G---------C----C-G--A---------C---A- 1217
HIVVI313 C-G-AAAG--T-A----------C--------G---------T----C-G--A---------C---A- 1217
CONSENSUS.D CcAAgaAaAattaTTAAGTGTTTCAAcTGTGGCAaaGAAGGgCACatAGCaAaAAATTGcAggGCcCCTAg 1220
HIVELI -C--GA-A-ATTA----------T--------AA-----G---AT---A-A------C-GG--C----G 1229
HIVZ2Z6 -C--GA-A-ACTA----------C--------AA-----G---AT---A-A------C-GG--C----G 1232
HIVNDK -C--GA-A-AGTA---------- ---C--------AG-----G---AC---A-A------C-GG--C----G 1220
HIVVI205 -C--AA-A-ATAA----------C--------AA-----G---AT---A-A------C-GG--C----A 1232
HIVG109 -C--GA-A-GTTG----------C--------GA-----G---AT---A-A------C-GA--C----G 1238
HIVK31 -A--GG-A-ATCA----------C--------AA-----A---CT---A-A------C-GG--T----G 1226
HIVUG274 -C--GG-A-ATCA----------C--------AA-----G---AT---A-A------T-GG--T----G 1229
HIVUG270 -C--AG-G-AACA----------C--------AA-----G---CT---A-A------C-GG--T----G 1229
HIVSE365 -A--GG-A-ATCG----------C--------AA-----G---AT---A-G------C-AG--C----G 1229
HIVVI203 -C--AA-G-ATTA----------C--------AG-----A---CT---C-A------C-GG--C----G 1229
CONSENSUS.(E) CAAAGAAGAAtTGTTAAATGTTTTAATTGTGGCAAAgaAGGACACaTAGCCAaAAATTGcAGGGCCCCTAG 1209
HIVVI174 ----------T----------GA-------A-------G------C---------- 1214
HIVVI69 ----------C----------GA-------G------A------C---------- 1211
HIVBZ162 ----------T----------AC-------A------A------T---------- 1210
CONSENSUS.O c?aAaAagaa?taTtAAaTGtTTcaAcTGtGGcAaaGAaGGaCAtataGC?AgAaAtTGcaggGCcCCtAG 1173
HIVLBV217(F) CCG-G-AAAAATA-T--G--T--CG-C--T--C-AG--A--A--TCTA--C-G-A-T--CAGG--C--T-- 1223
HIVVI191(F) CCG-A-AGAACTA-T--G--T--CA-C--T--C-AG--A--A--TCTA--C-G-A-T--CAGG--C--T-- 1220
HIVVI525(G) CAA-G-AGAATTG-T--A--T--CA-C--T--C-AA--A--A--CATA--T-G-A-T--CAGG--C--T-- 1229
HIVVI557(G) CAA-G-AGAATTA-T--A--T--CA-T--T--C-AA--A--A--CCTA--C-G-A-T--CAGG--C--T-- 1226
HIVVI325 CAA-G-AAAATTA-T--A--T--CA-T--T--C-GA--G--A--TATA--C-A-C-T--CAGG--C--T-- 1211
HIVANT70 AGG-A-GGAACTA-A--A--T--CA-C--T--A-AA--G--A--TATA--A-G-A-T--TCGA--A--T-- 1238
HIVMVP5180 AGA-A-GGGCCCA-A--A--C--CA-T--T--A-AA--G--A--TATA--A-A-A-C--TCGA--A- --- 1238
CPZGAB CCA-A-AGAAAAA-A--A--C--TA-T--T--G-AA--A--T--CCTA--T-G-A-T--TAAA--A--A-- 1256

HIV-1 GAG


CONSENSUS.A gAAAAagGGcTGTTgGAAaTGtgggAagGAaGGaCAcCAAaTgAAagAcTGcACt...???gAg...aGAC 1273
HIVU455 G----AG--C----G---A--CGGG-AA--A--A--C---A-G--AG-C--C--T......G-G...A--- 1270
HIVMAL G----AG--C----G---A--TGGG-AG--A--A--C---A-G--AG-C--C--T......G-G...A--- 1306
HIVVI59 G----AA--C----A---A--TAGG-AA--A--A--C---A-G--AG-C--C--T......G-G...A--- 1282
HIVVI310 A----AG--C----G---A--TGGG-AT--G--A--T---A-G--AG-C--C--T......G-G...A--- 1279
HIVVI57 G----AG--C----G---A--TGGG-AG--G--A--C---A-G--AG-C--C--T......G-G...A--- 1282
HIVK112 G----GG--C----G---A--TGGG-AG--G--A--T---A-G--AG-C--C--T......G-A...A--- 1282
HIVK88 G----AG--C----G---A--TGGG-AG--G--A--C---A-G--AG-C--C--T......G-A...G--- 1282
HIVK29 G----AG--C----G---A--TGGA-AG--G--A--C---A-G--AG-C--C--T......G-C...A--- 1282
HIVK124 G----GG--C----G---A--TGGA-GG--A--A--C---A-G--AG-T--C--T......G-A...A--- 1294
HIVK7 A----AA--C----A---A--TAGG-AG--A--A--C---T-G--AG-C--C--T......G-G...A--- 1282
HIVK98 G----AG--C----G---A--TGGG-AG--G--A--C---A-G--AG-T--C--T......G-G...A--- 1282
HIVK89 G----AG--C----G---A--TGGG-AG--G--A--C---A-G--AG-A--C--T......G-A...A--- 1282
HIVVI32 G----AG--C----G---A--TGGG-AG--G--A--C---A-G--AG-C--C--C...AATG-G...A--- 1288
HIVVI415 A----AG--C----G---G--TGGG-AG--A--A--C---A-G--AG-C--C--T......G-G...A--- 1282
HIVCI4 G----AG--C----G---A--TGGG-AG--G--A--C---A-G--AG-C--C--T......G-G...A--- 1276
HIVG141 G----AG--C----G---A--TGGG-AG--A--A--C---A-G--AG-C--C--T......G-G...A--- 1270
HIVLBV23 G----AG--C----G---A--TGGG-AG--A--A--C---A-G--AG-C--C--T......G-G...A--- 1282
HIVTN243 A----AG--T----G---A--TGGG-GG--A--A--T---A-G--AG-C--C--T......G-G...A--- 1282
HIVTN245 A----AG--T----G---A--TGGG-AG--A--A--T---A-G--AG-C--T--T......G-G...A--- 1282
HIVTN240 A----AG--T----G---A--CGGG-AG--A--A--T---A-G--AG-C--C--T......G-G...A--- 1282
HIVCI20 G----GG--C----G---A--TGGG-AG--A--A--C---A-G--AG-C--T--T......G-G...A--- 1258
HIVCI59 G----GG--C----G---A--TGGG-AC--A--A--C---A-G--AG-C--T--T......G-G...A--- 1273
HIVLBV2310 G----GG--C----G---A--TGGG-AG--A--A--C---A-G--GG-C--T--T......G-G...A--- 1273
HIVCI51 G----AG--C----G---G--TGGG-GG--A--A--C---A-G--AG-T--T--T......G-G...A--- 1267
HIVLBV105 G----AG--C----G---A--TGGA-AG--A--A--T---A-G--AG-C--C--T......G-G...A--- 1297
HIVCI32 A----AG--C----G---A--TGGG-AG--A--A--C---A-G--AG-C--T--T......G-G...A--- 1291
HIVIC144 G----AG--C----G---A--TGGG-AG--A--A--C---A-G--AG-C--T--T......G-G...A--- 1273
HIVDJ258 A----AG--C----G---A--TGGA-AG--G--A--C---A-G--AG-C--T--T......G-G...A--- 1273
HIVCM238 A----AG--T----G---A--TGGG-AG--A--A--T---A-G--AG-C--C--T......G-G...A--- 1282
HIVUG266 G----AG--C----A---A--TAAG-AA--A--A--C---A-A--AG-C--C--T......G-A...A--- 1282
HIVVI354 G----AG--C----G---A--TGGA-AG--A--C--T---A-A--AA-C--C--G......A-G...A--- 1282
CONSENSUS.B gAaaAaGGGCTGTTGGAaATGTGGAAagGAAGGACAcCAAATGAAaGAtTGtact...???GAg???aGAC 1285
HIVSF2 G-AA-A----------G--------GG--------C--------A--T--CACT.....--G...A--- 1294
HIVBZ167 G-AG-A----------A--------AG--------C--------A--T--TTCA.....--G...A--- 1294
HIVPH153 A-AA-A----------A--------GG--------C--------A--T--TACT.....--A...A--- 1288
HIVPH136 G-AA-A----------A--------GG--------C--------A--T--TACT.....--G...A--- 1288
HIVBZ200 G-AA-A-------.----A--------GA--------C--------A--C--CACT.....--A...A--- 1288
HIVTB132 G-AA-A----------G--------AG--------C--------A--T--TACT.....--A...A--- 1288
HIVBZ190 G-AA-A----------A--------AG--------C--------A--T--TTCT.....--G...A--- 1288
HIVLAI G-AA-A----------A--------AG--------C--------A--T--TACT.....--G...A--- 1288
HIVHXB2R G-AA-A----------A--------AG--------C--------A--T--TACT.....--G...A--- 1288
HIVMN G-AA-G----------A--------AG--------C--------A--T--TACT.....--G...A--- 1297
HIVJH3 G-AA-A----------A--------AG--------C--------A--T--TAAT.....--A...A--- 1288
HIVJRCSF G-AA-A----------A--------AG--------C--------A--G--TACT.....--G...A--- 1288
HIVOYI G-AA-A----------A--------GG--------C--------A--T--TACT.....--G...A--- 1285
HIVNY5CG G-AA-A----------A--------AG--------C--------A--T--TACT.....--G...A--- 1288
HIVNL43 G-AA-A----------A--------AG--------C--------A--T--TACT.....--G...A--- 1288
HIVCDC4 G-AA-A----------A--------GG--------C--------A--T--TACT.....--G...A--- 1288
HIVHAN G-AA-A----------A--------AG--------T--------G--T--CACA.....--A...A--- 1288
HIVCAM1 G-AA-A----------A--------AG--------T--------A--T--TAAT.....--G...A--- 1288
HIVRF G-AA-A----------A--------AG--------C--------A--T--CACT...AAT--GGGAC--- 1294
HIVD31 G-GA-A----------A--------AG--------C--------A--T--TACT.....--G...A--- 1288
HIVBH102 G-AA-A----------A--------AG--------C--------A--T--TACT.....--G...A--- 1288
HIVPV22 G-AA-A----------A--------AG--------C--------A--T--TACT.....--G...A--- 1288
HIVJRFL G-AA-A----------A--------AG--------C--------A--T--TACT.....--G...A--- 1282
HIVUG280 G-AA-A----------A--------AG--------C--------A--T--TAAT...AAT--G...A--- 1291
HIVYU2 G-AA-A----------A--------AG--------C--------A--T--TACT.....--G...A--- 1288

```
CONSENSUS.C     GAAAAAgGGCTGTTGGAAATGTGGAA?GGAAGGACACCAAATGAAAGAcTGTACt......GAG...AGgC  1270
HIVUG268        ------A------------------G--------------------C-----T.....---...--A-  1270
HIVSM145        ------G------------------A--------------------C-----T.....---...--G-  1276
HIVZAM18        ------A------------------A--------------------C-----C.....---...--G-  1282
HIVZAM19        ------A------------------W--------------------C-----T.....---...--G-  1093
HIVZAM20        ------G------------------G--------------------T-----T.....---...--A-  1276
HIVDJ259        ------G------------------G--------------------C-----T.....---...--A-  1279
HIVVI313        ------G------------------A--------------------C-----T.....---...--G-  1279
CONSENSUS.D     ?AaaAaGGGCTGTTggAaATGtGGAaagGAAGGaCACCAAaTgAAaGAtTGCACt......Gaa...AGAC  1281
HIVELI          G-AA-A--------GG-G---T---AAG-----A------C-A--A--T-----T......-AG.......  1291
HIVZ2Z6         G-GA-A--------GG-A---T---AAG-----A------C-G--G--T-----T......-AA.......  1294
HIVNDK          A-AA-A--------GG-A---C---AGG-----A------A-G--A--T-----T......-AA.......  1282
HIVVI205        A-AA-A--------GG-A---T---AGG-----A------A-A--A--T-----T......-AA.......  1294
HIVG109         G-AA-G--------GG-A---T---AAA-----G------A-G--A--T-----T......-AA.......  1300
HIVK31          G-AG-A--------GG-A---T---AGG-----A------A-G--A--T-----T......-AA.......  1288
HIVUG274        G-AA-A--------GG-A---T---AAG-----A------A-G--A--G-----T......-AA.......  1291
HIVUG270        A-AA-A--------AA-A---T---AGG-----A------A-A--A--T-----A......-AA.......  1291
HIVSE365        A-AA-A--------GG-A---T---CAG-----A------A-G--G--T-----T......-GA.......  1291
HIVVI203        A-AA-A--------GG-A---T---AAG-----A------A-G--A--T-----T......-AA.......  1291
CONSENSUS.(E)   AAAAAAGGGCTGTTGGAAATGTGGAAGAGAaGGACACCAAATGAAAGACTGCACT......GAa...aGAC  1271
HIVVI174        ----------------------------A-------------------------.......--A...A---  1276
HIVVI69         ----------------------------G-------------------------.......--G...A---  1273
HIVBZ162        ----------------------------A-------------------------.......--A...G---  1272
CONSENSUS.O     gAaaAagGGcTGtTGGaaaTGtGGaaagGAaGGaCAcCAaaTgAAAgAcTGcaca??????ga????agac  1234
HIVLBV217(F)    G-AA-GG--C--T---AAA--T--AAAG--G--A--T--AA-G---G-C--CACA......GAG...AGAC  1285
HIVVI191(F)     G-AA-AG--C--T---AAA--T--AAGG--A--A--T--AA-G---G-C--CACA......GAG...AGAC  1282
HIVVI525(G)     G-AA-AG--C--T---AAA--T--AAGG--A--A--T--GA-G---G-T--CACA......GAG...AGAC  1291
HIVVI557(G)     G-AA-AG--A--T---AAA--C--AAAG--A--A--T--GC-G---G-C--CACA......GAA...AGAC  1288
HIVVI325        A-AA-AG--C--T---AAA--T--GAAG--A--A--C--AA-G---G-C--CACC......GAA...AGGC  1273
HIVANT70        G-AA-AG--T--C---AAA--T--ACAG--A--T--C--AA-G---G-T--CAGA......AATGGAAAAC  1303
HIVMVP5180      A-AA-GG--T--C---AAA--T--ACAG--A--T--C--AA-G---G-T--CAAA......AATGGAAGAC  1303
CPZGAB          A-GA-AA--C--T---CGG--T--GCAA--G--A--C--AA-G---G-C--CACA......GGA...AGAC  1318
```

HIV-1 GAG

```
                pol cds ->
CONSENSUS.A     AGGCtAATTTTTtTAggGAaAaTtTgGcCTTCCagCAAgGGg...AGGCCagGaAAtTTtCctCAgagCAGA   1341
HIVU455         ----T------T--GG--A-A-T-G-C-----AA---G--G...-----AG-G--T--T-CT--GAG----   1338
HIVMAL          ----T------T--GG--A-A-T-G-C-----CA---G--A...-----AG-G--T--C-TT--GAG----   1374
HIVVI59         ----T------T--GG--A-A-T-G-C-----AG---G--G...-----AG-A--T--T-CT--GAG----   1350
HIVVI310        ----T------T--GG--A-A-T-G-C-----AC---G--G...-----AG-A--T--T-CT--GAA----   1347
HIVVI57         ----T------T--GG--A-A-T-G-C-----AG---G--G...-----AG-A--T--C-CT--GAG----   1350
HIVK112         ----T------T--GG--A-A-T-G-C-----AG---G--G...-----AG-A--T--T-CT--GAA----   1350
HIVK88          ----G------T--GG--A-A-T-G-C-----AG---G--G...-----AG-A--T--T-CC--GAA----   1350
HIVK29          ----T------T--GG--A-C-T-G-C-----AG---G--G...-----AG-A--T--T-CT--GAA----   1350
HIVK124         ----T------T--GG--A-A-T-G-C-----CA---G--A...-----AG-G--C--C-TT--GAG----   1362
HIVK7           ----T------T--AG--G-A-T-A-C-----AG---G--G...-----AG-A--T--T-CT--GAG----   1350
HIVK98          ----T------T--GG--G-A-T-G-C-----AG---G--G...-----AG-A--T--T-CT--GAG----   1350
HIVK89          ----T------T--GG--G-A-T-G-C-----AG---G--G...-----AG-A--T--T-CT--GAA----   1350
HIVVI32         ----T------T--GG--A-A-C-G-C-----AA---G--G...-----AG-A--T--T-CT--GAG----   1356
HIVVI415        ----T------T--GG--A-A-C-G-T-----AG---G--G...-----AG-A--C--T-CT--GAG----   1350
HIVCI4          ----T------T--GG--A-A-C-G-C-----AG---G--G...-----AG-G--T--T-CT--GAG----   1344
HIVG141         ----T------T--GG--A-A-T-G-C-----AA---A--G...-----AG-G--C--T-CT--GAG----   1338
HIVLBV23        ----T------T--GG--A-A-T-G-C-----AG---G--G...-----AG-A--T--T-CT--GAG----   1350
HIVTN243        ----T------T--GG--A-A-T-G-C-----AA---G--A...-----GG-G--T--T-CT--GAG----   1350
HIVTN245        ----T------T--GG--A-A-T-G-C-----AA---G--A...-----GG-G--T--T-CT--GAG----   1350
HIVTN240        ----T------T--GG--A-A-T-G-C-----AA---G--A...-----GG-G--T--T-CT--GAG----   1350
HIVCI20         ----T------T--GG--A-A-T-G-C-----AG---G--G...-----AG-A--T--T-CT--GAG----   1326
HIVCI59         ----T------T--GG--A-A-T-G-C-----AG---A--G...-----AG-A--T--T-CT--GGG----   1341
HIVLBV2310      ----T------T--GG--A-A-T-G-C-----AG---A--G...-----AG-A--T--T-CC--GAG----   1341
HIVCI51         ----T------T--GG--A-A-T-G-C-----AG---G--G...-----AG-A--T--T-CT--GAG----   1335
HIVLBV105       ----T------T--GG--A-A-C-G-C-----AG---G--G...-----AG-G--T--T-TT--GAG----   1365
HIVCI32         ----T------A--GG--A-A-C-G-C-----AG---G--G...-----AG-A--T--T-CT--GAG----   1359
HIVIC144        ----T------T--GG--A-A-T-G-C-----AG---G--G...-----AA-A--T--T-CT--GAG----   1341
HIVDJ258        ----T------T--GG--A-A-T-G-C-----AC---G--G...-----AG-A--T--T-CT--AAG----   1341
HIVCM238        ----T------T--GG--A-A-T-G-C-----AA---G--A...-----GG-G--T--T-CT--GAG----   1350
HIVUG266        ----T------T--AA--A-A-T-G-C-----AG---G--G...-----AA-G--C--T-CT--GAG----   1350
HIVVI354        ----T------T--GG--A-A-T-G-C-----AA---G--G...-----AG-G--T--T-TC--GAA----   1350
CONSENSUS.B     AGGCTAATTTTTTAGGgAAgATcTGGCCTTCC?aCAAGGGa...AGGccagGgAAtTTtCttCAGagCAGa   1352
HIVSF2          ----------------G--G--C---------TA------A...---CCAG-G--T--T-TT---AG---A   1362
HIVBZ167        ----------------G--G--C---------TA------A...---CCAG-G--C--C-TT---AG---A   1362
HIVPH153        ----------------G--A--C---------CA------G...---CCAG-G--T--T-TT---AG---A   1356
HIVPH136        ----------------G--G--C---------CA------G...---CCAG-G--T--T-TC---AG---G   1356
HIVBZ200        ----------------G--A--T---------AA------G...---CCAG-G--T--C-TT---AA---G   1356
HIVTB132        ----------------A--A--C---------CA------A...---CCAG-A--T--T-TT---AG---A   1356
HIVBZ190        ----------------G--A--C---------CA------G...---CCAG-G--C--T-TT---AG---A   1356
HIVLAI          ----------------G--G--C---------TA------A...---CCAG-G--T--T-TT---AG---A   1356
HIVHXB2R        ----------------G--G--C---------TA------A...---CCAG-G--T--T-TT---AG---A   1356
HIVMN           ----------------G--G--C---------TG------A...---...C-G--T--T-CT---AG---A   1362
HIVJH3          ----------------G--G--C---------TC------A...---CCAG-G--T--T-TT---AG---A   1356
HIVJRCSF        ----------------G--G--C---------TA------A...---CCAG-G--T--C-TT---AG---A   1356
HIVOYI          ----------------G--G--C---------CA------A...---CCAG-G--T--T-TT---AA---A   1353
HIVNY5CG        ----------------G--G--C---------CA------A...---CCAG-G--T--T-TT---AG---A   1356
HIVNL43         ----------------G--G--C---------CA------A...---CCAG-G--T--T-TT---AG---A   1356
HIVCDC4         ----------------G--G--C---------CA------A...---CCAG-G--T--T-TT---AG---A   1356
HIVHAN          ----------------G--G--C---------CA------G...---CCAG-A--T--T-TT---AG---A   1356
HIVCAM1         ----------------G--A--C---------CA------G...---CCAG-G--T--T-TT---AG---A   1356
HIVRF           ----------------G--A--C---------CA------A...---CCAG-G--C--T-TT---AG---A   1362
HIVD31          ----------------G--G--C---------TA------A...---CCAG-G--T--T-TT---CG---A   1356
HIVBH102        ----------------G--G--C---------TA------A...---CCAG-G--T--T-TT---AG---A   1356
HIVPV22         ----------------G--G--C---------TA------A...---CCAG-G--T--T-TT---AG---A   1356
HIVJRFL         ----------------G--G--C---------TA------A...---CCAG-G--T--T-TT---AG---A   1350
HIVUG280        ----------------G--G--C---------TA------G...---CCAG-G--T--T-TT---AG---A   1359
HIVYU2          ----------------G--G--C---------CA------A...---CCAG-A--T--T-TT---AG---A   1356
```

```
                pol cds ->
CONSENSUS.C     AGGCtAATTTTTTAGGGAAaATtTGGCCTtCCcAcAAGGGG...AGGCCAGGGAATTTCCTtCAGAgCAGg   1338
HIVUG268        ----C-------------G--T------C--A-C------...-----------------T----G---A   1338
HIVSM145        ----T-------------A--T------T--C-C------...-----------------T----A---G   1344
HIVZAM18        ----T-------------A--C------T--C-C------...-----------------T----G---G   1350
HIVZAM19        ----T-------------A--C------T--C-C------...-----------------T----G---G   1161
HIVZAM20        ----T-------------A--T------T--C-A------...-----------------C----A---G   1344
HIVDJ259        ----T-------------A--T------T--A-C------...-----------------T----G---A   1347
HIVVI313        ----T-------------A--T------T--T-C------...-----------------C----A---A   1347
CONSENSUS.D     AGGCTAATTTTTTAGGGAaaa'tTGGCCTTCCcaCAAGGGa...aGGCCaGGgAAcTT?CttCAgAGCAGA   1348
HIVELI          ----------------GAA-T---------CA------A...A----G--G--C--T-TC--A------   1359
HIVZ2Z6         ----------------AGA-T---------CA------A...A----G--G--C--T-TT--G------   1362
HIVNDK          ----------------AGA-T---------CA------A...A----G--G--T--T-TT--G------   1350
HIVVI205        ----------------AAA-T---------CT------A...A----G--G--T--T-TT--G------   1362
HIVG109         ----------------AAA-T---------AA------G...A----A--A--C--C-TT--G------   1368
HIVK31          ----------------GAC-T---------CG------A...G----T--A--C--C-TT--G------   1356
HIVUG274        ----------------AAA-T---------CA------G...A----A--G--C--C-TT--G------   1359
HIVUG270        ----------------AAA-C---------CA------G...A----A--G--C--C-TT--G------   1359
HIVSE365        ----------------AAA-T---------AG------G...A----A--G--C--T-CT--G------   1359
HIVVI203        ----------------AGA-T---------CA------A...A----A--G--C--C-TT--G------   1359
CONSENSUS.(E)   AGGCtAATTTTTTAGGGAAAATTTGGCCTTCCaACAAGGGG...AGGCCcGGaAATTTtCTtCAGAgCAGa   1339
HIVVI174        ----T-------------------------A--------...-----C--A-----T--T----G---A   1344
HIVVI69         ----C-------------------------A--------...-----A--G-----T--T----G---A   1341
HIVBZ162        ----T-------------------------C--------...-----C--A-----C--C----A---G   1340
CONSENSUS.O     AgGc?AATTTTTTAGGgAaaat?tggcCttCc?gcaa?ggG???AggCCaGGgAAtTtTcT?CAGA?caga   1296
HIVLBV217(F)    -G-CT----------G-AAATCTGGC-TT-CCACAAGGG-...-GG--A--G--T-T-C-T----ACAGA   1353
HIVVI191(F)     -G-CT----------G-GAATTTGGC-TT-CCACAAGGG-...-GG--G--G--T-T-C-T----TCAGG   1350
HIVVI525(G)     -G-CT----------G-AAATCTGGC-TT-CAGCAAAGG-...-GG--A--G--T-T-C-T----GCAGG   1359
HIVVI557(G)     -G-CT----------G-AAATTTGGT-TC-CAACAAAGG-...-GG--A--G--T-T-C-C----GCAGG   1356
HIVVI325        -G-CG----------G-AAATTTGGC-TT-CAACAAAGG-...-AG--A--G--T-T-C-C----GCAGA   1341
HIVANT70        -G-CA----------C-AATACTGGC-TC-GGGGGGCAC-...-GG--A--C--T-A-G-G----GACCA   1371
HIVMVP5180      -G-CA----------G-AGTACTGGC-TC-GGGGGGCAC-...-GG--A--C--T-A-G-G----AACAA   1371
CPZGAB          -G-TG----------G-AAGGTTGGC-T[illegible]CAGCGG-...-GG--A--C--C-T-G-G----ACAGA   1386
```

HIV-1 GAG

```
CONSENSUS.A  cca.....................................GAgCCaaCAGCcCCACcaGCAGAga?  1369
HIVU455      CCA.....................................--G--AA----C----CA-----AAT  1367
HIVMAL       CCA.....................................--G--AA----C----CA-----GAG  1403
HIVVI59      CCG.....................................--G--AA----C----CA-----GAT  1379
HIVVI310     TTG.....................................--G--AA----T----CA-----GAG  1376
HIVVI57      CCG.....................................--G--AA----C----CA-----GCT  1379
HIVK112      CTG.....................................--A--AA----C----CA-----GAT  1379
HIVK88       CTG.....................................--G--AA----C----CA-----GAT  1379
HIVK29       CTA.....................................--G--AA----C----CA-----GAT  1379
HIVK124      CCA.....................................--A--AA----C----CA-----GAG  1391
HIVK7        CCA.....................................--G--AA----C----CA-----GAT  1379
HIVK98       CCG.....................................--G--AA----C----CA-----GAT  1379
HIVK89       CTG.....................................--G--AA----C----CA-----GAT  1379
HIVVI32      CCG.....................................--G--AT----C----CA-----GAT  1385
HIVVI415     CCG.....................................--G--AA----C----CA-----GAT  1379
HIVCI4       CCA.....................................--G--AA----C----CA-----GCT  1373
HIVG141      CCG.....................................--G--AT----C----CA-----GAG  1367
HIVLBV23     CCA.....................................--G--AA----C----CA-----GAT  1379
HIVTN243     CCA.....................................--G--AA----C----CA-----AGA  1379
HIVTN245     CCA.....................................--G--AA----C----CA-----AAA  1379
HIVTN240     CCA.....................................--G--AA----C----CA-----AAA  1379
HIVCI20      CCA.....................................--A--AA----C----CA-----GAG  1355
HIVCI59      CCG.....................................--A--AA----C----CA-----GAA  1370
HIVLBV2310   CCG.....................................--A--AA----C----CA-----GAG  1370
HIVCI51      CCG.....................................--A--AA----C----CA-----GAG  1364
HIVLBV105    ACA.....................................--G--CT----C----CC-----GAG  1394
HIVCI32      CCG.....................................--A--AA----C----CA-----GAG  1388
HIVIC144     ACG.....................................--A--AA----C----CA-----GAG  1370
HIVDJ258     CCA.....................................--G--AA----C----TA-----GAG  1370
HIVCM238     CCA.....................................--G--AA----C----CA-----AAA  1379
HIVUG266     CCA.....................................--G--AA----C----CA-----GAT  1379
HIVVI354     CCA.....................................--G--AA----C----CA-----GAG  1379
CONSENSUS.B  cCA?????????????????????????????.....?????????GAgCCaACAGCCCCacCAGaagAGAg  1381
HIVSF2       C--.....................................--G--A--------AC---AAG---G  1391
HIVBZ167     C--.....................................--G--A--------AC---AAG---T  1391
HIVPH153     C--.....................................--A--A--------AC---AAG---G  1385
HIVPH136     C--.....................................--G--A--------AC---AAG---C  1385
HIVBZ200     C--.....................................--G--A--------AC---CAG---G  1385
HIVTB132     C--.....................................--G--G--------AC---CAG---G  1385
HIVBZ190     C--.....................................--G--A--------AC---AGG---G  1385
HIVLAI       C--GAGCCAACAGCCCCACCATTTCTTCAG......AGCAGACCA--G--A--------AC---AAG---G  1421
HIVHXB2R     C--.....................................--G--A--------AC---AAG---G  1385
HIVMN        A--.....................................--G--A--------AC---AAG---G  1391
HIVJH3       C--.....................................--G--A--------TC---AGG---G  1385
HIVJRCSF     C--.....................................--G--A--------AC---AAG---G  1385
HIVOYI       C--.....................................--G--A--------AC---CAG---G  1382
HIVNY5CG     C--.....................................--G--A--------AC---AAG---G  1385
HIVNL43      C--.....................................--G--A--------AC---AAG---G  1385
HIVCDC4      C--.....................................--G--A--------AC---AGG---G  1385
HIVHAN       C--.....................................--G--A--------AC---AAG---G  1385
HIVCAM1      C--.....................................--G--A--------AC---AAG---G  1385
HIVRF        C--.....................................--G--A--------AC---AAG---G  1391
HIVD31       C--.....................................--G--A--------AC---AAG---G  1385
HIVBH102     C--GAGCCAACAGCCCCACCATTTCTTCAG......AGCAGACCA--G--A--------AC---AAG---G  1421
HIVPV22      C--GAGCCAACAGCCCCACCATTTCTTCAG......AGCAGACCA--G--A--------AC---AAG---G  1421
HIVJRFL      C--.....................................--G--A--------AC---AAA---G  1379
HIVUG280     C--.....................................--G--A--------AC---AAG---G  1388
HIVYU2       C--.....................................--G--A--------AT---AAG---G  1385
```

```
CONSENSUS.C     CCa??????????????????????????????????????????????gagCCAAcAGCCcCACcAGCAGAGag  1367
HIVUG268        --A.....................................GAA----C----C---C-------CC  1367
HIVSM145        --AGAGCCAACAGCCCCACCAGCAGAGAGCTTCAGGGTCAGGCCAGAG----C----C---C-------AG  1415
HIVZAM18        --AGAGCCAACAGCCCCT.....................AGGCCAGAG----C----C---C-------AG  1400
HIVZAM19        --A.....................................GAV----H----Y---M-------AG  1190
HIVZAM20        --AGAGCCAACAGCCCCACCAGCAGAGAACTTCAGG.....----C----C---C-------AG  1403
HIVDJ259        --T.....................................GAG----C----C---C-------AG  1376
HIVVI313        --A.....................................GAG----C----C---C-------AG  1376
CONSENSUS.D     Cca.....................................GAGCCaACAGCCCCACCAGCAgAGAG  1377
HIVELI          -CA.....................................-----A--------------G----  1388
HIVZ2Z6         -CA.....................................-----A--------------G----  1391
HIVNDK          -CA.....................................-----A--------------G----  1379
HIVVI205        -CA.....................................-----A--------------A----  1391
HIVG109         -CA.....................................-----A--------------G----  1397
HIVK31          -CG.....................................-----G--------------G----  1385
HIVUG274        -TG.....................................-----A--------------G----  1388
HIVUG270        -CA.....................................-----A--------------G----  1388
HIVSE365        -CA.....................................-----A--------------G----  1388
HIVVI203        -CA.....................................-----A--------------G----  1388
CONSENSUS.(E)   CCA.....................................GAGCCAaCAGCCCCaCCAGCAGAGAG  1368
HIVVI174        ---.....................................------A-------A-----------  1373
HIVVI69         ---.....................................------T-------G-----------  1370
HIVBZ162        ---.....................................------A-------A-----------  1369
CONSENSUS.O     ?ca???..................................???gagCCaaCaGCcCCACC?gcaGAga?  1322
HIVLBV217(F)    CCA.....................................GAG--AT-A--C-----CGCA--GAG  1382
HIVVI191(F)     ACA.....................................GAG--AA-A--C-----TGCA--A..  1377
HIVVI525(G)     CCA.....................................GAG--AA-A--C-----AGCA--GAG  1388
HIVVI557(G)     CCA.....................................GAG--AA-A--C-----AGCA--GAG  1385
HIVVI325        CCA.....................................GAG--GA-A--C-----AGCA--GAA  1370
HIVANT70        GCA.....................................CAC--AT-A--C-----GATG--G..  1398
HIVMVP5180      GTG.....................................TCC--AT-A--C-----AATG--G..  1398
CPZGAB          ACA.....................................GAA--AA-G--C-----GATA--GAG  1415
```

HIV-1 GAG

```
CONSENSUS.A   ctttg??gGgatgggggaagAgataacc...tCctct.....???ccgaagcaGgAgCagaaagac.  1421
HIVU455       CTTT...G-GATGGGGGAAA-GATGACC...T-CCCT.....GCGAAACA-G-G-TGAAAGAC.  1419
HIVMAL        CTTC...G-GTTTGGGGAGG-GATAAAA...C-CTCT.....CAGAAACA-G-G-AGAAAGAC.  1455
HIVVI59       CTTG...A-GATAAGGAAAG-AATG.....A-CTCC.....CCTCCGAAACA-G-A-AGACT....  1428
HIVVI310      CTTT...G-GATGGGGGAAG-CATAACC...T-CTCT.....CAGAAGCA-G-G-AGAAAGAC.  1428
HIVVI57       CTTT...G-AATGGGGGAAG-GATAGCC...T-CCCT.....CCGAAACA-G-G-AGAAAGAC.  1431
HIVK112       CTTT...G-GATGGGGGAAG-GATGGCC...T-CCCT.....CCGAAGCA-G-G-AGAAAGAC.  1431
HIVK88        CTGT...G-GATGGGGGAAG-GATAGCC...T-CCCT.....CCGAAGCA-G-G-AGAGAGAC.  1431
HIVK29        CTTT...G-GATGGGGGAAG-GATAACC...T-TCCT.....CCGAAGCA-G-G-AGAAAGAC.  1431
HIVK124       CTTC...G-GTTTGGGGAGG-GATAACA...C-CTCT.....CAGAAACA-G-G-CGAAAGAC.  1443
HIVK7         CTTT...A-GATAGAGGAAG-GATAGCC...T-CCCT.....CCGAAGCA-G-A-AGAAAGAC.  1431
HIVK98        CTTT...G-GATGGGGGAAG-GATAACC...T-CCCT.....CCGAAGCA-G-G-AGAAAGAC.  1431
HIVK89        CTGT...G-GATGGGGGAAG-GATAGCC...T-CCCT.....TCGAAGCA-G-G-AGAAAGAC.  1431
HIVVI32       CTTT...G-GATGGGGGAAG-GATAGCC...T-CCCT.....CCGAAGCA-G-G-AGAAAGAC.  1437
HIVVI415      CGTT...G-GATGGGGGGAG-GATC.....T-CCCT.....CCGAAGCA-G-G-AG.......  1422
HIVCI4        CCTG...G-GATGGGAGAGG-GATAACC...T-CTCC.....CCGAAGCA-G-G-AG.......  1419
HIVG141       CTTC...G-GTTTGGGGAGG-GATAACC...C-CTCT.....CAGAAACA-G-G-AGAAGGAC.  1419
HIVLBV23      GATCTTTG-GATGGGGGAAG-GATAACC...T-CCCT.....CCAAAGAA-G-G-AGAAAGAC.  1434
HIVTN243      CTGG...G-GAGGGGGGAAG-GACAACC...T-CTTA.....CTAAAGCA-G-G-AGAAAGAC.  1431
HIVTN245      CTGG...G-GATGGGGGAAG-GATAACA...T-CTTA.....CTGAAGCA-G-G-AGAAAGAC.  1431
HIVTN240      CTGG...G-GATGGGGGAAG-GATAACC...T-CTTA.....CCGAAGCA-G-G-AGAAAGAC.  1431
HIVCI20       CTTT...G-GATGAGGGAAG-GATAACC...T-CTCT.....CCGAAGCA-G-A-CGAGGGAC.  1407
HIVCI59       CTTT...G-GATGGAGGAAC-GATAACC...T-CTCT.....CCGAAGCA-G-A-CGAGGGAC.  1422
HIVLBV2310    CTTT...G-GATGGGGGAAG-GATAACC...T-CTCT.....CCGAAGCA-G-A-CGAGGGAC.  1422
HIVCI51       CTTT...G-GTTGGGGGAAG-GATAACC...T-CTCC.....CTGCAGCA-G-G-CGAGGGAC.  1416
HIVLBV105     CTTT...G-GTTCGGAGAGG-AGTAACC...C-CTCT.....CCGAAGCA-G-G-AGAAGGAC.  1446
HIVCI32       CTTC...G-GATGGAGGAAG-GATAGCC...T-CTCT.....CCGAAGCA-G-G-CAGGGGAC.  1440
HIVIC144      CTTT...G-GATGGAGGAAA-GACAACC...T-CTCT.....CCGCAGCA-G-A-CGAGGGAC.  1422
HIVDJ258      CTTT...G-GATGGGGGAAG-GATAACC...T-CCCT.....CCGAAGCA-G-A-CGAGGGAA.  1422
HIVCM238      CTGG...G-GATGGGGGAAG-GATAACC...T-CTTA.....CTGAAGCA-G-G-AGAAAGAC.  1431
HIVUG266      CTTG...A-GATGAAAGAAG-GATGACC...T-CCCT.....CCGAAACA-A-G-AAAAAGAC.  1431
HIVVI354      CTTC...G-GTTCGGAGAGG-GATAGCC...C-CTCC.....CCGAGGCC-G-G-CAAGGGAA.  1431
CONSENSUS.B   CtTC...aGGTttgggGaaGagAcaaCaactCCCtcT???????????caGAAGCAgGAgccgatAGAC.  1436
HIVSF2        -T--...A---TTGGG-AG-AG-AAA-AACT---TC-.....CA------G--GCCGAT----.  1446
HIVBZ167      -T--...A---TTGGG-AA-AG-CAA-AACT---TC-.....CA------G--GACGAA----.  1446
HIVPH153      -T--...A---TCAGG-AA-AG-CAA-AACT---CC-.....CA------A--GCCGAT----.  1440
HIVPH136      -T--...A---TTGGG-AA-AG-CAA-AACT---TC-.....CA------G--GCCGAT----.  1440
HIVBZ200      -T--...G---TCGGA-AG-AG-TGA-C.....TC-.....CC------G--GCAGAA----.  1437
HIVTB132      -T--...A---TTGGG-AA-AG-CAA-AACT---TC-.....CA------G--GACAAT----.  1440
HIVBZ190      -T--...A---TTGGG-AA-AG-CAA-GACT---TC-.....CA------G--ACCGGT----.  1440
HIVLAI        -T--...A---CTGGG-TA-AG-CAA-AACT---TC-.....CA------G--GCCCAT----.  1476
HIVHXB2R      -T--...A---CTGGG-TA-AG-CAA-AACT---CC-.....CA------G--GCCGAT----.  1440
HIVMN         -T--...A---TTGGG-AA-AG-CAA-AACT---TA-CAGAAGCAGGAGAA------G--GACGAT----.  1458
HIVJH3        -T--...A---TTGGG-AA-AG-CAA-AACC---TC-.....CA------G--GCCGAG----.  1440
HIVJRCSF      -T--...A---TTGGG-AA-AG-CAG-AACT---TC-CAGAAGCAGGAGCA------G--GCCGAT----.  1452
HIVOYI        -T--...G---TTGGG-AA-AG-CAA-AACT---CC-.....CA------G--GCCGAT----.  1437
HIVNY5CG      -T--...A---TTGGG-AA-AG-CAA-AACT---TC-.....CA------G--GCCGAT----.  1440
HIVNL43       -T--...A---TTGGG-AA-AG-CAA-AACT---TC-.....CA------G--GCCGAT----.  1440
HIVCDC4       -T--...A---TTGGG-AC-AG-CAA-AACT---TC-.....CA------G--GCCGAG----.  1440
HIVHAN        -T--...A---TTGGG-AA-CA-CAG-T...---TC-.....CA------G--GCCGAT----.  1437
HIVCAM1       -T--...A---TTGGG-AA-AG-AAA-AACT---TC-.....CA------G--GCCGAT----.  1440
HIVRF         -T--...A---TTGGG-AA-AG-CAA-T...---TC-.....CA------G--GAAGAT----.  1443
HIVD31        -T--...A---TTGGG-AA-AG-CAG-AACT---TT-.....CA------G--GCCGAT----.  1440
HIVBH102      -T--...A---CTGGG-TA-AG-CAA-AACT---CC-.....CA------G--GCCGAT----.  1476
HIVPV22       -T--...A---CTGGG-TA-AG-CAA-AACT---CC-.....CA------G--GCCGAT----.  1476
HIVJRFL       -T--...A---TTGGG-AA-AG-CAG-AACT---TC-.....CA------G--GCCGAT----.  1434
HIVUG280      -T--...A---TTGTG-AA-AG-CCA-AACT---TC-.....CA------G--GCTAAT----.  1443
HIVYU2        -G--...A---TTGGA-AA-AG-CAA-AACT---TC-.....CA------G--GCCGAT----.  1440
```

```
CONSENSUS.C    cttc???aggttc???GAGgagacaAcc???cccgct????????????CcGAAgCAGGAGCcgAaAGAc?   1416
HIVUG268       AACAGCCCCACCGGCA---AGCTTC-GGTTCGAGGGGACAACTCCCCCT-C---G-------CG-A---C.   1437
HIVSM145       CTTC...AGGTTC...---GAGACA-CC...CCCGCT............-C---G-------TG-A---A.   1464
HIVZAM18       CTTC...AGGTTC...---GAGACG-CC...CCCGCT............-C---T-------CG-A---C.   1449
HIVZAM19       CTTC...AGGTTC...---GAGACA-CC...CCBGCT............-C---T-------CG-A---C.   1239
HIVZAM20       CTTC...AGGTTC...---GAGACA-CC...CCCGCT............-C---G-------CG-G---C.   1452
HIVDJ259       CTTC...GGGTTC...---GAGCCG-CC...CCCCCT............-A---G-------TA-A---CA   1426
HIVVI313       CTTC...AGGTTC...---GAGACA-CC...CCCTCT............-C---G-------CG-A---C.   1425
CONSENSUS.D    cTTC...GGGTTtGGgGAggAgAtaaCc...CCCtCt............cagAAaCAgGAGCagAAaGAc?   1429
HIVELI         C---...-----T--G--AG-G-TAA-C...---T-T............CAA--A--G----AG--A--C.   1440
HIVZ2Z6        C---...-----T--G--AG-G-TAA-C...---T-T............CAG--A--G----AG--A--C.   1443
HIVNDK         C---...-----T--G--GG-G-TAA-C...---T-T............CAG--A--G----AG--A--C.   1431
HIVVI205       C---...-----T--G--GG-G-TAA-C...---T-T............CAG--A--A----AG--A--C.   1443
HIVG109        C---...-----T--G--GG-A-TGA-C...---C-T............CAG--A--A----AG--A--CA   1450
HIVK31         T---...-----T--G--GG-G-TAA-A...---T-T............CAG--A--G----AG--A--C.   1437
HIVUG274       C---...-----T--G--GA-G-TAA-A...---T-T............CAG--A--G----AG--A--C.   1440
HIVUG270       C---...-----T--G--GG-G-TAA-A...---T-T............CAG--A--G----AG--A--C.   1440
HIVSE365       C---...-----T--G--GG-G-CGA-C...---T-T............CAG--A--G----AG--A--C.   1440
HIVVI203       C---...-----C--A--GG-G-AAG-C...---T-C............GCG--G--G----CA--G--G.   1440
CONSENSUS.(E)  CTTc...GGGTTCaGAGAGGAGATAAcC...CCCTCT............CCGAAGCAGGAGCAGAAgGac.   1420
HIVVI174       ---C...------G------------C-...------............-----------------G-GC.   1425
HIVVI69        ---T...------A------------C-...------............-----------------G-AC.   1422
HIVBZ162       ---C...------A------------A-...------............-----------------A-AA.   1421
CONSENSUS.O    ct??...gggt?????GAGGagatgacc...?cc?ct............ccgAagcaggagc?gaagga?.   1363
HIVLBV217(F)   CCTC...GGGTTCGGG----AGATAGCC...CCCTCC............CCG-AGCAGGAGCCA.......   1428
HIVVI191(F)    ................----AGATAACC...TCCTCT............CCG-AGCAGGAACCGAGGGAC.   1416
HIVVI525(G)    CTTT...GGGTTCGGA----AGATGACC...CCCTCT............CCG-AGCAGGAGCCCAGGGAC.   1440
HIVVI557(G)    CTTC...GGGTTTGGA----AAATGACC...CCCCCT............CCA-AACAGGAGAGGAAGGAT.   1437
HIVVI325       CTTC...GGGTTCGGG----AGATAACC...CCCTCT............CCG-GGCAGGAGACGAAAGAC.   1422
HIVANT70       ................----AAGTGAAG...GGACAG............GAG-ATCAGGAACAGAAAGGG.   1437
HIVMVP5180     ................----CAGTGAAG...GAACAA............GAG-ATCAGAGTCAGAAGGGG.   1437
CPZGAB         TTAT...GGGTACCAG----AAGAGAAG...AGCCAG............GAG-AGAAAGAGGGAGAGAGC.   1467
```

HIV-1 GAG

```
CONSENSUS.A   .....??????aaggaacag??tcc?cCtTtAgttTCCcTCAAATCA?tCTTTGGCAACGACCccttGTCA   1477
HIVU455       ..........AGGGAACAGACT...C-T-T-GTT---C--------CT--------------CCT-----   1476
HIVMAL        ..........AAGGAATTGTAT...C-T-T-GCT---C--------CT--------------AGT-----   1512
HIVVI59       ........................C-T-C-ATT---C--------*                           1449
HIVVI310      ..........AGGGAACATCCTCCTC-C-T-GTT---C--------*                          1464
HIVVI57       ..........AGGGGACAGGGCCCAC-T-T-GTT---C--------*                          1467
HIVK112       ..........AGGGAACAGACCCCAC-C-C-ATC---C--------C                          1468
HIVK88        ..........AGGGAACAGACCCCAC-T-T-GTT---C--------*                          1467
HIVK29        ..........AGGGAACAGGCCCCAC-C-T-ACT---C--------*                          1467
HIVK124       ..........AAGGAACTGTAT...C-T-T-GCT---G--------*                          1476
HIVK7         ..........AAGGAACAGCCA...C-T-C-GTT---C--------*                          1464
HIVK98        ..........AGGGAACAACCA...C-T-T-GTT---C--------*                          1464
HIVK89        ..........CGGGAACAG......G-T-C-ATT---C--------*                          1461
HIVVI32       ..........AGGGAACAGAGCCAAC-T-T-GTT---C--------*                          1473
HIVVI415      ..........AGGGAACAGGCCCCAC-T-T-GTT---C--------*                          1458
HIVCI4        ..........AGGGAACAGCCT...C-T-C-ATT---C--------*                          1452
HIVG141       .....AAAGACAAGGAACTGTAT...C-T-T-GCT---C--------*                         1458
HIVLBV23      ..........AGGGAACAGCCCCTTC-T-C-GTC---C--------*                          1470
HIVTN243      ..........AAGGAAGATCCTCCTC-T-T-GTT---C--------CT--------------CC*        1485
HIVTN245      ..........AAGGAACATCCTCCTC-T-T-GTT---C--------C                          1468
HIVTN240      ..........AAGGAACATCCTCCTC-T-T-GTT---C--------C                          1468
HIVCI20       ..........AAGGGACTATATCCTC-T-T-GCT---C--------*                          1443
HIVCI59       ..........AAGGGACTGTATCCTC-T-T-ACT---C--------*                          1458
HIVLBV2310    ..........AAGGGACTATATCCTC-T-T-ACT---C--------*                          1458
HIVCI51       ..........AAGGGGCTATACCCTC-T-T-GCT---C--------*                          1452
HIVLBV105     ..........AAGGAACTGTATCCTC-C-T-ACT---C--------*                          1482
HIVCI32       ..........AAGGGACTATATCCTC-T-T-GCT---C--------*                          1476
HIVIC144      ..........AAGGAGCTATATCCTC-T-T-ACT---C--------C*                         1459
HIVDJ258      ..........CAGGGACTATATCCTC-C-T-ACT---C--------C                          1459
HIVCM238      ..........AAGGAACACCCTCCTC-T-T-GTT---C--------C                          1468
HIVUG266      ..........AAGGAACAGACT...C-T-T-ATT---C--------C                          1465
HIVVI354      ..........AAGGAGCGGTAT...C-T-T-ACC---C--------C*                         1465
CONSENSUS.B   ..........aAgGaactgTAt???cCtTtAgCttCCCTCAgaTcAcTCTTTGGCAaCGACCCctcGTCA   1493
HIVSF2        ..........A-G-AACTG--T...C-T-T-A-TT------GA-C-C---------A------CTC----   1503
HIVBZ167      ..........A-G-AATTG--T...C-T-T-G-TT------AA-C-*                          1479
HIVPH153      ..........A-G-AACTG--T...C-T-C-G-TT------AA-T-C                          1474
HIVPH136      ..........A-G-AACTG--T...C-T-T-G-TT------AA-C-*                          1473
HIVBZ200      ..........G-A-GACTG--CCCTC-C-T-G-TT------GA-C-*                          1473
HIVTB132      ..........A-G-AACTA--T...C-T-T-A-TG------AA-C-C---------A------C*        1491
HIVBZ190      ..........C-G-AAAAG--T...C-C-T-G-TG------GA-C-*                          1473
HIVLAI        ..........A-G-AACTG--T...C-T-T-A-TT------GA-C-C---------A------CTC----   1533
HIVHXB2R      ..........A-G-AACTG--T...C-T-T-A-TT------GG-C-C---------A------CTC----   1497
HIVMN         ..........A-G-ACCTG--T...C-T-T-G-TT------AA-C-C---------A------ATT----   1515
HIVJH3        ..........A-G-AACTG--T...C-T-T-G-TT------GA-C-C---------A------CTC----   1497
HIVJRCSF      ..........A-G-AATTG--T...C-T-T-A-TT------GA-C-C---------A------CTC----   1509
HIVOYI        ..........A-G-GACTG--T...C-T-T-A-CT------GA-C-C---------A------ATC----   1494
HIVNY5CG      ..........A-G-AACTG--T...C-T-T-G-TT------GA-C-C---------G------CTC----   1497
HIVNL43       ..........A-G-AACTG--T...C-T-T-G-TT------GA-C-C---------G------CTC----   1497
HIVCDC4       ..........A-G-AACTG--T...C-T-T-G-TT------GA-C-C---------A------ATC----   1497
HIVHAN        ..........A-G-AACTG--T...C-C-T-G-CT------AA-C-C---------G------CTC----   1494
HIVCAM1       ..........A-G-AACTG--T...C-T-T-G-TT------GA-C-C---------A------CTC----   1497
HIVRF         ..........A-G-AACTG--T...C-T-T-G-TT------AA-C-C---------A------ATC----   1500
HIVD31        ..........A-G-AACTG--T...C-T-T-G-TT------GA-C-C---------A------CTC----   1497
HIVBH102      ..........A-G-AACTG--T...C-T-T-A-TT------GA-C-C---------A------CTC----   1533
HIVPV22       ..........A-G-AACTG--T...C-T-T-A-TT------GA-C-C---------A------CTC----   1533
HIVJRFL       ..........A-G-AAATG--T...C-T-T-A-TT------GA-C-C---------A------CTC----   1491
HIVUG280      ..........A-G-AGCTG--T...T-T-C-G-TT------GA-C-C                          1477
HIVYU2        ..........A-G-AACTG--T...C-T-T-G-TT------GA-C-C---------G------CTC----   1497
```

```
CONSENSUS.C   ??????????agggaa?????????CCCTTAAcTtCCCTCAaATCA?TCTTTGGCAACGACCCCT*       1461
HIVUG268      ..........AGGGAA.........-------T-T------A----C                         1465
HIVSM145      ........................-------C-T------A----*                         1485
HIVZAM18      ..........AGGGAA.........-------C-T------A----*                         1476
HIVZAM19      ..........AGGGAA.........-------C-T------A----C-----------------       1285
HIVZAM20      ..........AGTCCTACAGGGGAA-------C-G------A----*                         1488
HIVDJ259      AGGAACCCTACAAGGAG.........-------C-G------G----C                        1465
HIVVI313      ..........AAGGAA.........-------C-T------A----*                         1452
CONSENSUS.D   ??????????aagGAactgtaT...CCtttAgCttCCCTCAaATCAcTCTTTGGCAACGACCCCTtGTca  1486
HIVELI        ..........AAG--ACTGTA-...--TTT-A-TT------A----C-----------------T--CG  1497
HIVZ2Z6       ..........AAG--ACTGTA-...--TTC-A-TG------A----C-----------------T--TA  1500
HIVNDK        ..........AAG--ACTGTA-...--TTT-G-TT------A----C-----------------C--CA  1488
HIVVI205      ..........AAG--ACTAAA-...--TTT-A-CT------A----*                         1476
HIVG109       AGGAAAAAGACAAG--ACTGTA-...--CTT-A-TT------G----*                        1494
HIVK31        ..........AAG--GATGTA-...--CTT-G-TT------A----*                         1470
HIVUG274      ..........AAG--GCCATG-...--TTT-G-TT------A----C                         1474
HIVUG270      ..........AAG--GCTGTA-...--TTC-G-TG------A----C                         1474
HIVSE365      ..........AAG--ACTGTA-...--TTT-G-TT------A----C                         1474
HIVVI203      ..............--GCTATA-...--TGT-G-TT------A----*                         1470
CONSENSUS.(E) ..........GAGGGACTGTatCCTCCCTTAGCtTCCCTCAAATCA?*                        1456
HIVVI174      ..........----------AT----------C----------*                            1461
HIVVI69       ..........----------CT----------T----------*                            1458
HIVBZ162      ..........----------AC----------T----------C*                           1458
CONSENSUS.O   .....??????aaggaact?tat?ctCC?tta?ctTCCCTcAAATCaC?CTTTGG?AcaGACCaat?a?CC  1415
HIVLBV217(F)  ..........AAGGAGCTATAT...--TTTAACT-----C-----A-*                       1462
HIVVI191(F)   ..........AAGGAACTATATCCT--TTTAGTT-----C-----A-*                       1453
HIVVI525(G)   ..........AAGGAA......CCT--CTTAGCT-----C-----A-*                       1471
HIVVI557(G)   ..........GCAGAA......TCT--TTTAACT-----C-----A-*                       1468
HIVVI325      ..........AAGGAACAGGGTTCT--TTTAACT-----C-----A-                        1459
HIVANT70      .....GGCCCGAACGAGCTCTAT...--GTTTGCC-----C-----C-T------G-CA----AA*     1494
HIVMVP5180    .....GATCAGGAAGAGCTGTAC...--ATTTGCC-----C-----C-T------G-CA----AATAG   1497
CPZGAB        ..............AGTCTATATCCA--A...ACC-----C-----A-T------C-GC----CCTCAT--  1521

CONSENSUS.A   CAG*   1480
HIVU455       ----   1479
HIVMAL        ----   1515
CONSENSUS.B   Caa*   1496
HIVSF2        -AA-   1506
HIVLAI        -AA-   1536
HIVHXB2R      -AA-   1500
HIVMN         -AA-   1518
HIVJH3        -CC-   1500
HIVJRCSF      -AA-   1512
HIVOYI        -AA-   1497
HIVNY5CG      -AA-   1500
HIVNL43       -AA-   1500
HIVCDC4       -AA-   1500
HIVHAN        -AA-   1497
HIVCAM1       -AA-   1500
HIVRF         -AG-   1503
HIVD31        -AA-   1500
HIVBH102      -AA-   1536
HIVPV22       -AA-   1536
HIVJRFL       -AA-   1494
HIVYU2        -AA-   1500
CONSENSUS.D   CAA*   1489
HIVELI        ----   1500
HIVZ2Z6       ----   1503
HIVNDK        ----   1491
CONSENSUS.O   CAG*   1418
CPZGAB        ----   1524
```

HIV-1 POL

HIV-1 POL

Sequences representing gag and env subtypes C and E are not currently available for the pol cds. The unpublished sequence CPZ-ant contributes to Consensus.O (Vanden Haesevelde and Saman, Innogenetics, Belgium). The MAL sequence could not easily be assigned to any of the three pol sequence subtypes, A, B and D. The highly divergent ANT70 and MVP5180 sequences have been assigned to subtype O; these were kindly made available prior to publication by Drs. Eric Saman and Marleen vanden Haesevelde, of Innogenetics, Belgium, and by Dr. Lutz Gurtler and colleagues, of the Max v. Pettenkofer Institute, Munich.

```
     gag ->
CONSENSUS.A TTTTTTAGGGAA...AATTTGGCCTTCCAACAAGGGGAGGCCAGGGAATTT.....  48
HIVU455     -----------...-------------------------------------.....  48
CONSENSUS.B TTTTTTAGGGAA...gATCTGGCCTTCCcaCAAGGGaAGGCcagggAAtTT??????????????????  48
HIVLAI      -----------...G----------TA------A----CAGGG--T--TCTTCAGAGCAGACCAGAG  67
HIVHXB2R    -----------...G----------TA------A----CAGGG--T--.....  48
HIVMN       -----------...G----------TG------A----G...G--T--.....  45
HIVJRCSF    -----------...G----------TA------A----CAGGG--T--.....  48
HIVJRFL     -----------...G----------TA------A----CAGGG--T--.....  48
HIVOYI      -----------...G----------CA------A----CAGGG--T--.....  48
HIVSF2      -----------...G----------TA------A----CAGGG--T--.....  48
HIVNY5CG    -----------...G----------CA------A----CAGGG--T--.....  48
HIVNL43     -----------...G----------CA------A----CAGGG--T--.....  48
HIVCAM1     -----------...A----------CA------G----CAGGG--T--.....  48
HIVHAN      -----------...G----------CA------G----CAGGA--T--.....  48
HIVD31      -----------...G----------TA------A----CAGGG--T--.....  48
HIVRF       -----------...A----------CA------A----CAGGG--C--.....  48
HIVYU2      -----------...G----------CA------A----CAGGA--T--.....  48
CONSENSUS.D TTTTTTAGGGAa...gATTTGGCCTTCCCACAAGGGAAGGCCGGGGAAcTT.....  48
HIVELI      ----------G...A-----------------------------C--.....  48
HIVZ2Z6     ----------A...G-----------------------------C--.....  48
HIVNDK      ----------A...G-----------------------------T--.....  48
CONSENSUS.O TTTTTTAGGgAA???a???tggccttcg?ggggc?ggAGgCCAGGcAAtTt.....  43
HIVANT70    ---------C--...ATACTGGCCTCCGGG3GGCACG--G-----C--T-A.....  48
HIVMVP5180  ---------G--...GTACTGGCCTCCGGGGGGCACG--G-----C--T-A.....  48
CPZGAB      ---------G--...AGGTTGGCCTTCCCGCAGCGGG--G-----C--C-T.....  48
HIVMAL      ---------G--...AATTTGGCCTTCCCACAAGGGA--G-----G--T-T.....  48
```

```
CONSENSUS.A .................TCCTCAGAG......CAGACCAGAGCCAACAGCCCCACCAGCAGAAATCTTTG     95
HIVU455     .................---------.....------------------------------------     95
CONSENSUS.B ???????????????????tCtTCAGag......CAGAcCAGAGCCAACAGCCCCACCAGaAGAGAGCTTCa     95
HIVLAI      CCAACAGCCCCACCATTT-T----AG.....----C--------------------A----------A    131
HIVHXB2R    .................T-T----AG.....----C--------------------A----------A     95
HIVMN       .................T-C----AG.....----A--------------------A----------A     92
HIVJRCSF    .................C-T----AG.....----C--------------------A----------A     95
HIVJRFL     .................T-T----AG.....----C--------------------A-A--------A     95
HIVOYI      .................T-T----AA.....----C--------------------C----------G     95
HIVSF2      .................T-T----AG.....----C--------------------A----------A     95
HIVNY5CG    .................T-T----AG.....----C--------------------A----------A     95
HIVNL43     .................T-T----AG.....----C--------------------A----------A     95
HIVCAM1     .................T-T----AG.....----C--------------------A----------A     95
HIVHAN      .................T-T----AG.....----C--------------------A----------A     95
HIVD31      .................T-T----CG.....----C--------------------A----------A     95
HIVRF       .................T-T----AG.....----C--------------------A----------A     95
HIVYU2      .................T-T----AG.....----C----------------T---A-------G--A     95
CONSENSUS.D .................TCTtCAgAG.....CAGACCAGAGCCAACAGCCCCACCAGCAGAGAGCTTCG     95
HIVELI      .................---C--A--.....-------------------------------------     95
HIVZ2Z6     .................---T--G--.....-------------------------------------     95
HIVNDK      .................---T--G--.....-------------------------------------     95
CONSENSUS.O .................tgTgCAGAa??????a??Agcaga?CCAaCaGCcCCACC?atagaga??t???     81
HIVANT70    .................TG-G----G.....ACC-GCACAC---T-A--C-----GAT...........     84
HIVMVP5180  .................TG-G----A.....ACA-GTGTCC---T-A--C-----AAT...........     84
CPZGAB      .................TG-G----A.....CAG-ACAGAA---A-G--C-----GATAGAGAGTTATG     95
HIVMAL      .................CC-T----G.....CAG-CCAGAG---A-A--C-----AGCAGAGAGCTTCG     95

CONSENSUS.A GGATGGGGGAAAAGATGAC......CTCCCC.........TGCGAAACAGGAGCTGAAAGA......CAG    144
HIVU455     ------------------.....------.....----------------------.....---    144
CONSENSUS.B GGTtTGGGGaagagacAaCaacTCCCtcTCA???????????GAAGCAGGAGccGATAGA......CAA    147
HIVLAI      ---C-----TAGAGAC-A-AAC----TC---.....----------CC------.....---    183
HIVHXB2R    ---C-----TAGAGAC-A-AAC----CC---.....----------CC------.....---    147
HIVMN       ---T-----AAGAGAC-A-AAC----TA---GAAGCAGGAGAA----------AC------.....---    156
HIVJRCSF    ---T-----AAGAGAC-G-AAC----TC---GAAGCAGGAGCA----------CC------.....---    159
HIVJRFL     ---T-----AAGAGAC-G-AAC----TC---.....----------CC------.....---    147
HIVOYI      ---T-----AAGAGAC-A-AAC----CC---.....----------CC------.....---    147
HIVSF2      ---T-----AGGAGAA-A-AAC----TC---.....----------CC------.....---    147
HIVNY5CG    ---T-----AAGAGAC-A-AAC----TC---.....----------CC------.....---    147
HIVNL43     ---T-----AAGAGAC-A-AAC----TC---.....----------CC------.....---    147
HIVCAM1     ---T-----AAGAGAA-A-AAC----TC---.....----------CC------.....---    147
HIVHAN      ---T-----AAGC...-A-AGC----TC---.....----------CC------.....---    144
HIVD31      ---T-----AAGAGAC-G-AAC----TT---.....----------CC------.....---    147
HIVRF       ---T-----AAGAGAC...AAC----TC---.....----------AA------.....---    144
HIVYU2      ---T---A-AAGAGAC-A-AAC----TC---.....----------CC------.....---    147
CONSENSUS.D GGTTTGGGGAaGAGAT...AACCCCCTCTCA.....gAAACAGGAGCAGAAAGA......CAA    144
HIVELI      ----------A-----...----------.....A----------.....---    144
HIVZ2Z6     ----------A-----...----------.....G----------.....---    144
HIVNDK      ----------G-----...----------.....G----------.....---    144
CONSENSUS.O ?g??ggaGgAggaagtgAa????????????...?????????gaa?cagga?cagaaag?gg????gaa    117
HIVANT70    ....GGA-G-GGAAGTG-A.....GGGACAGGAGAATCAGGAACAGAAAGGGGGCCCGAA    135
HIVMVP5180  ....GGA-G-GGCAGTG-A.....GGAACAAGAGAATCAGAGTCAGAAGGGGGATCAGGA    135
CPZGAB      GGTACCA-G-GGAAGAG-A.....GAGCCAGGAGAAGAAAGAGGGAGAGAG    141
HIVMAL      GGTTTGG-G-GGAGATA-A...ACCCTCTCA.....GAAACAGGAGCAGAAAGA......CAA    144
```

```
                                        \/ protease                          <- gag cds
CONSENSUS.A GGA.........ACAGACTCCTTTAGTTTCCCTCAAATCACTCTTTGGCAACGACCCCTTGTCACAGTAA    205
HIVU455     ---.........------------------------------------------------------    205
CONSENSUS.B GGa.........acTGTATCCtTTAgCtTCCCTCAgATCACTCTTTGGCAaCGACCCcTcGTCACAaTAA    208
HIVLAI      --A.........AC-------T---A-T-------G--------------A------C-C------A---    244
HIVHXB2R    --A.........AC-------T---A-T-------GG-------------A------C-C------A---    208
HIVMN       --A.........CC-------T---G-T-------A--------------A------A-T------A---    217
HIVJRCSF    --A.........AT-------T---A-T-------G--------------A------C-C------A---    220
HIVJRFL     --A.........AA-------T---A-T-------G--------------A------C-C------A---    208
HIVOYI      --G.........AC-------T---A-C-------G--------------A------A-C------A---    208
HIVSF2      --A.........AC-------T---A-T-------G--------------A------C-C------A---    208
HIVNY5CG    --A.........AC-------T---G-T-------G--------------G------C-C------A---    208
HIVNL43     --A.........AC-------T---G-T-------G--------------G------C-C------A---    208
HIVCAM1     --A.........AC-------T---G-T-------G--------------A------C-C------A---    208
HIVHAN      --A.........AC-------C---G-C-------A--------------G------C-C------A---    205
HIVD31      --A.........AC-------T---G-T-------G--------------A------C-C------A---    208
HIVRF       --A.........AC-------T---G-T-------A--------------A------A-C------G---    205
HIVYU2      --A.........AC-------T---G-T-------G--------------G------C-C------A---    208
CONSENSUS.D GGA.........ACTGTATCCTTtAaCTtCCCTCAAATCACTCTTTGGCAACGACCCCTtGTcaCAATAA    205
HIVELI      ---.........-----------T-A--T-----------------------------T--CG------    205
HIVZ2Z6     ---.........-----------C-A--G-----------------------------T--TA------    205
HIVNDK      ---.........-----------T-G--T-----------------------------C--CA------    205
CONSENSUS.O ?ga??????????cT?tatCC?tt?gccTCCCTcAAATCcCTCTTTGGcA?aGACCaaT?gTcacAGtaa    171
HIVANT70    CGA.........GC-CTAT--GTTTGCC-----C-----C--------G-CA----AA-AG-TAC--CAA    196
HIVMVP5180  AGA.........GC-GTAC--ATTTGCC-----C-----C--------G-CA----AA-AG-CAC--CAA    196
CPZGAB      CAG.........TC-ATAT--ACCAACC-----C-----A--------C-GC----CC-CA-CCC--TAA    202
HIVMAL      GGA.........AT-GTAT--TTTAGCT-----C-----A--------C-AC----AG-TG-CAC--TAA    205

CONSENSUS.A AAATAGGAGGACAGCTGATAGAAGCTCTATTAGATACAGGAGCAGATGATACAGTCTTAGAAGACATAAA    275
HIVU455     ------------------------------------------------------------------    275
CONSENSUS.B aGATAGGGGGGCAAcTAAAgGAAGCTCTATTAGATACAGGAGCAGATGATACAGTAtTAGaAGAaATGaa    278
HIVLAI      A-------------C----G-----------------------------------T---A---A---AG    314
HIVHXB2R    A-------------C----G-----------------------------------T---A---A---AG    278
HIVMN       A-------------C----G-----------------------------------T---G---A---AA    287
HIVJRCSF    A-------------C----G-----------------------------------T---A---C---GA    290
HIVJRFL     A-------------C----G-----------------------------------T---A---C---GA    278
HIVOYI      A-------------C----A-----------------------------------T---A---A---AA    278
HIVSF2      G-------------C----G-----------------------------------T---A---A---AA    278
HIVNY5CG    A-------------T----G-----------------------------------T---A---A---AA    278
HIVNL43     A-------------T----G-----------------------------------T---A---A---AA    278
HIVCAM1     A-------------C----G-----------------------------------T---A---A---AA    278
HIVHAN      A-------------C----G-----------------------------------G---A---A---AG    275
HIVD31      A-------------T----G-----------------------------------T---A---A---AG    278
HIVRF       A-------------T----G-----------------------------------T---A---A---AA    275
HIVYU2      A-------------C----G-----------------------------------T---A---A---AA    278
CONSENSUS.D AaATAGGGGGACAGCTAAAGGAAGCTCTATTAGATACAGGAGCAGATGATACAGTATTAGAAGAAATgAA    275
HIVELI      -A-----------------------------------------------------------------G--    275
HIVZ2Z6     -A-----------------------------------------------------------------G--    275
HIVNDK      -G-----------------------------------------------------------------A--    275
CONSENSUS.O ?agTagggGG?CA?ctAtgtgAaGcTtTacTaGAtACAGGaGCaGATGAtACAGTA?TAgA?aaaATacA    236
HIVANT70    GAG-TGGG--C--CCT-TGTG-A-T-T-GC-G--T-----A--A-----C------C--A-CAAC--AC-    266
HIVMVP5180  AGG-TGGG--T--TCT-TGTG-G-C-T-AC-G--T-----G--A-----T------T--A-TAAC--AC-    266
CPZGAB      AAG-AGAA--G--ACT-TGTG-A-C-T-GC-A--T-----A--T-----T------A--G-GAGA--AC-    272
HIVMAL      GAG-AGGA--A--GCT-AAAG-A-C-C-AT-A--C-----A--A-----T------T--G-AGAA--AA-    275
```

```
CONSENSUS.A TTTGCCAGGAAAATGGAAACCAAAAATAATAGGGGGAATTGGAGGTTTTATCAAAGTAAGACAGTATGAT  345
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------  345
CONSENSUS.B TTTGCCAgGAAgATGGAAACCAAAAATGATAGGgGGAATTGGAGGTTTTATCAAAGTaaGACAGTAtGAT  348
HIVLAI      -------G---G--------------------G-----------------------AA-------T---  384
HIVHXB2R    -------G---G--------------------G-----------------------AA-------T---  348
HIVMN       -------A---G--------------------G-----------------------AA-------T---  357
HIVJRCSF    -------G---G--------------------G-----------------------AA-------T---  360
HIVJRFL     -------G---G--------------------G-----------------------AA----A--T---  348
HIVOYI      -------G---G--------------------G-----------------------AA-------T---  348
HIVSF2      -------G---A--------------------G-----------------------AA-------C---  348
HIVNY5CG    -------G---G--------------------G-----------------------AA-------T---  348
HIVNL43     -------G---G--------------------G-----------------------AG-------T---  348
HIVCAM1     -------G---G--------------------G-----------------------AA-------T---  348
HIVHAN      -------G---G---------  ----------A-----------------------AA-------T---  345
HIVD31      -------G---G---------  ---------G-----------------------AA-------T---  348
HIVRF       -------G---A----------  --------G-----------------------GA-------T---  345
HIVYU2      -------G---G--------------------G-----------------------AA-------T---  348
CONSENSUS.D TTTGCCAGGAAAATGGAAaCCAAAAATGATAGGGGGAATTGGAGGTTTTATCAAAGTAAGACAGTATGAT  345
HIVELI      ------------------A------------------------------------------------  345
HIVZ2Z6     ------------------A------------------------------------------------  345
HIVNDK      ------------------G------------------------------------------------  345
CONSENSUS.O aTTgcaAGGAaaaTGGAaaCCAAAAAtgATaGGgGGaATtGGaGGtTTTAT?aaaGTaaaAcAgTaTgAt  305
HIVANT70    A--GGA----AAA----AA-------TG--A--G--T--A--A--T-----AAAA--AAA-G-A-A-G-T  336
HIVMVP5180  A--AGA----AGA----CA-------TG--A--G--T--A--A--C-----AAAA--AAA-G-G-A-A-C  336
CPZGAB      A--ACA----CTT----AA-------TG--A--A--A--T--A--T-----CAAA--CAA-C-A-T-G-T  342
HIVMAL      T--GCC----AAA----AA-------TG--A--G--A--T--A--T-----CAAA--AAG-C-G-A-G-T  345

CONSENSUS.A CAGATACTTATAGAAATTTGTGGAAAAAAGACTATAGGTACAGTATTGGTAGGACCTACACCTGTCAACA  415
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------  415
CONSENSUS.B CAgATActcaTAGaaATCTGtGGACATAAAGCTaTAGGTACAGTATTAGTAGGACCTACACCTGTCAACA  418
HIVLAI      --G---CTCA---AA-----T------------A-------------------------------------  454
HIVHXB2R    --G---CTCA---AA-----T------------A-------------------------------------  418
HIVMN       --G---ACCA---GA-----T------------A-------------------------------------  427
HIVJRCSF    --G---CCCA---AT-----T------------G-------------------------------------  430
HIVJRFL     --G---CTCA---AA-----T------------A-------------------------------------  418
HIVOYI      --G---CTCA---AA-----T------------A-------------------------------------  418
HIVSF2      --G---CCTG---AA-----T------------A-------------------------------------  418
HIVNY5CG    --G---CTCA---AA-----C------------A-------------------------------------  418
HIVNL43     --G---CTCA---AA-----C------------A-------------------------------------  418
HIVCAM1     --G---CCCA---AA-----T------------A-------------------------------------  418
HIVHAN      --G---CTCG---AA-----T------------A-------------------------------------  415
HIVD31      --G---CTCA---AA-----C------------A-------------------------------------  418
HIVRF       --A---CTCA---AA-----T------------A-------------------------------------  415
HIVYU2      --G---CCCA---AA--A--T------------A-------------------------------------  418
CONSENSUS.D CAAATACtCATAGAAATCTGTGGacAtAAAGCTATaGGTACAGTATTAGTAGGACCTACaCCTGTCAACA  415
HIVELI      -------C---------------AC-G--------A-----------------------G----------  415
HIVZ2Z6     -------T---------------GC-T--------A-----------------------A----------  415
HIVNDK      -------T---------------AT-T--------G-----------------------A----------  415
CONSENSUS.O aAtgTacc?aTAgAaaTagaaGgaAggaaaGtactaGgaACAgTAtTggTgGGACCtAc?CCtGT?AAtA  372
HIVANT70    A-TG-GACAG--G-AA-AGAA-GA-GGGAG-TACAG-GA---G--T-GG-G-----T-CT--T--T--T-  406
HIVMVP5180  A-TG-GACAG--G-AG-ACAA-GA-AGGAA-TACAG-GA---G--T-GG-G-----T-CT--T--T--T-  406
CPZGAB      A-TG-ACACA--G-GA-AGAA-GG-GAAAA-TAGTA-GG---G--T-AG-A-----A-CA--T--A--T-  412
HIVMAL      C-AA-ACTTA--G-AA-TTGT-GA-AAAAG-CTATA-GT---A--T-GG-A-----T-CA--T--C--C-  415
```

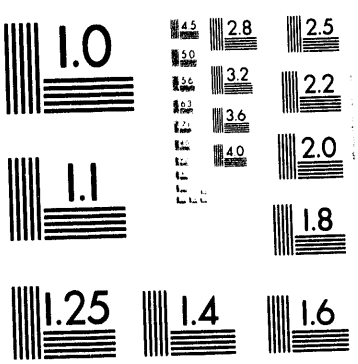
HIV-1 POL

```
                                                    protease \/ p66, p51
CONSENSUS.A TAATTGGAAGGAATATGTTGACTCAGATTGGTTGTACTTTAAATTTTCCAATTAGTCCTATTGAAACTGT    485
HIVU455     ------------------------------------------------------------------    485
CONSENSUS.B TAATTGGAAGAAATcTGTTGACTCAGaTTGGtTGcACTTTAAATTTTtCCcATTAGTCCTATTGAaACTGT    488
HIVLAI      --------------C-----------A----T--C-----------T--C--------------A-----    524
HIVHXB2R    --------------C-----------A----T--C-----------T--C-----C--------G-----    488
HIVMN       --------------C-----------C----G--C-----------T--C--------------A-----    497
HIVJRCSF    --------------C-----------A----T--C-----------T--C--------------A-----    500
HIVJRFL     --------------C-----------A----T--C-----------T--C--------------A-----    488
HIVOYI      --------------C-----------C----T--T-----------T--C--------------A-----    488
HIVSF2      --------------C-----------A----T--T-----------C--C--------------A-----    488
HIVNY5CG    --------------C-----------A----C--C-----------T--C--------------G-----    488
HIVNL43     --------------C-----------A----C--C-----------T--C--------------G-----    488
HIVCAM1     --------------C-----------A----C--T-----------T--T--------------A-----    488
HIVHAN      --------------C-----------A----T--C-----------T--C--------------A-----    485
HIVD31      --------------T-----------A----T--C-----------T--C--------------A-----    488
HIVRF       --------------C-----------A----T--C-----------T--C--------------A-----    485
HIVYU2      --------------C-----------A----T--C-----------T--C--------------A-----    488
CONSENSUS.D TAATtGGAAGAAATTTGTTGACCCAGATTGGCTGCACTTTAAATTTTCCAATTAGTCCTATTGAAACTGT    485
HIVELI      ----C-------------------------------------------------------------    485
HIVZ2Z6     ----T-------------------------------------------------------------    485
HIVNDK      ----T-------------------------------------------------------------    485
CONSENSUS.O TtaTtGGaaGAAAtaT?TTgacac?atTaGGtTGTACtcTAaatTTcCCaATtAGtcc?aTtGa?aCaGT    438
HIVANT70    -TA-T--AA----TA-A--GACAGGAT-A--T-----AC--AAC--C--T--A--CCCCA-A-CCC-A--    476
HIVMVP5180  -TC-T--GA----CA-A--GACAGGAT-A--A-----AC--AAT--C--T--A--TCCCA-A-CCC-A--    476
CPZGAB      -AA-T--AA----TA-T--GACACAAT-G--T-----TC--GTG--C--A--T--TTCAA-T-AAA-T--    482
HIVMAL      -AA-T--AC----TA-G--GACTCAGA-T--T-----TT--AAT--T--A--T--TCCTA-T-AGA-T--    485

CONSENSUS.A ACCAGTAAAATTAAAACCAGAAATGGATGGCCCAAAGGTTAAACAATGGCCATTGACAGAAGAGAAAATA    555
HIVU455     ------------------------------------------------------------------    555
CONSENSUS.B ACCAGTaAAATTAAAGCCAGGAATGGATGGCCCAAAAGTtAAaCAATGGCCATTGACAGAaGAaAAAATA    558
HIVLAI      ------A---------------------------------T--A-----------------A--A------    594
HIVHXB2R    ------A---------------------------------T--A-----------------A--A------    558
HIVMN       ------A---------------------------------T--A-----------------A--A------    567
HIVJRCSF    ------A---------------------------------C--A-----------------A--A------    570
HIVJRFL     ------A---------------------------------C--A-----------------A--A------    558
HIVOYI      ------A---------------------------------T--A-----------------A--G------    558
HIVSF2      ------A---------------------------------T--G-----------------A--A------    558
HIVNY5CG    ------A---------------------------------T--A-----------------A--A------    558
HIVNL43     ------A---------------------------------T--A-----------------A--A------    558
HIVCAM1     ------G---------------------------------T--A-----------------A--A------    558
HIVHAN      ------A---------------------------------T--A-----------------A--A------    555
HIVD31      ------A---------------------------------T--A-----------------A--A------    558
HIVRF       ------A---------------------------------T--A-----------------G--A------    555
HIVYU2      ------A---------------------------------T--A-----------------A--A------    558
CONSENSUS.D ACCAGTAAAATTAAAGCCAGGAATGGATGGCCCAAAAGTTAAACAATGGCCATTGACAGAAGAAAAAATA    555
HIVELI      ------------------------------------------------------------------    555
HIVZ2Z6     ------------------------------------------------------------------    555
HIVNDK      ------------------------------------------------------------------    555
CONSENSUS.O gCCaGTaAAatTaAAaccAGGaATGGATGGaCCAAaaGTaAAaCAATGGCCccTatCaaaAGAaAAAATa    508
HIVANT70    G--A--A--AC-A--ACC---A--------A----AA--A--A--------CC-AT-TAA---A-----A    546
HIVMVP5180  G--A--A--GC-A--ACC---A--------A----AA--A--A--------CC-AT-TAG---G-----A    546
CPZGAB      C--A--C--AT-G--ACC---A--------T----AG--A--G--------CT-AT-AGC---A-----T    552
HIVMAL      A--A--A--AT-A--GCC---G--------C----GG--T--A--------AT-GA-AGA---A-----A    555
```

```
CONSENSUS.A AAAGCATTAACAGAAATTTGTAATGAGATGGAAAAGGAAGGAAAAATTTCAAAAATTGGGCCTGAAAATC  625
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------  625
CONSENSUS.B AAAGcATTagTAGAaATtTGTACAGAAATGGAAAAGGAAGGgAAaATTTCaAAAaTTGGGCCTGAAAATC  628
HIVLAI      ----C---AG----A--T----------------------G--A-----A---A---------------  664
HIVHXB2R    ----C---AG----A--T--------G-------------G--A-----A---A---------------  628
HIVMN       ----C---AA----A--T----------------------G--A-----A---A---------------  637
HIVJRCSF    ----C---AG----A--T----------------------A--G-----A---A---------------  640
HIVJRFL     ----C---AG----A--T----------------------G--A-----A---A---------------  628
HIVOYI      ----T---AA----A--T----------------------G--A-----A---G---------------  628
HIVSF2      ----C---AG----G--A----------------------G--A-----A---A---------------  628
HIVNY5CG    ----C---AG----A--T----------------------A--A-----A---A---------------  628
HIVNL43     ----C---AG----A--T----------------------A--A-----A---A---------------  628
HIVCAM1     ----C---AG----A--T----------------------A--A-----A---A---------------  628
HIVHAN      ----C---AA----A--T----------------------G--A-----A---A---------------  625
HIVD31      ----C---AG----A--T----------------------G--A-----A---A---------------  628
HIVRF       ----C---GG----A--T----------------------A--A-----C---A---------------  625
HIVYU2      ----C---AG----A--T----------------------G--A-----A---A-------------C-  628
CONSENSUS.D AAAGCATTAACAGAAATTTGTACAGAaATGGAAAAGGAAGGAAAAATTTCAAGAaTTGGGCCTGAAAATC  625
HIVELI      --------------------------T----------------------------A---------------  625
HIVZ2Z6     --------------------------A----------------------------G---------------  625
HIVNDK      --------------------------A----------------------------A---------------  625
CONSENSUS.O gAaGCctTaAcaGaAATtTGTcAagAaaTgGAA?agGAAggaAAaATtTcaAgAATaGGaCCtGAaAAtC  577
HIVANT70    G-A--CT-G-CA-C---A---C-GG-AA-G---CAA---GGA--A--T-CA-G---A--A--T--A--T-  616
HIVMVP5180  G-A--AC-A-CT-C---A---C-AG-AA-G---CAG---GGA--A--C-CA-G---A--A--T--A--T-  616
CPZGAB      A-A--CT-A-CA-A---T---C-AG-AA-G---AAG---GGG--A--A-CG-A---A--A--T--A--T-  622
HIVMAL      A-A--AT-A-CA-A---T---A-AG-TA-G---AAG---GGA--A--T-TA-A---T--G--T--A--T-  625

CONSENSUS.A CATACAATACTCCAGTATTTGCTATAAAGAAAAAGGACAGCACTAAATGGAGGAAATTAGTAGATTTCAG  695
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------  695
CONSENSUS.B CATACAATACTCCAGTATTTGCcATAAAGAAAAAaGACAGTACTAAATGGAGAAAAtTAGTAGAtTTcAG  698
HIVLAI      ----------------------C-----------A---------------------T-------T--C--  733
HIVHXB2R    ----------------------C-----------A---------------------T-------T--C--  698
HIVMN       ----------------------C-----------A---------------------T-------T--C--  707
HIVJRCSF    ----------------------C-----------A---------------------T-------T--C--  710
HIVJRFL     ----------------------C-----------G---------------------T-------T--C--  698
HIVOYI      ----------------------C-----------A---------------------T-------T--C--  698
HIVSF2      ----------------------T-----------A---------------------C-------T--C--  698
HIVNY5CG    ----------------------C-----------A---------------------T-------T--C--  698
HIVNL43     ----------------------C-----------A---------------------T-------T--C--  698
HIVCAM1     ----------------------C-----------A---------------------T-------T--C--  698
HIVHAN      ----------------------C-----------G---------------------T-------T--C--  695
HIVD31      ----------------------C-----------A---------------------T-------C--T--  698
HIVRF       ----------------------C-----------A---------------------T-------T--C--  695
HIVYU2      ----------------------C-----------A---------------------T-------T--C--  698
CONSENSUS.D CATAcAATACTCCaATATTTGCCATAAAGAAAAAAGACAGTACCAAGTGGAGAAAATTAGTAGATTTCAG  695
HIVELI      ----C--------A-------------------------------------------------------  695
HIVZ2Z6     ----C--------C-------------------------------------------------------  695
HIVNDK      ----T--------A-------------------------------------------------------  695
CONSENSUS.O CaTAcAATACaCCtaTtTTTGC?ATaAAaAAgAAAGAcagtaCtAAaTGGAGAAAatTaGTagAtTTcAG  646
HIVANT70    -T--T-----A--TA-C-----T--A--A--G-----TGGTA-T--A--------AT-G--AG-T--T--  686
HIVMVP5180  -T--T-----A--TA-T-----T--A--A--G-----TAGCA-T--G--------AT-G--AG-C--C--  686
CPZGAB      -A--C-----T--TA-T-----A--C--A--G-----CAGTA-T--A--------AT-A--AG-C--C--  692
HIVMAL      -A--C-----T--AG-A-----C--A--G--A-----CAGCA-T--A--------AT-A--GA-T--C--  695
```

HIV-1 POL

```
CONSENSUS.A AGAACTCAATAAAAGAACTCAGGACTTCTGGCAAGTTCAATTAGGAATCCCGCATACAGCGGGTCTAAAA  765
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------  765
CONSENSUS.B AGAACTTAATAagAgAACTCAaGAcTTCTGGGAAGTtCAaTTAGGAATACCACAtCC?GCAGGgTTAAAA  767
HIVLAI      -----------AG-G------A--C-----------T--A-------------T--C-----G------  804
HIVHXB2R    -----------AG-G------A--C-----------T--A-------------T--C-----G------  768
HIVMN       -----------AG-A------A--C-----------T--A-------------T--T-----G------  777
HIVJRCSF    -----------GG-G------A--C-----------T--A-------------T--C-----G------  780
HIVJRFL     -----------AG-A------A--C-----------T--A-------------T--C-----G------  768
HIVOYI      -----------AG-G------G--C-----------C--A-------------T--A-----G------  768
HIVSF2      -----------AA-G------A--C-----------T--G-------------C--C-----G------  768
HIVNY5CG    -----------AG-G------A--T-----------T--A-------------T--T-----G------  768
HIVNL43     -----------AG-G------A--T-----------T--A-------------T--T-----G------  768
HIVCAM1     -----------AG-G------A--C-----------T--A-------------T--T-----G------  768
HIVHAN      -----------AA-G------A--T-----------T--A-------------T--C-----G------  765
HIVD31      -----------AA-G------A--C-----------T--A-------------T--C-----A------  768
HIVRF       -----------AG-G------A--C-----------T--G-------------T--T-----G------  765
HIVYU2      -----------AG-G------A--C-----------T--A-------------T--C-----G------  768
CONSENSUS.D aGAACTTAATAAGAGAACTCAAGATTTCTGGGAaGTTCAATTAGGAATACCGCATCCtGCAGGGCTgAAA  765
HIVELI      A--------------------------------A----------------------T--------G---  765
HIVZ2Z6     G--------------------------------A----------------------G--------A---  765
HIVNDK      A--------------------------------G----------------------T--------G---  765
CONSENSUS.O aGAatTaAATAAaAGAACaCAAGAtTTtTGGGAggT?CAatTAGG?AT?CCaCAtCCaGc?GG?TTaAAg  711
HIVANT70    G--AT-A-----G-----A-----G--C-----GG-A--GC----T--C--A--T--G-GG--T--G--G  756
HIVMVP5180  A--AT-A-----A-----A-----T--C-----GG-G--AT----T--T--A--T--A-GG--T--A--G  756
CPZGAB      A--AC-A-----G-----A-----C--T-----AG-G--GT----C--A--T--C--A-CA--G--A--A  762
HIVMAL      A--GC-T-----A-----T-----T--T-----AG-T--AT----A--A--A--T--T-CT--G--G--A  765

CONSENSUS.A AAGAAAAAAATCAGTAACAGTACTAGATGTGGGGGACGCATATTTTTCAGTTCCTTTAGATGAAAGCTTTA  835
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------  835
CONSENSUS.B aAGAAaAAATCAGTAACAGTacTGGATGTGGGtGATGCATAtTTTTCAGTTCCCttAGATaAAGAcTTcA  837
HIVLAI      A----A--------------AC----------T--------T------------T-----G----C--C-  874
HIVHXB2R    A----A--------------AC----------T--------T------------T-----G----C--C-  838
HIVMN       A----A--------------AC----------T--------T------------T-----A----C--C-  847
HIVJRCSF    A----A--------------AC----------T--------T------------T-----A----C--C-  850
HIVJRFL     A---GA--------------AC----------T--------T------------T-----A----C--C-  838
HIVOYI      A----A--------------AC----------T--------C------------T-----A----C--C-  838
HIVSF2      A----A--------------AT----------T--------C------------T-----A----C--T-  838
HIVNY5CG    C----A--------------AC----------T--------T------------T-----A----C--C-  838
HIVNL43     C----A--------------AC----------C--------T------------T-----A----C--C-  838
HIVCAM1     A----A--------------AC----------T--------T------------T-----A----C--C-  838
HIVHAN      A----A--------------CC----------T--------T------------C-----A----C--C-  835
HIVD31      A----A--------------AC----------T--------T------------T-----G----C--C-  838
HIVRF       A----G--------------AT----------T--------T------------T-----A----G--C-  835
HIVYU2      A----A--------------AC----------T--------T------------T--C--G----C--C-  838
CONSENSUS.D AAGAAAAAAATCAGTAACAGTACTGGATGTGGGTGATGCATATTTTtTCAGTTCCCTTAGATgAAGAtTTTA  835
HIVELI      ------------------------------------------T--------------G----T----  835
HIVZ2Z6     ------------------------------------------T--------------A----C----  835
HIVNDK      ------------------------------------------C--------------G----T----  835
CONSENSUS.O cAaAagaAATCaGT?ACAGTaTTaGATGTaGGaGATGC?TAtTTcTCatg?CCctTaGAtcaaGAtTTtA  778
HIVANT70    C-A-AGC----T--T-----C--A-----A--A-----T--T--C--ATGT--CT-A--CCCA--T--T-  826
HIVMVP5180  C-A-GGC----T--T-----C--A-----A--A-----T--T--C--ATGC--TT-A--TCCA--C--T-  826
CPZGAB      A-G-AAA----A--G-----A--A-----A--A-----C--C--C--TTGT--CC-G--TAAA--T--C-  832
HIVMAL      A-G-AAA----A--C-----A--G-----G--G-----A--T--T--AGTC--TT-A--TGAA--T--C-  835
```


1.0
1.1
1.25
1.4
1.6
1.8
2.0
2.2
2.5
2.8
3.2
3.6
4.0
4.5
5.0

2 of 11

```
CONSENSUS.A GAAAGTATACTGCGTTCACCATACCTAGTATAAACAATGAGACACCAGGAGTCAGGTATCAGTACAATGT  905
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------  905
CONSENSUS.B GgAAgTAtACTGCATTTACCATACCTAGTAtAAACAATGAgACACCAgGGaTTAGATATCAGTACAATGT  907
HIVLAI      -G--G--T----------------------T---------G------G--A------------------  944
HIVHXB2R    -G--G--T----------------------T---------G------G--A------------------  908
HIVMN       -G--G--T----------------------T---------A------G--A------------------  917
HIVJRCSF    -G--G--T----------------------T---------G------G--A------------------  920
HIVJRFL     -G--A--T----------------------T---------G------G--A----G-------------  908
HIVOYI      -A--G--T----------------------T---------G------G--A------------------  908
HIVSF2      -A--G--T----------------------T---------G------G--A------------------  908
HIVNY5CG    -G--G--T----------------------T---------G------G--A------------------  908
HIVNL43     -G--G--T----------------------T---------G------G--A------------------  908
HIVCAM1     -G--G--T----------------------C---------G------G--A------------------  908
HIVHAN      -A--A--T----------------------T---------G------G--A------------------  905
HIVD31      -G--G--C----------------------T---------G------G--G------------------  908
HIVRF       -G--G--T----------------------T---------A------C--A------------------  905
HIVYU2      -G--G--T----------------------T---------G------G--AC-----------------  908
CONSENSUS.D GGAAATATACcGCaTTTACCATAcCTAGTATAAAcAATGAGACACCAGGGATTAGATATCAGTACAATGT  905
HIVELI      ----------C--C---------T----------C-----------------------------------  905
HIVZ2Z6     ----------T--A---------C----------T-----------------------------------  905
HIVNDK      ----------C--A---------C----------C-----------------------------------  905
CONSENSUS.O GaAAaTAtACtGC?TTcACtATtCC?AGtgTgAAtAATGAGACcCCAGGaaTaAGATAtcagTAcAATGT  846
HIVANT70    -A--A--T--T--T--C--T--T--T--TG-G--T--------C-----AA-A-----CCAG--C-----  896
HIVMVP5180  -A--A--C--T--C--C--T--T--T--TG-G--C--------C-----AG-A-----CCAG--C-----  896
CPZGAB      -G--A--T--T--A--T--A--T--C--TA-A--T--------C-----AG-T-----TCAA--T-----  902
HIVMAL      -C--G--T--T--A--C--T--A--C--TA-T--T--------A-----GA-T-----TCAG--C-----  905

CONSENSUS.A GCTTCCGCAGGGATGGAAAGGATCACCATCAATATTCCAGAGTAGCATGACAAAAATCTTAGAGCCCTTT  975
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------  975
CONSENSUS.B GCTtCCACAgGGaTGGAAAGGATCACCAGCaATATTCCAaaGTAGcATGACAAAAATCTTaGAGCCTTTT  977
HIVLAI      ---T-----G--A----------------A---------AA----C--------------A---------  1014
HIVHXB2R    ---T-----G--A----------------A---------AA----C--------------A---------  978
HIVMN       ---T-----G--A----------------A---------AA----C--------------A---------  987
HIVJRCSF    ---T-----G--A----------------A---------AA----C--------------A---------  990
HIVJRFL     ---T--G--G--A----------------A---------AA----C--------------A---------  978
HIVOYI      ---T-----G--A----------------G---------AA----T--------------A---------  978
HIVSF2      ---G-----G--A----------------A---------AA----C--------------A---------  978
HIVNY5CG    ---T-----G--A----------------A---------GT----C--------------G---------  978
HIVNL43     ---T-----G--A----------------A---------GT----C--------------A---------  978
HIVCAM1     ---T-----G--A----------------A---------AA----C--------------A---------  978
HIVHAN      ---T-----G--A----------------A---------AA----C--------------A---------  975
HIVD31      ---T-----A--A----------------A---------AA----C--------------A---------  978
HIVRF       ---T-----A--G----------------A---------AA----T--------------A---------  975
HIVYU2      ---T-----G--A--------G--------A---------AA----C-------C------A---------  978
CONSENSUS.D GCTtCCACAGGGATGGAAAGGATCACCGGCAATATTCCAAAGTAGCATGACAAAAATCTTAGAGCCCTTT  975
HIVELI      ---T------------------------------------------------------------------  975
HIVZ2Z6     ---T------------------------------------------------------------------  975
HIVNDK      ---C------------------------------------------------------------------  975
CONSENSUS.O ?cT?CCaCAaGGaTGGAAAGG?TCaCCAgCtATaTTcCAaagtag?ATGACaAAaATtcTAGaaCCaTTt  912
HIVANT70    CC-C--G--A--A--------T--A---G-T--A--C--AAGTTCA-----A--A--TC---AT--A--C  966
HIVMVP5180  CC-C--G--A--G--------T--A---G-C--A--T--GAGTTCA-----A--G--TC---AT--A--T  966
CPZGAB      TT-G--A--A--A--------G--T---T-T--C--C--AAGCAGT-----A--A--TC---AA--C--C  972
HIVMAL      GC-A--A--G--A--------A--A---G-A--A--C--GAGTAGC-----A--A--CT---AA--C--T  975
```

```
CONSENSUS.A AGATCACAACATCCAGACATAGTTATCTATCAATACATGGATGACTTGTATGTGGGATCTGATTTAGAAA  1045
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------  1045
CONSENSUS.B AgAAAACAaAATCCAGAcATAgTtATCTATCAATACATGGATGATTTGTATGTAGGATCTGAcTTAGAAA  1047
HIVLAI      -G------A--------C---G-T-----------------------------------C-------  1084
HIVHXB2R    -G------A--------C---G-T-----------------------------------C-------  1048
HIVMN       -G------A--------C---G-T-----------------------------------C-------  1057
HIVJRCSF    -G------A--------C---A-T-----------------------------------C-------  1060
HIVJRFL     -G------A--------C---A-T-----------------------------------C-----G-  1048
HIVOYI      -G------A--------C---G-T-----------------------------------C-------  1048
HIVSF2      -G------G--------C---G-T-----------------------------------C-------  1048
HIVNY5CG    -G------A--------C---G-C-----------------------------------C-------  1048
HIVNL43     -G------A--------C---G-C-----------------------------------C-------  1048
HIVCAM1     -G------A--------C---G-T-----------------------------------C-------  1048
HIVHAN      -G------A--------C---G-T-----------------------------------C-------  1045
HIVD31      -G------A--------C---G-T-----------------------------------C-------  1048
HIVRF       -A------A--------A---G-T-----------------------------------T-------  1045
HIVYU2      -G------A--------CC--G-T--------G----------------C----------C-------  1048
CONSENSUS.D AGAAAACAAAATCCAGAAATaGTTATCTATCAATACATGGATGATTTGTATGTAGGATCTGACTTAGAAA  1045
HIVELI      --------------------G---------------------------------------------  1045
HIVZ2Z6     --------------------A---------------------------------------------  1045
HIVNDK      --------------------A---------------------------------------------  1045
CONSENSUS.O AGaaaaaa?aAtCCaGaa?TagaaATtTatCAgTACATgGATGAccTaTATGTaGGaTCtGATtTagaaa  980
HIVANT70    --GAGAGACA-C--A-AAT-AGAA--T-GT--G-----G-----CC-A-----A--A--A---T-ACCCC  1036
HIVMVP5180  --AAAAAGCA-C--A-AAG-AGAA--T-AT--G-----A-----CT-A-----A--A--A---T-ACCAT  1036
CPZGAB      --AGAAAAGA-T--T-ACA-TACT--T-AC--G-----G-----CC-A-----G--G--T---C-TGAAA  1042
HIVMAL      --AACAAAAA-T--A-AAA-AGTC--A-AC--A-----G-----TT-G-----A--G--T---T-AGAAA  1045

CONSENSUS.A TAGGGCAACATAGAGCAAAAATAGAGGAATTAAGAGCTCATCTATTGAGCTGGGGATTCATTACCCCAGA  1115
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------  1115
CONSENSUS.B TAGgGCAGCATAGAacAAAAATAGAGGAaCTGAGAcaaCATCTGTTgAgGTGGGGatTTACcACACCaGA  1117
HIVLAI      ---G----------AC----------G------CAA--------G-G------AC----C-----A--  1154
HIVHXB2R    ---G----------AC----------G------CAA--------G-G------AC----C-----A--  1118
HIVMN       ---G----------GC----------A------CGA--------G-G------AT----C-----A--  1127
HIVJRCSF    ---G----------AC----------A------CAA--------G-A------AT----C-----A--  1130
HIVJRFL     ---G----------GC----------AT-----CAA--------G-G------GT----C-----A--  1118
HIVOYI      ---G----------AC----------A------CAA--------G-G------AT----C-----A--  1118
HIVSF2      ---G----------AC----------A------CAG--------G-G------AT----C-----A--  1118
HIVNY5CG    ---G----------AC----------A------CAA--------G-G------AT----C-----A--  1118
HIVNL43     ---G----------AC----------A------CAA--------G-G------AT----C-----A--  1118
HIVCAM1     ---G----------AC----------A------CAA--------G-G------AC----C-----A--  1118
HIVHAN      ---A----------AC----------A------CAG--------G-A------AT----C-----A--  1115
HIVL31      ---G----------AC----------A------CAA--------G-G------GT----T-----A--  1118
HIVRF       ---G----------AT----------A------GAA--------A-A------GT----C-----G--  1115
HIVYU2      ---G----------AC----------A------CAA--------G-G------AT----C-----A--  1118
CONSENSUS.D TAGGGCAGCATAGaACAAAAATAGAGgAATTAAGAGAACATCTATTgAGGTGGGGATTTACCAcACCAGA  1115
HIVELI      ----------G----------A----------------G---------------G------------  1115
HIVZ2Z6     ----------A----------G----------------A---------------C------------  1115
HIVNDK      ----------A----------G----------------G---------------C------------  1115
CONSENSUS.O T?gcagaACATAGAaaaA?gaT?GAa?agCTtAGagAACAttTatat?a?TGGGGatT?ac?ACcCCtGA  1042
HIVANT70    -GACAGA-------AAA-GGA-T--ATTG--T--AG----CC-ATATCAG-----AT-CACT--C--T--  1106
HIVMVP5180  -GGCAGA-------AAG-GGG-C--ATTG--T--GG----TT-ATATCAG-----AT-TACT--C--T--  1106
CPZGAB      -TGATCA-------AAA-AGG-G--AGAA--A--AC----TT-GCTTAAA-----GT-CACA--C--A--  1112
HIVMAL      -AGGACA-------ACA-AAA-A--GGAA--A--AG----TC-ATTGAAA-----AT-TACC--A--A--  1115
```

```
CONSENSUS.A CAAAAAGCATCAGAAAGAACCTCCATTTCTTTGGATGGGGTATGAACTTCATCCTGACAAATGGACAGTT  1185
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------  1185
CONSENSUS.B CAAaAAACATCAGAAAGAACCTCCATTcCTTTGGATGGGTTATGAACTCCATCCTGATAAATGGACAGTA  1187
HIVLAI      ---A----------------------C-------------------------------------------  1224
HIVHXB2R    ---A----------------------C-------------------------------------------  1188
HIVMN       ---A----------------------C-------------------------------------------  1197
HIVJRCSF    ---A----------------------C-------------------------------------------  1200
HIVJRFL     ---A----------------------C-----------------------------C-------------  1188
HIVOYI      ---A----------------------C-------------------------------------------  1188
HIVSF2      ---A----------------------C-------------------------------------------  1188
HIVNY5CG    ---A----------------------C-------------------------------------------  1188
HIVNL43     ---A----------------------C-------------------------------------------  1188
HIVCAM1     ---A----------------------C-------------------------------------------  1188
HIVHAN      ---A----------------------C-------------------------------------------  1185
HIVD31      ---A----------------------C-------------------------------------------  1188
HIVRF       ---G----------------------T-------------------------------------------  1185
HIVYU2      ---A----------------------C-------------------------------------------  1188
CONSENSUS.D TAAAAAACATCAGAAAGAACCcCCATTTCTTTGGATGGGtTATGAACTCCATCCTGATAAATGGACAGTA  1185
HIVELI      --------------------C----------------T-------------------------------  1185
HIVZ2Z6     --------------------C----------------G-------------------------------  1185
HIVNDK      --------------------T----------------T-------------------------------  1185
CONSENSUS.O cAAAAAgCATCAgAAgGAaCCtCCcTTTctaTGGATGGGaTATGAgcTcCAcCCaGACAAaTGGACaGTa  1112
HIVANT70    C-----G-----A--G--A--T--C---CTA--------G-----GC-C--T--A-----A-----A--A  1176
HIVMVP5180  T-----G-----G--G--A--T--C---TTA--------A-----GC-C--C--A-----G-----A--A  1176
CPZGAB      C-----A-----A--G--G--A--C---TTA--------A-----GC-C--C--A-----A-----A--C  1182
HIVMAL      C-----G-----G--A--A--C--A---CTT--------G-----AC-C--C--T-----A-----A--G  1185

CONSENSUS.A CAGCCTATACAGCTGCCAGAAAAAGACAGCTGGACTGTCAATGATATACAGAAATTAGTAGGAAAACTAA  1255
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------  1255
CONSENSUS.B CAgCCTATAgtGCTgCCAGAAAAaGACAGCTGGACTGTCAATGACATACAGAAgTTAGTGGGAAAATTgA  1257
HIVLAI      --G------GT---G--------A----------------------------G--------------G-  1294
HIVHXB2R    --G------GT---G--------A----------------------------G--------G-----G-  1258
HIVMN       --G------GT---A--------A----------------------------G--------------G-  1267
HIVJRCSF    --G------GT---G--------A----------------------------G--------------G-  1270
HIVJRFL     --G------GT---G--------A----------------------------G--------------A-  1258
HIVOYI      --G------AT---G--------A----------------------------G--------------A-  1258
HIVSF2      --G------AT---G--------A----------------------------G--------------G-  1258
HIVNY5CG    --G------GT---G--------G----------------------------A--------------G-  1258
HIVNL43     --G------GT---G--------G----------------------------A--------------G-  1258
HIVCAM1     --A------AT---G--------G----------------------------G--------------G-  1258
HIVHAN      --G------GT---G--------A----------------------------G--------------G-  1255
HIVD31      --G------AC---G--------A----------------------------G--------------G-  1258
HIVRF       --G------GT---G--------A----------------------------G--------------G-  1255
HIVYU2      --G------GT---G--------A--T-------------------------G--------------G-  1258
CONSENSUS.D CAGtCTATAAAactGCCAGAAAAgGAgAGCTGGACTGTCAATGATATACAGAAgTTAGTGGgGAaATTAA  1255
HIVELI      ---T-------AC----------G--G--------------------------C-------A--G-----  1255
HIVZ2Z6     ---T-------AT----------G--G--------------------------G-------G--A-----  1255
HIVNDK      ---C-------CC----------A--A--------------------------G-------G--A-----  1255
CONSENSUS.O CAGcc?AT?cAatTgCCagAcaaaGA?gt?TGGACaGT?AATGAtATaCAaAAAcTagTaGGAAAatTAA  1177
HIVANT70    ---TCC--CC-AT-G--TA-CAAG--TGTG-----A--A-----T--A--A---C-AA-A-----GC---  1246
HIVMVP5180  ---CCC--CC-AT-G--TG-CAAA--AGTG-----A--A-----T--A--A---T-AG-A-----AT---  1246
CPZGAB      ---CCT--TC-AT-A--AG-AAAA--GGTA-----T--C-----T--A--A---C-GA-A-----GT---  1252
HIVMAL      ---CCT--AC-AC-G--AG-CAAG--AAGC-----T--C-----T--A--G---T-GG-G-----AC---  1255
```

HIV-1 POL

```
CONSENSUS.A ATTGGGCAAGTCAGATTTATGCAGGGATTAAAGTAAAGCAACTGTGTAAACTTCTCAGGGGAGCCAAAGC  1325
HIVU455     -------------------------------------------------------------------------  1325
CONSENSUS.B ATTGGGCAAGTCAgATtTAtgCAGGGATTAAAGTAAaGcAaTTATGTAAaCTcCTTAGgGGAacCAAAGC  1327
HIVLAI      ----------G--T--CC--------------G-C-A--------A--C-----A---AC------  1364
HIVHXB2R    ----------G--T--CC--------------G-C-A--------A--C-----A---AC------  1328
HIVMN       ----------G--T--CG--------------A-C-A--------A--C-----A---AC------  1337
HIVJRCSF    ----------A--T--TG--------------A-C-A--------A--C-----G---AC------  1340
HIVJRFL     ----------G--T--CG--------------A-C-A--------A--C-----G---AC------  1328
HIVOYI      ----------G--T--TG--------------A-A-C--------A--C-----G---AC------  1328
HIVSF2      ----------G--T--TG--------------A-C-G--------A--C-----A---AC------  1328
HIVNY5CG    ----------G--T--TG--------------G-C-A--------A--T-----G---AT------  1328
HIVNL43     ----------G--T--TG--------------G-C-A--------A--T-----G---AC------  1328
HIVCAM1     ----------G--C--TG--------------A-C-A--------A--C-----G---AC------  1328
HIVHAN      ----------G--T--TG--------------A-C-A--------G--A-----G---CC------  1325
HIVD31      ----------G--T--TG--------------G-C-A--------A--C-----G---GC------  1328
HIVRF       ----------G--T--TG--------------A-C-A--------A--C-----G---AC------  1325
HIVYU2      ----------G--T--TG--------------G-C-A--------A--C-----G---AC------  1328
CONSENSUS.D ACTGGGCAAGCCAGATTTATcCAGGAATTAAAGTAAggCAATTaTGTAAACTCCTTAGGGGAACCAAAGC  1325
HIVELI      --------------------C--------------GA-----A-------------------------  1325
HIVZ2Z6     --------------------C--------------GG-----G-------------------------  1325
HIVNDK      ------------------G--------------AG-----A-------------------------  1325
CONSENSUS.O ATTGGGCAAGTCAgATcTAtCcAGGAATtAaAgtaAagcAaTTgTGtAagcT?aT?AGaGGaaccAAg?c  1244
HIVANT70    ----------A--C--T-A------T-G-GTG-GAG-A--G--T-AGT-AA-T--A--CACC--GTC  1316
HIVMVP5180  ----------A--C--T-A------T-G-GTA-AAG-A--G--C-AGT-AA-C--A--AACC--ATC  1316
CPZGAB      ----------G--T--T-C------A-A-ATA-AGC-A--A--T-AGC-GA-A--A--AACA--GAA  1322
HIVMAL      ----------G--T--T-C------T-A-GTA-AGC-A--A--T-AAC-CC-T--G--AGCA--AGC  1325

CONSENSUS.A ACTAACAGATATAGTAACCCTGACTGAAGAAGCAGAATTAGAATTGGCAGAGAACAGGGAGATTCTAAAA  1395
HIVU455     -------------------------------------------------------------------------  1395
CONSENSUS.B ACTaACAGAAGTAaTACcACTAACAgAAGAAGCAGAgCTAGAACTgGCAGAAAAcAGgGAgATTCTAAAA  1397
HIVLAI      ---A---------A---C-------G----------G--------G--------C--A--G---------  1434
HIVHXB2R    ---A---------A---C-------G----------G--------G--------C--A--G---------  1398
HIVMN       ---A---------A---C-------G----------G--------G--------C--G--A---------  1407
HIVJRCSF    ---T---------A---C-------A----------G--------G--------C--G--G---------  1410
HIVJRFL     ---A---------A---C-------G----------G--------G--------C--G--G---------  1398
HIVOYI      ---A---------A---C-------G----------G--------G--------C--G--G---------  1398
HIVSF2      ---A---------A---C-------G----------G--------G--------C--G--G---------  1398
HIVNY5CG    ---A---------G---C-------G----------G--------G--------C--G--G---------  1398
HIVNL43     ---A---------G---C-------G----------G--------G--------C--G--G---------  1398
HIVCAM1     ---A---------G---C-------G----------A--------G--------C--A--G---------  1398
HIVHAN      ---A---------A---C-------A----------G--------A--------C--G--G---------  1395
HIVD31      ---A---------A---C-------A----------G--------G--------C--G--G---------  1398
HIVRF       ---A---------G---A-------A----------G--------G--------T--G--G---------  1395
HIVYU2      ---A---------A---C-------G----------A--------G--------C--G--A---------  1398
CONSENSUS.D ACTAACAGAAGTAaTACCACTAACAGAAGAAGCAGAATTAGAACTGGCAGAAAACAGGGAAATTcTAAAA  1395
HIVELI      ----------A-------------------------------------------------T-------  1395
HIVZ2Z6     ----------A-------------------------------------------------C-------  1395
HIVNDK      ----------G-------------------------------------------------C-------  1395
CONSENSUS.O acTaACAGA?gtAGTaCcttTaActa?aGAgGCAGAatTaGAATTaGaaGAaAAcAgagAaAt?cTAAaa  1311
HIVANT70    AT-A-----AGT---A-CTT-A-GTAGA--G-----GC-G-----A-AG--A--C-GAG-A-GGT---AA  1386
HIVMVP5180  AT-G-----GGT---A-CTT-A-GTAAA--G-----AC-A-----A-AA--A--C-GAG-A-AGC---AA  1386
CPZGAB      AC-G-----TGT---T-CTC-C-CACCA--A-----AT-A-----A-CA--A--T-GGG-G-TAG---GC  1392
HIVMAL      AC-A-----CAT---A-CAT-A-CTGCA--G-----AT-A-----G-CA--G--C-GGG-A-TTC---AA  1395
```

```
CONSENSUS.A GACCCTGTGCATGGAGTATATTATGACCCATCAAAAGACCTAGTAGCAGAAATACAGAAACAAGGGCAAG  1465
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------  1465
CONSENSUS.B GAACCaGTACATGgAGTgTATTaTGACCCATCAAAAGACTTAaTAGcAGAAaTACAGAAgCAGGGgcAAG  1467
HIVLAI      -----A-------G---G----A------------------A---C----A-------G-----GC---  1504
HIVHXB2R    -----A-------G---G----A------------------A---C----A-------G-----GC---  1468
HIVMN       -----A-------G---G----A------------------A---C----G-------G-----GC---  1477
HIVJRCSF    -----A-------G---G----A------------------A---T----A-------G-----GC---  1480
HIVJRFL     --G--A-------G---G----A------------------A---C----C-------G-----GC---  1468
HIVOYI      -----A-------G---G----A------------------G---C----T-------A-----AC---  1468
HIVSF2      -----A-------A---A----A------------------G---C----A-------G-----GC---  1468
HIVNY5CG    -----G-------G---G----A------------------A---C----A-------G-----GC---  1468
HIVNL43     -----G-------G---G----A------------------A---C----A-------G-----GC---  1468
HIVCAM1     -----A-------G---G----A------------------A---C----C-------A-----GC---  1468
HIVHAN      -----A-------G---G----G------------------G---C----A-------G-----GG---  1465
HIVD31      -----A-------G---G----A------------------A---C----A-------G-----GC---  1468
HIVRF       -----A-------G---G----A------------------A---C----A-------G-----GC---  1465
HIVYU2      -----A-------G---G----A------------------GA--C----A-------G-----GC---  1468
CONSENSUS.D GAACCAGTACATGGAGTGTATTATGACCCATCAAAAGACTTAATAGCAGAAaTACAGAAACAAGGGcACG  1465
HIVELI      ------------------------------------------------A-------------C---  1465
HIVZ2Z6     ------------------------------------------------A-------------C---  1465
HIVNDK      ------------------------------------------------C-------------G---  1465
CONSENSUS.O gaaCCAGT?CATGGgGTATA?TAt?A?CC?gacAAaGAc?Ta???G???a?AT?CAGAAgCAgGG??aag  1365
HIVANT70    CAA-----G-----G-----C--TC-A--TGAT--G--TC-ATGG-TTAAT--T-----G--A--AGGGG  1456
HIVMVP5180  GAG-----A-----A-----T--CC-G--TGAC--A--CT-GTGG-TTAGT--T-----G--T--AGAAG  1456
CPZGAB      ACA-----A-----G-----C--TG-T--AGAC--A--GC-TATA-CAGAA--A-----A--G--CAACT  1462
HIVMAL      GAA-----G-----G-----T--TG-C--ATCA--A--CT-AATA-CAGAA--A-----G--G--GCAAG  1465

CONSENSUS.A ACCAATGGACATATCAAATTTATCAAGAGCCATTTAAAAATCTGAAAACAGGAAAATATGCAAGAAAAAG  1535
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------  1535
CONSENSUS.B GCCAATGGACATAtCAAATTTaTCAAGAgCCATTTAAaAAtCTGAAAACAGGaAAgTATGCAAgaAtGAg  1537
HIVLAI      ------------T-------A------G--------A--T----------A--A-------GA-C--G  1574
HIVHXB2R    ------------T-------A------G--------A--T----------A--A-------GA-T--G  1538
HIVMN       ------------T-------A------G--------A--T----------C--A-------GA-T--G  1547
HIVJRCSF    ------------T-------T------G--------A--T----------A--A-------GA-C--G  1550
HIVJRFL     ------------T-------A------G--------A-TT----------A--A-------GA-C--G  1538
HIVOYI      ------------T-------A------G--------A--T----------A--G-------GA-T--G  1538
HIVSF2      ------------T-------A------G--------A--T----------A--G- -----GG-T--G  1538
HIVNY5CG    ------------T-------A------G--------A--T----------A--G-------GA-T--A  1538
HIVNL43     ------------T-------A------G--------A--T----------A--A-------GA-T--A  1538
HIVCAM1     ------------T-------A------G--------A--T----------A--G-------AA-T--G  1538
HIVHAN      ------------T-------A------A--------G--T----------A--G-------GA-T--G  1535
HIVD31      ------------T-------A------G--------A--T----------A--G-------GA-T--G  1538
HIVRF       ------------C-------A------G--------A--C----------A--G-------GA-T--G  1535
HIVYU2      ------------T-------A------G--------A--T----------A--A-------GA-C--G  1538
CONSENSUS.D GCCAATGGACATACCAAATTTATCAAGAACCATTTAAAAATCTgAAAACAGGAAAGTATGCAAGAAtGAG  1535
HIVELI      ------------------------------------------G----------------------T---  1535
HIVZ2Z6     ------------------------------------------G----------------------T---  1535
HIVNDK      ------------------------------------------A----------------------C---  1535
CONSENSUS.O g?CAaTGGACtTAtCAgaTATatCAggA?gaAcatAAgaa?cT?AAaaCAGGgAAaTATgCtAGgcaaAa  1431
HIVANT70    AG--A-----T--C--GA---AT--GG-AGA-CAT--GAACC-C--AA----G--A---A-T--GCAA-A  1526
HIVMVP5180  GG--A-----T--C--GG---AT--GG-TGA-CAT--GAACC-T--AA----A--A---G-T--GCAA-A  1526
CPZGAB      GC--G-----T--T--GA---TT--GG-ACC-CAT--GAATT-G--GA----G--A---G-C--ACAA-G  1532
HIVMAL      GT--A-----A--T--AA---AC--AG-GCA-TAT--AAATC-G--AA----G--G---G-A--AATA-A  1535
```

HIV-1 POL

```
CONSENSUS.A GTCTGCTCACACTAATGATGTAAAACAATTAACAGAAGTGGTGCAAAAAGTGTCCACAGAAAGCATAGTA  1605
HIVU455     ------------------------------------------------------------------  1605
CONSENSUS.B GGGTgCCCACACTAATGATgTaAAACAaTTAACAGAGGCAGTgCAAAAAaTAgCCacaGAAaCCATAGTA  1607
HIVLAI      ----G----------G-A-----A----------G---- -A--A--ACA---A--------  1644
HIVHXB2R    ----G----------G-A-----A----------G------A--A--ACA---A--------  1608
HIVMN       ----G----------G-A-----A----------G------A--G--ACA---A--------  1617
HIVJRCSF    ----G----------G-A-----A----------G------A--G--AAT---A--------  1620
HIVJRFL     ----G----------G-A-----A----------G------A--G--AAT---A--------  1608
HIVOYI      ----G----------G-A-----G----------G------A--A--CAA---A--------  1608
HIVSF2      ----G----------G-A-----G----------G------G--T--ACA---A--------  1608
HIVNY5CG    ----G----------G-G-----A----------A------A--G--ACA---A--------  1608
HIVNL43     ----G----------G-G-----A----------A------A--G--ACA---A--------  1608
HIVCAM1     ----A----------G-A-----A----------G------A--G--ACA---A--------  1608
HIVHAN      ----G----------A-A-----G----------G------A--G--ACA---G--------  1605
HIVD31      ----G----------G-A-----A----------G------A--A--ACA---A--------  1608
HIVRF       ----G----------G-A-----A----------A------G--G--ACA---A--------  1605
HIVYU2      ----G----------G-A-----A----------A------A--G--ACA---A--------  1608
CONSENSUS.D GGGTGCCCACACTAATGATGTAAAaCAATTAgCAGAGGcAGTGCAAAaAATAtCCACAGAAAGCATAGTG  1605
HIVELI      ----------G------G------C--------G----T----------  1605
HIVZ2Z6     ----------A------G------T--------A----T----------  1605
HIVNDK      ----------A------A------C--------A----G----------  1605
CONSENSUS.O ggc??CcCACACaAATGAtaTaAgaCAAtTagCaGaAGtAgT?CAaAAgaT?gctcaaGAAagtATAgTt  1497
HIVANT70    GGCCT-C-----A-----TA-A-GA---T-AG-A-A--T-A-C--G--GG-GTCTCAA---TCT---A-T  1596
HIVMVP5180  GGCCT-C-----A-----TA-A-GA---T-GG-A-A--T-G-C- C -GG-GTCTCAA---GCT---G-T  1596
CPZGAB      GTCAG-A-----A-----CA-C-GG---C-GG-G-A--C-G-A--A--AA-TGCTACT---AGC---G-A  1602
HIVMAL      GTCTG-C-----T-----TG-A-AA---T-AA-A A--C-G-G--A--GA-AGCCCAA---AGC---G-A  1605

CONSENSUS.A ATATGGGGAAAGATCCCTAAATTTAGACTACCCATACAAAAGGAAACATGGGAAGCATGGTGGATGGAGT  1675
HIVU455     ------------------------------------------------------------------  1675
CONSENSUS.B ATATGGGGAAAGAcTCCTAAATTTAaAcTACCCATACAAAAgGAAACATGGGAagCaTGGTGGAcaGAgT  1677
HIVLAI      ----------C----------A-C----------G----------AA-A-------CA--G-  1714
HIVHXB2R    ----------C----------A-C-G----------G----------AA-A-------CA--G-  1678
HIVMN       ----------C----------G-C----------A----------AA-A-------CA--G-  1687
HIVJRCSF    ----------T----------A-T----------A----------AA-A-------CA--G-  1690
HIVJRFL     ----------T----------A-T----------A----------AA-A-------CA--G-  1678
HIVOYI      ----------C----------A-C----------A----------AG-A-------CG--G-  1678
HIVSF2      ----------T----------A-C----------G----------AG-A-------TG--G-  1678
HIVNY5CG    ----------C----------A-T----------G----------AG-G-------CG--G-  1678
HIVNL43     ----------C----------A-T----------G----------AG-A-------CA--G-  1678
HIVCAM1     ----------C----------A-T----------G----------TG-A-------TA--C-  1678
HIVHAN      ----------C----------G-C----------G----------AG-A-------CG--G-  1675
HIVD31      ----------C----------A-C----------A----------AG-A-------CA--G-  1678
HIVRF       ----------C----------A-C----------A----------GG-A-------CA--G-  1675
HIVYU2      ----------C----------A-C----------A----------AA-A-------CA--A-  1678
CONSENSUS.D ATATGGGGAAaGACTCCTAAATTTAgAcTACCCATACAAAAGGAAACATGGGAAACATGGTGGgtAGAGT  1675
HIVELI      ----------G----------G-C----------GC-----  1675
HIVZ2Z6     ----------A----------G-T----------GT-----  1675
HIVNDK      ----------A----------A-C----------AT-----  1675
CONSENSUS.O AT?TGGGGaaAa?taCCtAAATTTtaggcTaCCagTaactAgaGAAActtGGGAagCaTGGTGGgCaGAaT  1565
HIVANT70    --C-----AA-ATTG--T-----TAAGC-G--AG-CACT-GA----CT-----AA-A------G-G--C-  1666
HIVMVP5180  --A-----GA-ATTA--T-----CAGGC-G--AG-TACT-GA----CT-----AA-T------G-A--A-  1666
CPZGAB      --T-----AA-AACA--T-----TAGGT-A--AG-ACAG-AA----GT-----AG-A------G-A--A-  1672
HIVMAL      --A-----AA-AACT--T-----TAGAC-A--CA-ACAA-AA----CA-----GG-A------A-A--A-  1675
```

```
CONSENSUS.A ATTGGCAGGCTACCTGGATTCCTGAATGGGAGTTTGTCAATACCCCTCCCCTAGTAAAATTATGGTACCA  1745
HIVU455     ------------------------------------------------------------------  1745
                                                          /<- CRS
CONSENSUS.B ATtgGcAAGCcACCTGGATTCCTGAgTGGGAGtTTGTCAATACCCCTCCcTTAGTgAAaTTaTGGTACCA  1747
HIVLAI      --TG-C----C--------------G------T----------------T-----G--A--A--------  1784
HIVHXB2R    --TG-C----C--------------G------T----T-----------C-----G--A--A--------  1748
HIVMN       --AC-T----C--------------G------G----------------C-----G--A--A--------  1757
HIVJRCSF    --TG-C----C--------------G------T----------------C-----G--A--A--------  1760
HIVJRFL     --TG-C----C--------------G------T----------------C-----G--A--A--------  1748
HIVOYI      --TG-C----C--------------A------T----------------C-----A--A--A--------  1748
HIVSF2      --TG-C----T--------------G------T----------------C-----G--A--A--------  1748
HIVNY5CG    --TG-C----C--------------A------T----------------C-----G--G--A--------  1748
HIVNL43     --TG-C----C--------------G------T----------------C-----G--G--A--------  1748
HIVCAM1     --TG-C----C--------------G------T----------------C-----G--A--A--------  1748
HIVHAN      --TG-C----C--------------G------T----------------C-----G--A--A--------  1745
HIVD31      --TG-C----C--------------G------T----------------C-----G--G--A--------  1748
HIVRF       --TG-C----C--------------G------T----------------C-----A--A--G--------  1745
HIVYU2      --TG-C----C--------------G------T----------------C-----G--A--A--------  1748
CONSENSUS.D ATTGGCAAGCCACtTGGATTCCTGAGTGGGAATTTGTCAATACCCCTCCTTTAGTAAAATTATGGTACCA  1745
HIVELI      -------------T------------------------------------------------------  1745
HIVZ2Z6     -------------T------------------------------------------------------  1745
HIVNDK      -------------C------------------------------------------------------  1745
CONSENSUS.O AtTGGCAgGCcACCTGGAT?CCtGAATGGGAaTTTgTcAatACaCCcCCatTaaTcAaAtTaTGGTAcaa  1634
HIVANT70    -T-----A--C--------T--A--------A---G-C-GC--A--C--AT-GA-C-A-T-A-----CAG  1736
HIVMVP5180  -T-----G--C--------T--T--------A---G-C-GC--A--C--AT-GA-C-A-T-A-----CCA  1736
CPZGAB      -C-----G--A--------C--T--------A---A-C-AT--C--A--CT-AG-C-A-T-A-----CAG  1742
HIVMAL      -T-----A--C--------C--T--------G---G-C-AT--T--T--CC-AG-A-A-C-A-----CCA  1745

CONSENSUS.A GTTAGAGAAAGACCCCATAGCAGGAGCAGAGACATTCTATGTAGATGGGGCAGCTAATACGGAAACTAAG  1815
HIVU455     ------------------------------------------------------------------  1815
                                      - - - CRS - - -
CONSENSUS.B GTTAGAgAaaGAaCCCATAgTAGGaGCAGAAACtTTCTATGTAGATGGgGCAGCtAatAGgGAgACTAaA  1817
HIVLAI      ------G-AA--A------G----A--------G--------------G-----T-GC--G--G----A-  1854
HIVHXB2R    ------G-AA--A------G----A--------C--------------G-----T-AC--G--G----A-  1818
HIVMN       ------G-AA--A------G----T--------T--------------G-----T-AC--G--G----A-  1827
HIVJRCSF    ------A-AA--A------G----A--------T--------------G-----T-AC--G--G----A-  1830
HIVJRFL     ------G-AA--A------G----A--------T--------------G-----T-AC--G--G----A-  1818
HIVOYI      ------G-AA--C------G----A--------T--------------G-----T-AT--G--G----A-  1818
HIVSF2      ------G-AA--A------G----A--------T--------------G-----T-AT--G--G----A-  1818
HIVNY5CG    ------A-AG--A------A----A--------T--------------A-----C-AT--G--A----A-  1818
HIVNL43     ------G-AA--A------A----A--------T--------------G-----C-AT--G--A----A-  1818
HIVCAM1     ------G-AA--A------G----A--------T--------------G-----T-AT--G--A----G-  1818
HIVHAN      ------G-AA--A------G----A--------T--------------G-----T-AT--G--G----A-  1815
HIVD31      ------G-CA--A------G----A--------T--------------G-----T-AT--G--G----A-  1818
HIVRF       ------A-AA--A------A----A--------T--------------G-----T-AT--A--G----A-  1815
HIVYU2      ------G-AA--A------A----A--------T--------------G-----T-AC--G--G----A-  1818
CONSENSUS.D GTTAGAGAAGGAACCCATAATAGGAGCAGAAACTTTCTATGTAGATGGGGCAGCTAATAGAGAGACTAAA  1815
HIVELI      ------------------------------------------------------------------  1815
HIVZ2Z6     ------------------------------------------------------------------  1815
HIVNDK      ------------------------------------------------------------------  1815
CONSENSUS.O gtTAgaaacaGAaCCtATt?taggggCaGAaACcTttTATGTaGATGGaGCAGCtAATAGagA?aCaaAA  1702
HIVANT70    GC--GAAAGT--A--T--TATGGGGG-A--A--C-AT-----A-----A-----T-----AG-GA-AA--  1806
HIVMVP5180  GT--GAAACA--A--T--TGTAGGGG-A--A--C-TT-----A-----A-----T-----GA-TA-AA--  1806
CPZGAB      TT--GAGACA--A--T--ACCAACCA-A--T--T-AT-----A-----A-----A-----GG-AA-AA--  1812
HIVMAL      GT--GAAACA--A--C--AGTAGGAG-A--A--T-TC-----A-----G-----T-----AG-AA-TA--  1815
```

HIV-1 POL

```
CONSENSUS.A CTAGGAAAAGCAGGGTATGTCACTGACAGAGGAAGACAAAAGGTTGTTTCCCTAACTGAGACAACAAATC   1885
HIVU455     ------------------------------------------------------------------   1885
                                    - - - CRS - - -
CONSENSUS.B ttAGGAAAAGCAGGATATGTtACTgacAGaGGaAGACAaAAaGTTGTctCCcTAactGACACAACAAATC   1887
HIVLAI      TT----------------T---AAT--A--A-----A--A-----CA--C--ACT-------------   1924
HIVHXB2R    TT----------------T---AAT--A--A-----A--A-----CA--C--ACT-------------   1888
HIVMN       AA----------------T---AAC--A--A-----A--G-----CT--C--ACT-------------   1897
HIVJRCSF    TT----------------T---AGC--A--A-----A--A-----CT--C--ACA-------------   1900
HIVJRFL     CT----------------T---AAT--A--A-----A--A-----CT--C--ACT-------------   1888
HIVOYI      TT----------------T---GAC--A--A-----G--A-----CT--C--ACT-------------   1888
HIVSF2      TT----------------T---GAC--A--A-----A--A-----CT--A--GCT-------------   1888
HIVNY5CG    TT----------------A---GAC--A--T-----A--A-----CC--T--ACG-------------   1888
HIVNL43     TT----------------A---GAC--A--A-----A--A-----CC--C--ACG-------------   1888
HIVCAM1     TT----------------G---GAC--A--A-----A--A-----TC--C--ACG-------------   1888
HIVHAN      TT----------------T---GAC--G--A-----A--A-----CT--C--AAT-------------   1885
HIVD31      TT----------------T---GAC--A--A-----A--A-----CT--C--ACT-------------   1888
HIVRF       TT----------------T---GAC--A--A-----A--A-----CT--C--ACT-------------   1885
HIVYU2      TT----------------T---AAC-AG--A-----A--G-----CT--C--ACT-------------   1888
CONSENSUS.D TTAGGAAAaGCAGGATATGTTACTGACAGAGGAAGACAGAAAGTTGTCCCTTT?ACTGAcACgACAAATC   1884
HIVELI      --------A-------------------------------------------G-----C--G-------   1885
HIVZ2Z6     --------G-------------------------------------------T-----T--A-------   1885
HIVNDK      --------A-------------------------------------------C-----C--G-------   1885
CONSENSUS.O ?t?GGaAAgGCaGGaTATGTtACaGAcaaAGGaAaAca?AagaTaataaactTAgaagAgACcACcAATC   1769
HIVANT70    CTA--A--G--A--A-----T--A--ACA---G-A-CAG-AGA-AATAAAAT--GATG-G--C--C----   1876
HIVMVP5180  CTA--A--G--G--A-----T--A--ACA---A-A-CAG-ACA-AATAAAGT--GAAG-G--A--C----   1876
CPZGAB      ACT--G--A--A--A-----A--A--CAA---G-A-CAA-AAA-CATTAGCT--GAAA-T--C--T----   1882
HIVMAL      AAG--A--A--A--A-----T--T--CAG---A-G-CAA-AGG-TGTCTCCT--ACTG-A--A--A----   1885

CONSENSUS.A AAAAGACTGAATTACATGCAATCCATCTAGCCTTGCAGGATTCAGGATCAGAAGTAAATATAGTAACAGA   1955
HIVU455     ------------------------------------------------------------------   1955
                                    - - - CRS - - -
CONSENSUS.B AGAAgACTGAgTTACAAGCAATTcAtCTAGCTtTGCAgGATTCgGGatTaGAAGTAAAcATAGTaaCAGA   1957
HIVLAI      ----G-----G------------C-T------T----G-----G--AT-A--------T-----AA----   1994
HIVHXB2R    ----G-----G------------T-T------T----G-----G--AT-A--------C-----AA----   1958
HIVMN       ----G-----G------------C-T------T----A-----A--GT-A--------C-----AA----   1967
HIVJRCSF    ----A-----G------------C-C------T----G-----A--AT-A--------C-----AA----   1970
HIVJRFL     ----A-----G------------C-T-----GT----G-----G--AT-A--------C-----AA----   1958
HIVOYI      ----G-----A------------C-T------C----G-----G--AT-A--------C-----AA----   1958
HIVSF2      ----G-----A------------C-T------T----G-----G--AT-A--------C-----AA----   1958
HIVNY5CG    ----G-----A------------C-T------T----G-----G--AT-A--------C-----GA----   1958
HIVNL43     ----G-----G------------C-T------T----G-----G--AT-A--------C-----GA----   1958
HIVCAM1     ----G-----A------------T-T------T----G-----G--AT-G--------C-----AA----   1958
HIVHAN      ----G-----G------------C-T------T----G-----G--AC-A--------C-----AA----   1955
HIVD31      ----G-----G------------C-T------C----G-----G--AT-A--------C-----AT----   1958
HIVRF       ----G-----G------------C-T------T----G-----G--AT-A--------C-----AA----   1955
HIVYU2      ----G-----G------------T-T------T----G-----G--AT-A--------C-----AA----   1958
CONSENSUS.D AGAAGACTGAGTTACAAGCAATTAATcTAGCtTTgCAGGATTCGGGATTAGAAGTAAACATAGTAACAGA   1954
HIVELI      -------------------------C----C--G-----------------------------------   1955
HIVZ2Z6     -------------------------T----T--G-----------------------------------   1955
HIVNDK      -------------------------C----T--A-----------------------------------   1955
CONSENSUS.O AaaAagCtGAATTAaayGC?aT?ct??TaGCctTacAGGATTCaaaagaacaaGTaAAcATAGTaACaGA   1835
HIVANT70    -AA-AG-T------ATG--GA-ATTAC-A--CT-AC-------CAAAGAAACA--A--T-----A--A--   1946
HIVMVP5180  -AA-GG-T------ATG--TG-ATTAA-A--CT-GC-------CAAGGAGCAA--A--C-----A--A--   1946
CPZGAB      -GC-AG-A------AAG--TT-GCTTC-G--CT-GC-------AGATCAACAG--T--C-----G--T--   1952
HIVMAL      -GA-GA-T------CAA--AA-CCACT-A--TT-AC-------AGGATCAGAA--A--C-----A--A--   1955
```

```
CONSENSUS.A CTCACAGTATGCATTAGGGATCATTCAGGCACAACCAGACAGGAGTGAATCAGAAATAGTCAATCAAATA 2025
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------ 2025
                              CRS ->/
CONSENSUS.B CTCACAATATGCAtTaGGAATCATTCAAGCACAACCAGATAAaAGTGAATCAGAGTTAGTCAgTCAaATA 2027
HIVLAI      ----------T-A-------------------------A-------------------A---A--- 2064
HIVHXB2R    ----------T-A-----------------------C-A-------------------A---A--- 2028
HIVMN       ----------T-A-------------------------A-------------------G---A--- 2037
HIVJRCSF    ----------T-A-------------------------A-------------------G---A--- 2040
HIVJRFL     ----------T-A-------------------------A-------------------G---A--- 2028
HIVOYI      ----------T-A-------------------------A-------------------G---A--- 2028
HIVSF2      ----------T-A-------------------------G-------------------G---A--- 2028
HIVNY5CG    ----------T-G-------------------------G-------------------G---A--- 2028
HIVNL43     ----------T-G-------------------------G-------------------G---A--- 2028
HIVCAM1     ----------T-A-------------------------G-------------------G---A--- 2028
HIVHAN      ----------T-A-------------------------A-------------------G---A--- 2025
HIVD31      ----------A-A-------------------------G-------------------G---A--- 2028
HIVRF       ----------T-G-------------------------A-------------------G---G--- 2025
HIVYU2      ----------T-A-----------------------GA-------------------G---A--- 2028
CONSENSUS.D TTCACAATATGCAtTAGGAATCATTCAAGCACAACCAGATAAGAGTGAATCAGAGTTAGTCAgTCAAATA 2024
HIVELI      ----------T-------------------------------------------------A------- 2025
HIVZ2Z6     ----------T-------------------------------------------------G------- 2025
HIVNDK      ----------C-------------------------------------------------G------- 2025
CONSENSUS.O cTCACAaTATGcaTTgGG?aTcaT?ca?tc?caaCCagatcA?AGTGAaTCacc?aTaGTt?A?cAaATA 1897
HIVANT70    T-----A----CA--G--CG-CA-CTCCTCCCAA--TACAC-G-----A--CCCTA-A--TC-GC-A--- 2016
HIVMVP5180  C-----A----TA--G--CA-CA-ATCCTCCCAA--AACAC-G-----C--CCCTA-A--TC-GC-G--- 2016
CPZGAB      C-----A----TG--A--GA-TA-TCAGTCACAG--AGATC-C-----A--AGAAT-A--CA-TC-G--- 2022
HIVMAL      C-----G----CA--A--GA-TA-TCAAGCACAA--AGATA-A-----A--AGAGA-T--TA-TC-A--- 2025

CONSENSUS.A ATAGAGAAGCTAATAGAAAAGGAAAAAGTCTACCTGTCATGGGTACCAGCGCACAAAGGGATTGGAGGAA 2095
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------ 2095
CONSENSUS.B ATAGAgcAGtTAATAAAAAAGGAAAAgGTCTAcCTGgCATGGGTACCAGCACAcAAAGGaATTGGAGGAA 2097
HIVLAI      -----GC--T----------------G-----T---G----------------C-----A---------- 2134
HIVHXB2R    -----GC--T----------------G-----T---G----------------C-----A---------- 2098
HIVMN       -----GC--T----------------G-----T---G----------------C-----A---------- 2107
HIVJRCSF    -----AC--C----------------A-----C---G----------------C-----A---------- 2110
HIVJRFL     -----GC--T----------------A-----C---G----------------C-----A---------- 2098
HIVOYI      -----GC--T----------------G-----C---G----------------C-----A---------- 2098
HIVSF2      -----GC--T----------------G-----C---G----------------C-----A---------- 2098
HIVNY5CG    -----GC--T----------------A-----C---G----------------T-----A---------- 2098
HIVNL43     -----GC--T----------------A-----C---G----------------C-----A---------- 2098
HIVCAM1     -----GG--T----------------G-----C---G----------------C-----A---------- 2098
HIVHAN      -----GC--T----------------G-----C---G----------------C-----A---------- 2095
HIVD31      -----GC--T----------------G-----C---A----------------C-----A---------- 2098
HIVRF       -----GC--T----------------G-----C---G----------------C-----G---------- 2095
HIVYU2      -----GC--T----------------G-----T---G----------------C-----A---------- 2098
CONSENSUS.D ATAGAGCAGtTAATAAAAAAGGAAAAGGTTTACCTGGCATGGGTACCAGCACAcAAAGGAATTGGAGGAA 2094
HIVELI      ---------T-------------------------------------------C---------------- 2095
HIVZ2Z6     ---------T-------------------------------------------T---------------- 2095
HIVNDK      ---------C-------------------------------------------C---------------- 2095
CONSENSUS.O ATagAggAatTAAtaaAaAagGAacaggT?TAcCT?tCaTGGGTaCCaGCaCAcAAAGGcATaGGAGGAA 1965
HIVANT70    --AG-GG-AC---CAA-A-AG--ACAGG-G--T--TA-A-----T--T--C--T-----C--A------- 2086
HIVMVP5180  --AG-GG-AC---CAA-A-AG--ACGAG-G--T--TA-A-----T--T--T--C-----C--A------- 2086
CPZGAB      --AG-AG-GT---TTA-A-AA--AAAAA-C--C--CT-C-----A--A--A--C-----T--A------- 2092
HIVMAL      --AG-GC-AT---TAC-G-AG--CAAGG-C--C--GT-A-----A--A--A--C-----G--T------- 2095
```

HIV-1 POL

```
CONSENSUS.A ATGAGCAAGTAGATAAATTAGTCAGTTCTGGAATCAGGAAGGTGCTATTTTTAGATGGGATAGATAAGGC  2165
HIVU455     -------------------------------------------------------------------  2165
CONSENSUS.B ATGAACAaGTAGATaaaTTaGTCAGTgCTGGAATCAGgAAAGTaCTATTTTTagATGGAATAGATAAGGC  2167
HIVLAI      -------A------AAA--A------G----------G-----A--------AG---------------  2204
HIVHXB2R    -------A------AAA--A------G----------G-----A--------AG---------------  2168
HIVMN       -------A------AAA--A------G----------G-----A--------AG---------------  2177
HIVJRCSF    -------G------AAA--A------G----------G-----G--------AG---------------  2180
HIVJRFL     -------A------AAA--A------G----------G-----G--------AG---------------  2168
HIVOYI      -------A------AAA--A------G----------G-----A--------GG---------------  2168
HIVSF2      -------A------AAA--A------G----------G-----A--------GA---------------  2168
HIVNY5CG    -------A------AAA--A------G----------G-----A--------AG---------------  2168
HIVNL43     -------A------GGG--G------G----------G-----A--------AG---------------  2168
HIVCAM1     -------A------AAA--A------G----------G-----A--------AG---------------  2168
HIVHAN      -------A------AAA--A------G----------A-----A--------AG---------------  2165
HIVD31      -------A------AAA--A------G----------G-----A--------GG---------------  2168
HIVRF       -------A------AGA--A------A----------G-----A--------GG---------------  2165
HIVYU2      -------A------AAA--A------G----G-----G-----A--------AG---------------  2168
CONSENSUS.D ATGAACAAGTAGATAAATTAGTCAGTCAgGGAATCAGGAAAGTACTATTTTTGGATGGAATAGATAAgGC  2164
HIVELI      ----------------------------A-------------------------------------G--  2165
HIVZ2Z6     ----------------------------G-------------------------------------A--  2165
HIVNDK      ----------------------------G-------------------------------------G--  2165
CONSENSUS.O ATGAacAagTaGAtAAATTAGTcAGcaaaGg?ATcAGaaaaGTcCT?TTccTaGAaGGaATAGAtaagGC  2033
HIVANT70    ----AA-AA-A--T--------A--CAAG-AT--T--AAGA--C--G--CC-A--A--A-----CCAG--  2156
HIVMVP5180  ----AA-AA-A--T--------A--CAAA-AC--T--AAGA--C--G--CC-G--A--A-----TCAG--  2156
CPZGAB      ----GC-AG-G--T--------C--TGCA-GA--C--GAAA--G--A--CC-A--T--A-----CAGG--  2162
HIVMAL      ----AC-AG-A--T--------C--CAGT-GA--C--AAAG--A--A--TT-A--T--G-----TAAG--  2165

CONSENSUS.A TCAAGAGGACCATGAAAAATATCACTGCAACTGGAGAGCAATGGCTAGTGATTTTAATCTGCCACCTGTG  2235
HIVU455     -------------------------------------------------------------------  2235
CONSENSUS.B CCAAGAaGAaCATGAgAAATATCACAGTAAtTGGAGAGCAATGGCTAgTGAtTTTAACCTgCCACCTgTA  2237
HIVLAI      ------T--A-----G----------T----------G---T--------G------G--  2274
HIVHXB2R    ------T--A-----G----------T----------G---T--------G------G--  2238
HIVMN       ------A--C-----G----------T----------G---C--------A------A--  2247
HIVJRCSF    ------A--T-----A----------T----------G---T--------G------A--  2250
HIVJRFL     ------A--T-----G----------T----A-----G---T--------G------G--  2238
HIVOYI      ------G--A-----G----------C----------G---T--------G------G--  2238
HIVSF2      ------A--A-----G----------T----------G---T--------G------G--  2238
HIVNY5CG    ------A--A-----G----------T----------G---T--------A------G--  2238
HIVNL43     ------A--A-----G----------T----------G---T--------A------G--  2238
HIVCAM1     ------A--A-----G----------T----------G---T--------G------G--  2238
HIVHAN      ------A--C-----G----------T----------A---T--------G------G--  2235
HIVD31      ------T--G-----G----------T----------G---T--------G------G--  2238
HIVRF       ------T--A-----G----------T----------G---T--------G------G--  2235
HIVYU2      ------A--A-----G----------T----------G---T--------G------G--  2238
CONSENSUS.D TCAaGAAGAACATGAGAAATATCACAACAATTGGAGAGCAATGGCTAGTGATTTTAACCTACCACCtGTG  2234
HIVELI      ---A-------------------------------------------------------C---  2235
HIVZ2Z6     ---A-------------------------------------------------------T---  2235
HIVNDK      ---G-------------------------------------------------------T---  2235
CONSENSUS.O ?CAAGAaGA?CATGAaAaaTATCAtAGtAATTGGAgAgCa?TaGCtagTGA?TttaatcTaCCaCC?aTa  2098
HIVANT70    A-----A--T-----A-AA-----T--T-------A-G-AC-A--TAG---A-TTGGAC-A--A--AG-G  2226
HIVMVP5180  A-----A--T-----A-AA-----T--T-------G-G-AT-A--TAG---C-TTGGAT-A--A--AA-A  2226
CPZGAB      C-----A--A-----A-GG-----T--T-------A-G-TA-G--TAG---T-TTAATT-A--A--CA-A  2232
HIVMAL      T-----A--A-----A-AA-----C--C-------G-G-AA-G--TAG---C-TTAATC-A--A--TA-A  2235
```

```
CONSENSUS.A GTAGCGAAGGAAATAGTAGCCAGCTGTAATAAATGTCAACTAAAAGGGGAAGCCATGCATGGACAAGTAG  2305
HIVU455     ---------------------------------------------------------------------  2305
CONSENSUS.B GTAGCAAAAGAAATAGTAGCCAGcTGTGATAAATGtCAGCTAAAAGGaGAAGCCATGCATGGACAAGTAG  2307
HIVLAI      ----------------------C----------T----------A----------------------  2344
HIVHXB2R    ----------------------C----------T----------A----------------------  2308
HIVMN       ----------------------C----------T----------A----------------------  2317
HIVJRCSF    ----------------------C----------T----------A----------------------  2320
HIVJRFL     ----------------------C----------T----------A----------------------  2308
HIVOYI      ----------------------C----------C----------A----------------------  2308
HIVSF2      ----------------------C----------T----------A----------------------  2308
HIVNY5CG    ----------------------C----------T----------A----------------------  2308
HIVNL43     ----------------------C----------T----------G----------------------  2308
HIVCAM1     ----------------------C----------T----------A----------------------  2308
HIVHAN      ----------------------C----------T----------A----------------------  2305
HIVD31      ----------------------T----------T----------A----------------------  2308
HIVRF       ----------------------C----------T----------A----------------------  2305
HIVYU2      ----------------------C----------T----------A----------G-----------  2308
CONSENSUS.D GTAGCaAAAGAAATAGTAGCTAGCTGTGATAAATGTCAGCTAAAAGGAGAAGCCATGCATGGACAAGTAG  2304
HIVELI      -----A---------------------------------------------------------------  2305
HIVZ2Z6     -----A---------------------------------------------------------------  2305
HIVNDK      -----G---------------------------------------------------------------  2305
CONSENSUS.O GTaGC?AAgGAAAT?aT?GC?ag?TGTgaTAAaTGtCA??TAAAaGGgGAAGCcAtgCATGG?CAaGTAG  2160
HIVANT70    --G--C--G-----CA-T--TAGC---CC---A--T--TA----A--G-----A-TT-----T--G----  2296
HIVMVP5180  --A--C--G-----CA-T--TAGT---CC---A--C--TA----A--G-----A-CG-----T--A----  2296
CPZGAB      --A--A--A-----AG-G--CCAT---GA---G--C--GG----A--A-----C-TG-----G--G----  2302
HIVMAL      --A--G--G-----AG-A--CAGC---GA---A--T--AC----A--G-----C-TG-----A--A----  2305

CONSENSUS.A ACTGTAGTCCAGGGATATGGCAATTAGATTGCACACATCTAGAAGGAAAAGTAATCCTAGTAGCAGTCCA  2375
HIVU455     ---------------------------------------------------------------------  2375
CONSENSUS.B AcTGTAGtCCaGGAATATGGCAaCTAGATTGTACACATtTaGAAGGAAAAgTTATCcTGGTAGCAGTtCA  2377
HIVLAI      -C-----T--A----------A---------------T-A---------G-----C----------T--  2414
HIVHXB2R    -C-----T--A----------A---------------T-A---------G-----C----------T--  2378
HIVMN       -C-----T--A----------A---------------T-A---------G-----C----------T--  2387
HIVJRCSF    -C-----T--A----------A---------------T-A---------A-----C----------T--  2390
HIVJRFL     -T-----T--A----------A---------------T-A---------A-----C----------T--  2378
HIVOYI      -C-----T--A----------A---------------T-A---------A-----C----------T--  2378
HIVSF2      -C-----T--A----------A---------------C-A---------A-----C----------T--  2378
HIVNY5CG    -C-----C--C----------G---------------T-A---------G-----T----------T--  2378
HIVNL43     -C-----C--A----------G---------------T-A---------G-----T----------T--  2378
HIVCAM1     -C-----T--A----------G---------------T-A---------G-----C----------G--  2378
HIVHAN      -C-----T--A----------A---------------T-A---------A-----C----------T--  2375
HIVD31      -C-----T--A----------A---------------T-G---------G-----C----------T--  2378
HIVRF       -T-----T--A----------A---------------C-A---------A-----C----------T--  2375
HIVYU2      -C-----T--A----------A---------------T-A---------G-----C----------T--  2378
CONSENSUS.D ACTGTAGTCCAGGAATATGGCAATTAGATTGTACACAttTaGAAGGAAAAGTTATCCTGGTAGCAGTTCA  2374
HIVELI      ------------------------------------CT-A-----------------------------  2375
HIVZ2Z6     ------------------------------------TT-A-----------------------------  2375
HIVNDK      ------------------------------------TC-G-----------------------------  2375
CONSENSUS.O ACTgcAGtCCAGgaTaTGGCAA?TaGATTGcACaCAt?TaGAAGGcAAAaT?ATcATAGT?GCaGTcCA  2226
HIVANT70    ---GC--T----AAG-A------A-A-----C--A--TA-G-----C---A-C--A-----T--T--C--  2366
HIVMVP5180  ---AC--C----AGA-A------A-G-----T--A--TT-A-----C---A-C--A-----T--T--C--  2366
CPZGAB      ---GT--C----GGA-T------G-A-----T--C--CC-A-----C---G-G--C-----G--A--T--  2372
HIVMAL      ---GT--T----GGA-A------T-A-----C--A--TC-A-----A---A-A--C-----A--A--C--  2375
```

```
CONSENSUS.A TGTAGCCAGTGGCTACATAGAAGCAGAAGTTATCCCAGCAGAAACAGGACAGGAGACAGCATACTTTATA   2445
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------   2445
CONSENSUS.B TGTaGCcAGTGGaTAtATAGAAGCAGAAGTtATTCCAGcAGAgACAGGgCAgGAaACAGCATAcTTtcTc   2447
HIVLAI      ---A--C-----A--T-------------T-------C---A-----G--G--A--------C--TC-T   2484
HIVHXB2R    ---A--C-----A--T-------------T-------C---A-----G--G--A--------T--TC-T   2448
HIVMN       ---A--C-----A--C-------------T-------C---G-----G--G--G--------C--TC-C   2457
HIVJRCSF    ---A--C-----A--T-------------T-------C---A-----G--G--A--------C--TC-C   2460
HIVJRFL     ---A--C-----A--T-------------T-------C---A-----G--G--A--------C--TC-C   2448
HIVOYI      ---A--C-----A--T-------------T-------C---G-----G--G--A--------C--TA-C   2448
HIVSF2      ---A--C-----A--T-------------T-------C---G-----G--G--A--------T--TC-C   2448
HIVNY5CG    ---G--C-----A--T-------------A-------C---G-----G--A--A--------C--CC-C   2448
HIVNL43     ---A--C-----A--T-------------A-------C---G-----G--A--A--------C--CC-C   2448
HIVCAM1     ---A--C-----A--T-------------T-------C---G-----G--A--A--------C--TC-C   2448
HIVHAN      ---A--T-----A--T-------------C-------T---G-----G--G--A--------T--TC-C   2445
HIVD31      ---A--C-----A--T-------------T-------C---G-----G--G--A--------C--TA-C   2448
HIVRF       ---A--C-----C--T-------------T-------C---A-----A--G--A--------C--TA-C   2445
HIVYU2      ---A--C-----A--T-------------T-------C---G-----G--G--A--------C--TC-C   2448
CONSENSUS.D TGTAGCCAGTGGCTATATAGAAGCAGAAGTTATTCCAGCAGAAACaGGGCAgGAAACAGCATAtTTTcTt   2444
HIVELI      ----------------------------------------------A-----G----------T---C-T   2445
HIVZ2Z6     ----------------------------------------------A-----G----------T---A-T   2445
HIVNDK      ----------------------------------------------G-----A----------C---C-C   2445
CONSENSUS.O tGTagC?AGTGgcTttATAGAAGCaGAaGT?AT?cCAGcaGAaACAGGacAagaaACaGC?TAcTTccTg   2292
HIVANT70    T--GG-A----GG-TC--------A--A--G--AC---CA--A-----AC-AGAA--T--C--C--CC-G   2436
HIVMVP5180  T--AG-A----AC-TT--------A--G--G--AC---CA--A-----AC-GGAA--T--C--T--CC-G   2436
CPZGAB      C--AG-C----GC-AT--------A--A--T--CC---CT--G-----AC-AGAA--A--T--T--CC-G   2442
HIVMAL      T--AG-C----GA-AT--------A--A--T--CC---CA--A-----AC-GGAG--A--A--C--TA-A   2445

CONSENSUS.A CTAAAATTAGCAGGAAGATGGCCAGTAAAAGTAATACACACAGACAATGGCAGCAATTTCACCAGCGCTG   2515
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------   2515
CONSENSUS.B TTAAAATTAGCAGGaAGATGGCCAGTAAaAacAaTACAtACAGACAATGGcagcAAtTTCAcCAGTACtA   2517
HIVLAI      --------------A-------------A-AC-A----T-----------CAGC--T----C------T-   2554
HIVHXB2R    --------------A-------------A-AC-A----T--T--------CAGC--T----C-G--G-T-   2518
HIVMN       --------------A-------------A-AC-A----T-----------CCCC--T----C------T-   2527
HIVJRCSF    --------------C-------------C-AC-A----T-----------CAGC--T----C------T-   2530
HIVJRFL     --------------A-------------A-AC-A----T-----------CAGC--T----C------T-   2518
HIVOYI      --------------A-------------A-AC-A----T-----------CAGC--T----C------T-   2518
HIVSF2      --------------A-------------A-AC-A----T-----------CAGC--T----C------T-   2518
HIVNY5CG    --------------A-------------A-AC-G----T-----------CAGC--T----C------T-   2518
HIVNL43     --------------A-------------A-AC-G----T-----------CAGC--T----C------T-   2518
HIVCAM1     --------------A-------------A-AC-A----C-----------TGGC--T----T------T-   2518
HIVHAN      --------------A-------------A-AC-G----T-----------CCCT--T----C------T-   2515
HIVD31      --------------A-------------A-AC-A----T-----------CAGC--C----C------A-   2518
HIVRF       --------------A-------------A-GT-A----T-----------CAGC--T----C------T-   2515
HIVYU2      --------------A-------------C-AC-A----T-----------CAGC--T----C----G-T-   2518
CONSENSUS.D TTAAAATTAGCAGGAAGATGGCCAGTAAAAgTAGTACATACAGAcAATGGCAGCAATTTCACCAGTGCTg   2514
HIVELI      ----------------------------G-------------C------------------------G   2515
HIVZ2Z6     -----------------------------A-------------C------------------------G   2515
HIVNDK      ----------------------------G-------------T------------------------A   2515
CONSENSUS.O tTAAAAtTaGCaggaAGATGGCCaGTaAAAgtaaTaCAcACaGAcAAtGG?cctAATTTtACaAGTgCag   2361
HIVANT70    T-----C-G--TGCA--------T--T---GTAA-A--T--A--C--C--GCCT-----T--A---A-AA   2506
HIVMVP5180  T-----T-A--AGCA--------T--C---GTAA-A--T--A--C--T--ACCT-----T--A---G-AG   2506
CPZGAB      T-----T-A--AGGT--------A--A---ACTA-T--C--A--T--T--GCCA-----T--A---G-TG   2512
HIVMAL      C-----T-A--AGGA--------A--A---GTAG-A--C--A--C--T--CAGC-----C--C---G-TG   2515
```

```
CONSENSUS.A CAGTTAAAGCAGTCTGTTGGTGGGCAAATATCCAACAGGAATTTGGGATCCCCTACAATCCCCAAAGTCA 2585
HIVU455     ------------------------------------------------------------------- 2585
CONSENSUS.B CgGTTAAgGCCGCCTGTTGGTGGgCaGGgaTCAAGCAGGAATTTGGcATTCCCTACAATCCCCAAAGTCA 2587
HIVLAI      -G-----G---------------G-G--AA----------------A---------------------- 2624
HIVHXB2R    -G----GG---------------G-G--AA----------------A---------------------- 2588
HIVMN       -G-----G---------------A-G--AA----------------C---------------------- 2597
HIVJRCSF    -A-----G---------------G-T--GA----------------C---------------------- 2600
HIVJRFL     -G-----G---------------G-T--GA----------------C---------------------- 2588
HIVOYI      -G-----G---------------G-A--GA----------------C---------------------- 2588
HIVSF2      -G-----G---------------G-A--GA----------------C---------------------- 2588
HIVNY5CG    -A-----A---------------G-G--GA----------------C---------------------- 2588
HIVNL43     -A-----G---------------G-G--GA----------------C---------------------- 2588
HIVCAM1     -A-----G---------------G-A--GA----------------C---------------------- 2588
HIVHAN      -G-----G---------------G-A--GA----------------C---------------------- 2585
HIVD31      -G-----G---------------G-A--GG----------------C---------------------- 2588
HIVRF       -A-----G---------------G-A--GA----------------C---------------------- 2585
HIVYU2      -A-----A---------------G-A--GA----------------C---------------------- 2588
CONSENSUS.D CAGTTAAGGCcGCCTGTTGGTGGGCAGGtATcAAACAGGAATTTGGAATTCCCTACAATCCCCAAAGTCA 2584
HIVELI      ----------C-----------------T--C------------------------------------- 2585
HIVZ2Z6     ----------T-----------------T--T------------------------------------- 2585
HIVNDK      ----------C---------------G--C------------------------------------- 2585
CONSENSUS.O CagT?AAaGCtGCaTGTTGGTGGgCaaacATccAaCAgGAaTTTGGaATaCCaTAtAAtCCaCAaAGTCA 2430
HIVANT70    -TA-G--G--T--A---------G-CAAC--AC-A--T--G-----A--A--A--T--T--A--A----- 2576
HIVMVP5180  -CA-G--A--T--A---------A-AGGC--AC-A--T--G-----G--A--A--T--T--A--A----- 2576
CPZGAB      -AG-C--G--T--C---------G-AGAC--CA-G--G--A-----A--A--C--T--T--A--G----- 2582
HIVMAL      -AG-T--A--A--C---------G-AAAT--CA-A--G--A-----A--T--C--C--C--C--A----- 2585

CONSENSUS.A AGGAGTAGTGGAATCCATGAACAAGGAATTAAAGAAAATCATAGGGCAGGTAAGAGAGCAAGCTGAACAC 2655
HIVU455     ------------------------------------------------------------------- 2655
CONSENSUS.B AGGaGTAgTAGAATCTATGAATAAagAaTTAAAGaAAATTATAGGaCAgGTAAGAGATCAgGCTGAACAt 2657
HIVLAI      ---A---G---------------AG-A------A----------C--G----------G--------T 2694
HIVHXB2R    ---A---G---------------AG-A------A----------A--G----------G--------T 2658
HIVMN       ---A---A---------------AG-A------A----------A--G----------G--------T 2667
HIVJRCSF    ---A---G---------------AG-A------A----------A--G----------G--------T 2670
HIVJRFL     ---A---G---------------AG-A------A----------A--G----------G--------T 2658
HIVOYI      ---A---G---------------TG-A------A----------A--A----------G--------T 2658
HIVSF2      ---A---G---------------TG-A------A----------A--G----------G--------C 2658
HIVNY5CG    ---A---A---------------AG-A------A----------A--G----------G--------T 2658
HIVNL43     ---A---A---------------AG-A------A----------A--G----------G--------T 2658
HIVCAM1     ---A---G---------------TG-A------A----------A--G----------A--------T 2658
HIVHAN      ---G---G---------------AG-G------A----------A--G----------G--------T 2655
HIVD31      ---A---G---------------AG-A------A----------A--G----------A--------T 2658
HIVRF       ---A---G---------------AC-A------C----------A--G----------G--------T 2655
HIVYU2      ---A---G---------------AG-A------A----------A--G----------G--------T 2658
CONSENSUS.D AGGAGTAGTAGAATCTATGAATAAAGAATTaAAGAAAATTATAGGACAGGTAAGAGATCAAGCTGAaCAT 2654
HIVELI      ------------------------------A-----------------------------------A--- 2655
HIVZ2Z6     ------------------------------G-----------------------------------G--- 2655
HIVNDK      ------------------------------A-----------------------------------A--- 2655
CONSENSUS.O AGGAGTaGTaGAAtCcaTgAATAAagAatTaAAg?aaATtATagggCAggT?AGgGAcCAAGCaGAaCA? 2497
HIVANT70    ------A--A---G-CA-G-----GG-AT-A--ATCA--T---CAG--GG-G--G--C-----A--A--C 2646
HIVMVP5180  ------A--A---G-CA-G-----AG-AT-A--ATCT--T---CAG--GG-G--G--C-----A--G--T 2646
CPZGAB      ------G--A---T-CT-A-----AG-GC-A--GAAA--A---GGA--GG-T--G--T-----A--A--T 2652
HIVMAL      ------A--G---T-TA-G-----GG-AT-A--GAAA--C---GGG--GG-A--A--G-----T--A--C 2655
```

```
CONSENSUS.A CTTAAGACAGCAGTACAAATGGCAGTATTCATTCACAATTTTAAAAGAAAAGGGGGGATTGGGGGATACA  2725
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------  2725
CONSENSUS.B CTTAAGAcAGCAGTACAAATGGCAGTATTcATCCACAATTTTAAAAGAAAAGGGGGGATTGGGGGgTACA  2727
HIVLAI      -------C--------------------C-----------------------------------G----  2764
HIVHXB2R    -------C--------------------C-----------------------------------G----  2728
HIVMN       -------G--------------------C-----------------------------------G----  2737
HIVJRCSF    -------C--------------------C-----------------------------------G----  2740
HIVJRFL     -------C--------------------C-----------------------------------G----  2728
HIVOYI      -------C--------------------T-----------------------------------G----  2728
HIVSF2      -------C--------------------C-----------------------------------A----  2728
HIVNY5CG    -------C--------------------C-----------------------------------G----  2728
HIVNL43     -------C--------------------C-----------------------------------G----  2728
HIVCAM1     -------C--------------------C-----------------------------------G----  2728
HIVHAN      -------C--------------------C-----------------------------------G----  2725
HIVD31      -------C--------------------C-----------------------------------G----  2728
HIVRF       -------C--------------------C-----------------------------------G----  2725
HIVYU2      -------C--------------------C-----------------------------------G----  2728
CONSENSUS.D CTTAAGACAGCaGTACAAATGGCAGTATTcATCCACAATTTTAAAAGAAaAgGGGGGATTGGGGGATACA  2724
HIVELI      -----------A----------------C------------------G-A-----------------  2725
HIVZ2Z6     -----------T----------------C------------------A-G-----------------  2725
HIVNDK      -----------A----------------T------------------A-G-----------------  2725
CONSENSUS.O tTaAaaACAGCAGTAcaAATGGCAGTgttcaTTCACAATTTTAAAAGAAAAGGGGGGATTGGGGGGTACA  2567
HIVANT70    T-A-GA---------CA---------ATTTG---------------------------------------  2716
HIVMVP5180  T-A-AA---------CA---------CTTTG---------------------------------------  2716
CPZGAB      T-A-AA---------CA---------GTTCA---------------------------------------  2722
HIVMAL      C-T-AG---------CA---------GTTCA---------------------------------------  2725

CONSENSUS.A GTGCAGGGGAAAGAATAATAGACATAATAGCAACAGACATACAAACTAAAGAATTACAAAAACAAATTTC  2795
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------  2795
CONSENSUS.B GTGCAGGGGAAAGAATAgTAGacATAATAGCaACAGAcATACAAAcTAAAGAAtTACAAAAaCAAATTAC  2797
HIVLAI      ----------------G---AC--------A-----C-------C-------T-------A--------  2834
HIVHXB2R    ----------------G---AC--------A-----C-------C-------T-------A--------  2798
HIVMN       ----------------G---GC--------A-----C-------C-------C-------A--------  2807
HIVJRCSF    ----------------A---AC--------A-----C-------C-------T-------A--------  2810
HIVJRFL     ----------------G---AC--------A-----C-------C-------T-------A--------  2798
HIVOYI      ----------------G---AT--------T-----C-------C-------C-------A--------  2798
HIVSF2      ----------------G---AC--------A-----C-------C-------C-------G--------  2798
HIVNY5CG    ----------------G---AC--------A-----C-------T-------T-------A--------  2798
HIVNL43     ----------------G---AC--------A-----C-------C-------T-------A--------  2798
HIVCAM1     ----------------A---AC--------A-----T-------C-------T-------A--------  2798
HIVHAN      ----------------G---AC--------A-----C-------C-------T-------A--------  2795
HIVD31      ----------------G---AC--------A-----C-------C-------T-------A--------  2798
HIVRF       ----------------G---AC--------A-----C-------C-------C-------A--------  2795
HIVYU2      ----------------G---AC--------A-----C-------C-------C----G--A--------  2798
CONSENSUS.D GTGCAGGGGAaAGAATAATAGACATAATAGCAACAGACATACAAACTAaAGAATTACAAAAACAAATcAt  2794
HIVELI      ----------A-----------------------------------A-----------------T-T  2795
HIVZ2Z6     --------- -G-----------------------------------A-----------------C-C  2795
HIVNDK      ----------A-----------------------------------G-----------------C-T  2795
CONSENSUS.O ctgCaGGggAaAGaaTAaTAGACATa?TAGCAaCAgAcATACAaACaAcagAAtTACAAAAaCAAATTtt  2636
HIVANT70    CTG-A--AG-A--GA--A-------AT-----T--C-A-----A--A-CAG--T-------A------TT  2786
HIVMVP5180  CTG-A--GG-G--AC--A-------AC-----T--C-A-----A--A-CAG--C-------A------TT  2786
CPZGAB      CTG-A--GG-A--AA--A-------AA-----A--G-C-----A--A-GCG--T-------A------TT  2792
HIVMAL      GTG-A--GG-A--AA--A-------GA-----A--G-C-----A--T-AAG--T-------A------AC  2795
```

```
                                                \/ 3' sj
CONSENSUS.A AAAAATTCAAAATTTTCGGGTTTATTACAGGGACAGCAGAGACCCCATTTGGAAAGGACCAGCAAAACTA  2865
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------  2865
CONSENSUS.B AAAaATTCAAAATTTTCGGGTTTATTACAGGGACAgCAgAGAtCCacTTTGGAAAGGACcaGCAAAGCTt  2867
HIVLAI      ---A-----------------------------G--G---T--AC------------CA--------C  2904
HIVHXB2R    ---A-----------------------------G--G-A-T--AC------------CA--------C  2868
HIVMN       ---A-----------------------------G--G---T--AC------------CA--------T  2877
HIVJRCSF    ---A-----------------------------A--G---T--AA------------CA--------T  2880
HIVJRFL     ---A-----------------------------G--G---G--AC------------CA--------T  2868
HIVOYI      ---A-----------------------------G--G---A--AC------------CA--------T  2868
HIVSF2      ---A-----------------------------A--A---T--CC------------CA--------T  2868
HIVNY5CG    ---A-----------------------------G--G---T--AG------------CA--------C  2868
HIVNL43     ---A-----------------------------G--G---T--AG------------CA--------C  2868
HIVCAM1     ---G-----------------------------G--G---T--AC------------CA--------T  2868
HIVHAN      ---A-----------------------------G--G---A--AT------------CA--------T  2865
HIVD31      ---A-----------------------------G--G---T--AC------------CA--------C  2868
HIVRF       ---A-----------------------------G--G---T--AC------------AC--------T  2865
HIVYU2      ---A-----------------------------G--G---T--AC------------CA--------C  2868
CONSENSUS.D AAAAATTCAAAATTTTCGGGTTTATTACAGgGACAGCAGAGATCCAATTTGGAAAGGACCAGCAAAGCTc  2864
HIVELI      -----------------------------A-----------------------------------C  2865
HIVZ2Z6     -----------------------------G-----------------------------------C  2865
HIVNDK      -----------------------------G-----------------------------------T  2865
CONSENSUS.O AAAAaTtcAaaAaTTTCGGGTttATTACAGaGAcAgCAGAGACCCtaTtTGGAAAGGACCgGCAcaacT?  2705
HIVANT70    ----N-TC-CA-A--------CT-------A--C-G---------TA-C-----------G---CAGC-C  2856
HIVMVP5180  ----A-CA-CA-T--------CT-------A--T-G---------TA-T-----------G---CAAC-C  2856
CPZGAB      ----G-TC-AA-A--------TT-------A--C-G---------AA-T-----------G---ACCT-A  2862
HIVMAL      ----A-TC-AA-T--------TT-------G--C-A---------AA-T-----------A---AAAC-A  2865

                5' sj\/
CONSENSUS.A CTCTGGAAAGGTGAAGGGGCAGTAGTAATACAAGACAATAGTGATATAAAGGTAGTACCAAGAAGAAAAG  2935
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------  2935
CONSENSUS.B CTcTGGAAAGGTGAAGGGGCAGTAGTAATACAAGATAATAgTGAcATAAAAGTAGTGCCAAGAAGaAAAG  2937
HIVLAI      --C-----------------------------------G---C--------------------A-----  2974
HIVHXB2R    --C-----------------------------------G---C--------------------A-----  2938
HIVMN       --C-----------------------------------A---C--------------------A-----  2947
HIVJRCSF    --C-----------------------------------G---C--------------------A-----  2950
HIVJRFL     --C-----------------------------------G---T--------------------A-----  2938
HIVOYI      --T-----------------------------------G---C--------------------G-----  2938
HIVSF2      --C-----------------------------------G---C--------------------A-----  2938
HIVNY5CG    --C-----------------------------------G---C--------------------A-----  2938
HIVNL43     --C-----------------------------------G---C--------------------A-----  2938
HIVCAM1     --C-----------------------------------G---C--------------------A-----  2938
HIVHAN      --C-----------------------------------G---C--------------------A-----  2935
HIVD31      --C-----------------------------------G---A--------------------A-----  2938
HIVRF       --C-----------------------------------G---C--------------------A-----  2935
HIVYU2      --C-----------------------------------G---C--------------------A-----  2938
CONSENSUS.D CTCTGGAAAGGTGAAGGGGCAGTAGTAATACAAGACAAtAGTGACATAAAGGTAGTACCAAGAAGAAAAG  2934
HIVELI      ------------------------------------G-------------------------------  2935
HIVZ2Z6     -----------------------------------T--------------------------------  2935
HIVNDK      -----------------------------------T--------------------------------  2935
CONSENSUS.O CTgTGGAAAGGTGAaGGgGCAGTAGT?ATaCA?GAtaAagGaGAcaT?AAgGTaGTACCAAGAAG?AA?G  2770
HIVANT70    --G-----------G--A--------C--A--A--TA-GG-A--CA-T--G--A-----------G--G-  2926
HIVMVP5180  --G-----------G--G--------C--A--A--TA-AG-A--CA-T--A--G-----------A--G-  2926
CPZGAB      --G-----------A--G--------G--C--G--TC-AG-G--AC-A--G--A-----------G--A-  2932
HIVMAL      --C-----------A--G--------A--A--G--CA-TA-T--TA-A--G--A-----------A--A-  2935
```

HIV-1 POL

```
                    vif cds ->
CONSENSUS.A CAAAGATCATTAGGGATTATGGAAAACAGATGGCAGGTGATGATTGTATGGCAGGTAGACAGGATGAAGA   3005
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------   3005
CONSENSUS.B cAAAgaTCATtAGGGATTATGGAAAACAGAtGGcagGTGATGATTGTGTGGCAaGtAGACAGGATGAGGA   3007
HIVLAI      C---GA----T--------------------T--CAG----------------A-T--------------   3044
HIVHXB2R    C---GA----T--------------------T--CAG----------------A-T--------------   3008
HIVMN       C---GG----T--------------------C--CAG----------------A-C--------------   3017
HIVJRCSF    T---AA----T--------------------T--CAG----------------A-T--------------   3020
HIVJRFL     T---GA----T--------------------T--CAG----------------A-T--------------   3008
HIVOYI      C---GA----T--------------------T--CAG----------------A-T--------------   3008
HIVSF2      C---AA----T--------------------T--CAG----------------A-T--------------   3008
HIVNY5CG    C---GA----C--------------------T--CAG----------------A-T--------------   3008
HIVNL43     C---GA----C--------------------T--CAG----------------A-T--------------   3008
HIVCAM1     C --GA----T--------------------T--CAG----------------A-T--------------   3008
HIVHAN      C---GA----T--------------------T--GCA----------------A-T--------------   3005
HIVD31      C---GA----T--------------------T--CAG----------------G-T--------------   3008
HIVRF       C---GA----T--------------------T--CAG----------------A-T--------------   3005
HIVYU2      C---GA----T--------------------T--CAG----------------G-T--------------   3008
CONSENSUS.D TAAAGATtATtAGGGATTATGGAAAACAGATGGCAGGTGATGATTGTGTGGCAAGTAGACAGGATGAGGA   3004
HIVELI      -------T--T------------------------------------------------------------   3005
HIVZ2Z6     -------T--C------------------------------------------------------------   3005
HIVNDK      -------C--T------------------------------------------------------------   3005
CONSENSUS.O CAAAaAT?AT?AGaGAtTATGGAAAACAGATGGCAGGT??TGAT?GT?TGGCAagT?GACAGa??GA???   2828
HIVANT70    ----A--A--C--A--G--------------------AC----A--A-----AG-G-----ACA--AAG   2996
HIVMVP5180  ----A--A--C--A--T--------------------AC----A--A-----AA-A-----ACA--AAG   2996
CPZGAB      ----G--C--T--A--T--------------------GA----T--G-----AG-A-----AAT--GGA   3002
HIVMAL      ----A--C--T--G--T--------------------GA----T--G-----GG-G-----GAT--GGA   3005

CONSENSUS.A T*                                                                      3006
HIVU455     --                                                                      3006
CONSENSUS.B T-                                                                      3008
HIVLAI      --                                                                      3045
HIVHXB2R    --                                                                      3009
HIVMN       --                                                                      3018
HIVJRCSF    --                                                                      3021
HIVJRFL     --                                                                      3009
HIVOYI      --                                                                      3009
HIVSF2      --                                                                      3009
HIVNY5CG    --                                                                      3009
HIVNL43     --                                                                      3009
HIVCAM1     --                                                                      3009
HIVHAN      --                                                                      3006
HIVD31      --                                                                      3009
HIVRF       --                                                                      3006
HIVYU2      --                                                                      3009
CONSENSUS.D T*                                                                      3005
HIVELI      --                                                                      3006
HIVZ2Z6     --                                                                      3006
HIVNDK      --                                                                      3006
CONSENSUS.O T?AAAGC?TGGAACAGCCT?GTGAAATACCA?AA*                                     2858
HIVANT70    -G-----G-----------A-----------*                                        3027
HIVMVP5180  -G-----A-----------G-----------T--                                      3030
CPZGAB      --                                                                      3003
HIVMAL      --                                                                      3006
```

HIV-1 VIF

Sequences representing gag and env subtypes C and E are not currently available for vif cds. The unpublished sequence CPZ-ant contributes to the Consensus.O (Vanden Haesevelde and Saman, Innogenetics, Belgium.) The MAL sequence could not be easily assigned to any of the three vif sequence subtypes A, B, and D. The highly divergent Cameroonian isolate sequences ANT70 and MVP5180 have been assigned to subtype O; these were kindly provided prior to publication by Drs. Eric Saman and Marleen vanden Haesevelde, of Innogenetics, Belgium, and by Dr. Lutz Gurtler and colleagues, of the Max v. Pettenkofer Institute, Munich.

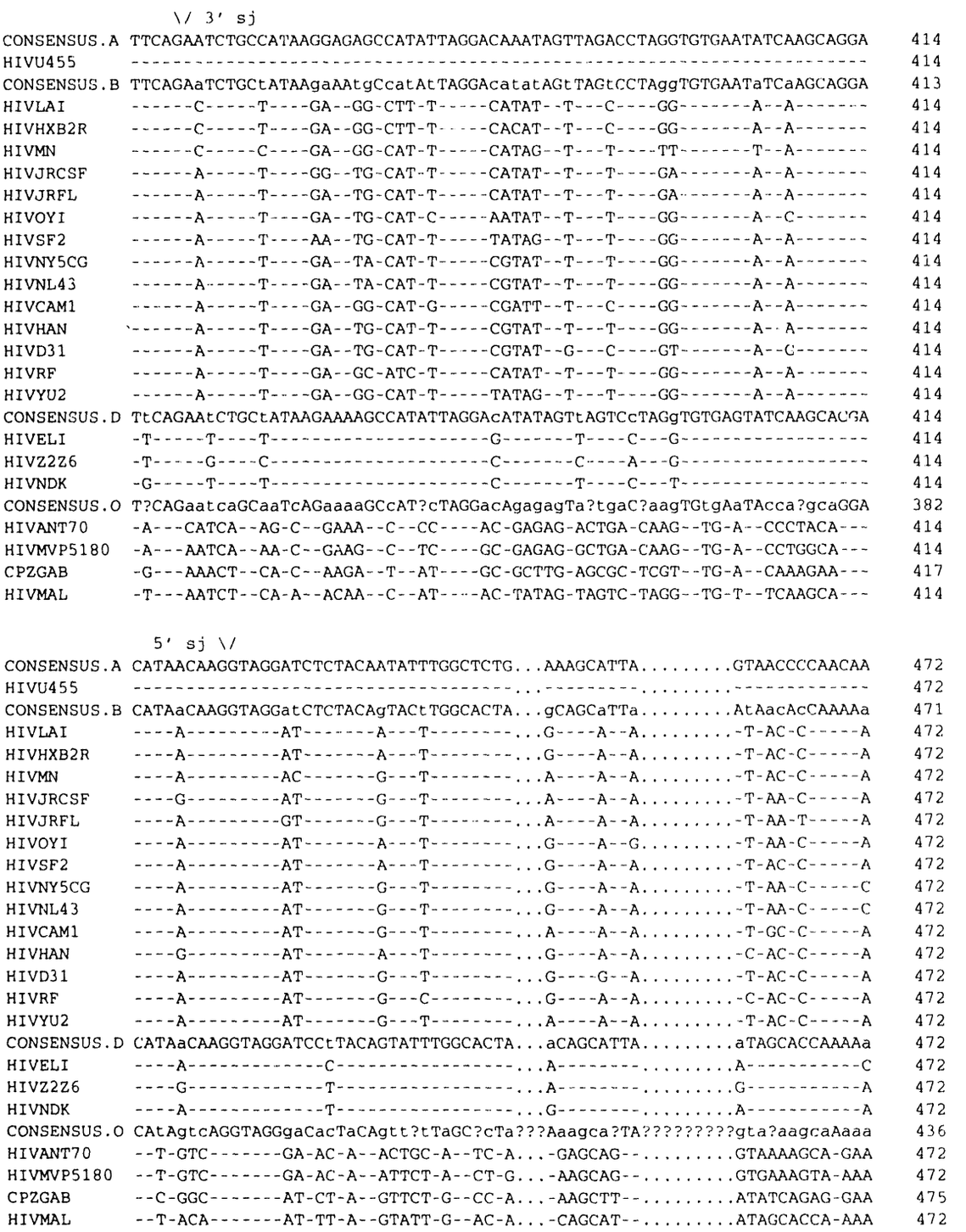
```
                                                                    <- pol cds
CONSENSUS.A ATGGAAAACAGATGGCAGGTGATGATTGTATGGCAGGTAGACAGGATGAAGATTAGAACATGGAACAGTT  70
HIVU455     ------------------------------------------------------------------  70
CONSENSUS.B ATGGAAAACAGAtGGcagGTGATGaTTGTGTGGCAaGtAGACAGGATGAGGATTAgaaCATGGAAaAGtt  70
HIVLAI      ----------T--CAG------A----------A-T----------------GAA-------A--TT  70
HIVHXB2R    ----------T--CAG------A----------A-T----------------GAA-------A--TT  70
HIVMN       ----------C--CAG------A----------A-C----------------GAA-------A--TT  70
HIVJRCSF    ----------T--CAG------A----------A-T----------------GAA-------C--TT  70
HIVJRFL     ----------T--CAG------A----------A-T----------------GAA-------A--TT  70
HIVNH52     ----------T--CAG------G----------A-T----------------GAG-------A--TT  70
HIVOYI      ----------T--CAG------A----------A-T----------------GAA-------A--TT  70
HIVSF2      ----------T--CAG------A----------A-T----------------GAA-------A--TT  70
HIVNY5CG    ----------T--CAG------A----------A-T----------------ACA-------A--AT  70
HIVNL43     ----------T--CAG------A----------A-T----------------ACA-------A--AT  70
HIVCAM1     ----------T--CAG------A----------A-T----------------GAA-------A--TC  70
HIVHAN      ----------T--GCA------A----------A-T----------------GAA-------C--TT  70
HIVD31      ----------T--CAG------A----------G-T----------------GAA-------G--CT  70
HIVRF       ----------T--CAG------A----------A-T----------------GAA-------A--TT  70
HIVYU2      ----------T--CAG------A----------G-T----------------GAG-------A--TT  70
CONSENSUS.D ATGGAAAACAGATGGCAGGTGATGATTGTGTGGCAAGTAGACAGGATGAGGATTAaaACATGGAAAAGTT  70
HIVELI      ----------------------------------------------------AA----------  70
HIVZ2Z6     ----------------------------------------------------GA----------  70
HIVNDK      ----------------------------------------------------AC----------  70
CONSENSUS.O ATGgaaaacagatggcagGT?aTgattGTgTGGCAagTaGACAGaatGAggaTtAaaac?TGGaAcagct  68
HIVANT70    ---GAAAACAGATGGCAG--AC-GATA--A-----AG-G-----ACA--AAG-G-AAGCG---A-CAGCC  70
HIVMVP5180  ---GAAAACAGATGGCAG--AC-GATA--A-----AA-A-----ACA--AAG-G-AAGCA---A-CAGCC  70
CPZGAB      ---GAAAACAGATGGCAG--GA-GATT--G-----AG-A-----AAT--GGA-T-AGACT---A-TAGTT  70
HIVMAL      ---GAAAACAGATGGCAG--GA-GATT--G-----GG-G-----GAT--GGA-T-GAACA---C-CAGTT  70
```

HIV-1 VIF

```
CONSENSUS.A TAGTAAAACATCACATGTATGTCTCCAAGAAAGCTCAAGGTTGGTTTTATAGACATCACTATGAAAGTAG    140
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------  140
CONSENSUS.B TAGTaAAACACCATATgTATatTTCA?gGAAAGCTaagggatGGttTTATAgACAtCACTATGAAAGcaC    139
HIVLAI      ----A----------G---GT----GG-------AGGGGAT--TT-----G---T----------CC-    140
HIVHXB2R    ----A----------G---GT----GG-------AGGGGAT--TT-----G---T----------CC-    140
HIVMN       ----A----------G---AT----AA-------AAAGGAC--TT-----G---T----------CA-    140
HIVJRCSF    ----A----------G---AT----GG-------AAGGGAT--AT-----A---T----------CA-    140
HIVJRFL     ----A----------G---AC----GG-------AAGGGAT--AT-----G---T----------CA-    140
HIVNH52     ----A----------G---AT----CG-------AAGGGAT--TT-----G---T----------CA-    140
HIVOYI      ----A----------G---GT----AA-------AAGGGAT--TT-----G---T----------CA-    140
HIVSF2      ----A----------G---AT----AA-------AAAGGAT--TT-----G---T----------TA-    140
HIVNY5CG    ----A----------G---AT----AG-------AAGGACT--TT-----G---T----------TA-    140
HIVNL43     ----A----------G---AT----AG-------AAGGACT--TT-----G---T----------TA-    140
HIVCAM1     ----G----------G---AT----GG-------AAGAAAT--TC-----G---C----------CA-    140
HIVHAN      ----A----------A---TG----CG-------AAGAACT--GT-----G---T----------CA-    140
HIVD31      ----A----------G---GT----GG-------GAGAAAT--TT-----A---T----------CA-    140
HIVRF       ----A----------G---AT----AG-------AAGGGAT--TT-----G---T----------CA-    140
HIVYU2      ----A----------G---AT----GG-------AGGGGAT--TT-----G---T----------TC-    140
CONSENSUS.D TAGTAAAAcACCATATGTATGTTTCAAAGAAAGCTAaCAGATGGTTTTATAGACATCACTATGAcAGCCc    140
HIVELI      --------C----------.----------A----------A----C    140
HIVZ2Z6     --------C----------G----------C----C    140
HIVNDK      --------T----------A----------C----A    140
CONSENSUS.O TaGTgAAAtAcCAtAt?Ta?a?gtCtAaaaaggc?aaaaa?TGGt?tTAtAGaCATCAtTATGAa??cag    130
HIVANT70    -A--G---T-C--T-AG-ACAGGT-T-GAAAGACCGAGAAC---TGG--C--A-----T-----ATCCAG    140
HIVMVP5180  -G--G---T-C--T-AA-ACATGT-T-AGAAGGCCGCGAAC---CGT--T--G-----T-----ATCCAG    140
CPZGAB      -A--T---T-T--T-TT-ATAGGT-A-AAAAGGCAAGAGGT---TTT--C--A-----T-----TCACCC    140
HIVMAL      -A--A---C-T--T-TG-ATGTCT-A-AGAAAGCTAAAAAT---TTT--T--A-----C-----AAGCAG    140

CONSENSUS.A ACATTCAAGAGTAAGTTCAGAAGTACACATCCCACTAGGGGAA......GCTAGATTAGTAGTAAGAACA    204
HIVU455     ----------------------------------------.....--------------------    204
CONSENSUS.B TcATCCaAgAaTAAGTTCAGAaGTACAcATCCCaCtAGGGGAt......GctAgaTTgGTAaTAACAACA    203
HIVLAI      -C----A-G-A----------A-----C-----A-T------T.....-CT-GA--G---A--------    204
HIVHXB2R    -C----A-G-A----------A-----C-----A-T------T.....-CT-GA--G---A--------    204
HIVMN       -C----A-G-A----------A-----C-----A-T------T.....-CT-GA--G---A--------    204
HIVJRCSF    -A----A-G-G----------A-----A-----A-T------T.....-CT-GA--G---A--------    204
HIVJRFL     -C----A-G-A----------A-----C-----A-T------T.....-CT-GA--G---A--------    204
HIVNH52     -C----G-G-A----------A-----C-----A-T------T.....-CG-AA--G---A--------    204
HIVOYI      -C----A-G-A----------A-----C-----A-T------T.....-CT-CC--G---G--------    204
HIVSF2      -C----A-G-G----------A-----C-----C-T------T.....-CT-AA--G---A--------    204
HIVNY5CG    -A----A-A-A----------A-----C-----A-T------T.....-CT-AA--A---A--------    204
HIVNL43     -A----A-A-A----------A-----C-----A-T------T.....-CT-AA--A---A--------    204
HIVCAM1     -C----A-G-A----------A-----C-----A-T------G.....-CT-GA--A---G--------    204
HIVHAN      -A----A-G-G----------A-----C-----A-T------A.....-CT-AA--G---A--------    204
HIVD31      -A----A-G-A----------A-----C-----A-T------T.....-CT-GA--G---A--------    204
HIVRF       -C----A-G-A----------G-----C-----A-C------T.....-AA-GG--G---A--------    204
HIVYU2      -C----A-G-A----------A-----C-----A-T------T.....-CT-AA--G---A--------    204
CONSENSUS.D CCACCCAAAAATAAGTTCAGAAGTACACATcCCACTAGGAGAA......GCTAgaCTGGTAgTAAaAACA    204
HIVELI      ----------C----------.....----GA------A---A----    204
HIVZ2Z6     ----------T----------.....----TG------G---A----    204
HIVNDK      ----------C----------.....----GA------G---C----    204
CONSENSUS.O ?aAtCCAAaagt?agttcagaagTacAtAT?CCa?Taggaga???????gctaaatTagTaGT?Acaaca    188
HIVANT70    AA-T----GAGTTAGTTCAAGTG-AT-T--T--AG-AGGGGTG......GCCCATG-AG-A--A-CCACA    204
HIVMVP5180  GA-T----AAGTCAGTTCGGCGG-GT-T--T--AG-AGCAGAA......GCTGATA-AG-G--C-CCACA    204
CPZGAB      TA-T----AAGTTGCTTCTGAAA-AC-C--A--TT-CAGAGATTAT...TCTAAAT-AA-A--G-CAACC    207
HIVMAL      GC-T----AAGTAAGTTCAGAAG-AC-C--C--AC-AGGGGAT......GCTAGAT-AG-A--A-GAACA    204
```

```
CONSENSUS.A TATTGGGGTCTGCATACAGGAGAAAAAGACTGGCACTTGGGTCATGGGGTCTCCATAGAATGGAGGCTGA  274
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------  274
CONSENSUS.B TATTGGGGTCTgCAtACAggAgAAAGAGAcTGGCAttTgGGtCAgGGAGtCtCcaTaGAATGGAGGAaAA  273
HIVLAI      ----------G--T---GG-G-------C-----TC-G--T--G----T-T-CA-A----------A--  274
HIVHXB2R    ----------G--T---GG-G-------C-----TT-G--T--G----T-T-CA-A----------A--  274
HIVMN       ----------G--T---GG-G-------C-----TT-A--T--G----T-T-CA-A----------A--  274
HIVJRCSF    ----------G--T---GG-G-------C-----TT-G--T--G----T-T-CA-G----------C--  274
HIVJRFL     ----------G--T---GG-G-------C-----TT-G--T--G----T-T-CG-A----------A--  274
HIVNH52     ----------A--T---TA-*                                                  225
HIVOYI      ----------G--T---GG-G-------A-----TT-G--C--G----C-T-TA-A----------A--  274
HIVSF2      ----------G--T---GG-G-------A-----TT-G--C--G----T-G-CA-A----------A--  274
HIVNY5CG    ----------G--T---GG-G-------C-----TT-G--T--G----T-T-CA-A----------A--  274
HIVNL43     ----------G--T---GG-G-------C-----TT-G--T--G----T-T-CA-A----------A--  274
HIVCAM1     ----------G--T---GG-G-------C-----TT-G--T--G----T-T-CA-A----------C--  274
HIVHAN      ----------G--T---GG-G-------C-----TT-G--C--G----C-T-CA-A----------A--  274
HIVD31      ----------G--T---GG-G-------C-----AT-G--C--T----T-T-CA-A----------A--  274
HIVRF       ----------G--T---GG-G-------C-----TT-G--T--G----T-T-CA-A----------A--  274
HIVYU2      ----------G--C---GG-G-------C-----TT-G--T--G----T-T-CA-A----------A--  274
CONSENSUS.D TATTGGGGTCTGCATACAGGAGAAAgAGAaTGGCATCTGGGTCAGGGAGTCTCCATAGAATGGAGGAAAA  274
HIVELI      ------------------------G---A-------------------------------------  274
HIVZ2Z6     ------------------------G---C-------------------------------------  274
HIVNDK      ------------------------A---A-------------------------------------  274
CONSENSUS.O TatTGGGgatTaa??ccaGGaGAAagaga?tggCAcTTgGGaCATGGgGT?agcATagAATGGag?ta?a  252
HIVANT70    -AT----GAT-GATGCCA--G---AGAGATGAA--T--G--A-----G--TAGT--AG-----CGTTATA  274
HIVMVP5180  -AT----GAT-AATGCCA--G---AGAGAGGAA--C--G--A-----G--TAGT--AG-----CAATACA  274
CPZGAB      -AT----CCT-AAGCCCA--A---AGGGCCTGG--T--A--C-----A--CTCC--TC-----AGGCTAG  277
HIVMAL      -AT----GTC-GCAAACA--A---AAAGACTGG--C--G--T-----G--CTCC--AG-----AGGCAGA  274

CONSENSUS.A AAAGATATAGCACACAAGTAGATCCTGACCTAGCAGACCATCTAATTCACCTGCATTATTTTGACTGTTT  344
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------  344
CONSENSUS.B aGagATATAgCACACAAGTAGACCCTgacCTAGCAGACCAaCTAATTCAtctgtAtTAtTTTCAtTGTTT  343
HIVLAI      A-AG-----G----------------GAA----------A--------TCTGT-T--C-----C-----  344
HIVHXB2R    A-AG-----G----------------GAA----------A--------TCTGT-T--C-----C-----  344
HIVMN       A-AG-----G----------------GAC----------C--------TCTGC-T--C-----T-----  344
HIVJRCSF    G-AG-----G----------------GAC----------A--------TCTGT-T--C-----T-----  344
HIVJRFL     A-AG-----A----------------GAC----------A--------TCTGT-T--C-----T-----  344
HIVOYI      A-AG-----G----------------GGC----------A--------TACAT-T--T-----T-----  344
HIVSF2      A-AA-----G----------------GGC----------A--------TCTGC-T--T-----T-----  344
HIVNY5CG    A-AG-----G----------------GAC----------A--------TCTGC-C--T-----T-----  344
HIVNL43     A-AG-----G----------------GAC----------A--------TCTGC-C--T-----T-----  344
HIVCAM1     A-GG-----A----------------GAC----------A--------TCTGT-C--T-----T-----  344
HIVHAN      G-AG-----G----------------AAC----------A--------CCTGT-T--T-----T-----  344
HIVD31      A-AG-----G----------------GGC----------A--------TCTGT-C--T-----T-----  344
HIVRF       G-AG-----G----------------GAC----------A--------CCTGT-C--T-----T-----  344
HIVYU2      A-AG-----G----------------GAC----------A--------TCTGT-T--C-----T-----  344
CONSENSUS.D GGAGATATAGCACACAAGTAGACCCTGGCCTGGCAGACCAACTAATTCATATGTATTATTTTGATTGTTT  344
HIVELI      ------------------------------------------------------------------------  344
HIVZ2Z6     ------------------------------------------------------------------------  344
HIVNDK      ------------------------------------------------------------------------  344
CONSENSUS.O aaaagTATa?cACACAg?T?GAtCCtgaaacAGCaGAcagaaTGATaCAtctgcAtTATTTt?c?TGtTT  317
HIVANT70    AGAAG---AAA-----GA-T--C--TGAAAC---A--CAGGA----A--TCTGC-T-----TACC--T--  344
HIVMVP5180  AGGAG---AAA-----GA-T--T--TGAAAC---A--CAGGA----A--TCTGC-T-----CACA--T--  344
CPZGAB      GATCT---GTC-----GG-G--T--CTTCAC---A--TAGAT----C--CTCTC-A-----TGAT--C--  347
HIVMAL      AAAGA---AGC-----AC-A--T--TGACCT---A--CCAAC----T--TCTGT-C-----TGAT--T--  344
```

HIV-1 VIF


\/ 3' sj
CONSENSUS.A TTCAGAATCTGCCATAAGGAGAGCCATATTAGGACAAATAGTTAGACCTAGGTGTGAATATCAAGCAGGA 414
HIVU455 ---------- 414
CONSENSUS.B TTCAGAaTCTGCtATAAgaAAtgCcatAtTAGGAcatatAGtTAGtCCTAggTGTGAATaTCaAGCAGGA 413
HIVLAI ------C-----T----GA--GG-CTT-T-----CATAT--T---C----GG-------A--A------- 414
HIVHXB2R ------C-----T----GA--GG-CTT-T-----CACAT--T---C----GG-------A--A------- 414
HIVMN ------C-----C----GA--GG-CAT-T-----CATAG--T---T----TT-------T--A------- 414
HIVJRCSF ------A-----T----GG--TG-CAT-T-----CATAT--T---T----GA-------A--A------- 414
HIVJRFL ------A-----T----GA--TG-CAT-T-----CATAT--T---T----GA-------A--A------- 414
HIVOYI ------A-----T----GA--TG-CAT-C-----AATAT--T---T----GG-------A--C------- 414
HIVSF2 ------A-----T----AA--TG-CAT-T-----TATAG--T---T----GG-------A--A------- 414
HIVNY5CG ------A-----T----GA--TA-CAT-T-----CGTAT--T---T----GG-------A--A------- 414
HIVNL43 ------A-----T----GA--TA-CAT-T-----CGTAT--T---T----GG-------A--A------- 414
HIVCAM1 ------A-----T----GA--GG-CAT-G-----CGATT--T---C----GG-------A--A------- 414
HIVHAN ------A-----T----GA--TG-CAT-T-----CGTAT--T---T----GG-------A--A------- 414
HIVD31 ------A-----T----GA--TG-CAT-T-----CGTAT--G---C----GT-------A--C------- 414
HIVRF ------A-----T----GA--GC-ATC-T-----CATAT--T---T----GG-------A--A------- 414
HIVYU2 ------A-----T----GA--GG-CAT-T-----TATAG--T---T----GG-------A--A------- 414
CONSENSUS.D TtCAGAAtCTGCtATAAGAAAAGCCATATTAGGAcATATAGTtAGTCcTAGgTGTGAGTATCAAGCACGA 414
HIVELI -T-----T----T--------------------G-------T----C---G---------------- 414
HIVZ2Z6 -T-----G----C--------------------C-------C----A---G---------------- 414
HIVNDK -G-----T----T--------------------C-------T----C---T---------------- 414
CONSENSUS.O T?CAGaatcaGCaaTcAGaaaaGCcAT?cTAGGacAgagagTa?tgaC?aagTGtgAaTAcca?gcaGGA 382
HIVANT70 -A---CATCA--AG-C--GAAA--C--CC----AC-GAGAG-ACTGA-CAAG--TG-A--CCCTACA--- 414
HIVMVP5180 -A---AATCA--AA-C--GAAG--C--TC----GC-GAGAG-GCTGA-CAAG--TG-A--CCTGGCA--- 414
CPZGAB -G---AAACT--CA-C--AAGA--T--AT----GC-GCTTG-AGCGC-TCGT--TG-A--CAAAGAA--- 417
HIVMAL -T---AATCT--CA-A--ACAA--C--AT----AC-TATAG-TAGTC-TAGG--TG-T--TCAAGCA--- 414
5' sj \/
CONSENSUS.A CATAACAAGGTAGGATCTCTACAATATTTGGCTCTG...AAAGCATTA.....GTAACCCCAACAA 472
HIVU455 ----------...----------.....---------- 472
CONSENSUS.B CATAaCAAGGTAGGatCTCTACAgTACttGGCACTA...gCAGCaTTa.....AtAacAcCAAAAa 471
HIVLAI ----A---------AT-------A---T---------...G----A--A.....-T-AC-C-----A 472
HIVHXB2R ----A---------AT-------A---T---------...G----A--A.....-T-AC-C-----A 472
HIVMN ----A---------AC-------G---T---------...A----A--A.....-T-AC-C-----A 472
HIVJRCSF ----G---------AT-------G---T---------...A----A--A.....-T-AA-C-----A 472
HIVJRFL ----A---------GT-------G---T---------...A----A--A.....-T-AA-T-----A 472
HIVOYI ----A---------AT-------A---T---------...G----A--G.....-T-AA-C-----A 472
HIVSF2 ----A---------AT-------A---T---------...G----A--A.....-T-AC-C-----A 472
HIVNY5CG ----A---------AT-------G---T---------...G----A--A.....-T-AA-C-----C 472
HIVNL43 ----A---------AT-------G---T---------...G----A--A.....-T-AA-C-----C 472
HIVCAM1 ----A---------AT-------G---T---------...A----A--A.....-T-GC-C-----A 472
HIVHAN ----G---------AT-------A---T---------...G----A--A.....-C-AC-C-----A 472
HIVD31 ----A---------AT-------G---T---------...G----G--A.....-T-AC-C-----A 472
HIVRF ----A---------AT-------G---C---------...G----A--A.....-C-AC-C-----A 472
HIVYU2 ----A---------AT-------G---T---------...A----A--A.....-T-AC-C-----A 472
CONSENSUS.D CATAaCAAGGTAGGATCCtTACAGTATTTGGCACTA...aCAGCATTA.....aTAGCACCAAAAa 472
HIVELI ----A----------C----------...A--------.....A----------C 472
HIVZ2Z6 ----G----------T----------...A--------.....G----------A 472
HIVNDK ----A----------T----------...G--------.....A----------A 472
CONSENSUS.O CAtAgtcAGGTAGGgaCacTaCAgtt?tTaGC?cTa???Aaagca?TA?????????gta?aagcaAaaa 436
HIVANT70 --T-GTC-------GA-AC-A--ACTGC-A--TC-A...-GAGCAG--.....GTAAAAGCA-GAA 472
HIVMVP5180 --T-GTC-------GA-AC-A--ATTCT-A--CT-G...-AAGCAG--.....GTGAAAGTA-AAA 472
CPZGAB --C-GGC-------AT-CT-A--GTTCT-G--CC-A...-AAGCTT--.....ATATCAGAG-GAA 475
HIVMAL --T-ACA-------AT-TT-A--GTATT-G--AC-A...-CAGCAT--.....ATAGCACCA-AAA 472

```
                                                    vpR cds ->
CONSENSUS.A GGGCAAAGCCACCTTTGCCTAGTGTTAAGAAATTAACAGAGGATAGATGGAACAAGCCCCAGAAGACCAG    542
HIVU455     ------------------------------------------------------------------    542
CONSENSUS.B AGAtAAAGCCACCTTTGCCTAgTGTTa?gAAACTgACAGAgGAtAGATGGAACAAgCCCCaGAAGACCAA    540
HIVLAI      ---T----------------G----ACG-----G-----G--T----------G----A---------    542
HIVHXB2R    ---T----------------G----ACG-----G-----G--T----------G----A---------    542
HIVMN       ---T----------------G----AAG-----G-----G--T----------G----A---------    542
HIVJRCSF    ---T----------------G----AAG-----A-----G--T----------G----A---------    542
HIVJRFL     ---T----------------G----AAG-----A-----G--T----------G----A---------    542
HIVOYI      ---T----------------G----ACG-----A-----G--T----------G----A---------    542
HIVSF2      ---C----------------G----AAG-----G-----G--T----------G----A---------    542
HIVNY5CG    ---T----------------G----AGG-----G-----G--C----------G----A---------    542
HIVNL43     ---T----------------G----AGG-----G-----G--C----------G----A---------    542
HIVCAM1     ---T----------------G----AGG-----G-----G--T----------A----A---------    542
HIVHAN      ---T----------------T----ACA-----G-----A--T----------G----A---------    542
HIVD31      ---T----------------G----GCA-----G-----G--C----------G----G---------    542
HIVRF       ---T----------------G----AAG-----G-----G--T----------G----A---------    542
HIVYU2      ---C----------------G----AAA-----G-----G--T----------G----A---------    542
CONSENSUS.D AGATAAAGCCaCCTTTGCCTAGTGTTAGGAAGcTAACAGAAGATAGATGGAACAAGCCCCAGaAGACCAa    542
HIVELI      ----------A--------------------C-----------------------------C------G    542
HIVZ2Z6     ----------G--------------------T-----------------------------A------A    542
HIVNDK      ----------A--------------------C-----------------------------A------A    542
CONSENSUS.O g?a??AggccaCc?tTaCCtAGTgTc??gAaatTAACAGAaGATAGATGGAACAAGCcCc?gaggAtcAg    499
HIVANT70    GCAGG-AGCCT-CCC-A--C---G-CCAG-AAT-------A---------------A-CTGAGA-TC-G    542
HIVMVP5180  GAAAT-AGCCT-CCC-A--C---G-CCAG-GAT-------A---------------C-TGGAAA-TC-G    542
CPZGAB      GGCAT-GACCA-CTT-A--T---G-CGCC-AAT-------G---------------A-CAGAGG-CC-A    545
HIVMAL      AGACA-GGCCA-CTT-G--T---G-TAGG-AGC-------A---------------C-CAGCAG-CC-A    542

CONSENSUS.A GGGCCACAGAGGGAGCCGTACGCTGAATAGGCAT*       571
HIVU455     ----------------------------------       576
CONSENSUS.B GGGCCACAGAGGgAGCCatACAATgaATGGaCAC*       574
HIVLAI      ------------G----AC-----GA----A----       576
HIVHXB2R    ------------G----AC-----GA----A----       576
HIVMN       ------------G----AT-----CA----G----       576
HIVJRCSF    ------------G----AT-----GA----A----       576
HIVJRFL     ------------G----AT-----GA----A----       576
HIVOYI      ------------G----AT-----GA----A----       576
HIVSF2      ------------G----AT-----GA----A----       576
HIVNY5CG    ------------G----AT-----GA----A----       576
HIVNL43     ------------G----AT-----GA----A----       576
HIVCAM1     ------------C----AT-----GA----A----       576
HIVHAN      ------------G----AT-----GC----A----       576
HIVD31      ------------G----AT-----GA----A----       576
HIVRF       ------------G----AT-----GA----A----       576
HIVYU2      ------------G----GC-----GA----A----       576
CONSENSUS.D GGGCCaCAgAGGGAGCCATACAATGAATGGaCAT*       576
HIVELI      -----A--G----------------------G----       576
HIVZ2Z6     -----A--A----------------------A----       576
HIVNDK      -----G--G----------------------A----       576
CONSENSUS.O GG?CCAcc?AgaGAgCCat?CaAtGAATGG?CA??AG*    530
HIVANT70    --A---GCT-AA--G--CTT-A-T------G--C-       576
HIVMVP5180  --A---GCT-GG--G--ATT-A-T------A--CT--     579
CPZGAB      --T---CCA-GA--A--TTA-C-G------G--T-       579
HIVMAL      --G---CAG-GG--G--ACA-A-T------A--T-       576
```

HIV-1 VPR

HIV-1 VPR

Sequences representing gag and env subtypes C and E are not currently available for vpr cds. The unpublished sequence CPZ-ant contributes to the Consensus.O (Vanden Haesevelde and Saman, Innogenetics, Belgium.) The MAL sequence could not be easily assigned to any of the three vpr sequence subtypes A, B, and D. The highly divergent Cameroonian isolate sequences ANT70 and MVP5180 have been assigned to subtype O; these were kindly provided prior to publication by Drs. Eric Saman and Marleen vanden Haesevelde, of Innogenetics, Belgium, and by Dr. Lutz Gurtler and colleagues, of the Max v. Pettenkofer Institute, Munich.

```
                                                                                  <- vif cds
CONSENSUS.A ATGGAACAAGCCCCAGAAGACCAGGGGCCACAGAGGGAGCCGTACGCTGAATAGGCATTAGAGTTGTTAG    70
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------    70
CONSENSUS.B ATGGAACAAgCCCCaGAAGACCAAGGGCCACAgAGGgAGCCatACAATgaATGGaCACTAGAGCTTTTag    70
HIVLAI      ---------G----A-----------------G---G----AC-----GA----A------------AG    70
HIVHXB2R    ---------G----A-----------------G---G----AC-----GA----A------------AG    70
HIVMN       ---------G----A-----------------G---G----AT-----CA----G------------AG    70
HIVSC       ---------G----A-----------------G---G----AT-----GA----A------------GA    70
HIVJRCSF    ---------G----A-----------------G---G----AT-----GA----A------------AG    70
HIVJRFL     ---------G----A-----------------G---G----AT-----GA----A------------AG    70
HIVNH52     ---------G----G-----------------A---G----AT-----GA----A------------AG    70
HIVOYI      ---------G----A-----------------G---G----AT-----GA----A------------AG    70
HIVSF2      ---------G----A-----------------G---G----AT-----GA----A------------AG    70
HIVNY5CG    ---------G----A-----------------G---G----AT-----GA----A------------AG    70
HIVNL43     ---------G----A-----------------G---G----AT-----GA----A------------AG    70
HIVCAM1     ---------A----A-----------------G---C----AT-----GA----A------------AG    70
HIVHAN      ---------G----A-----------------G---G----AT-----GC----A------------AG    70
HIVD31      ---------G----G-----------------G---G----AT-----GA----A------------AG    70
HIVRF       ---------G----A-----------------G---G----AT-----GA----A------------AG    70
HIVYU2      ---------G----A-----------------G---G----GC-----GA----A------------AG    70
CONSENSUS.D ATGGAACAAGCCCCAGaAGACCAaGGGCCaCAgAGGGAGCCATACAATGAATGGaCATTAGAGCTTTTAG    70
HIVELI      ----------------C------G-----A--G---------------------G---------------    70
HIVZ2Z6     ----------------A------A-----A--A---------------------A---------------    70
HIVNDK      ----------------A------A-----G--G---------------------A---------------    70
CONSENSUS.O ATGGAACAAGCcCc?gaggAtcAgGG?CCAcc?AgaGAgCCattcaAtGAaTGG?catTAGAgctctTaG    56
HIVANT70    -----------A-CTGAGA-TC-G--A---GCT-AA--G--CTTCA-T--A---GCAC----GCTCT-A-    70
HIVMVP5180  -----------C-TGGAAA-TC-G--A---GCT-GG--G--ATTCA-T--A---ACAC----GCTCC-G-    70
CPZGAB      -----------A-CAGAGG-CC-A--T---CCA-GA--A--TTACC-G--A---GCAT----GACCT-G-    70
HIVMAL      -----------C-CAGCAG-CC-A--G---CAG-GG--G--ACACA-T--A---ACAT----ACTTT-A-    70
```

```
CONSENSUS.A AAGAGCTTAAGCATGAAGATGTTAGACATTTTCCTAGGCAGTGGCTCCATGGATTAGGACAACATATCTA  140
HIVU455     ------------------------------------------------------------------  140
CONSENSUS.B aGgAgCTTAAGAgtGAAGCTGTtAGaCATTTtCCtAGGataTGGCTcCaTagcTTAGgaCAAcATATCTA  140
HIVLAI      A-G-G-------AT--------T--A-----T--T---ATT-----C-A-GGC----GG---C-------  140
HIVHXB2R    A-G-G-------AT--------T--A-----T--T---ATT-----C-A-GGC----GG---C-------  140
HIVMN       A-G-G-------AT--------T--A-----T--T---ATA-----C-A-GGC----GG---C-------  140
HIVSC       G-A-G-------GT--------T--A-----T--T---ATA-----C-A-GGC----GG---C-------  140
HIVJRCSF    A-G-A-------AT--------T--A-----T--T---ATC-----C-A-AGC----GG---T-------  140
HIVJRFL     A-G-A-------AT--------T--A-----T--T---GTC-----C-A-AGC----GG---T-------  140
HIVNH52     A-G-G-------AT--------T--A-----T--T---ATA-----C-A-AGC----GG---T-------  140
HIVOYI      A-G-G-------GT--------T--A-----T--T---ATA-----C-A-AGC----AA---T-------  140
HIVSF2      A-G-G-------GA--------T--A-----T--T---CCA-----C-A-AGC----GA---T-------  140
HIVNY5CG    A-G-A-------GT--------T--A-----T--T---ATA-----C-A-AAC----GA---C-------  140
HIVNL43     A-G-A-------GT--------T--A-----T--T---ATA-----C-A-AAC----GA---C-------  140
HIVCAM1     A-G-A-------GT--------T--G-----T--T---CCA-----C-T-GCA----GA---C-------  140
HIVHAN      A-G-G-------GT--------T--A-----T--C---ATA-----A-A-AGC----GA---T-------  140
HIVD31      A-G-G-------GT--------T--A-----C--T---ATA-----T-A-AGC----GA---C-------  140
HIVRF       A-G-G-------GT--------C--A-----T--T---CTA-----C-A-AGC----GA---C-------  140
HIVYU2      A-G-G-------GA--------T--A-----T--T---CCA-----A-A-GGC----GA---C-------  140
CONSENSUS.D AGGAGCTTAAGAGTGAAGCTGTtAGACATTTTCCTAGGATATGGCTCCATAGCTTAGGACAAcATATtTA  140
HIVELI      ----------------------T-------------------------------------C----T--  140
HIVZ2Z6     ----------------------T-------------------------------------T----T--  140
HIVNDK      ----------------------C-------------------------------------C----C--  140
CONSENSUS.O AaGAgcTaAAa?aaGAaGCaGTaAGACAtTTcCCtaggccttggtTaca????tt?ggaCAatacaTttA  130
HIVANT70    -A--GC-A--AGCA--A--A--A-----T--C--TAGGCCTTGGC-ACACGCCTTGGGA--ATACA-TT-  140
HIVMVP5180  -A--GC-G--AGAA--A--A--A-----T--C--TAGGCCTTGGT-ACAAGCCTGTGGG--GTACA-TT-  140
CPZGAB      -A--AT-A--AAAT--A--A--A-----T--C--TAGACCATGGT-GCATCAATTAGGA--ATTCA-TT-  140
HIVMAL      -G--GC-T--GCAA--A--T--C-----C--T--TAGGATATGGC-CCATAGTTTAGGA--ACATA-CT-  140

CONSENSUS.A TAACACCTATGGGGATACTTGGGAGGGAGTTGAAGCTATAATAAGAATTTTGCAACAATTACTGTTTATT  210
HIVU455     ------------------------------------------------------------------  210
CONSENSUS.B TGAaACTTAtGGgGATACtTGGgcAGGAGTgGAAGCcaTAATAAGAAttcTgCAACAaCTGCTGTTTATt  210
HIVLAI      ---A-----T--G-----T---GC------G-----CA---------TTC-G-----A----------C  210
HIVHXB2R    ---A-----T--G-----T---GC------G-----CA---------TTC-G-----A----------C  210
HIVMN       ---A-----T--G-----T---GC------G-----CA---------TTC-A-----A----------T  210
HIVSC       ---A-----T--G-----T---GC------G-----CA---------TTC-G-----A----------T  210
HIVJRCSF    ---A-----T--G-----T---GC------G-----CA---------TAC-G-----G----------T  210
HIVJRFL     ---A-----T--G-----T---GC------G-----CA---------TAC-G-----G----------T  210
HIVNH52     ---A-----T--G-----T---AC------G-----CA---------TTC-G-----A----------T  210
HIVOYI      ---A-----T--G-----T---GA------G-----CA---------TTC-G-----A----------T  210
HIVSF2      ---A-----T--G-----T---GC------G-----CA---------TTC-G-----A----------T  210
HIVNY5CG    ---A-----C--G-----T---GC------G-----CA---------TTC-G-----A----------T  210
HIVNL43     ---A-----C--G-----T---GC------G-----CA---------TTC-G-----A----------C  210
HIVCAM1     ---A-----T--G-----T---CC------G-----CT---------GTC-G-----A----------T  210
HIVHAN      ---A-----T--G-----T---GC------A-----CA---------TAC-G-----A----------T  210
HIVD31      ---G-----T--G-----T---AC------A-----CC---------TGT-G-----A----------T  210
HIVRF       ---A-----T--G-----A---GC------G-----TA---------TTC-G-----A----------T  210
HIVYU2      ---A-----T--A-----T---GC------G-----CA---------TTC-G-----A----------T  210
CONSENSUS.D TGAAACTTATGGGGATACCTGGGcAGGaGTTGAAGCTaTAATAAGAATtcTGCAACAAtTACTGTTTATT  210
HIVELI      ---  ----------------T---A---------A----------AC--------T----------  210
HIVZ2Z6     ----------------------C---A---------C----------TT--------T----------  210
HIVNDK      ---------- ----------C---T---------A----------TC--------C----------  210
CONSENSUS.O tga?actTATgg?ga?ac?tggg?aggagtt??ggc?at?ataagaatctTaCAAcaa?TgctGtttAtc  190
HIVANT70    TGAGACT---GGGGACACTTGGGTAGGAGTTATGGCAATTATAAGAATCT-A---CAAT-GCT-TTT-CC  210
HIVMVP5180  TGAGACT---GGAGACACTTGGGAAGGAGTTATGGCAATTATAAGAATCT-A---CAAC-ACT-TTT-CC  210
CPZGAB      TGACACT---GGAGATACATGGGTAGGAGTAGAGGCCATCATAAGAATCT-A---CACT-GCT-TTT-TC  210
HIVMAL      TGAAACT---GGGGATACCTGGGAAGGAGTTGAAGCTATAATAAGAAGTC-G---CAAC-GCT-TTT-TT  210
```

HIV-1 VPR

```
                    \/ 3' sj
CONSENSUS.A CATTT.CAGAATTGGGTGCCAACATAGCAGAATAGGCATTATT.........CCAGGGAGAAGAGGC...    267
HIVU455     -----.-----------------------------------.........---------------...    267
CONSENSUS.B CATTT?CAGAATTGGgTGtC?aCAtAGCAGaATaGGCaTTAcT.........CgaCagAGgAGAgCA???    266
HIVLAI      -----.---------G--T-GA--T-----A--A---G---C-.........-AA-AG--G---G--...    267
HIVHXB2R    -----T---------G--T-GA--*                                              234
HIVMN       -----.---------G--T-GA--T-----A--A---A---T-.........-GA-AG--G---G--...    267
HIVSC       -----.---------G--T-GA--T-----A--A---A---T-.........-AA-AA--G---T--...    267
HIVJRCSF    -----.---------G--T-GA--T-----A--A---A---C-.........-GA-AG--G---G--...    267
HIVJRFL     -----.---------G--T-AA--T-----A--A---A---C-.........-GA-AG--G---G--...    267
HIVNH52     -----.---------G--T-AA--T-----G--G---A---C-.........-AA-GG--G---A--...    267
HIVOYI      -----.---------G--T-AA--T-----A--A---A---C-.........-GA-AG--A---G--...    267
HIVSF2      -----.---------G--T-AA--T-----A--A---A---T-.........-AA-AG--G---G--AGA    270
HIVNY5CG    -----.---------A--T-AA--T-----A--A---A---T-.........-GA-AG--G---G--...    267
HIVNL43     -----.---------G--T-GA--T-----A--A---G---C-.........-GA-AG--G---G--...    267
HIVCAM1     -----.---------A--C-GA--T-----A--A---A---T-.........-AA-AG--G---T--...    267
HIVHAN      -----.---------G--T-GC--T-----A--A---A---C-.........-CA-AG--G---G--...    267
HIVD31      -----.---------G--T-AA--T-----A--A---A---C-.........-GC-AA--G---G--...    267
HIVRF       -----.---------G--T-AA--T-----A--A---A---C-.........-GA-AA--A---G--...    267
HIVYU2      -----.---------G--T-AA--T-----A--A---A---T-.........-AA-AG--G---G--AGA    270
CONSENSUS.D CATTT.CAGAATTGGGTGTCAACATAGCAGAATAgGtATTAcT.........CGACAGAGAAGAGCA...    267
HIVELI      -----.---------------------------G-C----T-.........---------------...    267
HIVZ2Z6     -----.---------------------------G-T----C-.........---------------...    267
HIVNDK      -----.---------------------------A-T----C-.........---------------...    267
CONSENSUS.O CATt?.taGAattGggTGccaacaTaG?AGAATAGG?ATt?tc?????????ccA??a?GAAGAggA???    240
HIVANT70    ---TA.TA--ATT-GA--CCAACA-A-T---------A--TAAC.........CC-AGAG-----GG-AGA    270
HIVMVP5180  ---TA.TA--ATT-GA--CCAACA-A-T---------A--TCTCCCATCTAACAC-AGAG-----GG-AGA    279
CPZGAB      ---TT.TA--CTT-GG--CCAGCA-A-C---------C--CCTC.........CC-CAAA-----AG-...    267
HIVMAL      ---TT.CA--ATT-GG--TCAACA-A-C---------C--TACT.........CG-CAGA-----GC-...    267

       tat cds ->
CONSENSUS.A AGGAATGGAGCCAGTAGATCC*    288
HIVU455     ----------------------    288
CONSENSUS.B AGaAATGGAgCCAGTAGATCC*    287
HIVLAI      --A------G-----------     288
HIVMN       --A------G-----------     288
HIVSC       --A------T-----------     288
HIVJRCSF    --A------G-----------     288
HIVJRFL     --A------G-----------     288
HIVNH52     --A------G-----------     288
HIVOYI      --A------G-----------     288
HIVSF2      --A------G-----------     291
HIVNY5CG    --G------G-----------     288
HIVNL43     --A------G-----------     288
HIVCAM1     --G------G-----------     288
HIVHAN      --A------G-----------     288
HIVD31      --A------G-----------     288
HIVRF       --A------G-----------     288
HIVYU2      --A------G-----------     291
CONSENSUS.D AGAAATGGATCCAGTAGATCC*    288
HIVELI      ----------------------    288
HIVZ2Z6     ----------------------    288
HIVNDK      ----------------------    288
CONSENSUS.O agaAATGGATCCAgTAGATCC*    261
HIVANT70    AGA----------G-------     291
HIVMVP5180  AGA----------G-------     300
CPZGAB      TCC----------A-------     288
HIVMAL      AGA----------G-------     288
```

HIV-1 TAT

Sequences representing gag and env subtypes C and E are not currently available for tat cds. The unpublished sequence CPZ-ant contributes to the Consensus.O (Vanden Haesevelde and Saman, Innogenetics, Belgium.) The highly divergent ANT70 and MVP5180 sequences have been assigned to sequence subtype O; these have been made available prior to publication by Drs. Eric Saman and Marleen vanden Haesevelde, of Innogenetics, Belgium, and by Dr. Lutz Gurtler and colleagues, at the Max v. Pettenkofer Institute, Munich.

```
                                <- vpR
CONSENSUS.A ATGGA?CCAGTAGATCCTAACCTAGAGCCCTGGAA?CA?CCGGGAAGTCAGCCTACAACT?CTTGTAGCA     66
HIVU455     -----G----------------------------A--C--------------------G---------     70
HIVSF170    -----T----------------------------C--T--------------------C---------     70
CONSENSUS.B ATGGAgCCAGTAGATCCTAgacTAGAGCCCTGGaAGCATCCAGGAAGtCAGCCTAagaCtgcttGtAcca     70
HIVLAI      -----G------------GAC----------A-------------T-------AAA-TGCTT-T-CCA     70
HIVHXB2R    -----G------------GAC----------A-------------T-------AAA-TGCTT-T-CCA     70
HIVNL43     -----G------------GAC----------A-------------T-------AAA-TGCTT-T-CCA     70
HIVMN       -----G------------GAC----------A-------------T-------AGA-TGCTT-T-CCA     70
HIVSC       -----T------------GAC----------A-------------T-------AAG-TGCTT-T-CCT     70
HIVBAL1     -----G------------AAC----------A-------------T-------AGA-TGCTT-T-CCA     70
HIVJRCSF    -----G------------GCC----------A-------------T-------AGA-TGCTT-T-CCA     70
HIVJRFL     -----G------------GCC----------A-------------T-------AGA-TGCTT-T-CCA     70
HIVNH5      -----G------------GAC----------A-------------T-------AGA-TCCTT-T-CCA     70
HIVOYI      -----G------------GAC----------A-------------T-------AGA-TGCTA-T-ACA     70
HIVSF2      -----G------------ATC----------A-------------T-------GGA-TGCTT-T-ACA     70
HIVNY5CG    -----G------------GAC----------A-------------T-------AAA-TGCTT-T-CCA     70
HIVSF162    -----G------------GAT----------A-------------T-------AGA-TGCTT-T-CAA     70
HIVCAM1     -----G------------GAC----------A-------------C-------GGA-TGCTT-T-CCA     70
HIVCDC4     -----G------------GAC----------A-------------T-------AAA-TGCTT-T-CCA     70
HIVSF33     -----G------------ACC----------A-------------T-------GGA-TGCTT-C-CCA     70
HIVRJS      -----G------------GAC----------A-------------T-------AAA-TGAGT-T-CCA     70
HIVHAN      -----G------------GAC----------A-------------T-------GGA-CCCTT-T-CCA     70
HIVD31      -----G------------GAC----------G-------------T-------AGA-TGCTT-T-CCA     70
HIVRF       -----G------------GAC----------A-------------T-------AGA-TGCTT-T-ACA     70
HIVYU2      -----G------------ACC----------A-------------T-------GGA-TGCTT-T-ACA     70
CONSENSUS.D ATGGATCCAGTAGATCCTAAccTAGAGcCCTGGAACCATCCAGGaAGTCAGCCTAgGACt?CTTGTAA?A     68
HIVELI      ------------------CC-----C---------------A---------G---TC-------C-     70
HIVZ2Z6     ------------------CA-----C---------------A---------A---TG-------C-     70
HIVNDK      ------------------TC-----T---------------A---------G---TG-------T-     70
HIVMAL      ------------------CT-----C---------------G---------G---GC-------T-     70
CONSENSUS.O ATGGAtCCagTAGAtcCTGAgatgcccCCtTGGcaaCACCCtgg?agt?agCC?caaAcccctTGtAATA     67
HIVANT70    -----T--AG----TC----GGTGCCC--T---CAC-----TGGAAGTCAG--CCAG-TCCCT--T----     70
HIVMVP5180  -----T--AG----TC----GATGCCC--T---CAT-----TGGGAGCAAG--CCAA-CCCCT--T----     70
CPZGAB      -----T--AA----TC----CCTGGAG--C---AAA-----AGGCAGTCAG--AAGA-CAGTT--T----     70
```

HIV-1 TAT

```
                                                                \/3'sj\/3' sj
CONSENSUS.A A?TGTTA?TGTAAAGTGTGTTGCT??CATTGCC?A??TTGCTTTCT????AAAGGCTTAGGCAT?TCCTA    124
HIVU455     -C-----T----------------GG--------A-CT---------GAAA--------------T-----    140
HIVSF170    -A-----C----------------AT-------C-GC---------ACGC--------------C-----    140
CONSENSUS.B atTGCTATTGTAAAaagTGtTGCtttCAtTGccAaGttTGtTTcacaAcAAAAGgCTTAgGCATcTCCTA    140
HIVLAI      CT------------AAG--T---TTT--T--CC-A-TT--T--CACA-C-----C----G----C-----    140
HIVHXB2R    AT------------AAG--T---TTT--T--CC-A-TT--T--CATA-C-----C----G----C-----    140
HIVNL43     AT------------AAG--T---TTT--T--CC-A-TT--T--CATG-C-----C----G----C-----    140
HIVMN       CT------------AAG--T---TTT--T--CC-A-TT--T--CACA-A-----C----G----C-----    140
HIVSC       CT------------AAG--T---TTT--T--CC-A-TT--T--CACA-C-----G----G----C-----    140
HIVBAL1     CT------------AAG--T---TTT--T--CC-A-TT--C--CATA-C-----G----G----C-----    140
HIVJRCSF    AT------------AAG--T---CTT--T--CC-A-TT--T--CACA-C-----G----G----C-----    140
HIVJRFL     CT------------AAG--T---CTT--T--CC-A-TC--T--CATA-C-----G----G----C-----    140
HIVNH5      CT------------AAG--T---TTA--T--CC-A-TT--T--CACA-C-----G----G----C-----    140
HIVOYI      AT------------AGG--T---CTT--C--TC-A-TT--T--CACA-A-----G----G----T-----    140
HIVSF2      AT------------AAG--T---TTT--T--CT-C-CG--T--CACA-G-----G----G----C-----    140
HIVNY5CG    AT------------AGG--T---TTT--T--CC-A-TT--T--CACA-C-----C----G----C-----    140
HIVSF162    AT------------AAG--T---TTT--T--CC-A-TT--T--CATA-C-----G----G----C-----    140
HIVCAM1     AT------------CAG--T---TTT--T--CC-A-TT--T--CATA-C-----G----G----C-----    140
HIVCDC4     AT------------AAG--T---TTT--T--CC-A TT--T--CACG-A-----C----G----C-----    140
HIVSF33     AC------------AAG--T---TTT--T--CC-A-TT--C--CATA-C-----G----G----A-----    140
HIVRJS      AT------------AAG--T---TTT--T--CC-A-TT--T--CACA-C-----G----G----C-----    140
HIVHAN      AT------------AAG--T---CTT--T--CC-A-TT--T--CACA-G-----G----A----C-----    140
HIVD31      AT------------AAA--C---TTT--T--CC-A-TT--T--CACA-A-----G----G----C-----    140
HIVRF       AT------------AAG--T---TAT--T--CC-A-TT--C--CTTA-C-----G----G----C-----    140
HIVYU2      AT------------AAG--T---TTT--T--CC-A-TT--T--TACA-A-----G----G----C-----    140
CONSENSUS.D aGTGTcATTGTAAAAAGTGtTGCTATCATTGCCaAgTtTGCTTCaTAAcgAAAGGCTTAGGCATCTCCTA    138
HIVELI      A----C----------T----------C-G-T------T---AC-------  -----------        140
HIVZ2Z6     G----C----------T----------A-G-T------A---CG--------------------        140
HIVNDK      A----C----------T----------A-G-T------A---CG--------------------        140
HIVMAL      A----T----------C----------A-A-G------A---CG--------------------        140
CONSENSUS.O AtTGcTAtTGcAAAagaTG?TG?TAtCAtTGctatgttTG?TTCacAAaaAA?GG?TTgGGaATcTCCtA    132
HIVANT70    -T--C--T--C---AGA--C--C--T--T--CTATGTT--T---GT--GA--G--T--G--A--C---T-    140
HIVMVP5180  -T--C--T--C---AGA--C--C--T--T--CTATGTT--T---AC--AG--G--T--G--A--C---C-    140
CPZGAB      -T--C--T--C---GCT--T--T--T--C--TATATAT--C---AC--AA--A--C--A--A--C---T-    140
```

```
   rev cds ->    \/3' sj
CONSENSUS.A TGGCA?GAAGAAGCGG......A?AC??CGACGAGGA?CTCCTCAA?GCA?TAAGGATCATCAAA?TC?T    179
HIVU455     -----A----------.....-A--CC---------C--------G---G--------------C--T-    204
HIVSF170    -----G----------.....-G--AG---------A--------A---A--------------A--C-    204
CONSENSUS.B TGGCAGGAAGAAGcGG......ACaCAGCGAcgaaGAgCTCcTcaagaCAGTcAGacTCATCAAgtttCT    204
HIVLAI      ------------C--.....--A------CGAA--C---C-CAAGG----C--AC-------GTTT--    204
HIVHXB2R    ------------C--.....--A------CGAA--G---A-CAGAA----C--AC-------GCTT--    204
HIVNL43     ------------C--.....--A------CGAA--G---A-CAGAA----C--AC-------GCTT--    204
HIVMN       ------------C--.....--A------CGAA--G---C-GAAGA----C--AC-------GTTT--    204
HIVSC       ------------C--.....--A------AGAA--G---C-CAAGA----C--AC-------GTTT--    204
HIVBAL1     ------------C--.....--A------CGAA--G---C-CAAGA----G--AC-------GTTT--    204
HIVJRCSF    ------------C--.....--A------CGAA--C---C-CAAGA----C--AC-------GTTT--    204
HIVJRFL     ------------C--.....--A------CGAA--G---C-CAAGA----C--AC-------GCTT--    204
HIVNH5      ------------C--.....--A------CGAA--G---C-CAAGA----C--AC-------GTTT--    204
HIVOYI      ------------C--.....--A------CGAA--G---C-CAAGA----A--AC-------GTTT--    204
HIVSF2      ------------C--.....--A------CGAA--G---C-CAGGA----C--AC-------GCTT--    204
HIVNY5CG    ------------C--.....--A------CGAA--G---C-CAAGA----G--AC-------GTTT--    204
HIVSF162    ------------C--.....--A------CGAA--G---C-CCAGA----G--GT-------GTTT--    204
HIVCAM1     ------------C--.....--A------CGAA--A---C-CAAAG----A--AC-------GCTT--    204
HIVCDC4     ------------C--.....--A------CGAA--G---A-CAAGA----C--AA-------GCAT--    204
HIVSF33     ------------C--.....--G------CAGA--G---C-GACAG----C--AA-------GATT--    204
HIVRJS      ------------C--.....--A------CGAA--G---A-CAAAA----C--AA-------ATTC--    204
HIVHAN      ------------C--.....--A------CGAA--G---C-CAAGA----C--AC-------GTTT--    204
HIVD31      ------------C--.....--A------CGAA--G---C-GAAGA----C--AC-------GTTT--    204
HIVRF       ------------A--.....--A------CGAG--C---C-CAAGG----C--AC-------GTCT--    204
HIVYU2      ------------C--.....--A------CGAA--C---C-CAGGA----C--AC-------AGTT--    204
CONSENSUS.D TGGCAGGAAGAAGCGG......AGACAGcGACGAagACCTcCTCAaGGCg?TCAGgCTCATCAAG?TCCT    200
HIVELI      ----------------.....------C-----GG----C----A---GG----G---------T----    204
HIVZ2Z6     ----------------.....------A-----AG----T----A---GG----A---------A----    204
HIVNDK      ----------------.....------C-----AA----C----A---GA----G---------T----    204
HIVMAL      ----------------.....------C-----AG----C----G---AA----G---------A----    204
CONSENSUS.O TGGCAGGAAGAagcGA?????????agaaGACgaaCagCTgCTGcAaGCa?Tc?A?ATaAT?AAGATcCT    189
HIVANT70    ----------AGC--.....G---GAC-AG--G---C-A--CA-CC-G--C--A-----C--    198
HIVMVP5180  ----------AGC--.....AGAA---CAG-AG--G---C-A--TA-CC-G--A--A-----C--    201
CPZGAB      ----------AGC--ACC...ACAAGAC---GCA-GG--C---C-G--AG-AA-A--A--C-----T--    207
```

HIV-1 TAT

```
                    /- env -> (for more information, see the ENV CDS that follow)
               exon\/exon
CONSENSUS.A ATACCAAAGCAA?CC?T?CCCCAA?CCCA??GGGTC...?CG?CAGGCC?G?AAGAATCGAAGAAGAAGG    236
HIVU455     ------------C--T-G------T----GA------...T--G------A-G-----------------    271
HIVSF170    ------------T--A-A------A----AG------...C--A------C-A-----------------    271
CONSENSUS.B cTAtCAAAGCAACCC?CctCCCAgccccgAGGGGAC...CCgacagGCCCGaaGgAAtCGAAGaAGaAGG    270
HIVLAI      C--T-----------A-CT----ACCCCG--------...--GACAG-----AA-G--*              258
HIVHXB2R    C--T-----------A-CT----ACCCCG--------...--GACAG-----AA-G--*              258
HIVNL43     C--T-----------A-CT----ATCCCG--------...--GACAG-----AA-G--*              258
HIVMN       C--C-- --------G-CC----GTTCCG--------...--GACAG-----AA-G--T-----A--A---  271
HIVSC       C--C-----------G-CT----AGCCAG--------...--GACAG-----AA-G--T-----A--A---  271
HIVBAL1     C--T-----------A-CT----TCCTCG--------...--GACAG-----GA-G--T-----A--A---  271
HIVJRCSF    C--C-----------T-CT----GCAACG--------...--GACAG-----AA-G--T-----A--A---  271
HIVJRFL     C--T-----------T-CT----GCCCCG--------...--GACAG-----AA-G--T-----A--A---  271
HIVNH5      C--T-----------T-CT----GCCCCG--------...--CGACA-----AA-G--T-----A--A---  271
HIVOYI      C--T-----------G-CT----ACCCAG--------...--GACAG-----AA-G--T-----A--A---  271
HIVSF2      C--T-----------G-CT----GTCCCG--------...--GACAG-----AC-G--T-----A--A---  271
HIVNY5CG    C--T-----------G-CT----GCCCAG--------...--GACAG-----AA-G--T-----A--A---  271
HIVSF162    C--C-----------G-TT----GCCCCA--------...--GACAG-----AA-G--T-----A--A---  271
HIVCAM1     C--T-----------G-TT----GTTCCA--------...--GACAG-----AA-G--T-----A--A---  271
HIVCDC4     C--T-----------T-CT----AACCCG--------...--GACAG-----AA-G--C-----A--G---  271
HIVSF33     C--T-----------T-AT----GCCCAG--------...--GACAG-----AA-G--T-----A--G---  271
HIVRJS      C--C-----------G-CT----ACCCCG--------...--GACAG-----AA-G--T-----A--A---  271
HIVHAN      C--C-----------T-CT----GCAACG--------...--CGACA-----AA-A--T-----A--A---  271
HIVD31      C--T-----------G-CT----GCCCCG--------...--GACAG-----AA-G--T-----A--A---  271
HIVRF       T--T-----------A-CT----GCCCCG--------...--GACAG-----AA-G--T-----G--A---  271
HIVYU2      C--T-----------A-CT----GCTCAG--------...--GACAG-----AC-G--T-----A--A---  271
CONSENSUS.D aTACCA?AGCAACCCTCCTCCCAgccCCGAGGGGAC???CCGACAGGCCCGAAGgAA?AGAAGAAGAAGG    265
HIVELI      A-----A-----------GCC----------...---------------G--C------------      271
HIVZ2Z6     A-----A----------GCC----------...---------------G--*              258
HIVNDK      A-----G----------GTC----------...---------------A--*              258
HIVMAL      C-----G----------ACA----------CAC---------------G--*              261
CONSENSUS.O gTAcCAaAgcaa?cc??????????????????????...?????????ccga??aa?aCca?gAgGaAGc    221
HIVANT70    G--C--A-GCAATCC.....................................CCAACCATCA-CAAG-G-A--C    235
HIVMVP5180  G--C--G-GCAATCC.....................................CTGTCCCACA-CGGC-G-A--C    238
CPZGAB      A--C--A-GCAACCCTTATCCCAGTCCAGAGGGAAC...AAGGAAGGCTCGGAGAAAT-GACG-A-G--G    274
```

```
CONSENSUS.A TGGAGAGCAAGGCA?AGACAGATCGATTCG?T*                                  266
HIVU455     --------------A---------------C--                                  303
HIVSF170    --------------G---------------A--                                  303
CONSENSUS.B TGGAGagAGAGaCAGAGaCagATCCggtcgat?AG*                               304
HIVMN       -----AG----A-----A-AC----GGTCGAT*                                  303
HIVSC       -----AG----A-----A-AG----GGTCGAT*                                  303
HIVBAL1     -----AG----A-----A-AG----GGTCCAT*                                  303
HIVJRCSF    -----AG----A-----A-AG----GGACAAT*                                  303
HIVJRFL     -----AG----A-----A-AG----GGACGAT*                                  303
HIVNH5      -----AG----A-----A-GG----GGTCCAT*                                  303
HIVOYI      -----AG----A-----A-AG----GGAAGAT*                                  303
HIVSF2      -----AG----A-----A-AG----GTTCGAT*                                  303
HIVNY5CG    -----AG----A-----A-AG----GGACCAT*                                  303
HIVSF162    -----AG----A-----A-AG----AGTCCAT*                                  303
HIVCAM1     -----GG----A-----A-AC----GGGCGAT*                                  303
HIVCDC4     -----AG----G-----A-GG----ACTCGAT*                                  303
HIVSF33     -----AG----A-----A-AG----ACTCGAT*                                  303
HIVRJS      -----AG----A-----A-AG----GGTCCAT*                                  303
HIVHAN      -----AG----A-----G-AG----GTTCGAT*                                  303
HIVD31      -----AC----A-----A-AG----AATCGAT*                                  303
HIVRF       -----AG----A-----A-AG----GGCGGTGC---                               306
HIVYU2      -----AG----A-----A-AG----GGTCCAT*                                  303
CONSENSUS.D TGGAGAGCGAGGCAGAGACAGATCCG*                                        291
HIVELI      ---------------------------                                        297
CONSENSUS.O aGgaacGCcAGgaAGAAcagGAg?AG?AGGTGGAGAAG?AG?CAGGCCCA?GTGGA?A?CCT?GCC?C?A  281
HIVANT70    A-GAAC--C--GA----CAG--GG--G-----------A--G--------G-----T-C---C---G-A-  305
HIVMVP5180  A-AAAC--C--GA----CAG--GA--A-----------G--A--------A-----C-G---T---A-C-  308
CPZGAB      T-GCGA--A--AC----GCA--TC--*                                        300

CONSENSUS.O GG?TTCTTGC?AC?GTTGTACACGGA?CTCAG?ACAA?AA*                          315
HIVANT70    --G-------C--T------------C-----A----*                             342
HIVMVP5180  --A-------A--A------------T-----G----T---                          348
```

HIV-1 REV

HIV-1 REV

Sequences representing gag and env subtypes C and E are not currently available for rev cds. The unpublished sequence CPZ-ant contributes to the Consensus.O (Vanden Haesevelde and Saman, Innogenetics, Belgium.) The highly divergent ANT70 and MVP5180 sequences from Cameroon have been assigned to subtype O; these were made available prior to publication by Drs. Eric Saman and Marleen vanden Haesevelde, of Innogenetics, Belgium, and by Dr. Lutz Gurtler and colleagues, of the Max v. Pettenkofer Institute, Munich.

```
     tat ->       \/3' sj
CONSENSUS.A ATGGCA?GAAGAAGCGGA?AC??CGACGAG...GA?CTCCTC...AA?GCA?TAAGGATCATCAAA?TC?     55
HIVU455     ------A----------A--CC-------...--C------...--G---G-------------C--T     64
HIVSF170    ------G----------G--AG-------...--A------...--A---A-------------A--C     64
CONSENSUS.B ATGGCAGGAAGAAGcGGAGaCAGCGAcgaa...GAgCTccTc...aagaCaGTcAGacTcATCAAgtttC     64
HIVLAI      --------------C----A------CGAA...--C--CC-C...AAGG-A--C--AC-C-----GTTT-     64
HIVHXB2R    --------------C----A------CGAA...--G--CA-C...AGAA-A--C--AC-C-----GCTT-     64
HIVNL43     --------------C----A------CGAA...--G--CA-C...AGAA-A--C--AC-C-----GCTT-     64
HIVMN       --------------C----A------CGAA...--G--CC-G...AAGA-A--C--AC-C-----GTTT-     64
HIVBRVA                                    --G--CC-G...AAGA-A--C--AG-C-----GTTT-     34
HIVSC       --------------C----A------AGAA...--G--CC-C...AAGA-A--C--AC-C-----GTTT-     64
HIVJH3            ------C----A------CGAA...--G--GC-C...AGGC-.--C--GC-A-----GTTT-     55
HIVBAL1     --------------C----A------CGAA...--G--CC-C...AAGA-A--G--AC-C-----GTTT-     64
HIVJRCSF    --------------C----A------CGAA...--C--CC-C...AAGA-A--C--AC-C-----GTTT-     64
HIVJRFL     --------------C----A------CGAA...--G--CC-C...AAGA-A--C--AC-C-----GCTT-     64
HIVNH5      --------------C----A------CGAA...--G--CC-C...AAGA-A--C--AC-C-----GTTT-     64
HIVOYI      --------------C----A------CGAA...--G--CC-C...AAGA-A--A--AC-C-----GTTT-     64
HIVSF2      --------------C----A------CGAA...--G--CC-C...AGGA-A--C--AC-C-----GCTT-     64
HIVNY5CG    --------------C----A------CGAA...--G--CC-C...AAGA-A--G--AC-C-----GTTT-     64
HIVSF162    --------------C----A------CGAA...--G--CC-C...CAGA-A--G--GT-C-----GTTT-     64
HIVCAM1     --------------C----A------CGAA...--A--CC-C...AAAG-A--A--AC-C-----GCTT-     64
HIVCDC4     --------------C----A------CGAA...--G--CA-C...AAGA-A--C--AA-C-----GCAT-     64
HIVSF33     --------------C----G------CAGA...--G--CC-G...ACAG-A--C--AA-C-----GATT-     64
HIVRJS      --------------C----A------CGAA...--G--CA-C...AAAA-A--C--AA-C-----ATTC-     64
HIVHAN      --------------C----A------CGAA...--G--CC-C...AAGA-A--C--AC-C-----GTTT-     64
HIVD31      --------------C----A------CGAA...--G--CC-G...AAGA-A--C--AC-C-----GTTT-     64
HIVRF       --------------A----A------CGAG...--C--CC-C...AAGG-A--C--AC-C-----GTCT-     64
HIVYU2      --------------C----A------CGAA...--C--CC-C...AGGA-A--C--AC-C-----AGTT-     64
CONSENSUS.D ATGGCAGGAAGAAGCGGAGACAGcGACGAa...gACCTcCTC...AaGGCg?TCAGgCTCATCAAG?TCC     62
HIVELI      ----------------------C-----G...G----C---...-A---GG----G---------T---     64
HIVZ2Z6     ----------------------A-----A...G----T---...-A---GG----A---------A---     64
HIVNDK      ----------------------C-----A...A----C---...-A---GA----G---------T---     64
HIVMAL      ----------------------C-----A...G----C---...-G---AA----G---------A---     64
CONSENSUS.O ATGGCAGGAAGAAGCGAagaa???GAC??????CaGCtgCTG???CAaGC?aTccAgATaATaAAGATcC     57
HIVANT70    -----------------GGAC...---.....-A--TG---...--A--CA-CC-G--C--A-----C-     58
HIVMVP5180  -----------------AGAA...---.....-A--AG---CTG--A--TA-CC-G--A--A-----C-     61
CPZGAB      -----------------ACCACAA--GACGCA-G--TC---...--G--AG-AA-A--A--C-----T-     67
```

```
                        /- env -> (for more information, see the ENV CDS that follow)
                  exon\/exon
CONSENSUS.A TATACCAAAGCAA?CC?T?CCCCAA?CCCA??GGG...TC?CG?CAGGCC?G?AAGAATCGAAGAAGAAG    112
HIVU455     ------------C--T-G------T----GA---...--T--G------A-G----------------    131
HIVSF170    ------------T--A-A------A----AG---...--C--A------C-A----------------    131
CONSENSUS.B TcTAtCAAAGCAACCC?CctCCCAgccccgAGGGG...ACCCgacagGCCCGaaGgAAtcGAAGaAGaAG    130
HIVLAI      -C--T-----------A-CT----ACCCCG-----...----GACAG-----AA-G--TA----A--A--    131
HIVHXB2R    -C--T-----------A-CT----ACCCCG-----...----GACAG-----AA-G--TA----A--A--    131
HIVNL43     -C--T-----------A-CT----ATCCCG-----...----GACAG-----AA-G--TA----A--A--    131
HIVMN       -C--C-----------G-CC----GTTCCG-----...----GACAG-----AA-G--TC----A--A--    131
HIVBRVA     -C--T-----------G-CT----GGCCGG-----...----GACAG-----AA-G--TC----A--A--    101
HIVSC       -C--C-----------G-CT----AGCCAG-----...----GACAG-----AA-G--TC----A--A--    131
HIVJH3      -C--C-----------G-CT----GCCCCG-----...----GACAG-----AA-G--TC----A--A--    122
HIVBAL1     -C--T-----------A-CT----TCCTCG-----...----GACAG-----GA-G--TC----A--A--    131
HIVJRCSF    -C--C-----------T-CT----GCAACG-----...----GACAG-----AA-G--TC----A--A--    131
HIVJRFL     -C--T-----------T-CT----GCCCCG-----...----GACAG-----AA-G--TC----A--A--    131
HIVNH5      -C--T-----------T-CT----GCCCCG-----...----CGACA-----AA-G--TC----A--A--    131
HIVOYI      -C--T-----------G-CT----ACCCAG-----...----GACAG-----AA-G--TC----A--A--    131
HIVSF2      -C--T-----------G-CT----GTCCCG-----...----GACAG-----AC-G--TC----A--A--    131
HIVNY5CG    -C--T-----------G-CT----GCCCAG-----...----GACAG-----AA-G--TC----A--A--    131
HIVSF162    -C--C-----------G-TT----GCCCCA-----...----GACAG-----AA-G--TC----A--A--    131
HIVCAM1     -C--T-----------G-TT----GTTCCA-----...----GACAG-----AA-G--TC----A--A--    131
HIVCDC4     -C--T-----------T-CT----AACCCG-----...----GACAG-----AA-G--CC----A--G--    131
HIVSF33     -C--T-----------T-AT----GCCCAG-----...----GACAG-----AA-G--TC----A--G--    131
HIVRJS      -C--C-----------G-CT----ACCCCG-----...----GACAG-----AA-G--TC----A--A--    131
HIVHAN      -C--C-----------T-CT----GCAACG-----...----CGACA-----AA-A--TC----A--A--    131
HIVD31      -C--T-----------G-CT----GCCCCG-----...----GACAG-----AA-G--TC----A--A--    131
HIVRF       -T--T-----------A-CT----GCCCCG-----...----GACAG-----AA-G--TC----G--A--    131
HIVYU2      -C--T-----------A-CT----GCTCAG-----...----GACAG-----AC-G--TC----A--A--    131
CONSENSUS.D TaTACCA?AGCAACCCTCCTCCCAgccCCGAGGGG???ACCCGACAGGCCCGAAGgAAtAGAAGAAGAAG    128
HIVELI      -A-----A----------------GCC--------...----------------G--C-----------    131
HIVZ2Z6     -A-----A----------------GCC--------...----------------G--T-----------    131
HIVNDK      -A-----G----------------GTC--------...----------------A--T-----------    131
HIVMAL      -C-----G----------------ACA--------ACC----------------G--T-----------    134
CONSENSUS.O TgTACCAaAGCAAtCCctatCCcacaCCag?aGGA...AgcAGgAAcGCcaGGAagAAcaGgaGaAGgAG    123
HIVANT70    -G-----A-----T--CCAA--ATCA--AAGA---...-GC--G--C--CA---AG--CA-GA-G--G--    125
HIVMVP5180  -G-----G-----T--CTGT--CACA--GGCA---...-GC--A--C--CA---AG--CA-GA-A--A--    128
CPZGAB      -A-----A-----C--TTAT--CAGT--AGAG---...-CA--G--G--TC---GA--TC-AC-A--G--    134
```

HIV-1 REV

```
CONSENSUS.A GTGGAGAGCAAGGCA?AGACAGATCGATTCG?TTAGTGAGCGGATTCTTAGC??TTGCCTGGGACGACCT   178
HIVU455     ---------------A--------------C-------------------GA---------------   201
HIVSF170    ---------------G--------------A-------------------AC---------------   201
CONSENSUS.B GTGGAGagaGAGaCAGAGaCagATCCggtcgattAGTgaatGGaTtcTTagcacTtaTCTGGgacGAtct   200
HIVLAI      ------AGA---A-----A-AG----ATTCGATT---GAAC--A-CC--AGCAC-TA-----GAC--TCT   201
HIVHXB2R    ------AGA---A-----A-AG----ATTCGATT---GAAC--A-CC--GGCAC-TA-----GAC--TCT   201
HIVNL43     ------AGA---A-----A-AG----ATTCGATT---GAAC--A-CC--AGCAC-TA-----GAC--TCT   201
HIVMN       ------AGA---A-----A-AC----GGTCGATT---GCAT--A-TC--AGCAA-TA-----GTC--CCT   201
HIVBRVA     ------AGC---A-----A-AG----AGTCCCTT---GGAT--A-TC--AGCAC-TT-----GTC--TCT   171
HIVSC       ------AGA---A-----A-AG----GGTCGATT---GGAT--A-TC--AGCAA-TA-----GTC--CTA   201
HIVJH3      ------ACA---A-----A-AG----GGTCAATT---GGAT--A-TA--AGCAA-TA-----GTC--CCT   192
HIVBAL1     ------AGA---A-----A-AG----GGTCCATT---GAAC--A-TC--GGCGC-TA-----GTC--TCT   201
HIVJRCSF    ------AGA---A-----A-AG----GGACAATT---GAAC--A-TC--AGCAC-TA-----GTC--CCT   201
HIVJRFL     ------AGA---A-----A-AG----GGACGATT---GAAC--A-TC--AGCAC-TA-----GTC--CCT   201
HIVNH5      ------AGA---A-----A-GG----GGTCCATT---GAAT--A-TC--AGAAA-TA-----ATC--CCT   201
HIVOYI      ------AGA-  A-----A-AG----GGAAGATT---GGAT--A-TC--AGCAC-TA-----GAC--TCT   201
HIVSF2      ------AGA---A-----A-AG----GTTCGATT---GGAT--A-TC--AGCAC-TA-----GAA--TCT   201
HIVNY5CG    ------AGA---A-----A-AG----GGACCATT---GAAT--A-TC--AGCAC-CA-----GTC--TCT   201
HIVSF162    ------AGA---A-----A-AG----AGTCCATT---GCAT--A-TA--AGCAC-CA-----GAC--TCT   201
HIVCAM1     ------GGA---A-----A-AC----GGGCGATT---AACT--A-TC--AGCAC-CA-----GAC--CCT   201
HIVCDC4     ------AGA---G-----A-GG----ACTCGATT---GCAT--C-TC--AGCAC-TG-----GAC--TCT   201
HIVSF33     ------AGA---A-----A-AG----ACTCGATT---GAAC--A-TC--AGCAC-GT-----GAC--TCT   201
HIVRJS      ------AGA---A-----A-AG----GGTCCATT---GACT--A-TC--AGCAC-CA-----GAC--CCT   201
HIVHAN      ------AGA---A-----G-AG----GTTCGATT---GAGC--A-TC--AGCAC-TT-----GAC--CCT   201
HIVD31      ------ACA---A-----A-AG----AATCGATT---GAAA--A-TC--AGCAC-TA-----GAC--CCT   201
HIVRF       ------AGA---A-----A-AG----GGCGGTGC---GAAT--A-TC--GACAC-TA-----GAC--TCT   201
HIVYU2      ------AGA---A-----A-AG----GGTCCATT---GGAT--C-TC--AGCAA-TA-----GTC--CCT   201
CONSENSUS.D GTGGAGAGCgAGGCAGAGaCAGATCcaTtcGATTGgTGAACGGATTcTcaGCACTTaTCTGGGACGAcCT   198
HIVELI      ---------G---------A-------CG-GA-----C----------C-CG-------A----------C--   201
HIVZ2Z6     ---------G---------A-------CA-TC-----G----------C-CA-------A----------T--   201
HIVNDK      ---------G---------A-------CA-TC-----G----------A-TT-------T----------C--   201
HIVMAL      ---------A---------G-------AA-TC-----G----------C-CA-------A----------C--   204
CONSENSUS.O GTGGaGAagaAGaCAGgccCAggTggata?ccTtgccgcaAGGgTtCTTGCcACtgtTgTacacgGAcCT   192
HIVANT70    ----A--AGA--G---GCC--GG-GGATACCC-CGCCGCA---G-T-----C--TGT-G-ACACG--C--   195
HIVMVP5180  ----A--AGG--A---GCC--AG-GGACAGCC-TGCCACC---A-T-----A--AGT-G-ACACG--T--   198
CPZGAB      ----C--GCA--A---AAG--GA-CAGTGAGA-TAGTGGA---G-G-----C--TTA-C-GGGAC--C--   204
```

```
CONSENSUS.A GCGGA?CCTGTGCCTCTTCAGCTACCACCG?TTGAGAGACTTC??CTTGATTG?AGCGAG??C?GTGGAA 240
HIVU455     -----A----------A----------GC---------T------AG-T------ 271
HIVSF170    -----G----------C----------AT---------C------GA-C------ 271
CONSENSUS.B gcGgAgCCTGTgCctcTTCagCTACCaCCgCttgAgAGACTTAcTCTTGAttGtagcgAgGAtTGTGGAA 270
HIVLAI      GC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG-G-------C------TT-TAACG-G--T------- 271
HIVHXB2R    GC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG-G-------C------TT-TAACG-G--T------- 271
HIVNL43     GC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG-G-------C------TT-TAACG-G--T------- 271
HIVMN       GC-G-G-----T-CTC---AG-----A--A-...-G-------C------TT-CAGCG-G--T------- 268
HIVBRVA     GC-G-G-----T-CTC---AG-----A--G-TTG-G-------C------TT-TAACG-G--T------- 241
HIVSC       GC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG-G-------C------TT-TAACG-G--T------- 271
HIVJH3      GC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG-G-------C------TT-TAACG-G--T------- 262
HIVBAL1     GC-G-G-----T-CTC---AG-----A--G-TTG-G-------C------TT-TGATG-G--T------- 271
HIVJRCSF    GC-G-G-----T-CTC---AG-----A--G-TTG-G-------C------CT-TAACG-G--T------- 271
HIVJRFL     GC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG-G-------C------CT-TAACG-G--T------- 271
HIVNH5      GC-G-G-----G-CTC---AG-----G--G-TTG-G-------C------TT-TAACG-G--T------- 271
HIVOY1      GC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG-G-------A------TT-TAGCG-G--T------- 271
HIVSF2      GC-G-G-----G-CTC---AG-----G--G-TTG-G-------C------TT-CAGCG-G--C------- 271
HIVNY5CG    GC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG-G-------C------TT-TAGCG-G--T------- 271
HIVSF162    AC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG-G-------A------TT-CAGCG-G--T------- 271
HIVCAM1     GC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG-G-------C------TT-TAGCA-G--T------- 271
HIVCDC4     GC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG-G-------C------TT-TAGCG-G--T------- 271
HIVSF33     TC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG-C-------C------TT-TAGCG-G--T------- 271
HIVRJS      AC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG-G-------C------TT-TAGCG-G--T------- 271
HIVHAN      GC-G-G-----G-CTC---AG-----G--G-TTG-G-------C------TT-TAGCG-A--T------- 271
HIVD31      GA-C-G-----G-CTC---CT-----A--G-TTG-G-------C------TT-CAGCG-G--T------- 271
HIVRF       GT-G-C-----G-AGC---AG-----A--G-TTG-G-------C------TA-TAGTG-G--T------- 271
HIVYU2      AC-G-G-----G-CTT---AG-----A--G-TTG-G-------C------TT-TAACG-G--T------- 271
CONSENSUS.D GaGGAaCCTGTGCCTCTTCAGCTACCACCGCTTGAGAGACTtAaTCTTAATTGCAgcGAGGATTGTgGAa 268
HIVELI      -C---G----------C----------T-A----------GT---------A--A 271
HIVZ2Z6     -A---A----------C----------T-A----------GC---------G--G 271
HIVNDK      -A---A----------C----------C-A----------GC---------G--A 271
HIVMAL      -A---A----------T----------T-C----------AC---------G--A 274
CONSENSUS.O CaGaAcaaTaat?tTgTGGActTACCAcctCTTGAgcAaCTTAgcaTcagggaTccgGAggctgaTCaac 261
HIVANT70    -A-A-CAA-AATAT-G----CT-----CCT-----GC-A----GCA-CAGGGA-CCA--AGGTGA--AGC 265
HIVMVP5180  -A-G-CAA-AATCT-G----CT-----CCT-----GC-A----ATA-CAGGGA-CCG--GGCTGA--GAC 268
CPZGAB      -C-A-ACC-GGGGA-T----GC-----GAG-----CA-G----GCC-GCAATG-GTG--GACAAC--AAG 274
```

HIV-1 REV

```
CONSENSUS.A CTTCTG??ACGCAGCAG?CTCA?GGG?CTGAGACTGGGGTGGGA?GGCCTCAA?TA?CTGTGGAATCTTC   302
HIVU455     ------GG---------C----A---A----------------G--------A--T-------------   341
HIVSF170    ------AA---------T----G---G----------------A--------G--C-------------   341
CONSENSUS.B ctTCTGGGaCgcag.....................???GGGGTGGGaAgcCCTcAAaTAtTGgtGGAaTCTCC   319
HIVLAI      CT------A-GCAG.....................--------A-GC---C--A--T--GT---A-----   320
HIVHXB2R    CT------A-GCAG.....................--------A-GC---C--A--T--GT---A-----   320
HIVNL43     CT------A-GCAG.....................--------A-GC---C--A--T--GT---A-----   320
HIVMN       CT------A-GCAG.....................--------A-GT---C--A--T--GT---A-----   317
HIVBRVA     CT------A-GCAG.....................--------A-GT---C--A--T--GT---A-----   290
HIVSC       CT------A-GCAG.....................--------A-GC---C--A--T--GT---A-----   320
HIVJH3      CT------A-GCAG.....................--------A-GC---C--A--T--GT---A-----   311
HIVBAL1     CT------A-TAGC.................AGG--------A-GT---C--A--T--GT---A-----   323
HIVJRCSF    CT------A-GCAG.....................--------A-AT---G--A--C--GT---A-----   320
HIVJRFL     CT------A-GCAG.....................--------A-GT---G--A--T--GT---A-----   320
HIVNH5      CT------A-GCAG.....................--------A-GC---C--A--T--GT---A-----   320
HIVOYI      CT------A-GCAG.....................--------A-GT---G--A--T--GT---A-----   320
HIVSF2      AT------G-ACAG.....................--------A-GC---C--A--T--GT---G-----   320
HIVNY5CG    CT------A-GCAG.....................--------A-GC---C--A--T--TT---A-----   320
HIVSF162    CT------A-GCAG.....................--------A-GC---C--G--T--GG---A-----   320
HIVCAM1     CT------A-GCAG.....................--------A-GC---C--A--T--GT---A-----   320
HIVCDC4     CT------A-GCAG.....................--------A-GT---C--A--T--GT---A-----   320
HIVSF33     CT------A-GCAG.....................--------A-GT---C--A--T--GT---A-----   320
HIVRJS      CT------A-GCAG.....................--------A-GC---C--G--T--GT---A-----   320
HIVHAN      AC------A-GCAG.....................--------A-GT---C--G--T--GT---A-----   320
HIVD31      CT------A-GCAG.....................--------A-GT---C--A--T--GT---A-----   320
HIVRF       CT------A-GCAG.....................--------A-GC---C--G--T--GT---A-----   320
HIVYU2      CT------A-GCAG.....................--------G-GT---C--A--T--GT---A-----   320
CONSENSUS.D CTTCTGGGACGCAG.....................GGGGTGGGAagcCCTCAAATAtCTGTGGAAtCTCC   317
HIVELI      --------------.....................---------CAT---------T--------T----   320
HIVZ2Z6     --------------.....................---------AGC---------T--------T----   320
HIVNDK      --------------.....................---------AGC---------C--------C----   320
HIVMAL      --------------.....................---------AGC---------T--------T----   323
CONSENSUS.O ta?cTGgGaCttggAcTgtggatCct?gg?caaaaGatAattgA????????G??T????G??G???T?A   308
HIVANT70    TATC--A-G-TTGG-C-GTGGAT-CTAGGGCAGAA-AT-ATTA-TGTTTGCA-AA-TTGT-CA-CTG-A-   335
HIVMVP5180  TACC--G-A-TGGG-C-GTGGAT-CTGGGACAAAA-AC-ATTG-                            312
CPZGAB      ACGT--G-A-ATCT-A-ACTTCA-AGCCTCAGACT-CT-CGGG-GAGACTGT-CC-GCTG-GG-GAA-T-   344
```

```
CONSENSUS.A TGCT?TATTGGGGTCGGGAACTAAAAA?*          328
HIVU455     ----G--------------------T-            369
HIVSF170    ----A--------------------A-            369
CONSENSUS.B TgCagTATTGGagtCaGGAaCTAAaGAa*          347
HIVLAI      -A-AG------AGT-A---A----A--A-          348
HIVHXB2R    -A-AG------AGT-A---A----A--A-          348
HIVNL43     -A-AG------AGT-A---A----A--A-          348
HIVMN       -A-AG------AGT-A---A----A--G-          345
HIVBRVA     -A-AG------AGT-A---A----A--A-          318
HIVSC       -A-AG------AGT-A---A----G--A-          348
HIVJH3      -A-AA------AGT-A---A----A--A-          339
HIVBAL1     -A-AG------AGT-A---A----A--A-          351
HIVJRCSF    -A-AG------AGT-A---A----A--A-          348
HIVJRFL     -A-AG------AGT-A---A----A--A-          348
HIVNH5      -G-AG------AGT-A---A----A--G-          348
HIVOYI      -G-AG------AGC-A---A----A--A-          348
HIVSF2      -G-AG------ATT-A---A----A--A-          348
HIVNY5CG    -G-AG------GGT-A---A----A--A-          348
HIVSF162    -G-AG------ATT-A---A----A--A-          348
HIVCAM1     -G-AG------AGT-A---A----G--A-          348
HIVCDC4     -G-AG------AGT-A---A----A--A-          348
HIVSF33     -G-TG------AGT-A---A----A--A-          348
HIVRJS      -G-AG------ATC-*                       335
HIVHAN      -G-AG------AGC-A---A----A--A-          348
HIVD31      -G-AG------AGT-A---A----A--A-          348
HIVRF       -G-AG------AGT-A---G----A--A-          348
HIVYU2      -C-AG------ATT-A---A----A--A-          348
CONSENSUS.D T?CAgTATTGGaGTCaGGAACTGA?GAA?AGTGC*    348
HIVELI      -A--G------A---A--------G---C------    354
HIVZ2Z6     -A--G------A---G--------A---C------    354
HIVNDK      -G--G------A---A--------G---*          348
HIVMAL      -G--A------G---A--------A---*          351
CONSENSUS.O ??CAATA?TGG??A?A?GA??T??A?A?*          323
HIVANT70    CA-----C---CT-C-A--AT-GC-G-A-          363
CPZGAB      TT-----T---GG-A-G--GC-AA-A-T-          372
```

HIV-1 VPU

HIV-1 VPU

Sequences representing gag and env subtypes C and E are not currently available for the vpu cds. The A subtype sequence U455 is not included in this alignment because it contains several internal stops in the vpu region. The unpublished sequence CPZ-ant contributes to the Consensus.O (Vanden Haesevelde and Saman, Innogenetics, Belgium.) The MAL sequence could not be easily assigned to any of the three vpu sequence subtypes A, B, and D. The highly divergent Cameroonian isolate sequences ANT70 and MVP5180 are assigned to subtype O; these were kindly provided prior to publication by Drs. Eric Saman and Marleen vanden Haesevelde, of Innogenetics, Belgium, and by Dr. Lutz Gurtler and colleagues at the Max v. Pettenkofer Institute, Munich.

```
CONSENSUS.B ATgcaacCTtTacaAaTAt?aGCaATAGtAGcAtTAGTAGTAGcAgcAATAATAGcAATAgTTgTgTGga   69
HIVLAI      --GCAAC--A-ACA-A--...--A----C--C-T---------C-AT-------C----G--G-G--GT   67
HIVMN       --GCAAC--T-AGT-A--GCA--A----T--C-T---------C-GG--------C----G--G-G--AT   70
HIVSC       --GCAAC--T-ACA-A--TTAT-A----T--C-T---------C-GC--------C----G--G-G--GT   70
HIVBRVA     --GCAAC--T-ACA-A--TCA--A----T--C-T---------C-GC--------C----G--G-T--GT   70
HIVJH3      --GCAAT--T-ATA-A--GCA--A----T--C-T---------T-GC--------C----G--G-G--GT   70
HIVBAL1     --GCAAG--T-ACA-A--TCA--T----T--G-T---------C-GC--------C----G--G-G--GA   70
HIVCDC4     --GCAAT--T-AGA-A--GTA--A----T--A-T---------C-GC--------C----G--G-G--GA   70
HIVOYI      --ATACT--T-ACA-A--TTA--A----T--C-T---------T-AC--------C----G--G-G--GA   70
HIVSF33     --GTAAT--T-AAC-A--TTA--A----T--C-A---------T-AC--------C----G--A-A--GA   70
HIVSF2      --GCAAT--T-ACA-A--TTA--A----T-TC-T---------T-GC--------C----G--G-G--GA   70
HIVNY5      --GCTTT--T-.........................................C----G--G-G--GA   26
HIVNL43     --GCAAC--A-AAT-G--...--A----T--C-T---------C-AT--------C----G--G-G--GT   67
HIVCAM1     --GCTTC--T-ACA-A--TAA--A----T--C-T---------T-GC--------C----G--G-G--GA   70
HIVJRCSF    --GCAAC--T-ACA-A--TTA--A----T--C-T---------C-GG--------C----A--G-G--GT   70
HIVJRFL     --GCAAT--T-ATACA--TTA--A----T--C-T---------C-AT--------C----G--G-G--GT   70
HIVSF162    --GCAAC--C-TCA-A--TTA--A----T--C-T---------C-GC--------C----G--G-G--GA   70
HIVHAN      --GTTAT--T-ACA-A--GCA--A----T--C-T---------C-GC--------T----G--G-G--GA   70
HIVD31      --GCAAT--T-ACA-G--GCA--A----T--C-T---------T-GC--------C----G--G-G--GA   70
HIVRF       --GCAAT--T-AGA-A--TTA--A----T--C-T---------C-GC----C---C----G--G-G--GA   70
CONSENSUS.D ATGCAACCTTtAg?GATAATAGCAATAGCAGCATTAGTAGTAGCAatAATAaTAGCAATAGTTGTGTGGA   69
HIVELI      ----------T-GG-----------------------------AT----C-------------------   70
HIVZ2Z6     ----------C-CA-----------------------------GC----A-------------------   70
HIVNDK      ----------T-GT-----------------------------AT----A-------------------   70
CONSENSUS.O ATgcatcat?tagtc?tgttagc??Ta?Tagc?tTaagtg??ttgct??t?ataaataTa?tTaTatgg?   57
HIVANT70    --GCATCATAGGGACCTGCTAGCAA-AA-AATTA-TAGTGCTTTGCTGTTTATAAATG-AAT-T-ATGGG   70
HIVMVP5180  --GCATCAAGAGAACCTGCTAGCCT-AA-AGCTT-AAGTGCTTTGTGTCTTATAAATG-ACT-A-ATGGT   70
CPZGAB      --GACTCTGTTAGTCGGCTTA...G-TC-CATAT-AGTAGGCTTAATTGCATGGAACA-TTG-A-ATGGG   67
HIVMAL      --ACAACCTTTAGTGATATTAGCAA-AG-AGCAT-AGTAGTAACGCTAATAATAGCAA-AGT-G-GTGGA   70
```

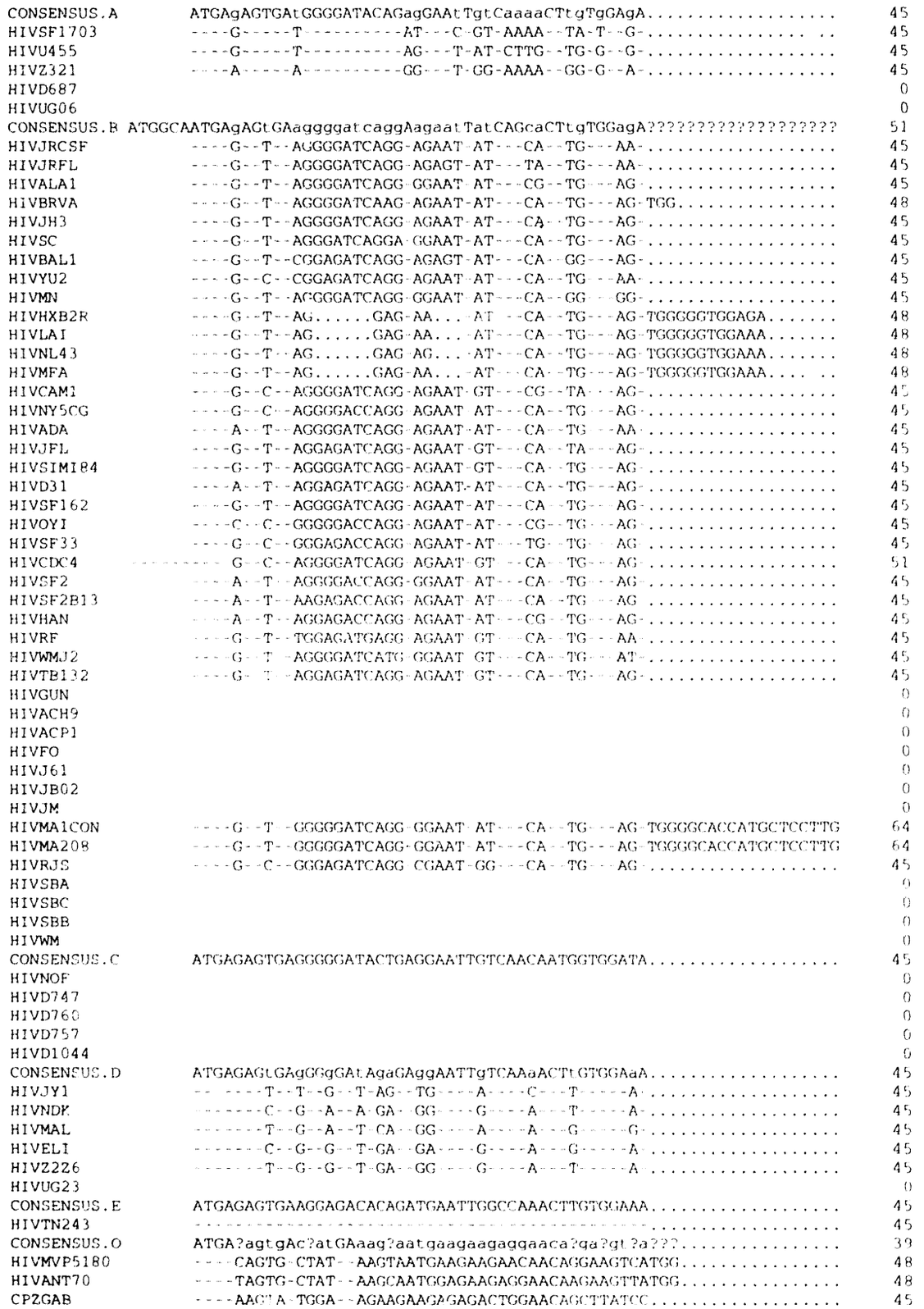
```
CONSENSUS.B Cc...ATAGtattcaTA.gAATAtAGgAAAaTAttAAGaCAAAga.....aAAa  114
HIVLAI      -C...----TAATCA--.G----T--G---A--TT---A----GA.....A--A  112
HIVMN       -C...----TATTCA--.G----T--G---A--AG---A----GA.....A--A  115
HIVSC       -T...----TATTCA--TT----T--G---A--TT---A----GA.....A--A  116
HIVBRVA     -C...----CATTAC--.G----T--A---T--TT---A----GG.....A--A  115
HIVJH3      -C...----TATTCA--.G----T--G---A--TT---A----GA.....A--A  115
HIVBAL1     -C...----TATTCA--.G----T--G---A--TT---G----GA.....A--A  115
HIVCDC4     -C...----TATTCA--.G----T--G---A--TT---A----GA.....A--A  115
HIVOYI      -C...----TACTCT--.G----T--G---A--TT---A----GA.....A--A  115
HIVSF33     -C...----TATTAA--.A----T--G---A--TT---A----GA.....A--A  115
HIVSF2      -C...----TACTCA--.G----T--G---A--TT---A----GA.....--A  114
HIVNY5      -C...----TGTTCA--.G----C--G---G--TT---A----GA.....A--G   71
HIVNL43     -C...----TAATCA--.G----T--G---A--TT---A----GA.....A--A  112
HIVCAM1     -T...----TGTTCA--.G----T--G---A--AG---A----AA.....C--G  115
HIVJRCSF    -C...----TACTCA--.G----T--G---A--TT---A----GA.....A--A  115
HIVJRFL     -C...----TACTCA--.G----T--G---A--TT---A----GA.....A--A  115
HIVSF162    -C...----TGTACA--.G----C--G---A--TT---A----GA.....A--A  115
HIVHAN      -C...----TAGTCA--.G----T--G---T--TT---A----GA.....A--A  115
HIVD31      -C...----TATTCA--.G----T--G---A--TT---A----GA.....A--A  115
HIVRF       -C...----TTGGCA--.G--ATT--G---AC-TT---G----AA.....AAA--A 117
CONSENSUS.D CC...ATAGTATtCATA.GAATATAGgAGGATAAAAAgGCAAAGa.....AaAA  114
HIVELI      --...-------T----.--------A----------A------G.....-G--  115
HIVZ2Z6     --...-------T----.--------G----------G------A.....-A--  115
HIVNDK      --...-------A----.--------G----------G------A.....-A--  115
CONSENSUS.O ??t?tAt??t???????.????tTAgaA?atata?a??aCAaagg?????????????????gaga?agAaA  90
HIVANT70    GGTTT-TT.....CT--GA-AATATTTAGAA--AAAGGAACAAGACAGAAAGGAGAGAG-A-  127
HIVMVP5180  TGTTT-AC.....CT--GA-TTTATTTAGTG--AAGAAAACAAGATAGAACGGAGCAGG-A-  127
CPZGAB      GATAC-TTATTAAATGG.GGATA--GA-GGTATAAAAGA--TAGG.....CTTGAGACAG-A-  124
HIVMAL      CC...-TAGTATTTATA.GAAAT--GG-AAATAAGAAGA--AAGG.....A-A-  115

                                                        env cds ->
CONSENSUS.B TAgAcAGgTTA.ATtGATAgAaTAA?aGAaAGAGCAGAAGACAGTGGCAATGAgAGtGAaGGgatcagg  182
HIVLAI      --G-C--G---.--T----G-C---TA--A----------------------G--T--A--A.......  174
HIVMN       --G-C--G---.--T----G-A---GC--A----------------------G--T--A--GGATCAGG  184
HIVSC       --G-C--G---.--T----G-A---GA--A---------.-------------G--T--A--GATCAGGA  184
HIVBRVA     --G-C--G---.--A----G-A---GA--A----------------------G--T--A--GGATCAAG  184
HIVJH3      --G-C--G---.--T----G-A---GA--A----------------------G--T--A--GGATCAGG  184
HIVBAL1     --G-C--G---.--T----G-A---CA--A----------------------G--T--C--AGATCAGG  184
HIVCDC4     --G-C--GG-TA--T----G-A---GA--A----A--------A---------G--C--A--GGATCAGG  185
HIVOYI      --G-C--G---.--T----G-A---GA--A----------------------C--C--G--GGACCAGG  184
HIVSF33     --G-C--A---.--T----G-A---GA--A----------------------G--C--G--AGACCAGG  184
HIVSF2      --G-C--A---.--T----G-A---GA--A-A--------------------A--T--A--GGACCAGG  183
HIVNY5      --G-C--GA--.--T----G-A---GA--A----------------------G--C--A--GGACCAGG  140
HIVNL43     --G-C--G---.--T----G-C---TA--A----------------------G--T--A--A.......  174
HIVCAM1     --G-C--G---.--T----G-A---TA--A----------------------G--C--A--GGATCAGG  184
HIVJRCSF    --G-T--G---.--T----A-A---GA--G----------------------G--T--A--GGATCAGG  184
HIVJRFL     --G-T--G---.--T----G-A---GA--G----------------------G--T--A--GGATCAGG  184
HIVSF162    --G-T--G---.--T----G-A---CA--A----------------------G--T--A--GGATCAGG  184
HIVHAN      --A-C--G---.--T----G-C---CA--A----------------------A--T--A--AGACCAGG  184
HIVD31      --G-C--G---.--T----G-A---TA--A----------------------A--T--A--AGATCAGG  184
HIVRF       --G-C--G---.--T----G-A---GA--A----------.-----------G--T--T--AGATGAGG  186
CONSENSUS.D TAGACTGTtTA.aTTGATAGAATAAgAGAAAGAGCAGAAGACAGTGGCAATGAGAGcGAGGGgGAtAGAG  183
HIVELI      --------T--.C----------C----------------------------C-----G--T----  184
HIVZ2Z6     --------A--.A----------G----------------------------T-----G--T----  184
HIVNDK      --------T--.A----------G----------------------------C-----A--A----  184
CONSENSUS.O ta?a?agaa??.?taagaAgaaTaagaGaaataag?gaagatagTggcaatGAaAGtaatggAGAagaag  153
HIVANT70    TACTTGAGAGG.TTAAGA-GAA-AAGA-AAATTAGGGATGATAG-GACTAT--A--CAATGG---AGAGG  196
HIVMVP5180  TACTTGAAAGA.TTAAGG-GAA-AAAG-AAATCAGGGATGACAG-GACTAT--A--TAATGA---AGAAC  196
CPZGAB      TTGAGAGACTT.AACCTA-TAT-GAGA-AAAGAGCAGAAGATAG-GGAAAT--A--TAATGG---AGAAG  193
HIVMAL      TAGACAGGTTG.ATTGAT-GAA-AAGA-AAAGAGCAGAAGATAG-GGCAAT--G--TGAGGG---TACAG  184
```

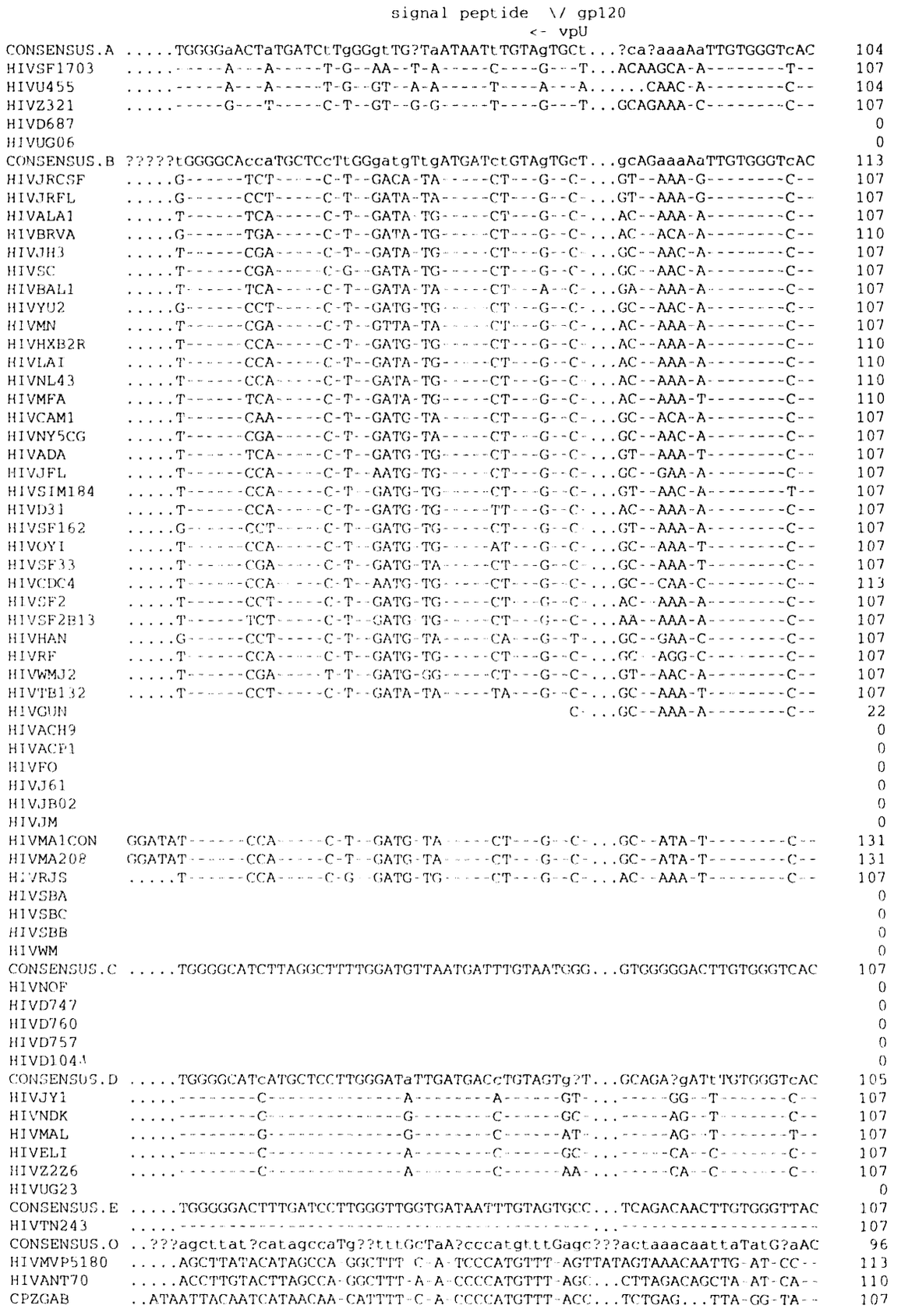
HIV-1 VPU

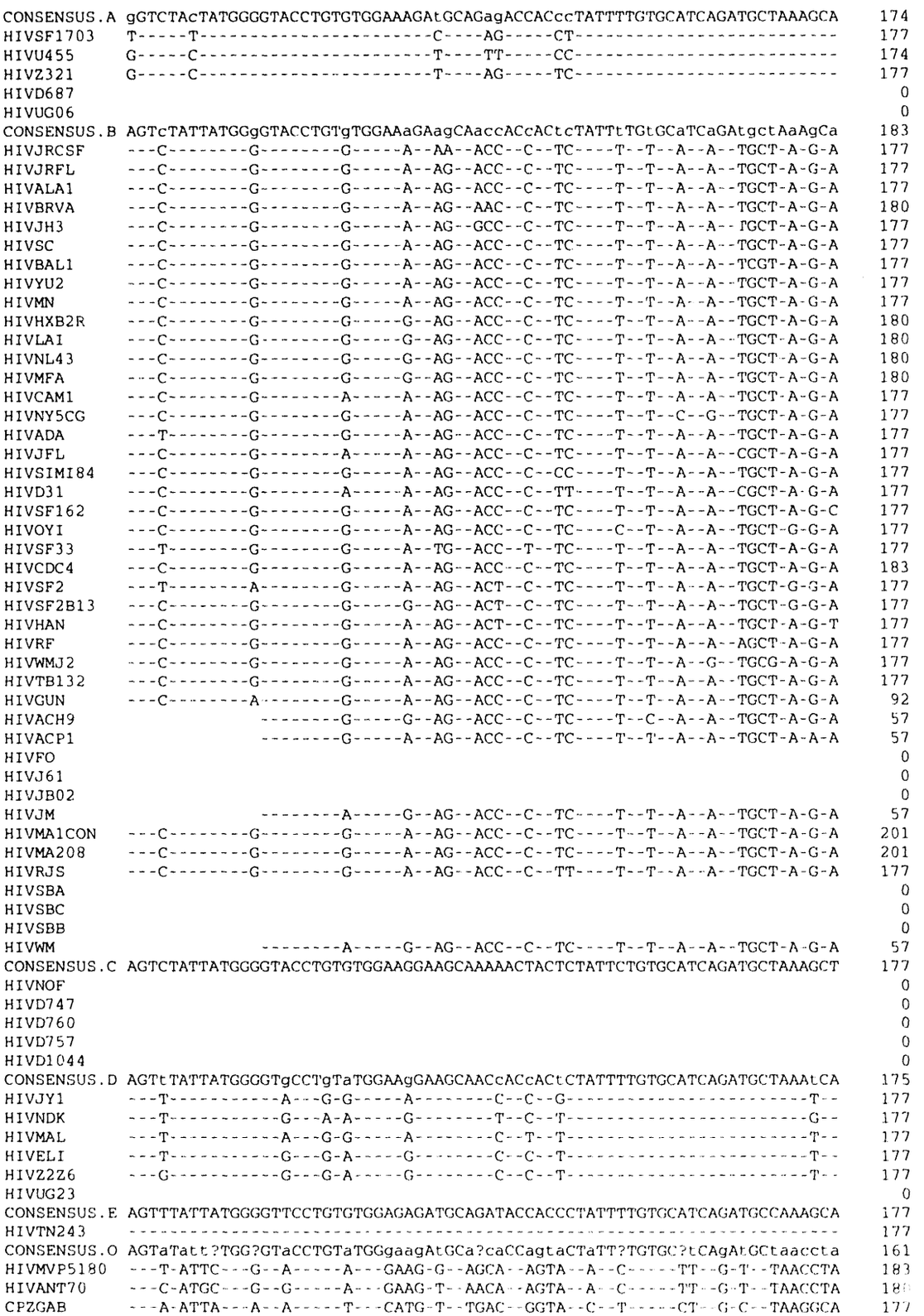
```
CONSENSUS.B aaGAa...tTaTCAGcaCTt????????????gTGGagAtG???GGGCAccaTGCTCCTTGGGataTTgA   234
HIVLAI      ...-A...A-A----CA--TGTGGAGATGGGGG---AA-T-...-----CCA----------ATA--G-   236
HIVMN       AG--A...T-A----CA--G...........G---GG-T-...-----CGA----------TTA--A-   236
HIVSC       AG--A...T-A----CA--T...........G---AG-T-...-----CGA-------G---ATA--G-   236
HIVBRVA     AA--A...T-A----CA--T...........G---AG-T-GGG-----TGA----------ATA--G-   239
HIVJH3      AA--A...T-A----CA--T...........G---AG-T-...-----CGA----------ATA--G-   236
HIVBAL1     AA--G...T-A----CA--G...........G---AG-T-...-----TCA----------ATA--A-   236
HIVCDC4     AA--A...T-G----CA--T...........G---AG-T-...-----CCA----------AATG--G-   237
HIVOYI      AA--A...T-A----CG--T...........G---AG-T-...-----CCA----------ATG--G-   236
HIVSF33     AA--A...T-A----TG--T...........G---AG-T-...-----CGA----------ATG--A-   236
HIVSF2      AG--A...T-A----CA--T...........G---AG-T-...-----CCT----------ATG--G-   235
HIVNY5      AA--A...T-A----CA--T...........G---AG-T-...-----CGA----------ATG--A-   192
HIVNL43     ...-A...G-A----CA--TGTGGAGATGGGGG---AA-T-...-----CCA----------ATA--G-   236
HIVCAM1     AA--A...T-G----CG--T...........A---AG-T-...-----CAA----------ATG--A-   236
HIVJRCSF    AA--A...T-A----CA--T...........G---AA-G-...-----TCT----------ACA--A-   236
HIVJRFL     AA--G...T-A----TA--T...........G---AA-G-...-----CCT----------ATA--A-   236
HIVSF162    AA--A...T-A----CA--T...........G---AG-G-...-----CCT----------ATG--G-   236
HIVHAN      AA--A...T-A----CG--T...........G---AG-G-...-----CCT----------ATG--A-   236
HIVD31      AA--A...T-A----CA--T...........G---AG-T-...-----CCA----------ATG--G-   236
HIVRF       AA--A...T-G----CA--T...........G---AA-T-...-----CCA----------ATG--G-   238
CONSENSUS.D AGgAA...TTGTCAAAACTt...........GTGGAAATG...GGGCATCATGCTCCTTGGGATaTTGA   235
HIVELI      --A--...----------G...........---------...--------------------A----   236
HIVZ2Z6     --G--...----------T...........---------...--------------------A----   236
HIVNDK      --G--...----------T...........---------...--------------------G----   236
CONSENSUS.O AagAggaagt?????a?ctt????????????t?catagc?atggcttTGcTaatCCcatg???ttTga   199
HIVANT70    -AC-AGAAGTTATGGACCTT...........GTACTTAGCCATGGCTT--A-AAC--CATG...TT-GA   251
HIVMVP5180  -AC-GGAAGTCATGGAGCTT...........ATACATAGCCATGGCTT--C-AAT--CATG...TT-GA   251
CPZGAB      -AG-GAGACTGGAACAGCTTATCCATAATTACAATCATAACAATCATTT--C-AAC--CATG...TT-GA   260
HIVMAL      -GG-A...TTATCAAAACTG...........GTGGAGATG...GGGCA--A-GCT--TTGGGATGT-GA   236

CONSENSUS.B TGATctG*          241
HIVLAI      ----CT--          243
HIVMN       ----CT--          243
HIVSC       ----CT--          243
HIVBRVA     ----CT--          246
HIVJH3      ----CT--          243
HIVBAL1     ----CT--          243
HIVCDC4     *                 237
HIVOYI      ----AT--          243
HIVSF33     ----CT--          243
HIVSF2      ----CT--          242
HIVNY5      ----CT--          199
HIVNL43     ----CT--          243
HIVCAM1     ----CT--          243
HIVJRCSF    ----CT--          243
HIVJRFL     ----CT--          243
HIVSF162    ----CT--          243
HIVHAN      ----CA--          243
HIVD31      ----TT--          243
HIVRF       ----CT--          245
CONSENSUS.D TGACCTG*          242
HIVELI      --------          243
HIVZ2Z6     --------          243
HIVNDK      --------          243
CONSENSUS.O ????c?g?ACGAA*    206
HIVANT70    G...CCT*          255
HIVMVP5180  GTTATAG           258
CPZGAB      C...CTC*          264
HIVMAL      TGACCTG*          243
```

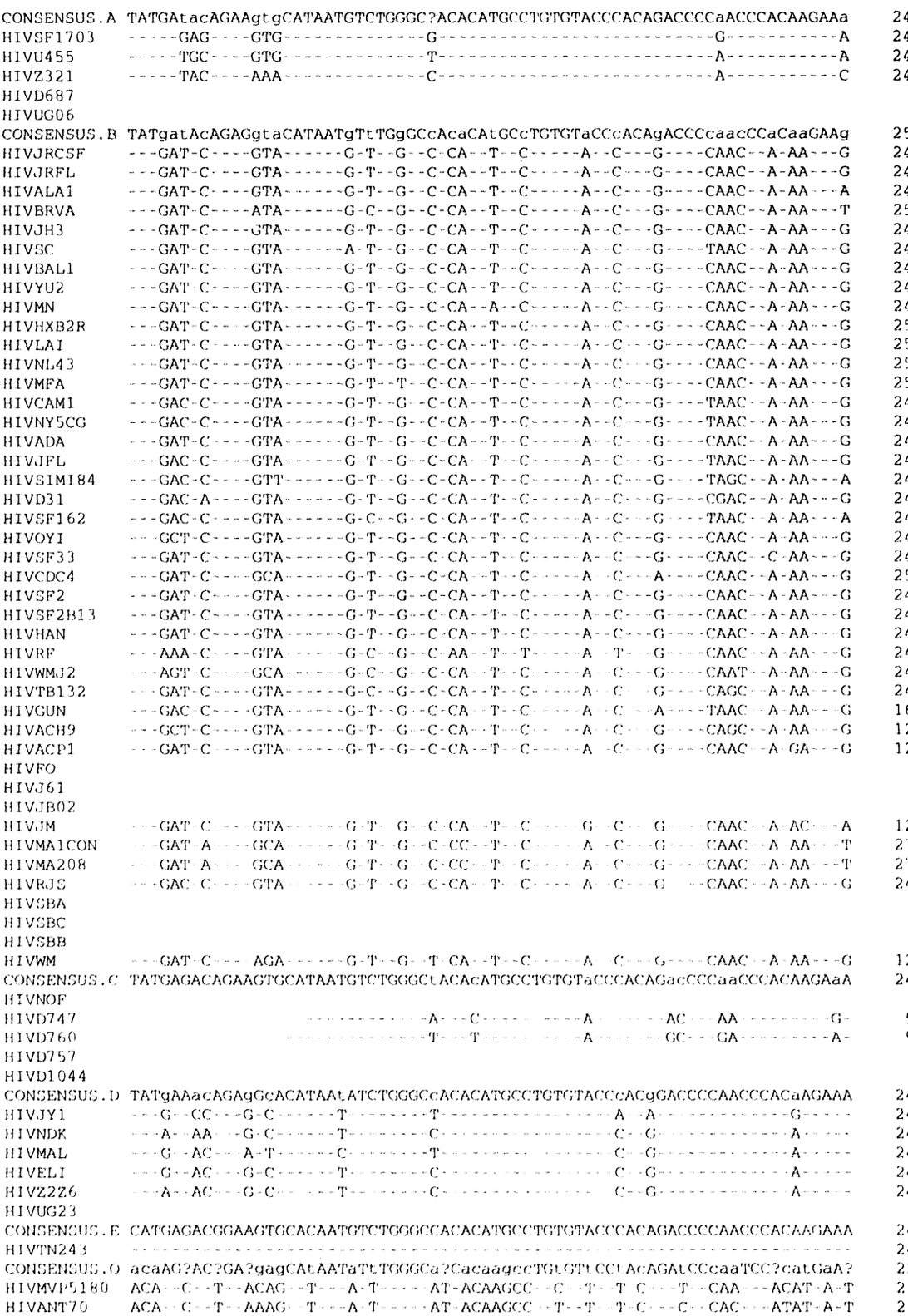
HIV-1 ENV

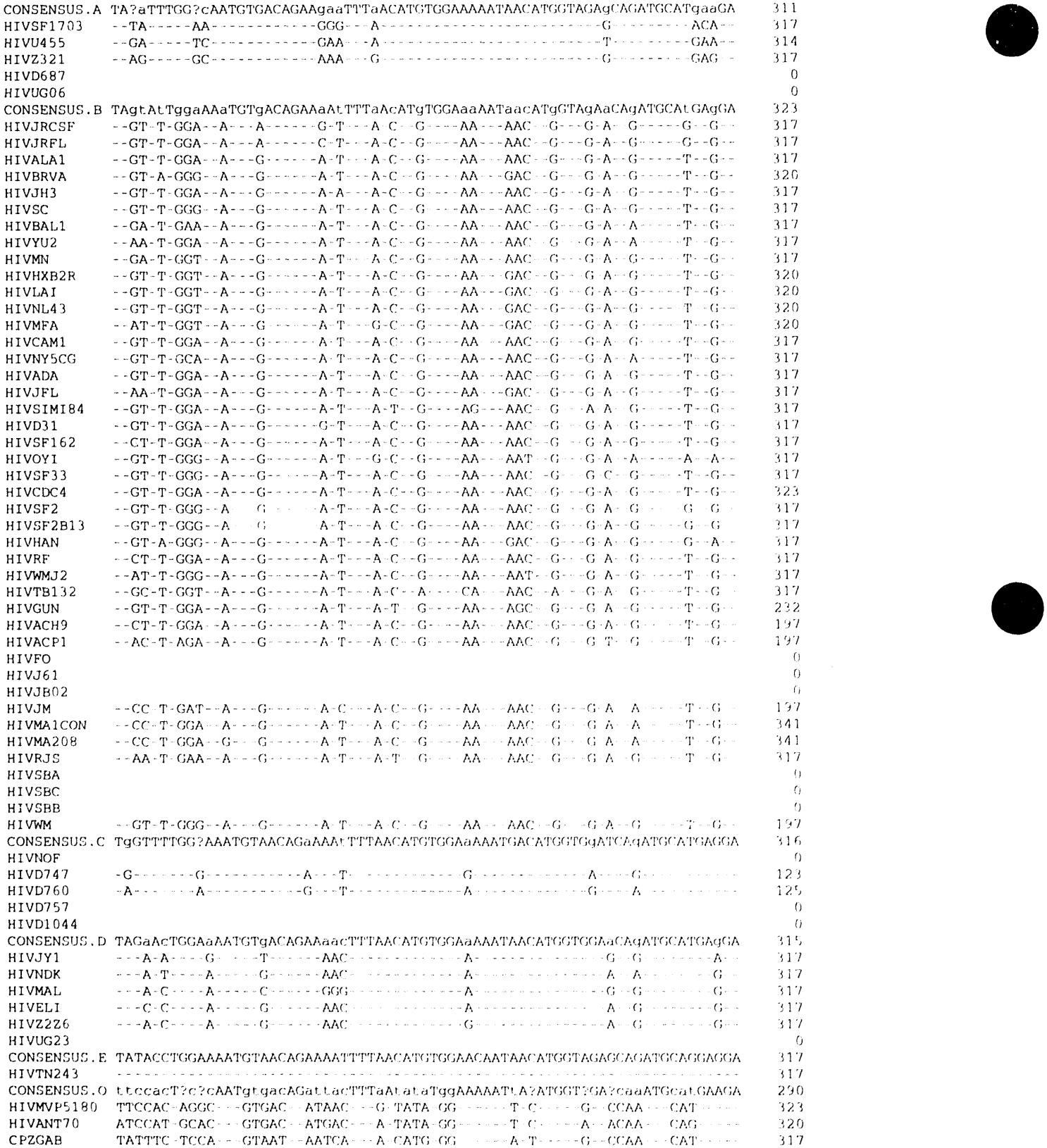
Five major sequence subtypes can be defined over the HIV-1 env coding sequences. A sixth, subtype F found in Brazil and Romania, is under investigation, and a seventh, subtype O, is thought to be responsible for 5% to 10% of HIV infections in Cameroon. Complete env sequences are not available for all five major subtypes. The Northern Thailand isolates, which help define env subtype E, cluster with the A subtype over the gag coding sequence; even so, the existence of partial env sequences from the Central African Republic (Murphy et al.) that also cluster with subtype E sequences from Thailand support the validity of this subtype. The unpublished sequence CPZ-ant contributes to the Consensus.O (Vanden Haesevelde and Saman, Innogenetics, Belgium). The MVP5180 and ANT70 sequences were kindly provided prior to publication by Dr. Lutz Gurtler, of the Max v. Pettenkofer Institute, Munich, and Drs. Eric Saman and Marleen vanden Haesevelde, of Innogenetics, Belgium. Unpublished gp120 sequences (Hahn and colleagues, University of Alabama) for four WHO/GPA samples from Rwanda, Brazil, Thailand and Uganda, contribute to the consensus sequences for subtypes A, B and D; we thank Dr. Saladin Osmanov and the WHO/GPA Network for allowing these sequences to be thus employed. A Zambian isolate sequence, provided by Dr. Francine McCutchan, Henry M. Jackson Foundation, and two South African isolate sequences, provided by Dr. Michael Becker, University of Stellenbosch, contributed to the generation of the C subtype consensus.

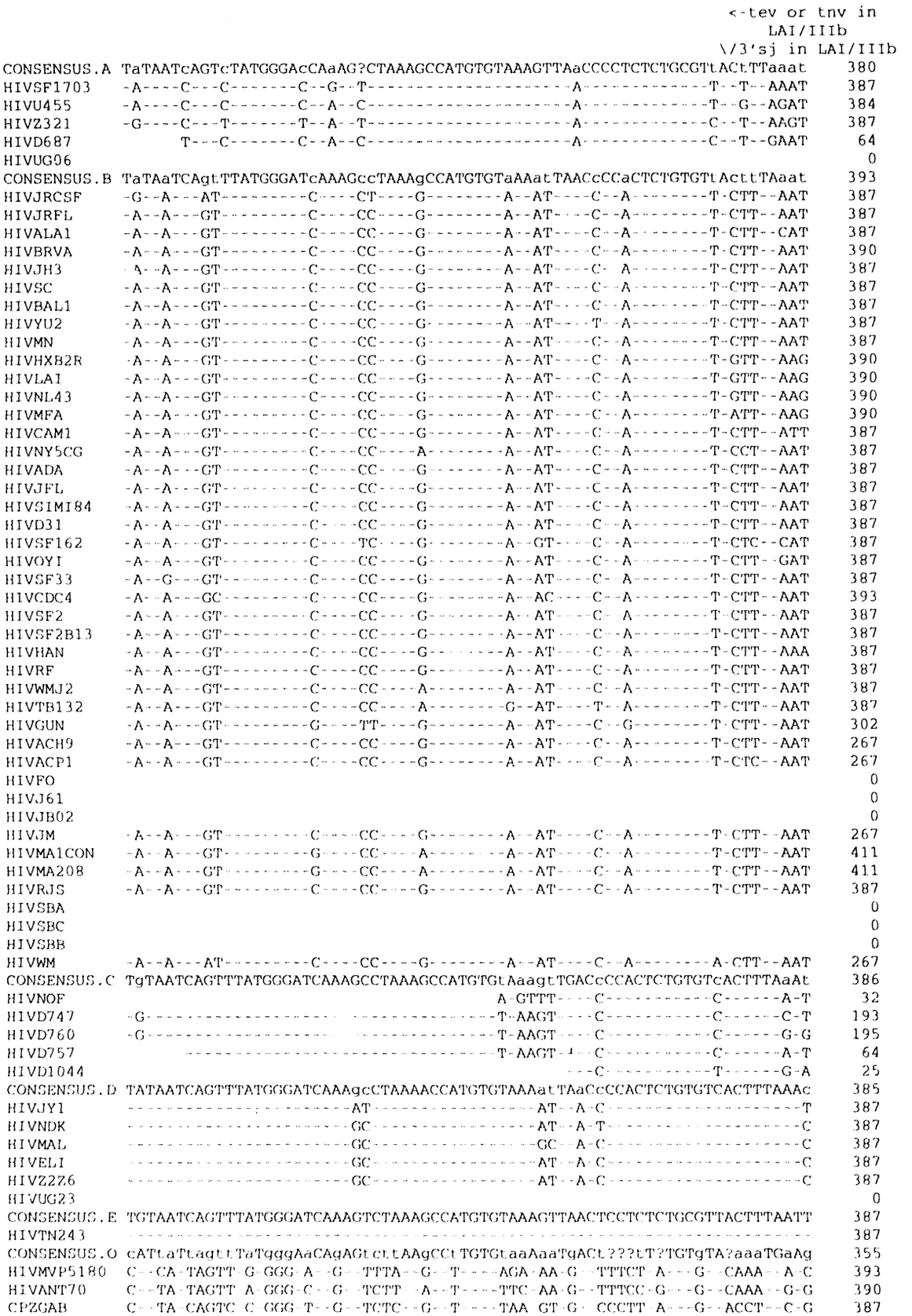



signal peptide \/ gp120
<- vpU





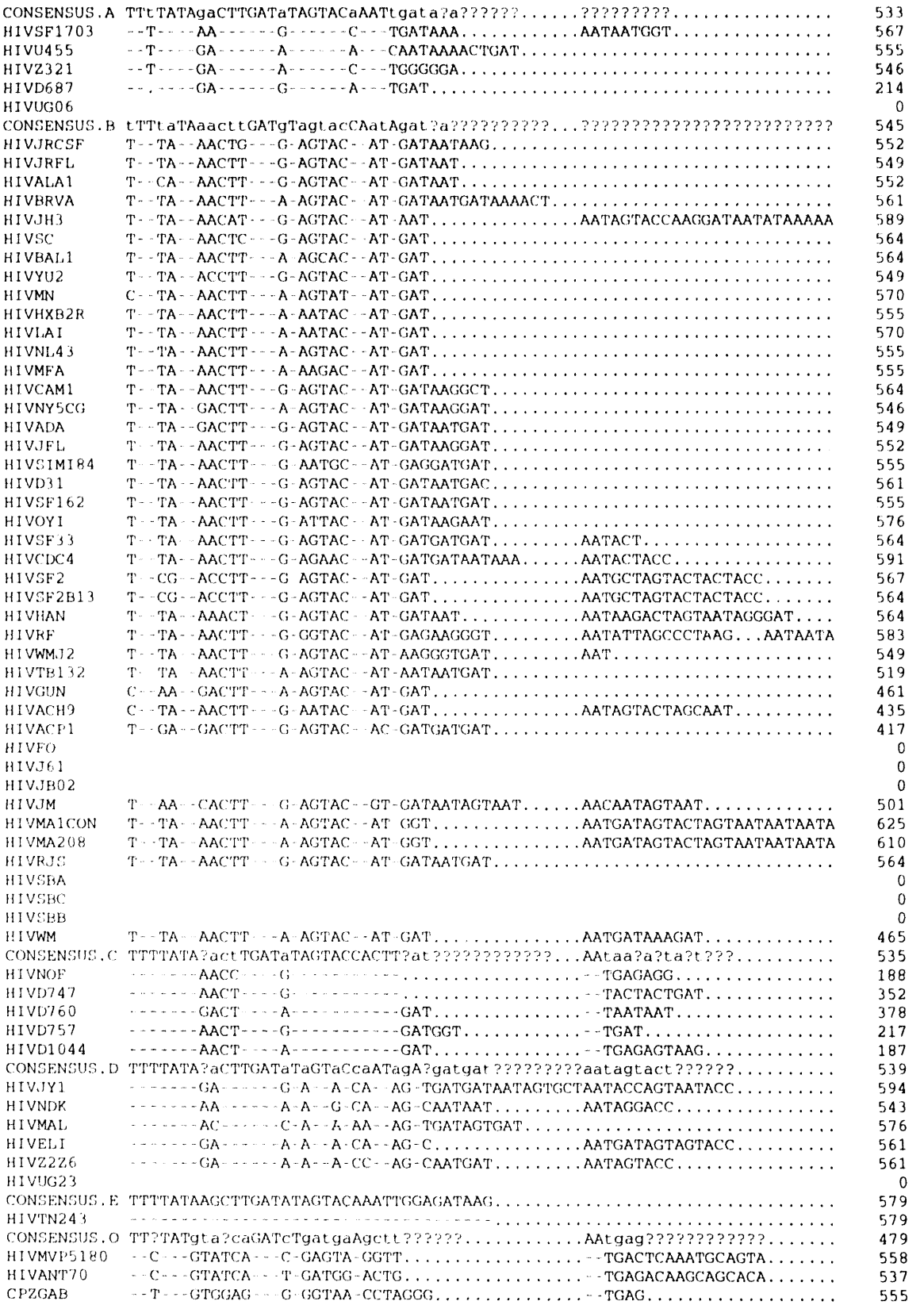



<-tev or tnv in LAI/IIIb
\/3'sj in LAI/IIIb
CONSENSUS.A TaTAATcAGTcTATGGGAcCAaAG?CTAAAGCCATGTGTAAAGTTAaCCCCTCTCTGCGTtACtTTaaat 380
HIVSF1703 -A----C---C-------C--G--T----------A----------T--T--AAAT 387
HIVU455 -A----C---C-------C--A--C----------A----------T--G--AGAT 384
HIVZ321 -G----C---T-------T--A--T----------A----------C--T--AAGT 387
HIVD687 T---C-------C--A--C----------A----------C--T--GAAT 64
HIVUG06 0
CONSENSUS.B TaTAaTCAgtTTATGGGATcAAAGccTAAAgCCATGTGTaAAatTAACcCCaCTCTGTGTtActtTAaat 393
HIVJRCSF -G--A---AT---------C----CT----G--------A--AT----C--A--------T-CTT--AAT 387
HIVJRFL -A--A---GT---------C----CC----G--------A--AT----C--A--------T-CTT--AAT 387
HIVALA1 -A--A---GT---------C----CC----G--------A--AT----C--A--------T-CTT--CAT 387
HIVBRVA -A--A---GT---------C----CC----G--------A--AT----C--A--------T-CTT--AAT 390
HIVJH3 -A--A---GT---------C----CC----G--------A--AT----C--A--------T-CTT--AAT 387
HIVSC -A--A---GT---------C----CC----G--------A--AT----C--A--------T-CTT--AAT 387
HIVBAL1 -A--A---GT---------C----CC----G--------A--AT----C--A--------T-CTT--AAT 387
HIVYU2 -A--A---GT---------C----CC----G--------A--AT----T--A--------T-CTT--AAT 387
HIVMN -A--A---GT---------C----CC----G--------A--AT----C--A--------T-CTT--AAT 387
HIVHXB2R -A--A---GT---------C----CC----G--------A--AT----C--A--------T-GTT--AAG 390
HIVLAI -A--A---GT---------C----CC----G--------A--AT----C--A--------T-GTT--AAG 390
HIVNL43 -A--A---GT---------C----CC----G--------A--AT----C--A--------T-GTT--AAG 390
HIVMFA -A--A---GT---------C----CC----G--------A--AT----C--A--------T-ATT--AAG 390
HIVCAM1 -A--A---GT---------C----CC----G--------A--AT----C--A--------T-CTT--ATT 387
HIVNY5CG -A--A---GT---------C----CC----A--------A--AT----C--A--------T-CCT--AAT 387
HIVADA -A--A---GT---------C----CC----G--------A--AT----C--A--------T-CTT--AAT 387
HIVJFL -A--A---GT---------C----CC----G--------A--AT----C--A--------T-CTT--AAT 387
HIVSIMI84 -A--A---GT---------C----CC----G--------A--AT----C--A--------T-CTT--AAT 387
HIVD31 -A--A---GT---------C----CC----G--------A--AT----C--A--------T-CTT--AAT 387
HIVSF162 -A--A---GT---------C----TC----G--------A--GT----C--A--------T-CTC--CAT 387
HIVOYI -A--A---GT---------C----CC----G--------A--AT----C--A--------T-CTT--GAT 387
HIVSF33 -A--G---GT---------C----CC----G--------A--AT----C--A--------T-CTT--AAT 387
HIVCDC4 -A--A---GC---------C----CC----G--------A--AC----C--A--------T-CTT--AAT 393
HIVSF2 -A--A---GT---------C----CC----G--------A--AT----C--A--------T-CTT--AAT 387
HIVSF2B13 -A--A---GT---------C----CC----G--------A--AT----C--A--------T-CTT--AAT 387
HIVHAN -A--A---GT---------C----CC----G--------A--AT----C--A--------T-CTT--AAA 387
HIVRF -A--A---GT---------C----CC----G--------A--AT----C--A--------T-CTT--AAT 387
HIVWMJ2 -A--A---GT---------C----CC----A--------A--AT----C--A--------T-CTT--AAT 387
HIVTB132 -A--A---GT---------C----CC----A--------G--AT----T--A--------T-CTT--AAT 387
HIVGUN -A--A---GT---------G----TT----G--------A--AT----C--G--------T-CTT--AAT 302
HIVACH9 -A--A---GT---------C----CC----G--------A--AT----C--A--------T-CTT--AAT 267
HIVACP1 -A--A---GT---------C----CC----G--------A--AT----C--A--------T-CTC--AAT 267
HIVFO 0
HIVJ61 0
HIVJB02 0
HIVJM -A--A---GT---------C----CC----G--------A--AT----C--A--------T-CTT--AAT 267
HIVMA1CON -A--A---GT---------G----CC----A--------A--AT----C--A--------T-CTT--AAT 411
HIVMA208 -A--A---GT---------G----CC----A--------A--AT----C--A--------T-CTT--AAT 411
HIVRJS -A--A---GT---------C----CC----G--------A--AT----C--A--------T-CTT--AAT 387
HIVSBA 0
HIVSBC 0
HIVSBB 0
HIVWM -A--A---AT---------C----CC----G--------A--AT----C--A--------A-CTT--AAT 267
CONSENSUS.C TgTAATCAGTTTATGGGATCAAAGCCTAAAGCCATGTGtAaagtTGACcCCACTCTGTGTcACTTTAaAt 386
HIVNOF A-GTTT----C----------C------A-T 32
HIVD747 -G----------T-AAGT----C----------C------C-T 193
HIVD760 -G----------T-AAGT----C----------C------G-G 195
HIVD757 ----------T-AAGT----C----------C------A-T 64
HIVD1044 ---C----------T------G-A 25
CONSENSUS.D TATAATCAGTTTATGGGATCAAAgcCTAAAACCATGTGTAAAatTAaCcCCACTCTGTGTCACTTTAAAc 385
HIVJY1 ----------AT----------AT--A-C----------T 387
HIVNDK ----------GC----------AT--A-T----------C 387
HIVMAL ----------GC----------GC--A-C----------C 387
HIVELI ----------GC----------AT--A-C----------C 387
HIVZ2Z6 ----------GC----------AT--A-C----------C 387
HIVUG23 0
CONSENSUS.E TGTAATCAGTTTATGGGATCAAAGTCTAAAGCCATGTGTAAAGTTAACTCCTCTCTGCGTTACTTTAATT 387
HIVTN243 387
CONSENSUS.O cATtaTtagttTaTgggAaCAgAGtcttAAgCCtTGTGtaaAaaTgACt???tT?TGTgTA?aaaTGaAg 355
HIVMVP5180 C--CA-TAGTT-G-GGG-A--G--TTTA--G--T----AGA-AA-G--TTTCT-A---G--CAAA--A-C 393
HIVANT70 C--TA-TAGTT-A-GGG-C--G--TCTT--A--T----TTC-AA-G--TTTCC-G---G--CAAA--G-G 390
CPZGAB C--TA-CAGTC-C-GGG-T--G--TCTC--G--T---TAA-GT-G-CCCTT-A---G--ACCT--C-G 387

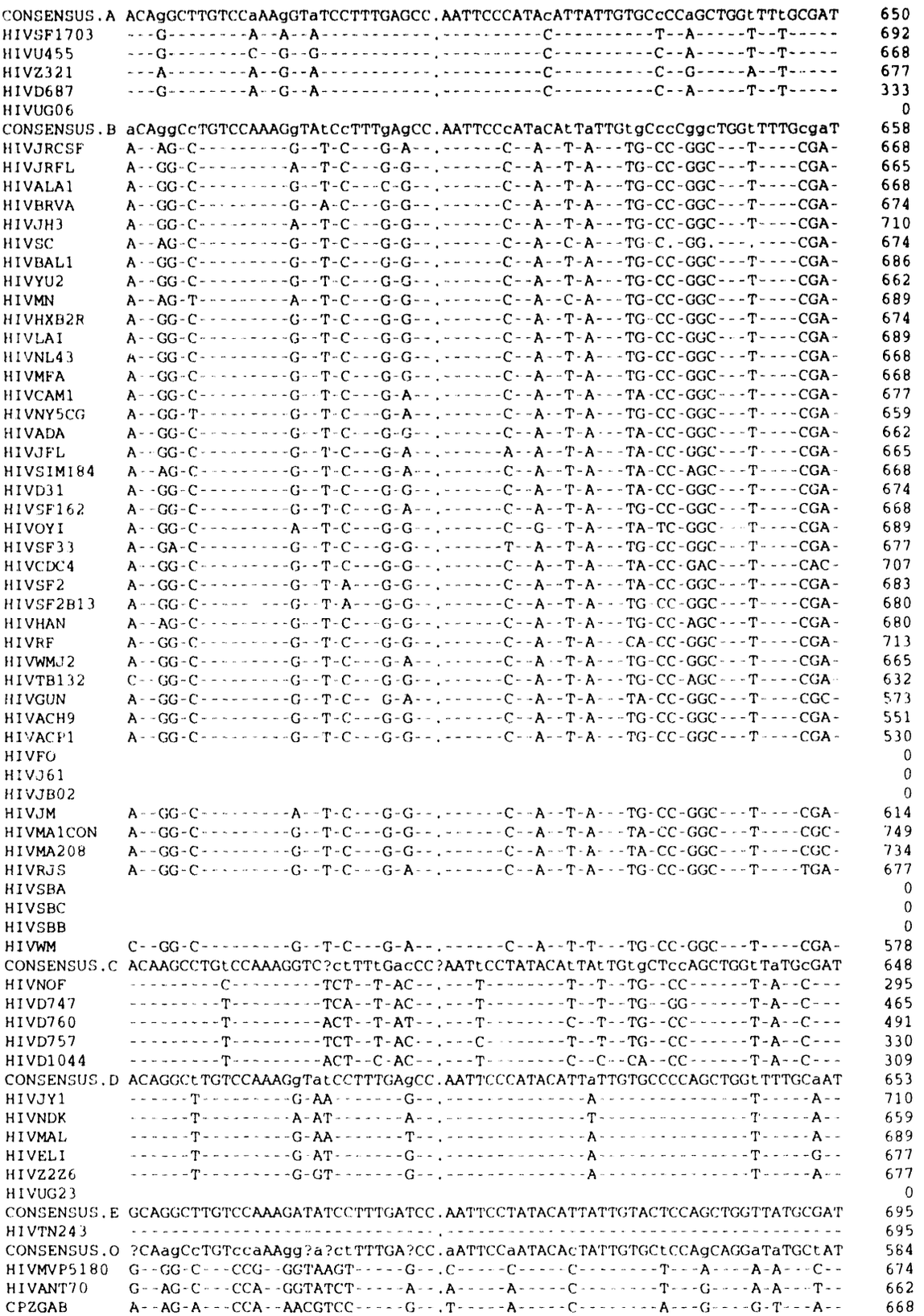
```
CONSENSUS.A TGta??cat??????.....aacatcacca?????.....AACAaCACcatca   410
HIVSF1703   --TAGCCAT.....AACATCACCACCCAT.....----T---CACCA   424
HIVU455     --C...CAT.....AACATCACCATT.....----A---CAAT.   414
HIVZ321     --C...CAT.....----T---CATCA   406
HIVD687     --TAGTGACGTCACC.....----A---CTTTA    92
HIVUG06                                                        0
CONSENSUS.B TGCactgATttga?g??????.....????????????????????????AAtgctact??t?   417
HIVJRCSF    ---AAAG--GTG.....--TGCTACT....   408
HIVJRFL     ---AAGG--GTG.....--TGCTACT....   408
HIVALA1     ---ATTG--TATTTG.....--TGCTACT....   411
HIVBRVA     ---CATG--TTC.....--TGCTACT....   411
HIVJH3      ---ATTG--TGGGGG.....AATGATACTAGCCCC.....--TGCTACT....   426
HIVSC       ---ACTA--TTGAGG.....AATGATACTAGCACC.....--TGCTACT....   426
HIVBAL1     ---ACTG--TTGAGG.....AATGCTACTAATGGG.....--TGACACT....   426
HIVYU2      ---ACTG--TTAAGG.....--TGCTACT....   411
HIVMN       ---ACTG--TTGAGG.....AATACTACTAATACCAAT.....--TAGTACTGCTA   433
HIVHXB2R    ---ACTG--TTGAAG.....--TGATACTAATA   418
HIVLAI      ---ACTG--TTGGGG.....AATGCTACTAATACC.....--TAGTAGTAATA   433
HIVNL43     ---ACTG--TTGAAG.....--TGATACTAATA   418
HIVMFA      ---ACTG--TTGAAG.....--TGATACTAATA   418
HIVCAM1     ---ACTA--GTA.....--TAATACTAGGA   412
HIVNY5CG    ---ACTG--TTGACG.....--TGCTACTTATG   415
HIVADA      ---ACTG--TTGAGG.....--TGTTACTAATA   415
HIVJFL      ---ATTA--TTGAAG.....--TGTTACTAATA   415
HIVSIMI84   ---ACTA--TGGAAGAGTGCT.....--TAGTACCAGTA   421
HIVD31      ---ACTG--CTGAAG.....--TGCTACTAATA   415
HIVSF162    ---ACTA--TTGAAG.....--TGCTACT....   411
HIVOYI      ---ACTG--GTT.....AATACCACTAGTAGTAGTTTGAGG.....--TGCTACT....   432
HIVSF33     ---ACTG--TATTTGGGG.....--TGCTACTAATA   418
HIVCDC4     ---ACTG--TTGAATACTAAT.....--TACTACT....   423
HIVSF2      ---ACTG--TTGGGG.....--GGCTACTAATA   415
HIVSF2B13   ---ACTG--TTGGGG.....--GGCTACAACC.   414
HIVHAN      ---ACTG--TATAAT.....--TGCCACT....   411
HIVRF       ---ACTG--GCTAACTTG.....--TGGTACT....   414
HIVWMJ2     ---ATTG--AAG.....--CATTACTGATT   412
HIVTB132    ---ACTA--TTGAGG.....--TGATACT....   411
HIVGUN      ---ACTA--TTGGTG.....--TGCTACTTATA   330
HIVACH9     ---ACTG--AATTTG.....--TAGTACTAATT   295
HIVACP1     ---ACTG--GATTTGAGG.....--TGAT.....   291
HIVFO                                                          0
HIVJ61                                                         0
HIVJB02                                                        0
HIVJM       ---AATG--GCCTCGAGG.....AATGTTACTAAGAGGAATGATACTAATGAG--TGCTACTGATA   328
HIVMA1CON   ---ACTG--GCCACTATTAGA.....AATGCCACTATTAGA.....ACTAATACC--TACTACT....   465
HIVMA208    ---ACTG--GCCACTATTAGA.....ACTAATACC--TACTACTAATA   454
HIVRJS      ---ACTA--TGGAAG.....--TGATACTGATA   415
HIVSBA                                                         0
HIVSBC                                                         0
HIVSBB                                                         0
HIVWM       ---ACTG--TGTGTAACTTCA.....--TTGCACTAATT   301
CONSENSUS.C TGTacAaatg?t??????.....aatg?tac????????????.....AAT?cTAccaata   416
HIVNOF      ---AC-GATGTAAAAGTT.....---GC--CCAGTA    63
HIVD747     ---AC-.....AATGCTACCTATAGT.....---AG--CCTAC.   226
HIVD760     ---GG-AATGTT.....AATGCTACC.....---AT--CCAATA   229
HIVD757     ---AC-AATGCA.....---GT--CCTATG    89
HIVD1044    ---AG-CAGGCT.....AATTTTACC.....---GC--CCAATG    59
CONSENSUS.D TGcActgAtgaa?tgagg???.....????????????????.....AAtggcActa?t?   413
HIVJY1      --C-CTA-TGCTGGGGGG.....--TAAG-CTACTA   418
HIVNDK      --C-CTG-TGAATTGAGG.....--CAGC-AGGGC.   417
HIVMAL      --C-CTA-TGTG.....AATGGGACTGCTGTG.....--TGGG-CTAATG   427
HIVELI      --T-GTG-TGAATTGAGGAAC.....--TGGC-CTATGG   421
HIVZ2Z6     --C-TAG-TGAAGTGATGGAG.....--TGTC-CAATGA   421
HIVUG23                                                        0
CONSENSUS.E TGTACCAATGCTAAGTTGACCAATGCTAATTTGACCAATGTCAATAACATAACC...AATGTCTCTAACA   454
HIVTN243    ----------.....----------   454
CONSENSUS.O TGtaca?a??t??a????????????????.....???.....aata?AACA????   372
HIVMVP5180  --TGTAGATCTGCAA.....ACA.....AATAA--------   420
HIVANT70    --TACAAACATAGCT.....GGAAC--------   414
CPZGAB      --CAGTAAGGCTAACTTTAGCCAGGCAAAA.....AACCT--------   426
```

```
CONSENSUS.A ????????.........AAcatcaCc?????????.............????atga?atgaaa...Gg    431
HIVSF1703   ACAACCCC.........--TATCA-C.....................AAATACATGGAA.......-G    455
HIVU455     .................--CAACA-CAATATCACA.............GATGGAGTGAGG...-A    446
HIVZ321     AGGAC............--TAACA-CAATGTAGAT.............ACTGAAATGAAA...-A    443
HIVD687     GC...............--CGTAT-T.....................TATGACATGAAA...-G    117
HIVUG06                                                                         0
CONSENSUS.B ?????............aata?ta?tagt?g???????????????????gg?aa?gatggagaaa???gg    444
HIVJRCSF    .................AATACCACTAGTAGTAGT...........GAGGGAATGATGGAGAGA...GG    446
HIVJRFL     .................AATACCACTAATGATAGC...........GAGGGAACGATGGAGAGA...GG    446
HIVALA1     .................AATACCACTAGTAGTAAC...........GGGACAAAGATGGAGAGA...GG    449
HIVBRVA     .................AATGCCACTAGTAATAGC...........GGGAAAATGATGGAGGGA...GG    449
HIVJH3      .................AATACCACTAGTAGTGGC...........GGGGAAAAGATGGAGAAA...GG    464
HIVSC       .................AATACCACTAGTAGTAAT...........CGGGGAAAGATGGAGGGA...GG    464
HIVBAL1     .................AATACCACTAGTAGTAGC...........AGGGGAATGGTGGGGGGA...GG    464
HIVYU2      .................AATACCACTAGTAGTAGC...........TGGGAAACGATGGAGAAA...GG    449
HIVMN       AT...............AACAATAGTAATAGC.............GAGGGAACAATAAAGGGA...GG    470
HIVHXB2R    CC...............AATAGTAGTAGCGGG.............AGAATGATAATGGAGAAA...GG    455
HIVLAI      CC...............AATAGTAGTAGCGGG.............GAAATGATGATGGAGAAA...GG    470
HIVNL43     CC...............AATAGTAGTAGCGGG.............AGAATGATAATGGAGAAA...GG    455
HIVMFA      CC...............AATAGTAGTAACGGG.............AGAATGATAATGGAGAAA...GG    455
HIVCAM1     CC...............AATAGTAGTGATTGGGACAGGAGG......GAAGGAGAAAAGATGAAA...GG    458
HIVNY5CG    CC...............AATGGTAGTAGT.........................GAGGAGAGA...GG    440
HIVADA      TC...............AATAATAGTAGT.............GAGGGA...ATG...AGA...GG    443
HIVJFL      TC...............AATAATAGT...............TGGGGAAAGATGGAGGAA...GG    446
HIVSIMI84   ATACC............AATAGTAGT.....................TTGGAGGAGAAA...GG    449
HIVD31      CCAAT............AATAGTAGTTGGACGATG..........ACAGGAGAAATG...AAA...GG    455
HIVSF162    .................AATACCAAGAGTAGTAAT..........TGGAAAGAGATGGACAGA...GG    449
HIVOYI      .................AATACCACAAGTAGTAGT..........TGGGAAACGATGGAGAAA...GG    470
HIVSF33     CC...............AACAATAGTAGTGGGGGA..............ACGGTGGAGAAA...GA    452
HIVCDC4     .................AATACTACTGAACTATCAATAATAGTAGTTTGGGAACAACGGGGTAAA...GG    473
HIVSF2      CC...............AATAGTAGTAATTGGAAA..............GAAGAAATAAAA...GG    449
HIVSF2B13   .................AATAGTAATAATTGGAAA..............GAAGAAATAAAA...GG    446
HIVHAN      .................AACAGTAGTTGGGGAAGG.................ATGGAGAAA...GG    440
HIVRF       .................AATGTCACTAGTAGTAGCGGG.........GGAACAATGATGGAGAAC...GG    455
HIVWMJ2     GGAAG............AATACAACAATA.........................ATAGGAGGA...GG    440
HIVTB132    ..................................................................AG    413
HIVGUN      GT...............AATAGTAGT.....................TGGGAAAAGATGGACAGA...GG    361
HIVACH9     TGGGG............AATAATACTGAT.............................ATCAAA...GG    320
HIVACP1     ..................................................TGGGAACAGATGGAGAAA...GG    311
HIVFO                                                                           0
HIVJ61                                                                          0
HIVJB02                                                                         0
HIVJM       GTAAT............AATGGGACTGCTACTAGTGGGAAT......AAAACTATGATGGAAAAGTATGC    380
HIVMA1CON   .................AATACTAGTAGTAGC..............GGGGAAGTGATGGAGAGA...GA    500
HIVMA208    CT...............AATAGTAGC.....................GGGGAAGTGAAGGAGAGA...GA    485
HIVRJS      CT...............AATACCACTAATAGTAGTAGT.........GGGGAAAAAATGGAGGAA...GG    458
HIVSBA                                                                          0
HIVSBC                                                                          0
HIVSBB                                                                          0
HIVWM       TGAGG............AATGTTACCAATACCAAAAGTAGTAGC...AAGGAAATAATGGAAAAA...GG    353
CONSENSUS.C at?gt???????????Aata?tACt????????????.....??????????????????...Ga    430
HIVNOF      ACAGTAAT.........-ACATG--T.....................................-G     82
HIVD747     .................-ATAGT--CTACAAT.............................-A    243
HIVD760     ATGGGGAAAAT......-ATCCT--CAATATTACC.....................AATAATAGG...-A    269
HIVD757     ATAATGGT.........-ACTAC--T.....................................-A    108
HIVD1044    CTAAC............-ATGCT--G.....................................-A     75
CONSENSUS.D ????????.........AATg?cAct?????????.............????????a??GAgga?...??    427
HIVJY1      ATGGGAAT..........---ACT-CTAATCAGGAG............GAACAGATGATG--GAAA...GG    464
HIVNDK      ..................---GGG-AGGTA.....................GAA--GGAG...GA    440
HIVMAL      CTGGGAGT..........---AGG-CTAATGCA..............GAATTGAAAATG--AATT...GG    470
HIVELI      GGAAC.............---GTC-CT.....................ACA--GGAG...AA    446
HIVZ2Z6     AGAATAAT..........---GTC-CA.....................--GGAA...AT    446
HIVUG23                                                                         0
CONSENSUS.E TAATAGGA.........AATATAACA.....................................GA    473
HIVTN243    --------.....................................................--    473
CONSENSUS.O ??????????????????aa??agaca?ta???????????????...???????????aatga?...at    3c8
HIVMVP5180  ........GGCCTATTAAATGAGACAATA.....................AATGAG.....    447
HIVANT70    ..........................................................AATGAA...AA    422
CPZGAB      .................AACCAGACATCTTCT.....................CCGCCT...CT    449
```

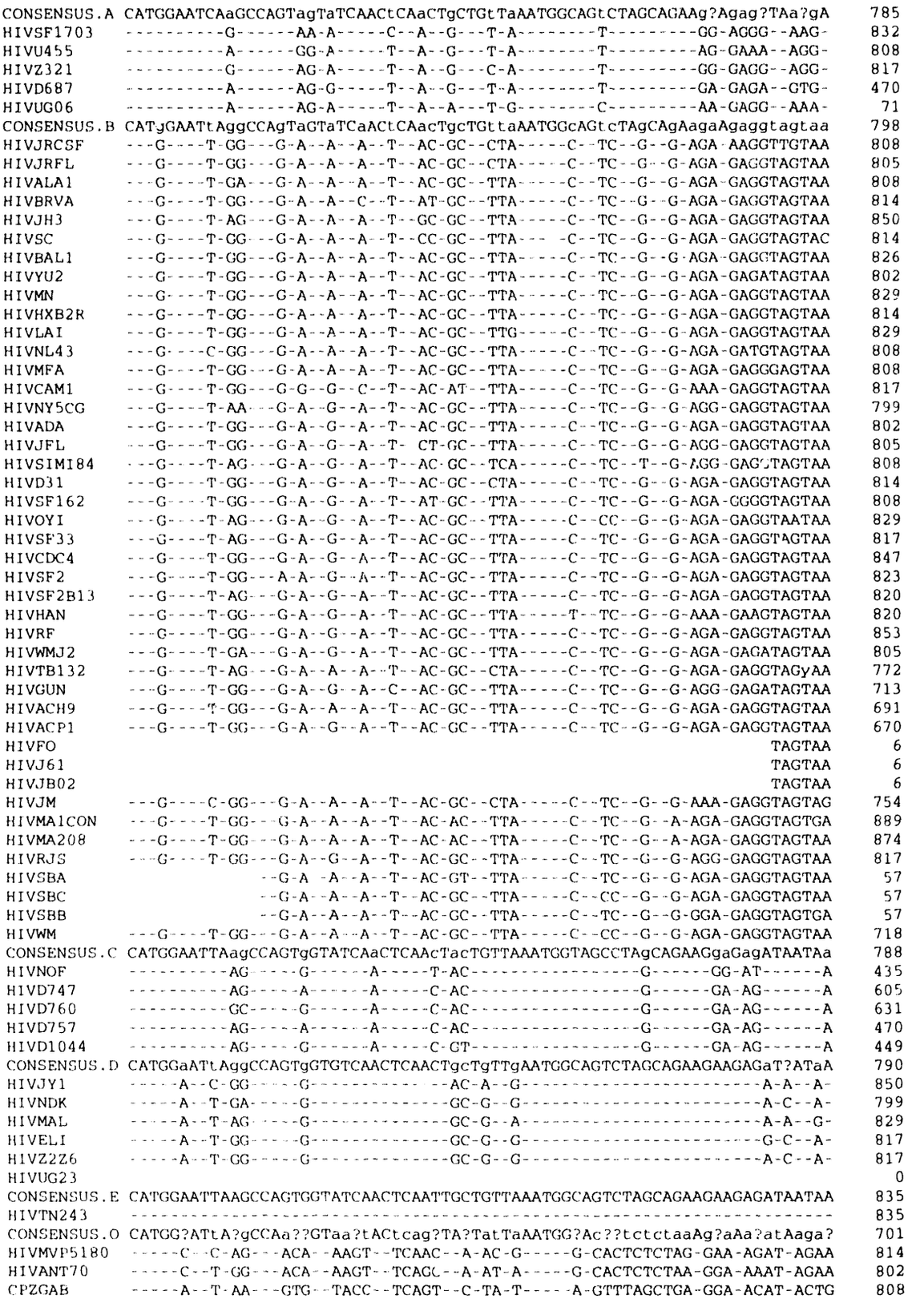
```
                                                    -> tev or tnv in LAI/IIIb
                                                5' sj\/
CONSENSUS.A aGAAATaAAaAAcTGcTCTTtCAATATGACCACAGAatTAAGaGATAAGaAAcaGAaAgtaTATTCACTt    501
HIVSF1703   A-----A--G--C--C----A---------------AC----G------A--CA--A-GTG--------T    525
HIVU455     A-----G--A--T--C----T---------------AC----A------A--CA--A-GTA--------T    516
HIVZ321     A-----A--A--T--T----A---------------AT----A------C--AG--A-ATA--------G    513
HIVD687     G-----A--A--C--C----T---------------GT----A------A--.A--A-G.A--------T    185
HIVUG06                                                                              0
CONSENSUS.B aGaaaTaaaAAAcTGcTCTTTCaAtatcAcCAcAagcAtaagagataaggtgcagaaagaataTGCactt    514
HIVJRCSF    A-AAA-AAA---C--C------A-TATC-C--A-AGC-TAAGAGATAAGGTGCAGAAAGAATA---TCTT    516
HIVJRFL     A-AAA-AAA---C--C------A-TATC-C--C-AGC-TAAGAGATGAGGTGCAGAAAGAATA---TCTT    516
HIVALA1     A-AAA-AAA---C--C------A-TATC-C--C-AGC-TAAGAGATAAGATGCAGAAAGAATC---GCTT    519
HIVBRVA     A-AAA-GAA---C--C------A-TATC-C--C-AGC-TAAGAGATAAGATGCAGAAAGAATA---ACTT    519
HIVJH3      A-AAA-GAA---C--C------A-TATC-C--C-AGC-TAAGAGATAAGGTGCAGAAAGAACA---ACTT    534
HIVSC       A-AAA-GAC---C--C------A-TATC-C--C-AGC-TAAGAAGTAAGGTACAGAAAGAATA---ACTT    534
HIVBAL1     A-AAA-GAA---T--C------A-TATC-C--C-AAC-TAAGAGGTAAGGTGCAGAAAGAATA---ACTT    534
HIVYU2      A-AAA-AAA---C--C------A-TATC-C--C-AGC-TAAGAGATAAGGTACAGAAAGAATA---ACTT    519
HIVMN       A-AAA-GAA---C--C------A-TATC-C--C-AGC-TAAGAGATAAGATGCAGAAAGAATA---ACTT    540
HIVHXB2R    A-AGA-AAA---C--C------A-TATC-G--C-AGC-TAAGAGGTAAGGTGCAGAAAGAATA---ATTT    525
HIVLAI      A-AGA-AAA---C--C------A-TATC-G--C-AGC-TAAGAGGTAAGGTGCAGAAAGAATA---ATTT    540
HIVNL43     A-AGA-AAA---C--C------A-TATC-G--C-AGC-TAAGAGATAAGGTGCAGAAAGAATA---ATTC    525
HIVMFA      A-AGA-AAA---C--C------A-TATC-G--C-AGC-TAAGAAATAAGGTGCAGAAAGAATA---ATTC    525
HIVCAM1     A-AAA-AAA---C--C------A-TGTC-C--C-AGC-TAAGAAATAAGGTGCGGAAAGAATA---ACTT    528
HIVNY5CG    A-AAA-AAG---T--C------A-TGTC-C--C-ATC-TAAGAAATAAGATACAAAAAGAATA---ACTT    510
HIVADA      A-AAA-AAA---C--C------A-TATC-C--C-AGC-TAAGAGATAAGGTGAAGAAAGACTA---ACTT    513
HIVJFL      A-AAA-AAA---C--C------A-TACC-C--C-AGC-TAAAAAATAAGATGCAGAGAGAATA---ACTT    516
HIVSIMI84   A-AAA-AAA---C--C------A-TGTC-C--C-AGT-TAAAAAATAAGGTACAGACAGAATA---ACTT    519
HIVD31      A-AAA-AAA---C--C------A-TATC-C--C-AGC-TAAGAGATAAGGTGCAGAAAGAATA---ACAC    525
HIVSF162    A-AAA-AAA---T--C------A-GGTC-C--C-AGC-TAAGAAATAAGATGCAGAAAGAATA---ACTT    519
HIVOYI      A-AAT-AAA---C--C------A-TACC-C--C-AGC-TAAGAGATAAGATGCAGGAACAATA---ACTT    540
HIVSF33     A-AAA-AAA---C--C------A-TATC-C--C-GGC-TAAGAGATAAGGTACAGAAGGCATA---ATAT    522
HIVCDC4     A-AAA-GAG---C--T------A-TATC-C--C-AGC-TAAGAGATAAGGTGCAGAGAGAATA---ATTG    543
HIVSF2      A-AAA-AAA---C--C------A-TATC-C--C-AGC-TAAGAGATAAGATTCAGAAAGAAAA---ACTT    519
HIVSF2B13   A-AAA-AAA---C--C------T-TATC-C--C-AGC-TAAGAGATAAGATTCAGAAAGAAAA---ACTT    516
HIVHAN      A-AAA-ACA---C--C------A-GGTC-C--C-AAC-TAAGAGATAAGGTACAGAAAGAATC---ACTT    510
HIVRF       A-AAA-AAA---C--C------C-AGTT-C--C-AGT-GAAGAGATAAGACGCAGAAAAAATA---ACTT    525
HIVWMJ2     A-AAG-AAA---C--C------A-TATC-C--C-AGC-GAAGAGATAAGGTGCATAAAGAATA---ACTT    510
HIVTB132    T-AAA-GAA---C--C------A-GATC-C--C-AGT-TAAGGGATAAGTTGCAGAAAGAATA---ACTC    483
HIVGUN      A-AAA-ACA---C--C------A-TATC-C--C-AGA-AAAGAAATAAGGTGCAGAAACAATA---ACTT    431
HIVACH9     A-AAA-AAA---C--C------A-TATC-C--C-AGC-GAGGAGGTAAGATGCAGAAAGAATA---ACTT    390
HIVACP1     A-AAA-AAA---C--C------T-TATC-C--C-AAC-TAAGAAATAAGATGCAAAAACAATA---ACTT    381
HIVFO                                                                                0
HIVJ61                                                                               0
HIVJB02                                                                              0
HIVJM       A-AAA-AAA---C--C------A-TATC-C--C-AAT-TGGGAGGAAAGATGAAGAAAGAATA---ACTT    450
HIVMA1CON   A-AAA-AAA---T--C------A-TATC-C--C-AAC-TAAAAGATAGGATGCAGAAGGTATA---AACT    570
HIVMA208    A-AAA-AAA---T--C------A-TATC-C--C-AAC-TAAAAGATAGGATGCAGAAGGCATA---AACT    555
HIVRJS      A-AAA-AAA---C--C------A-TATC-C--C-AGT-TAAGAAATAAGTTGCAGAAAGGATA---ACTT    528
HIVSBA                                                                               0
HIVSBC                                                                               0
HIVSBB                                                                               0
HIVWM       A-AAA-AAA---C--C------T-TATC-C--C-AGC-TAAGAAATAAAAGGCAGAAAGAATA---AACT    423
CONSENSUS.C AGAAATaAaAAATTGCtCTTTCaAT?CAACcACaGaAaTAagaGATaaGaaaacagAaagtg?atGCACTT    498
HIVNOF      ------A-A-------T-----T--A----C--A-A-A--GGA---AA-AAACAG-AAGTGTAT------    152
HIVD747     ------A-A-------T-----A--A----T--G-A-C--AGA---AA-AAACAG-AAGTACAA------    313
HIVD760     ------A-A-------C-----A--G----C--A-A-A--AGA---AG-CAGCAG-AAGTGTAT------    339
HIVD757     ------A-A-------T-----A--A----T--A-A-C--AGA---CA-AAACAG-AAGTTGCT------    178
HIVD1044    ------A-G-------A-----A--G----C--A-A-A--AGA---AG-AAGCAG-AAGTGCAT------    145
CONSENSUS.D Ag?AatGAAAAACTGCTCTTTCaatataaccacagtagtaAgaGATAAgAagaagCAAGtAtATGCActT    496
HIVJY1      -GA-AT---------------AATATAACCACAGTGATA-GC-----A-AGAAG----T-C-----CT-    534
HIVNDK      -AA-AG---------------AATGTA.............-GG-----G-GGGAG----T-T-----CT-    498
HIVMAL      -GA-GT---------------AATATAACCCCAGTAGGA-GT-----A-GG...----A-T-----AC-    537
HIVELI      -GG-AT---------------AATGTAACCACAGTACTA-AA-----G-AGCAG----T-T-----CT-    516
HIVZ2Z6     -AG-AT---------------AATATAACTACAGTAGTA-GA-----G-CAAAA----T-C-----CT-    516
HIVUG23                                                                              0
CONSENSUS.E TGAAGTAAGAAACTGTTCTTTTAATATGACCACAGAACTAAGAGATAAGAAGCAGAAGGTCCATGCACTT    543
HIVTN243    ------------------------------------------------------------------    543
CONSENSUS.O c?a?aTgaaaaA?TGTaa?TTTAATgt?AccACaGtatTcAaAGA?AA?AAggA??Aaa?acAggCtcTA    448
HIVMVP5180  ....A-GAGAA-T---AGT------GTA-CT--A-TCC-C-C---C--A--GG-GC-AAAAC-GG-TC--    513
HIVANT70    CCTTA-GAAGA-G---GAG------GTA-CC--T-TTA-C-A---C--A--GG-GA-AAAAC-GG-TC--    492
CPZGAB      CGAAA-GAAAA-C---TCA------GTG-CA--A-AAT-A-G---T--G--GA-AC-GGTCT-TT-AC--    519
```



```
CONSENSUS.A .....AAcAgtAgT????????????a?t?agTATAGacTAATAAATTGTAAtACcTCAgCCATTAC  581
HIVSF1703   .....--T-AC-A-.....ATAAGGACTCAG-----AT----------T--C---G-------  623
HIVU455     .....--C-AT-G-.....-----AC----------T--C---A-------  599
HIVZ321     .....--T-GT-G-AATGGTGATAGTAGTAAA-----AC----------T--T---G-------  608
HIVD687     .....--C-GT-G-.....AGTGAG-----AC----------C--C---G-------  264
HIVUG06                                                                    0
CONSENSUS.B ????????aAtactagc.....?????????a??TaTAggTTgAtaa?TTGTaAcaccTCagtCATtAC  589
HIVJRCSF    .....A-TAATACC.....AAA-A--GG--A-TAAG----A-CACC--AGT---T--  599
HIVJRFL     .....A-TAATACC.....AGC-A--GG--G-TAAG----G-CACC--AGT---T--  596
HIVALA1     .....A-TAATACC.....AGC-A--TA--G-TAAG----A-CACC--AGT---T--  599
HIVBRVA     .....A-TACT.....AGA-A--GG--G-TAAG----A-TACC--AGT---T--  605
HIVJH3      ATGAT...A-TAGTACC.....AGA-A--GA--A-TAAG----A-CACC--AGT---T--  641
HIVSC       .....A-TACGAGC.....-A--CG--G-TAAA----A-CACC--AGT---C--  608
HIVBAL1     .....A-TAATAGT.....AATAATAGA-A--GG--G-TAAG----A-CACC--AGT---T--  617
HIVYU2      .....A-TGCTAGC.....-A--GG--G-TAAG----A-CACC--AGT---T--  593
HIVMN       .....A-TGATAGT.....ACCAGC-A--GG--G-TAAG----A-TACC--AGT---T--  620
HIVHXB2R    .....A-TGATACT.....ACCAGC-A--AG--G-CAAG----A-CACC--AGT---T--  605
HIVLAI      .....A-TGATACT.....ACCAGC-A--CG--G-CAAG----A-CACC--AGT---T--  620
HIVNL43     .....A-TACCAGC.....-A--GG--G-TAAG----A-CACC--AGT---T--  599
HIVMFA      .....A-TACCACC.....-A--GG--G-TAAG----A-CACC--AGT---T--  599
HIVCAM1     .....A-TACAAGT.....-A--CA--G-TACA----A-CACC--AGT---T--  608
HIVNY5CG    .....A-TACAAGC.....-A--CA--G-TAAA----G-CACC--AGT---T--  590
HIVADA      .....A-TACTAGC.....-A--GG--G-TAAA----A-TACC--AAC---T--  593
HIVJFL      .....A-TACAAGC.....-A--CA--G-TAAA----A-CACC--AAC---T--  596
HIVSIMI84   .....A-TACAAGC.....-A--CA--G-TAAA----A-CACC--AGT---T--  599
HIVD31      .....A-TACTAGC.....-A--GG--G-TAAG----A-CACC--AGT---T--  605
HIVSF162    .....A-TACAAGC.....-A--AA--G-TAAA----A-CACC--AGT---T--  599
HIVOYI      .....G-TACTAAA.....-T--GG--A-TACA----A-CACC--AAC---T--  620
HIVSF33     .....A-TACCAGC.....-A--GG--G-TACA----A-TTCC--AGT---T--  608
HIVCDC4     .....A-CAACACC.....AAA-A--GG--G-TAAA----A-CACC--AGT---T--  638
HIVSF2      .....A-CTATACC.....AAC-A--GG--G-TACA----A-CAGA--AGT---T--  614
HIVSF2B13   .....A-CTATACC.....AAC-A--GG--G-TACA----A-CAGA--AGT---T--  611
HIVHAN      .....A-TACTACC.....AGC-A--TG--G-TACA----A-TAGA--TGT---T--  611
HIVRF       CTAGC...A-TAATACT.....AGCTATGGTAAC-A--CA--G-TACA----A-TTCC--AGT---T--  644
HIVWMJ2     .....A-CAGTAGT.....AGA-A--GA--G-TAAA----A-TACC--AGT---T--  596
HIVTB132    .....A-TACTAGC.....-A--GG--G-TAAG----A-CACC--AAT---T--  563
HIVGUN      .....A-GACAAGC.....-A--CA--G-TA.C----A-CACC--AGT---T--  504
HIVACH9     .....A-TTATACT.....AGC-A--GG--G-TAAG----A-CACC--AGT---T--  482
HIVACP1     .....A-TACCAGC.....-A--AG--A-TAAA----A-CACC--AGT---T--  461
HIVFO                                                                      0
HIVJ61                                                                     0
HIVJB02                                                                    0
HIVJM       .....A-TGATAGT.....-A--TA--G-CGAG----A-CACC--AGT---T--  545
HIVMA1CON   CTAGTAATA-TTATACT.....AGT-A--GG--G-TAAG----G-CACC--AGT---T--  680
HIVMA208    CTAGTAATA-TTATACT.....AGT-A--GG--G-TAAG----G-CACC--AGT---T--  665
HIVRJS      .....A-TACAAGC.....-A--CG--G-TAAA----A-CACC--AGT---T--  608
HIVSBA                                                                     0
HIVSBC                                                                     0
HIVSBB                                                                     0
HIVWM       .....A-TACTAGC.....-A--GG--G-TAAG----A-CACC--AGT---T--  509
CONSENSUS.C .....aactctact.....??????????a?TATAgATTAATAaATTGtaATACCTCAgCCaTAAC  580
HIVNOF      .....AAC----T-------C----CA--------A--A----  226
HIVD747     .....AACTCTAGT.....----G-------A----TA--------G--A----  396
HIVD760     .....AATAGCACC.....----G-------A----TA--------G--A----  422
HIVD757     .....AACTCTAGT.....----G-------A----TA--------G--A----  261
HIVD1044    .....AACGACTCT.....AGTAGGAAT----G-------A----TA--------G--A----  240
CONSENSUS.D .....AATagtAc?.....aatTATAG?tTAATAAATTGtaATaCCTCAgccATTAC  584
HIVJY1      .....---TAT-CC.....AAT-----AT----------CA--A-----GCC-----  641
HIVNDK      .....---AGT-CT.....AAT-----GT----------TG--A-----ACC-----  590
HIVMAL      .....---AGT-GT.....-----GC----------TA--A-----GTA-----  620
HIVELI      .....---AGT-CC.....AAT-----GT----------TA--A-----GCC-----  608
HIVZ2Z6     .....---AGT-CC.....AAT-----AT----------TA--A-----GCC-----  608
HIVUG23                                                                    0
CONSENSUS.E .....AATAGTAGT.....GAGTATAGGTTAATAAATTGTAATACTTCAGTCATTAA  626
HIVTN243    .....----------.....----------  626
CONSENSUS.O .....AAt?agACa.....?????????a??TATa?gtTAactaAtTG?AAc?CcACAac?ATcAc  519
HIVMVP5180  .....--TGGA--A.....ACA---ATGT--ACTA-T--T--CT-C---ATT--C-A  605
HIVANT70    .....--TAAG--A.....AACAGCAAAATG---ACAT--ACTA-T--T--CT-C---ACC--C-C  593
CPZGAB      .....--CAAC--A.....---AGGA--ATTA-T--C--TA-T---GCC--A-C  599
```



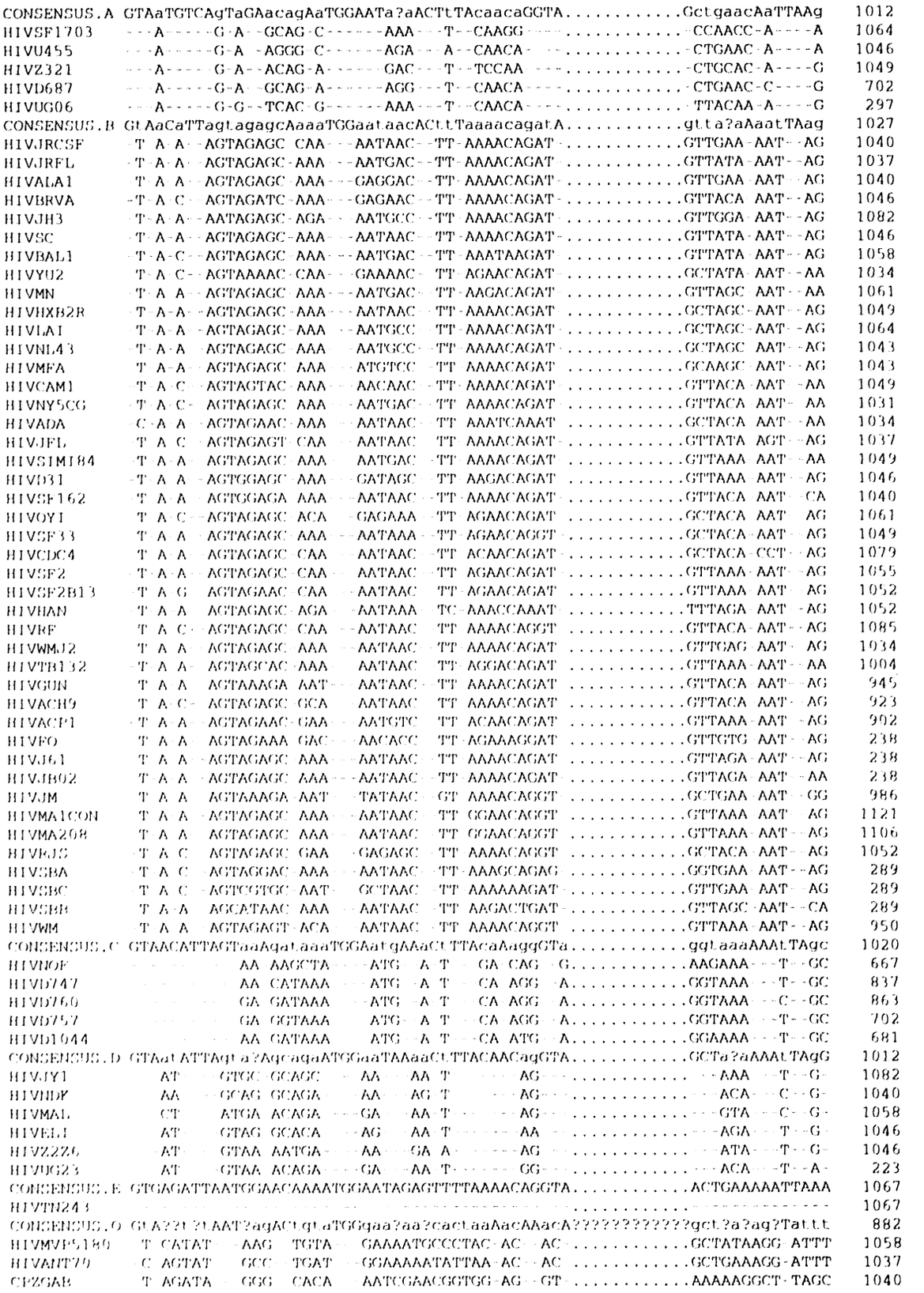
```
CONSENSUS.A TCTAAAGTGTAagGat?a?gAgTTcaAtGGAAcAGGGcCatgCAggAATGTcAGCACAGTACAATGcACA  718
HIVSF1703   ----------AT-ATGCAG-G--CA-T----C----C-ATG--AG-----C----------C---  762
HIVU455     ----------AG-ATCCTG-G--CA-T----A----C-ATG--GG-----C----------T---  738
HIVZ321     ----------GG-ATGAGG-G--TG-A----A----C-ATG--GG-----C----------C---  747
HIVD687     ----------AG-GCAAGA-A--CA-T----C----T-....-GC-----A----------C---  400
HIVUG06                                                                    -    1
CONSENSUS.B tcTAAAgTGTAatgAtaagaagTTCAaTGGaacaGGaccATGTAcaAAtGTcAGcACaGTaCAaTGtACA  728
HIVJRCSF    TC----G----ATA-TAAGACA----A---AAAA--ACA-----AA--T--C--C--A--A--A--T---  738
HIVJRFL     TC----G----ATG-TAAGACG----A---AAAA--ACC-----AA--T--C--C--A--A--A--T---  735
HIVALA1     TC----G----AAG-TAAGAAG----A---AAAA--AAC-----AA--C--C--C--A--A--A--T---  738
HIVBRVA     TC----G----ATA-TAAGAAG----A---AACA--ACC-----CA--T--C--C--A--A--A--T---  744
HIVJH3      TA----G----ATG-TAAGAAG----A---AACA--ACC-----CA--T--C--C--A--A--A--T---  780
HIVSC       TC----T----ATA-TAAGAAG----A---AACA--ACC-----CA--T--C--C--A--A--A--T---  744
HIVBAL1     TC----G----AAG-TAAGAAG----A---AAAA--ACC-----CA--T--C--C--A--A--A--T---  756
HIVYU2      TC----A----ATG-TAAAAAG----A---AACA--ACC-----CA--T--C--C--A--A--A--T---  732
HIVMN       TC----A----ACG-TAAAAAG----G---AAAA--ATC-----AA--T--C--C--A--A--A--T---  759
HIVHXB2R    TC----A----ATA-TAAGACG----A---AACA--ACC-----CA--T--C--C--A--A--A--T---  744
HIVLAI      TC----A----ATA-TAAGACG----A---AACA--ACC-----CA--T--C--C--A--A--A--T---  759
HIVNL43     TC----A----ATA-TAAGACG----A---AACA--ACC-----CA--T--C--C--A--A--A--T---  738
HIVMFA      TC----A----ATG-TAAGACG----A---AACA--ACC-----CA--T--C--C--A--A--A--T---  738
HIVCAM1     TC----G----ATG-TAAGAAG----A---AAAA--ACC-----CA--T--C--C--A--A--A--T---  747
HIVNY5CG    TC----G----ACG-TAAGAAA----A---AACA--ACC-----CA--T--T--T--A--A--A--T---  729
HIVADA      TC----G----AAG-CAAGAAG----A---AACA--GCC-----AA--T--C--C--A--A--A--T---  732
HIVJFL      TC----G----ATG-TAAGAAG----A---AAAA--ACC-----AA--T--C--C--A--A--A--T---  735
HIVSIMI84   TC----G----ATG-TAAGAAG----A---AACA--ACC-----AA--T--C--C--A--A--A--C---  738
HIVD31      GC----G----AAG-TAAGAGG----A---AAAA--ACA-----AA--C--C--C--A--A--A--T---  744
HIVSF162    TC----G----ATG-TAAGAAG----A---ATCA--ACC-----CA--T--C--C--A--A--A--T---  738
HIVOYI      TC----G----ATG-TAAGAAG----A---AACA--ACC-----CA--T--C--C--A--A--A--T---  759
HIVSF33     TC----G----ATA-TAAGAAG----G---AAAA--TCA-----CA--T--C--C--A--A--A--T---  747
HIVCDC4     TC----G----ACG-TAAGAAG----A---GACA--ACC-----CA--T--C--C--A--A--A--T---  777
HIVSF2      TC----G----ATA-TAAAACG----A---AAAA--ACC-----CA--T--C--C--A--A--A--T---  753
HIVSF2B13   TC----G----ATA-TAAAACG----A---AAAA--ACC-----CA--T--C--C--A--A--A--T---  750
HIVHAN      TT----G----ATG-TAAAAAG----A---AAAA--ACC-----AA--T--C--C--A--A--G--T---  750
HIVRF       TC----G----ATG-TAAGAAG ---A---AACA--ACC-----AA--T--C--C--A--A--A--T---  783
HIVWMJ2     TC----A----ATG-TAAGAAG----A---AACA--ACC-----CT--T--C--C--A--A--A--T---  735
HIVTB132    TC----G----GAG-TAAGAAG----G---AAAC--ACC-----AA--T--C--C--A--A--A--T---  702
HIVGUN      TC----G----ATG-TAAGAAG----A---AACA--ACC-----AA--T--C--T--A--A--A--T---  643
HIVACH9     TC----G----AAG-TAAGAAG----A---AACA--ACC-----AA--T--C--C--A--A--G--T---  621
HIVACP1     TC----G----AAG-TAAGAAG----A---AACA--ACC-----AA--T--T--C--A--A--A--C---  600
HIVFO                                                                      0
HIVJ61                                                                     0
HIVJB02                                                                    0
HIVJM       TC----G----GAG-TGAGCAG----A---AAAA--AAC-----CA--T--C--C--A--A--A--T---  684
HIVMA1CON   TC----G----ACG-TACGAAG----A---AACA--ACC-----AA--T--C--C--A--A--A  T---  819
HIVMA208    TC----G----ACG-TACGAAG----A---AACA--ACC-----AA--T--C--C--A--A- A  T---  804
HIVRJS      TC----G----AGG-TAAGAAT----A---AACA--ACC-----CA--T--C--C--A--A--A--T---  747
HIVSBA                                                                     0
HIVSBC                                                                     0
HIVSBB                                                                     0
HIVWM       TC----G----ACA-TAAGACG----G---AAAA--ACC-----CA--T--C--C--A--G--A--T---  648
CONSENSUS.C tCTaAAGTGTaAtaATAAGACATTCAATGGgACAGGaCCATGCcATAATgTCAGCACAgtacaATGTACA  718
HIVNOF      T--A------A-TA---------------G-----A------A-----G--------GTACA-------  365
HIVD747     T--A------A-TA---------------G-----A------C-----A--------GTACA-------  535
HIVD760     T--A------A-TA---------------G-----A------C-----G--------GTACA-------  561
HIVD757     T--A------A-TA---------------G-----A------C-----G--------CGTAC-------  400
HIVD1044    T--A------A-CA---------------G-----A------C-----G--------GTACA-------  379
CONSENSUS.D TCTAAAgTGTA?aGATAAgAaGTTCAATGGaACaGgcccATGca?AAAtGTCAGcACAGTACAaTGTACA  721
HIVJY1      ------G----AA-----G-A---------A--A-GCCC --CAA---A-----T--------A------  780
HIVNDK      ------G----GA-----G-A---------G--A-GCCC---CTC---T-----C--------A------  729
HIVMAL      ------G----AT-----G-A---------A--G-AAAT---TAA---T-----T--------A------  759
HIVELI      ------G----GA-----G-A---------A--A-GCCC---CAC---T-----C--------A------  747
HIVZ2Z6     ------A----GA-----A-G---------A--A-GCCC---CAC---T-----C--------A------  747
HIVUG23                                                                    0
CONSENSUS.E TTTTAAGTGTAATGATAAGAATTTCAATGGGACAGGGCCATGTAAAAATGTCAGCTCAGTACAATGCACA  765
HIVTN243    -------------------------------------------------------------------  765
CONSENSUS.O ctTtAa?TGtaAtga?a?aGAcTTTa??GGAacAGGcataTG?aaaAAt?Ta?cagtaGTt??TTGtACa  644
HIVMVP5180  CT-T-AG--TA-TGACACA--C---AAT---AC---CCTA--CCAC--TA-TTCAGTG--TAC---T--A  744
HIVANT70    CT-T-AG--TA-CAGCACA--A---AAT---AC---CACA--CAGA--CA-AACGGTA--TAC---T--A  732
CPZGAB      TC-T-AA--CA-TGATAAA--C---TCA---AA---TAAA--TACT--TG-AAGTACA--GCA---T--A  738
```



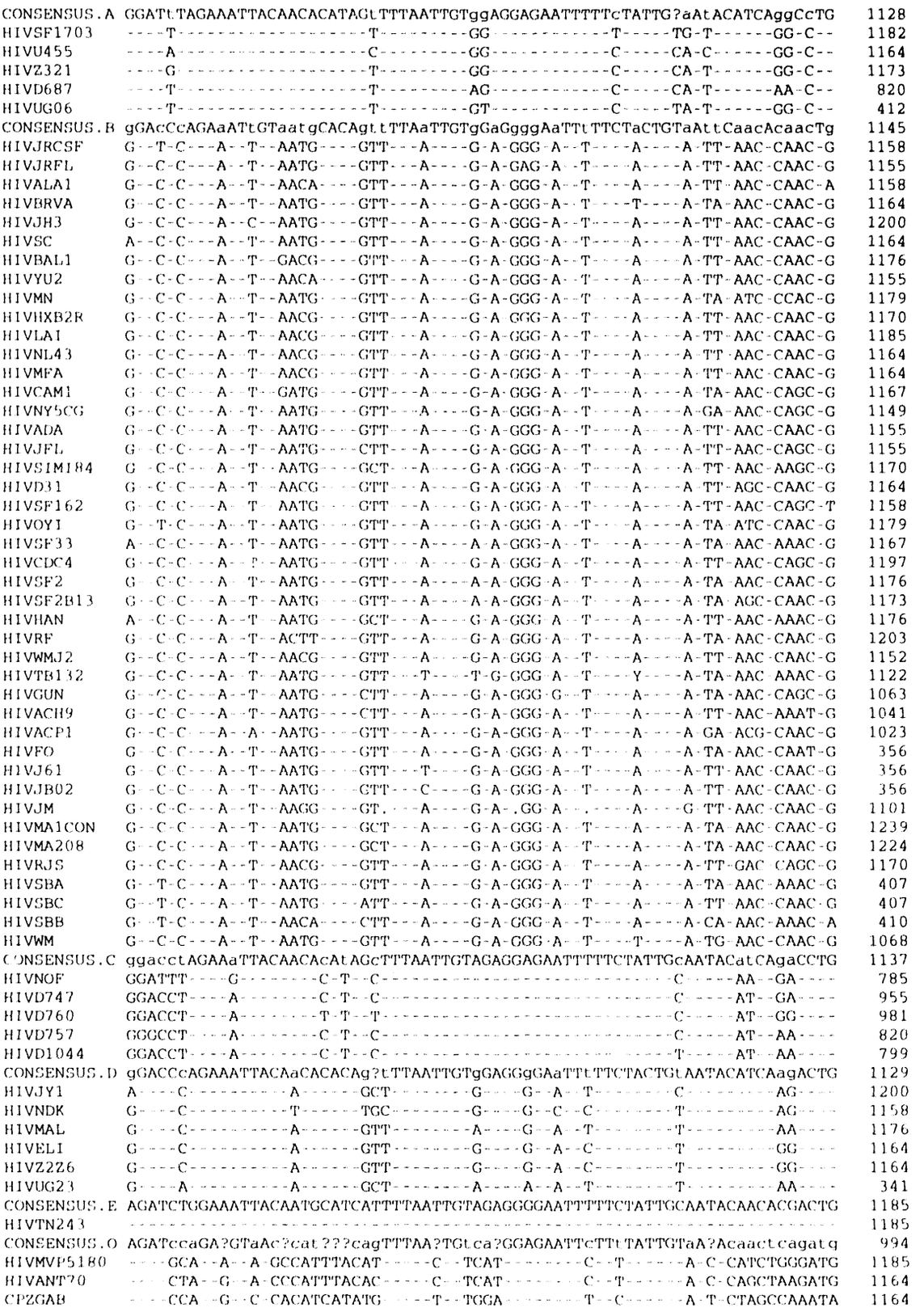
```
CONSENSUS.A TTAGATCTGAAAATaTcaCAaACAATGCcaaaAccATAATAGTACA?cTt?tcaAgcCTGTAaaaATtAa  853
HIVSF1703   --------------A-CA--A-------CAAA-CC----------AC-TAACA-GA-----GAA--T-A  902
HIVU455     --------------T-CA--A-------AAAA-CC----------GC-TGTCA-TC-----AAA--C-A  878
HIVZ321     --------------T-CA--G-------TAAA-TC----------GC-TGTCA-GC-----AAC--T-C  887
HIVD687     --------------A-CA--A-------CAGA-CT----------GT-GGTTA-GC-----AGA--T-A  540
HIVUG06     --------------A-CT--G-------TAAA-CC----------AC-TACCA-GC-----ACA--T-A  141
CONSENSUS.B TtAGaTctgaaAATtTcacggAcaaTgctAaAaccATaaTAGTACAgcTgAA?gaatCtgTAgaAATTAA  867
HIVJRCSF    -T--A-CTGAC---T-TACGG-CAA-GCT-A-ACC--AA-------GC-G--TGAAT-TG--AA------  878
HIVJRFL     -T--A-CTGAC---T-CACGA-CAA-GCT-A-ACC--AA-------GC-G--AGAAT-TG--GA------  875
HIVALA1     -T--A-CTGAC---T-CACGG-CAA-GCT-A-ACC--AA-------GC-G--CGAAT-TG--GA------  878
HIVBRVA     -T--A-CTGAA---T-CACGA-CAA-GTT-A-ACC--AA-------GC-G--TGAAT-TG--GA------  884
HIVJH3      -T--G-CTGAA---T-CACTG-CAA-GCT-A-ACC--AA-------GC-G--AGAAC-TG--GT------  920
HIVSC       -T--G-CTGAA---T-CACGG-CAA-GCT-A-ACC--AA-------GC-G--AGAAG-TG--GA------  884
HIVBAL1     -T--A-CCGCC---T-CGCGG-CAA-GCT-A-GTC--AA-------GC-G--TGAAT-TG--GA------  896
HIVYU2      -T--A-CTGAA---T-CACAA-CAA-GCT-A-ACT--AA-------GC-G--CGAAT-TG--GT------  872
HIVMN       -T--A-CTGAG---T-CACTG-TAA-GCT-A-ACC--CA-------TC-G--TGAAT-TG--CA------  899
HIVHXB2R    -T--A-CTGTC---T-CACGG-CAA-GCT-A-ACC--AA-------GC-G--CACAT-TG--GA------  884
HIVLAI      -T--A-CTGCC---T-CACAG-CAA-GCT-A-ACC--AA-------GC-G--CCAAT-TG--GA------  899
HIVNL43     -T--A-CTGCC---T-CACAG-CAA-GCT-A-ACC--AA-------GC-G--CACAT-TG--GA------  878
HIVMFA      -T--A-CTGCC---T-CACAG-CAA-GCT-A-ACC--AA-------GC-G--CACAT-TG--GA------  878
HIVCAM1     -T--A-CTGAA---T-CACAA-CAA-GCT-A-ACC--AA-------GC-A--GGAAC-TG--GA------  887
HIVNY5CG    -T--G-CTGAA---T-CACGA-CAA-GTT-A-ACC--AA-------GC-G--TGAAT-TG--GA------  869
HIVADA      -T--A-CTAGT---T-CACAG-CAA-GCA-A-AAC--AA-------GT-G--AGAAT-TG--GA------  872
HIVJFL      -T--A-CTGAA---T-CATGG-CAA-GCT-A-ACC--AA-------GC-G--TAAAT-TA--GC------  875
HIVSIM184   -T--A-CTGAA---T-CACTG-CAA-GCT-A-ACC--AA-------GC-G--TAAAT-TG--GT------  878
HIVD31      -T--A-CTGAC---T-CACGG-CAA-GCT-A-ACC--AA-------GC-G--GGAAT-TG--GA------  884
HIVSF162    -T--A-CTGAA---T-CACAG-CAA-GCT-A-ACT--AA-------GC-G--GGAAT-TG--GA------  878
HIVOYI      -T--A-CTAGC---T-CACAA-CAA-GCT-A-ATC--AA-------GC-G--TAAAT-TG--GA------  899
HIVSF33     -T--A-CTGAC---T-CACGA-CAA-GCT-A-ACC--AT-------GC-G--TGTAT-TG--GA------  887
HIVCDC4     -T--A-CTGAA---T-CACGA-CAA-GCT-A-ACC--AA-------GC-G--TGTAT-TG--GA------  917
HIVSF2      -T--A-CTGAC---T-CACGA-CAA-GCT-A-ACC--AA-------GC-G--TGAAT-TG--GC------  893
HIVSF2B13   -T--A-CTGAC---T-CACGG-CAA-GCT-A-ACC--AA-------GC-G--TGAAT-TG--GC------  890
HIVHAN      -T--A-CTGAC---T-CACAG-TAA-ACT-A-ACC--AA-------TC-G--CGAAT-TG--GA------  890
HIVRF       -T--A-CTGAA---T-CACGG-CAA-GTT-A-ACC--AA-------GC-G--TGCAT-TG--CA------  923
HIVWMJ2     -T--A-CTGAA---T-CACAG-CAA-GCT-A-ACC--AA-------CC-G--TGAAT-TG--GA------  875
HIVTB132    -T--A-CTGAA---T-TACAG-CAA-GCT-A-ACC--AA-------GC-G--AGAAC-TG--GA------  842
HIVGUN      -T--A-CTGAA---T-CACGA-CAA-GCT-A-ACC--AA-------GT-G--TGAAT-TA--GT------  783
HIVACH9     -T--A-CTGAA---T-CACAA-CAA-GCT-G-ACC--AA-------GC-G--CGAAT-TG--GA------  761
HIVACP1     -T--A-CTGAA---T-CACGA-CAA-GCT-A-ATC--AA-------GC-G--TAAAT-TG--AA------  740
HIVFO       -T--A-CTGAG---T-CACAG-TGG-GCT-A-ACC--AA-------GC-G--CGAAT-TG--GC------   76
HIVJ61      -T--A-CTGAC---T-CTCGG-CAA-GCT-A-ACC--AA-------GC-G--CGAAA-TG--GA------   76
HIVJB02     -T--A-CTGAC---T-CTCGG-CAA-GCT-A-ACC--AA-------GC-G--CGAAA-TG--GA------   76
HIVJM       -T--A-CTGAC---T-CACAA-CAA-GCT-A-ACC--AA-------GC-G--CAAAA-TG--GT------  824
HIVMA1CON   -T--A-CTGAA---T-CACGG-AAA-GGT-A-ATC--AA-------GC-G--AGAAC-TG--GA------  959
HIVMA208    -T--A-CTGAA---T-CACGG-AAA-CAT-A-ATC--AA-------GC-G--AGAAC-TG--GA------  944
HIVRJS      -T--A-CTGAA---T-CACGA-CAA-GCT-A-ACC--AA-------GC-G--TGAAT-TA--GT------  887
HIVSBA      -T--A-CTGAC---T-CACAA-CAA-GCT-A-ACC--AA-------GT-A--AGAAG-TG--GA------  127
HIVSBC      -C--A-CTGAC---T-CACAA-CAA-GCT-A-ACC--AA-------GC-G--CGAAT-TG--CA------  127
HIVSBB      -T--A-CTGAA---T-CACGA-CAA-GCT-A-ACC--AA-------GC-G--CGAAA-TG--GA------  127
HIVWM       -T--A-CTGAA---T-CACGA-CAA-GCT-A-ACC--AA-------GC-G--AGAAC-AG--CA------  788
CONSENSUS.C TTAGATCTGAAAATCtGaCAaACAATgtCaAAaCAATAaTAGTaCAtCTTAATcAATCTgTAgaaaTTgt  858
HIVNOF      ---------------T-A--A-----AT-A--A-----G----C--C------A-----G--GATA--GT  505
HIVD747     ---------------T-A--A-----GT-A--A-----A----A--T------C-----G--GAAA--GT  675
HIVD760     ---------------T-A--G-----GT-A--A-----A----A--T------C-----G--GAAG--GT  701
HIVD757     ---------------T-G--A-----GT-A--A-----A----A--T------C-----G--AGAA--GT  540
HIVD1044    ---------------C-A--A-----GC-A--A-----A----A--T------C-----G--GAGA--AT  519
CONSENSUS.D TTAGATCtGAAAAtCTCACAaAcAATgcTAAAA?cATAATAGtACA?CTtAATGagtCTgTA?cAATTAa  857
HIVJY1      -------T-----T------A-C---GT-----CC-------T---T--T----AGT--G--GA-----A  920
HIVNDK      -------T-----T------A-C---GT-----CC-------T---G--T----CAT--A--GT-----A  869
HIVMAL      -------T-----T------G-C---AC-----AC-------T---G--T----AAA--G--AC-----A  899
HIVELI      -------C-----T------A-C---GC-----AC-------C---T--T----AAT--G--AA-----C  887
HIVZ226     -------T-----C------A-C---GC-----TC-------T---G--C----AGT--G--GC-----A  887
HIVUG23           -T-----T------A-C---GC-----CC-------T---A--T----AGA--G--AC-----A   64
CONSENSUS.E TCAGATCTGAAAATCTCACAGACAATGCCAAAACCATAATAGTGCACCTTAATAAATCTGTAGGAATCAA  905
HIVTN243    ------------------------------------------------------------------  905
CONSENSUS.O TaAtgg?a?aaaatA?t?cagAAtctgcaaat??ta?caTaGtaa?cctAa?cg??acc?TaAacaTgAc  759
HIVMVP5180  -T-TGGGAAAAAAT-TTACAG--TCAGCAAAGAATATCA-A-TAACCCT-AACACTCCTA-A-ACA-G-C  884
HIVANT70    -G-TGGCAAAAGAT-TTTTGG--GGTGGAAAAAATATCA-A-TGACCCT-AACTCTACCC-A-ACA-G-C  872
CPZGAB      -A-GAGTGGAGAAT-AGTCAA--AATACTGATGTCTGGA-A-TACAGCT-GTAGAAGCAG-T-GTC-A-A  878
```

```
CONSENSUS.A TTGTaccAGACCt...aaCaacAAtacAAgaAaAagT??TAcaTAta?????????GGacCAGGaCaAgCA   910
HIVSF1703   ----ACC-----T...AA-AAC--TAC--GA-A-AG-G--CG--TA.........--AC----A-A-G--   960
HIVU455     ----TCC-----T...TA-...--TAC--GA-A-AA-A--CG--GGTATAGTATA--AT----A-A-G--   942
HIVZ321     ----ATG-----T...AA-AAC--TAC--GA-A-AG-A--TC--TA.........--AC----A-G-G--   945
HIVD687     ----ACC-----C...GG-AAC--TAC--AT-A-AA-G--CA--TA.........--GC----G-A-G--   598
HIVUG06     ----ACC-----T...TA-AAA--GGT--GA-G-CG-A--CA--TA.........--AC----A-G-T--   199
CONSENSUS.B tTGtAcAAGaCcc???aaCaacaatacAagaaaaagtaTac?tata??????...GgAccagggagagca   924
HIVJRCSF    T--T-C---G-CC...AG-AACAATAC-AGAAAAAGTA-ACATATA.........-G-CCAGGGAGAGCA   936
HIVJRFL     T--T-C---A-CC...AA-AACAATAC-AGAAAAAGTA-ACATATA.........-G-CCAGGGAGAGCA   933
HIVALA1     T--T-C---A-CC...AA-ATCTATAG-AAAGGAAGGA-ACATATA.........-G-CCAGGGAGAGCA   936
HIVBRVA     T--T-C---A-CC...AA-AACAATAC-AGAAAGAGGA-AACTATG.........-G-CCAGGGAGAGTA   942
HIVJH3      T--T-C---A-CC...AG-AAGACTAC-AGAAGAAGGA-ACATATA.........-G-CCAGGGAGAGCA   978
HIVSC       T--T-C---G-CC...AA-AACAATAC-ACAAGAAGTA-ACATATA.........-G-CCAGGGAGAGCA   942
HIVBAL1     T--T-C---A-CC...AA-AACAATAC-AGAAAAAGTA-ACATATA.........-G-CCAGGCAGAGCA   954
HIVYU2      T--T-C---A-CC...AA-AACAATAC-AGAAAAAGTA-AAATATA.........-G-CCAGGGAGAGCA   930
HIVMN       T--T-C---A-CC...AA-TACAATAA-AGAAAAAGGA-ACATATA.........-G-CCAGGGAGAGCA   957
HIVHXB2R    T--T-C---A-CC...AA-AACAATAC-AGAAAAAGAA-CCGTATCCAGAGA...-G-CCAGGGAGAGCA   948
HIVLAI      T--T-C---A-CC...AA-AACAATAC-AGAAAAAGTA-CCGTATCCAGAGG...-G-CCAGGGAGAGCA   963
HIVNL43     T--T-C---A-CC...AA-AACAATAC-AGAAAAAGTA-CCGTATCCAGAGG...-G-CCAGGGAGAGCA   942
HIVMFA      T--T-C---A-CC...AA-AACAATAC-AGAAAAAGTA-CCGTATCCAGAGG...-G-CCAGGGAGAGCA   942
HIVCAM1     T--T-C---A-TC...AA-AACAATAC-AGAAAAAGTA-AGCTATA.........-G-CCGGGGAGAACA   945
HIVNY5CG    T--T-C---A-CC...AA-AACAATAC-AGAAAAGGTA-AGCTATA.........-G-CCGGGGAGAACA   927
HIVADA      T--T-C---A-CC...AA-AACAATAC-AGGAAAAGTA-ACATATA.........-G-CCAGGAAGAGCA   930
HIVJFL      T--T-C---A-CT...AA-AACAATAC-AGAAAAAGTA-CACTCTA.........-G-CCAGGGAGGGCA   933
HIVSIMI84   T--T-C---A-CC...AA-AACAGTAA-AGAAAAACTC-ACATATG.........-G-CCGAAGAGGGCA   936
HIVD31      T--T-C---A-CC...AA-AATTATAC-AGCAAAAGGA-ACGTATA.........-G-GCAAGGAGAGCA   942
HIVSF162    T--T-C---A-CT...AA-AATAATAC-AGAAAAAGTA-AACTATA.........-G-CCGGGGAGAGCA   936
HIVOYI      T--T-C---A-CC...AA-AACAATAC-AGAAACAGGA-ATCAATA.........-G-CCAGGGAGAGCA   957
HIVSF33     T--T-C---A-CC...AA-AACAATAG-AGAAGAAGGA-AACTAGT.........-G-CCAGGGAAAGTA   945
HIVCDC4     T--T-C---A-CC...AA-AACCATAC-AGAAAAAGCG-AACGCTA.........-G-CCAGGGAGAGTA   975
HIVSF2      C--T-C---A-CC...AA-AACAATAC-AGAAAAAGTA-CTATATA.........-G-CCAGGGAGAGCA   951
HIVSF2B13   T--T-C---A-CC...AA-AACAATAC-AGAAAAGGTA-CCATATA.........-G-CCAGGGAGAGCA   948
HIVHAN      T--T-C---A-CC...AA-AACAATAC-AGAAAAGGTA-ACATATA.........-G-CCAGGGAGAGCA   948
HIVRF       T--T-C---A-CC...AA-AACAATAC-AGAAAAAGTA-AACTAAG.........-G-CCAGGGAGAGTA   981
HIVWMJ2     T--T-C---A-CC...TA-AACAATGT-AGAAGAAGTC-ATCTATA.........-G-CCAGGGAGAGCA   933
HIVTB132    T--T-C---A-CT...AA-AACTATAC-AGGAAACGrA-AhCTATG.........-G-CCAGGGAGAGTm   900
HIVGUN      T--T-C---A-CC...AA-AACAATAC-AGAAAAAGTA-AACTATA.........-G-TCAGGGAGAGCA   841
HIVACH9     T--T-C---A-CC...AA-AACAATAC-AGAAAAAGTA-ACCTATA.........-G-CCAGGAAGAGCA   819
HIVACP1     T--T-T---A-CC...AA-AACAATAC-AGAAAAGGTA-AGGTATA.........-G-CCAGGGAGAACA   798
HIVFO       T--T-C---A-CC...AA-AACAATAC-AGAAGAAGTA-TCATTTT.........-G-CCAGGGAGAGCA   134
HIVJ61      T--T-C---A-CC...AA-AACAATAC-AGAAAAAGTA-ACATATA.........-G-CCAGGGAGAGCA   134
HIVJB02     T--T-C---A-CC...AA-AACAATAC-AGAAAAAGTA-ACATATA.........-G-CCAGGGAGAGCA   134
HIVJM       T--T-C---G-CC...AA-AACAATAC-AGAAAAAGTA-ACATATA.........-C-CCAGGAAGAGCA   882
HIVMA1CON   T--C-C---A-CC...GG-AACAATAC-AGAAAAAGTA-ACCTATG.........-G-CCAGGGAGAGCA  1017
HIVMA208    T--C-C---A-CC...GG-CACAATAC-AGAAAAAGTA-ACCTATG.........-G-CCAGGGAGAGCA  1002
HIVRJS      T--T-C---A-CCTACAA-ACTAAAAA-ATAAGACATA-ACATATA.........-G-CCGGGGAGAGCA   948
HIVSBA      T--T-C---A-CC...AA-AACAATAC-AGAAGAAGTA-AAATATA.........-G-CCAGGGAGAGCA   185
HIVSBC      T--T-T---A-CC...AA-AACAATAC-AGAAAAAGTA-AAGTATA.........-G-CCAGGGAGAGCA   185
HIVSBB      T--T-C---A-CC...AA-AACAATAC-AGCAAAAGGA-ATCTATA.........-G-CCAGGGAGAGCA   185
HIVWM       T--T-T---A-CC...AA-AACAATAC-AGAAAAGGTA-ACATATA.........-G-CCAGGGAAAGCA   846
CONSENSUS.C GTgtaCAAGaCCc...aaCAATAAtACAAGaAAAaGtaTAAGGaTA.........GGACCAGGaCAaAcA   916
HIVNOF      --GTA----A--C...AA------T-----A---A-GA-----G-.....--------A--A-C-   563
HIVD747     --ATA----A--C...AA------T-----G---G-TG-----A-.....--------A--A-C-   733
HIVD760     --GTA----A--C...AA------T-----A---A-TA-----A-.....--------A--A-C-   759
HIVD757     --GTA----A--C...AA------T-----A---A-TA-----A-.....--------A--A-C-   598
HIVD1044    --GCA----A--C...AA------T-----A---A-TA-----A-.....--------A--A-C-   577
CONSENSUS.D tTGtaCaAGGCCc???tacaaaaatacAAGacaaaGgAcAcctaTa.........GGactAgGGCaAgCa   915
HIVJY1      T--TA-A-----CGACAACAAAATTAC---ACAAA-T-C-CCTA-A.........--ACT-G---A-G-A   981
HIVNDK      T--TA-A-----C...TACAAATATAC---GCAAA-G-C-TCGA-A.........--ACT-A---A-T-A   927
HIVMAL      T--TA-A-----T...GGAAACAATAC---AAGAG-G-T-CATT-C.........--CCC-G---A-G-A   957
HIVELI      C--TG-A-----C...TATCAAAATAC---ACAAA-A-C-CCTA-A.........--ACT-G---A-T-A   945
HIVZ2Z6     C--TA-A-----C...TACAGAAATAT---ACAAA-G-C-TCTA-A.........--ATT-G---A-G-G   945
HIVUG23     T--TA-G-----C...TATGAAAATGT---ACACA-G-C-CCTA-A.........--ACT-G---A-G-A   122
CONSENSUS.E TTGTACCAGACCC...TCCAACAATACAAGRCCAAGTATAACTGTR.........GGACCAGGACAAGTA   963
HIVTN243    -------------...-------------------------------.....---------------   963
CONSENSUS.O cTGta?aAGAccA???aa?a?a?a??tA??a???gA?aT?caaAtA.........GGtCCA??????acc   798
HIVMVP5180  C--CATA---GA-GGAATTGCAGAGGT-CAA...G-TA-ATAT-C-.....--T---ATG...AGA   939
HIVANT70    C--TGAA---CC-...CAAATAGACAT-CAA...G-GA-GAGA-T-.....--T---ATG...GCC   924
CPZGAB      T--TCAT---CC-...GGAAACAATAC-AGGGGAG-GG-GCAG-T-.....--G---GGAATGACC   936
```

```
CONSENSUS.A TTcTaTgcA.............acagGTgacata.........aTAGGgGATATAAGAcAaGCA?AtT    955
HIVSF1703   --C-A-GC-.............ACAG--GACATA.........A----G---------C-A---T-T-   1006
HIVU455     --C-A-GT-.............ACAG--AAAATA.........A----G---------C-A---C-T-    988
HIVZ321     --C-T-GC-.............ACAG--GACATA.........A----A---------C-G---C-C-    991
HIVD687     --C-A-GC-.............AGAG--CGCATA.........A----G---------A-A---C-T-    644
HIVUG06     --C-A-AC-...............A--AAC...........T----G---------C-G---T-T-    239
CONSENSUS.B ttttataca.............acAggagaaATA????????ataGgAgataTaAgacaagCacATT    970
HIVJRCSF    TTTTATACA.............AC-GGAGAA---.........ATA-G-GATA-A-GACAAG-AC---    982
HIVJRFL     TTTTATACT.............AC-GGAGAA---.........ATA-G-GATA-A-GACAAG-AC---    979
HIVALA1     TTTCATACA.............AC-AGACAA---.........ATA-A-AATA-A-GACAAG-AC---    982
HIVBRVA     TATTATACA.............AC-GGACAA---.........ATA-G-GATA-A-GACGAG-AC---    988
HIVJH3      TTTTATACA.............AC-AAACAA---.........GCA-G-GATT-A-GACAAG-AC---   1024
HIVSC       TTTTATGCA.............AC-GGAGAC---.........ATA-G-GATA-A-GACAAG-AC---    988
HIVBAL1     TTTTATACA.............AC-GGAGAA---.........ATA-G-GATA-A-GACAAG-AC---   1000
HIVYU2      TTGTATACA.............AC-GGAGAA---.........ATA-G-GATA-A-GACAAG-AC---    976
HIVMN       TTTTATACA.............AC-AAAAAT---.........ATA-G-ACTA-A-GACAAG-AC---   1003
HIVHXB2R    TTTGTTACA.............AT-GGAAAA---.............-G-AATA-G-GACAAG-AC---    991
HIVLAI      TTTGTTACA.............AT-GGAAAA---.............-G-AATA-G-GACAAG-AC---   1006
HIVNL43     TTTGTTACA.............AT-GGAAAA---.............-G-AATA-G-GACAAG-AC---    985
HIVMFA      TTTGTTACA.............AT-GGAAAA---.............-G-AATA-G-GACAAG-AC---    985
HIVCAM1     GTTTATGCA.............AC-GACAGA---.........ATA-G-GATA-A-GACAAG-AC---    991
HIVNY5CG    CTCTATGCA.............AG-GAAAAA---.........ATA-G-GATA-A-GACAAG-AC---    973
HIVADA      TTTTATACA.............AC-GGAGAA---.........ATA-G-GATA-A-GACAAG-AC---    976
HIVJFL      TTTTATACA.............AC-GGAGAC---.........ATA-G-GACA-A-GACAAG-AC---    979
HIVSIMI84   TTTTATGCA.............AC-GGAGAC---GGAGGATATACA-G-TATA-A-GACAAG-AC---    991
HIVD31      TTTTATACA.............AA-GGAAAA---.........ATA-G-GATA-A-GACAAG-AC---    988
HIVSF162    TTTTATGCA.............AC-GGAGAC---.........ATA-G-GATA-A-GACAAG-AC---    982
HIVOYI      TTTCATACA.............AC-AAACAA---.........ATA-G-GATA-A-GACAAG-AC---   1003
HIVSF33     CTTTATACA.............AC-GGAGAA---.........ATA-G-GATA-A-GAAAAG-AT---    991
HIVCDC4     TGGTATACA.............AC-GGAGAA---.........CTA-G-AATA-A-GGCAAG-AC---   1021
HIVSF2      TTTCATACA.............AC-GGAAGA---.........ATA-G-GATA-A-GAAAAG-AC---    997
HIVSF2B13   GTTTATACA.............AC-GGAAGA---.........ATA-G-GATA-A-GAAAAG-AC---    994
HIVHAN      GTTTATACG.............AC-GGAAGA---.........GTA-G-GATA-A-GACTAG-AC---    994
HIVRF       ATTTATGCA.............AC-GGACAA---.........ATA-G-GATA-A-GAAAAG-AC---   1027
HIVWMJ2     TTT...CGT.............AC-AGAGAA---.........ATA-G-ATTA-A-GACAAG-AC---    976
HIVTB132    TmTTATACA.............AC-GGAGAA---.........ATA-G-GATA-A-GACGAG-AC---    946
HIVGUN      TTTCATGCA.............AT-GAAAAA---.........ATA-G-AATA-A-GACAAG-AC---    887
HIVACH9     TTTTATACA.............AC-GGAGAC---.........ATA-G-GATA-A-GGCAAG-AC---    865
HIVACP1     GTTTATACA.............GC-GAAAAA---.........ATA-G-GATA-A-GACAAG-AC---    844
HIVFO       TTTTATACA.............AC-GGACAA---.........ATA-G-AATA-A-GACAGG-AC---    180
HIVJ61      TTTTATGCA.............AC-GGAGAA---.........ATA-G-GATA-A-GACAAG-AC---    180
HIVJB02     TTTTATGCA.............AC-GGAGAA---.........ATA-G-GATA-A-GACAAG-AC---    180
HIVJM       TTTTATACA.............AC-GGAGAT---.........ATA-G-GATA-A-GAAAAG-TC---    928
HIVMA1CON   TTTTTTGCA.............AC-GGAGAC---.........ATA-G-GATA-A-GAAAAG-AC---   1063
HIVMA208    TTTTTTGCA.............AC-GGAGAC---.........ATA-G-GATA-A-GAAAAG-AC---   1048
HIVRJS      TTTTATGTA.............AC-GGAGGC---.........ATG-G-GATA-A-GACAAG-AC---    994
HIVSBA      TTTTATACA.............AC-GGAGAC---.........ATA-G-GATA-A-GACAAG-AC---    231
HIVSBC      TTTTATACA.............AC-GGAGAA---.........ATA-G-GATA-A-GACAAG-AC---    231
HIVSBB      TTTGTTGCA.............GC-AGAGAA---.........ATA-G-GATA-A-GAAAAG-AC---    231
HIVWM       TTTTATACA.............AC-GGAGAA---.........ATA-G-AATA-A-GACAAG-AC---    892
CONSENSUS.C tTcTaTGCA.............ACAggaGaCATA.........ATAGGAGACATAAGACAAGCAcATT    962
HIVNOF      G-C-A----.............---AAT-C----.....----------------------C---    609
HIVD747     T-C-A----.............---GGA-A----.....----------------------C---    779
HIVD760     T-T-A----.............---GGA-A----.....----------------------C---    805
HIVD757     T-C-A----.............---GGA-A----.....----------------------C---    644
HIVD1044    T-C-A----.............---GGA-A----.....----------------------T---    623
CONSENSUS.D ctCtaTaca???..........acaa?aa?aata...??????a?Agga?a?ATAgGAcaAGCAtATT    956
HIVJY1      CT-TA-ACA.............ACA...AGGATA.........AA-GGAGAT---A--CA----T---   1024
HIVNDK      CT-TA-ACAATA..........ACAGGAAAAAAG...AAGAAAAC-GGATAC---G--CA----C---    982
HIVMAL      CT-TA-ACA.............ACAGGG...ATA.........GT-GGAGAT---A--AG----T---   1000
HIVELI      CT-TA-ACT.............ACAAGATCA..........AG-TCAATA---G--CA----C---    988
HIVZ2Z6     CT-TA-ACA.............ACAAAAACA..........AG-AGTATA---G--CA----T---    988
HIVUG23     CT-AT-ACA...............AATAGGATA.........AA-GCAAAG---G--CA----T---    165
CONSENSUS.E TTCTATAGA.............ACAGGAGACATA.........ATAGGAGATATAAGRAGAGCATATT   1009
HIVTN243    ---------.............----------.....----------------------------    1009
CONSENSUS.O T?gta?A??????????????????atagaAaga??a??????????cagga??c?CaAGggcaGCtTa?T    833
HIVMVP5180  -GGCGC-GTATG.........ACACTTAA-AGAAGTAACAATACATCACCAAGAT-A--GGTA--T-AT-   1000
HIVANT70    -GGTAC-GCATGGGAATAGGGGGAACAGC-GGAAAC..............AGCT-A--GGCA--T-AT-    979
CPZGAB      -TTTAT-AT.............ATAGA-AATGTA.........GTAGGAGATA-C--ATCT--C-AC-    982
```



```
CONSENSUS.A aaaa......tAcTttaa?...AAcAaaAca??????......ATAAtcTTTgctaac.tcCTCAGGaGG  1059
HIVSF1703   AAGT......T-C-TTAGT....-C-AA-CA.............----TC---GCTAGC.TC------A--  1112
HIVU455     GAAA......A-G-TTAAT....-C-AA-CA.............----TC---GCTAGC.TC------A--  1094
HIVZ321     AAAA......C-C-TTGTA....-T-CC-GTACAGAT.......----TC---GCTAAC.TC------A--  1103
HIVD687     GAAG......T-C-TTAAG....-T-AC-CA.............----TC---GCTCAC.CA------A--   750
HIVUG06     AGAA......T-C-GG.......-C-CA-CA.............----AC---AGTAAA.CC------A--   342
CONSENSUS.B agaa??????caaTtTggg???AAtAaaACA............aTAgtcTtTaatcaa?tCcTCaGGaGG  1075
HIVJRCSF    AGAA......CAA-T-AAT....-T-AA---............A--GTC-T-ACTCAC.T-C--A--A--  1088
HIVJRFL     AGAA......CAA-T-GAG....-T-AA---............A--GTC-T-AATCAC.T-C--A--A--  1085
HIVALA1     AGAA......CAA-T-AAG....-T-AA---............A--GTC-T-AATCAA.T-C--A--G--  1088
HIVBRVA     AGTA......CAA-T-AAG....-T-AA---............A--GTC-T-AATCGA.T-C--A--A--  1094
HIVJH3      AAAA......CAA-T-GTG....-T-AA---............A--GTC-T-AATCGA.T-C--A--A--  1130
HIVSC       AGAC......CAA-T-GAG....-T-AA---............A--ATC-T-AATCGA.T-C--A--A--  1094
HIVBAL1     AGAA......CAA-T-GGG....-T-AA---............A--GTC-T-AAGCAC.T-C--A--A--  1106
HIVYU2      AGAA......CAA-T-GGGAAT--T-AA---............A--ATC-T-AATCCA.T-C--A--A--  1085
HIVMN       AGAA......CAA-T-AAG....-T-AA---............A--GTC-T-AATCAA.T-C--A--A--  1109
HIVHXB2R    AGAA......CAA-T-GGAAAT--T-AA---............A--ATC-T-AAGCAA.T-C--A--A--  1100
HIVLAI      AGAA......CAA-T-GGAAAT--T-AA---............A--ATC-T-AAGCAA.T-C--A--A--  1115
HIVNL43     AGAA......CAA-T-GGAAAT--T-AA---............A--ATC-T-AAGCAA.T-C--A--A--  1094
HIVMFA      AGAA......CAA-T-GGAAAT--T-AA---............G--ATC-T-AAGCAA.T-C--A--A--  1094
HIVCAM1     AGAA......CAA-T-GGG....-T-AG---............A--ATC-T-AATCAA.T-C--A--A--  1097
HIVNY5CG    AGAA......CAA-T-AGG....-T-AA---............A--GTC-T-AATCAA.T-C--A--A--  1079
HIVADA      AGAA......CAA-T-GGGAAT--T-AA---............A--GTC-T-AATCAA.T-C--A--A--  1085
HIVJFL      AGAA......CAG-T-GGG....-T-AA---............A--GTC-T-AAGCAA.T-C--A--A--  1085
HIVSIMI84   AGAA......CAA-T-GGGAGG--T-AA---............A--GTC-T-AAGCAA.T-C--A--A--  1100
HIVD31      AGAA......CGA-T-GGG....-C-AA---............A--GTC-T-AATCAA.T-C--A--A--  1094
HIVSF162    AGCA......CAA-T-GGG....-T-AA---............A--GTC-T-AAGCAA.T-C--A--A--  1088
HIVOYI      AAAA......CAA-T-AGG....-T-AA---............A--GCC-T-GATCGA.T-C--A--A--  1109
HIVSF33     AGAA......CAA-T-GGG....-T-AA---............A--GTA-T-AAACAA.T-C--A--A--  1097
HIVCDC4     AGAA......CAA-T-GGG....-T-AA---............A--GCC-T-AATCAA.T-C--A--A--  1127
HIVSF2      AGAA......CAG-T-GGGAAT--T-AA---............A--GTC-T-AATCAA.T-C--A--A--  1106
HIVSF2B13   AGAA......CAG-T-GGGAAT--T-AA---............A--GTC-T-AATCAA.T-C--A--A--  1103
HIVHAN      AGAAATTAGACAA-T-GAA....-T-AA---............A--GTC-T-AATCGA.T-C--A--A--  1106
HIVRF       AGAA......CAA-T-GAC....-T-AA---............A--GTC-T-ACGTCA.T-C--A--A--  1133
HIVWMJ2     AGAA......CAA-T-AAG....-T-AA---............A--GTC-T-AATCAT.T-C--A--A--  1082
HIVTB132    AGAA......CAA-T-AAC....-T-AT---............A--GTC-T-AAxGAA.T-C--A--A--  1052
HIVGUN      AGAA......CAA-T-GGG....-T-AA---............A--GTC-T-AATAAA.T-C--A--A--   993
HIVACH9     GGAA......CAA-T-GGG....-T-AA---............A--GTC-T-AATCAA.T-C--A--A--   971
HIVACP1     AGAC......CAA-T-GGGAAT--T-AA---............A--GTC-T-AATCAA.T-C--A--A--   953
HIVFO       AGAA......CAA-T-GGG....-T-AA---............A--ATC-T-AATCAT.T-C--A--A--   286
HIVJ61      AGAA......CAA-A-GAG....-T-AA---............A--GTC-T-AAGCAA.T-C--A--A--   286
HIVJB02     AGAA......CAA-A-AAG....-T-AA---............A--GTC-T-AAGCAA.T-C--A--A--   286
HIVJM       AGAA......CAA-T-AAG....-T-GA---............A--GTC-T-AATCAC.T-C--A--A--  1034
HIVMA1CON   AGAA......CAA-T-GGG....-T-AA---............A--ATC-T-AATCAA.T-C--A--A--  1169
HIVMA208    AGAA......CAA-T-GGG....-T-AA---............A--ATC-T-AATCAA.T-C--A--A--  1154
HIVRJS      AGAA......CAA-T-GGG....-T-AA---............A--GTC-T-AAGCAA.T-C--A--A--  1100
HIVSBA      AGAA......CAA-T-AAG....-T-AA-----.'.........A--GTC-T-AATCAA.T-C--A--A--   337
HIVSBC      AGAA......CAA-T-AAG....-T-AA---............A--GTC-T-AATCAA.T-T--A--A--   337
HIVSBB      GGAA......CAA-T-GGGAAG--T-AA---............A--GTC-T-AATCAC.T-C--A--A--   340
HIVWM       AGAA......CAA-T-AAG....-T-AA---............A--GTC-T-AAACAA.T-C--A--A--   998
CONSENSUS.C AgaA......cAcTtCCCT...AATAaaACa............atAaaATtTg?accA.tccTCAGGAGG  1067
HIVNOF      -GA-......C-C-A----.....----AA--A...........AT-GC--T-AACTC-.TCC--------   715
HIVD747     -GA-......C-C-T----.....----AA--A...........AT-AG--T-GCATC-.TCC--------   885
HIVD760     -GA-......C-C-T----.....----AA--A...........AT-AA--T-GCAGC-.TCC--------   911
HIVD757     -GA-......T-C-T----.....----AA--A...........AT-AA--T-GCATC-.TCC--------   750
HIVD1044    -GA-......C-C-T----.....----AA--A...........AT-AG--C-GCACC-.TCC--------   729
CONSENSUS.D AaaC.....CTTCTT...AACaAaACAacA.....ATAAttTTTAAacCA.tCctCaGGAGG  1060
HIVJY1      -GA-.....----------.....C-G---AC-.....----TT-----AC--.C-CG-A-----  1130
HIVNDK      -AA-.....----------.....A-A---AC-.....----CT-----GC--.T-CT-A-----  1088
HIVMAL      -AG-.....----------.....A-A---AA-.....----TT-----TT--.T-CT-A-----  1106
HIVELI      -AC-.....----------.....A-A---AT-.....----AG-----AC--.T-CT-A-----  1094
HIVZ2Z6     -AA-.....----------.....A-A---AC-.....----TT-----AC--.T-CT-A-----  1094
HIVUG23     -GA-.....----------.....C-T---AC-.....----AT-----AC--.T-AT-A-----   271
CONSENSUS.E AGAG.....CACTTTAAT...AATAAGACA.....ATAATCTTTCAACCA.CCCTCAGGAGG  1115
HIVTN243    ----.....----------.....----------.....----------.-----------  1115
CONSENSUS.O Aaaa.....ctagta...AAc?aaACagat?ctattA?cATaacattcaac??a.?c?agtggtGG   932
HIVMVP5180  -AAT.....CTTGTA....--CCAA--AGAGAATGTT-CC--AATATTCAGCAGA.ACTAGTGGT--  1115
HIVANT70    -GAA.....CTAGTA....--CAAT--AGGTAGTATT-AC--GACATTCAATCAC.AGCAGCGGT--  1094
CPZGAB      -ACC.....TCATCA....--TCGA--AGCAGCC...-AC--AACACTCAACAGA.GCCTCTGGA--  1094
```

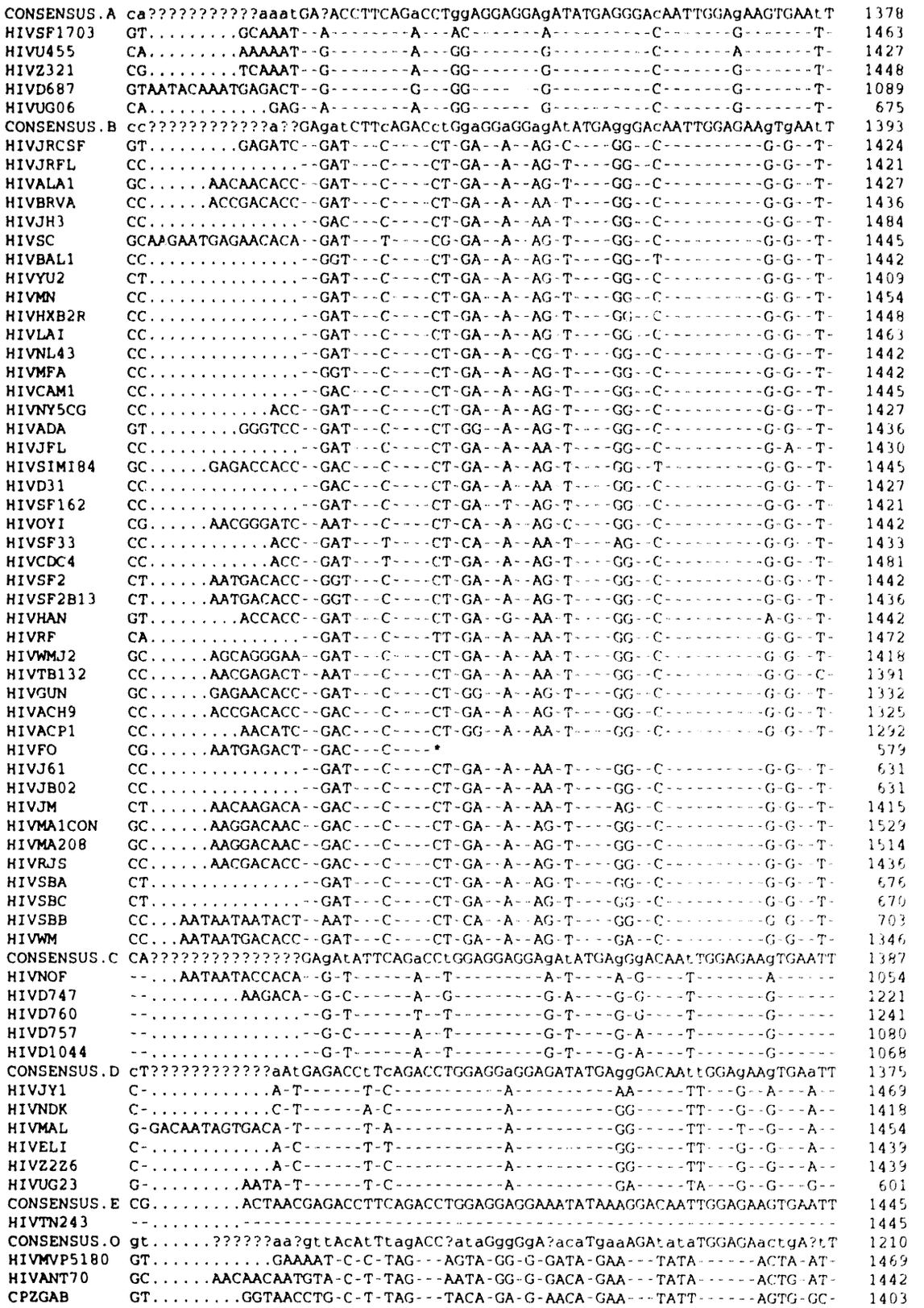


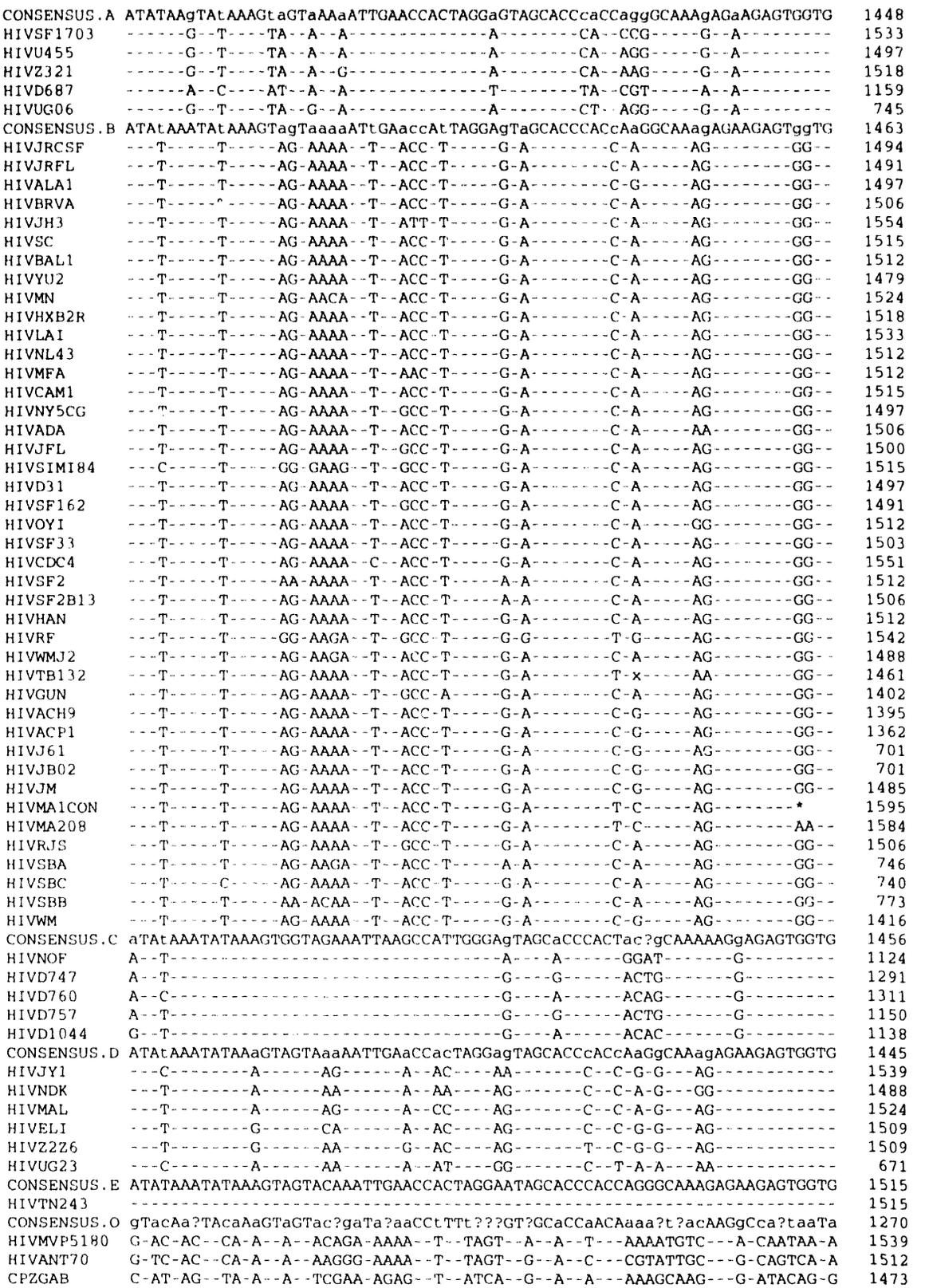
```
CONSENSUS.A TTTAATaGCactTGG??????????????????.....AAT?GCAct?????????????????gt   1153
HIVSF1703   ------A--ACA---GGGGGA.....---A---CT...GACAGCATACAGGAGT   1228
HIVU455     ------A--ATT---.....---G---GC.....ATGT   1192
HIVZ321     ------G--ACT---TTA.....---G---CT.....T   1201
HIVD687     ------A--ACT---GAT.....---A---CT.....TGGG   851
HIVUG06     ------A--TCA---AAGATAGGCAGTCAGCCA.....---A---AG.....   454
CONSENSUS.B TtTaatagtactTGG??????????????????????????Aat?gtACt?????????????a???t   1170
HIVJRCSF    -T-AATAGTACT---.....-ATGAT--T.....GAAAAGT   1189
HIVJRFL     -T-AATAGTACT---AAT.....-ATAAT--T.....GAAGGGT   1189
HIVALA1     -T-AATAGTACT---.....-ATAGT--T...GAAGGGCCTAAAGGGT   1198
HIVBRVA     -T-AATAGTACT---TATAGG.....-ACACT--A.....G   1195
HIVJH3      -T-AATAGCACT---TTGTCT.....-ATAGT--TTGGAATGATACTGAAGGGT   1249
HIVSC       -T-AGTAGTACT---.....-ATGGT--T.....GAAGGGT   1195
HIVBAL1     -T-AATAGTACT---.....-ATGTT--T.....GAAGAGT   1207
HIVYU2      -T-.....ACT---.....-ATGAT--T.....AGAAAGT   1180
HIVMN       -T-AATAGTACT---AATGGT.....-ATAAT--T.....TGGA   1213
HIVHXB2R    -T-AATAGTACT---...TTT.....-ATAGT--TTGG...AGTACTGAAGGGT   1213
HIVLAI      -T-AATAGTACT---...TTT.....-ATAGT--TTGG...AGTACTGAAGGGT   1228
HIVNL43     -T-AATAGTACT---...TTT.....-ATAGT--TTGG...AGTACTGAAGGGT   1207
HIVMFA      -T-AATAGTACT---...TTT.....-ATAGT--TTGG...AGTACTGAAGGGT   1207
HIVCAM1     -T-AATACTACT---CTGTTT.....-ATGGT--T.....T   1198
HIVNY5CG    -T-AATAGTACT---CTGTTT.....-ATAGT--T.....T   1180
HIVADA      -T-AATAGTACT---AATTTT.....-ATGGT--T.....T   1186
HIVJFL      -T-AATAGTACT---CTGTCC.....-ATGGT--T.....T   1186
HIVSIMI84   -T-AATAGTACT---.....-ATGAT--T.....AGTACT.....T   1201
HIVD31      -T-AATAGTACT---.....-ATGAT--T.....AAAGAGT   1195
HIVSF162    -T-AATAGTACT---.....-ATAAT--T.....ATAGGGC   1189
HIVOYI      -T-AATAGTACT---.....-ATGAT--T.....ACAAGGG   1210
HIVSF33     -T-AATAGTACT---AATGAA.....-ATAGT--T.....T   1198
HIVCDC4     -T-AATAGCGCT---.....-ATGTT--T.....AGTAATGGTACTT   1234
HIVSF2      -T-AATAATACA---AGGTTA.....-ATCAC--T.....GAAGGAA   1213
HIVSF2B13   -T-AATAGTACT---AATCCA.....-ATAAC--T.....GAAGGAA   1210
HIVHAN      -T-AATAGTACT---.....-ATAAT--T.....AGTACTTGGAATG   1213
HIVRF       -T-AATAGTACT---.....-ATAGT--T.....GAAGGGT   1234
HIVWMJ2     -T-AATAGTACT---.....-ATGGT--TGACATTAAAGGAGATAATA   1195
HIVTB132    -T-AATAGTACT---.....-ATAGC--T.....GAAGGAA   1153
HIVGUN      -T-AATAGTACT---CTGGTT.....-ATGGT--T.....T   1094
HIVACH9     -T-AATAGTACT---.....-ATGTT--T.....GAAGAGA   1072
HIVACP1     -A-AATAGTACT---TCGGAT.....-ATAGT--T.....T   1054
HIVFO       -T-AATAGTACT---.....-ATGTT--T.....AGAACTT   387
HIVJ61      -T-AATAGTACT---.....-ATGAT--T.....GAAGTGC   387
HIVJB02     -T-AATAGTACT---.....-ATGAT--T.....GAAGTGT   387
HIVJM       -T-GATAGTACT---CAACTTAATAAAAGTGATGGTAATTGG-ATTCA--T.....AGTAGTATTT   1162
HIVMA1CON   -T-AATAGCACT---ACTTGGAAT.....-ATGGT--T.....GGAGAGTCAA   1282
HIVMA208    -T-AATAGCACT---ACTTGGAAT.....-ATGGT--T.....GGAGAGTCAA   1267
HIVRJS      -T-AATAGTACT---ATGTCT.....-ATAGT--T.....G   1201
HIVSBA      -T-AATAGTACT---ACTTGG.....-ATAGT--T.....T   438
HIVSBC      -T-AATAGTACT---TATAGT.....-ATAAT--T.....T   438
HIVSBB      -T-AATAGTACT---AATGAT.....-GTAGC--T.....T   441
HIVWM       -T-AATAGTATC---.....-ATGGT--T...AATGGTACTGAAGGGT   1108
CONSENSUS.C TTtaaTagtacatac???cct.....AAtggtaca.....???aaa??t?   1168
HIVNOF      --TTC-GCA.....--CGCAACA.....AAA...T   807
HIVD747     --TAA-GGTACATACATGCCT.....--TGGTACA.....AAAAGT.   991
HIVD760     --CAA-GGTACATACATGCCT.....--TGGTACA.....AAAAGT.   1017
HIVD757     --TAA-AGTACATACATGCCT.....--TGGTACA.....AAAGGT.   856
HIVD1044    --TAA-AGTACATAC.....--TAGTACA.....TACATGCTT.   832
CONSENSUS.D TTTAAtAgTAcatgg??????????.....aATa?ta?t??????????????????   1151
HIVJY1      -----T-G--CATGG.....A--AGT.....AGTACATGG...A   1231
HIVNDK      -----T-G--CATGG.....A--CAGACT.....   1182
HIVMAL      -----T-G--CATGGCAG.....A--AATGGTGCA.....AGACTAA   1213
HIVELI      -----T-G--CATGG.....A--ATTAGTGCA.....TGGA   1195
HIVZ2Z6     -----T-G--CATGG.....G--ATTAGTAAATCA.....GAATGGG   1201
HIVUG23     -----T-G--CATGG.....A--AGTACA.....T   366
CONSENSUS.E TTTAATAATACTTGCATAGGA.....AATGAAACCATG.....   1218
HIVTN243    --------------------.....----------.....   1218
CONSENSUS.O TTtAat?a?ac?tttac???????.....aaCa?tACa??????????????????   1016
HIVMVP5180  --T-ACTATACTTTTATC.....AA-TGT--AAAGTCCGGATGCCAGGAGA   1231
HIVANT70    --T-ATTATACCTTTTCATGT.....AA-GGA--C.....ACCTGTAGTGTTA   1207
CPZGAB      --T-CTGAC.....AA-ATT--A.....   1182
```

```
CONSENSUS.A caaataacac?......????????????g?g?caaAtgacA?TATAActCtCCcATGcAGAATAAaGCA  1201
HIVSF1703   CAAATAGCACA.................GAGTCAA-TGAC-C-----TT-T--C---C-------A---  1280
HIVU455     CAAATGACATG.................GGGCCAA-TGGC-C-----CT-T--A---T-------A---  1244
HIVZ321     CTAATAACACT......TGGAAAATTGACACGGTAA-TGAC-C-----TT-T--C---C-------A---  1265
HIVD687     ATAACAACACT.....................GCAA-TGAC-A-----CT-A--A---C-------A---   900
HIVUG06     ..........................GAGTCAA-TGGC-A-----CT-T--C---C-------G---   495
CONSENSUS.B ??aataacact??????????????????????g?aaatgacactatcacaCTcCcaTGcAgaATAAAacA  1216
HIVJRCSF    CAAGTGGCACT.................GAAGGAAATGACACCATCATA--C-CA--C-GA-----AC-  1241
HIVJRFL     CAAATAACACT.................GAAGGAAAT...ACTATCACA--C-CA--C-GA-----AC-  1238
HIVALA1     CAAATAACACT.................GAAGAA......AATATCACA--C-CA--C-GA-----AC-  1244
HIVBRVA     GAAATATCACT.................GAAGGAAATAGCCCAATCACA--C-CA--C-GA-----AC-  1247
HIVJH3      CAAATAACACA.................GGAGGAAATGACACAATCACC--C-CA--C-GA-----AC-  1301
HIVSC       CAAATAACACT.................GGAGGAAATGACACAATCACC--C-CA--C-GA-----AG-  1247
HIVBAL1     CAAATAACACT.................GTAGAAAATAACACAATCACA--C-CA--C-GA-----AC-  1259
HIVYU2      TAAATAACACT.................GGAAGA......AATATCACA--C-CA--T-GA-----AC-  1226
HIVMN       ATAATACTACA.................GGGTCAAATAACAATATCACA--T-AA--C-AA-----AC-  1265
HIVHXB2R    CAAATAACACT.................GAAGGAAGTGACACAATCACC--C-CA--C-GA-----AC-  1265
HIVLAI      CAAATAACACT.................GAAGGAAGTGACACAATCACA--C-CA--C-GA-----AC-  1280
HIVNL43     CAAATAACACT.................GAAGGAAGTGACACAATCACA--C-CA--C-GA-----AC-  1259
HIVMFA      CAAATAACACT.................GAAGGAAGTGACACAATCACA--C-CA--C-GA-----AC-  1259
HIVCAM1     GGAATGATACT......GAAGGGTTAAATAACACTGAAAGAAATATTACA--T-CA--C-GA-----AC-  1262
HIVNY5CG    GGAATGATACT......GAAAGGTCA...GATAACAATGAAACTATCATA--C-CA--C-GA-----AC-  1241
HIVADA      GGAATTTAACACAATCGAATGGTACT...GAAGGAAATGACACTATCACA--C-CA--T-GA-----AC-  1253
HIVJFL      GGAATGATACT......GAAGAGTCAAAAGACACTAGAGAACCTATCATA--C-CA--C-GA-----AC-  1250
HIVSIMI84   GGAATGATACT............ACAGGATCAAATAAAGGAAATATCACA--C-TA--C-GA-----AC-  1259
HIVD31      CAAATAACACA.....................AATGGAACTATCACA--C-CA--C-GA-----AC-  1241
HIVSF162    CAAATAACACT.....................AATGGAACTATCACA--C-CA--C-GA-----AC-  1235
HIVOYI      CAAATAGCACT.....................GAAGTAACTATCACA--C-CA--T-GA-----AC-  1256
HIVSF33     GGAATGCTACT.....................GGAAATGACACTATCACA--C-CA--T-GA-----AC-  1247
HIVCDC4     GGAGTGTTACT......AGAAAGCAAAAAGACACTGGAGACATTATCACA--C-CA--C-GA-----AC-  1298
HIVSF2      CTAAAGGA.........................AATGACACAATCATA--C-CA--T-GA-----AC-  1256
HIVSF2B13   ATAACACT............................GACCCAATCATA--C-CA--T-GA-----AC-  1250
HIVHAN      ATAATGGA.........................AATGACACTATCATA--G-CA--T-GA-----AC-  1256
HIVRF       CAAATAACACT.................GGAGGAAATGACACAATCACA--C-CA--C-GA-----AC-  1286
HIVWMJ2     AAAATAGCACA.....................CTCATCACA--C-CA--C-GA-----AC-  1235
HIVTB132    ATGACGATGGA.....................GAGGAAAGAAATATCACA--C-CA--C-GA-----AC-  1202
HIVGUN      GGAATAATACT.............AAAAGGTCAAATGATACTATCACA--C-AG--C-GA-----GC-  1149
HIVACH9     CAAATAGCAAT...GAAGGAGATAGCACCATAGGAAATGACACCATTGTA--C-CA--C-GA-----AC-  1139
HIVACP1     GGAATGATACT.....................GGAGGAGATAACATCACA--C-CA--T-GA-----AC-  1103
HIVFO       GGAATGGTACT.....................GGGTCAGATAATATCACA--C-CA--C-GA-----AC-   436
HIVJ61      CAAATAACACT.................AATGAAAATGACACAATCATA--C-CA--C-GA-----AC-   439
HIVJB02     CAAATGACACT.................AAGGAAAATGACACAATCATA--C-CA--C-GA-----AC-   439
HIVJM       GGAATAACACT............GAAGGAAATATCACAGGAGATATCACA--C-AA--C-GA-----AC-  1220
HIVMA1CON   ATAATGTTACT............GGAACTGAAGGAAATAGCACAATCACA--C-AA--C-GA-----AC-  1340
HIVMA208    ATAATGTTACT............GGAACTGAAGGAAATAGCACAATCACA--C-AA--C-GA-----AC-  1325
HIVRJS      GGAATGATACT.....................ACAGGGTTAAATATCACA--C-CG--C-GA-----AC-  1250
HIVSBA      GGAATGGTACT.................GAAGGAAATAACACTAATATCACA--T-CA--C-GA-----AC-   493
HIVSBC      GGAATGGTACT.....................GGAGGAGAAAATATCACA--C-CA--C-GA-----AC-   487
HIVSBB      GGAATGTT...GAAAGGTCAAGTAAAGCTGAAGAAAATGATATACTCACT--C-AA--C-GA-----AC-   508
HIVWM       CAAATAACACT.....................GGAGACTCGATCACA--C-CA--C-GG-----AC-  1154
CONSENSUS.C ???????????...??????????????aattcaaactcaaccATCACAaTcCcATGCAGaATAAAACA  1209
HIVNOF      TTAATGAAAGT.................GATCCAAACGCAACC------C-C-C------G--------   859
HIVD747     ..........................AATTCAAGCTCAACC------A-T-C------A--------  1032
HIVD760     ..........................AATTTAAACTCAACC------A-C-C------A--------  1058
HIVD757     ..........................AATTCAAACTCAACC------A-C-A------A--------   897
HIVD1044    ..AATGGTACA............ACAAGTAATTCAACCTTAAAC------A-C-C------A--------   888
CONSENSUS.D ?taatagtaca......????????????a?????aa?gg?acaaTCAcACTCCcATGCAGAATAAAACA  1195
HIVJY1      ATAATGATACA..............TTAAATAGTGAAGGAACAA---A-----C---------------  1286
HIVNDK      ..AATAGTACA..............GGGTTCAATAATGGCACAG---C-----C---------------  1235
HIVMAL      GTAATAGCACA..................GAGTCAACTGGTAGTA---C-----C---------------  1265
HIVELI      ATAATATTACA......GAGTCAAATAATAGCACAAACACAAACA---C-----A---------------  1259
HIVZ2Z6     CTAATAGTACA......GAGTCAGATGATAAA.........CCAA---C-----A---------------  1256
HIVUG23     CAAATAGTACA......GGGATAGCTGATA.........AGACAA---G-----C---------------   421
CONSENSUS.E ..........................AATGGGTGTAATGGCACTATCACACTTCCATGCAAGATAAAGCA  1262
HIVTN243    ..........................----------------------------------------------  1262
CONSENSUS.O ???????????.........????????????????AAtGGcact??????ctaCctTGCA?aaTtAgaCA  1044
HIVMVP5180  TCAAAGGGAGC.........AATGAGACCAATAAA--T--TACT......ATA-CT----AGT-A-GA--  1286
HIVANT70    GTAATGTTAGT..............CAAGGTAAC--T--CACT......CTA-CT----AAC-G-GA--  1256
CPZGAB      ..................................--T--CATTATAATACTG-CA----GAA-T-GA--  1217
```

```
CONSENSUS.A AATTaTAAatATgTGgCAGAgagtAGGACAA...GCAAtgTATGCCCCTCCCATCcAAGGaGtAaTAAgg   1268
HIVSF1703   ----A---AT--G--G----GAGT-------...----TG--------------C----A-T-A---AG   1347
HIVU455     ----A---AT--G--G----GAGT-------...----TG--------------C----A-T-A---GG   1311
HIVZ321     ----G---AT--G--G----GAGT-------...----TG--------------A----G-T-A---AG   1332
HIVD687     ----G---AT--G--G----AAGT-------...----TG--------------G----A-A-C---GG    967
HIVUG06     ----A---GA--A--G----GAAC-------...----CA--------------C----A-T-A---GG    562
CONSENSUS.B aaTTaTAAAcatgTGGCAggaaGTagGaAaA...GCaaTGTAtGccCcTCCCATcagaGGAcaaaTTAga   1283
HIVJRCSF    AA--A----CATG-----GGAA--GG-A-A-...--AA----T-CT-C------TAAA---CAAA---GA   1308
HIVJRFL     AA--A----CATG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CAGA---CAAA---GA   1305
HIVALA1     AA--G----CATG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CGAA---CAAA---GA   1311
HIVBRVA     AA--A----CATG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CAGA---CAAA---AA   1314
HIVJH3      AA--A----CATG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CGAA---CAAA---GA   1368
HIVSC       AA--A----CATG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CAAA---CAAG---AA   1314
HIVBAL1     AA--A----CATG-----GGAA--AG-A-G-...--AA----T-CC-C------CAGA---CAAA---GA   1326
HIVYU2      AA--A----TATG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CAGA---CAAA---GA   1293
HIVMN       AA--A----CATG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------TGAA---CAAA---GA   1332
HIVHXB2R    AA--A----CATG-----GAAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CAGT---CAAA---GA   1332
HIVLAI      AT--A----CATG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CAGC---CAAA---GA   1347
HIVNL43     AT--A----CATG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CAGT---CAAA---GA   1326
HIVMFA      AT--A----CATG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CAGT---CAAA---GA   1326
HIVCAM1     AA--A----CAGG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CACA---ACAA---GC   1329
HIVNY5CG    AA--A----CAGG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CAGT---CAAA---GA   1308
HIVADA      AA--A----TATG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CAGA---CAAA---GA   1320
HIVJFL      AA--A----CAGG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CAAC---CAAA---GA   1317
HIVSIMI84   AA--A----CAGG-----AGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CGAA---CATA---GA   1326
HIVD31      AA--A----CATG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CAGT---CAAA---GA   1308
HIVSF162    AA--A----CAGG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CAGA---CAAA---GA   1302
HIVOYI      AA--G----CATG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CAGT---CAAA---GA   1323
HIVSF33     AA--A----CATG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CGAA---CAAA---GA   1314
HIVCDC4     AA--A----CAGG-----GGTT--AG-A-A-...--AA----T-CC-T------CAAA---CTAA---GA   1365
HIVSF2      AA--A----CATG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------TGGA---CAAA---GT   1323
HIVSF2B13   AA--A----CATG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------TGGA---CAAA---GT   1317
HIVHAN      AA--A----CATG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------TGGA---CTAA---GA   1323
HIVRF       AA--G----CATG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CAGT---CAAA---AA   1353
HIVWMJ2     AA--A----CATG-----GGGA--AG-C-A-...--AA----T-CC-C------CCAA---CAAA---GA   1302
HIVTB132    AA--G----CATG-----GGAA--AR-A-A-...--AT----T-AC-C------CGGA---CAAA---GA   1269
HIVGUN      AA--A----CAGC-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CCAA---CAAA---GA   1216
HIVACH9     AA--A----CATG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CAGG---CAAA---AC   1206
HIVACP1     AA--A----CATG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----C-CC-C------CAAC---CAAA---GA   1170
HIVFO       AT--A----CATG-----GGGA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CAGT---CAAA---GA    503
HIVJ61      AA--A----CATG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CAGA---CAAA---GA    506
HIVJB02     AA--A----CATG-----GGAA--AG-A-A-...--AA--- T-CC-C------CAGA---CAAA---GA    506
HIVJM       GA--G----CATG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CAGA---CAAA---GA   1287
HIVMA1CON   AT--A----CCTG-----GAAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CCAA---AATA---GC   1407
HIVMA208    AT--A----CCTG-----GAAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CCAA---AATA---GC   1392
HIVRJS      AA--A----CAGG-----GGAA--AG-A-A-...--GA----T-CC-C------CGAA---CAAA---GA   1317
HIVSBA      AA--G----CATG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CAGA---CAAA---GA    560
HIVSBC      AA--A----CATG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CAGA---CAAA---GA    554
HIVSBB      AA--G----CATG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CAGA---CTAA---GA    575
HIVWM       AA--A----CATG-----GGAA--AG-A-A-...--AA----T-CC-C------CGCA---CAAA---GA   1221
CONSENSUS.C AATTaTaAACaTGTGGCAGGaGGTAGGACGa???gcaATGTATGCCCCTCCcaTTGaagGaAACATAACa   1276
HIVNOF      ----A-A---A---------A---------GACGAGC--------------CA---AAG-A--------A    929
HIVD747     ----A-A---A---------A---------A...GCA--------------CA---CAG-A--------G   1099
HIVD760     ----G-G---C---------A---------A...GCA--------------AT---CCA-G--------A   1125
HIVD757     ----A-A---A---------A---------A...GCA--------------CA---AAG-A--------G    964
HIVD1044    ----A-A---A---------A---------A...GCA--------------CA---AAG-A--------A    955
CONSENSUS.D AATTaTAAA?aTGtgGcagggagtagGaAAA...GCaATgTATgCCCCTCCcATcgaAgGAcaaATcaaa   1261
HIVJY1      ----A----CA--TG-CAGGGAGTAG-A---...--A--G---G-------T--CGA-G--CTA--CAAA   1353
HIVNDK      ----G----CT--TG-CAGAGAGTAG-A---...--A--G---G-------C--CGA-G--CTA--TAAA   1302
HIVMAL      ----A----TA--TG-CAGAAAACAG-A---...--T--G---G-------C--CGC-G--GTC--CAAC   1332
HIVELI      ----A----GA--GT-GCAGGC...A-G---...--A--A---G-------T--CGA-A--AAC--TCTA   1323
HIVZ2Z6     ----A----CA--TG-CAGGGAGTAG-A---...--A--G---G-------C--CGA-G--CAA--TAAT   1323
HIVUG23     ----A----TA--TG-CAGAGAGTAG-A---...--A--G---G-------C--CCA-G--AAA--CACA    488
CONSENSUS.E AATTATAAACATGTGGCAGGGAGCAGGACAA...GCAATGTATGCTCCTCCCATCAGTGGAAAAATTAAT   1329
HIVTN243    ----------------------------...----------------------------------------   1329
CONSENSUS.O GaTaGT?AgttcaTGGatgAggG?aga??c?...gGaaTcTAtgcAcC?CCcAtcagaGG?AA??TaaCa   1102
HIVMVP5180  -C-A--A-GATCA---ATG-AG-GAGAGTCG...A-AA-C--TGC-C-T--C-TCCCC--C--CT-AA-A   1353
HIVANT70    -G-G--A-GGTCA---ATA-GG-GACAGTCG...G-AC-C--TGC-C-T--C-TCAAA--T--TC-AA-A   1323
CPZGAB      -A-A--T-GTTCA---ATG-GG-TAGGAAGA...G-AA-A--TGC-C-C--A-TCAGA--A--CA-CA-T   1284
```

```
CONSENSUS.A TgTg?ATCAAAcATTACaGGAcTaCTATTAACAAGAGATGGtGggg?t???.....AA?AatA  1320
HIVSF1703   -G-AT------T-----A---C-T----------------T-GGGAT.....--T-AC-  1402
HIVU455     -G-GA------C-----A---C-A----------------G-GTACT.....--C-AT-  1366
HIVZ321     -G-GT------C-----A---A-A----------------T-TGGGT.....--T-AC-  1387
HIVD687     -G-GA------C-----T---C-A----------------A-GG.....--C-CT-  1019
HIVUG06     -T-GA------C-----A---C-A----------------T-GAGTT.....--C-GT-  617
CONSENSUS.B TGttcaTCAaAtATTACaGGgcTgcTatTAACAAGaGATgGtGGtaa??a????????????aAcg?ga  1337
HIVJRCSF    --TTCA---A-T-----A--GC-GC-AT-------A---G-T--TAAA.....A-TGAGA  1363
HIVJRFL     --TTCA---A-T-----A--GC-GC-AT-------A---G-T--TATTAATGAG.....A-TGGGA  1366
HIVALA1     --CTCA---A-T-----A--GC-GC-AT-------A---G-T--T.....A-TAGCA  1363
HIVBRVA     --TTCA---A-T-----A--GC-GC-AT-------A---G-T--TAATAAC.....A-CGAGA  1372
HIVJH3      --CTCA---A-T-----A--GC-GC-AT-------A---G-T--TGATAACCAG.....A-CGAGA  1429
HIVSC       --TTCA---A-T-----A--GC-GC-AT-------A---G-T--TAATAGCAAG.....A-TGGTA  1375
HIVBAL1     --TTCA---A-T-----A--GC-GC-AT-------A---G-T--TCCTGAGGAC.....A-CAAGA  1387
HIVYU2      --TTCA---A-T-----A--GC-GC-AT-------A---G-T--TAAGGACACG.....A-CGGGA  1354
HIVMN       --TTCA---A-T-----A--GC-AC-AT-------A---G-T--TAAGGACACG...GACACGA-CGACA  1399
HIVHXB2R    --TTCA---A-T-----A--GC-GC-AT-------A---G-T--TAATAGCAAC.....A-TGAGT  1393
HIVLAI      --TTCA---A-T-----A--GC-GC-AT-------A---G-T--TAATAACAAC.....A-TGGGT  1408
HIVNL43     --TTCA---A-T-----T--GC-GC-AT-------A---G-T--TAATAACAAC.....A-TGGGT  1387
HIVMFA      --TTCA---A-T-----A--GC-GC-AT-------A---G-T--TAAGAACACG.....A-TGAGT  1387
HIVCAM1     --TTCA---A-T-----A--GC-GC-AT-------A---G-T--TAGAGGCGAA.....A-TGAGA  1390
HIVNY5CG    --CTCA---A-T-----A--GC-GC-AT-------A---G-T--TGATAAAGAG.....A-CAGTA  1369
HIVADA      --CTCA---A-T-----A--GC-AA-AT-------A---G-T--AACT.....A-CAGTA  1375
HIVJFL      --TTCA---A-T-----A--GC-AC-AT-------A---G-T--TAAAGAG.....A-TGGGG  1375
HIVSIMI84   --TTCA---A-T-----A--GC-GT-AC-------A---G-T--TAAG.....A-CGAGA  1381
HIVD31      --TTCA---A-T-----A--GC-GC-AT-------A---G-T--TAAAAATAAGGAC.....A-CGAGA  1372
HIVSF162    --CTCA---A-T-----A--AC-GC-AT-------A---G-T--TAAAGAGATCAGT.....A-CACCA  1366
HIVOYI      --TTCA---A-G-----A--GC-GC-AT-------A---G-T--TAAG.....A-CACCA  1378
HIVSF33     --TTCA---A-T-----A--GC-GC-AT-------A---G-T--TGGTGACAAG.....A-CAGTA  1375
HIVCDC4     --TTCA---A-T-----A--GC-GC-AT-------A---G-T--TGGTGAG.....A-CCAGA  1423
HIVSF2      --TTCA---A-T-----A--GC-GC-AT-------A---G-T--TACA.....A-TGTAA  1378
HIVSF2B13   --TTCA---A-C-----A--GC-GC-AT-------A---G-T--TATA.....A-TGGAA  1372
HIVHAN      --TTCA---A-T-----A--GC-GA-AT-------A---G-T--TAATGAT.....A-CAGTA  1381
HIVRF       --TATA---A-T-----A--GC-AC-AT-------A---G-G--TGAAGATACAACT.....A-TACTA  1417
HIVWMJ2     --TTCA---A-T-----A--GC-GC-AT-------A---G-T--T.....A-TAGCA  1354
HIVTB132    --CACC---A-T-----A--GC-GC-AT-------A---G-A--TAACCAA.....A-TGGGA  1327
HIVGUN      --TTCA---A-T-----A--GC-AC-AC-------A---G-T--T.....A-CGGGA  1268
HIVACH9     --TTCA---A-G-----A--AC-GC-AT-------A---G-T--TAAC.....A-TGAGA  1261
HIVACP1     --TTCA---A-T-----A--GC-GC-AT-------A---G-T--TGACGAGAAC.....G-GATCA  1231
HIVFO       --TTCA---A-T-----A--GT-AC-GT-------C---A-T--T.....A-CCGCA  555
HIVJ61      --TTCA---A-T-----A--GC-GC-AT-------A---G-T--TAATAACAAGAACAACCCCA-CAACA  576
HIVJB02     --TTCA---A-T-----A--GC-GC-AT-------A---G-T--TAATAACAAGAACAACACCA-CAACA  576
HIVJM       --TTCA---A-T-----A--GC-GT-AT-------A---G-T--TAATAGTAATAGT.....A-TGACA  1351
HIVMA1CON   --TTCA---A-T-----A--GC-GC-AT-------A---G-T--TATTAAT.....A-CGCGA  1465
HIVMA208    --TTCA---A-T-----A--GC-GC-AT-------A---G-T--TATTAAT.....A-CGCGA  1450
HIVRJS      --TTCA---A-T-----A--GC-AC-GT-------A---G-T--TATA.....A-CGGGA  1372
HIVSBA      --TTCA---A-T-----A--GC-GA-AT-------A---G-G--T.....AAAAACACAA-CGAGA  621
HIVSBC      --TTCA---A-T-----A--GC-GA-AT-------A---G-T--T.....AATAACACAA-CGTGA  615
HIVSBB      --TTCA---A-T-----A--GC-GC-AT-------A---G-T--T.....AATAACAATA-CAATA  636
HIVWM       --TTCA---A-T-----A--GC-GC-AT-------A---G-T--TATTAAC.....A-TAACA  1279
CONSENSUS.C TGTaaaTCaAATATcACAGGAcTACTATTGgtACGtGATGGAGGaa?aga????.....AAtaatA  1332
HIVNOF      ---AAC--A-----C------C--------AC---T--------AAACGCA.....--CACA-  987
HIVD747     ---AAA--C-----T------A--------GT---T--------AATAGAGCTA.....--TGAT-  1160
HIVD760     ---AAA--A-----C------C--------GT---T--------AGAAGACACA.....--TGAT-  1186
HIVD757     ---GAA--C-----C------C--------GT---T--------AACAGAGTCA.....--TAAT-  1025
HIVD1044    ---ACA--A-----C------C--------GA---T--------ACCAGAC.....--TAAT-  1013
CONSENSUS.D TGttcATCAAaTATTACAGGgCTatTaTTgACAAGAGAtGGTGGt??aaat.....AATAgta  1317
HIVJY1      --CAC-----A---------G--AT-A--G--------C-----TGTAAAT.....----GTA  1411
HIVNDK      --TTC-----A---------G--AC-A--A--------T-----TGCAAAT.....----GTT  1360
HIVMAL      --TTT-----A---------G--GA-A--A--------T-----A.....----GTA  1384
HIVELI      --TTC-----A---------G--AC-A--G--------T-----TATAAAT.....----GTA  1381
HIVZ2Z6     --TTC-----A---------G--AT-A--G--------T-----TACAAAT.....----GTT  1381
HIVUG23     --CGT-----A---------G--AT-A--A--------T-----T.....----CAA  540
CONSENSUS.E TGTGTATCAAATATTACAGGAATACTATTGACAAGAGATGGTGGTGCT.....AATACTA  1384
HIVTN243    ----------------------------------------------.....-------  1384
CONSENSUS.O TGtaatTCcAaCATaACTGGAaT?aTc?Tacaattagataatccat?gaat.....aacaa?a  1156
HIVMVP5180  --TCAT--C-A---A------A-GA-TC-ACAGTTAGATCAACCATGGAAT.....TCCACAG  1411
HIVANT70    --TATG--A-A---A------A-GA-CC-ACAAATGGATAACACATGG.....AACAGCA  1378
CPZGAB      --CAAT--T-A---T------C-TC-CT-AACTTCAGACACTCCTGTGACT.....AACAACA  1342
```





```
                                  gp120 \/ gp41
CONSENSUS.A ............gaGAGAgAAAAAAGAGCAgTTGga???aTaGGAGCTgTcTTCcTTGGGTTCTTaGGAG  1503
HIVSF1703   ............CA----G----------G---GA...A-A------G-A---A----------A----  1588
HIVU455     ............GA----G----------G---GA...C-A------A-C---C----------A----  1552
HIVZ321     ............GC----G----------A---GA...A-G------T-C---C----------A----  1573
HIVD687     ............GA----G----------G---GA...C-G------G-C---C----------A----  1214
HIVUG06     ............TG----G----------G---TTGAAA-A------G-C---C----------*       798
                                                                  <- RRE or CAR
CONSENSUS.B ............CAgAGAgAAAAAAGAgCagtggga???aTaGGAGcT?tGttCctTGGgTTCTTgGGag  1517
HIVJRCSF    ..............--A---G--------G-AGTGGGA...A-A----C-TT-TT-CT---G-----G--AG  1549
HIVJRFL     ..............--A---G--- ----G-AGTGGGA...A-A----C-GT-TT-CT---G-----G--AG  1546
HIVALA1     ..............--G---G--------G-AGTGGGA...C-A----C-TT-TT-CT---G-----G--AG  1552
HIVBRVA     ..............--G---G--------G-AGTGGGA...C-A----C-TT-TT-CT---G-----A--AG  1561
HIVJH3      ..............--G---G--------G-AGTGGGA...A-A----C-GT-TT-CT---G-----G--AG  1609
HIVSC       ..............--G---G--------G-AGTGGGAACGA-A----C-AT-TT-CT---G-----G--AG  1573
HIVBAL1     ..............--G---G--------G-AGTGGGA...A-A----C-GT-TT-CT---G-----G--AG  1567
HIVYU2      ..............--G---G--------G-AGTGGGA...C-A----C-TT-TT-CT---G-----G--AG  1534
HIVMN       ..............--G---G--------G-AGCG......A-A----C-CT-TT-CT---G-----A--AG  1576
HIVHXB2R    ..............--G---G--------G-AGTGGGA...A-A----C-TT-TT-CT---G-----G--AG  1573
HIVLAI      ..............--G---G--------G-AGTGGGA...A-A----C-TT-TT-CT---G-----G--AG  1588
HIVNL43     ..............--G---G--------G-AGTGGGA...A-A----C-TT-TT-CT---G-----G--AG  1567
HIVMFA      ..............--G---G--------G-AGTGGGA...A-A----C-TT-TT-CT---G-----G--AG  1567
HIVCAM1     ..............--G---G--------G-AGTGGGAGCGA-A----C-CT-TT-CT---G-----G--AG  1573
HIVNY5CG    ..............--G---G--------G-AGTGGGAGCGC-A----C-CT-TT-CT---G-----G--AG  1555
HIVADA      ..............--G---G--------G-AGTGGGAACGA-A----C-AT-TT-CT---G-----G--AG  1564
HIVJFL      ..............--G---A--------G-AGTGGGAACGA-A----C-AT-TT-CT---G-----G--AG  1558
HIVSIMI84   ..............--G---G--------G-AGTGGGACTGA-A----C-TT-TT-CT---A-----G--AG  1573
HIVD31      ..............--G---G--------G-AGTGGGACTGC-G----C-GT-TT-CT---G-----G--AG  1555
HIVSF162    ..............--G---G--------G-AGTG...ACGC-A----C-AT-TT-CT---G-----G--AG  1546
HIVOYI      ..............--G---G--------G-AGTGGGAATGC-A----C-AT-TT-CT---G-----G--AG  1570
HIVSF33     ..............--A---G--------G-AGTGGGAGTGA-A----C-AT-TT-CT---G-----G--AG  1561
HIVCDC4     ..............--G---G--------G-AGTGGGAATGC-A----C-AT-TT-CT---G-----G--AG  1609
HIVSF2      ..............--G---G--------G-AGTGGGAATAG-A----C-AT-TT-CT---G-----G--AG  1570
HIVSF2B13   ..............--G---G--------G-AGTGGGAATAA-A----C-AT-TT-CT---G-----G--AG  1564
HIVHAN      ..............--G---G--------G-GGTGGGAATGC-A----C-AT-TT-CT---G-----G--AG  1570
HIVRF       ..............--A---G--------G-AGTGGGAACAA-A----C-AT-TT-CT---G-----G--AG  1600
HIVWMJ2     ..............--G---G--------G-AGTGGGAACAA-A----C-AT-TT-CT---G-----G--AG  1546
HIVTB132    ..............--G---G--------G-AGTGGGA...A-A----C-GC-TC-CC---G-----G--AG  1516
HIVGUN      ..............--G---G--------G-AGTGGGAACAA-A----T-AT-TT-CT---G-----G--AG  1460
HIVACH9     ..............--G---G--------G-AGTGGGAACGA-A----C-AT-TT-CT---G-----A--A1  1452
HIVACP1     ..............--G---G--------G-AATAGGAACGA-A----C-TT-TT-CT---G-----A--A1  1419
HIVJ61      ..............--G---G--------G-AGTGGGA...A-A----C-GT-TT-CT---G-----G--GG   756
HIVJB02     ..............--G---G--------G-AGTGGGA...A-A----C-GT-TT-CT---G-----G--GG   756
HIVJM       ..............--G---G--------G-AGTA...ACAA-G----C-TT-TT-CT---G-----G--A1  1539
HIVMA208    ..............--G---G--------*                                            1599
HIVRJS      ..............--G---G--------G-AGTGGGAGTGA-A----C-AT-TT-CT---G-----G--AG  1564
HIVSBA      ..............--G---G--------G-AGTGGGA...A-A----C-AT-TT-CT---G-----G--AG   801
HIVSBC      ..............--G---G--------G-AGTGGGA...A-A----C-GT-TT-CT---G-----G--AG   795
HIVSBB      ..............--A---G--------G-AGTGGGA...A-A----C-GT-CT-TT---G-----G--AG   828
HIVWM       ..............--A---G--------G-AGTGGGA...T-A----C-AT-TT-CT---G-----G--A1  1470
CONSENSUS.C ............gagagaGAAAAAAGAGCAGTGGGA???aTAGGAGCTGTgtTCCTTGGGTTCTTGGGAg  1511
HIVNOF      ............GAGAGA----------------...A----------GC----------------G  1179
HIVD747     ............GAGAGA----------------...A----------AT----------------G  1346
HIVD760     ............GAGAGA----------------...T----------GT----------------G  1366
HIVD757     ............GAGAGA----------------...A----------GT----------------G  1205
HIVD1044    ............GAGAGA----------------...A----------GT----------------G  1193
CONSENSUS.D ............GAAAGAgAAaAAAGAGCAATAGGA...cTaGGAGCtaTGTTCCTTGGGTTCTtGGGAG  1500
HIVJY1      ..............------G--A----------...C-T-----TG----------T-----      1594
HIVNDK      ..............------G--A----------...C-A-----TG----------T-----      1543
HIVMAL      ..............------G--A----------...C-A-----CA----------T-----      1579
HIVELI      ..............------G--A----------...T-A-----TA----------T-----      1564
HIVZ2Z6     ..............------G--A----------...C-A-----TA----------T-----      1564
HIVUG23     ..............------G--G----------...C-A-----TA----------*           720
CONSENSUS.E ............GAGAGAGAAAAAAGAGCAGTGGGA...ATAGGAGCTATGATCTTTGGGTTCTTAGGAG  1570
HIVTN243    ..............----------...----------                                  1570
CONSENSUS.O aa?a??cacacccatagaca?aAAAgAg?ag?ag?a???tTgGGaatgcTaTTCtTgGGggTtCTaaGTG  1330
HIVMVP5180  AACATTCACACCCCTCACAGGG---A-AGAGCAGTAGGAT-G--AATGC-A---T-G--GG-G--AA---  1609
HIVANT70    AGCACTAGAACTCATAGAGAAA---G-GCAGTAGGA...T-G--AATGC-A---T-G--GG-T--AA---  1579
CPZGAB      GCAAGACAGAAAGACAGACAGA---G-GCAGCCTTCGGTC-G--AGCAC-G---C-T--GT-C--GG---  1543
```

```
CONSENSUS.A CAGCaGGAAGCACtATGGGCGCGGCGTCAATAACGCTGACGGTACAGGCcAGAcaATTATTGTCtGGtAT  1573
HIVSF1703   ----C--------T-------------------------------------T---CA---------T--C--  1658
HIVU455     ----T--------A-----------------------------------C---CA---------T--T--  1622
HIVZ321     ----A--------T-----------------------------------C---AG---------T--T--  1643
HIVD687     ----A--------T-----------------------------------C---CA---------C--T--  1284
                          /<-     RRE primary binding site       ->/
CONSENSUS.B CAGCaGGAAGCACTATGGgCgcagcgtCaatgaCgCTgACGGTACAGgCCAGAcaatTAtTGTCTGgTAT  1587
HIVJRCSF    ----A----------G-GCACGGT-AATGA-A--G---------G-----CAAT--T------G---  1619
HIVJRFL     ----A----------G-GCAGCGT-AATGA-A--G---------G-----CTAT--T------G---  1616
HIVALA1     ----A----------G-GCACGGT-AATGA-G--G---------G-----CAAT--T------G---  1622
HIVBRVA     ----A----------G-GCAGCGT-CCTGA-G--G---------G-----CTAT--T------G---  1631
HIVJH3      ----A----------G-GCG...T-GATGA-G--G---------G-----CTAT--T------G---  1676
HIVSC       ----A----------G-GCTACGT-AATGA-G--G---------G-----CTAT--T------G---  1643
HIVBAL1     ----A----------G-GCAGCGG-AATGA-G--G---------G-----CTAT--T------G---  1637
HIVYU2      ----A----------G-GCAGCGT-AATAA-G--G---------G-----CAAT--T------G---  1604
HIVMN       ----A----------G-GCAGCGT-AGTGA-G--G---------G-----CTAT--T------G---  1646
HIVHXB2R    ----A----------G-GCAGCGT-AATGA-G--G---------G-----CAAT--T------G---  1643
HIVLAI      ----A----------G-GCACGGT-AATGA-G--G---------G-----CAAT--T------G---  1658
HIVNL43     ----A----------G-TGCACGT-AATGA-G--G---------G-----CAAT--T------A---  1637
HIVMFA      ----A----------G-GCAGCGT-AATGA-G--G---------G-----CAAT--T------G---  1637
HIVCAM1     ----A----------G-GCAGCGG-ACTGA-G--G---------A-----CAAT--T------G---  1643
HIVNY5CG    ----A----------G-GCAGCGT-AATGG-G--G---------A-----CAAT--A------G---  1625
HIVADA      ----A----------G-GCACCGT-AATAA-G--G---------G-----CTAT--T------G---  1634
HIVJFL      ----A----------G-GCAGCGT-GATGA-G--G---------G-----CTAT--T------G---  1628
HIVSIMI84   ----A----------G-GCGGCGT-AATGA-G--G---------G-----CAAT--T------G---  1643
HIVD31      ----A----------G-GCACGGT-AATGG-G--G---------G-----CAGT--T------G---  1625
HIVSF162    ----A----------G-GCACGGT-ACTGA-G--G---------G-----CAAT--T------G---  1616
HIVOYI      ----A----------G-GCACGGT-GATGA-G--G---------G-----CAAT--T------G---  1640
HIVSF33     ----A----------G-GCAGCGT-AATAA-G--G---------G-----AAAC--T------G---  1631
HIVCDC4     ----A----------G-GCAACGT-AATGG-G--G---------G-----CAAT--T------G---  1679
HIVSF2      ----A----------G-GCAGTGT-ATTGA-G--G---------G-----CAAT--T------G---  1640
HIVSF2B13   ----A----------G-GCACGGT-AATGA-G--G---------G-----AAAT--T------G---  1634
HIVHAN      ----A----------G-GCACGGT-ACTGA-G--G---------G-----CAAT--T------G---  1640
HIVRF       ----A----------G-GCAGGCT-AATAA-G--A---------G-----CACT--T------G---  1670
HIVWMJ2     ----A----------G-GCAGGCT-ACTGA-G--G---------G-----CAAT--T------G---  1616
HIVTB132    ----A----------x-GCAGCGC-AACGA-G--G---------C-----CAAT--T------G---  1586
HIVGUN      ----C----------G-GCAGCGT-GATAA-G--G---------G-----CAAT--T------G---  1530
HIVJ61      ----A----------G-GCACGGT-AATGA-G--G---------G-----CTAT--T------G---   826
HIVJB02     ----A----------G-GCACGGT-AATGA-G--G---------G-----CTAT--T------G---   826
HIVRJS      ----A----------G-GCAGCGT-GATGG-G--G---------G-----CAAT--T------G---  1634
HIVSBA      ----A----------G-GCAGCGT-AATAA-G--G---------G-----CTAT--T------G---   871
HIVSBC      ----A----------G-GCAGCGT-AATAA-G--G---------G-----CTAT--T------G---   865
HIVSBB      ----A----------G-GCAGCGT-ATTGA-G--G---------G-----CAAT--C------G---   898
CONSENSUS.C CAGCAGGAAGCACTATgGgCGCgGCgTCAATaaCgcTGACGGtACaGgcCAGaCAAtTgtTGTCTGGTAT  1581
HIVNOF      ----------------G-C---G--G-----AA-GC------T--A-GC---A---C-GT----------  1249
HIVD747     ----------------G-G---G--G-----GA-CG------T--A-GC---A---T-GT----------  1416
HIVD760     ----------------G-G---G--G-----AA-GC------T--A-GC---A---T-AC----------  1436
HIVD757     ----------------G-G---G--A-----GA-GC------T--A-GC---A---T-GT----------  1275
HIVD1044    ----------------G-G---G--G-----AA-GC------T--C-CT---*                   1245
CONSENSUS.D CAGCAGGAAGCACGATGGGCGCAg?GTCAgTgaCgCTGACGGtACAGGCCAGACAgTTA?TGTCTGGTAT  1568
HIVJY1      ----------------------GT----G-GG-A-------G----------A---T----------  1664
HIVNDK      ----------------------GC----G-GA-G-------T----------G---A----------  1613
HIVMAL      ----------------------GC----C-AA-G-------T----------G---C----------  1649
HIVELI      ----------------------CG----G-GA-G-------T----------A---A----------  1634
HIVZ2Z6     ----------------------CG----T-GA-G-------T----------G---T----------  1634
CONSENSUS.E CAGCAGGAAGCACTATGGGCGCGGCGTCAATAACGCTGACGGTACAGGCCAGACAATTATTGTCTGGTAT  1640
HIVTN243    ------------------------------------------------------------------  1640
CONSENSUS.O CAGCaGGtAGcACtATGGGCGCAGCGgCAa?A?CGCTGaCGGtACaGaCCc?caattTgcTgaagGGTAT  1397
HIVMVP5180  ----A--T--C--T----------G--AC-G-----A---T--G-A--CACAGTG-AC-GAAG-----  1679
HIVANT70    ----A--T--C--T----------G--AC-A-----G---T--A-A--CACACTT-GC-GAAG-----  1649
CPZGAB      ----A--A--C--T----------G--GT-A-----A---T--A-G--CGACAGT-GC-GTCG-----  1613
```

```
CONSENSUS.A AGTGCAaCAGCAgAgCAAt?TGCTGAgGGCTATAGAGGCTCAACA?CATCTGTTGAAACTCACgGTCTGG  1641
HIVSF1703   ------A-----A-G---TT------G----------------A----------------G------  1728
HIVU455     ------A-----G-G---TC------G----------------G----------------T------  1692
HIVZ321     ------G-----G-A---TC------G----------------G----------------A------  1713
HIVD687     ------A-----G-G---CT------T----------------A----------------G------  1354
                                  - - - RRE - - -
CONSENSUS.B AGTGCAaCAgCAgAaCAAttTGCTGAggGCtATTgAgGcgCAACagCatcTGTTGcAACTcACaGTCTGG  1657
HIVJRCSF    ------A--G--A-A---TT------GG--T---G-G-CG----AG-ATA-----C----C--A------  1689
HIVJRFL     ------A--G--G-A---TT------GG--T---G-G-CG----AG-GTA-----C----C--A------  1686
HIVALA1     ------A--G--G-A---TT------GG--T---G-G-CG----AG-ATC-----C----C--A------  1692
HIVBRVA     ------A--G--G-A---CT------TG--T---G-G-CG----AG-ATA-----G----T--A------  1701
HIVJH3      ------A--A--A-A---TT------GG--T---G-G-GC----AG-ATC-----C----C--A------  1746
HIVSC       ------A--G--G-A---TT------GG--T---G-G-CG----AG-ATC-----C----C--A------  1713
HIVBAL1     ------A--G--G-A---TC------GG--T---G-G-CG----AG-ATC-----C----C--A------  1707
HIVYU2      ------A--G--G-A---TC------GG--T---G-G-CG----AG-ACC-----C----C--A------  1674
HIVMN       ------A--G--G-A---TT------GG--C---G-G-CG----AG-ATA-----C----C--A------  1716
HIVHXB2R    ------G--G--G-A---TT------GG--T---G-G-CG----AG-ATC-----C----C--A------  1713
HIVLAI      ------G--G--G-A---TT------GG--T---G-G-CG----AG-ATC-----C----C--A------  1728
HIVNL43     ------G--G--G-A---TT------GG--T---G-G-CG----AG-ATC-----C----C--A------  1707
HIVMFA      ------G--G--G-A---TT------GG--T---G-G-CG----AG-ATC-----C----C--A------  1707
HIVCAM1     ------A--G--G-A---TC------GG--T---G-G-CG----AG-ATC-----C----C--A------  1713
HIVNY5CG    ------A--G--G-A---TT------AG--T---G-G-CG----AG-ATC-----C----C--A------  1695
HIVADA      ------A--G--G-A---TT------GG--T---G-G-CG----AG-ATC-----C----C--A------  1704
HIVJFL      ------A--G--A-A---TT------GG--T---G-G-CG----AG-ATC-----C----C--A------  1698
HIVSIMI84   ------A--G--G-G---TT------GG--T---G-G-CG----AG-ATC-----C----C--A------  1713
HIVD31      ------A--G--G-A---TT------GG--T---G-G-CG----AG-ATC-----C----C--A------  1695
HIVSF162    ------A--G--G-A---TT------GA--T---G-G-CG----AG-ATC-----C----C--A------  1686
HIVOYI      ------G--G--G-A---TC------GG--T---G-G-CG----AG-ACC-----C----C--A------  1710
HIVSF33     ------A--G--G-A---TC------GA--T---G-G-CG----AG-ATC-----C----C--A------  1701
HIVCDC4     ------A--G--A-A---TT------GA--T---A-G-CG----AG-ATC-----C----C--A------  1749
HIVSF2      ------A--G--G-A---TT------GG--T---G-G-CG----AA-ATC-----C----C--A------  1710
HIVSF2B13   ------A--G--G-A---TT------GG--T---G-G-CG----AA-ATC-----C----C--A------  1704
HIVHAN      ------A--G--A-A---TT------GA--T---G-G-CG----AA-ATC-----C----C--A------  1710
HIVRF       ------A--G--A-A---TT------GG--T---G-G-CG----AG-ATC-----C----C--G------  1740
HIVWMJ2     ------A--G--G-A---TT------GG--T---G-T-CG----AG-ATC-----C----C--G------  1686
HIVTB132    ------A--G--G-A---TC------GG--T---G-G-CG----AG-ATC-----C----C--A------  1656
HIVGUN      ------A--G--A-A---TT------GA--T---A-G-CG----AG-ATC-----C----C--A------  1600
HIVJ61      ------A--G--G-A---TT------GG--T---G-G-CG----*                           870
HIVJB02     ------A--G--G-A---TT------GG--T---G-G-CG----AG-*                        873
HIVRJS      ------A--G--G-A---TC------GG--T---G-G-CG----AG-ATC-----C----C--A------  1704
HIVSBA      ------A--G--G-A---TC------GG--T---G-G-CG----AG-ATC-----C----C--A------   941
HIVSBC      ------A--G--G-A---TT------GG--T---G-G-CG----AG-ATC-----C----C--A------   935
HIVSBB      ------A--G--G-A---CT------GA--T---G-G-CG----AG-ATC-----C----C--A------   968
CONSENSUS.C AGTGCAACAGcAAAGCAATTTGCTGAGgGCTATAGAGGCGCAACAGCAT?TGTTGCAACTCACGgTCTGG  1650
HIVNOF      ---------GC----------------A----------------A----------------G-----  1319
HIVD747     ---------GC----------------G----------------C----------------A-----  1486
HIVD760     ---------GC----------------G----------------C----------------G-----  1506
HIVD757     ---------GC----------------G----------------C----------------G-----  1345
CONSENSUS.D AGTGCAaCAGCAAAACAATTTGCTGAGGGCTATAGAGGCGCAACAGcATcTGTTGCAACTCACgGTCTGG  1638
HIVJY1      ------A----------------------------------------G---A----------A------  1734
HIVNDK      ------C----------------------------------------A---C----------G------  1683
HIVMAL      ------A----------------------------------------G---C----------G------  1719
HIVELI      ------A----------------------------------------G---C----------G------  1704
HIVZ2Z6     ------A----------------------------------------G---C----------G------  1704
CONSENSUS.E AGTGCAACAGCARAGCAATTTGCTGAGGGCTATWGAGGCGCAACAGCATCTGTTGCAACTCACAGTCTGG  1710
HIVTN243    ---------------- ------------------------------------------------------  1710
CONSENSUS.O aGTgCAaCAgCAGgacAA?CTGcTga?AGCaATA?AGgCcCAgCA?CAc?TgcTg??gcTaTCtgT?TGG  1459
HIVMVP5180  A--G--A--G---GAC--C---C-GAG---G---C--G-C--G--A--CT-GC-GAGGT-A--TG-A---  1749
HIVANT70    A--G--A--G---GAC--C---C-AAG---A---C--G-C--G--G--AT-GC-GAGGC-A--TR-A---  1719
CPZGAB      A--G--G--A---AAT--T---T-GAA---A---G--G-T--A--G--CC-AT-GCAAC-A--AA-C---  1683
```

```
CONSENSUS.A GGCATTAAACAGCTCCAgGCAAGAgTCCTGGCTgTGGAAAGATACCTAaAGGATCAACAGCTCCTAGGAA  1711
HIVSF1703   -----------------G------G--------G-------------A--------------------  1798
HIVU455     -----------------G------G--------G-------------C--------------------  1762
HIVZ321     -----------------G------A--------G-------------A--------------------  1783
HIVD687     -----------------A------G--------C-------------A--------------------  1424
                                                RRE or CAR ->/
CONSENSUS.B GGCATCAAgCAGCTCCAGGCAAGAgTCcTgGCTgTgGAAAGATaCcTaaagGAtCAACAGCTCcT?ggga  1726
HIVJRCSF    --------G---------------G--C-G---G-G-------A-C-AAAG--T---------A-GGGGA  1759
HIVJRFL     --------G---------------G--C-G---G-G-------A-C-AGGG--T---------C-GGGGA  1756
HIVALA1     --------G---------------G--C-G---G-G-------A-C-AAGG--T---------C-GGAGA  1762
HIVBRVA     --------G---------------G--C-G---G-A-------A-C-AAAG--C---------C-GGGGA  1771
HIVJH3      --------G---------------A--C-G---G-G-------A-C-AAAG--T---------C-GGGGA  1816
HIVSC       --------G---------------G--C-G---G-G-------A-C-AAGG--T---------C-GGGGA  1783
HIVBAL1     --------G---------------G--C-G---G-G-------A-C-AAGG--T---------C-GGGGA  1777
HIVYU2      --------G---------------G--C-G---G-G-------A-C-AAGG--T---------C-AGGGA  1744
HIVMN       --------G---------------G--C-G---G-G-------A-C-AAAG--T---------C-GGGGT  1786
HIVHXB2R    --------G---------------A--C-G---G-G-------A-C-AAAG--T---------C-GGGGA  1783
HIVLAI      --------G---------------A--C-G---G-G-------A-C-AAAG--T---------C-GGGGA  1798
HIVNL43     --------A---------------A--C-G---G-G-------A-C-AAAG--T---------C-GGGGA  1777
HIVMFA      --------G---------------A--C-G---G-G-------A-C-AAAG--T---------C-GGGGA  1777
HIVCAM1     --------G---------------G--C-G---G-G-------A-C-AAAG--T---------C-AGGGA  1783
HIVNY5CG    --------G---------------G--C-G---G-G-------A-C-AAAG--T---------C-AAGGA  1765
HIVADA      --------G---------------G--C-G---C-G-------A-C-AAGG--T---------C-AGGGA  1774
HIVJFL      --------G---------------G--C-G---G-G-------A-C-ACAG--T---------C-GGGGA  1768
HIVSIMI84   --------G---------------G--C-G---G-G-------A-C-AAAG--C---------C-AGGGA  1783
HIVD31      --------G---------------G--C-G---G-G-------A-C-AAGG--T---------C-AGGGA  1765
HIVSF162    --------G---------------G--C-G---G-G-------A-C-AAAG--T---------C-AGGGA  1756
HIVOYI      --------G---------------G--C-G---G-G-------A-C-AAAG--T---------C-AGGGA  1780
HIVSF33     --------G---------------G--C-G---G-G-------A-C-AAGA--T---------C-AGGGA  1771
HIVCDC4     --------G---------------A--C-G---G-G-------A-C-AAAG--T---------C-AGGGT  1819
HIVSF2      --------G---------------G--C-G---G-G-------A-C-AAGG--T---------C-AGGGA  1780
HIVSF2B13   --------G---------------G--C-G---G-G-------A-C-AAGG--T---------C-AGGGA  1774
HIVHAN      --------A---------------G--C-G---G-G-------A-C-AAGG--T---------C-AGGGA  1780
HIVRF       --------A---------------G--C-G---G-G-------A-C-AAGG--T---------C-AGGAA  1810
HIVWMJ2     --------A---------------G--C-A---G-G-------A-C-AAGG--T---------C-AGGGA  1756
HIVTB132    --------G---------------G--T-A---G-G-------A-C-AAAG--T---------C-GGGAA  1726
HIVGUN      --------G---------------G--C-G---A-A-------T-C-AAGG--T---------C-AGGGA  1670
HIVRJS      --------G---------------G--C-G---G-G-------A-T-AAAG--T---------C-AGGGA  1774
HIVSBA      --------G---------------G--C-G---G-G-------A-C-GAGG--T---------C-GGGGA  1011
HIVSBC      --------G---------------G--C-G---G-G-------A-C-GAGG--T---------C-GGGGA  1005
HIVSBB      --------G---------------G--C-G---C-G-------A-C-AAAG--T---------C-GGGGA  1038
CONSENSUS.C GGcATTAAGCAGCTCCAGaCAAGAGTCcTGGCTATAGAAAGATACCTAAAGGAtCAAcaGCTCCTAGGGA  1720
HIVNOF      --C---------------A--------T-------------------------T---C*            1377
HIVD747     --G---------------G--------C-------------------------A---CA----------  1556
HIVD760     --C---------------A--------C-------------------------T---CA----------  1576
HIVD757     --C---------------A--------C-------------------------T---CA----------  1415
CONSENSUS.D GGCATTAAACAGCTCCAGGCAAGAgTCCTGGCTGTgGAaAGaTACCTAaaGGATCAACaGCTCCTAGGAA  1708
HIVJY1      ------------------------G----------G--A--C------AA--------A----------  1804
HIVNDK      ------------------------G----------G--A--A------AG--------A----------  1753
HIVMAL      ------------------------G----------G--A--A------CA--------G----------  1789
HIVELI      ------------------------A----------G--A--A------AA--------A----------  1774
HIVZ2Z6     ------------------------A----------A--G--A------AA--------A----------  1774
CONSENSUS.E GGCATYAARCAGCTCCAGGCAAGAGTCYTRGCTGTGGAAAGATACCTAAAGGATCAAAAGCTCCTRGGAC  1780
HIVTN243    ------------------------------------------------------------------  1780
CONSENSUS.O GG??TaA?ACAACTcC?aGCt?G?cTGCt?GCc?TaGAaAc?t?ccTacag?ATCAgCAactccT?agCC  1517
HIVMVP5180  --TA-T-G------C-GA--TC-CC---AA--CT-A--A-CCCTTA-ACAGA----G--ACGCC-AAA--  1819
HIVANT70    --TA-C-G------C-GA--TC-CC---TA--CT-A--A-CCTTAC-ACAGA----G--ACTCC-AAG--  1789
CPZGAB      --AG-A-A------A-AA--CA-AT---TT--TG-A--A-GGTACC-GCAGG----G--GATTC-GGG--  1753
```

```
CONSENSUS.A TTTGGGGcTGCTCTGGAAAacTCATCTGCaCCACTA?TGTgCCcTGGAACTCtAGtTGG..... 1769
HIVSF1703   -------C-----------AC--------A------A---G--C--------T--T---..... 1857
HIVU455     -------C-----------GC--------A------C---G--C--------T--T---..... 1821
HIVZ321     -------A-----------AA--------C------A---G--T--------C--C---..... 1842
HIVD687     -------C-----------AC--------A------C---A--C--------T--T---..... 1483
CONSENSUS.B TtTGGGGtTGCTCTGGAAAaCTcaTtTGCACCACTgCTGTGCCTTGGAAtgCTAGTTGG..... 1785
HIVJRCSF    -T-----T-----------A--CA-T---------G-------------TA--------..... 1818
HIVJRFL     -T-----T-----------A--CA-T---------G-------------TG--------..... 1815
HIVALA1     -T-----T-----------A--CA-T---------A-------------TG--------..... 1821
HIVBRVA     -T-----T-----------A--CA-T---------G-------------TG--------..... 1830
HIVJH3      -T-----T-----------A--CA-T---------G-------------TG--------..... 1875
HIVSC       -T-----T-----------A--CA-T---------A-------------TA--------..... 1842
HIVBAL1     -T-----T-----------A--CA-C---------G-------------TG--------..... 1836
HIVYU2      -T-----T-----------A--CA-T---------A-------------TA--------..... 1803
HIVMN       -T-----T-----------A--CA-T---------A-------------TG--------..... 1845
HIVHXB2R    -T-----T-----------A--CA-T---------G-------------TG--------..... 1842
HIVLAI      -T-----T-----------A--CA-T---------G-------------TG--------..... 1857
HIVNL43     -T-----T-----------A--CA-T---------G-------------TG--------..... 1836
HIVMFA      -T-----T-----------A--CA-T---------G-------------TG--------..... 1836
HIVCAM1     -T-----T-----------A--CA-C---------G-------------TG--------..... 1842
HIVNY5CG    -T-----T-----------A--CA-C---------A-------------TG--------..... 1824
HIVADA      -T-----T-----------A--CA-C---------G-------------TG--------..... 1833
HIVJFL      -T-----T-----------A--CA-T---------A-------------TG--------..... 1827
HIVSIMI84   -T-----T-----------A--CG-T---------A-------------TG--------..... 1842
HIVD31      -T-----T-----------A--TA-T---------G-------------TG--------..... 1824
HIVSF162    -T-----T-----------A--CA-T---------G-------------TG--------..... 1815
HIVOYI      -T-----T-----------G--CA-T---------A-------------TG--------..... 1839
HIVSF33     -T-----T-----------A--CA-T---------A-------------TA--------..... 1830
HIVCDC4     -T-----T-----------A--CA-T---------G-------------TG--------..... 1878
HIVSF2      -T-----T-----------A--CA-T---------G-------------TG--------..... 1839
HIVSF2B13   -T-----T-----------A--CA-C---------G-------------TA--------..... 1833
HIVHAN      -T-----T-----------A--CA-C---------A-------------TG--------..... 1839
HIVRF       -T-----A-----------A--CA-T---------A-------------TG--------..... 1869
HIVWMJ2     -T-----T-----------A--CA-T---------A-------------CG--------..... 1815
HIVTB132    -T-----T-----------A--CA-C---------A-------------TG--------..... 1785
HIVGUN      -T-----T-----------A--CA-C---------A-------------TA--------..... 1729
HIVRJS      -T-----T-----------A--CA-T---------G-------------TA--------..... 1833
HIVSBA      -A-----T-----------A--CA-T---------G-------------TG--------..... 1070
HIVSBC      -A-----T-----------A--CA-C---------G-------------TT--------..... 1064
HIVSBB      -T-----T-----------A--CA-T---------G-------------TG--------..... 1097
CONSENSUS.C TtTGGGGCtGCTCTGGAAAACTCATCTGCACCACTacTGTACCTTGGAACTCCAGtTGG..... 1779
HIVD747     -T------T--------------------------AC-----------------T---..... 1615
HIVD760     -G------T--------------------------GC-----------------T---..... 1635
HIVD757     -T------C--------------------------AA-----------------C---..... 1474
CONSENSUS.D TtTGGGGTTGCTCTGGAAaaCaCATTTGCACCACta?TGTgCCcTGGAACTCTAGTTGG..... 1766
HIVJY1      -T---------------AA-A-----------TAC---G--C---------------..... 1863
HIVNDK      -T---------------GG-A-----------TAA---A--C---------------..... 1812
HIVMAL      -G---------------AA-A-----------ATT---G--T---------------..... 1848
HIVELI      -T---------------AA-A-----------TAA---G--C---------------..... 1833
HIVZ2Z6     -T---------------AA-T-----------TAC---G--C---------------..... 1833
CONSENSUS.E TTTGGGGYTGCTCTGGAAAAATCATCTGCACCACTGCTGTGCCCTGGAACTCCACTTGG..... 1839
HIVTN243    ------------------------------------------------------------..... 1839
CONSENSUS.O TaTGGGGcTGta??GgaAAg?ta?tCTGttAcACa?C?GT????TGGAA?AaatCaTGG??a???????? 1566
HIVMVP5180  -A-----C--TAAA-GA--ACTAAT---TT-C--AT-A--AAAA-----C-CAT-A---TCA..... 1881
HIVANT70    -A-----C--TAAA-GA--GCTAGT---CT-C--AT-A--AAAA-----T-GAA-A---ATA..... 1851
CPZGAB      -G-----C--CTCT-GA--GGCTGT---TT-T--CA-G--GCCT-----C-ACT-T---CCT..... 1815
```

```
CONSENSUS.A ..............AGTAATAaA?CtcAgagtGAcATATGG?AtAAcATGACCTGGCTgcAATGGGAt  1821
HIVSF1703   ..............-------G-A-TC-GAGT--G------A-T--C-----------GC-------T  1911
HIVU455     ..............-------A-T-TC-GGAG--C------A-T--C-----------GC-------G  1875
HIVZ321     ..............-------A-T-TC-GAGT--T------G-C--A-----------AG-------T  1896
HIVD687     ..............-------A-A-CT-TAGT--C------G-T--C-----------GC-------T  1537
CONSENSUS.B ..............AGTAATAAAtCtcTggat?agaTTTgg?aTaAcatGACcTGGATggAgTGGGAa  1837
HIVJRCSF    ..............---------T-TC-GGATAGTA---GGAA-A-CAT---C-----GG-G-----A  1872
HIVJRFL     ..............---------T-TC-GGATAGGA---GGAA-A-CAT---C-----GG-G-----A  1869
HIVALA1     ..............---------T-TC-GAATCAGA---GGGA-A-CAT---C-----GG-G-----A  1875
HIVBRVA     ..............---------T-TC-GAGTGACA---GGGA-A-CAT---C-----GG-G-----A  1884
HIVJH3      ..............---------T-TC-GGAAGAAA---GGGA-A-CAT---C-----GG-G-----A  1929
HIVSC       ..............---------T-TT-GGACAAGA---GGGG-A-CAT---C-----GG-G-----A  1896
HIVBAL1     ..............---------T-TC-GAATAAGA---GGGA-A-CAT---C-----AG-G-----C  1890
HIVYU2      ..............---------T-TC-GAATGAAA---GGGA-A-CAT---T-----GA-G-----A  1857
HIVMN       ..............---------T-TC-GGATGATA---GGAA-A-CAT---C-----GC-G-----A  1899
HIVHXB2R    ..............---------T-TC-GGAACAGA---GGAA-C-CAC---C-----GG-G-----C  1896
HIVLAI      ..............---------T-TC-GGAACAGA---GGAA-A-CAT---C-----GG-G-----C  1911
HIVNL43     ..............---------T-TC-GGAACAGA---GGAA-A-CAT---C-----GG-G-----C  1890
HIVMFA      ..............---------T-TC-GGAACAGT---GGAA-A-CAT---C-----GG-G-----C  1890
HIVCAM1     ..............---------T-TC-GGATAAGA---GGAA-A-TAT---C-----GG-G-----G  1896
HIVNY5CG    ..............---------T-TC-GGATAAGA---GGGA-A-CAT---C-----GG-G-----G  1878
HIVADA      ..............---------A-TC-GGATATGA---GGGA-A-CAT---C-----GG-G-----A  1887
HIVJFL      ..............---------T-TC-GGATGAGA---AAAA-A-CAT---C-----GC-G-----G  1881
HIVSIMI84   ..............---------T-CC-GAATCAGA---GGGA-A-CAT---C-----GG-G-----G  1896
HIVD31      ..............---------T-TA-GGATATGA---GGAA-A-CAT---C-----GG-G-----A  1878
HIVSF162    ..............---------T-TC-GGATCAGA---GGAA-A-CAT---C-----GG-G-----G  1869
HIVOYI      ..............---------T-TC-GAATGAGA---GGGA-A-CAT---C-----GC-G-----A  1893
HIVSF33     ..............---------T-TC-GGATAAGA---GGAA-A-CAT---T-----GG-G-----A  1884
HIVCDC4     ..............---------A-TC-GGATCAGA---GGAA-A-CAT---C-----GG-G-----C  1932
HIVSF2      ..............---------T-TC-GGAAGACA---GGGA-A-CAT---C-----GC-G-----A  1893
HIVSF2B13   ..............---------T-TA-GGAAGACA---GGGA-A-CAT---C-----GC-G-----A  1887
HIVHAN      ..............---------A-CC-GGATCAGA---GGAA-A-CAT---C-----GG-G-----A  1893
HIVRF       ..............---------T-TC-GAATATGA---GGAA-A-CAT---C-----GC-G-----A  1923
HIVWMJ2     ..............---------T-TA-GAATCAAA---GGGA-A-CCT---C-----GG-G-----A  1869
HIVTB132    ..............---------T-TC-GGATGAGA---GGAA-A-CAT---C-----GG-A-----A  1839
HIVGUN      ..............---------T-TC-GAAACAAA---GGGA-A-CTT---C-----GG-G-----G  1783
HIVRJS      ..............---------T-TC-AGAGGAGA---GGGA-A-CAT---C-----GG-G-----G  1887
HIVSBA      ..............---------T-TC-GGATCAGA---GGGA-A-CAT---C-----GC-G-----A  1124
HIVSBC      ..............---------T-TC-GGATCAGA---GGAA-A-CAT---C-----GC-G-----A  1118
HIVSBB      ..............---------T-TC-GAATGATA---GGGA-A-CAT---C-----GC-G-----C  1151
CONSENSUS.C ..............AGTAACAGATCTCAAACAGATATTTGGGATAACATGACCTGGATGCAGTGGGAT  1833
HIVD747     ..............----------------------------------------------------  1669
HIVD760     ..............----------------------------------------------------  1689
HIVD757     ..............----------------------------------------------------  1528
CONSENSUS.D ..............AGTAATAgATCTCTAgAtGAgATTTGGcAgAAcATGACCTGGATggAGTGGGAA  1820
HIVJY1      ..............-------A-------G-G--G------A-T--C-----------AG--------  1917
HIVNDK      ..............-------G-------G-T--G------C-G--C-----------GG--------  1866
HIVMAL      ..............-------G-------G-T--C------A-T--T-----------GC--------  1902
HIVELI      ..............-------G-------A-T--G------C-G--C-----------GG--------  1887
HIVZ2Z6     ..............-------G-------A-T--C------C-G--C-----------GG--------  1887
CONSENSUS.E ..............AGTAATAGATCTTTTGAAGAGATTTGGAACAACATGACMTGGATAGAATGGGAR  1893
HIVTN243    ..............----------------------------------------------------  1893
CONSENSUS.O ??????????????????agcag????gataaagAaag?ATTTGGGacAa?cTaACATGGCAg?AATGGGA?  1612
HIVMVP5180  ..............GGAAGATATAATGATG-CAGT-------AC-ACC-T--------GC-------C  1935
HIVANT70    ......................GGAAACG-AAGC-------AC-CCT-A--------GG-------T  1896
CPZGAB      ............GGGAGCAAT...TCCACAG-TGAC-------GG-ATC-A--------GC-------T  1869
```

```
CONSENSUS.A AAAGAAaTTAGcAaTTACACAga?aTAATATATaatCTAATTGAaGAaTCgcaGAaCCAGCAGGAAAagA  1890
HIVSF1703   ------A----C-A-------GACA--------AAT--------A--A--GCA--T-----------AG-  1981
HIVU455     ------A----T-G-------GGCA--------CAA--------G--A--GCA--A-----------AG-  1945
HIVZ321     ------G----C-A-------CAAG--------AAC--------A--A--GCA--C-----------TA-  1966
HIVD687     ------A----C-A-------AAAA--------GCT--------A--G--AGC--A-----------AG-  1607
CONSENSUS.B AgAGAAATtgacAAtTAcACaagcttAATAtacacctTAaTtGAagAatCgCAgAaCCAaCAaGaAaAGA  1907
HIVJRCSF    -A------TGAG--T--C--AAACAC----TACACCC--A-T--AG-AT-G--G-T---A--A-A-A---  1942
HIVJRFL     -G------TGAC--T--C--AAGCGA----TACACCC--A-T--AG-AT-G--G-A---A--A-A-A---  1939
HIVALA1     -G------TGAC--T--C--AAGCTT----TACACCT--A-T--GG-AT-G--A-A---A--A-A-A---  1945
HIVBRVA     -G------TGAC--T--T--AAACTT----TACTCCT--A-T--GG-CT-G--A-T---A--A-A-A---  1954
HIVJH3      -G------TGAC--T--C--AAGCTT----TACACCT--A-T--AG-AT-G--A-A---A--A-A-A---  1999
HIVSC       -G------TGAC--T--C--AAGCTT----TACACCT--A-T--AG-AT-G--G-A---A--A-A-A---  1966
HIVBAL1     -G------TAAC--T--C--AAGCAT----TACAGCT--A-T--AG-AT-G--G-A---A--A-A-A---  1960
HIVYU2      -G------TGAC--T--C--ACACAT----TACTCCT--A-T--AC-AT-G--G-A---A--A-A-A---  1927
HIVMN       -G------TGAC--T--C--AAGCTT----TACTCAT--C-A--AA-AT-G--A-C---A--A-A-A---  1969
HIVHXB2R    -G------TAAC--T--C--AAGCTT----CACTCCT--A-T--AG-AT-G--A-A---G--A-A-A---  1966
HIVLAI      -G------TAAC--T--C--AAGCTT----CATTCCT--A-T--AG-AT-G--A-A---G--A-A-A---  1981
HIVNL43     -G------TAAC--T--C--AAGCTT----CACTCCT--A-T--AG-AT-G--A-A---G--A-A-A---  1960
HIVMFA      -G------TAAC--T--C--CAGCCT----CACTCCT--A-T--CG-AT-G--A-A---G--A-A-A---  1960
HIVCAM1     -G------TGAC--T--C--AAACTT----TACACCT--A-T--AG-AT-G--G-A---A--A-A-A---  1966
HIVNY5CG    -G------TGAC--T--C--AGGCTT----TACACCT--A-T--AG-AT-G--G-T---A--A-A-A---  1948
HIVADA      -G------CGAA--T--C--AGGCTT----TACACCT--A-T--AG-AT-G--G-A---A--A-A-A---  1957
HIVJFL      -G------TAGC--T--C--AAGCCT----TACACCT--A-T--AG-AT-G--G-A---A--A-A-A---  1951
HIVSIMI84   -G------TGAC--T--C--AGGCTT----TACAGAT--A-T--AG-AT-G--G-A---A--G-A-C---  1966
HIVD31      -G------TGAC--T--C--AAGCTT----TACACCT--A-T--AG-AT-G--G-A---G--A-A-A---  1948
HIVSF162    -G------TGAC--T--C--AAACTT----TACACCT--A-T--AG-AT-G--G-A---A--A-A-A---  1939
HIVOYI      -G------TGAC--T--C--ACACTT----TACACCT--A-T--AG-AT-G--G-A---A--G-A-A---  1963
HIVSF33     -G------TGAC--T--C--AAGCTT----TACACCT--C-T--AG-AT-G--A-A---A--A-A-A---  1954
HIVCDC4     -G------TGAC--T--C--ACACTT----TACACTT--A-T--AG-AT-G--A-A---A--A-A-A---  2002
HIVSF2      -G------TGAC--T--C--AAACAC----TACACCT--C-T--AG-AT-G--G-A---A--A-A-A---  1963
HIVSF2B13   -A------TGAC--T--C--AAACAC----TACACCT--C-T--AG-AT-G--G-A---A--A-A-A---  1957
HIVHAN      -G------TGAC--T--C--AAGCTT----TATACCT--A-T--AC-AT-G--A-A---A--A-A-A---  1963
HIVRF       -G------TGAC--T--C--AGGCAT----TACAACT--C-T--AG-AT-G--G-A---G--A-A-A---  1993
HIVWMJ2     -G------TGAC--T--C--AAGCAT----TACAGCT--A-T--AG-AT-G--G-A---G--A-G-A---  1939
HIVTB132    -G------TAAC--T--C--AGGCTT----TACACCC--A-T--AG-AT-C--A-r---A--A-A-A---  1909
HIVGUN      -G------TGAC--T--C--AGGCAT----TTCAACT--A-T--AG-AG-G--G-A---A--A-A-A---  1853
HIVRJS      -G------TAAC--T--C--AGGCTT----TACACCT--A-T--AC-AT-G--G-A---A--A-A-A---  1957
HIVSBA      -G------TGAA--T--C--AAGCTT----TACAACT--A-T--AG-AT-G--A-A---A--A-A-A---  1194
HIVSBC      -G------TGAA--T--C--AAGCTT----TACAACT--A-T--AG-AT-G--A-A---A--A-A-A---  1188
HIVSBB      -G------TAAC--A--C--AGATTC----TACCAAT--A-T--AG-AT-G--A-A---A--A-A-A---  1221
CONSENSUS.C AGaGAAATTAGTAATTACACAgA?ACAATATACAGGTTGCTTGAAGACTCGCAAAACCAGCAGGAAAGAA  1902
HIVD747     --A-----------------G-A-------------------------------------------------  1739
HIVD760     --G-----------------A-T-------------------------------------------------  1759
HIVD757     --A-----------------G-C-------------------------------------------------  1598
CONSENSUS.D AgAGAAATTgaCAAtTACACAGGctTAATATAcAgcTTAATTGAagAaTCgCAaAtCCAGCAAGAAAAgA  1890
HIVJY1      -G-------GA---C--------TG-------C-GC--------AA-T--A--A-T-----------A-  1987
HIVNDK      -G-------GA---T--------CT-------C-GC--------AG-A--G--G-T-----------G-  1936
HIVMAL      -A-------AG---T--------CA-------C-AC--------AG-A--G--A-T-----------G-  1972
HIVELI      -G-------GA---T--------CT-------T-GC--------GG-A--G--G-C-----------G-  1957
HIVZ2Z6     -G-------GA---T--------CT-------T-GA--------AG-A--G--A-C-----------G-  1957
CONSENSUS.E AGAGAAATTAGCAATTACACAAACCAAATATATGAGATACTTACAGAATCGCAGAACCAGCAGGACAGGA  1963
HIVTN243    ------------------------------------------------------------------------  1963
CONSENSUS.O ??a??a?TaaacAA?ttaA????caa?ATaTaTgatg?a?TAcAa?aaGCACAagaaCAaCA?GA?aaaA  1666
HIVMVP5180  CAACACA-AAAC--TGTA-GCTCCATT--A-A-GATGAAA--C-AGCA-----AGAC--A--G--AAAG-  2005
HIVANT70    CGGCAGA-AAGC--CATA-GCTCCACC--A-A-GAGGAAA--C-AAAG-----AGTA--G--G--ACAA-  1966
CPZGAB      AAATTAG-GTCT--CTAC-CAGGGAAA--T-T-GGTCTGT--G-GGAA-----ATCA--A--A--GAAA-  1939
```

```
CONSENSUS.A ATGAAcaaGAcTTATTGGCATTGGACAAGTGGgCAAaTCTGTGgAaTTGGTTTgACATatCAAAtTGGCT  1960
HIVSF1703   -----CAA--A--------------------G---A------G-A-------G----AT----G-----  2051
HIVU455     -----CTA--C--------------------G---A------A-A-------A----CT----T-----  2015
HIVZ321     -----AGG--C--------------------G---A------G-A-------G----AT----T-----  2036
HIVD687     -----CAA--C--------------------A---G------G-G-------G----AA----A-----  1677
CONSENSUS.B ATgAAcaaGAatTAtTggaaTTagAtaa?TGGGcAagTtTGTGgAaTTGGTttaacATAaCAaA?TGgCT  1975
HIVJRCSF    --G--CAA--AT--T-GGAA--AG-TAAA----C-AG-T----G-A-----TTGGC---A--A-A--G--  2012
HIVJRFL     --G--CAA--AT--T-GGAA--AG-TAAA----C-AG-T----G-A-----TTGAC---A--A-A--G--  2009
HIVALA1     --G--CAA--AT--T-GGAA--AG-TAAA----C-AG-T----G-A-----TTAAT---A--A-C--G--  2015
HIVBRVA     --G--AAA--AT--T-AGAA--AG-CAAG----C-AG-T----G-A-----TCAAC---A--A-C--G--  2024
HIVJH3      --G--CAA--AT--T-GGGG--AG-TAAA----C-AG-T----G-A-----TTACT---A--A-C--G--  2069
HIVSC       --G--CAA--AT--T-GGAA--AG-TAAA----C-AG-T----G-A-----TTAAC---A--A-T--G--  2036
HIVBAL1     --G--CAA--AT--T-AGAA--AG-TAAA----C-AG-T----G-A-----TTGAC---A--A-A--G--  2030
HIVYU2      --G--CAA--AT--T-GGCA--AG-TAAA----C-AG-T----G-A-----TTGAC---A--A-A--G--  1997
HIVMN       --G--CAA--AT--T-GGAA--GG-TAAA----C-AG-T----G-A-----TTGAC---A--A-T--G--  2039
HIVHXB2R    --G--CAA--AT--T-GGAA--AG-TAAA----C-AG-T----G-A-----TTAAC---A--A-T--G--  2036
HIVLAI      --G--CAA--AT--T-GGAA--AG-TAAA----C-AG-T----G-A-----TTAAC---A--A-T--G--  2051
HIVNL43     --G--CAA--AT--T-GGAA--AG-TAAA----C-AG-T----G-A-----TTAAC---A--A-T--G--  2030
HIVMFA      --G--CAA--AT--T-GGAA--AG-TAAA----C-AG-T----G-A-----TTAAC---A--A-T--G--  2030
HIVCAM1     --G--AAA--CT--T-GGAA--GG-TACG----C-AG-T----G-A-----TTGAC---A--A-T--G--  2036
HIVNY5CG    --G--CAA--AT--T-GGAA--GG-TAAG----C-AG-T----G-A-----TTGAC---A--A-G--G--  2018
HIVADA      --G--CAA--CT--T-AGCA--AG-TAAG----C-AG-T----G-A-----TTGAC---T--A-T--G--  2027
HIVJFL      --G--CTA--AT--T-GGAA--GG-TAAG----C-AG-T----A-A-----TTGAC---A--A-C--G--  2021
HIVSIMI84   --G--CAA--CT--T-GAAA--GG-TACG----C-AG-T----G-A-----TTAGC---A--A-A--G--  2036
HIVD31      --G--CAA--AT--T-GGAA--GA-TAAG----A-AA-T----G-G-----TTGAC---T--A-C--G--  2018
HIVSF162    --G--CAA--AT--T-AGAA--GG-TAAG----C-AG-T----G-A-----TTGAC---T--A-A--G--  2009
HIVOYI      --G--CAA--AT--T-GGAA--GG-TAAG----C-GG-T----G-G-----TTAGC---A--A-C--G--  2033
HIVSF33     --G--CAA--GT--T-GGAA--GG-TAAG----C-AG-T----G-A-----TTAGC---A--A-C--G--  2024
HIVCDC4     --C--CAG--AC--T-GCAA--AG-TAAG----C-AG-T----G-C-----CTGAC---A--A-A--G--  2072
HIVSF2      --G--CAA--AT--T-AGAA--GG-TAAG----C-AG-T----G-A-----TTAGC---A--A-C--G--  2033
HIVSF2B13   --G--CAA--AT--T-GGAA--GG-TAAG----C-AG-T----G-A-----TTAAC---A--A-C--G--  2027
HIVHAN      --G--CAA--AT--T-GGAA--GG-TAAG----C-AG-T----G-G-----ATGAC---T--A-T--G--  2033
HIVRF       --G--CAA--AT--T-GGAA--GG-TAAA----C-AA-T----G-A-----TTGAC---A--C-A--G--  2063
HIVWMJ2     --G--CAA--AT--T-AGAA--GG-TAAG----C-AG-C----G-A-----TTGAC---A--A-T--G--  2009
HIVTB132    --G--CTA--TT--C-GGAA--AG-TAAA----C-AG-T----G-A-----TTGAC---A--A-C--s--  1979
HIVGUN      --G--CAA--TT--T-GGAG--GG-TAAA----C-GG-T----G-A-----TTAGC---A--A-C--G--  1923
HIVRJS      --G--CAA--AT--T-GGCA--GG-TACG----C-AG-T----G-A-----TTAGC---T--A-C--G--  2027
HIVSBA      --G--CAA--CT--T-GGAG--AG-TAAA----C-AG-T----G-G-----TTAGC---A--A-T--G--  1264
HIVSBC      --G--CAA--AT--T-AGAG--AG-TAAA----C-AG-T----G-A-----TTAGC---A--A-T--G--  1258
HIVSBB      --G--CAA--CT--T-GAAG--AG-TGAG----C-AG-T----G-A-----TTAGC---T--A-A--G--  1291
CONSENSUS.C ATGAAAAAGATTTATTAGCATTGGACAGTTGGAAAAATCTGTGGAATTGGTTTAGCATAACAAATTGGCT  1972
HIVD747     ------------------------------------------------------------------------  1809
HIVD760     ------------------------------------------------------------------------  1829
HIVD757     ------------------------------------------------------------------------  1668
CONSENSUS.D ATGAAaAaGAatTaTTGgAATTGGACAAgTGGGCAAGTTTGTGGAATTGGTTTAgCATAaCAaAATGGCT  1960
HIVJY1      -----C-A--CC-A---C----------A-----------------------G----A--A-------  2057
HIVNDK      -----A-A--AT-A---G----------A-----------------------G----A--A-------  2006
HIVMAL      -----A-G--AT-A---G----------G-----------------------G----T--A-------  2042
HIVELI      -----A-A--AT-G---G----------G-----------------------G----A--C-------  2027
HIVZ2Z6     -----C-A--AT-A---G----------G-----------------------A----A--C-------  2027
CONSENSUS.E ATGAAAAGGATTTGTTAGAATTGGATAAATGGGCAAGCCTGTGGAGTTGGTTTGACATAACAAATTGGCT  2033
HIVTN243    ------------------------------------------------------------------------  2033
CONSENSUS.O ATgaaAa?gaatT?ttgGA??TaGAtgAATGGgcCtcttTtTGGAATTGGtTTGACATAAC?aAATGG?T  1730
HIVMVP5180  --GTA-AAGCAT-GTTG--GC-A--TG-----GC-TCTC-T---------T----------TA-----T-  2075
HIVANT70    --GAG-AAAAGT-GCTG--GT-A--TG-----GC-TCTA-T---------C----------TA-----T-  2036
CPZGAB      --GAA-GGGACC-ATTG--AT-G--TC-----GC-AGCT-G---------T----------AA-----C-  2009
```

```
CONSENSUS.A ?TGGTATATaAgaaTATTTaTAATgATAGTAGGAGGcTT?ATAGGaTTAAGAATAGTTTTTgCtGTgCTT 2028
HIVSF1703   G--------A-GGA-----A----G-----------C--A-----A--------------G-T--G---  2121
HIVU455     G--------T-GAC-----G----A-----------C--A-----A--------------A-T--G---  2085
HIVZ321     A--------A-AAA-----A----G-----------C--G-----A--------------G-A--G---  2106
HIVD687     A--------A-GAA-----A----G-----------T--G-----T--------------G-T--A---  1747
CONSENSUS.B GTGGTaTATAAaaaTaTTCATAATgATAgTAGgaGGcTTggTAGGttTAAgaaTAgTTTTTgcTgTaCTT 2045
HIVJRCSF    -----A-----AAA-A--------G---G---GA--C--GA----TT---GAA--G-----TC-G-A---  2082
HIVJRFL     -----A-----AAA-A--------G---G---GA--C--AG----TT---GAC--G-----AC-G-A---  2079
HIVALA1     -----A-----AAA-A--------G---G---GG--C--GG----TT---GAA--G-----TC-G-A---  2085
HIVBRVA     -----A-----AAA-A--------G---G---GG--C--GA----TT---GAA--G-----GC-G-A---  2094
HIVJH3      -----A-----GAA-A--------G---G---GA--C--AG----TT---GAA--G-----AC-G-A---  2139
HIVSC       -----A-----AAA-A--------G---G---GA--C--AG----TT---GAA--G-----AC-G-A---  2106
HIVBAL1     -----A-----AAA-A--------G---G---GA--C--GA----TT---GAA--G-----TC-G-A---  2100
HIVYU2      -----A-----AAA-A--------G---G---GA--C--GA----TT---GAA--G-----GT-G-A---  2067
HIVMN       -----A-----AAA-A--------G---G---GA--C--GG----TT---GAA--G-----GC-G-A---  2109
HIVHXB2R    -----A-----AAT-A--------G---G---GA--C--GG----TT---GAA--G-----GC-G-A---  2106
HIVLAI      -----A-----AAA-A--------G---G---GA--C--GG----TT---GAA--G-----GC-G-A---  2121
HIVNL43     -----A-----AAT-A--------G---G---GA--C--GG----TT---GAA--G-----GC-G-A---  2100
HIVMFA      -----A-----AAA-A--------G---G---GA--C--GG----TT---GAA--G-----GC-G-A---  2100
HIVCAM1     -----A-----AAA-A--------G---A---GA--T--AA----TT---GAA--G-----AC-A-A---  2106
HIVNY5CG    -----A-----AAA-A--------G---G---GA--T--AA----TT---GAA--G-----AC-G-A---  2088
HIVADA      -----A-----AAA-C--------G---G---GA--C--GA----TT---GAA--G-----AC-G-A---  2097
HIVJFL      -----C-----AAA-A--------G---G---CA--T--AG----TT---GAA--G-----GC-G-G---  2091
HIVSIMI84   -----A-----AAA-A--------G---G---GA--T--AA----TT---GAA--A-----GC-G-A---  2106
HIVD31      -----A-----AAA-A--------G---G---GA--C--GG----TT---GAA--G-----GC-G-A---  2088
HIVSF162    -----A-----AAA-A--------G---G---GA--T--AG----TT---GGA--G-----AC-G-G---  2079
HIVOYI      -----A-----GAA-A--------A---G---GA--C--GG----TT---GAA--G-----GC-G-A---  2103
HIVSF33     -----A-----GAA-A--------G---G---GA--C--GA----TT---GAA--A-----GC-G-G---  2094
HIVCDC4     -----A-----AAA-A--------G---G---GA--C--GA----TT---GAA--G-----GC-G-G---  2142
HIVSF2      -----A-----AGA-A--------G---G---GA--C--GG----TT---GAA--G-----GC-G-G---  2103
HIVSF2B13   -----A-----AAA-A--------G---G---GA--C--GG----TT---GAA--G-----GC-G-A---  2097
HIVHAN      -----A-----AAA-A--------G---G---GA--C--GA----TT---GAA--G-----GC-G-G---  2103
HIVRF       -----A-----GAA-A--------G---G---GA--C--GG----TC---AAA--G-----GC-G-G---  2133
HIVWMJ2     -----A-----AAA-A--------G---G---GA--C--GA----TT---GAA--G-----AC-G-A---  2079
HIVTB132    -----A-----AAA-A--------G---G---GA--A--GG----TT---GAA--A-----AC-G-A---  2049
HIVGUN      -----A-----AAA-A--------G---G---GA--T--AA----TT---GAA--G-----GC-G-A---  1993
HIVRJS      -----A-----GAA-A--------G---G---GA--T--AG----TT---GGA--G-----GC-G-A---  2097
HIVSBA      -----A-----GAA-A--------G---G---GA--C--GA----TT---GAA--G-----GC-G-A---  1334
HIVSBC      -----A-----AAA-A--------A---G---GA--C--GA----GT---GAA--G-----GC-G-A---  1328
HIVSBB      -----A-----AAA-A--------G---G---GA--C--GG----TT---GAA--G-----GC-G-A---  1361
CONSENSUS.C gTGGTATATAAAAATATTCATAATgATAGTAGGAGGCTTGATAGGtTTGAgAATAATTTTTGCTGTGCTc 2042
HIVD747     A----------------------A--------------------C----G----------------T  1879
HIVD760     G----------------------G--------------------T----G----------------C  1899
HIVD757     G----------------------G--------------------T----A----------------C  1738
CONSENSUS.D GTGGTATATAAaAaTATTCATAATgaTAgTAGGAGGctTgATAGGTTTAAGAATAgTTTTTgCTGTGCTT 2030
HIVJY1      ----------A-A----------GA--G-------AT-G---------------G-----A--------  2127
HIVNDK      ----------A-T----------GA--G-------CC-G---------------G-----G--------  2076
HIVMAL      ----------G-A----------AG--G-------CT-A---------------A-----G--------  2112
HIVELI      ----------A-A----------GA--A-------CT-G---------------G-----G--------  2097
HIVZ2Z6     ----------A-A----------GA--G-------CT-G---------------G-----G--------  2097
CONSENSUS.E GTGGTATATAAAAATATTTATAATGATAGTAGGAGGTTTGATAGGTTTAAGAATAATTTTTGCTGTKCTT 2103
HIVTN243    ------------------------------------------------------------------  2103
CONSENSUS.O gTGGTATATAAAAATa??taT?AT?atAGTaGGAGca?Ta?TAGGg?TaAGA?TTaTtaTgatAgTacTt 1792
HIVMVP5180  G--------------AGCTA-A--CAT---G----CAC-AA----TA-A---G--A-TA-GAT-A-AC-T 2145
HIVANT70    G--------------AGCAA-A--CAT---A----CAC-AG----GG-G---G--A-CA-GAT-G-AC-T 2106
CPZGAB      G--------------TTTCC-T--GGC---A----GAA-CA----GT-A---A--A-TA-GAC-G-TT-C 2079
```

```
                                        \/ 3'sj (minor)
                                  \/ 3'sj (minor)              \/ 3'sj (major)
CONSENSUS.A tcTATAATaAATAGAGTTAGGCAGGGATACTCACCT?TGTCgTT?CAGAcCCtTaCCCc??aCC??agGG  2092
HIVSF1703   TC------A--------------------------C----A--T----T--A-A---CAAA--CAAG--  2191
HIVU455     TC------C--------------------------C----G--T----C--T-G---CAAT--CAGA--  2155
HIVZ321     TC------A--------------------------T----T--C----C--T-A---ACCA--AGAG--  2176
HIVD687     AA------A--------------------------T----G--C----C--T-A---CCCA--AGAG--  1817
CONSENSUS.B TcTaTAGTgAATAGaGTTAGGCAGGGATAcTCACCatTaTCgTTtCAGACCC?CctCCCAgccccgaGGG  2114
HIVJRCSF    -C-A----G-----A--------------C-----CT-A--G--T-------T-CT----GCAACGA---  2152
HIVJRFL     -C-A----G-----A--------------C-----AT-A--G--T-------T-CT----GCCCCGA---  2149
HIVALA1     -C-A----G-----A--------------C-----AT-A--G--T-------G-CT----GCCAGGA---  2155
HIVBRVA     -C-A----G-----A--------------C-----AT-A--G--T-------G-CT----GGCCGGA---  2164
HIVJH3      -C-A----G-----A--------------C-----AC-A--G--T-------G-CT----GCCCCGA---  2209
HIVSC       -C-A----G-----A--------------T-----AT-A--G--T-------G-CT----AGCCAGA---  2176
HIVBAL1     -C-A----G-----A--------------C-----AT-A--G--T-------A-CT----TCCTCGA---  2170
HIVYU2      -C-A----G-----A--------------C-----AT-A--G--T-------A-CT----GCTCAGA---  2137
HIVMN       -C-A----G-----A--------------C-----AT-G--G--G-------G-CC----GTTCCGA---  2179
HIVHXB2R    -C-A----G-----A--------------T-----AT-A--G--T-------A-CT----ACCCCGA---  2176
HIVLAI      -C-A----G-----A--------------T-----AT-A--G--T-------A-CT----ACCCCGA---  2191
HIVNL43     -C-A----G-----A--------------T-----AT-A--G--T-------A-CT----ATCCCGA---  2170
HIVMFA      -C-A----G-----A--------------T-----AT-A--G--T-------A-CT----AACCGGG---  2170
HIVCAM1     -C-T----G-----A--------------C-----AT-G--A--T-------G-TT----GTTCCAA---  2176
HIVNY5CG    -C-A----G-----A--------------C-----AT-A--G--C-------G-CT----GCCCAGA---  2158
HIVADA      -C-A----A-----A--------------C-----AT-G--A--T-------A-CT----GCCCCGA---  2167
HIVJFL      -C-A----G-----A--------------C-----AT-G--A--C-------G-CT----ACCCCGA---  2161
HIVSIMI84   -C-A----G-----A--------------C-----AT-A--A--T-------T-CT----GCCCCGA---  2176
HIVD31      -C-A----G-----T--------------C-----AT-A--A--T-------G-CT----GCCCCGA---  2158
HIVSF162    -C-A----G-----A--------------C-----AT-A--A--T-------G-TT----GCCCCAA---  2149
HIVOYI      -C-A----G-----A--------------C-----AT-A--G--T-------G-CT----ACCCAGA---  2173
HIVSF33     -C-A----A-----A--------------C-----AT-A--A--T-------T-AT----GCCCAGA---  2164
HIVCDC4     -C-A----G-----A--------------C-----AT-A--G--T-------T-CT----AACCCGA---  2212
HIVSF2      -C-A----G-----A--------------C-----AT-G--A--T-------G-CT----GTCCCGA---  2173
HIVSF2B13   -C-G----G-----A--------------C-----AT-A--A--T-------G-CT----ACCCCGA---  2167
HIVHAN      -C-A----G-----A--------------C-----AT-G--G--T-------T-CT----GCAACGA---  2173
HIVRF       -C-A----G-----A--------------C-----AT-A--A--T-------A-CT----GCCCCGA---  2203
HIVWMJ2     -C-A----G-----A--------------C-----AT-A--A--T-------A-CT----ACCCCGA---  2149
HIVTB132    -C-A----G---  -G--------------C-----AT-A--G--T-------A-CT----vCCCCGA---  2119
HIVGUN      -C-A----G-----A--------------C-----AT-G--A--C-------A-CT----ACCCCGA---  2063
HIVRJS      -C-A----G-----A--------------C-----AT-G--A--C-------G-CT----ACCCCGA---  2167
HIVSBA      -*                                                                     1335
HIVSBC      -*                                                                     1329
HIVSBB      -*                                                                     1362
CONSENSUS.C TcTATAGTgAATAGAGTTAgGcagGGATACTCACCTTTgTCGTTTCAGACCcTTACCCCGAA?CCAGGGG  2111
HIVD747     -G------A----------A-GCA-------------G------------C----------*         1941
HIVD760     -C------G----------G-CAG-------------G------------*                    1950
HIVD757     -C------G----------G-CAG-------------A------------C----------C-------  1808
CONSENSUS.D TCTtTAGTAAATAGAGTTAGGCAGGGATAcTCACCTCTGTCaTTtCAGACCCTCCTCCCAgccCCGAGGG  2100
HIVJY1      ---T------------------------T-----------A--T---------------GCC-------  2197
HIVNDK      ---G------------------------C-----------A--T---------------GTC-------  2146
HIVMAL      ---T------------------------C-----------G--G---------------ACA-------  2182
HIVELI      ---T------------------------C-----------G--T---------------GCC-------  2167
HIVZ2Z6     ---T------------------------T-----------A--T---------------GCC-------  2167
CONSENSUS.E TCTATAGTGAATAGAGTTAGGCAGGGATACTCACCTTTGTCTCTCCAGACCCCTACCCATCATCAGAGGG  2173
HIVTN243    ------------------------------------------------------------------  2173
CONSENSUS.O aat?tagTgA??Aac?TTAGGCAGGGaTAtcaaCC?CTcTCgTTgCAGAtCCctatCC?acaCCagcaGG  1856
HIVMVP5180  AATCTAG-G-AG-ACA----------A--TCAA--C--C--G--G----T--CTGT--CACA--GGCA--  2215
HIVANT70    AATATAG-G-AA-ACA----------A--TCAA--C--C--G--A----T--CCAA--ATCA--AAGA--  2176
CPZGAB      TCAGTAG-C-GG-GAG----------C--CTCA--T--C--G--G----C--TTAT--CAGT--AGAG--  2149
```

```
CONSENSUS.A ??...CcCGaCAGGCCcG?AAGAATCGAAGAAG?AGGTGGaGAGCAAG?CAgAGACAGaTC?aTtCGcTT  2153
HIVSF1703   GT...-C--A------C-A-------------A------A-------G--G------A--GA-T--A--  2258
HIVU455     GT...-T--G------A-G-------------A------A-------G--A------A--GA-T--C--  2222
HIVZ321     AA...-C--A------C-A-------------G------A-------A--G------A--CA-T--C--  2243
HIVD687     AA...-C--A------C-G-------------G------C-------A--G------G--CG-G--C--  1884
CONSENSUS.B gA...CCCgacagGCCcGaaGgAAtcGaAGaAGaAGGTGGAGagaGAGaCAGAGaCagATCCggtcgatt  2181
HIVJRCSF    G-...---GACAG---C-AA-G--TC-A--A--A--------AGA---A-----A-AG----GGACAATT  2219
HIVJRFL     G-...---GACAG---C-AA-G--TC-A--A--A--------AGA---A-----A-AG----GGACGATT  2216
HIVALA1     A-...---GACAG---C-AA-G--TC-A--A--A--------AGA---A-----A-AG----GGTCGATT  2222
HIVBRVA     G-...---GACAG---C-AA-G--TC-A--A--A--------AGC---A-----A-AG----AGTCCCTT  2231
HIVJH3      G-...---GACAG---C-AA-G--TC-A--A--A--------ACA---A-----A-AG----GGTCAATT  2276
HIVSC       G-...---GACAG---C-AA-G--TC-A--A--A--------AGA---A-----A-AG----GGTCGATT  2243
HIVBAL1     G-...---GACAG---C-GA-G--TC-A--A--A--------AGA---A-----A-AG----GGTCCATT  2237
HIVYU2      G-...---GACAG---C-AC-G--TC-A--A--A--------AGA---A-----A-AG----GGTCCATT  2204
HIVMN       G-...---GACAG---C-AA-G--TC-A--A--A--------AGA---A-----A-AC----GGTCGATT  2246
HIVHXB2R    G-...---GACAG---C-AA-G--TA-A--A--A--------AGA---A-----A-AG----ATTCGATT  2243
HIVLAI      G-...---GACAG---C-AA-G--TA-A--A--A--------AGA---A-----A-AG----ATTCGATT  2258
HIVNL43     G-...---GACAG---C-AA-G--TA-A--A--A--------AGA---A-----A-AG----ATTCGATT  2237
HIVMFA      G-...---GACAG---C-AA-G--TA-A--A--A--------AGA---A-----A-AG----GTTCGATT  2237
HIVCAM1     G-...---GACAG---C-AA-G--TC-A--A--A--------GGA---A-----A-AC----GGGCGATT  2243
HIVNY5CG    G-...---GACAG---C-AA-G--TC-A--A--A--------AGA---A-----A-AG----GGACCATT  2225
HIVADA      G-...---GACAG---C-AA-G--TC-A--A--A--------ACA---A-----A-AG----GTGCGATT  2234
HIVJFL      G-...---GACAG---C-GA-G--TC-A--A--A--------AGA---A-----A-AG----GGTTACTT  2228
HIVSIMI84   G-...---GACAG---C-AA-G--TC-A--A--A--------AGA---A-----A-AG----GGACAATT  2243
HIVD31      G-...---GACAG---C-AA-G--TC-A--A--A--------ACA---A-----A-AG----AATCGATT  2225
HIVSF162    G-...---GACAG---C-AA-G--TC-A--A--A--------AGA---A-----A-AG----AGTCCATT  2216
HIVOYI      G-...---GACAG---C-AA-G--TC-A--A--A--------AGA---A-----A-AG----GGAAGATT  2240
HIVSF33     G-...---GACAG---C-AA-G--TC-A--A--G--------AGA---A-----A-AG----ACTCGATT  2231
HIVCDC4     G-...---GACAG---C-AA-G--CC-A--A--G--------AGA---G-----A-GG----ACTCGATT  2279
HIVSF2      G-...---GACAG---C-AC-G--TC-A--A--A--------AGA---A-----A-AG----GTTCGATT  2240
HIVSF2B13   G-...---GACAG---C-AC-G--TC-A--A--A--------AGA---A-----A-AG----GTTCGATT  2234
HIVHAN      G-...---CGACA---C-AA-A--TC-A--A--A--------AGA---A-----G-AG----GTTCGATT  2240
HIVRF       G-...---GACAG---C-AA-G--TC-A--G--A--------AGA---A-----A-AG----GGCGGTGC  2270
HIVWMJ2     G-...---CACAG---C-AA-G--TA-A--A--A--------AGA---A-----A-AG----GTTCGATT  2216
HIVTB132    G-...---GACAG---C-GA-G--TC-A--A--A--------AGA---A-----A-AC----GGACGCTT  2186
HIVGUN      G-...---GACAG---A-AA-G--CC-G--A--A--------AGA---A-----A-AG----GGTCGATT  2130
HIVRJS      G-...---GACAG---C-AA-G--TC-A--A--A--------AGA---A-----A-AG----GGTCCATT  2234
CONSENSUS.C GA...CCCGACAGGCTCGAAAGAATCGAAGGAGGAGGTGGAGAGCAAGACAAAGACAGATCCATTCGCTT  2178
HIVD757     --...-------------------------------------------------------------    1875
CONSENSUS.D GA???CCCGACAGGCCCGAAGgAAtAGAAGAAGAAGGTGGAGAGCgAGGCAGAGaCAGATCcaTtcGATT  2167
HIVJY1      --...----------------G--T-------------------A--------A------CA-TC----  2264
HIVNDK      --...----------------A--T-------------------G--------A------CA-TC----  2213
HIVMAL      --CCA----------------G--T-------------------A--------G------AA-TC----  2252
HIVELI      --...----------------G--C-------------------G--------A------CG-GA----  2234
HIVZ2Z6     --...----------------G--T-------------------G--------A------CA-TC----  2234
CONSENSUS.E AA...CTCGACAGACCCGAAAGAATCGAAGAAGGAGGTGGCGAACAAGGCAGAGAAAGATCCGTGCGCTT  2240
HIVTN243    --...-------------------------------------------------------------    2240
CONSENSUS.O Aa...?cAG?aacGCcaGgA??AA?aggaGaAG?AGGTGGagaagaAGaCAGg?cCAggTggat?gccTt  1915
HIVMVP5180  -A...GC--AAAC--CA-G-AG--CAGGA-A--A------AGAAGG--A---GCC--AG-GGACAGCC-T  2282
HIVANT70    -A...GC--GAAC--CA-G-AG--CAGGA-G--G------AGAAGA--G---GCC--GG-GGATACCC-C  2243
CPZGAB      -A...CA--GAAG--TC-G-GA--TCGAC-A--G------CGAGCA--A---AAG--GA-CAGTGAGA-T  2216
```

```
CONSENSUS.A aGTGAGCGGATTCTTAgCacTTGCCTGGGACGAcCTgCGGA?CCTGTGCCTcTTCaGcTACCACCGaTTG  2222
HIVSF1703   A--------------G-AC-----------C--G----G---------C---A-C--------C---  2328
HIVU455     A--------------G-GA-----------C--G----A---------C---A-C--------A---  2292
HIVZ321     G--------------C-AC-----------C--A----G---------T---T-C--------A---  2313
HIVD687     A--------------G-AC-----------T--G----A---------C---A-*              1941
CONSENSUS.B aGTgaatGGaTtcTTagCacTtaTCTGGGacGAtcTgcGgAgCCTGTgCctcTTCagCTACCaCCgCttg  2251
HIVJRCSF    A--GAAC--A-TC--AG-AC-TA------TC--CC-GC-G-G-----T-CTC---AG-----A--G-TTG  2289
HIVJRFL     A--GAAC--A-TC--AG-AC-TA------TC--CC-GC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG  2286
HIVALA1     A--GGAT--A-TA--AG-AC-TA------TC--CC-GA-G-G-----G-CTT---AG-----A--G-TTG  2292
HIVBRVA     A--GGAT--A-TC--AG-AC-TT------TC--TC-GC-G-G-----T-CTC---AG-----A--G-TTG  2301
HIVJH3      A--GGAT--A-TA--AG-AA-TA------TC--CC-GC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG  2346
HIVSC       A--GGAT--A-TC--AG-AA-TA------TC--C*                                    2277
HIVBAL1     A--GAAC--A-TC--GG-GC-TA------TC--TC-GC-G-G-----T-CTC---AG-----A--G-TTG  2307
HIVYU2      A--GGAT--C-TC--AG-AA-TA------TC--CC-AC-G-G-----G-CTT---AG-----A--G-TTG  2274
HIVMN       A--GCAT--A-TC--AG-AA-TA------TC--CC-GC-G-G-----T-CTC---AG-----A--A-...  2313
HIVHXB2R    A--GAAC--A-CC--GG-AC-TA------AC--TC-GC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG  2313
HIVLAI      A--GAAC--A-CC--AG-AC-TA------AC--TC-GC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG  2328
HIVNL43     A--GAAC--A-CC--AG-AC-TA------AC--TC-GC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG  2307
HIVMFA      A--GAAC--A-CC--AG-AC-TA------AC--TC-GC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG  2307
HIVCAM1     A--AACT--A-TC--AG-AC-CA------AC--CC-GC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG  2313
HIVNY5CG    A--GAAT--A-TC--AG-AC-CA------TC--TC-GC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG  2295
HIVADA      A--GGAT--A-TC--AG-AC-TT------AC--CC-GC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG  2304
HIVJFL      A--GACT--A-TC--AG-AC-TA------AA--CC-GT-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG  2298
HIVSIMI84   A--GACT--A-TC--AC-AA-CA------GC--CC-AC-G-G-----T-CTC---AG-----A--G-TTG  2313
HIVD31      A--GAAA--A-TC--AG-AC-TA------AC--CC-GA-C-G-----G-CTC---CT-----A--G-TTG  2295
HIVSF162    A--GCAT--A-TA--AG-AC-CA------AC--TC-AC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG  2286
HIVOYI      A--GGAT--A-TC--AG-AC-TA------AC--TC-GC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG  2310
HIVSF33     A--GAAC--A-TC--AG-AC-GT------AC--TC-TC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG  2301
HIVCDC4     A--GCAT--C-TC--AG-AC-TG------AC--TC-GC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG  2349
HIVSF2      A--GGAT--A-TC--AG-AC-TA------AA--TC-GC-G-G-----G-CTC---AG-----G--G-TTG  2310
HIVSF2B13   A--GGAT--A-TC--AG-AC-TA------AA--TC-GC-G-G-----G-CTC---AG-----G--G-TTG  2304
HIVHAN      A--GAGC--A-TC--AG-AC-TT------AC--CC-GC-G-G-----G-CTC---AG-----G--G-TTG  2310
HIVRF       A--GAAT--A-TC--GA-AC-TA------AC--TC-GT-G-C-----G-AGC---AG-----A--G-TTG  2340
HIVWMJ2     G--GCAT--A-TC--AG-AC-TA------AC--TC-GC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG  2286
HIVTB132    A--GGAT--A-TC--AG-AA-TT------TC--TC-GC-G-A-----G-CTC---AG-----A--G-TTG  2256
HIVGUN      A--GCAT--A-TC--AG-AC-CA------AC--TC-GC-G-G-----T-CTC---AG-----A--G-TTG  2200
HIVRJS      A--GACT--A-TC--AG-AC-CA------AC--CC-AC-G-G-----G-CTC---AG-----A--G-TTG  2304
CONSENSUS.C AGTGAACGGATTCTTAGCACTTGCCTGGGACGA.CTGCGGAGCCTGTGCCTCTTC*                2232
HIVD757     --------------------------------.--------------------                  1929
CONSENSUS.D ggTGAACGGATTcTcaGCACTtaTCTGGGACGAcCTgaGGAaCCTGTGCCTCTTCAGcTACCACCGCTTG  2237
HIVJY1      AG----------C-CA-----CT----------T--CC---A--------------C------------  2334
HIVNDK      GG----------A-TT-----TT----------C--GA---A--------------C------------  2283
HIVMAL      GG----------C-CA-----TA----------C--GA---A--------------T------------  2322
HIVELI      GC----------C-CG-----TA----------C--GC---G--------------C------------  2304
HIVZ2Z6     GG----------C-CA-----TA----------T--GA---A--------------C------------  2304
CONSENSUS.E AGTGAGCGGATTCTTAGCACTTGCCTGGGACGATCTACGGAGCCTGTGCCTTTTCAGCTACCACCGCTTG  2310
HIVTN243    ------------------------------------------------------------------  2310
CONSENSUS.O gccgcaaGGgTtCTTgccACtgtTgtacacgGAcCTCaGaAcaaTaat?tTgTGGActTACCAcctCTTG  1984
HIVMVP5180  GCCACCA--A-T---GCA--AGT-GTACACG--T---A-G-CAA-AATCT-G----CT-----CCT----  2352
HIVANT70    GCCGCAA--G-T---GCC--TGT-GTACACG--C---A-A-CAA-AATAT-G----CT-----CCT----  2313
CPZGAB      AGTGGAA--G-G---GCC--TTA-CTGGGAC--C---C-A-ACC-GGGGA-T----GC-----GAG----  2286
```

```
CONSENSUS.A AGAGACTtCgccTTGATTGcAGCGAGgaccGTGGAactTCTG??acgcagcag?ctca?ggg?cTgaGac   2287
HIVSF1703   -------T-ATC-------C------GACC-----ACT----AAACGCAGCAGTCTCAGGGGGC-GA-AC   2398
HIVU455     -------T-GCC-------T------AGCT-----ACT----GGACGCAGCAGCCTCAAGGGAC-GA-AC   2362
HIVZ321     -------G-GCA-------C------GATC-----GAC----.....................A-CC-CA   2362
CONSENSUS.B AgAGACTTAcTcTTGattGtagcgAgGAtTGTGGAActtCTGGga.....................???cgca   2300
HIVJRCSF    -G--------C-C---ACT-TAACG-G--T-------CTT----GA.....................CGCA   2338
HIVJRFL     -G--------C-C---ACT-TAACG-G--T-------CTT----GA.....................CGCA   2335
HIVALA1     -G--------C-C---ATT-TAACG-G--T-------CTT----GA.....................CGCA   2341
HIVBRVA     -G--------C-C---ATT-TAACG-G--T-------CTT----GA.....................CGCA   2350
HIVJH3      -G--------C-C---ATT-TAACG-G--T-------CTT----GA.....................CGCA   2395
HIVBAL1     -G--------C-C---ATT-TGATG-G--T-------CTT----GA.....................CTAGCAG 2359
HIVYU2      -G--------C-C---ATT-TAACG-G--T-------CTT----GA.....................CGCA   2323
HIVMN       -G--------C-C---ATT-CAGCG-G--T-------CTT----GA.....................CGCA   2362
HIVHXB2R    -G--------C-C---ATT-TAACG-G--T-------CTT----GA.....................CGCA   2362
HIVLAI      -G--------C-C---ATT-TAACG-G--T-------CTT----GA.....................CGCA   2377
HIVNL43     -G--------C-C---ATT-TAACG-G--T-------CTT----GA.....................CGCA   2356
HIVMFA      -G--------C-G---ATT-TAACG-G--T-------CTT----GA.....................CGCA   2356
HIVCAM1     -G--------C-C---ATT-TAGCA-G--T-------CTT----GA.....................CGCA   2362
HIVNY5CG    -G--------C-C---ATT-TAGCG-G--T-------CTT----GA.....................CGCA   2344
HIVADA      -G--------C-C---ATT-TAGCG-G--T-------CTT----GA.....................CGCA   2353
HIVJFL      -G--------C-C---ATT-TAACG-G--T-------CTC----GA.....................CGCA   2347
HIVSIMI84   -G--------C-C---ATT-TAGCG-G--T-------CTT----GA.....................CGCA   2362
HIVD31      -G--------C-C---ATT-CAGCG-G--T-------CTT----GA.....................CGCA   2344
HIVSF162    -G--------A-C---ATT-CAGCG-G--T-------CTT----GA.....................CGCA   2335
HIVOYI      -G--------A-C---ATT-TAGCG-G--T-------CTT----GA.....................CGCA   2359
HIVSF33     -C--------C-C---ATT-TAGCG-G--T-------CTT----GA.....................CGCA   2350
HIVCDC4     -G--------C-C---ATT-TAGCG-G--T-------CTT----GA.....................CGCA   2398
HIVSF2      -G--------C-C---ATT-CAGCG-G--C-------ATT----GG.....................CACA   2359
HIVSF2B13   -G--------C-C---ATT-CAGTG-G--C-------ATT----GA.....................CACA   2353
HIVHAN      -G--------C-C---ATT-TAGCG-A--T-------ACT----GA.....................CGCA   2359
HIVRF       -G--------C-C---ATA-TAGTG-G--T-------CTT----GA.....................CGCA   2389
HIVWMJ2     -G--------C-C---ATT-TGAAG-G--T-------CTT----GA.....................CGCA   2335
HIVTB132    -G--------C-C---GTT-TAACG-G--T-------CTT----rA.....................CGCA   2305
HIVGUN      -G--------C-C---ATT-TAGCG-G--T-------CTT----GA.....................CGCA   2249
HIVRJS      -G--------C-C---ATT-TAGCG-G--T-------CTT----GA.....................CGCA   2353
CONSENSUS.D AGAGACTtAaTCTTAATTGCAgcGAGGATTGTgGAaCTTCTGGGA.....................CGCA   2286
HIVJY1      -------T-A-----------AC---------G--A---------.....................----   2383
HIVNDK      -------C-A-----------GC---------G--A---------.....................----   2332
HIVMAL      -------T-C-----------AC---------G--A---------.....................----   2371
HIVELI      -------T-A-----------GT---------A--A---------.....................----   2353
HIVZ2Z6     -------T-A-----------GC---------G--G---------.....................----   2353
CONSENSUS.E AGAGACTTCATCTCGATTGCAGCGAGGGCTGTGGAACTTCTGGGACACAGCAGTCTCAAGGGACTAAGAC   2380
HIVTN243    ------------------------------------------------------------------------   2380
CONSENSUS.O AgcAaCTTAgcaTcagggaTccgGAggctgaTCaacta?cTGgGaCttggAcTgtggatCct?gg?caaa   2051
HIVMVP5180  -GC-A----ATA-CAGGGA-CCG--GGCTGA--GACTACC--G-A-TGGG-C-GTGGAT-CTGGGACAAA   2422
HIVANT70    -GC-A----GCA-CAGGGA-CCA--AGGTGA--AGCTATC--A-G-TTGG-C-GTGGAT-CTAGGGCAGA   2383
CPZGAB      -CA-G----GCC-GCAATG-GTG--GACAAC--AAGACGT--G-A-ATCT-A-ACTTCA-AGCCTCAGAC   2356
^L

                                                                          <- rev
CONSENSUS.A tGGGGTGGGAgggcCTCAAaTAcCTGtGgAATCTTcTGcT?TAtTGGGGTCgGGAACTAAAaAaTAGTGC   2356
HIVSF1703   T---------AGGC-----G--C---T-G------C--C-A--T-------G---------A-A------   2468
HIVU455     T---------GGGC-----A--T---T-G------C--C-G--T-------G---------A-T------   2432
HIVZ321     G---------GACT-----A--C---G-A------G--A-C--C-------A---------G-A------   2432
CONSENSUS.B GGGGGTGGGaAgtcCTcAAaTAttggtGGAaTCTcCTgCagTATTGGagtcAGGAaCTAAaGAaTAGTGc   2370
HIVJRCSF    ---------A-ATC--G--A--CTGGT---A---C--A-AG------AGTC----A----A--A-----C   2408
HIVJRFL     ---------A-GTC--G--A--TTGGT---A---C--A-AG------AGTC----A----A--A-----C   2405
HIVALA1     ---------A-GTC--C--A--CTGGT---A---C--G-AG------AGTC----A----A--A-----C   2411
HIVBRVA     ---------A-GTC--C--A--TTGGT---A---C--A-AG------AGTC----A----A--A-----C   2420
HIVJH3      ---------A-GCC--C--A--TTGGT---A---C--A-AA------AGTC----A----A--A-----C   2465
HIVBAL1     ---------A-GTC--C--A--TTGGT---A---C--A-AG------AGTC----A----A--A-----C   2429
HIVYU2      ---------G-GTC--C--A--TTGGT---A---C--C-AG------ATTC----A----A--A-----C   2393
HIVMN       ---------A-GTC--C--A--TTGGT---A---C--A-AG------AGTC----A----A--G-----C   2432
HIVHXB2R    ---------A-GCC--C--A--TTGGT---A---C--A-AG------AGTC----A----A--A-----C   2432
HIVLAI      ---------A-GCC--C--A--TTGGT---A---C--A-AG------AGTC----A----A--A-----C   2447
HIVNL43     ---------A-GCC--C--A--TTGGT---A---C--A-AG------AGTC----A----A--A-----C   2426
HIVMFA      ---------A-GCC--C--A--TTGGT---A---C--A-AA------AGTC----G----A--A-----C   2426
HIVCAM1     ---------A-GCC--C--A--TTGGT---A---C--G-AG------AGTC----A----G--A-----C   2432
HIVNY5CG    ---------A-GCC--C--A--TTGTT---A---C--G-AG------GGTC----A----A--A-----C   2414
HIVADA      ---------A-GTC--C--G--TTGGT---A---C--G-AG------AGTC----A----G--A-----C   2423
HIVJFL      ---------A-GCC--C--A--TTGGT---A---C--A-AG------AGTC----A----A--A-----C   2417
HIVSIMI84   ---------A-ATC--C--A--CTGGT---A---C--G-AG------AGTC----A----A--A-----C   2432
HIVD31      ---------A-GTC--C--A--TTGGT---A---C--G-AG------AGTC----A----A--A-----C   2414
```

```
HIVSF162      ---------A-GCC--C--G--TTGGG---A---C--G-AG------ATTC----A----A--A-----C   2405
HIVOYI        ---------A-GTC--G--A--TTGGT---A---C--G-AG------AGCC----A----A--A-----T   2429
HIVSF33       ---------A-GTC--C--A--TTGGT---A---C--G-TG------AGTC----A----A--A-----C   2420
HIVCDC4       ---------A-GTC--C--A--TTGGT---A---C--G-AG------AGTC----A----A--A-----C   2468
HIVSF2        ---------A-GCC--C--A--TTGGT---G---C--G-AG------ATTC----A----A--A-----C   2429
HIVSF2B13     ---------A-GTC--C--A--TGGGT---G---C--G-AG------ATTC----A----G--A-----C   2423
HIVHAN        ---------A-GTC--C--G--TTGGT---A---C--G-AG------AGCC----A----A--A-----C   2429
HIVRF         ---------A-GCC--C--G--TTGGT---A---C--G-AG------AGTC----G----A--A-----C   2459
HIVWMJ2       ---------A-GCC--C--G--TTGGT---A---C--G-AG------AGCA----A----A--A-----C   2405
HIVTB132      ---------A-GCC--C--A--TTGGT---A---C--A-AG------AGTC----A----A--A-----C   2375
HIVGUN        ---------A-GTT--C--A--TCTGT---A---T--G-A*                               2289
HIVRJS        ---------A-GCC--C--G--TTGGT---A---C--G-AG------ATC*                     2403
CONSENSUS.D GGGGGTGGGAagcCcTCAAATAtCTGTGGAatCTCCTgCAgTATTGGagTCaGGAACTGAaGAAtAGTgc   2356
HIVJY1        ----------AGC-A-------T-------GT-----G--G------AC--A--------A---T---TT   2453
HIVNDK        ----------AGC-C-------C-------AC-----G--G------AG--A--------G---T---GC   2402
HIVMAL        ----------AGC-C-------T-------AT-----G--A------GG--A--------A---T---GC   2441
HIVELI        ----------CAT-C-------T-------AT-----A--G------AG--A--------G---C---GC   2423
HIVZ2Z6       ----------AGC-C-------T-------AT-----A--G------AG--G--------A---C---GC   2423
CONSENSUS.E GGGGGTGGGAAGGCCTCAAATATCTGGGGAATCTTCTGTTATATTGGGGCCAGGAACTAAAAATTAGTGC   2450
HIVTN243      ------------------------------------------------------------------------   2450
CONSENSUS.O aGatAattgA?g?ttg?aGacTttgtGgaGctgTaAt?CAATAtTGGctAcAaGAatTgaAaAaTAGTGC   2117
HIVMVP5180  A-AC-ATTG-AGCTTGTA-AC-TTGT-GA-CTG-A-TG-----T---CT-C-A--AT-GA-A-A------   2492
HIVANT70    A-AT-ATTA-TGTTTGCA-AA-TTGT-CA-CTG-A-CA-----C---CT-C-A--AT-GC-G-A------   2453
CPZGAB      T-CT-CGGG-GAGACTGT-CC-GCTG-GG-GAA-T-TT-----T---GG-A-G--GC-AA-A-T------   2426
^L
CONSENSUS.A TATTAaTTTGCTTGAtaC?gTAGCAaTAGCAGTAGCTGgcTGGAcAGATAGGGTTATAGAAaTAGgACAa   2425
HIVSF1703     -----A---------TA-CA-----A------------GC----C---------------A---G---G   2538
HIVU455       -----C---------CG-TG-----G------------GG----T---------------A---G---A   2502
HIVZ321       -----A---------TA-AG-----A------------AC----C---------------G---T---A   2502
CONSENSUS.B tgTtagcTtGcTcaAtgccAcaGCtaTAGcAGTAgctGAggGgACAGATAGGgtTaTAgAAgtAgtaCAa   2440
HIVJRCSF    TG-TAGC-T-C-TA-TGCC-CA--TA---C----GCT--GG-G---------AT-A--G--GT-GTA--A   2478
HIVJRFL     TG-TAGC-T-C-CA-TGCC-CA--CA---C----GCT--GG-G---------AT-A--G--GC-TTA--A   2475
HIVALA1     TG-TAGC-T-C-CA-CGCC-CA--CA---C----GCT--GG-G---------GT-A--G--GT-TTA--G   2481
HIVBRVA     TG-TAGC-T-C-CA-CGCC-CA--CA---C----GGT--GA-G---------GC-A--G--GT-GTA--A   2490
HIVJH3      TG-TAGC-T-T-CA-TGCC-TA--CA---C----GCT--GG-G---------GT-C--A--AT-TTA--A   2535
HIVBAL1     TG-TAGC-T-C-CA-TGCC-CA--TG---C----GCT--AG-G---------GT-A--G--GT-TTA--G   2499
HIVYU2      TG-TAGC-T-C-CA-CGCC-CA--TA---C----GCT--GG-A---------GT-A--G--AT-TTA--A   2463
HIVMN       TG-TAGC-T-C-TA-TGCC-CA--TA---C----GCT--GG-G---------GT-A--G--GT-CTG--A   2502
HIVHXB2R    TG-TAGC-T-C-CA-TGCC-CA--CA---C----GCT--GG-G---------GT-A--G--GT-GTA--A   2502
HIVLAI      TG-TAGC-T-C-CA-TGCC-CA--CA---C----GCT--GG-G---------GT-A--G--GT-GTA--A   2517
HIVNL43     TG-TAAC-T-C-CA-TGCC-CA--CA---C----GCT--GG-G---------GT-A--G--GT-TTA--A   2496
HIVMFA      TG-TAGC-T-C-CA-TGCC-CA--TA---C----GCT--GG-G---------GT-A--G--GT-GTA--A   2496
HIVCAM1     TG-TAGT-T-T-TG-TACC-TA--TA---C----GCT--GG-A---------GT-A--G--GT-GTG--A   2502
HIVNY5CG    TA-TAGT-T-C-TA-TGCC-CA--TG---C----GCT--GG-G---------GT-A--G--GT-GCA--A   2484
HIVADA      TG-TAGC-T-C-TA-TGCC-CA--TA---C----GCT--GG-G---------GT-A--G--GT-GTA--A   2493
HIVJFL      TG-TAGT-T-C-TA-CGCT-CA--TA---C----GCT--GG-G---------AT-A--G--GT-GTA--A   2487
HIVSIMI84   TG-TAGC-T-C-TA-TACA-CT--TA---T----GCT--GG-G---------GT-A--G--GT-GTA--A   2502
HIVD31      TG-TAGC-T-C-CA-TGCC-CA--TA---C----GCC--GG-G---------GT-A--G--GT-GTA--A   2484
HIVSF162    TG-TAGT-T-T-TG-TGCC-TA--TA---C----GCT--GG-G---------AT-A--G--GT-GCA--A   2475
HIVOYI      CA-TAGC-T-C-CA-CGCC-CA--TA---C----GCT--GG-G---------GT-A--G--AT-GTA--A   2499
HIVSF33     TG-TAGC-T-C-CA-CGCC-CA--TA---C----GCT--AG-G---------GT-A--G--GT-GTA--A   2490
HIVCDC4     TG-TAGC-T-G-TA-TGTC-CA--TA---C----GCT--GG-A---------GT-A--G--GT-GTA--A   2538
HIVSF2      TG-TAGC-G-C-CA-CGCC-CA--TA---C----ACT--GG-G---------GT-A--G--GT-GCA--A   2499
HIVSF2B13   TG-TAGC-T-C-CA-CGCC-CA--TA---C----GCT--GG-G---------GT-A--G--GT-GTA--A   2493
HIVHAN      TG-CAGC-T-T-CA-TACT-TA--TA---C----GCT--GG-A---------GT-A--G--GT-GTA--A   2499
HIVRF       TG-TAGC-T-C-TA-TACC-CA--AA---C----GCT--AG-G---------AT-A--G--GT-GCA--A   2529
HIVWMJ2     TG-TGGG-T-C-TA-TGCC-TT--TA---C----GCT--GG-G---------GT-A--G--GT-GTA--A   2475
HIVTB132    TG-TAGC-T-C-CA-TGCC-CA--TA---C----GCT--AG-G---------GT-A--G--GT-TTA--A   2445
CONSENSUS.D TAgTAGCTTGcTTgATaCCAtAGCAATAGCAGTAGCTGAggGgACAGATAGggTTATAGAAaTAgtACaA   2426
HIVJY1      --T--------C--A--G---C------------------GG-G---------GA---------C--AT--G-   2523
HIVNDK      --G--------C--G--A---T------------------GA-G---------GG---------G--GT--A-   2472
HIVMAL      --T--------C--A--A---C------------------AT-C---------GG---------A--GG--A-   2511
HIVELI      --G--------T--G--G---T------------------GG-G---------AG---------A--AT--A-   2493
HIVZ2Z6     --G--------C--G--A---T------------------GG-G---------GG---------A--GT--G-   2493
CONSENSUS.E TATTTCTTTGCTTAATGCTACAGCAATAGCAGTAGCGGGGTGGACAGATAAGGTTATAGAAGTAGCACAA   2520
HIVTN243      ------------------------------------------------------------------------   2520
CONSENSUS.O TAcAAgCcTGCTtGAtaCaattGCagTggCAGTaGCcaAttGgACtGAcgGcATaATcg?AGgt?TaCAA   2185
HIVMVP5180  --C--A-C----T--TA-TATT--AG-GT----T--CA-TT-G--T--CG-C--C--CTT--GTC-A---   2562
HIVANT70    --C--G-T----A--CA-ACTT--AG-GG----A--CA-TT-G--T--CG-C--A--CGC--GGA-A---   2523
CPZGAB      --T--G-C----T--TG-AACA--TA-TG----A--AG-AG-T--A--TA-A--A--AGA--CTT-T---   2496
^L
CONSENSUS.A acAatTgGTAGAGCTaTTCTCAACATACCtAGAAGAATCAGACAgGGcTTaGAAAGgGCTTTGcTA*     2491
```

```
HIVSF1703     GC-AT-T--------A----------T----------G--C--C-----G------T---      2604
HIVU455       AC-AT-G--------A----------T----------A--C--A-----G------C---      2568
HIVZ321       AG-GC-G--------T----------A----------G--A--A-----A------C---      2568
CONSENSUS.B   agAgctt?tAGaGctaTtctccAcATaCcTagAAGAaTaAGACAgGGCTTggAAaGggcttTGCta-      2505
HIVJRCSF      AG-GTTTAT--G-CTA-TCTCC-C--A-C-AC----A-A-----G-----GG--A-GGCTT---TA-      2544
HIVJRFL       AG-ACTTAT--A-CTA-TCTCC-C--A-C-AC----A-A-----G-----GG--A-GGCTT---TA-      2541
HIVALA1       AG-GCTTTT--A-CTA-CCTTC-C--A-C-AG----A-A-----G-----CG--A-GGCTT---TA-      2547
HIVBRVA       AG-GCTTTT--A-CTA-CCTGC-C--A-C-AG----A-A-----G-----GG--A-GGCTT---AA-      2556
HIVJH3        AG-GCTTTT--A-CTA-TCTCC-C--A-C-AC----A-A-----G-----GG--A-GGCTT---TA-      2601
HIVBAL1       AG-GCTGTT--A-CTA-TCTCC-C--A-C-AG----A-A-----G-----GG--A-GGCTT---TA-      2565
HIVYU2        AG-GCTTTT--A-CTG-TCTTC-C--A-C-GT----A-A-----G-----GG--A-AGCTT---TA-      2529
HIVMN         AG-GCTGGT--A-CTA-TCTCC-C--A-C-AC----A-A-----G-----GG--A-GGCTT---TA-      2568
HIVHXB2R      GG-GCTTGT--A-CTA-TCGCC-C--A-C-AG----A-A-----G-----GG--A-GATTT---TA-      2568
HIVLAI        GG-GCTTGT--A-CTA-TCGCC-C--A-C-AG----A-A-----G-----GG--A-GATTT---TA-      2583
HIVNL43       GC-GCTTAT--A-CTA-TCGCC-C--A-C-AG----A-A-----G-----GG--A-GATTT---TA-      2562
HIVMFA        GG-GCTTAT--A-CTA-TCGCC-C--A-C-AG----A-A-----G-----GG--A-GATTT---TA-      2562
HIVCAM1       AG-GCTTGT--A-CTA-TCTCC-C--A-C-AG----A-A-----A-----AG--A-GCTTT---TA-      2568
HIVNY5CG      AG-ATTTGT--G-GTA-CCTCC-T--C-C-AG----A-A-----A-----AG--A-GCTTT---TA-      2550
HIVADA        AG-ATTTAT--G-CTA-TCTCC-C--A-C-AC----A-A-----G-----GG--A-GCTTT---TA-      2559
HIVJFL        AG-ATTGGT--A-CTA-CCTCC-C--A-C-GT----A-A-----G-----AG--A-GGCTT---TA-      2553
HIVSIMI84     AG-ATTGGT--A-CTG-TCTCC-C--A-C-AG----A-A-----G ----CG--A-GGCTT---TA-      2568
HIVD31        AG-GCTTGG--A-CTA-TCTCC-C--A-C-GT----A-A-----G-----AG--A-GGCTT---TA-      2550
HIVSF162      AG-ATTGGT--A-CTT-TCTCC-C--A-C-AG----A-A-----G-----TG--A-GGCTT---TA-      2541
HIVOYI        AG-GCTTAT--A-CTT-TCTCA-T--A-C-AG----A-A-----G-----GG--A-GGCTT---TA-      2565
HIVSF33       AG-GTGGGT--A-CTA-TCTCC-C--A-C-AC----A-A-----G-----TG--A-GGCTT---TA-      2556
HIVCDC4       AG-ATTTAT--A-CTT-TCTCC-C--A-C-AG----A-A-----G-----CG--A-GGCTT---TA-      2604
HIVSF2        AG-GCTTAT--A-CTA-TCTCC-C--A-A-AG----A-T-----G-----GG--A-GCTTT---TA-      2565
HIVSF2B13     AG-GCTTAT--A-CTA-TCTCC-C--A-C-AG----A-T-----G-----AG--A-GCTTT---TA-      2559
HIVHAN        AG-GCTTGT--A-CAA-TCTCC-C--A-C-AG----G-G-----G-----GG--A-GGCCT---TA-      2565
HIVRF         AG-ATTCTT--A-CTT-TCTTC-C--A-C-AG----A-A-----G-----AG--A-GGCTT---TG-      2595
HIVWMJ2       AG-ATCTGT--A-CTA-TATCC-C--A-C-AG----A-A-----G-----GG--A-GGCTT---TA-      2541
HIVTB132      AG-GTTTAT--A-CTA-TCTCA-C--A-C-AC----A-C-----G-----GA--G-TCGA*            2505
CONSENSUS.D   AGAgcTtgcAGAGCTgTTCTtcACaTACCcAgAaGAaTaAGACAGGGCTT?GAAAGG?cTTTgCTa*      2490
HIVJY1        ---GC-TTT------G----TC--A----C-G-C--G-A----------G------GC---A--A-      2589
HIVNDK        ---GC-TGC------A----TA--G----C-G-A--A-A----------G------CT---G--A-      2538
HIVMAL        ---TT-GGT------A----CC--A----T-G-A--A-T----------C------GC---G--A-      2577
HIVELI        ---GC-TGC------G----TA--A----C-G-A--A-A----------A------TC---A--T-      2559
HIVZ2Z6       ---GC-TGC------G----TC--A----C-C-A--A-A----------A------CT---G--T-      2559
CONSENSUS.E   GGAGCTTGGAGAGCCATTCTC*                                               2541
HIVTN243      ----------------------                                               2541
CONSENSUS.O   agaAtAggaa?AggaaTtcgtaACATCCCaAGgaGaATtAGACAaGG??taGAAAGAa?tTTA?Tg?AA*    2248
HIVMVP5180    AGA-T-GGACA-GGAT-CCTTC-------A--AA-A--T-----A--TGCA------ATC---G-GT--    2631
HIVANT70      AGA-T-GGAAC-GGAA-TCGTA-------A--GA-A--T-----G--CTTA------AGT---T-G*      2589
CPZGAB        GTT-C-CTTAG-ATTA-TAGAA-------T--GC-C--A-----A--GCTG------GCT---C-T*      2562
```

HIV-1 NEF

Sequences representing gag and env subtypes C and E are not currently available for the nef cds. The unpublished sequence CPZ-ant contributes to the Consensus.O (Vanden Haesevelde and Saman, Innogenetics, Belgium.) The MAL and Z321 sequences could not be easily assigned to any of the three nef sequence subtypes A, B, and D. The highly unusual ANT70 and MVP5180 sequences, assigned to subtype O, were kindly made available prior to publication by Drs. Eric Saman and Marleen vanden Haesevelde, of Innogenetics, Belgium, and by Dr. Lutz Gurtler and colleagues, of the Max v. Pettenkofer Institute, Munich.

```
CONSENSUS.A ATGGGTGGCAAGTGGTCAAAAAAGAGCAGAGTGGAATGGCCTGAGGTTAGGAAAAGAATGAGAGAAACT.     69
HIVU455     ----------.----------.----------.----------.----------.----------.     69
CONSENSUS.B ATGGGtGGcAAgtGGTCAAaa?g!agtatgg?tGgaTGGcctactgTAAGGgAaAgaATgagacgAgCt?     67
HIVLAI      -----T--C--GT------AAAG!AGTGTGGTT-GA---CCTACTG-----G-A-GA--GAGACG-G-T.     69
HIVNL43     -----T--C--GT------AAAG!AGTGTGATT-GA---CCTGCTG-----G-A-GA--GAGACG-G-T.     69
HIVGLNEF3   -----T--C--GT------AA.. CGTATGGGT-GA---CCTGCTG-----G-T-GA--GCAACG-G-T.     66
HIVGLNEF5   -----T--C--GT------AA.....CTGGGC-GA---CCTACTG-----G-A-GA--GAGACG-G-T.     63
HIVGLNEF6   -----T--C--GT------AA.....CTGGGC-GA---CCTACTG-----G-A-GG--GAGACG-A-T.     63
HIVBRVA     -----T--C--GT------AA.....ATGGCT-GA---TCCACTG-----G-A-GA--GAGACG-G-TG    64
HIVMN       -----T--C--AT------AACGT...GTGACT-GA---CCTACTG-----G-A-GA--GAGACG-G-TG    67
HIVSC       -----G--C--GT------AACGTAGTGTGGTT-GA---CCTACTG-----G-A-GA--GAGAAA-A-T.     69
HIVBAL1     -----T--C--GT------AAAGTAGTATAGTC-TA---CCTGCTG-----A-A-GA--GAGAAG-A-T.     69
HIVJRCSF    -----T--C--GT------AACATAGTGTGCCT-GA---TCTACTG-----G-A-GA--GAGACG-G-TG    70
HIVJRFL     -----T--C--GT------AACGTAGTGTGCCT-GA---TCTACTG-----G-A-GA--GAGACG-G-TG    70
HIVNH53     -----T--A--GC------AACGTAGTGTGACT-GA---TTTACTG-----G-A-GA--GAGACG-G-T.     69
HIVOYI      -----T--C--GT------AATGTAGTATGAAG-GA---CCTACTA-----G-A-GA--GAAGCG-G-TG    70
HIVSF2      -----T--C--GT------AACGTAGTATGGGT-GA---TCTGCTA-----G-A-GA--GAGACG-G-TG    70
HIVSF162    -----T--C--GT------AACGT...ATGAGT-GA---TCTGCAG-----G-A-GA--GAAACG-G-TG    67
HIVCAM1     -----T--C--GT------AACGTAGTCTGGGT-GA---TCTGCTG-----G-A-GA--GCAACG-G-TG    70
HIVHEI20BL  -----T--C--GT------AATGTACT.....-GA---TCTGCTG-----G-A-GA--GCAACG-G-TG    64
HIVHEI28BL  -----T--C--GT------AAAGTAGTATAGTT-GA---CCAAATG-----G-A-GA--GAGACG-G-T.     69
HIVHEI39BL  -----G--C--GT------AACGTAGTAGGGAT-AC---ACTACTG-----G-A-GA--GAGACA-G-TG    70
HIVHEI3BL   -----T--C--GT------RW...MGTATGGCT-GA---YCTRCTG-----G-C-RA--RATACR-A-T.     66
HIVHEI4BL   -----T--T--AT------AAAGTAGTATGATT-GA---CCTGCTA-----G-C-GA--GAGACG-G-T.     69
HIVSF33     -----T--C--GT------AAAGTAAAATG...-GA---CCTGCTG-----G-A-GA--GAAGCG-G-T.     66
HIVSWB84    -----T--C--GT------AAAGTAGTATGAGT-GA---CCTGCTA-----G-A-GA--GAAACA-G-T.     69
HIVHAN      -----T--C--GT------AATGTAGT.....-GA---CCTACTG-----G-A-GA--GAAACA-G-TG    64
HIVD31      -----T--C--AT------AGAGTAGTGTGGTT-GA---CCTGCTA-----G-A-GA--GAAACG-G-T.     69
HIVRF       -----T--C--GT------AAAGTAAGATGGGT-GA---CCTGCTG-----G-A-GA--GCAAAA-G-T.     69
HIVYU2      -----T--C--GT------AACGTAGTATGGCT-GA---CCTACTG-----G-A-GA--GAGACG-G-CG    70
CONSENSUS.D ATGGGTGGCAaATGGTCAAAAAGTAGTaTAGTtGGATGGCCTGCTATAAGGGAAAGAATAAGAAgAACT?     69
HIVELI      ----------A----------A----G----------.----------.----------G----.     69
HIVNDK      ----------A----------T----T----------.----------.----------A----.     69
HIVZ6       ----------G----------A----T----------.----------.----------G----G     70
CONSENSUS.O ATGGG?aacaaaTgGtcaAAaagta???t?g?aGGATGGcCtgaagTaAGagaaAGAATaAGacgAaCt?     63
HIVMAL      -----TGGCAAG-G-TCA--AAGTAGCATAGTA------C-TAAGA-T--GGAA-----A--ACG-A-T.     69
HIVZ321     -----TAACAAG-G-TCA--G.....------C-TGCAG-A--GGAA-----A--GCA-A-CC    58
HIVANT70    -----AAACGCA-T-AGA--AGGTAAATTTGAG------G-AGCAG-A--AGAA-----G--AAG-A-T.     69
HIVMVP5180  -----GAATGCA-G-AGC--AAGCAAATTTGCA------T-AGAAG-A--AGAT-----G--ACG-T-C.     69
CPZGAB      -----AACCAAA-G-TCT--AAGTAGTCTGGTA------C-TGAGG-C--AAGA-----A--GGA-G-T.     69
```

```
CONSENSUS.A ........................................CCTGCAGCAGCAAAAGGAGTAGGAGCAGT     98
HIVU455     ........................................----------------------------     98
CONSENSUS.B ???????????????????????????????????????GAGCcAgCAGCAGatgGgGTgGGAGCAGt     96
HIVLAI      ........................................----C-G------ATG-G--G-------C     98
HIVNL43     ........................................----C-G------ATG-G--G-------T     98
HIVGLNEF3   ........................................----C-G------CTG-G--G-------T     95
HIVGLNEF5   ........................................----C-G------ATG-G--G-------T     92
HIVGLNEF6   ........................................----C-G------ATA-G--G-------C     92
HIVBRVA     AGCCAGCAAGGGAAAGAATGAGACGAGCTGAGCCACGAGCT----C-G------ATG-G--G-------T    134
HIVMN       AACCAGCT.................................----T-G------ATG-G--G-------C    104
HIVSC       ........................................----C-G------ATG-G--G-------C     98
HIVBAL1     ........................................----C-G------ATG-A--A-------T     98
HIVJRCSF    AGCCAGCAACAGATAGGGTGAGA............CAAACT----C-G------TAG-G--G-------T    128
HIVJRFL     AGCCAGCAGCAGATAGGGTGAGA............CGAACT----C-G------TAG-G--G-------T    128
HIVNH53     ........................................----C-G------ATG-G--G-------T     98
HIVOYI      AGCTA..........................CAGCCACCT----C-G------AAG-G--G-------C    113
HIVSF2      AGCCA............................CGAGCT----C-G------ATG-G--G-------T    110
HIVSF162    AGCCA................................GCT----C-G------ATG-G--G-------T    104
HIVCAM1     AGCCA............................CGAGCT----C-G------AGG-G--G-------T    110
HIVHEI20BL  AACCAGCA............................GCT----C-G------CMG-G--G-------T    104
HIVHEI28BL  ........................................----C-A------CGG-G--G-------T     98
HIVHEI39BL  AGCCAGCA............................GCA----C-G------CTG-G--G-------T    110
HIVHEI3BL   ........................................----C-G------AGG-G--G-------C     95
HIVHEI4BL   ........................................----C-G------TTG-G--G-------C     98
HIVSF33     ........................................----C-G------ATG-G--G-------C     95
HIVSWB84    ........................................----C-G------ATG-G--G-------T     98
HIVHAN      AGCCT...................................----C-G------ATG-G--G-------C     98
HIVD31      ........................................----C-G------AGG-G--G-------T     98
HIVRF       ........................................----C-G------ATG-G--G-------C     98
HIVYU2      AGCCAGCAGCAGAAAGAATGAGACGAGCT............----C-G------ATG-G--G-------T    128
CONSENSUS.D ????????..........................??????gATCCAGCAGCAGATGGGGTAGGAGCAGt     98
HIVELI      ........................................A--------------------------T     98
HIVNDK      ...................................          ----------------------T     98
HIVZ6       ATCCAAGA..........................AG          ---------------------C    113
CONSENSUS.O ????????...............??????????????        ?caGcA?c?GGAGTAGGAgcagt     89
HIVMAL      ....................................        --ACA-A-ACA---------GCAGT     98
HIVZ321     CTCCAGCA................................CCTC--GCA-C-GAA---------GCAGC     95
HIVANT70    .......................AGAACTTTCCCTGAGTCTGAAC--TGC-C-CCT---------CAGAT    116
HIVMVP5180  ........................TCCTCTGATCCTCAACAAC--TGT-C-CCT---------GCTGT    113
CPZGAB      ........................................CCAA--GCA-C-GAG---------GAAGT     98
```

```
CONSENSUS.A ATCTCAAGAT.............TTAGATAAATATGGAGCAGTCACAAGCAGTAATACATCATCTACT   153
HIVU455     ----------.............--------------------------------------------   153
CONSENSUS.B ATCtcGaGAC.............cTggAaAaACATGGAgCAaTCACaAgTAgcAAtACAgCAgCTAcc   151
HIVLAI      ---TC-A---.............C-GG-A-A-------G--A----A-G--GC--T---G--G---CC   153
HIVNL43     ---TC-A---.............C-AG-A-A-------G--A----A-G--GC--T---G--G---AC   153
HIVGLNEF3   ---TC-A---.............C-GG-A-A-------G--A----A-G--GC--T---G--G---CT   150
HIVGLNEF5   ---TC-A---.............C-GG-A-A-------G--A----A-G--GC--T---G--G---CC   147
HIVGLNEF6   ---TC-A---.............C-GG-A-A-------G--A----A-G--GC--T---G--G---CC   147
HIVBRVA     ---TC-A---.............C-GG-A-A-------G--A----A-G--GT--C---G--G---CC   189
HIVMN       ---CC-A---.............C-GG-A-A-------G--C----A-G--GC--T---G--G---CC   159
HIVSC       ---TC-G---.............C-GG-A-A-------G--A----A-G--GC--T---C--G---AC   153
HIVBAL1     ---TA-A---.............C-GG-A-A-------G--A----A-G--GC--T---G--G---AC   153
HIVJRCSF    ---TC-A---.............C-GG-A-A-------G--A----A-G--GC--T---G--G---CC   183
HIVJRFL     ---TC-A---.............C-GG-A-A-------G--A----A-G--GC--T---G--G---CC   183
HIVNH53     ---TC-A---.............C-GG-A-A-------G--A----A-G--GC--T---G--G---AC   153
HIVOYI      ---TC-A---.............C-GG-A-A-------G--A----T-G--GC--T---G--G---CT   168
HIVSF2      ---TC-A---.............C-GG-A-A-------G--A----A-G--GC--T---G--G---CT   165
HIVSF162    ---TC-A---.............T-GG-A-A-------G--A----A-G--GT--C---G--G---AT   159
HIVCAM1     ---TA-A---.............T-GG-A-A-------G--A----A-G--GC--T---G--G---CT   165
HIVHEI20BL  ---TC-A---.............Y-GG-A-A-------G--A----A-G--GC--T---G--G---CT   159
HIVHEI28BL  ---TC-A---.............C-RG-A-G-------G--A----A-G--AC--T---G--G---CC   153
HIVHEI39BL  ---TC-A---.............C-GG-A-G-------G--A----A-G--GC--T---G--G---CC   165
HIVHEI3BL   ---TC-A---.............C-RG-A-A-------G--A----A-G--GC--T---G--G---CT   150
HIVHEI4BL   ---TC-A---.............C-AG-T-A-------G--A----A-A--GC--T---G--G---AC   153
HIVSF33     ---TA-A---.............C-GG-A-A-------G--C----A-G--GC--T---G--G---CT   150
HIVSWB84    ---TC-A---.............C-GG-A-A-------G--A----A-G--GC--T---G--G---CT   153
HIVHAN      ---TC-A---.............C-GA-A-A-------G--A----A-G--GC--T---G--A---AT   153
HIVD31      ---TC-A---.............C-GG-A-A-------G--A----A-G--GC--T---C--G---CT   153
HIVRF       ---TC-A---.............C-GG-G-A-------A--A----A-G--GC--T---G--G---AT   153
HIVYU2      ---TC-A---.............C-GG-A-G-------G--A----A-G--GC--T---G--G---CT   183
CONSENSUS.D ATCTCGAGAC.............CTGGAAAAACATGGCGCAATCACAAGTAGCAATACAgcaagTACT   153
HIVELI      ----------.............------------------------------------GCAAG----   153
HIVNDK      ----------.............------------------------------------GCAAG----   153
HIVZ6       ----------.............----------------------------------AGGGA----   168
CONSENSUS.O ?TC?aagGA??????????????????tTAGcaa???g?GGaGcaatc?CaAGtagcaataC?cCa?a?Aat   133
HIVMAL      A--TCAA--TGCAGTATCTCAAGATT---ATAAATGT--A-CAGCCG-A--CAGCAGTC-AG-AGCT-AT   168
HIVZ321     A--TCAA--T.............T---CTAAGCAT--A-CAATCT-A--CAGCAATA-AG-AACT-AT   150
HIVANT70    C--CAGG--A.............T---CAGCTAGA--A-GGATAC-A--TTCCCATA-TC-TCAA-AC   171
HIVMVP5180  C--CAGG--G.............T---CAACTAGA--G-GAATAT-A--TTCCCACA-TC-TCAA-AC   168
CPZGAB      T--GAAG--C.............C---AAAGACAC--A-CTATCA-T--TAGGAACA-CC-AGAG-CT   153
```

HIV-1 NEF

```
CONSENSUS.A AATGCCAGTTGTGCCTGGCTGGAAGCGCAA......GAGGAAGGAGACGTAGGCTTCCCAGTTAGGCCAC    217
HIVU455     -----------------------------.....---------------------------------    217
CONSENSUS.B AAtGCTGaTtgtgCCTGGCTaGAAGCAcAa??????GAgGa?GAgGagGtgGGtTTTCCAGTcAgACCtC    214
HIVLAI      --T----C-TGTG-------A------C-A.....--G-AG--G-AG-TG--T--------C-C---T-    217
HIVNL43     --T----C-TGTG-------A------C-A.....--G-AG--A-AG-TG--T--------C-C---T-    217
HIVGLNEF3   --T----A-TGTG-------G------C-A.....--G-AA--G-AG-TG--T--------G-G---T-    214
HIVGLNEF5   --T----C-TGTG-------A------C-A.....--G-AG--G-AG-TG--T--------C-C---T-    211
HIVGLNEF6   --T----C-TGTG-------A------C-A.....--G-AG--G-AG-TG--T--------C-C---T-    211
HIVBRVA     --T----A-TGTG-------A------C-A.....--G-AT--G-AA-TA--T--------C-A---T-    253
HIVMN       --T----A-TGTG-------A------C-A.....--G-AG--G-AA-TG--T--------C-A---T-    223
HIVSC       --T----A-TGTG-------A------C-A.....--G-AG--G-AG-TG--T--------C-G---T-    217
HIVBAL1     --T----A-TGTG-------A------C-A.....--G-AT--A-AA-TG--T--------C-G---T-    217
HIVJRCSF    --T----A-TGTG-------A------T-T.....--G-AT--G-AA-TG--T--------C-G---T-    247
HIVJRFL     --T----A-TGTG-------A------C-A.....--G-AT--G-AA-TG--T--------C-G---T-    247
HIVNH53     --T----A-GTTG-------A------C-A.....--G-AG--A-AG-TG--T--------C-G---T-    217
HIVOYI      --T----A-TGTG-------A------C-A.....--G-AT--A-AG-TG--T--------C-G---T-    232
HIVSF2      --T----A-TGTG-------A------C-A.....--G-AG--A-AG-TG--T--------C-G---T-    229
HIVSF162    --T----A-TGTG-------A------C-A.....--G-AC--G-AT-TG--C--------C-G---T-    223
HIVCAM1     --T----A-TGTG-------A------C-A.....--G-AG--G-AG-TG--C--------C-G---T-    229
HIVHEI20BL  --T----A-TGTG-------A------C-A.....--G-AT--G-AA-TG--T--------C-G---T-    223
HIVHEI28BL  --T----A-TGTG-------A------C-AGAG...--G-GA--G-AG-TG--T--------C-R---T-    220
HIVHEI39BL  --T----A-TGTG-------A------C-A.....--A-AT--G-AG-TG--T--------C-G---T-    229
HIVHEI3BL   --T----A-TGTG-------A------C-A.....--G-AK--G-MY-TG--T--------C-G---T-    214
HIVHEI4BL   --T----A-TGTG-------A------C-A.....--G-GC--G-AG-TG--T--------C-G---T-    217
HIVSF33     --T----A-TGTG-------A------C-A.....--G-AT--G-AG-TG--T--------C-A---T-    214
HIVSWB84    --T----A-TGTG-------A------C-A.....--G-AG--A-AG-TG--T--------C-G---T-    217
HIVHAN      --C----C-TGTG-------A------C-A.....--G-AA--G-AA-AG--T--------C-G---A-    217
HIVD31      --T----C-TGTG-------A------C-A.....--G-AG--G-AG-TG--T--------C-A---T-    217
HIVRF       --T----C-TGCA-------A------C-AGAGGAT--G-AT--G-AG-TG--T--------C-G---T-    223
HIVYU2      --T----A-TGTG-------A------C-A.....--G-AG--G-AG-TG--T--------C-G---T-    247
CONSENSUS.D AAtGcTgaCTGTGCcTGGCTaGAAGCACAAGAa...GAGAGCGAgGAGGTGGGCTTTCCAGTcAGACCtC    220
HIVELI      --T-C-GA------C-----A----------A...--------C----------------C-----C-    220
HIVNDK      --T-A-AC------A-----G----------G...--------G----------------T-----T-    220
HIVZ6       --C-C-GA------C-----A----------A...--------G----------------C-----T-    235
CONSENSUS.O AATgcagctcttgc?t??ctaGAa??aca????...gAaga?GAgGA?GTAGGcTTtCCAGTaagaCCtC    189
HIVMAL      ---GCTAGTTGT.........--ACCACCAGAA...G-AGAG--G--G-----C--T-----CCGT--T-    226
HIVZ321     ---CCTGATTGTGCCTGGTTG--AGCACAAGAG...G-GTCA--G--G-----C--T-----CAGA--A-    217
HIVANT70    ---GCAGCCCTTGCATTCCTA--AAGTCAC......C-AGAG--A--A-----T--T-----AGCA--T-    235
HIVMVP5180  ---GCAGCCCTTGCATTCCTA--CAGCCAC......A-AGAT--G--T-----C--C-----AAGA--T-    232
CPZGAB      ---CAAACTCTAGCTTGGCTA--GGAAATG......G-CAAT--A--A-----A--C-----AAGA--A-    217
```

```
CONSENSUS.A AGGTACCTTTAAGACCAATGACTTATAAGGCAGCTTTTGATCTCAGCTTCTTTTTAAAAGAAAAGGGGGG  287
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------  287
CONSENSUS.B AGGTACCtTTAAGaCCaATGActtacAagGcAGCt?taGATcTtAGCCAcTTTTTaAaagAAaagGGGGG  283
HIVLAI      -------T-----A--A----CTTAC-AG-C---TGTA---C-T-----C-----A-AAG--AAG-----  287
HIVNL43     -------T-----A--A----CTTAC-AG-C---TGTA---C-T-----C-----A-AAG--AAG-----  287
HIVGLNEF3   -------G-----A--A----CTTAC-AG-C---TGTG---C-T-----C-----A-AAG--AAG-----  284
HIVGLNEF5   -------T-----A--A----CTTAC-AG-C---TGTA---C-T-----C-----A-AAG--AAG-----  281
HIVGLNEF6   -------T-----A--A----CTTAC-AG-C---TGTA---C-T-----C-----A-AAG--AAG-----  281
HIVBRVA     -------T-----A--A----CCTAC-AG-C---TGTA---C-T-----C-----A-AAG--AAG-----  323
HIVMN       -------T-----A--A----CTTAC-AA-C---TTTA---C-T-----C-----A-AAG--AAG-----  293
HIVSC       -------T-----A--A----CTTAC-AG-C---TGTA---C-T-----T-----A-AAG--CAG-----  287
HIVBAL1     -------T-----A--A----CTCGC-GT-C---TATA---C-T-----C-----T-AGA--AAG-----  287
HIVJRCSF    -------T-----A--A----CTTAC-AG-C---TATA---C-T-----C-----A-AAG--AAG-----  317
HIVJRFL     -------T-----A--A----CTTAC-AG-G---TGTA---C-T-----C-----A-AAG--AAG-----  317
HIVNH53     -------T-----A--A----CTTAC-AG-C---TGTA---C-T-----C-----A-AAG--ACG-----  287
HIVOYI      -------T-----A--A----CTTAC-AG-G---TTTA---C-T-----C-----A-AAG--AAG-----  302
HIVSF2      -------T-----A--A----CTTAC-AG-C---TTTA---A-T-----C-----A-AAG--AAG-----  299
HIVSF162    -------T-----A--A----CTTAC-AG-C---TTTA---C-T-----C-----A-AAG--AAG-----  293
HIVCAM1     -------G-----A--A----CTTAC-AG-C---TTTA---A-T-----C-----A-AAG--AAG-----  299
HIVHEI20BL  -------R-----A--A----CTTAC-AG-G---TTTA---C-T-----C-----A-AAG--AAT-----  293
HIVHEI28BL  -------T-----A--A----STTAC-AG-G---TKTA---C-C-----C-----A-GAG--AAG-----  290
HIVHEI39BL  -------T-----A--A----CAAGC-GG-C---AAGA---C-T-----C-----A-AAG--AAG-----  299
HIVHEI3BL   -------T-----A--A----CTTAC-AA-G---TTTA---C-T-----T-----A-AAG--AAG-----  284
HIVHEI4BL   -------T-----A--A----CTTAC-AG-C---TGTA---C-T-----C-----A-AAG--AAG-----  287
HIVSF33     -------T-----A--A----CTTAC-AA-C---TTTA---C-T-----C-----A-AAG--AAG-----  284
HIVSWB84    -------T-----A--A----CTCGC-GG-C---TATA---C-T-----C-----A-GAG--AAG-----  287
HIVHAN      -------T-----A--A----CTTAC-AG-G---TTTA---C-T-----C-----A-AAG--AAG-----  287
HIVD31      -------T-----A--A----CTTAT-AG-C---TGTG---C-T-----C-----A-AAG--AAG-----  287
HIVRF       -------T-----G--T----CTTTC-AG-C---TGTA---C-T-----C-----A-AAG--AAG-----  293
HIVYU2      -------T-----A--A----CTCAC-AG-C---TATG---C-T-----C-----A-AAG--AAG-----  317
CONSENSUS.D AGGTACCTTTAAGACCAATGACTTACAAAgaAGCtgTaGATCTtAGCCACTTTTTAAAAGAAAAGGGGGG  290
HIVELI      ----------------------------GA---TC-A-----C--------------------------  290
HIVNDK      ----------------------------GA---TG-T-----T--------------------------  290
HIVZ6       ----------------------------CT---AG-A-----T--------------------------  305
CONSENSUS.O AgGT?CCtctaAGaCCAATGACcTaTAAaGgaGCtTTTGAtCTcagcttCTTTTTAAAAGAAAAGGGgGG  258
HIVMAL      -G--A--TTTA--A--------T-A---A-GA--T-----T--CAGCCA-----------------G--  296
HIVZ321     -G--A--TCTG--A--------C-T---G-GT--T-----T--TAGCTT-----------------G--  287
HIVANT70    -A--G--TCTA--G--------C-A---A-GA--A-----C--CAGCTT-----------------A--  305
HIVMVP5180  -A--G--TCTA--G--------C-T---A-CA--C-----C--CAGCTT-----------------A--  302
CPZGAB      -G--T--AACG--A--------T-A---A-CA--T-----T--TTCACA-----------------G--  287
```

```
      3' LTR  -> (for more information, see the LTR alignment)
CONSENSUS.A ACTGGATGGGTTAATTCACTCACAGAAAAGACAAGAAATCCTTGATCTGTGGGTCTATCACACACAAGGA   357
HIVU455     ------------------------------------------------------------------   357
CONSENSUS.B ACTGGAaGGGcTaatttacTCcCaaaaaAGACAaGAtATcCTTGAtcTgTGGgTctAccACACACAAGGc   353
HIVLAI      ------A---C-AATTCAC--C-AACGA-----A--T--C-----TC-G---A-CT-CC----------C   357
HIVNL43     ------A---C-AATTCAC--C-AAAGA-----A--T--C-----TC-G---A-CT-CC----------C   357
HIVGLNEF3   ------A---C-AGTTCAC--C-AGAAA-----A--T--C-----TC-G---G-CT-CC----------A   354
HIVGLNEF5   ------A---C-AACTTAC--C-AAAAA-----A--C--C-----TC-G---A-TT-CC----------C   351
HIVGLNEF6   ------A---C-AATTCAC--C-AAAGA-----A--T--C-----TC-G---A-CT-CC----------C   351
HIVBRVA     ------A---C-AATTCAC--C-AACAA-----A--T--C-----TT-G---G-CT-TC----------C   393
HIVMN       ------T---T-AATTTAC--C-AAAAG-----A--C--C-----TC-G---G-CT-CC----------C   363
HIVSC       ------A---C-AAT.CAC--C-AGAGA-----A--T--C-----TC-G---A-CT-CC----------C   356
HIVBAL1     ------A---C-AATTCAC--C-AAAAA-----A--T--C-----TT-G---G-CT-CC----------C   357
HIVJRCSF    ------A---C-AATTTAC--A-AGAAA-----A--T--C-----TC-G---A-CT-CC----------C   387
HIVJRFL     ------A---C-AATTCAC--A-AGAAA-----A--T--C-----TC-G---G-CT-CC----------C   387
HIVNH53     ------A---C-AATTTTC--C-AAAAG-----A--A--C-----TC-G---A-CT-CC----------C   357
HIVOYI      ------A---C-AATTTAC--C-AGAAA-----A--T--T-----TC-G---G-CT-TC----------C   372
HIVSF2      ------A---C-AATTTGG--C-AAAGA-----A--G--C-----TC-G---A-CT-CC----------C   369
HIVSF162    ------A---T-AATTTAC--C-AAAAA-----A--T--C-----TC-G---A-CC-CC----------C   363
HIVCAM1     ------A---A-AATTTAC--C-AAAGA-----G--T--C-----TC-G---A-CT-CC----------C   369
HIVHEI20BL  ------A---C-AGTTTAC--C-AAAGA-----G--A--C-----TC-G---G-CT-TC----------C   363
HIVHEI28BL  ------A---C-AGTTTAC--C-AAMAA-----A--T--C-----TC-A---G-CT-TA----------C   360
HIVHEI39BL  ------T---A-GATTTAC--C-AGAAA-----A--G--C-----TC-G---G-CT-CC----------C   369
HIVHEI3BL   ------A---A-AATTTAC--C-AAAAA-----A--T--C-----TC-G---G-CT-CC----------C   354
HIVHEI4BL   ------A---C-AATTTGG--C-AAAAA-----A--C--C-----TC-G---G-CT-CC----------C   357
HIVSF33     ------A---C-AGTTTAC--C-AAAAA-----A--T--C-----TC-G---A-CT-CC----------C   354
HIVSWB84    ------A---C-AGTTCAC--C-AAAAA-----A--G--C-----TC-G---G-CT-CC----------C   357
HIVHAN      ------A---T-AATTTAC--C-CAAAA-----A--G--C-----TC-G---G-CT-CC----------C   357
HIVD31      ------A---C-AGTTCAC--C-AAAAA-----A--C--C-----CC-G---G-CT-CC----------C   357
HIVRF       ------T---C-AGTGTTC--C-AGAAA-----A--T--C-----TC-G---G-TT-CC----------C   363
HIVYU2      ------A---C-AATTCAC--C-AACAA-----A--T--C-----TC-G---G-CT-CC----------C   387
CONSENSUS.D ACTGGAAGGGCTAATTTGGTCcAAaAAgAGACAAGAGATCCTTGAtCTTTGGGTCTACAACACACAAGGC   360
HIVELI      ----------------------C--A--G-----------------T------------------------   360
HIVNDK      ----------------------C--G--A-----------------T------------------------   360
HIVZ6       ----------------------A--A--G-----------------C------------------------   375
CONSENSUS.O ACTGGAtGGGtTAaTTTacTCCca?AaaAGAcaAGAaATCCTtGAtCT?TGGgTcTAtcAcACaCAaGGc   326
HIVMAL      ------T---T--G---GG---CCA-AA---CA---A-----T--T--G---G-C--CC-C--A--A--C   366
HIVZ321     ------T---C--A---AC---AAG-AA---CA---A-----T--C--G---G-C--TC-T--A--A--C   357
HIVANT70    ------A---T--A---AC---CAT-AA---GC---A-----G--T--T---G-G--TA-C--T--G--A   375
HIVMVP5180  ------T---T--A---AC---CAT-AG---GC---A-----G--T--C---A-A--TC-C--T--G--A   372
CPZGAB      ------A---T--G---AC---AGG-GA---CA---G-----T--C--C---G-C--TC-C--A--A--C   357
```

```
CONSENSUS.A TTCTTCCCTGATTGGCAGAATTACACACCAGGGCCAGGAATCAGATAC.CCACTAACATTTGGATGGTGC   426
HIVU455     ----------------------------------------------.--------------------   426
CONSENSUS.B TAcTTcCCTGAtTgGCAGAActACACAcCAGGgccaGGgatcAGATat?CCAcTGaccttTGGATGGTGC   422
HIVLAI      --C--C-----T-G------CT-----C----GCCA--GGTC----AT.---C--ACCTT----------   426
HIVNL43     --C--C-----T-G------CT-----C----GCCA--GGTC----AT.---C--ACCTT----------   426
HIVGLNEF3   --C--T-----T-G------CT-----T----GCCA--GGTT----TT.---C--ACCTT----------   423
HIVGLNEF5   --C--C-----T-G------GG-----C----GCCA--GGTC----AT.---C--ACCTT----------   420
HIVGLNEF6   --C--C-----T-A------CT-----C----GCCA--GGTC----AT.---C--ACCTT----------   420
HIVBRVA     --C--C-----T-G------CT-----C----GCCA--GGTC----AT.---C--ACCTT----------   462
HIVMN       --C--C-----T-G------CT-----C----GCCA--GATC----AT.---C--ACCTT----------   432
HIVSC       --C--C-----T-G------CT-----C----GCCA--GATC----ATC---C--TGTTT----------   426
HIVBAL1     --C--C-----T-G------CT-----C----GCCA--GACC----TT.---C--ACCTT----------   426
HIVJRCSF    --C--C-----T-G------CT-----G----ACCA--GGTC----TT.---C--ACCTT----------   456
HIVJRFL     --C--C-----T-G------CT-----C----GCCA--AATC----TT.---T--ACCTT----------   456
HIVNH53     --T--C-----T-G------CT-----C----GCCA--GATC----AT.---C--ACCTT----------   426
HIVOYI      --T--C-----T-G------CT-----C----GCCA--GATC----AT.---C--TGCTT----------   441
HIVSF2      --C--C-----T-G------TT-----C----GCCA--GATC----AT.---C--ACCTT----------   438
HIVSF162    --C--C-----T-G------CT-----C----GCCA--GATC----AT.---C--ACCTT----------   432
HIVCAM1     --C--C-----T-G------CT-----C----GCCA--GATC----AT.---C--ACATT----------   438
HIVHEI20BL  --C--C-----T-G------CT-----C----GCCA--GATA----AT.---C--ACCTT----------   432
HIVHEI28BL  --C--C-----T-G------CT-----C----GCCA--GGTC----GG.---T--ACCTT----------   429
HIVHEI39BL  --C--C-----C-G------CT-----C----GCCA--GACC----AT.---C--ACCTT----------   438
HIVHEI3BL   --C--C-----T-G------CT-----C----GCCA--GGTC----AT.---C--ACCTT----------   423
HIVHEI4BL   --C--C-----T-G------CT-----C----GCCA--GGTC----TT.---C--ACCTT----------   426
HIVSF33     --C--C-----T-G------CT-----C----GCCA--GGTC----TT.---C--ACCTT----------   423
HIVSWB84    --C--C-----T-G------CT-----C----GCCA--GACC----GG.---C--ACCCC----------   426
HIVHAN      --C--C-----T-G------CT-----C----GCCA--GGTC----AT.---C--ACCTT----------   426
HIVD31      --C--C-----T-G------CT-----C----GCCA--GACC ---TT.---C--ACCTT----------   426
HIVRF       --C--C-----C-G------CT-----C----GCCA--GACC----AT.---C--ACCTT----------   432
HIVYU2      --C--C-----T-G------CT-----C----G...--GACT----GG.---C--ACCTT----------   453
CONSENSUS.D ATCTTCCCtGATTGGCAgAACTACACACCAGGGCCAGGGATCAGATAt.CCACTgACCTTTGGATGGTGC   429
HIVELI      --------T--------A----------------------------T.-----A---------------   429
HIVNDK      --------C--------G----------------------------C.-----G---------------   429
HIVZ6       --------T--------G----------------------------T.-----G---------------   444
CONSENSUS.O TtCTTCCCTGAtTGGCAgaacTACACAcCaGGaCCAGGaac?AGaTtC.CCACTgac?TTtGGATGGTgc   393
HIVMAL      -A---------T-----GAAT------C-A--G-----GATT--A-T-.-----GACC--C-------GC   435
HIVZ321     -T---------T-----CAAC------C-A--G-----GACC--A-A-.-----GTGT--T-------GC   426
HIVANT70    -T---------T-----GAAC------C-A--A-----AACC--G-T-.-----GACA--T-------TG   444
HIVMVP5180  -T---------T-----GTGT------C-G--A-----ACCT--A-T-.-----GACA--T-------TG   441
CPZGAB      -T---------C-----GAAC------A-A--A-----AACA--A-T-.-----CTGT--T-------GC   426
```

```
                                                                                                                <- NFAT-1
CONSENSUS.A TACAAGCTAGTACCAGTTGATCCAGCTGAAGTAGAG...GAAGCTACTGGAGGAGAGAACAACAGTCTAC    493
HIVU455     ----------------------------------...-----------------------------    493
CONSENSUS.B TtcAAGcTAGTACCAgTtgagcCAGAgaaggtaGAA...gaggccaatgaaggagagaaCaaCagctTGt    489
HIVLAI      -AC---C--------G-TGAGC----TAAGGTA----...GAGGCCAATAAAGGAGAGAA-AC-AGCT--T    493
HIVNL43     -AC---C--------G-TGAGC----TAAGGTA----...GAGGCCAATAAAGGAGAGAA-AC-AGCT--T    493
HIVGLNEF3   -TC---C--------G-TGAGC----TAAGGTA----...GAGGCCAATAAAGGAGAGAA-AC-AGCT--T    490
HIVGLNEF5   -TC---C--------G-TGAGC----GAAGATA----...GAGGCCAATAAAGGAGAGAA-AA-AGCT--T    487
HIVGLNEF6   -AC---C--------G-TGAGC----TAAGGTA----...GAGGCCAATAAAGGAGAGAA-AC-AGCT--T    487
HIVBRVA     -TC---C--------G-TGAGC----GAAGATA----...GAGGCCAATGAAGGAGAGAA-AA-AGTT--T    529
HIVMN       -TC---C--------G-TGAGC----GAAGATA----...GAGGCCAATAAAGGAGAGAA-AA-TGCT--T    499
HIVSC       -TC---C--------G-TAAAC----GAAGATA----...GAAGCCAATGAAGGAGAGAA-AA-AGCT--T    493
HIVBAL1     -TC---C--------G-TGAGC----GAAGGTA----...GAGGCCAATGAAGGAGAGAA-AA-TGCT--T    493
HIVJRCSF    -TC---C--------G-TGATC----GAAGGTA----...GAGGCCAATGAAGGAGAGAA-AA-TGCT--T    523
HIVJRFL     -TC---C--------G-TGAGC----AAAGGTA----...GAGGCCAATGAAGGAGAGAA-AA-TGCT--T    523
HIVNH53     -TC---C--------G-TGGGC----TGAGGTA----.....................AA-AG-AGCC--T    475
HIVOYI      -TC---T--------A-GGATC----CCAGGTA----...GAGGCCAACGAAGGAGAGAA-AA-AGCT--T    508
HIVSF2      -TC---C--------G-TGAGC----GAAGGTA----...GAGGCCAATGAAGGAGAGAA-AA-AGCT--T    505
HIVSF162    -TC---C--------G-TGATC----TTATGTA----...GAGGCCAATGCAGGAGAGAA-AA-AGCT--T    499
HIVCAM1     -TC---C--------G-TGAGC----GCAGGTA----...GAGGCCAATAAAAGAGAGAA-GC-AGCT--T    505
HIVHEI20BL  -TC---C--------G-TGATC----GCAGGTA----...AAGGCCAATGAAGGAGAGAA-AA-TGCT--T    499
HIVHEI28BL  -TC---C--------G-TGAGG----GAAGGTA----...GAGGCCAATGAAGGAGAGAA-AA-AAAT--T    496
HIVHEI39BL  -TC---C--------G-TGACC----TAAGGTA----...GAGGACAATAAAGGAGAGAA-AA-TGCT--C    505
HIVHEI3BL   -TC---C--------G-TGAGC----KGAGGTA----...AAGGCCAATGAAGGAGAACG-AA-TGCT--T    490
HIVHEI4BL   -TC---C--------G-TGASC----GAAGGTM----...GAGGCCAATGAAGGAGAGAA-AR-AGCT--T    493
HIVSF33     -TC---T--------G-AGAGC----GAAAGTA----...GAGGCCAATGAAGGAGAGAA-AA-AGCT--T    490
HIVSWB84    -TC---C--------G-CGAGC----GAAGGTA----...GAGGCCAATGAAGGAGAGAA-AA-AGCT--T    493
HIVHAN      -TC---T--------G-TGAAC----T.....----...GAA............GAGAA-AG-AGCC--T    475
HIVD31      -TT---C--------G-TAAGC----GCAGGTA----...GAGGCCAATGAAGGAGAGAA-AA-AGCT--T    493
H1VRF       -TC---C--------G-TGAGC----TAAGGTA----...GAGGCCACTGAAGGAGAGAA-AA-AGCT--T    499
HIVYU2      -TC---C--------G-TGAGC----GAAGATA----...GAGGCCAATGCAGGAGAGAA-AA-TGCT--T    520
CONSENSUS.D TtCgAGCTAGTACCAGTTGATCCACaGGAGGTAGAA...GAgGcCACTGAAgGAGAGacCAACtGCTTGT    496
HIVELI      -A-G--------------------A----------...--A-A-------G-----AC----A------    496
HIVNDK      -T-C--------------------A----------...--G-C-------A-----GA----T------    496
HIVZ6       -T-G--------------------G----------...--G-C-------G-----AC----T------    511
CONSENSUS.O TTtAAacTaGTaCCagTg?cagcagaagAgGtAGAg???caaGccAATacAggaGAgaacaactgtCTgt    459
HIVMAL      --T--GT-A--A--AA-GAGTCCAGAGG-A-T---G...GAG-CC---GA-GGA--GAACAACTGT--GT    502
HIVZ321     --C--GC-A--A--AG-TGATCCAAGAG-A-T---G...GAA-CC---AC-GGA--GAACAACTGC--GT    493
HIVANT70    --T--AC-A--A--AG-GTCAGAAGAAG-G-C---AAGACTA-GA---AC-TGT--GAGGGCTAAT--CC    514
HIVMVP5180  --T--AC-G--A--AG-GTCAGCAGAAG-G-C---GAGACTG-GT---AC-AAT--AGATGCTAGT--TC    511
CPZGAB      --C--AC-A--G--CC-GACAGAGGAGC-G-T---A...CAA-CC---GA-GGA--TAACAACTGC--GT    493
```

```
                                        NFAT-1 ->
CONSENSUS.A TACACCCTATATGCCAACATGGAGTAGATGATGAAGAGAAAGAAGTGTTAATGTGGAAGTTTGACAGTAC    563
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------  563
CONSENSUS.B tACAcCCtatgaGCCtGCATGGgatgGAtGACcCgGAGagaGaAGtgttagagTGGA?GTTTGACAgCcg    558
HIVLAI      T---C--TGTGA---T------AATG--T---C-T---AGA-A--TGTTAGAG----G--------G-CG    563
HIVNL43     T---C--TGTGA---T------AATG--T---C-T---AGA-A--TGTTAGAG----G--------G-CG    563
HIVGLNEF3   T---C--TGTGA---T------GATG--T---C-G---AGA-G--TGTTAGAG----G--------G-CG    560
HIVGLNEF5   T---C--TATGA---T------GATG--G---G-G---GGA-A--TGTTGGAG----A--------G-CG    557
HIVGLNEF6   T---C--TGTGA---T------GATG--T---C-G---AGA-A--TGTTAGAG----G--------G-CG    557
HIVBRVA     T---C--TATGA---A------AATG--T---C-G---AGA-A--TGCTGCAG----G--------G-CG    599
HIVMN       T---C--TATGA---A------A.TG--T---C-G---AGA-A--TGT*                        546
HIVSC       T---C--GATGA---T------GATG--G---C-G---AGA-A--TGTTAGAG----G--------A-CG    563
HIVBAL1     C---C--TATGA---T------GATG--T---C-G---AAA-A--TGTTAGCA----A--------G-AG    563
HIVJRCSF    T---C--TATGA---A------AATG--C---C-A---AAG-A--TGTTAGTG----A--------G-AA    593
HIVJRFL     T---C--TATGA---A------GATA--G---C-G---AAG-A--TGTTAGAG----G--------G-AA    593
HIVNH53     T---C--TGCGA---T------GACA--G---A-G---AGA-A--TGTTAAAG----G--------G-CA    545
HIVOYI      T---T--TATAA---T------GATG--T---C-A---AAA-A--TGTTAGTG----A--------G-CG    578
HIVSF2      T---C--TATGA---T------GATG--G---G-G---AAA-A--TGTTAGTG----G--------G-AA    575
HIVSF162    T---C--TATGA---A------GATG--T---C-G---AAA-A--TATTAGTG----G--------G-CG    569
HIVCAM1     T---C--TATGA---A------GATG--T---C-A---AAA-A--TACTAATG----A--------G-CG    575
HIVHEI20BL  T---C--TATGA---A------GATG--Y---C-A---AAA-A--TMTTAATG----A--------G-CG    569
HIVHEI28BL  T---C--TATGA---T------GATR--T---C-G---AGA-A--TGTTAGTG----A--------G-CG    566
HIVHEI39BL  T---C--TATGA---A------GATG--T---C-A---AAA-A--TGTTACAG----A--------G-CA    575
HIVHEI3BL   T---C--TATRA---T------GATG--A---A-G---GGA-A--TGTTAAGG----A--------G-AA    560
HIVHEI4BL   T---C--TATAA---T------GATG--G---C-G---AAC-A--TGTTAGAA----G--------G-CG    563
HIVSF33     T---C--TATGA---T------GATG--G---C-G---AAA-A--TGTTAGTG----A--------G-CA    560
HIVSWB84    T---C--TATGA---T------AATG--G---C-G---AAA-A--TGTTAGTG----A--------G-AG    563
HIVHAN      T---C--TGCGA---T------GACA--G---A-G---AGA-A--TGTTAAAG----A--------G-CA    545
HIVD31      T---C--CATGA---T------AATG--T---C-G---AGA-A--TGTTAGTG----G--------G-CG    563
HIVRF       T---C--TATAT---T------GATG--T---C-A---AAA-A--TGTTAGTG----A--------G-CG    569
HIVYU2      T---C--TATGA---A------AATG--T---C-G---AGA-A--GGTTAGAG----G--------G-CG    590
CONSENSUS.D TACACCCTaTgTGCCAGCAtGGAATGGAGGACcCGGAGAGAcAAGTGTTAAagTGGAGATTTAACAGCAG    566
HIVELI      --------A-A--------T------------C--------C---------AA-----------------  566
HIVNDK      --------A-G--------A------------C--------C---------TG-----------------  566
HIVZ6       --------G-G--------T------------A--------G---------AG-----------------  581
CONSENSUS.O TaCAtCC?at?tGtca?CATGGaatgGA?GAtgcagA?agaGAagT?cTaat?TGGaagTTTGAcAGctc    522
HIVMAL      -A--C--TATTA-CCAA-----AATG--G--CGCAG-AAGA--AG-GC-AAAA---AAG-----C--CAG    572
HIVZ321     -A--C--CATGA-CCAG-----AATG--T--TGATG-AAGA--AG-GT-AATG---AAG-----C--CTC    563
HIVANT70    -G--T--AGCAT-TGCC-----ATTT--A--TACAC-TAAA--AA-AC-GATG---AAG-----T--ATC    584
HIVMVP5180  -A--T--AGCTT-TAAT-----AGCT--G--TGCAC-CGGG--GA-AC-AAAA---CAG-----T--ATC    581
CPZGAB      -G--T--CATAT-TCAG-----GATG--A--TGAGG-CAAA--GG-CT-GGTC---CGC-----C--CAG    563
```

```
                  <- IL2/NRE ->
               <-  NRF       ->
CONSENSUS.A CCTGGCATTAAAACACAGAGCTTATGAGCTGCATCCGGAGTTCTATAAAGAC*                    615
HIVU455     ---------------------------------------------------                    615
CONSENSUS.B cCTaGCaTttcatCACatgGCcCGAGAgctgCATCCgGAGTacTaCAAggACtGc?gaACATCGATGTGT  627
HIVLAI      C--A--A-TTCAT---GTG--C-----GCTG-----G----AC-T---GA--T-C*                618
HIVNL43     C--A--A-TTCAT---GTG--C-----GCTG-----G----AC-T---GA--T-C*                618
HIVGLNEF3   C--A--A-TTCAT---GTG--C-----GCTG-----G----AC-T---GA--T-CTGA              618
HIVGLNEF5   C--A--C-TCCAT---ATG--C-----GAAG-----G----AC-T---GA--T-CTGA              615
HIVGLNEF6   C--A--A-TTCAT---GTG--C-----GCTG-----G----AC-T---GA--T-CTGA              615
HIVBRVA     C--A- A-TTCAT---ATG--C-----GCTG-----G----AC-A---GA--T-C*                654
HIVSC       C--A--A-TTCAT---ATG--C-----TCTG-----G----AC-A---AG--T-TCTG---------- -> 633
HIVBAL1     C--A--A-TCCAT---GTG--C-----A*                                          591
HIVJRCSF    G--A--A-TGCAT---GTG--C-----GCTG-----G----AC-A---GG--T-C*                648
HIVJRFL     G--A--A-TTCAT---GTG--C-----GCTG-----G----AC-A---GG--T-C*                648
HIVNH53     T--A--A-TTCAT---ATG--C-----GCTG-----G----AC-A---AG--T-CTGA              603
HIVOYI      C--A--A-TTCGT---ATG--C-----GGTG-----G----AC-A---AG--T-C*                633
HIVSF2      A--A--A-TTCAT---ATG--C-----GCTG-----G----AC-A---AG--T-C*                630
HIVSF162    C--G--A-TTCAT---ATG--C-----GCTG-----G----AC-A---AG--T-C*                624
HIVCAM1     C--A--A-TTCAT---ATG--C-----GAAG-----G----TC-A---AG--T-C*                630
HIVHEI20BL  C--M--A-TYCAY---ATG--C-----GAAR-----G----TC-A---AG--T-C*                624
HIVHEI28BL  C--A--A-ATCAT---ATG--C-----GCTG-----R----AC-A---GG--T-C*                621
HIVHEI39BL  G--A--G-TCCAT---GTG--C-----GCTG-----G----AC-A---GG--T-C*                630
HIVHEI3BL   R--A--A-TTCAT---GTG--C-----GCTG-----G----AC-A---GR--T-A*                615
HIVHEI4BL   C--A--A-TTCAT---ATG--T-----GCTG-----G----AC-A---GG--T-C*                618
HIVSF33     C--A--A-TTCGT---ATG--C-----GCTG-----G----AC-A---AG--T-C*                615
HIVSWB84    C--A--A-TTCAC---AAG--C-----GCTG-----G----AT-A---AG--T-C*                618
HIVHAN      T--A--A-TTCAT---AAG--C-----GCTG-----G----AC-A---AG--T-C*                600
HIVD31      C--A--A-TTAAG---ATG--C-----GCTG-----G----AC-A---AA--*                   615
HIVRF       C--C--A-TTCAT---GTC--C-----GAAG-----G----AC-A---AG--T-C*                624
HIVYU2      C--A--A-TTCAT---GTG--C-----GCTG-----G----AC-A---GA--T-A                 645
CONSENSUS.D ACTAGCAtTTGAgCACAAGGCCCGAGAGaTGCATCCGGAGTTCTACAAAgACtGC*                621
HIVELI      -------T----G---------------A-------------------A--*                   618
HIVNDK      -------C----G---------------C-------------------G--T---                621
HIVZ6       -------T----A---------------A-------------------G--T---                636
CONSENSUS.O ?cTaGcc?taA?aCAtataGCcagagaaaa?CAtCCgGAGttCTaCaaagAc?ac*                572
HIVMAL      CC-A-CACTA-GA--CAGA--CAGAGAACAA--T--G---TA--A-AAAG-CTGC-                627
HIVZ321     CC-A-CACGA-AA--CCTA--CCGAGAGATG--T--G---TT--A-AAAG-C*                   615
HIVANT70    TC-A-GCAAC-CC--TGTT--TATGATAACT--C--A---CT--T-CAGA-GGAC-                639
HIVMVP5180  AT-A-GCTTA-CA--TATA--CCTGCAAAAG--C--A---CT--T-CCCA-GTAA                636
CPZGAB      GC-G-CCTTA-GA--TATT--CAGAGAACAA--T--G---TA--A-AAAG-C-                   615
```

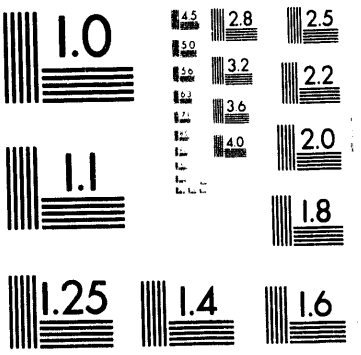
```
LOCUS       HIVANT70C    9754 bp ss-RNA             VRL       27-AUG-1991
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate ANT70, complete
            genome.
ACCESSION   L20587 M31171
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), isolate ANT70,
            proviral DNA.
REFERENCE   1 (bases 1 to 538)
  AUTHORS   De Leys,R., Vanderborght,B., Haesevelde,M.V., Heyndrickx,L.,
            van Geel,A., Wauters,C., Bernaerts,R., Saman,E., Nijs,P.,
            Willems, B., Taelman,H., van der Groen,G., Piot,P., Tersmette, T.,
            Huisman,J.G., and van Heuverswyn, H.
  TITLE     Isolation and partial characterization of an unusual human
            immunodeficiency retrovirus from two persons of west-central
            African origin
  JOURNAL   J. Virol. 64, 1207-16 (1990)
REFERENCE   1  (bases 1 to 9754)
  AUTHORS   Vanden Haesevelde,M., Saman,E., et al. (Innogenetics, Belgium)
  JOURNAL   Submitted  (1993)
COMMENT     This is the complete sequence for the partial ANT70 which was
            published in the 1990 compendium, p. I-A-144 (accession M31171).
            There are three base pair changes in this latest version of the
            ANT70 LTR: base pair 184 changed from "a" to "g" and base pairs
            551-552 changed from "cg" to "gc". The ANT-70 virus was originally
            found on a Cameroonian man and his wife. A related virus, MVP-5180,
            has recently turned up in Cameroon (see <HIVMVP5180>, accession
            number L20571), which suggests that these viruses, classified as
            subtype O, are more prevalent than heretofore recognized. The
            complete ANT70 sequence was kindly submitted prior to publication
            by Drs. Marleen Vanden Haesevelde and Eric Saman of Innogenetics,
            Belgium. The annotation of splice sites and signals is through
            analogy with other HIV-1 sequences.
BASE COUNT     3434 a   1828 c   2358 g   2132 t      2 others
ORIGIN      5' end of 5' LTR U3 region.
        1 ctggaagggt taatttactc ccataaaaga gcagaaatcc tggatctttg ggtgtataac
    5' LTR ->
       61 actcagggat tcttccctga ttggcagaac tacacaccag gaccaggaac caggttccca
      121 ctgacatttg gatggttgtt taaactagta ccagtgtcag aagaagaggc agaaagacta
      181 ggagatacat gtgagagggc taatctcctg catccagcat gtgcccatgg atttgaagat
      241 acacataaag aaatactgat gtggaagttt gatagatctc taggcaacac ccatgttgct
      301 atgataactc acccagagct cttccagaag gactaaaaac tgctgacctg aagattgctg
      361 acactgtgga actttccagc aaagactgct gacactgcgg ggactttcca gtgggaggga
                <- NF-kB ->                          <- NF-kB ->
      421 caggggcgg ttcggggagt ggctaaccct cagaagctgc aTATAAGcag ccgctttctg
                                                 signal ->
      481 cttgtaccgg GTctcggtta gaggaccagg tctgagcccg ggagctccct ggcctctagc
          mRNA start ->
      541 tgaacccgct gcttaacgct caataaagct tgccttgagt gagaagcagt gtgtgctcat
      601 ctgttcaacc ctggtgtcta gagatccctc agatcactta gactgaagca gaaaatctct
      661 agcagtggcg cccgaacagg gacttgaagt gaaagtgaaa ccagggaaga aaacctccga
            <- 5' LTR
               ->  Lys-tRNA pbs  <-
      721 cgcaacgggc tcggcttagc ggagtgcacc cgctaagagg cgagaggaac tcacagaggg
      781 tgaGTaattt tgctggcggt ggccagacct aggggaaggg cgaagtctct aggggaggaa
major 5' sj /\
      841 gATGggtgcg agtgcgtctg tgttgacagg aagcaaattg gatgcatggg aacaaattag
 gag start ->
      901 gttaaagcca ggatctaaaa agaaatatag actaaaacac ttagtatggg caagcagaga
      961 gctggaaaga tccgcatgta atcctgagct actagaaact gcagagggta atgagaagct
     1021 gctacagcag ttagagccag ctctcaagac agggtcagac agcctgcagt cactctggaa
     1081 cgcaatagta gtgctctggt gtgttcacaa cagatataaa attggagata cgcagcaggc
     1141 aatacaaaag ttaaaggaag taatggggag caggaagtct gcggacgccg ctaaggaaga
     1201 cacaagcgca aggcaggcgg gtcaaaatta ccctatagta tcaaatgcgc agggacaaat
     1261 ggtaaatcag gccatctccc ccaggacttt aaatgcatgg gtaaaggcag tagaagaaaa
     1321 agcctttaac cctgaaatca ttcctatgtt catggcattg tcagagggag caatttccta
```

```
1381 tgatattaat actatgctaa atgccatagg aggacatcaa ggagctttac aagtgctaaa
1441 ggaagtaatc aatgaggaag cagtagagtg ggatagaact cacccaccac cggtagggcc
1501 gttgccacca gggcagataa gggaaccaac aggaagtgac attgctggga caactagcac
1561 ccagcaagag caaattcact ggactaccag gcccaaccaa cctatcccag taggagacat
1621 ctatagaaaa tggatagtgt taggactaaa caaaatggta aaaatgtaca gcccagtgag
1681 catcttagat attaagcagg gaccaaagga accatttaga gactatgtag atcggttcta
1741 caaaacatta agagctgagc aagctactca agaagtaaaa aattggatga cagaaactct
1801 gcttgttcaa aatgccaatc cagattgcaa acagattttg aaatcattag ggccaggagc
1861 taccttagaa gagatgatgg tagcctgtca gggagtagga ggaccaactc ataaggccag
1921 agtgctagca gaagcaatgg ctacagccca gcaagatttg aaaggaggat acacagcagt
1981 attcatgcaa agagggcaaa atccaattag gaaaggaact ataaaatgtt tcaactgtgg
2041 aaaagaggga catatagcaa gaaattgtcg agcaccTAGg aaaaagggtt gctggaaatg
                                pol orf start ->
2101 tggacaggaa ggtcaccaaa tgaaagattg cagaaatgga aaacaggcaa atttttagg
2161 caaatactgg cctccggggg gcacgaggcc aggcaattat gtgcagagac cagcacaccc
2221 atcagcccca ccgatggagg aggaagtgaa aggacaggag aatcaggaac agaaaggggg
2281 cccgaacgag ctctatccgt ttgcctccct caatccctc tttgggacag accaaTAGtt
                                                                <- gag cds end
2341 acagcaagag ttgggggcca cctatgtgaa gttttgctgg atacaggagc agatgacaca
2401 gtactaaaca acatacaatt ggaaggaaaa tggaaaccaa aaatgatagg gggtatagga
2461 ggttttataa aagtaaaaga atatgataat gtgacagtag aaatagaagg aagggaggta
2521 cagggaacag tattggtggg acctactcct gttaatatta ttggaagaaa tatattgaca
2581 ggattaggtt gtacactaaa cttccctata agccccatag ccccagtgcc agtaaaacta
2641 aaaccaggaa tggatggacc aaaagtaaaa caatggcccc tatctaaaga aaaaatagaa
2701 gccttgacag caatatgtca ggaaatggaa caagaaggaa aaatttcaag aataggacct
2761 gaaaatcctt ataatacacc tatctttgct ataaaaaaga aagatggtac taaatggaga
2821 aaattggtag attttaggga attaaataag agaacacaag agttctggga ggtacagcta
2881 ggtatcccac atccgggggg tttgaagcaa aagcaatctg ttacagtctt agatgtagga
2941 gatgcttatt tctcatgtcc cttagaccca gattttagaa aatatactgc tttcactatt
3001 cctagtgtga ataatgagac cccaggaata agataccagt acaatgtcct cccgcaagga
3061 tggaaaggtt caccagctat attccaaagt tcaatgacaa aaattctaga tccattcagg
3121 agagacaacc cagaattaga aatttgtcag tacatggatg acctatatgt aggatcagat
3181 ttacccctga cagaacatag aaaaaggatt gaattgctta gagaacacct atatcagtgg
3241 ggattcacta cccctgacaa aaagcatcaa aaggaacctc cctttctatg gatggggtat
3301 gagctccatc cagacaaatg gacagtacag tccatccaat tgcctaacaa ggatgtgtgg
3361 acagtaaatg atatacaaaa actaatagga aagctaaatt gggcaagtca aatctatcaa
3421 ggaattagag tgagagaatt gtgtaagtta attagaggca ccaagtcatt aacagaagta
3481 gtacctttaa gtagagaggc agagctggaa ttagaggaaa acagagaaag gttaaaacaa
3541 ccagtgcatg gggtatacta tcaacctgat aaggatctat gggttaatat tcagaagcaa
3601 ggaggggagc aatggactta ccagatatat caggaagaac ataagaacct caaaacaggg
3661 aaatatacta ggcaaaaggc ctcccacaca aatgatataa gacaattagc agaagtaatc
3721 cagaaggtgt ctcaagaatc tataattatc tggggaaaat tgcctaaatt taagctgcca
3781 gtcaccagag aaacttggga aacatggtgg gcggactatt ggcaagccac ctggattcca
3841 gaatgggaat ttgtcagcac acccccattg atcaaattat ggtacaggct agaaagtgaa
3901 cctattatgg gggcagaaac ctattatgta gatggagcag ctaatagaga gacaaaacta
3961 ggaaaggcag gatatgttac agaacaaggg aaacagaaga taataaaatt agatgagacc
4021 accaatcaaa aagctgaatt aatggcgata ttactagcct tacaggattc caaagaaaca
4081 gtaaatatag taacagattc acaatatgca ttgggcgtca tctcctccca acctacacag
4141 agtgaatccc ctatagttca gcaaataata gaggaactaa caaaaaagga acaggtgtat
4201 cttacatggg ttcctgccca taaaggcata ggaggaaatg aaaaaataga taaattagta
4261 agcaaggata ttagaagagt cctgttccta gaaggaatag accaggcaca agaagatcat
4321 gaaaaatatc atagtaattg gaaagcacta gctagtgaat ttggactacc accagtggtg
4381 gccaaggaaa tcattgctag ctgtcctaaa tgtcatataa aaggggaagc aattcatggt
4441 caggtagact gcagtccaga agtatggcaa atagattgca cacatatgga aggcaaaatc
4501 ataatagttg ctgtccatgt ggcaagtggg ttcatagaag cagaagtgat accagcagaa
4561 acaggacaag aaactgccta cttcctgtta aaactggctg caagatggcc tgttaaagta
4621 atacatacag acaacgggcc taatttttaca agtacaacta tgaaggctgc atgttggtgg
4681 gccaacatac aacatgagtt tggaatacca tataatccac aaagtcaagg agtagtagaa
4741 gccatgaata aggaattaaa atcaattata cagcaggtga gggaccaagc agaacactta
4801 agaacagcag tacaaatggc agtatttgtt cacaatttta aaagaaaagg ggggattggg
4861 gggtacactg caggagaaag gataatagac atattagcat cacaaataca aacaacagaa
4921 ttacaaaaac aaatttaaa anttcacaaa tttcgggtct attacagaga cagcagagac
4981 cctatctgga aaggaccggc acagctcctg tggaaaggtg agggagcagt agtcatacaa
5041 gataagggag acattaaggt agtaccaaga aggaaggcaa aaataatcag agagtATGga
```

```
                                                          vif cds start ->
  5101 aaacagatgg caggtactga tagtatggca agtggacaga cagaaagtga aagcgtggaa
  5161 cagcctagtg aaataccaTA Agtacaggtc tagaaagacc gagaactggt ggtacagaca
                           <- pol orf end
  5221 tcattatgaa tccagaaatc caagagttag ttcaagtgta tatattccag taggggtggc
  5281 ccatgtagta gtaaccacat attggggatt gatgccaggg gaaagagatg aacatttggg
  5341 acatggggtt agtatagaat ggcgttataa gaagtataaa acacagattg accctgaaac
  5401 agcagacagg atgatacatc tgcattattt tacctgtttt acagcatcag cagtcaggaa
  5461 agccatccta ggacagagag tactgaccaa gtgtgaatac cctacaggac atagtcaggt
  5521 agggacacta caactgctag ctctaagagc agtagtaaaa gcaagaagca ggaagcctcc
  5581 cctacccagt gtccagaaat taacagaaga tagATGgaac aagcacctga gaatcaggga
                           vpR cds start ->
  5641 ccagctaaag agcccttcaa tgaatgggca cTAGagctct tagaagagct aaaagcagaa
                                          <- vif cds end
  5701 gcagtaagac atttccctag gccttggcta cacgccttgg gacaatacat ttatgagact
  5761 tatggggaca cttgggtagg agttatggca attataagaa tcttacaaca attgctgttt
  5821 acccattata gaattggatg ccaacatagt agaataggaa ttaacccaag aggaagagga
  5881 agaagaaATG gatccagtag atccTGAggt gccccccttgg caccaccctg gaagtcagcc
tat cds start ->                 <- vpR cds end
  5941 ccagatccct tgtaataatt gctattgcaa aagatgctgc tatcattgct atgtttgttt
  6001 cgtaagaaag ggtttgggaa tctcctATGg caggaagaag cgaggacgac cagctgctgc
                     rev cds start ->
  6061 aagccatcca gatcataaag atcctgtacc aaagcaGTaa gtaacgctaA TGcatcatag
                           (tat,rev) 5' sj /\
                                                 vpU cds start ->
  6121 ggacctgcta gcaataataa ttattagtgc tttgctgttt ataaatgtaa ttttatgggg
  6181 gtttattctt agaaaatatt tagaacaaaa ggaacaagac agaaaggaga gagaaatact
  6241 tgagaggtta agaagaataa gagaaattag ggATGatagt gactatgaaa gcaatggaga
                           env cds start ->
  6301 agaggaacaa gaagttatgg accttgtact tagccatggc tttgataacc ccatgtttga
  6361 gcctTAGaca gctatatgca acagtctatg ctggggtgcc tgtatgggaa gatgcaacac
          <- vpU cds end
  6421 cagtactatt ctgtgcttca gatgctaacc taacaagcac tgaaaagcat aatatttggg
  6481 catcacaagc ctgtgttcct acagacccca ctccatatga atatccattg cacaatgtga
  6541 cagatgactt taatatatgg aaaaattaca tggtagaaca aatgcaggaa gacattatta
  6601 gtttatggga ccagagtctt aaaccttgtg ttcaaatgac tttcctgtgt gtacaaatgg
  6661 agtgtacaaa catagctgga acaacaaatg aaaaccttat gaagaagtgt gagtttaatg
  6721 taaccactgt tatcaaagac aaaaaggaga aaaaacaggc tctattctat gtatcagatt
  6781 tgatggaact gaatgagaca agcagcacaa ataagacaaa cagcaaaatg tatacattaa
  6841 ctaattgtaa ctccacaacc atcacgcaag cctgtccaaa ggtatctttt gaaccaattc
  6901 caatacacta ttgtgctcca gcaggatatg ctatctttaa gtgtaacagc acagaattta
  6961 atggaacagg cacatgcaga aacataacgg tagttacttg tacacatggc attaggccaa
  7021 cagtaagtac tcagctaata ttaaatggga cactctctaa aggaaaaata agaatgatgg
  7081 caaaagatat tttggaaggt ggaaaaaata tcatagtgac cctaaactct accctaaaca
  7141 tgacctgtga aagaccacaa atagacatac aagagatgag aataggtcca atggcctggt
  7201 acagcatggg aataggggga acagcaggaa acagctcaag ggcagcttat tgcaagtata
  7261 atgccactga ttggggaaaa atattaaaac aaacagctga aaggtattta gaactagtaa
  7321 acaatacagg tagtattaac atgacattca atcacagcag cggtggagat ctagaggtaa
  7381 cccatttaca ctttaactgt catggagaat tcttttattg taacacagct aagatgttta
  7441 attatacctt ttcatgtaac ggaaccacct gtagtgttag taatgttagt caaggtaaca
  7501 atggcactct accttgcaaa ctgagacagg tggtaaggtc atggataagg ggacagtcgg
  7561 gactctatgc acctcccatc aaaggtaatc taacatgtat gtcaaacata actggaatga
  7621 tcctacaaat ggataacaca tggaacagca gcaacaacaa tgtaacattt agaccaatag
  7681 ggggagacat gaaagatata tggagaactg aattgttcaa ctacaaagta gtaagggtaa
  7741 aacctttag tgtggcaccc acacgtattg caaggccagt cataagcact agaactcata
  7801 gagaaaaaag agcagtagga ttgggaatgc tattcttggg ggttctaagt gcagcaggta
  7861 gcactatggg cgcagcggca acaacgctgg cggtacagac ccacactttg ctgaagggta
  7921 tagtgcaaca gcaggacaac ctgctaagag caatacaggc ccagcagcaa ttgctgaggc
  7981 tatctrtatg gggtatcaga caactccgag ctcgcctgct agccttagaa accttactac
  8041 agaatcagca actcctaagc ctatggggct gtaaaggaaa gctagtctgc tacacatcag
  8101 taaaatggaa tagaacatgg ataggaaacg aaagcatttg ggacacctta acatggcagg
  8161 aatgggatcg gcagataagc aacataagct ccaccatata tgaggaaata caaaaggcac
  8221 aagtacagca ggaacaaaat gagaaaaagt tgctggagtt agatgaatgg gcctctattt
  8281 ggaattggct tgacataact aaatggttgt ggtatataaa aatagcaata atcatagtag
```

```
8341 gagcactagt aggggtgaga gttatcatga tagtacttaa tatagtgaaa aacattaggc
8401 agggatatca acccctctcg ttacAGatcc ccaaccatca ccaagaggaa gcaggaacgc
                              /\ 3' sj (tat,rev)
8461 caggaagaac aggaggagga ggtggagaag aaggcaggcc caggtggata ccctcgccgc
8521 aagggttctt gccactgttg tacacggacc tcacaacaaT AAtattgtgg acttaccacc
                                              <- tat cds end
8581 tcttgagcaa cttagcatca gggatccaga aggtgatcag ctatctgagg cttggactgt
8641 ggatcctagg gcagaagata atTAAtgttt gcagaatttg tgcagctgta acacaatact
                           <- rev cds end
8701 ggctacaaga attgcagaat agtgctacaa gcttgctaga cacacttgca gtggcagtag
8761 ccaattggac tgacggcata atcgcaggga tacaaagaat aggaacagga attcgtaaca
8821 tcccaaggag aattagacag ggcttagaaa gaagtttatt gTAAcATGgg aaacgcattg
                                                <- env cds end
                                      nef cds start ->
8881 agaaaaggta aatttgaggg atgggcagca gtaagagaaa gaatgagaag aactagaact
8941 ttccctgagt ctgaaccatg cgcacctgga gtaggacaga tctccaggga attagcagct
9001 agaggaggga taccaagttc ccatactcct caaaacaatg cagcccttgc attcctagaa
9061 agtcaccaag aggaagaagt aggttttcca gtagcacctc aagtgcctct aaggccaatg
9121 acctataaag gagcatttga cctcagcttc tttttaaaag aaaagggagg actggaaggg
                                                      3' LTR ->
9181 ttaatttact cccataaaag agcagaaatc ctggatcttt gggtgtataa cactcaggga
9241 ttcttccctg attggcagaa ctacacacca ggaccaggaa ccaggttccc actgacattt
9301 ggatggttgt ttaaactagt accagtgtca gaagaagagg cagaaagact aggaaataca
9361 tgtgagaggg ctaatctcct gcatccagca tgtgcccatg gatttgaaga tacacataaa
9421 gaaatactga tgtggaagtt tgatagatct ctaggcaaca cccatgttgc tatgataact
9481 cacccagagc tcttccagaa ggacTAAaaa ctgctgacct gaagattgct gacactgtgg
                                 <- nef cds end
9541 aactttccag caaagactgc tgacactgcg gggactttcc agtgggaggg acaggggcg
9601 gttcggggag tggctaaccc tcagaagctg caTATAAGca gccgctttct gcttgtaccg
                                   signal ->
9661 ggtctcggtt agaggaccag gtctgagccc gggagctccc tggcctctag ctgaacccgc
9721 tcgttaacgc tcAATAAAgc ttgccttgag tgag
           signal ->                     <- 3' LTR
```

```
LOCUS       HIVMVP5180   9793 bp ss-RNA             VRL       23-JUN-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate MVP5180, complete
            genome.
ACCESSION   L20571
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), isolate MVP5180,
            proviral DNA.
REFERENCE   1 (bases 1 to 9793)
  AUTHORS   Gurtler,L., Eberle,J., von Brunn,A., Knapp,S., Hauser,H.-P.,
            Zekeng,L., Tsague,J.M., Selegny,E. and Kaptue,L.
  TITLE     Characterization of a new HIV-1 subtype (MvP5180) from Cameroon
  JOURNAL   Submitted (1993)
COMMENT     Kindly submitted prior to publication by Dr. Lutz Gurtler, Max v.
            Pettenkofer-Institut, Munich. The sequence was presented at the
            Ninth International Conference on AIDS, Berlin, June 1993 (abstract
            PO-A10-147). The authors report that MVP5180 was isolated in May of
            1991 from a woman who had not been outside of Cameroon, and who
            died of AIDS in 1992. MVP5180 is closely related to ANT70, another
            highly divergent Cameroonian viral isolate (see <HIVANT70C>); both
            viruses are classified as subtype O. 4% to 8% of HIV-1 infected
            persons in Cameroon are thought to be carrying MVP5180-related
            viruses [1].
BASE COUNT     3430 a   1842 c   2327 g   2194 t
ORIGIN     5' terminus of LTR
        1 ctggatgggt taatttactc ccataagaga gcagaaatcc tggatctctg gatatatcac
    5' LTR ->
       61 actcagggat tcttccctga ttggcagtgt tacacaccgg gaccaggacc tagattccca
      121 ctgacatttg gatggttgtt taaactggta ccagtgtcag cagaagaggc agagagactg
      181 ggtaatacaa atgaagatgc tagtcttcta catccagctt gtaatcatgg agctgaggat
      241 gcacacgggg agatactaaa atggcagttt gatagatcat taggcttaac acatatagcc
      301 ctgcaaaagc acccagagct cttccccaag taactgacac tgcgggactt tccagactgc
                                                        <- NF-kB ->
      361 tgacactgcg ggaactttcc agcgtgggag ggataagggg cggttcgggg agtggctaac
                    <- NF-kB->          Sp-1       Sp-1       Sp-1
      421 cctcagatgc tgcaTATAAG cagctgcttt ccgcttgtac cgGGtcttag ttagaggacc
                signal ->          putative mRNA start ->
      481 aggtctgagc ccgggagctc cctggcctct agctgaaccc gctgcttaac gctcaataaa
      541 gcttgccttg agtgagaagc agtgtgtgct catctgttca accctggtgt ctagagatcc
      601 ctcagatcac ttagactgaa gcagaaaatc tctagcagtg gcgcccgaac agggacgcga
                                             <- 5' LTR
                                                ->  Lys-tRNA pbs  <-
      661 aagtgaaagt ggaaccaggg aagaaaacct ccgacgcaac gggctcggct tagcggagtg
      721 cacctgctaa gaggcgagag gaactcacaa gagggtgaGT aaatttgctg gcggtggcca
                        major 5' splice junction /\
      781 gacctagggg aagggcgaag tccctagggg aggaagATGg gtgcgagagc gtctgtgttg
                                  gag cds start ->
      841 acagggagta aattggatgc atgggaacga attaggttaa ggccaggatc taaaaaggca
      901 tataggctaa aacatttagt atgggcaagc agggagctgg aaagatacgc atgtaatcct
      961 ggtctattag aaactgcaga aggtactgag caactgctac agcagttaga gccagctctc
     1021 aagacagggt cagaggacct gaaatctctc tggaacgcaa tagcagtact ctggtgcgtt
     1081 cacaacagat ttgacatccg agatacacag caggcaatac aaaagttaaa ggaagtaatg
     1141 gcaagcagga agtctgcaga ggccgctaag gaagaaacaa gccctaggca gacaagtcaa
     1201 aattacccta tagtaacaaa tgcacaggga caaatggtac atcaagccat ctcccccagg
     1261 actttaaatg catgggtaaa ggcagtagaa gagaaggcct ttaaccctga aattattcct
     1321 atgtttatgg cattatcaga aggggctgtc ccctatgata tcaataccat gctgaatgcc
     1381 atagggggac accaaggggc tttacaagtg ttgaaggaag taatcaatga ggaagcagca
     1441 gaatgggata gaactcatcc accagcaatg gggccgttac caccagggca gataagggaa
     1501 ccaacaggaa gtgacattgc tggaacaact agcacacagc aagagcaaat tatatggact
     1561 actagagggg ctaactctat cccagtagga gacatctata gaaaatggat agtgctagga
     1621 ctaaacaaaa tggtaaaaat gtacagtcca gtgagcatct tagatattag gcagggacca
     1681 aaagaaccat tcagagatta tgtagatcgg ttttacaaaa cattaagagc tgagcaagct
     1741 actcaagaag taaagaattg gatgacagaa accttgcttg ttcagaattc aaacccagat
     1801 tgtaaacaaa ttctgaaagc attaggacca gaagctactt tagaagaaat gatggtagcc
     1861 tgtcaaggag taggagggcc aactcacaag gcaaaaatac tagcagaagc aatggcttct
     1921 gcccagcaag atttaaaagg aggatacaca gcagtattca tgcaaagagg gcagaatcca
```


1.0
1.1
1.25
1.4
1.6
1.8
2.0
2.2
2.5
2.8
3.2
3.6
4.0
4.5
5.0

3 of 11

```
1981 aatagaaaag ggcccataaa atgcttcaat tgtggaaaag agggacatat agcaaaaaac
2041 tgtcgagcac cTAGaaaaag gggttgctgg aaatgtggac aggaaggtca ccaaatgaaa
      pol orf start ->
2101 gattgcaaaa atggaagaca ggcaaatttt ttagggaagt actggcctcc gggggcacg
2161 aggccaggca attatgtgca gaaacaagtg tccccatcag ccccaccaat ggaggaggca
2221 gtgaaggaac aagagaatca gagtcagaag ggggatcagg aagagctgta cccatttgcc
2281 tccctcaaat ccctctttgg gacagaccaa TAGtcacagc aaaggttggg ggtcatctat
                                      <- gag cds end
2341 gtgaggcttt actggataca ggggcagatg atacagtatt aaataacata caattagaag
2401 gaagatggac accaaaaatg atagggggta taggaggctt tataaaagta aaagagtata
2461 acaatgtgac agtagaagta caaggaaagg aagtacaggg aacagtattg gtgggaccta
2521 ctcctgttaa tattcttggg agaaacatat tgacaggatt aggatgtaca ctaaatttcc
2581 ctataagtcc catagcccca gtgccagtaa agctaaaacc aggaatggat ggaccaaaag
2641 taaaacaatg gcccctatct agagagaaaa tagaagcact aactgcaata tgtcaagaaa
2701 tggaacagga aggaaaaatc tcaagaatag gacctgaaaa tccttataat acacctattt
2761 ttgctataaa aaagaaagat agcactaagt ggagaaaatt ggtagacttc agagaattaa
2821 ataaaagaac acaagatttc tgggaggtgc aattaggtat tccacatcca gggggtttaa
2881 agcaaaggca atctgttaca gtcttagatg taggagatgc ttatttctca tgccctttag
2941 atccagactt tagaaaatac actgccttca ctattcctag tgtgaacaat gagaccccag
3001 gagtaagata ccagtacaat gtcctcccgc aagggtggaa aggttcacca gccatatttc
3061 agagttcaat gacaaagatt ctagatccat ttagaaaaag caacccagaa gtagaaattt
3121 atcagtacat agatgactta tatgtaggat cagatttacc attggcagaa catagaaaga
3181 gggtcgaatt gcttagggaa catttatatc agtggggatt tactaccccc gataaaaagc
3241 atcagaagga acctcccttt ttatggatgg gatatgagct ccacccagac aagtggacag
3301 tacagcccat ccaattgcct gacaaagaag tgtggacagt aaatgatata caaaaattag
3361 taggaaaatt aaattgggca agtcaaatct atcaaggaat tagagtaaaa gaattgtgca
3421 agttaatcag aggaaccaaa tcattgacag aggtagtacc tttaagtaaa gaggcagaac
3481 tagaattaga agaaaacaga gaaaagctaa aagagccagt acatggagta tattaccagc
3541 ctgacaaaga cttgtgggtt agtattcaga agcatggaga agggcaatgg acttaccagg
3601 tatatcagga tgaacataag aaccttaaaa caggaaaata tgctaggcaa aaggcctccc
3661 acacaaatga tataagacaa ttggcagaag tagtccagaa ggtgtctcaa gaagctatag
3721 ttatatgggg gaaattacct aaattcaggc tgccagttac tagagaaact tgggaaactt
3781 ggtgggcaga atattggcag gccacctgga ttcctgaatg ggaatttgtc agcacacccc
3841 cattgatcaa attatggtac cagttagaaa cagaacctat tgtaggggca gaaacctttt
3901 atgtagatgg agcagctaat aggaatacaa aactaggaaa ggcgggatat gttacagaac
3961 aaggaaaaca gaacataata aagttagaag agacaaccaa tcaaaaggct gaattaatgg
4021 ctgtattaat agccttgcag gattccaagg agcaagtaaa catagtaaca gactcacaat
4081 atgtattggg catcatatcc tcccaaccaa cacagagtga ctcccctata gttcagcaga
4141 taatagagga actaacaaaa aaggaacgag tgtatcttac atgggttcct gctcacaaag
4201 gcataggagg aaatgaaaaa atagataaat tagtaagcaa agacattaga agagtcctgt
4261 tcctggaagg aatagatcag gcacaagaag atcatgaaaa atatcatagt aattggagag
4321 cattagctag tgactttgga ttaccaccaa tagtagccaa ggaaatcatt gctagttgtc
4381 ctaaatgcca tataaaaggg gaagcaacgc atggtcaagt agactacagc ccagagatat
4441 ggcaaatgga ttgtacacat ttagaaggca aaatcataat agttgctgtc catgtagcaa
4501 gtgactttat agaagcagag gtgataccag cagaaacagg acaggaaact gcctatttcc
4561 tgttaaaatt agcagcaaga tggcctgtca aagtaataca tacagacaat ggacctaatt
4621 ttacaagtgc agccatgaaa gctgcatgtt ggtggacagg catacaacat gagtttggga
4681 taccatataa tccacaaagt caaggagtag tagaagccat gaataaagaa ttaaaatcta
4741 ttatacagca ggtgagggac caagcagagc atttaaaaac agcagtacaa atggcagtct
4801 ttgttcacaa ttttaaaaga aaaggggga ttgggggta cactgcaggg gagagactaa
4861 tagacatact agcatcacaa atacaaacaa cagaactaca aaaacaaatt ttaaaaatca
4921 acaattttcg ggtctattac agagatagca gagaccctat ttggaaagga ccggcacaac
4981 tcctgtggaa aggtgagggg gcagtagtca tacaagataa aggagacatt aaagtggtac
5041 caagaagaaa ggcaaaaata atcagagatt ATGgaaaaca gatggcaggt actgatagta
                      vif cds start ->
5101 tggcaaatag acagacagaa agtgaaagca tggaacagcc tggtgaaata ccaTAAatac
                                                          <- pol cds end
5161 atgtctaaga aggccgcgaa ctggcgttat aggcatcatt atgaatccag gaatccaaaa
5221 gtcagttcgg cggtgtatat tccagtagca gaagctgata tagtggtcac cacatattgg
5281 ggattaatgc caggggaaag agaggaacac ttgggacatg gggttagtat agaatggcaa
5341 tacaaggagt ataaaacaca gattgatcct gaaacagcag acaggatgat ttatctgcat
5401 tatttcacat gttttacaga atcagcaatc aggaaggcca ttctagggca gagagtgctg
5461 accaagtgtg aatacctggc aggacatagt caggtaggga cactacaatt cttagccttg
5521 aaagcagtag tgaaagtaaa aagaaataag cctcccctac ccagtgtcca gagattaaca
```

```
  5581 gaagatagAT Ggaacaagcc ctggaaaatc agggaccagc tagggagcca ttcaatgaat
vpR cds start  ->
  5641 ggacacTAGa gctcctggaa gagctgaaag aagaagcagt aagacatttc cctaggcctt
            <- vif cds end
  5701 ggttacaagc ctgtgggcag tacatttatg agacttatgg agacacttgg gaaggagtta
  5761 tggcaattat aagaatctta caacaactac tgtttaccca ttatagaatt ggatgccaac
  5821 atagtagaat aggaatttct ccatctaaca caagaggaag aggaagaaga aATGgatcca
                                                 tat cds start ->
  5881 gtagatccTG Agatgccccc ttggcatcac cctgggagca agccccaaac cccttgtaat
              <- vpR cds end
  5941 aattgctatt gcaaaagatg ctgctatcat tgctatgttt gtttcacaaa gaagggtttg
  6001 ggaatctccc ATGgcaggaa gaagcgaaga agaccagcag ctgctgcaag ctatccagat
    rev cds start ->
  6061 aataaagatc ctgtaccaga gcaGTaagta acgctgATGc atcaagagaa cctgctagcc
             (tat,rev) 5' sj /\
                              vpU cds start ->
  6121 ttaatagctt taagtgcttt gtgtcttata aatgtactta tatggttgtt taaccttaga
  6181 atttatttag tgcaaagaaa acaagataga agggagcagg aaatacttga aagattaagg
  6241 agaataaagg aaatcagggA TGacagtgac tatgaaagta atgaagaaga acaacaggaa
            env cds start ->
  6301 gtcatggagc ttatacatag ccatggcttt gctaatccca tgtttgagtt aTAGtaaaca
                                                              <- vpU cds end
  6361 attgtatgcc acagtttatt ctggggtacc tgtatgggaa gaggcagcac cagtactatt
  6421 ctgtgcttca gatgctaacc taacaagcac tgaacagcat aatatttggg catcacaagc
  6481 ctgcgttcct acagatccca atccacatga atttccacta ggcaatgtga cagataactt
  6541 tgatatatgg aaaaattaca tggtggacca aatgcatgaa gacatcatta gtttgtggga
  6601 acagagttta aagccttgtg agaaaatgac tttcttatgt gtacaaatga actgtgtaga
  6661 tctgcaaaca aataaaacag gcctattaaa tgagacaata aatgagatga gaaattgtag
  6721 ttttaatgta actacagtcc tcacagacaa aaaggagcaa aaacaggctc tattctatgt
  6781 atcagatctg agtaaggtta atgactcaaa tgcagtaaat ggaacaacat atatgttaac
  6841 taattgtaac tccacaatta tcaagcaggc ctgtccgaag gtaagttttg agcccattcc
  6901 catacactat tgtgctccaa caggatatgc catctttaag tgtaatgaca cagactttaa
  6961 tggaacaggc ctatgccaca atatttcagt ggttacttgt acacatggca tcaagccaac
  7021 agtaagtact caactaatac tgaatgggac actctctaga gaaaagataa gaattatggg
  7081 aaaaaatatt acagaatcag caaagaatat catagtaacc ctaaacactc ctataaacat
  7141 gacctgcata agagaaggaa ttgcagaggt acaagatata tatacaggtc caatgagatg
  7201 gcgcagtatg acacttaaaa gaagtaacaa tacatcacca agatcaaggg tagcttattg
  7261 tacatataat aagactgtat gggaaaatgc cctacaacaa acagctataa ggtatttaaa
  7321 tcttgtaaac caaacagaga atgttaccat aatattcagc agaactagtg gtggagatgc
  7381 agaagtaagc catttacatt ttaactgtca tggagaattc ttttattgta acacatctgg
  7441 gatgtttaac tatactttta tcaactgtac aaagtccgga tgccaggaga tcaaagggag
  7501 caatgagacc aataaaaatg gtactatacc ttgcaagtta agacagctag taagatcatg
  7561 gatgaaggga gagtcgagaa tctatgcacc tcccatcccc ggcaacttaa catgtcattc
  7621 caacataact ggaatgattc tacagttaga tcaaccatgg aattccacag gtgaaaatac
  7681 acttagacca gtagggggag atatgaaaga tatatggaga actaaattgt acaactacaa
  7741 agtagtacag ataaaacctt ttagtgtagc acctacaaaa atgtcaagac caataataaa
  7801 cattcacacc cctcacaggg aaaaaagagc agtaggattg ggaatgctat tcttgggggt
  7861 gctaagtgca gcaggtagca ctatgggcgc agcggcaaca gcgctgacgg tacggaccca
  7921 cagtgtactg aagggtatag tgcaacagca ggacaacctg ctgagagcga tacaggccca
  7981 gcaacacttg ctgaggttat ctgtatgggg tattagacaa ctccgagctc gcctgcaagc
  8041 cttagaaacc cttatacaga atcagcaacg cctaaaccta tggggctgta aaggaaaact
  8101 aatctgttac acatcagtaa aatggaacac atcatggtca ggaagatata atgatgacag
  8161 tatttgggac aaccttacat ggcagcaatg ggaccaacac ataaacaatg taagctccat
  8221 tatatatgat gaaatacaag cagcacaaga ccaacaggaa aagaatgtaa aagcattgtt
  8281 ggagctagat gaatgggcct ctctttggaa ttggtttgac ataactaaat ggttgtggta
  8341 tataaaaata gctataatca tagtgggagc actaataggt ataagagtta ttatgataat
  8401 acttaatcta gtgaagaaca ttaggcaggg atatcaaccc ctctcgttgc AGatccctgt
                                                 (tat,rev)     /\ 3' sj
  8461 cccacaccgg caggaagcag aaacgccagg aagaacagga gaagaaggtg gagaaggaga
  8521 caggcccaag tggacagcct tgccaccagg attcttgcaa cagttgtaca cggatctcag
  8581 gacaaTAAtc ttgtggactt accacctctt gagcaactta atatcaggga tccggaggct
            <- tat cds end
  8641 gatcgactac ctgggactgg gactgtggat cctgggacaa aagacaatTG Aagcttgtag
                                                          <- rev cds end
```

```
8701 actttgtgga gctgtaatgc aatattggct acaagaattg aaaaatagtg ctacaaacct
8761 gcttgatact attgcagtgt cagttgccaa ttggactgac ggcatcatct taggtctaca
8821 aagaatagga caaggattcc ttcacatccc aagaagaatt agacaaggtg cagaaagaat
8881 cttagtgTAA c'' 'gggaat gcatggagca aaagcaaatt tgcaggatgg tcagaagtaa
           <- env cds end
   nef cds start ->
8941 gagatagaat gagacgatcc tcctctgatc ctcaacaacc atgtgcacct ggagtaggag
9001 ctgtctccag ggagttagca actagagggg gaatatcaag ttcccacact cctcaaaaca
9061 atgcagccct tgcattccta gacagccaca aagatgagga tgtaggcttc ccagtaagac
9121 ctcaagtgcc tctaaggcca atgaccttta aagcagcctt tgacctcagc ttctttttaa
9181 aagaaaaggg aggactggat gggttaattt actcccataa gagagcagaa atcctggatc
             3' LTR ->
9241 tctggatata tcacactcag ggattcttcc ctgattggca gtgttacaca ccgggaccag
9301 gacctagatt cccactgaca tttggatggt tgtttaaact ggtaccagtg tcagcagaag
9361 aggcagagag actgggtaat acaaatgaag atgctagtct tctacatcca gcttgtaatc
9421 atggagctga ggatgcacac ggggagatac taaaatggca gtttgataga tcattaggct
9481 taacacatat agccctgcaa aagcacccag agctcttccc caagTAActg acactgcggg
                                                  <- nef cds end
9541 actttccaga ctgctgacac tgcggggact ttccagcgtg ggagggataa ggggcggttc
9601 ggggagtggc taaccctcag atgctgcata taagcagctg ctttccgctt gtaccgggtc
9661 ttagttagag gaccaggtct gagcccggga gctccctggc ctctagctga acccgctgct
9721 taacgctcAA TAAAgcttgc cttgagtgag aagcagtgtg tgctcatctg ttcaaccctg
      signal ->                    <- 3' LTR
9781 gtgtctagag atc
```

```
LOCUS       HIVBCSG3C    9168 bp
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate BC, molecular clone
            SG3, complete genome.
ACCESSION   L02317
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), isolate BC, molecular
            clone SG3.
REFERENCE   1  (bases 1 to 9168)
  AUTHORS   Ghosh,S.K., Fultz,P.N., Keddie,E., Sharp,P.M., Saag,M.S.,
            Hahn,B.H. and Shaw,G.M.
  TITLE     A molecular clone of HIV-1 tropic and cytopathic for human and
            chimpanzee lymphocytes
  JOURNAL   Virology 194, 858-864 (1993)
COMMENT     Kindly provided in computer-readable form by Dr. Beatrice Hahn,
            CFAR, University of Alabama at Birmingham, Birmingham AL. This
            represents one of the most cytopathic variants that the authors
            of [1] have encountered.  The BC virus is cytopathic in both
            human and chimp lymphocytes. This sequence clusters with HIV-1
            subtype B sequences. SG3 is T-cell tropic as opposed to mono-
            cytotropic [1].
BASE COUNT     3291 a   1633 c   2225 g   2019 t
ORIGIN       beginning of R region of the 5' LTR
        1 GGgtctctct ggttagacca gatctgagcc tgggagctct ctggctagct agggaaccca
     mRNA ->
       61 ctgcttaagc ctcaataaag cttgccttga gtgcttcaag tagtgtgtgc ccgtctgttg
      121 tgtgactctg gtagctagag atccctcata ccctttttagt cagtgtggaa aatctctagc
      181 agtggcgccc gaacagggac cggaaagcga aagagaaacc agaggagctc tctcgacgca
      241 ggactcggct tgctgaagcg cgcacggcaa gaggcgaggg gcggcgactg gtgagtacgc
      301 caaaaatttt gactagcgga ggctagaagg agagagATGg gtgcgagagc gtcagtattg
                                        gag cds ->
      361 agcgggggaa aattggataa gtgggagaaa attcggttaa ggccaggggg aaagaaaaaa
      421 tataaattaa aacatctagt atgggcaagc agggagctag aacgattcgc agttaatccc
      481 ggcctgttag aaacagcaga aggctgtaga caaatactgg gacagctaca accgtccctt
      541 cagacaggat cagaagaact taaatcatta tataatacaa tagcagtcct ctattgtgtg
      601 catcaaatga tagatgtaaa agacaccaag gaagctttag agaagataga ggaagagcaa
      661 aacaacagta agaaaaaagc acagcaagca gcagctgaca caggaaacag cagccaggtc
      721 agccgaaatt accctatagt gcagaacatc caggggcaaa tggtacatca ggccatatca
      781 cccagaactt taaatgcatg ggtaaaagta gtagaagaga aggctttcag cccagaagta
      841 atacccatgt tttcagcatt atcagaagga gccaccccac aagatttaaa caccatgcta
      901 aacacagtgg ggggacatca agcagctatg caaatgttaa aagagaccat caatgaggaa
      961 gctgcagaat gggatagatt gcatccagtg caagcagggc ctgttgcacc aggccagatg
     1021 agagaaccaa ggggaagtga catagcagga actactagta cccttcagga acaaatagga
     1081 tggatgacaa ataatccacc tatcccagta ggagaaatct ataaaagatg gataatcctg
     1141 ggattaaata aaatagtaag gatgtatagt ccttctagca ttctggacat aagacaagga
     1201 ccaaaggaat cctttagaga ttatgtagac aggttctata aaactttaag agccgagcaa
     1261 gcttcacagg aggtaaaaaa ttggatgaca gaaaccttgt tggtccaaaa tgcgaaccca
     1321 gattgtaaga ccattttaaa agcattggga ccaggagcta cactagagga aatgatgaca
     1381 gcatgtcagg gagtgggagg acccggccac aaagcaagag ttttggcgga agcaatgagc
     1441 caagtaacaa attcagccac cataatgatg cagagaggca attttaggaa ccaaagaaag
     1501 actgttaagt gtttcaattg tggcaaagaa gggcatatag ccagaaattg caaggccccc
     1561 aggaaaaggg gctgctggaa atgtggaaag gaaggacacc aaatgaaaga ttgtacagag
     1621 agacaggcTA Atttttagg gaagatctgg ccttcccaca agggaaggcc agggaatttt
       pol orf start ->
     1681 cctcagagca gactagagcc aacagctcca ccagaagaga gcttcaggtt tggggaggag
     1741 acaacaactc cccctcagaa gcaggagcgg gaagacaagg aaatgtatcc cttagcttcc
     1801 ctcagatcac tctttggcaa cgaccctcg tcacaaTAAa gatagggggg caactaaagg
                                              <- gag cds end
     1861 aggctctatt agatacagga gcagatgata cagtattaga agaaatgaat ttgccaggga
     1921 gatggaagcc aaaaatgata gggggaattg gaggttttat caaagtaaga cagtatgatc
     1981 agatacccat agaaatctgt ggacataaag ctataggtac agtattagta ggacctacac
     2041 ctgtcaacat aattggaaga aatctgttga ctcagattgg ttgcactcta aattttccca
     2101 ttagtcctat tgaaactgta ccagtaaaat taaagccagg aatggatggc ccaaaagtta
     2161 aacaatggcc attgacagaa gaaaaaataa aagcattagt agaaatttgt acagaaatgg
     2221 aaaaggaagg gaagatttca aaaattgggc ctgaaaatcc atacaatact ccagtatttg
     2281 ctataaagaa aaaagacagt actaaatgga gaaaattagt agatttcaga gaacttaata
```

```
2341 agaggactca agacttctgg gaagttcaat taggaaTacc acatcccgct ggattaaaaa
2401 agaaaaaatc agtaacagta ctagatgtgg gtgatcgata tttctcagtt cccttagata
2461 aagacttcag gaaatatact gcatttacca tacctagtat aaacaatgag acaccaggga
2521 ttagatatca gtacaatgtg ctcccacagg gatggaaagg atcaccagca atattccaaa
2581 gtagcatgac aaaaatctta gagcctttta gaaagcaaaa tccagacata gttatctatc
2641 agtacatgga tgatttgtat gtaggatctg acttagaaat agggcagcat agaacaaaaa
2701 tagaggaact gagacaacat ctgttaaggt ggggatttac cacaccagac aaaaaacatc
2761 agaaagaacc tccattcctt tggatgggtt atgaactcca tcctgataaa tggacagtac
2821 agcctatagt gctgccagaa aaagacagct ggactgtcaa tgacatacag aagttagtgg
2881 gaaaattgaa ttgggcaagt cagatttact cagggatcaa agtgaagcag ttatgtaaac
2941 tccttagggg aaccaaagca ctaacagaag tagtaacact aacagaagaa gcagagctag
3001 aactggcaga aaacagggaa attctaaaag aaccagtaca tggagtgtat tatgacccat
3061 caaaagactt aatagcagaa atacagaaac aggggcaagg ccaatggaca tatcaaattt
3121 atcaagagcc atttaaaaat ctgaaaacag caaaatatgc aagaacgagg ggtgcccaca
3181 ctaatgatgt aaaacaatta acagaggcag tgcaaaaaat aaccacagaa tgcataataa
3241 tatggggaaa aactcctaaa tttagactgc ccatacaaaa agaaacatgg gaaacatggt
3301 ggacagagta ttggcaagcc acctggattc ctgaatggga gtttgtcaat acccctccct
3361 tagtgaaatt atggtaccag ttagagaaag agcccataga aggcgcagaa actttctatg
3421 tagatggagc agctaacagg gagactaaat taggaaaagc aggatatgtt actaacaaag
3481 gaagacaaaa agttgtcacc ctaactgaca caacaaatca gaagactgag ttagaagcaa
3541 ttcatctagc tttgcaggat tctggattag aagtaaacat agtaacagac tcacaatatg
3601 cattaggaat cattcaagca caaccagata aaagtgaatc agaattagtc agtcaaataa
3661 tagagcagtt aataaaaaag gaaaaggtct acctggcatg ggtaccagca cacaaaggaa
3721 ttggaggaaa tgaacaagta gataaattag tcagtgctgg ggtcaggaaa gtactatttt
3781 tagatggaat agataaggcc caagaagaac atgagaaata tcacagtaat tggagagcca
3841 tggctagtga ttttaactta ccacctgtag tagcaaaaga aatagtagcc agctgtgata
3901 aatgtcagct aaaaggagaa gccatgcatg gacaagtaga ctgtagtcca ggaatatggc
3961 aactagattg cacacatcta gaaggaaaaa ttatcctggt ggcggttcat gtagccagtg
4021 gatatataga agcagaagtt attccagcag agacagggca ggaaacagca tactttctct
4081 taaaattagc aggaagatgg ccagtaaaaa caatacatac agacaatggc agcaatttca
4141 ccagtaccac ggttaaggcc gcctgttggt gggcagggat caagcaggaa tttggcattc
4201 cctacaatcc ccaaagtcaa ggagtagtag aatctatgaa taaagaatta aagaaaatta
4261 taggacaggt aagagatcag gctgaacatc ttaaaacagc agtacaaatg gcagtattta
4321 tccacaattt taaaagaaaa ggggggattg gggggtacag tgcaggggaa agaatagtag
4381 acataatagc aacagacata caaactaaag aactacaaaa acaaattaca aaaattcaaa
4441 attttcgggt ttattacagg gacaacaaag atccactttg gaaaggacca gcaaagcttc
4501 tctggaaagg tgaaggggca gtagtaatac aagataatag tgacataaaa gtagtgccaa
4561 gaagaaaagc aaagatcatt agagattATG gaaaacagat ggcaggtgat gattgtgtgg
                        vif cds ->
4621 caagtagaca ggatgaggat TAGaacatgg ataagtttag taaaacacca tatgtatatt
                         <- pol end
4681 tcaaggaaag caaagggatg gttttataga catcactatg aaagcactca cccaaaaata
4741 agttcagaag tacacatccc actaggggat gctagattgg taataacaac atattggggt
4801 ctgcatacag gagaaagaga ttggcatttg ggtcatggag tctccgtaga atggaggaaa
4861 aagagatata gcacacaagt agaccctgac ctagcagacc aactaattca tctgtattac
4921 tttgattgtt tttcagaatc tgccataaga aatgccatat taggacatat agttagtcct
4981 aggtgtgaat atcaagcagg acataacaag gtaggatctc tacagtacct agcactagca
5041 gcattaataa caccaaaaag gataaagcca cctttgccta gtgttacaaa actaacagag
5101 gatagATGga acaagcccca gaagaccaag ggccacagag ggagccatac aatgaatgga
      vpR ->
5161 cacTAGagct tttagaagaa cttaagaatg aagctgttag acattttcct aggatatggc
        <- vif end
5221 tccatggctt agggcaatat atctatgaaa cttatgggga tacttgggca ggagtggaag
5281 ccctagtaag aactctgcaa caactgctgt ttactctttt cagaattggg tgtcgacata
5341 gcagaatagg cattactcaa cgaagaagag caagaaATGg agccagtaga tccTAGacta
                                      tat ->                  <- vpR
5401 gagccctgga agcatccagg aagccagcct aaaactgctt gtaccaaatg ctattgtaaa
5461 aagtgttgct tacattgcca agtttgtttc atgacaaaag gcttaggcat ctcctATGgc
                                                              rev ->
5521 aggaagaagc ggagacagcg acgaagagct cctcaagaca gtcagactca tcaagcttct
5581 ctatcaaagc aGTaagtagt gcatgtaATG caacctatac aaatagcagc aatagtagca
          5' sj /\      vpU start ->
5641 ttagtagtgg taggaataat agcaatagtt gtgtggTAAa atattaagac aaagaaaaat
                                          <- premature vpU termination
```

```
5701 agacaggtta attaaaagaa taagtaaaag agcagaagac agtggcaATG agagtgaagg
                                        env cds start ->
5761 agatcaggaa gaattatcag cacttgtgga gatggggcac catgctcttt gggatattga
5821 tgatctatag tgctgcaggg aatttgtggg tcacagtata ttatggggta cctgtatgga
5881 aagaagcaac caccactcta ttttgtgcat cagatgctaa agcatatgat acagaggtac
5941 ataatgtttg ggccacacat gcctgtatac ccacagaccc caacccacaa gagatagtat
6001 tagaaaatgt gacagaagat tttaacatgt ggaaaaataa catggtagaa cagatgcagg
6061 aggatataat cagtttatgg gatcaaagcc taaagccatg tgtaaaatta accccactct
6121 gtgttactct aaattgcact gatgagttga agaatgctac taataccact agtactaata
6181 cccctagtgg tagctggaaa aagatggaaa gaggagaaat aaagaactgc tctttcaatg
6241 tcttaggaga taagaagcag aaagcatatg cactctttta taaacttgat gtagtaccaa
6301 tagataatga taagaatagt accaaatata ggttgataag ttgtaacacc tcagtcacta
6361 cacaggcctg tccaaagata tcctttgagc caattcccat acattattgt gccccggctg
6421 gttttgcgat tctaaagtgt aaagataaga agttcaatgg aacaggatca tgtaaaaatg
6481 tcagcacagt acaatgtaca catggaatta agccagtagt atcaactcaa ctgctgttaa
6541 atggcagcct agcagaagaa gaggtagtaa ttagatctgc caatttctcg gacaatgcta
6601 aaaccataat agtacagctg aaagaagctg tagaaattaa ttgcacaaga cccaacaaaa
6661 aaacaagaaa acgtataact acgggaccag ggagagtata ttatacaaca ggagaaatag
6721 taggagatat aagacaagca cattgtaacc ttagtagagc aaaatggaat gacactttaa
6781 gacagatagt tataaaatta agagaacaat ttgagaataa aacaatagtc tttaatcaat
6841 cctcaggagg ggacccagaa attgtaatgc atagttttaa ttgtggaggg gaatttttct
6901 actgtaagtc aacacaactg tttaatagta cttgggctgg gaataatact tggaatagta
6961 gtgctgaaag gtcagatgac actggaggaa atatcacact cccatgcaga ataaaacaaa
7021 ttataaaacat gtggcaggaa gtaggaaaag caatgtatgc ccctcccatc agcggacaaa
7081 ttagatgtac atcaaatatt acagggctgc tattaacaag agatggtggt acgagcgata
7141 ccaataccac cgagaccttc agacctggag gaggagatat gagggacaat tggagaagtg
7201 aattatataa atataaagta gtaaaaattg aaccattagg agtagcaccc accacggcaa
7261 agagaagagt ggtgcaaaga gaaaaaagag cagtgggaat aggagctctg ttccttgggt
7321 tcttgggagc agcaggaagc actatgggcg cagcgtcaat gacgttgacg gtacaggcca
7381 gacaattatt gtctggtata gtgcaacagc agaacaattt gctgagggct attgaggcgc
7441 aacagcatct gttgcaactc acagtctggg gcatcaagca gctccaggca agagtcctgg
7501 ctgtggaaag atacctaaag gatcaacagc tcctggggat ttggggttgc tctggaaaac
7561 tcatttgcac cactgctgtg ccttggaatg ctagttggag taataaatct ctgaatcaga
7621 tttgggataa catgacttgg atgcagtggg aaagagaaat tgaaaattac acagacttaa
7681 tatacaactt aattgaagaa tcgcagaacc agcaagaaaa gaatgaacaa gaattattgg
7741 aattagataa atgggcaagt ttgtggaatt ggtttacaat aacaaactgg ctgtggtata
7801 taaaaatatt cataatgata gtaggaggct tgataggttt aagaatagtt tttactgtac
7861 tttctatagt gaatagagtt aggcagggat actcaccatt gtcgtttcAG acccacctcc
                                                (tat, rev)  /\ 3' sj
7921 caaccccgag gggacccgac aggcccgaag gaatcgaaga agaaggtgga gagagagaca
7981 gagacagatc cggtcgatTA Gtgaacggat tcttagcact tttctgggac gatctgcgga
                          <- tat
8041 gcctgtgcct cttcagctac caccgcttga gagacttaat cttggttgta acgaggattg
8101 tggaacttct gggacgcagg gggtgggaag ccctcaagta ttggtggagt ctcctacagt
8161 attggagcca ggaactaaag aaTAGtgctg ttaacttgct taatgtcaca gccatagcag
                               <- rev
8221 tagctgaggg aacagatagg gttatagaag tagtacaaag aacttataga gctattctcc
8281 acatacctag aagaataaga cagggcttgg aaaggctttt gctaTAAgAT Gggtggcaag
                                                    <- env
                                                   nef ->
8341 tggtcaaaac gtatggaggg tggatggcat gctgtaaggg aaagaatgag acgagctgag
8401 ccagcagcag atggggtggg agcagtatct agagacctgg aaaaacatgg agcaatcaca
8461 agtagcaata cagcagctaa caatgctgat tgtgcctggc tggaagcaca agaggaggag
8521 gaggtgggtt ttccagtcag acctcaggta cctttaagac caataactta caaggcagct
8581 gtagatatta gccacttttt aaaagaaaag gggggactgg aagggctaat tttctcccaa
8641 agaagacaag atatccttga tctgtggacc taccacacac aaggctactt ccctgattgg
8701 cagaactaca caccagggcc agggatcaga tatccactga cctttggatg gtgtttcaag
8761 ctagtaccag ttgatccaga gaagatagaa gaggccaatg aaggagaaaa caacagcttg
8821 ctacaccctа tgagccagca tgggatggat gacccggaga gagaagtgct agagtggagg
8881 tttgacagcc gcctagcatt tcatcacatg gcccgagagc tgcatccgga gtactacaag
8941 aaccgaTGAc atcgcgcttt ctacaaggga ctttccgctg gggactttcc aggggagcgt
          <- nef
9001 ggcctgggcg ggaccgggga gtggcgagcc ctcagatgct gcatataagc agctgctttt
9061 gcctgtactg ggtctctctg gttagaccag atctgagcct gggagctctc tggctagcta
```

```
9121 gggaacccac tgcttaagcc tcAATAAAgc ttgccttgag tgcttcaa
                      signal ->
```

```
LOCUS       HIVBZ162     1458 bp ss-RNA             VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, Brazilian isolate BZ162,
            gag region.
ACCESSION   L11751
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Brazilian isolate
            BZ162 (cocultivation on PBMCs).
REFERENCE   1  (bases 1 to 1458)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            There is a reading frame shift at position 177 followed by a
            premature stop codon. The authors group the outlying BZ162 gag
            sequence with their gag subtype E.  The naming of this subtype
            was made independently of envelope subtype studies, and so gag
            sequences in this subtype are not necessarily related to envelope
            sequences classified as subtype E in the 1992 and 1993 database
            compendiums.
BASE COUNT      531 a    283 c    359 g    285 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagcgga ggaaaactag atgcatggga aaaaattcgg
gag start ->
       61 ttaaggccag ggggaaagaa aaaatataga ttgaagcatc tagtatgggc aagcagggag
      121 ctagaacgat ttgcaattaa tcctggcctt ctagaaacat cagaaggctg tcaaaaataa
      181 taggacagtt acaaccatcc cttcagacag gatcagaaga gcttagatca ttatataata
      241 cagtagcagt cctctatttt gtacatcaaa gggtagaggt aaaggacacc aaggaagctt
      301 tagacaagct agaggaagaa caaaacaaaa gtcagcaaaa gacaaagcaa gcggcagctg
      361 acaaaggggt cagtcaaaat taccctatag tacagaatct tcagggacaa atggtacatc
      421 agtctatatc acctagaact ttaaatgcat gggtaaaggt gatagaagag aaggctttta
      481 gcccagaagt aatacccatg ttttcagcat tatcagaagg ggccactcca caagatttaa
      541 acaccatgtt aaatacagtg gggggacatc aagcagccat gcaaatgtta aaagacacca
      601 tcaatgagga agctgcagaa tgggacagat tacatccagc gcaggcagga cctatcccac
      661 caggccagat aagggaacct aggggaagtg atatagctgg aactactagt acccttcagg
      721 aacaaataca atggatgaca agcaacccac ctgtcccagt gggagaaatc tataaaagat
      781 ggatcatcct aggattaaat aaaatagtaa gaatgtatag ccctgtcagc attttggaca
      841 taagacaagg gccaaaagag ccctttagag actatgtaga caggttcttt aaaaccctaa
      901 gagctgagca agctacacag gaagtaaagg gttggatgac agacaccttg ttggtccaaa
      961 atgcgaaccc agattgtaag accattttaa aagcattggg accaggggct acactagaag
     1021 aaatgatgac agcatgtcag ggagtgggag gacctggcca taaggcgaga gttttggctg
     1081 aggcaatgag ccaagcaaca aatgcaacta tactgatgca gaaaagtaac tttaagggcc
     1141 aaagaagaat tgttaaatgt tttaattgtg gcaaaacagg acacatagcc aaaaattgta
     1201 gggcccctag aaaaaagggc tgttggaaat gtggaagaga aggacaccaa atgaaagact
     1261 gcactgaagg acaggctaat tttttaggga aaatttggcc ttcccacaag gggaggcccg
     1321 gaaatttcct ccagaacagg ccagagccaa cagccccacc agcagagagc ttcgggttca
     1381 gagaggagat aaacccctct ccgaagcagg agcagaaaga agagggactg taccctccct
     1441 tagcttccct caaatcac
                       gag ->
```

HIVBZ167

```
LOCUS       HIVBZ167     1480 bp ss-RNA            VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, Brazilian isolate BZ167, gag
            region.
ACCESSION   L11752
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Brazilian isolate
            BZ167 (cocultivation on PBMCs).
REFERENCE   1  (bases 1 to 1480)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., Deleys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The BZ167 gag sequence clusters with HIV-1 B subtype gag sequences.
BASE COUNT      544 a    281 c    369 g    286 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcggt attaagcggg ggagaattag ataggtggga aaaaattcgg
gag start ->
       61 ttaaggccag ggggaaagaa aaaatatagg ttaaaacatg tagtatgggc aagcagggaa
      121 ctagaacgat tcgcagttaa tcctggccta ctagaaacgg cagcaggctg tagacaaata
      181 ctgggacagc tacagccatc ccttcagact ggatcagaag aacttagatc attatataat
      241 acagtagcaa ccctctattg tgtacatcaa aagatagatg taagagacac caaggaagct
      301 ttagagaagg tagaggaaga gcaaaacaaa agtaaggaaa aggcacagca agcagcagca
      361 gctgacgcag gaaccagcag ccaggtcagc caaaattacc ctatagtgca gaacatgcag
      421 ggacaaatgg tacatcaggc catatcacct agaactttaa atgcatgggt aaaagtgata
      481 gaagagaagg ctttcagccc agaagtaata cccatgtttt cagcattatc agaaggagcc
      541 accccacaag atttaaacac catgttaaac acagtggggg gacaccaagc agccatgcaa
      601 atgttaaaag ataccatcaa tgaggaagct gcagaatggg atagattgca tccagtgcat
      661 gcagggccta ttgcaccagg ccaaatgaga gaaccaaggg gaagtgacat agcaggaact
      721 actagtaccc ttcaggaaca aataggatgg atgacaaata atccacctat cccagtagga
      781 aaaatctata aaagatggat aatcctggga ttaaataaaa tagtaaggat gtatagccct
      841 atcagcattt tggacataag acaaggacca aaggaaccct ttagagacta tgtagaccgg
      901 ttctataaaa ctctaagagc cgagcaggct tcacaggatg taaaaaattg gatgacagaa
      961 accttgttgg tccaaaatgc gaacccagat tgtaagacta ttttaaaagc attgggtcca
     1021 gcagctacac tagaggaaat gatgacagca tgtcagggag tgggaggacc cggtcataaa
     1081 gcaagagttt tggcagaagc aatgagccaa gtaccaaata gttcagctac cataatgatg
     1141 cagaaaggca attttagaaa ccaaagaaag attgttaagt gtttcaattg tggcaaagaa
     1201 gggcacatag ccaaaaattg cagggccct aggaagaagg gctgttggaa atgtggaaag
     1261 gaaggacacc aaatgaaaga ttgttcagag agacaggcta atttttttagg gaagatctgg
     1321 ccttcctaca agggaaggcc agggaacttc cttcagagca gaccagagcc aacagcccca
     1381 ccagaagaga tcttcaggtt tggggaagag acaacaactc cctctcagaa gcaggagacg
     1441 aaagacaagg aattgtatcc tttagcttcc ctcaaatcac
                                              gag ->
```

```
LOCUS       HIVBZ190     1474 bp ss-RNA             VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, Brazilian isolate BZ190, gag
            region.
ACCESSION   L11753
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Brazilian isolate
            BZ190 (cocultivation on PBMCs).
REFERENCE   1  (bases 1 to 1474)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., Deleys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The BZ190 gag sequence clusters with HIV-1 B subtype gag sequences.
BASE COUNT      550 a    286 c    359 g    279 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagcggg ggaaaattag ataaatggga aaaaattcgg
gag start ->
       61 ttaaggccag ggggaaagaa aaggtatcaa ctaaacnta tagtatgggc aagcagagag
      121 ctagaacgat tcgcagttaa tcctggcctg ttagagacag cagaaggctg tagacaaata
      181 ctgggacagc tacaaccatc ccttcagaca ggatcagaag aacttaaatc attatttaat
      241 gcagtagcag tcctctattg tgtgcatcaa cagatagagg taaaagacac caaggaagct
      301 ttagataaga tcgaggaaga gcaaaacata agtaagaaaa agacacagca agcagcagct
      361 gacacaggaa acaacagcca ggtcagccaa aattacccta tagtacaaaa cctacagggg
      421 caaatggtac atcaggccat atcacctaga actttaaatg catgggtaaa agtagtagaa
      481 gaaaaggctt tcagcccaga agtaataccc atgttttcag cattagcaga aggagccacc
      541 ccacaagatt taaacaccat gctaaacaca gtgggggggac atcaagcagc catgcaaatg
      601 ttaaaagaga ccatcaatga ggaagctgca gaatgggata gattgcatcc agtgcatgca
      661 gggcctattg caccaggcca gatgagagaa ccaaggggaa gtgacatagc aggaactact
      721 agtacccttc aggaacaaat aggttggatg acaaataatc cacctatccc agtaggagaa
      781 atctataaaa gatggataat catgggatta aataaaatag taagaatgta tagccctacc
      841 agcattctgg acataaaaca aggaccaaag gaacctttta gagactatgt agaccggttc
      901 tataaaactc taagagccga gcaagcttca caggaagtaa aaaattggat gacagaaacc
      961 ttgttggtcc aaaattcgaa cccagattgt aagactattt taaaagcatt gggaccagca
     1021 gctacactag aagaaatgat gacagcatgt cagggagtgg ggggacccgg ccataaagca
     1081 agagttttgg ctgaagcaat gagccaagta acaaattcag ctaccataat gatgcagaga
     1141 ggcaatttta ggaaccaaag aaagactgtt aaatgtttca attgtggcaa agaaggacac
     1201 atagccaaaa actgcagggc ccctaggaaa aagggctgtt ggaaatgtgg aaaggaagga
     1261 caccaaatga aagattgttc tgagagacag gctaattttt tagggaaaat ctggccttcc
     1321 cacaagggga ggccagggaa ctttcttcag agcagaccag agccaacagc cccaccagag
     1381 gagagcttca ggtttgggga agagacaacg actccctctc agaagcagga accggtagac
     1441 caggaaaagt atcccttagc tgccctcaga tcac
                                          gag ->
```

HIVBZ200

```
LOCUS       HIVBZ200     1474 bp ss-RNA            VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, Brazilian isolate BZ200, gag
            region.
ACCESSION   L11754
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Brazilian isolate
            BZ200 (cocultivation on PBMCs).
REFERENCE   1  (bases 1 to 1474)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., Deleys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The BZ200 gag sequence clusters with HIV-1 B subtype sequences.
BASE COUNT      547 a    289 c    363 g    275 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt actaagcggg ggagaattag ataaatggga aaaaattcgg
gag start ->
       61 ttaaggccag ggggaaagaa agcatataaa ttaaaacata tagtatgggc aagcagggag
      121 ctagaacgat tcgcagttaa ccccggcctt ctagaaacat cagaaggctg tcgaaaaata
      181 ataggacagc tacaaccatc ccttcagaca ggatcagaag aacttagatc attatataat
      241 acagtagcag tcctctattg tgcgcatcaa aagatagatg taaaagacac caaggaagct
      301 ttagacaaga tagaggaaga acaagacaaa agtaagaaaa aggcacagca agccgcagct
      361 gacacaggaa acagcagcaa ggtcagccaa aattacccta tagtgcagaa tcttcaggga
      421 caaatggtac atcaggccat atcacctaga actttaaatg catgggtaaa agtagtagaa
      481 gagaaggctt tcagcccaga ggtaataccc atgttttcag cattatcaga aggagccacc
      541 ccacaagatt taaacaccat gctaaacaca gtgggggggac atcaagcagc catgcaaatg
      601 ttaaaagaaa ccatcaatga ggaagctgca gaataggata gattgcatcc agtgcatgca
      661 gggcctattg caccaggcca gatgagagaa ccaaggggaa gtgacatagc aggaactact
      721 agtacccttc aggaacaaat aggatggatg acaaataatc cacctatccc agtaggagaa
      781 atctataaaa gatagataat cctgggatta aataaaatag taaggatgta tagccctacc
      841 agcattctgg acataagaca agggccaaag gaacccttta gagactatgt agatcggttc
      901 tataagactc taagagccga gcaagcttca caggaggtaa aaaattggat gacagaaacc
      961 ttgttggtcc aaaatgcgaa cccagattgt aagactattt taaaagcatt gggaccagca
     1021 gctacactag aagaaatgat gtcagcatgt cagggagtgg gaggacccgg ccataaagca
     1081 agagttttgg cagaagcaat gagctaagta acaaattcag cagccataat gatgcagaga
     1141 ggcaatttta ggaaccaaag aaagactgtt aagtgtttca attgtggcaa agaagggcac
     1201 atagcaaaaa attgcagggc ccctaggaaa aagggctgtt ggaaatgtgg aagagaagga
     1261 caccaaatga aagactgcac tgaaagacag gctaattttt tagggaaaat ttggccttcc
     1321 aacaagggga ggccagggaa tttccttcag aacaggccag agccaacagc cccaccagca
     1381 gagagcttcg ggttcggaga ggagatgacc ccctctccga agcaggagca gaaagacgaa
     1441 ggactgtacc ctcccttagc ttccctcaga tcac
                                          gag ->
```

```
LOCUS       HIVCI20      1444 bp ss-RNA             VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate CI20 from Abidjan,
            Ivory Coast, gag region.
ACCESSION   L11755
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Abidjan, Ivory Coast
            isolate CI20 (cocultivation on PBMCs).
REFERENCE   1  (bases 1 to 1444)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., Deleys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The CI20 gag sequence clusters with HIV-1 A subtype sequences.
BASE COUNT      529 a    274 c    363 g    278 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attgagtggg ggaaaattag atgcatggga gaaaattcgg
gag start ->
       61 ttaaggccag ggggaaagaa aaaatataga ctaaaacatc tagtatgggc aagcagggag
      121 ctggaaagat tcgcacttaa ccccagcctt ttagaaacag caggaggatg tcagcaacta
      181 atggaacagt tacaagcaca tctcaggaca ggatcagaag aacttaaatc attatttaat
      241 acaatagcaa ccctttggtg cgtacatcaa aggatagaca taaaagacac caaggaagcc
      301 ttagataaaa tagaggtaat acaaaataag agcaagacag cagctgccac aggaagcagc
      361 agccaaaatt accctatagt gcaaaatgca caagggcaaa tgacacatca gtccatgtca
      421 cctaggactt tgaatgcatg ggtgaaggta atagaggaaa aggctttcag cccagaagta
      481 ataccoatgt ttacagcatt atcagaggga gccaccccac aagatttaaa tatgatgcta
      541 aacatagtgg ggggacacca agcagcaatg cagatgttaa aagataccat caatgaagaa
      601 gctgcagaat gggacagggt acatccagta cacgcagggc ctattccacc aggccagatg
      661 agagaaccaa ggggaagtga catagcagga actactagta cccttcaaga acaaatagga
      721 tggatgacaa gcaatccacc tgtcccagtg ggagaaatct ataaaagatg gatagtcctg
      781 ggattaaata aaatagtaag aatgtatagt cctgtcagca ttttggacat aagacaagga
      841 ccaaaagaac cctttagaga ttatgtagat aggttcttta aaactttgag agctgaacaa
      901 gctacgcagg aggtaaaaaa ctggatgaca gaaaccttgc tggtccaaaa tgcaaatcca
      961 gactgtaagt ccatttaag agcattagga ccaggggcta cattagaaga aatgatgaca
     1021 gcatgtcagg gagtgggagg acctggccat aaagcaaggg ttttggctga ggcaatgagt
     1081 caagtacaac agtccaacat aatgatgcag agaggcaatt ttaggggcca aagaacaata
     1141 aaatgtttca actgtggcaa agaaggacac ctagccagaa attgcaaggc ccctaggaaa
     1201 aggggctgtt ggaaatgtgg gaaggaagga caccaaatga aagactgtac tgagagacag
     1261 gctaattttt tagggaaaat ttggccttcc agcaagggga ggccaggaaa ttttcctcag
     1321 agcagaccag aaccaacagc cccaccagca gagagctttg ggatgaggga agagataacc
     1381 tcctctccga agcaggaacc gagggacaag ggactatatc ctcctttagc ttcccctcaaa
     1441 tcac
         gag ->
```

HIVCI32

```
LOCUS       HIVCI32      1477 bp ss-RNA             VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate CI32 from Abidjan,
            Ivory Coast, gag region.
ACCESSION   L11756
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Abidjan, Ivory Coast
            isolate CI32 (cocultivation on PBMCs).
REFERENCE   1  (bases 1 to 1477)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The CI32 gag sequence clusters with HIV-1 A subtype sequences.
BASE COUNT      542 a    287 c    368 g    280 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcggt attaagtggg ggacgattag atgcatggga gaaaattcgg
gag start ->
       61 ttaaggccag ggggaaagaa aaaatataaa ctaaaacatt tagtatgggc aagcagggag
      121 ctggaaagat tcgcacttaa ccctagcctt ttagaaacat cagaaggatg tcaacaacta
      181 atagaacagt tccaatcaac tctcgggaca ggatcagaag aacttagatc attatataat
      241 acaatagcaa ccctttggtg tgtacatcga aggatagaga taaaagacac caaggaagcc
      301 ttagataaaa tagaggaaat acaaaataag agcaagcaaa agacacagca agcagcagct
      361 gcccaagcag cagctgccac aggaagcaat agccaaaatt accctatagt gcaaaaccta
      421 caggggcaaa tggtacacca ggccctatca cctaggactt tgaatgcatg ggtaaaagta
      481 atagaagaga aggctttcag cccagaagtg atacccatgt ttacagcatt atcagaagga
      541 gccaccccac aggatttaaa caccatgtta aacacagtag ggggacacca agcagccatg
      601 caaatgttaa aagataccat caatgaggaa gctgcagaat gggatagagt acatccagta
      661 catgcagggc ctattgcacc aggccagatg agagaaccaa ggggaagtga tatagcagga
      721 actactagta cccttcagga acaaatagca tggatgacaa acaatccacc catcccggta
      781 ggagaaatct ataaaagatg gataatcctg ggattaaata aaatagtaag aatgtatagc
      841 cctgtcagca tcttggatat aagacaaggg ccaaaagaac cctttagaga ttatgtagat
      901 aggttctata aaactttgag agctgaacaa gcttcacagg aggtaaaaaa ctggatgaca
      961 gaaaccttgc tggtccaaaa tgcgaatcca gactgtaagt ccatttttaaa agcattggga
     1021 ccaggggcta cattagaaga aatgatgaca gcatgtcagg gagtgggagg acctggccat
     1081 aaagcaaggg ttttggctga ggcaatgagt caagtacaac agtccaacat aatgatgcag
     1141 agaggcaact ttaagggcca aagaaagttc gttaagtgtt tcaactgtgg caaagaggga
     1201 cacatagcaa aaaattgcag ggcccctaga aaaaagggct gttggaaatg tgggaaggaa
     1261 ggacaccaaa tgaaagactg tactgagaga caggctaatt ttatagggaa aatctggcct
     1321 tccagcaagg ggaggccagg aaatttttct cagagcagac cggaaccaac agccccacca
     1381 gcagagagct tcgggatgga ggaagagata gcctcctctc cgaagcagga gccaggggac
     1441 aagggactat atcctccttt agttcccctc aaatcac
                                          gag ->       .
```

```
LOCUS       HIVCI4       1453 bp ss-RNA             VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate CI4 from Abidjan,
            Ivory Coast, gag region.
ACCESSION   L11757
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Abidjan, Ivory Coast
            isolate CI4 (cocultivation on PBMCs).
REFERENCE   1  (bases 1 to 1453)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The CI4 gag sequence clusters with HIV-1 A subtype sequences.
BASE COUNT      532 a    277 c    367 g    277 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagtggg ggaaaattag atgcgtggga gaaaattcgg
gag start ->
       61 ctaaggccag ggggaaagaa aaaatataga atgaaacatc taatatgggc aggcagagag
      121 ctggaaagat tcgcacttaa ccctagcctt ttagaaacaa cagaaggatg tcaacagata
      181 atggcacagt tacaatcagc tctcaagaca ggaacagaag aacttagatc attatataac
      241 acagtagcaa ccctctattg cgtacatcaa cggatagatg taaaagacac caaggaagct
      301 ttagataaaa tagaggaaat acaaaataag agcaagcaac agcaggcagc agctgacaca
      361 ggaaacagca gacaggtcag tcaaaattac cctatagtgc aaaatgcaca agggcaaatg
      421 gtacaccagt ccatatcacc taggactttg aatgcatggg taaaagtaat agaagaaaag
      481 gctttcagcc cagaagtaat acccatgttt tcagcattat cagaaggagc caccccacaa
      541 gatttaaata tgatgctgaa tatagtgggg ggacaccaag cagctatgca aatgttaaaa
      601 gataccatca atggggaagc tgcagaatgg gacagggtac atccagtaca tgcagggcct
      661 attccactag gccagatgag agaaccaagg ggaagtgaca tagcaggaac tactagtacc
      721 cttcaagaac aaataggatg gatgacaagc aatccacctg tcccggtggg agagatctat
      781 agaagatgga taatcctggg attaaataag atagtaagaa tgtatagccc tgttagcatt
      841 ttggacataa gacaagggcc aaaagaacct ttcagagact atgtagatag gttctttaaa
      901 tgtctcagag ctgagcaagc tacacaggaa gtaaaaaatt ggatgacaga aaccttgctg
      961 atccaaaatg caaatccaga ctgtaagtcc attttaagag cattaggaac aggggctaca
     1021 ttagaagaaa tgatgacagc atgccaggga gtaggaggac ccggccataa agcaagggtt
     1081 ttggctgagg caatgagtca agtacaacat accaacataa tgatgcagaa aggcaatttt
     1141 aggggtcaga aaagaattaa gtgtttcaac tgtggcaaag aaggacacct agccagaaat
     1201 tgcagggccc ctaggaaaaa gggctgttgg aaatgtggga aggagggaca ccaaatgaaa
     1261 gactgcactg agagacaggc taatttttta gggaaaatct ggccttccag caaggggagg
     1321 ccagggaatt ttcctcagag cagaccagag ccaacagccc caccagcaga gctcctgggg
     1381 atgggagagg agataacctc ctccccgaag caggagcaga gggaacagcc tccttcaatt
     1441 tccctcaaat cac
                  gag ->
```

HIVCI51

```
LOCUS       HIVCI51      1453 bp ss-RNA             VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate CI51 from Abidjan,
            Ivory Coast, gag region.
ACCESSION   L11758
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Abidjan, Ivory Coast
            isolate CI51 (cocultivation on PBMCs).
REFERENCE   1  (bases 1 to 1453)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The CI51 gag sequence clusters with HIV-1 A subtype sequences.
BASE COUNT      524 a    277 c    371 g    281 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcaat attaagtggg ggaaaattag attcatggga gaaaattcgg
gag start ->
       61 ttaaggccag ggggaaggaa acaatataga ctaaaacatc tagtatgggc aagcagggag
      121 ctggaaagat tcgcacttaa ccctagcctt ttagaaacag cagaaggatg tcaacaaata
      181 atagaacagt tacaatcagc tctcaaaaca ggatcagaag aacttagatc attatttaat
      241 acagtagcaa ccctttggtg cgtacatcaa aggatagaca taaaagacac caaggaagcc
      301 ttagataaaa tagaggaaat acaaagcaag caaaagaaac agcaggcagc agctgcaaca
      361 ggaagcagca gtcaaaatta ccctatagtg caaaatgcac aagggcaaat gacacatcag
      421 tccatatcac ctaggacttt aaatgcatgg gtgaaggcaa tagaagaaag ggcttttagc
      481 ccagaagtaa tacccatgtt ttcagcatta tcagagggag ccaccccgca agatttaaat
      541 atgatgctaa acatagtggg gggacaccag gcagcaatgc agatgttaaa ggataccatc
      601 aatgaggaag ctgcagaatg ggacagaaca catccagtac atgcagggcc tattccacca
      661 ggccagatga gggaaccaag gggaagtgac atagcaggag ttactagtac ccttcaagaa
      721 caaataggat ggatgacaag caatccacct accccagtgg gagaaatcta taaaaaatgg
      781 ataatcctgg ggttaaataa aatagtaaga atgtatagcc ctgtcagcat tttggacata
      841 agacaagggc caaaggaacc ctttagagat tatgtagata ggttctttaa aactttgaga
      901 gctgaacaag ctacgcagga ggtaaaaaac tggatgacag aaaccttgct ggtccaaaat
      961 gcgaatccag actgtaagtc cattttaaga gcattaggac caggggctac attagaggaa
     1021 atgatgacat catgtcaggg agtgggagga cccggccata aagcaagggt tttggctgag
     1081 gcaatgagtc aagtacaaca gtccaacata atgatgcaga gaggcaattt taggggccag
     1141 agaacaataa agtgtttcaa ctgtggcaaa gaaggacacc tagccagaaa ttgcaaggcc
     1201 cctaggaaaa agggctgttg gaagtgtggg agggaaggac accaaatgaa agattgtact
     1261 gagagacagg ctaatttttt agggaaaatt tggccttcca gcaaggggag gccaggaaat
     1321 tttcctcaga gcagaccgga accaacagcc ccaccagcag agagctttgg gttgggggaa
     1381 gagataacct cctccctgca gcaggagccg agggacaagg ggctataccc tcctttagct
     1441 tccctcaaat cac
                  gag ->
```

```
LOCUS       HIVCI59      1459 bp ss-RNA            VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate CI59 from Abidjan,
            Ivory Coast, gag region.
ACCESSION   L11759
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Abidjan, Ivory Coast
            isolate CI59 (cocultivation on PBMCs).
REFERENCE   1  (bases 1 to 1459)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            This sequence contains a premature stop codon at position 913.
            The CI59 gag sequence clusters with HIV-1 A subtype sequences.
BASE COUNT      524 a    276 c    377 g    282 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcggt attaagtggg ggaaaattag atgcatggga gaaaattcgg
gag start ->
       61 ttaaggccag ggggaaagaa aaaatataga ctaaaacatc tagtatgggc aagcagggag
      121 ctggaaagat tcgcacttaa ccctggcctt ttagaaacag cagatggatg tcaacaacta
      181 atggaacagt tacaatcagc tctcaggaca ggatcagaag aacttaaatc attatttaat
      241 gcaatagcag tcctttggtg cgtacatcaa aggatagaca taaaagacac caaagaagcc
      301 ttagataaat tagaggaagt acaaaataag agcaaacaaa agacacagca ggcagcagct
      361 gccacaggaa gcggcagcca aaattaccct atagtacaaa atgcacaagg gcaaatgaca
      421 catcagccca tgtcaccaag gactttgaat gcatgggtga aggtaataga agaaaaggct
      481 ttcagcccag aagtaatacc catgtttaca gcattatcag agggagccac cccacaagat
      541 ttgaatatga tgctaaacat agtgggggga caccaggcag caatgcagat gttaaaagat
      601 accatcaatg aggaagctgc agaatgggac agggtacatc cagtacaggc agggcctatt
      661 ccaccaggcc agatgaggga accaagggga agtgacatag cagggactac tagtaacctt
      721 caagaacaaa taggatggat gacaagcaat ccacctatcc cagtggggga aatctataaa
      781 agatggatag ttctgggatt aaataaaata gtcagaatgt atagccctgt cagcattttg
      841 gacataagac aagggccaaa agaacccttt agagattatg tagataggtt ctttaaaact
      901 ttgagagctg aataagctac gcaggaggta aaaaactgga tgacagaaac cttgctggtc
      961 caaaatgcga atccagactg taagtccatt ttaagagcat tagggccagg ggctacatta
     1021 gaagaaatga tgacagcttg tcagggagtg ggaggacctg gccataaagc aagggttttg
     1081 gctgaggcaa tgagtcaagt acaacagtcc aacataatga tgcagagagg caattttggg
     1141 ggccagagaa caataaagtg tttcaactgt ggcaaagaag gacacctagc cagaaattgc
     1201 aaggccccta ggaaaagggg ctgttggaaa tgtgggaagg aaggacacca aatgaaagac
     1261 tgtactgaga gacaggctaa ttttttaggg aaaatttggc cttccagcaa agggaggcca
     1321 ggaaattttc ctcagggcag accggaacca acagccccac cagcagagaa ctttgggatg
     1381 gaggaacaga taacctcctc tccgaagcag gaaccgaggg acaagggact gtatcctcct
     1441 ttaacttccc tcaaatcac
                       gag ->
```

HIVDJ258

```
LOCUS       HIVDJ258     1459 bp ss-DNA             VRL       27-MAY-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate DJ258 from Djibouti,
            gag region.
ACCESSION   L11763
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) blood DNA, Djibouti
            isolate DJ258 (cocultivation on PBMCs).
REFERENCE   1  (bases 1 to 1459)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The DJ258 gag sequence groups with HIV1 A subtype gag sequences.
BASE COUNT      525 a    281 c    373 g    280 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagtggg ggaaaattag attcatggga gaagattcgg
gag start ->
       61 ttaaggccag ggggaaagaa aaaatataga ctaaaacatc tagtatgggc gagcagggag
      121 ctggaaagat tcgcacttaa ccctggcctt ttagaaacag cagaaggatg tcaacagtta
      181 atggaacagt tacaatcagc tctcgggaca gaatcaaaag aacttaaatc attatataat
      241 accatagcag tcctttggtg cgtacatcaa aggatagaca taaaagacac caaggaagcc
      301 ttagataaaa tagaggcagt acaaaataag agcaagcaaa agacacagca ggcagcggct
      361 gccacaggaa gcagcagcca aaattaccct atagtgcaaa atgcacaggg gcaaatggta
      421 catcagccca tgtcacctag gactttgaat gcatgggtga aggtaataga ggaaaaggct
      481 ttcagcccag aagtaatacc catgtttaca gcattatcag agggagccac cccacaagat
      541 ctaaatatga tgctaaacat agtgggggga caccaggcag caatgcagat gttaaaagat
      601 accatcaatg aggaagctgc agaatgggac agggtacatc cagtacatgc agggcctatt
      661 ccaccaggcc aaatgaggga accaagggga agtgacatag caggaactac tagtacccct
      721 caagaacaaa taggatggat gacaagcaat ccacctatcc cagtgggaga catctataaa
      781 agatggataa tcctgggatt aaataaaata gtaagaatgt atagccctgt cagcattttg
      841 gacataagac aagggccaaa agaacccttt agagattatg tagataggtt ctttaaaact
      901 ttgagagctg aacaagctac gcaggaggta aaaaactgga tgacagaaac cttgctggtc
      961 caaaatgcga atccagactg taagtccatc ttaagagcat taggaccagg ggctacatta
     1021 gaggaaatga tgacatcatg tcagggagtg ggaggacctg gccataaagc aagggttttg
     1081 gctgaggcaa tgagtcaggt acaacaatcc aacataatga tgcagagagg cgattttagg
     1141 ggccagagaa caataaagtg tttcaactgt ggcaaagaag gacacctagc cagaaattgc
     1201 aaggctccta gaaaaaaggg ctgttggaaa tgtggaaagg agggacacca aatgaaagac
     1261 tgtactgaga gacaggctaa ttttttaggg aaaatttggc cttccaccaa ggggaggcca
     1321 ggaaattttc ctcaaagcag accagagcca acagccccac tagcagagag ctttgggatg
     1381 ggggaagaga taacctcccc tccgaagcag gaaccgaggg aacagggact atatcctccc
     1441 ttaacttccc tcaaatcac
                      gag ->
```

```
LOCUS       HIVDJ259     1465 bp ss-DNA             VRL       27-MAY-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate DJ259 from Djibouti,
            gag region.
ACCESSION   L11764
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) blood DNA, Djibouti
            isolate DJ259 (cocultivation on PBMCs).
REFERENCE   1  (bases 1 to 1465)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The DJ259 gag sequence groups with HIV1 C subtype gag sequences.
BASE COUNT      542 a    293 c    352 g    278 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcaat attaagaggc gaaaaattag atgcctggga aaaaattaag
gag start ->
       61 ctaaggccag gaggaaggaa acgctatatg ctaaaacacc tagtctgggc aagcagggag
      121 ctggaaaaat ttgcacttaa ccctagcctt ttagagacat cagaaggctg taaacaaata
      181 ataagacagc tacaaccagc tcttcagaca ggaacagaag aacttagatc attatataat
      241 acagtagcaa ctctctattg tgtacatgca aggatagaga tacaagacac caaagaagca
      301 ctagacaaga tagaggaaga acaaaacaaa tgtcagcaaa aaacacagaa ggcagaaaca
      361 gctgacaagg gaaaggtcag tcaaaatttt cctatagtac agaatctcca agggcaaatg
      421 gtacaccagc ccctatcacc tagaactttg aatgcatggg taaaagtaat agaggagaag
      481 gctttcagcc cagaagtaat acccatgttt acagcattat cagaaggagc caccccacaa
      541 gatttaaaca ccatgttaaa tacagtgggg ggacatcaag cagccatgca aatgttaaaa
      601 gataccatca atgaggaggc tgcagaatgg gataggttac atccagtgca tgcagggcct
      661 attgcaccag gccaaatgag agaaccaagg ggaagtgaca tagcaggaac tactagtaac
      721 cttcaggaac aaatagcatg gatgacaagt aacccccta ttccagtggg agacatctat
      781 aaaagatgga taattctggg gttaaataaa atagtaagaa tgtatagccc tgtcagcatt
      841 ttggacataa gacaagggcc aaaggaacct tttagagact atgtagatcg gttctttaaa
      901 accttaagag ctgaacaagc atctcaagat gtaaaaaatt ggatgacaga caccttgttg
      961 gtccaaaatg cgaacccaga ttgtaagacc attttaagag cattagggcc aggggcttca
     1021 ctagaagaaa tgatgacagc atgtcaggga gtgggaggac ctagccacaa agcaagagtg
     1081 ttggctgagg caatgagcca agcaaccaac acaaacataa tgatgcagaa aagcaatttt
     1141 aagggcccta gaaaaactat taaatgtttc aactgtggca aggaagggca cctagccaga
     1201 aattgcaggg cccctaggaa aaagggctgt tggaaatgtg gaagggaagg acaccaaatg
     1261 aaagactgta ctgagagaca ggctaatttt ttagggaaaa tttggccttc caacaagggg
     1321 aggccaggga atttccttca gagcagacct gagccaacag ccccaccagc agagagcttc
     1381 gggttcgagg agccgacccc ccctcagaag caggagctaa aagacaagga accctacaag
     1441 gagcccttaa ctgccctcag atcac
                               gag ->
```

HIVG109

```
LOCUS       HIVG109      1495 bp ss-RNA            VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate G109 from
            Libreville, Gabon, gag region.
ACCESSION   L11765
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Libreville, Gabon
            isolate G109 (cocultivation on PBMCs).
REFERENCE   1  (bases 1 to 1495)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The G109 gag sequence clusters with HIV-1 D subtype sequences.
BASE COUNT      564 a    294 c    360 g    277 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagcggg ggacaattag atgcatggga aagaattcgg
gag start ->
       61 ttacggccag ggggaaagaa aaaatatcaa ctaaaacata tagtatgggc aagcagggaa
      121 ctagaacgat ttgcacttaa tcctggcctt ttagagacag cagaaggctg taaacaaata
      181 atagaacagc tacacccaaa tcttcagtca ggatcggaag accttaaatc attatataat
      241 acagtagcaa ccctctattg tgtacataac aggatagagg taaaagacac caaggaagct
      301 ttagaaaaga tggaggaaga acaaaacaaa agtaagaaaa aggcacagca agcacagcaa
      361 gcaacagctg acacaagaaa cagcaaccag gtcagccaaa attatcctat agtgcaaaac
      421 ctgcaggggc aaatggtaca ccaggccctg tcacctagaa ctttgaacgc atgggtaaaa
      481 gtaatagaag agaaggcttt caacccagag gtaataccca tgtttgcagc attgtcagaa
      541 ggagccaccc cacaagatct aaacaccatg ttaaatacag cgggggggca tcaagcagct
      601 atgcaaatgt taaaagagac catcaatgag gaagctgcag aatgggatag gctacatcca
      661 gtgcatgcag ggcctattgc accaggccag atgagagaac caaggggaag tgatatagca
      721 ggaactacta gtacccttca ggaacaaata gcctggatga cagccaatcc acctatccca
      781 gtaggagaaa tatataaaaa atggataatc atgggattaa ataaaatagt aagaatgtat
      841 agccctgtca gcattttgga cataagacaa ggaccaaaag aacccttttag agactatgta
      901 gaccggttct ataaaactct aagagccgag caagcttcac aggatgtaaa aaactggatg
      961 accgaaacct tgttggtcca aaatgcgaac ccagattgta aaactatctt aaaagcattg
     1021 ggaccagcag ctacattaga agaaatgatg acagcatgtc agggagtggg gggacccagt
     1081 cataaagcaa gagttttggc tgaggcaatg agccaagcaa caagttcaaa tgctgccata
     1141 atgatgcaga aaggtaattt taaaggccca agaaaagttg ttaagtgttt caactgtggc
     1201 agagaagggc acatagcaaa aaattgcaga gcccctagga aaaggggctg ttggaaatgt
     1261 ggaaaagaag ggcaccaaat gaaagattgc actgaaagac aggctaattt tttagggaaa
     1321 atttggcctt ccaacaaggg gaggccagga aacttccttc agagcagacc agagccaaca
     1381 gccccaccag cagagagctt cgggtttggg gaggaaatga ccccccctca gaaacaagag
     1441 cagaaagaca aggaaaaaga caaggaactg tatcccttaa cttccctcag atcac
                                                              gag ->
```

```
LOCUS       HIVG141      1459 bp ss-RNA            VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate G141 from Libreville,
            Gabon, gag region.
ACCESSION   L11766
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Libreville, Gabon
            isolate G141 (cocultivation on PBMCs).
REFERENCE   1  (bases 1 to 1459)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The G141 gag sequence clusters with HIV-1 A subtype sequences.
BASE COUNT      538 a    287 c    359 g    275 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagcggg ggaaaattgg atgattggga aaaaattcag
gag start ->
       61 ttacggccag ggggaaccaa aaggtataag ctaaaacata tagtatgggc aagcagggag
      121 ctggaacgat ttgcacttga tcccagcctt ctagagacat cagagggctg taaacaaata
      181 ctaggacagc tacaaccagc tcttaagaca ggatcagaag aactcaaatc cttatataat
      241 acagtagcaa ccctctattg tgtacatgca agaatagaaa taaaagacac caaggaagct
      301 ttagataaaa tagaggaaat acaaaacaag agcaagcagg cagcagctgc cacaggaagc
      361 aggagcagta ccagtcaaaa ttaccccata gtgcaaaatg cacaagggca aatggtacat
      421 caggccatat cacctaggac tttaaatgca tgggtgaaag taatagaaga aaaggctttc
      481 agcccagaag taatacccat gttctcagca ttatcagaag gagccacccc acaagattta
      541 aatatgatgc tgaacatagt tggaggacac caggcagcta tgcaaatgtt aaaagatacc
      601 atcaatgagg aagctgcaga ctgggacagg acacatccag tacatgcagg gcctgctcca
      661 ccaggccaaa tgagagaacc aaggggaagt gacatagcag gaactactag tacccttcaa
      721 gaacaaatag gatggatgac aagcaaccca cctatcccag tgggagaaat ctataaaaga
      781 tggataatcc tgggattaaa taaaatagta agaatgtata gcccctgtcag cattttggac
      841 ataagacaag ggccaaaaga acctttttagg gactatgtag ataggttctt taaaactctc
      901 agagctgagc aagctacaca ggaggtaaaa aattggatga cagaaacctt gctggtccaa
      961 aatgcgaatc cagactgtaa gaccattcta agagcattag gaccaggggc tacattagaa
     1021 gaaatgatga cagcatgcca gggagttgga ggacctggcc ataaagcaag agttttagct
     1081 gaagcaatga gtcaagtaca aaatgccaac ataatgatgc agaaaggcaa ttttaagggc
     1141 cagaaaagaa ttaagtgttt caactgtggc aaagaaggac acctagccag aaattgcagg
     1201 gcccctagga aaaagggctg ttggaaatgt gggaaggaag gacaccaaat gaaagactgc
     1261 actgagagac aggctaattt tttagggaaa atttggcctt ccaacaaagg gaggccaggg
     1321 aactttcctc agagcagacc ggagccatca gccccaccag cagagagctt cgggtttggg
     1381 gaggagataa ccccctctca gaaacaggag cagaaggaca aagacaagga actgtatcct
     1441 ttagcttccc tcaaatcac
                       gag ->
```

HIVIC144

```
LOCUS       HIVIC144     1459 bp ss-RNA             VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, Ivory Coast isolate IC144, gag
            region.
ACCESSION   L11767
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Ivory Coast isolate
            IC144 (cocultivation on PBMCs).
REFERENCE   1  (bases 1 to 1459)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            IC144 contains a premature stop codon at position 727.
            The IC144 gag sequence clusters with HIV-1 A subtype sequences.
BASE COUNT      538 a    275 c    364 g    282 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagcgga ggaaaattgg atgcatggga gaaaattcgg
gag start ->
       61 ttaaggccag ggggaaagaa aaaatataga ctaaaacatc tagtatgggc aagcagggag
      121 ttggaaagat tcgcacttaa ccctggcttt ttagaaacag cagaaggatg tcaacaacta
      181 atggaacagt tacaatcaac tctcaagaca ggatcagaag aagttaaatc attatttaat
      241 acaatagcaa ccctttattg catacatcaa aggatagaca taagagacac caaggaagcc
      301 ttagataaaa tagaggaaat acaaaataag agcaagcaaa agacacagca ggcagctgct
      361 gtcacaggaa gcagcagcca aaattaccct atagtgcaaa atgcacaagg gcaaatgaca
      421 catcagccca tatcacctag gactttaaat gcatgggtga aggtaataga agaaaaggct
      481 ttcagcccag aagtaatacc catgttttca gcattatcag agggagccac cccgcaagat
      541 ttaaatatga tgctaaacat agtgggggga caccaggcag caatgcagat gttgaaagat
      601 accatcaatg aggaagctgc agaatgggac agggtacatc cagtacatgc agggcctatt
      661 ccaccaggcc agatgaggga accaagggga agtgacatag caggaactac tagtaacctt
      721 caagaataaa taggatggat gacaagcaat ccacctatcc cagtgggaga aatctataaa
      781 agatggatag tcctgggatt aaataaaata gtaagaatgt atagccctgt cagcattttg
      841 gacataagac aagggccaaa agaacccttt agagattatg tagataggtt ctttaaaact
      901 ctgagagctg aacaagcttc gcaggaggta aaaaactgga tgacagaaac cttgctggtc
      961 caaaatgcga atccagactg taagaccatt ttaagagcat taggaccagg ggctacatta
     1021 gaagaaatga tgacagcatg tcagggagtg ggaggacctg gccataaagc aagggtttgg
     1081 gctgaggcaa tgagtcaagt acaacagtcc aacataatga tgcagagagg caattttagg
     1141 ggccagagaa caataaagtg tttcaactgt ggcaaagaag gacacctagc cagaaattgc
     1201 aaggccccta ggaaaaaggg ctgttggaaa tgtgggaagg aaggacacca aatgaaagac
     1261 tgtactgaga gacaggctaa ttttttaggg aaaatttggc cttccagcaa ggggaggcca
     1321 agaaattttc ctcagagcag aacggaacca acagccccac cagcagagag ctttgggatg
     1381 gaggaaaaga caacctcctc tccgcagcag gaaccgaggg acaaggagct atatcctcct
     1441 ttaacttccc tcaaatcac
                       gag ->
```

```
LOCUS       HIVK112      1468 bp ss-RNA             VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate K112 from Nairobi,
            Kenya, gag region.
ACCESSION   L11768
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Nairobi, Kenya
            isolate K112.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1468)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The K112 gag sequence clusters with HIV-1 A subtype sequences.
BASE COUNT      550 a    278 c    363 g    277 t      0 others
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagtggg ggaaaattag atgcatggga gaaaattcgg
gag start ->
       61 ttaaggccag ggggaaagaa aaaatataga atcaaacatc tagtatgggc aagcagggag
      121 ctggaaaaat ttgcacttaa ccctagcctt ttagagacaa cagaaggatg tcaacaaata
      181 atggaacagt tacaatcagc tctcaagaca ggaacagaag aacttagatc attatttaat
      241 acagtagcaa ccctctattg cgtacatcaa aggatagatg taaaggacac caaggaagct
      301 ctagataaaa tagaggaaat acaaaataag agcaagcaaa agacacaaca ggcagcagct
      361 gatacagaaa gcagcagcaa ggtcagccaa aattacccta tagtgcaaaa tgcacaaggg
      421 caaatgatac accagaactt gtcacctagg actttgaatg catgggtaaa agtaatagaa
      481 gaaaaggctt tcagcccaga agtaataccc atgttctcgg cattatcaga aggagccacc
      541 ccacaagatt taaatatgat gctaaacata gtgggggggac accaggcagc tatgcaaatg
      601 ttaaaagata ccatcaatga ggaagctgca gaatgggaca ggttacatcc agtacatgca
      661 gggcctattc caccaggcca gatgagagaa ccaaggggaa gtgacatagc aggaactact
      721 agtacccctc aagaacaaat aggatggatg acaagcaacc cacctatccc agtgggagac
      781 atctataaaa gatggataat cctgggatta aataaaatag taagaatgta tagccctgtt
      841 agcattttgg atataaaaca agggccaaaa gaacccttca gagattatgt agataggttc
      901 tttaaaactc tcagagctga gcaagctaca caggaggtaa aaggttggat gacagaaaca
      961 ttactggtcc aaaatgcaaa tccagattgt aagtccattt taagaggatt aggaacagga
     1021 gctacattag aagaaatgat gacagcatgc cagggagtgg gaggacccgg ccataaagca
     1081 aggattttgg ctgaggcaat gagtcaagta caacatacaa acataatgat gcagagaggc
     1141 aactttaggg gccagaaaag gattaagtgt ttcaactgtg gcaaagaagg acacctagcc
     1201 agaaattgca gggcccctag gaaaaggggc tgttggaaat gtgggaagga gggacatcaa
     1261 atgaaagact gcactgaaag acaggctaat tttttaggga aaatttggcc ttccagcaag
     1321 gggaggccag gaaattttcc tcagaacaga ctggaaccaa cagccccacc agcagagatc
     1381 tttgggatgg gggaagagat ggcctcccct ccgaagcagg agcagaaaga cagggaacag
     1441 accccaccct caatctcccc caaatcac
                                  gag ->
```

HIVK124

```
LOCUS       HIVK124      1477 bp ss-RNA            VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate K124 from Nairobi,
            Kenya, gag region.
ACCESSION   L11769
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Nairobi, Kenya
            isolate K124.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1477)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The K124 gag sequence clusters with HIV-1 A subtype sequences.
BASE COUNT      553 a    275 c    363 g    286 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagcggg ggaaaattag atgcatggga gaaaattcgg
gag start ->
       61 ttaaggccag ggggaaagaa aaagtataga ctgaaacatt tagtatgggc aagcagggag
      121 ctggaaagat ttgcacttaa ccctagcctt ttagaaacaa cagaaggatg tcaacaaata
      181 atggaacagt tacaatcatc tctcaagaca ggaacagaag aaattagatc attatttaat
      241 gcagtagcag tcctctattg tgtacatcaa cggatagagg taaaagacac caaggaagct
      301 ctagacaaaa tagaggaaat gcaaaataag agcaaacaaa agacacaaca ggcagcagct
      361 gacacaggaa acagcagcaa ggtcagccaa aattacccta tagtgcaaaa tgcacaaggg
      421 caaatgatac accagagttt gtcacctagg actctgaatg catgggtaaa agtaatagaa
      481 gaaaaggctt tcagcccaga agtaataccc atgttctcag cattatcaga aggagccacc
      541 ccacaagatt taaatatgat gctgaacata gtgggggggac accaggcagc tatgcaaatg
      601 ttaaaaaata ccatcaatga ggaagctgca gaatgggaca ggttacatcc agtacatgca
      661 gggcctattc caccaggcca gatgagagaa ccaaggggaa gcgacatagc aggaactact
      721 agtacccctc aagaacaaat aggatggatg acaagtaacc cacctatccc agtgggagac
      781 atctataaaa gatggataat cctgggatta aataaaatag taagaatgta tagccctgtt
      841 agcattttgg acataaaaca agggccaaaa gaacccttca gagattatgt agataggttc
      901 tttaaaactc tcagagctga gcaagctaca caggaggtaa aaggttggat gactgaaaca
      961 ttactggtcc aaaatgcaaa tccagattgt aagtccattt taagagcatt gggagcaggg
     1021 gctacattag aagaaatgat gacagcatgc cagggagtgg gaggacccag tcataaagca
     1081 agagtcttgg ctgaggcaat gagccaagca acaaataata taaatgctgc tgtaatgatg
     1141 cagagaggca attttaaggg cccaaagaaa atcattaaat gtttcaactg tggcaaagaa
     1201 gggcacatag caaaaaattg cagggctcct aggaaaaggg gctgttggaa atgtggaagg
     1261 gaaggacacc aaatgaaaga ttgcactgaa agacaggcta atttttagg gaaaatttgg
     1321 ccttcccaca agggaaggcc agggaacttc cttcagagca gaccagaacc aacagcccca
     1381 ccagcagaga gcttcgggtt tggggaggag ataacaccct ctcagaaaca ggagccgaaa
     1441 gacaaggaac tgtatccttt agcttccgtc aaatcac
                                             gag ->
//
```

```
LOCUS       HIVK29       1468 bp ss-RNA             VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate K29 from Nairobi,
            Kenya, gag region.
ACCESSION   L11770
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Nairobi, Kenya
            isolate K29.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1468)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The K29 gag sequence clusters with HIV-1 A subtype sequences.
BASE COUNT      544 a    283 c    362 g    279 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagtggg ggaaaattag atgcatggga gaaaattcgg
gag start ->
       61 ttaaggccag ggggaaagaa aaaatataga atgaaacatt tagtatgggc aagcagggag
      121 ctggaaagat ttgcacttaa ccctagcctt ttagaaacaa cagaaggatg tcaacaaata
      181 atagaacagt tacaaccagc tctcaaaaca ggaacagaag aacttagatc attatttaat
      241 acagtagcaa ccctctattg cgtacatcaa cggatagagg taaaagacgc caaggaagct
      301 ctagataaaa tagaggaatt gcaaaataag agcaagcaaa agacacaaca ggcagcagct
      361 gctacaggaa acagcagcaa ggtcagccaa aattacccta tagtgcaaaa tgcacaaggg
      421 caaatgacac accagtcctt gtcacctagg actttgaatg catgggtaaa agtaatagaa
      481 gaaaaggctt tcagcccaga agtaataccc atgttctcag cattatcaga aggagccacc
      541 ccacaagatt taaatatgat gctgaacata gtgggggggac atcaggcagc tatgcaaatg
      601 ttaaaagata ccatcaatga ggaagctgca gaatgggaca ggttacatcc agtacatgca
      661 gggcctattc caccaggcca gatgagagaa ccaaggggaa gtgacatagc aggaactact
      721 agtacccctc aagaacaaat aggatggatg acaggcaacc cacctatccc agtgggagac
      781 atctataaaa gatggataat cctgggatta aataaaatag taagaatgta tagccctgtt
      841 agcattttgg atataaaaca agggccaaaa gaacccttca gagattatgt agataggttc
      901 tttaaaactc tcagagctga gcaagctaca caggaggtaa aaggctggat gacagaaaca
      961 ttactgatcc aaaacgcaaa tccagattgt aagtccattt taagagcatt aggagcaggg
     1021 gctacattag aagaaatgat gacagcatcc cagggagtgg gaggacccgg ccataaagca
     1081 agggttttgg ctgaggcaat gagtcaagtg caacatacaa acataatgat gcagagaggc
     1141 aattttaggg gccagaaaag gattaagtgt ttcaactgtg gcaaagaagg acacctagcc
     1201 agaaattgta gagcccctag gaaaaagggc tgttggaaat gtggaaagga gggacaccaa
     1261 atgaaagact gcactgacag acaggctaat tttttaggga aactttggcc ttccagcaag
     1321 gggaggccag gaaattttcc tcagaacaga ctagagccaa cagccccacc agcagagatc
     1381 tttgggatgg gggaagagat aacctctcct ccgaagcagg agcagaaaga cagggaacag
     1441 gccccaccct taacttccct caaatcac
                                  gag ->
```

HIVK31

```
LOCUS       HIVK31       1471 bp ss-RNA             VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate K31 from Nairobi,
            Kenya, gag region.
ACCESSION   L11771
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Nairobi, Kenya
            isolate K31.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1471)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Cershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The K31 gag sequence clusters with HIV-1 D subtype sequences.
BASE COUNT      548 a    280 c    363 g    280 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagcggg ggaaaattag atgaatggga aaaaattcag
gag start ->
       61 ttacggccag ggggacacaa aaaatataaa ctaaaacata tagtatgggc aagcagggag
      121 ctagaacgat ttgcaattaa tcctggcctt ttagaaacac cagaaggctg taaacaaata
      181 atgggacagc tacacccagc tattcagaca ggatcagagg aaattaaatc attatataat
      241 acagtagcaa ccctctattg cgtacatgca gggataaagg taacaaacac caaggaagct
      301 ttagacaaga tagaggaaga acaaaccaaa agtaagaaaa aagcacagca agaaacagct
      361 gacacaagaa acagcagcca ggtcagccaa aattatccta tagtgcaaaa cctacagggg
      421 caaatggtac accaggtcat gtcacctagg accttgaacg catgggtaaa agtaatagag
      481 gagaaggctt ttagcccaga agtaataccc atgttttcag cattatcaga aggagccacc
      541 ccacaagatt taaacaccat gctaaacacg gtgggggggc atcaagcagc catgcaaatg
      601 ttaaaagaga ccatcaatga ggaagctgca gaatgggata ggctacatcc agcgcatgca
      661 gggcctattg caccaggcca aatgagagaa ccaaggggaa gtgatatagc aggaacaact
      721 agtacccttc aggagcaaat aggatggatg acaaacaatc cacctatccc agtaggagaa
      781 atctacaaaa gatggataat cctaggatta aataaaatag taagaatgta tagccctgtc
      841 agcattttgg acataagaca aggaccaaag gaacccttta gagactatgt agatcggttc
      901 tataaaactt taagagctga gcaagcttca caagatgtaa aaaattggat gaccgaaacc
      961 ttgttggttc aaaatgcgaa cccagattgt aaaactatct taaaagcatt gggaccaggg
     1021 gctacattag aagaaatgat gacagcatgt cagggagtgg gaggacccgg tcataaagca
     1081 agagttttgg ctgaggcaat gagccaagca aatggaaata ctgctataat gatgcagaga
     1141 ggcaatttta agggccaaag gaaaatcatt aagtgtttca actgtggcaa agaaggacac
     1201 ctagcaaaaa attgcagggc tcctaggaag aagggctgtt ggaaatgtgg aagggaagga
     1261 caccaaatga aagattgcac tgaaagacag gctaattttt tagggagact ttggccttcc
     1321 cgcaagggag ggcctggaaa cttccttcag agcagaccgg agccgacagc cccaccagca
     1381 gagagtttcg ggtttgggga ggagataaca ccctctcaga aacaggagca gaaagacaag
     1441 gagatgtatc ccttagcttc cctcaaatca c
                                       gag ->
```

```
LOCUS       HIVK7A       1465 bp ss-RNA             VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate K7 from Nairobi,
            Kenya, gag region.
ACCESSION   L11772
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Nairobi, Kenya
            isolate K7.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1465)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            This sequence contains a premature stop codon at position 46.
            The K7 gag sequence clusters with HIV-1 A subtype sequences.
BASE COUNT      576 a    281 c    331 g    277 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ataggtgcga gagcgtcagt attaagcggg ggacaattag atagatagga gaaaattcgg
      gag ->
       61 ttaaggccag ggggaaagaa aaaatataga ctgaaacatc tagtatgggc aagcagggag
      121 ctggaaagat tcgcacttaa ccctagcctt ttagaaacaa cagaaaggtg tcaacaaata
      181 atggaacagt tacaatcagc tctcaagaca ggaacagaag aacttaggtc attatataat
      241 acagtagcaa ccctctattg tgtacatcga cagatagagg taaaagacac caaagaagct
      301 ctagataaaa tagaggaaat acaaaataag agcaagcaaa agacacaaca ggcagcagct
      361 gacacaggaa acagcagcaa agtcagccaa aattacccta tagtgcagaa tgcacaaagg
      421 caaatgatac accagaactt gtcacctagg actttaaatg cataggtaaa agtaatagaa
      481 gaaaaggctt tcagcctaga agtaataccc atgtttcag cattatcaga aggagccacc
      541 ccacaagatt taaatgtgat gctgaacata gtagggggac accaggcagc tatgcaaatg
      601 ttaaaagaca ccatcaatga agaagctgca gaataggaca ggttacatcc agtacatgca
      661 gggcctatcc caccaggcca gatgagagaa ccaagaggaa gtgacatagc aggaactact
      721 agtacccctc aagaacaatt acaatggatg acaagcaatc cacctatccc agtaggagac
      781 atctataaaa gatggataat cctaggatta ataaaaatag taagaatgta tagccctgtt
      841 agcattttag atataagaca aaggccaaaa gaacccttca gagactatgt agataggttc
      901 tttaaagctc tcagagctga acaagcttca caggatgtaa aaggttagat gacagaaaca
      961 ttactagtcc aaaatgcaaa tccagattgt aagtccattt taaaagcatt aggaacaggg
     1021 gccacattag aagaaatgat gacagcatgc cagggagtag gaggacccag ccacaaagca
     1081 aaggttttag ctgaggcaat gagtcaagca caacagacaa atataatgat gcagagaggc
     1141 aattttaaag gccaaaaaac gattaagtgt tttaattgtg gcaaagaagg acacctagcc
     1201 agaaattgca gggccccctag aaaaaaaggc tgttagaaat gtaggaagga aggacaccaa
     1261 ttgaaagact gcactgagag acaggctaat tttttaagga gaatttagcc ttccagcaag
     1321 gggaggccag gaaattttcc tcagagcaga ccagagccaa cagccccacc agcagagatc
     1381 tttaggatag aggaagagat agcctcccct ccgaagcagg aacagaaaga caaggaacag
     1441 ccaccttcag tttccctcaa atcac
                               gag ->
```

HIVK88

```
LOCUS       HIVK88       1468 bp ss-RNA             VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate K88 from Nairobi,
            Kenya, gag region.
ACCESSION   L11773
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Nairobi, Kenya
            isolate K88.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1468)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The K88 gag sequence clusters with HIV-1 A subtype sequences.
BASE COUNT      543 a    279 c    370 g    276 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagtggg ggaaaattag atgcatggga gaagattcgg
gag start ->
       61 ttaaggccag ggggaaagaa aaaatataga atgaaacatt tagtatgggc aagcagggag
      121 ctggacagat ttgcacttaa ccccagcctt ttagaaacag cagaaggatg tcaacaaata
      181 atggaacagt tacaatcagc tctcaagaca ggaacagaag aacttagatc attattcaat
      241 acagtagcaa ccctctattg tgtacatcaa agaatagatg taaaagacac caaggaggct
      301 ctagacaaaa tagaggaaat acaaaataag agcaagcaaa agacacaaca ggcagcagct
      361 gacacaggaa acagcagcaa ggtcagccaa aattacccta tagtgcaaaa tgcacaaggg
      421 caaatgatac atcagacctt gtcacctagg actttgaatg catgggtaaa agtaatagaa
      481 gaaaaggctt tcagcccaga agtaatacca atgttctcag cattatcaga aggagccacc
      541 ccacaagatt taaatatgat gctgaacata gtgggggggac accaggcagc tatgcaaatg
      601 ttaaaagata ccatcaatga ggaagctgca gaatgggaca ggttacatcc agtacatgca
      661 gggcctattc caccaggcca gatgagagaa ccaaggggaa gtgacatagc aggaactact
      721 agtacccctc aagaacaaat aggatggatg acaagcaatc cacctatccc agtgggagac
      781 atctataaaa gatggataat cctgggatta aataaaatag taagaatgta tagccctgtt
      841 agcattttgg atgtaaaaca aggaccaaaa gaacccttca gagattatgt agataggttc
      901 tttaaaaccc tcagagctga gcaagctaca caggaggtaa aaggttggat gacagaaaca
      961 ttactggtcc aaaatgcaaa tccagattgt aagtccattt taagagcatt aggaacaggg
     1021 gctacattag aagaaatgat gacagcatgc cagggagtag gaggacccgg ccataaagca
     1081 agggttttgg ctgaggcaat gagtcaggta caacatacaa acataatgat gcagagaggc
     1141 aattttaggg gccagaaaag gattaagtgt ttcaactgtg gcaaagaagg acacctagcc
     1201 agaaattgca gggcccctag gaaaaagggc tgttggaaat gtgggaagga gggacaccaa
     1261 atgaaagact gcactgaagg acaggcgaat tttttaggga aaatttggcc ttccagcaag
     1321 gggaggccag gaaattttcc ccagaacaga ctggagccaa cagccccacc agcagagatc
     1381 tgtgggatgg gggaagagat agcctccct ccgaagcagg agcagagaga cagggaacag
     1441 accccacctt tagtttccct caaatcac
                                 gag ->
```

```
LOCUS       HIVK89       1462 bp ss-RNA             VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate K89 from Nairobi,
            Kenya, gag region.
ACCESSION   L11774
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Nairobi, Kenya
            isolate K89.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1462)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The K89 gag sequence clusters with HIV-1 A subtype sequences.
BASE COUNT      545 a    274 c    363 g    280 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagcggg ggaaaattag atacgtggga gaaaattcgg
gag start ->
       61 ttaaggccag ggggaaagaa aaaatataaa ctgaaacatt tagtatgggc aagcagggag
      121 ctggaaagat tcgcacttaa ccctagcctt ttagaaacaa cagaagggtg tcaacaaata
      181 atggaacaat tacaaccagc tctcaagaca gggacagaag aacttagatc attatttaat
      241 acagtagcaa ccctctggtg cgtacatcaa caaataaatg taaaagacac caaggaagct
      301 ctggataaaa tagaggaaat acaaaataag aacaagcaaa aaacacaaca ggcagcagct
      361 gatacaggaa acaacagcaa ggttagccaa aattacccta tagtgcaaaa tgcacaaggg
      421 caaatgatac ttcagacctt gtcacctagg acattaaatg catgggtaaa agtaatagaa
      481 gaaaaggctt tcagcccaga agtaataccc atgttctcag cattatcaga aggagccacc
      541 ccacaagatt taaatatgat gctgaatata gtgggggggac accaggcagc tatgcaaatg
      601 ttaaaagata ccatcaatga ggaagctgca gaatgggaca ggttacatcc agtacatgca
      661 gggcctattc caccaggcca aatgagagaa ccaaggggaa gtgacatagc aggaactact
      721 agtacccctc aagaacaact agggtggatg acaagcaacc cacctatccc agtgggggac
      781 atctataaaa gatggataat cctgggatta aataaaatag taagaatgta tagccctgtt
      841 agcattttgg atataaaaca agggccaaaa gaacccttca gagattatgt agataggttc
      901 tttaaaactc tcagagctga gcaagctacg caagacgtaa aaaattggat gacagaaaca
      961 ttgctggtcc aaaatgcaaa tccagattgt aagtccattt taagagcatt aggaacaggg
     1021 gctacgttag aagaaatgat gacagcatgc cagggagtgg gcggacccgg ccataaagca
     1081 agggttttgg ctgaggcaat gagtcaggta caacatacaa acataatgat gcagaggggc
     1141 aattttagag gccagaaaag gattaagtgt ttcaactgtg gcaaagaagg acacctagcc
     1201 agaaattgta gggcccctag gaaaaagggc tgttggaaat gtgggaagga gggacaccaa
     1261 atgaaagaat gcactgaaag acaggctaat tttttaggga gaatttggcc ttccagcaag
     1321 gggaggccag gaaattttcc tcagaacaga ctggagccaa cagccccacc agcagagatc
     1381 tgtgggatgg gggaagagat agcctcccct tcgaagcagg agcagaaaga ccgggaacag
     1441 gcttcaattt ccctcaaatc ac
                           gag ->
```

HIVK98

```
LOCUS       HIVK98       1465 bp ss-RNA             VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate K98 from Nairobi,
            Kenya, gag region.
ACCESSION   L11775
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Nairobi, Kenya
            isolate K98.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1465)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The K98 gag sequence clusters with HIV-1 A subtype sequences.
BASE COUNT      547 a    277 c    362 g    279 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gaacgtcagt attaagtggg ggaaaattag atgcatggga gaaaattcgg
gag start ->
       61 ttaaggccag ggggaaataa aagatataaa ctaaaacata tagtatgggc aagcagggag
      121 ctggaaagat tcgcacttaa ccctggcctt ttagaaacaa cagaagggtg tcagcaaata
      181 atgaaacagt tacaatcagc tctccagaca ggaacagaag aacttagatc gttatataat
      241 acagtagcaa ccctctattg cgtacatcaa cggatagatg taaaagacac caaggaagct
      301 ctagataaaa tagaggaaat acaaaataag agcaagcaaa aggaacaaca ggcagcagct
      361 gacacaggaa acagcagcaa ggtcagccaa aattacccta tagtgcaaaa tgcacaaggg
      421 caaatgatac accagaactt gtcacctagg actttaaatg catgggtaaa agtaatagaa
      481 gaaaaagctt tcagcccaga agtaataccc atgttctcag ctttatcaga aggagccacc
      541 ccacaagatt taaatgtgat gctgaacata gtgggggggac accaggcagc tatgcaaatg
      601 ttaaaagaca ccatcaatga agaagctgca gaatgggata ggttacatcc agtacatgca
      661 gggcctattc caccaggcca gatgagagaa ccaaggggaa gtgacatagc aggaactact
      721 agtacccctc aagaacaatt acaatggatg acaagcaacc cacctatccc agtgggagac
      781 atctataaaa gatggataat cctgggatta aataaaatag taagaatgta tagccctgtt
      841 agcattttgg atataaaaca agggccaaaa gagcccttca gagactatgt agataggttc
      901 tttaaagctc tcagagctga gcaagctaca caggaggtaa aaggttggat gacagaaaca
      961 ttactggtcc aaaatgcaaa tccagattgt aagtccattt taaaagcatt aggaacaggg
     1021 gctacattag aagaaatgat gacagcatgc cagggagtgg gaggacccgg ccataaagca
     1081 agggttttag ctgaggcaat gagccaagta caacaggcaa acataatgat gcaaagaggc
     1141 aattttaggg gccaaaaaag gattaagtgt tttaattgtg gcaaagaagg acacctagcc
     1201 agaaattgca gggcccctag gaaaaagggc tgttggaaat gtgggaagga gggacaccaa
     1261 atgaaagatt gcactgagag acaggctaat tttttaggga gaatttggcc ttccagcaag
     1321 gggaggccag gaaatttttcc tcagagcaga ccggagccaa cagccccacc agcagagatc
     1381 tttgggatgg gggaagagat aacctccccc ccgaagcagg agcagaaaga cagggaacaa
     1441 ccacctttag tttccctcaa atcac
                              gag ->
```

```
LOCUS       HIVLBV105    1483 bp ss-RNA            VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate LBV10-5 taken from a
            Gabonese national residing in Libreville, gag region.
ACCESSION   L11776
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Libreville, Gabon
            isolate LBV10-5.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1483)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD 20850.
            The LBV10-5 gag sequence clusters with HIV-1 A subtype sequences.
BASE COUNT      540 a    286 c    373 g    284 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt gttaagcggg ggaaaattag atacatggga gaaaattcgg
gag start ->
       61 ctaaggccag ggggaaagaa aaaatataga atgaaacatc tagtatgggc aagcagggag
      121 ctggaaagat ttgcacttaa ccctggcctt ttagaaacag cagaaggatg tcaacaaata
      181 ctagaacagt tacaaccatc tgttaaaaca ggatcagaag aacttagatc attatttaat
      241 acagtagtaa ccctcttgtg tgtacatcaa cggatagagg taagagacac caaggaagct
      301 atagacaaaa tagaggaaat acaaaataag agcaagcaaa agacacagca ggcagcagct
      361 gacacaggaa gcagcaacaa gggcagccaa aatgtcagcc aaaattaccc tatagtgcaa
      421 aatgtacaag ggcaaatggt acaccagcct gtatcaccta gaactttaga tgcatgggta
      481 aaggtgatag aagagaaggg tttcaaccca gaagtaatac ccatgttctc agcattatca
      541 gagggagcta ccccacaaga tttaaatatg atgctgaaca tagtgggggg acaccaggca
      601 gctatgcaaa tgttaaaaga taccatcaat gaggaagctg cagaatggga caggacacat
      661 ccagtacgtg cagggcctat tccaccaggc cagatgagag aaccaagggg aagtgacata
      721 gcaggaacta ctagtaccct tcaagaacaa ataggatgga taacaagtaa cccacctgtc
      781 ccagtgggag acatctataa aagatggata atcctggggt taaataaaat agtaagaatg
      841 tatagccctg tcagcatttt ggacataaag caagggccaa aagaaccctt tagagactat
      901 gtagacaggt tctttaaaac tttaagagct gagcaagcta cacaggacgt aaagaattgg
      961 atgacagaca ccctgttggt ccaaaatgcg aacccagatt gtaaaaccat tttaagagca
     1021 ttgggaccag gggcttcatt agaagaaatg atgacagcat gtcagggagt gggaggaccc
     1081 ggccataaag caagggtctt ggctgaagca atgagtcaag tacaacatcc aaacataatg
     1141 atgcagagag gcaattttaa gggccagaaa agaatcatta agtgtttcaa ctgtggcaaa
     1201 gaaggacatc tagccagaaa ttgcagggcc cctaggaaaa agggctgttg gaaatgtgga
     1261 aaggaaggac atcaaatgaa agactgcact gaggacagg ctaatttttt agggaaaatc
     1321 tggccttcca gcaaggggag gccagggaat tttcttcaga gcagaacaga gccctcagcc
     1381 ccacccgcag agagctttgg gttcggagag gaagtaaccc cctctccgaa gcaggagcag
     1441 aaggacaagg aactgtatcc tcccttaact tccctcaaat cac
                                                    gag ->
```

HIVLBV23

```
LOCUS       HIVLBV23     1471 bp ss-RNA             VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate LBV2-3 taken from a
            Gabonese national residing in Libreville, gag region.
ACCESSION   L11777
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Libreville, Gabon
            isolate LBV2-3.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1471)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The LBV2-3 gag sequence clusters with HIV-1 A subtype sequences.
BASE COUNT      541 a    285 c    376 g    269 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagcggg ggaaaattag atgcatggga aagaattagg
gag start ->
       61 ttaaggccag ggggaaagaa aaaatataga atgaaacatc tagtatgggc aagcagggag
      121 ctggaaagat ttgcacttaa ccctggcctt ttagaaacag cagaaggatg tcaacaaata
      181 atgggacagt tacaaacagc tctccagaca gggacagaag aactaaaatc attacataat
      241 acagtagcag tcctctattg cgtgcatcaa aggatagatg taaaagacac caaggaagct
      301 ttagatagaa tagaggaaat acaaaagaag agcaagcacc agacacagca ggcagcagct
      361 gacacaggaa acggcagcaa agtcagccaa aattacccca tagtgcaaaa tgcacaaggg
      421 caaatgatac atcaggcttt atcacccagg accctgaatg catgggtgaa agcaatagaa
      481 gaaaaggctt ttagcccaga agtaataccc atgttcacag cattatcaga gggagccacc
      541 ccacaagatt taaatatgat gctgaacata gtgggggggac accaggcagc tatgcaaatg
      601 ttaaaagata ccattaatga ggaggctgca gaatgggaca gggtacatcc agtacaggca
      661 gggccttatc caccaggcca gctgagggaa ccaaggggaa gtgacatagc aggaactact
      721 agtacccttg cagaacaaat acaatggatg acaagcaatc cacctatccc agtgggagac
      781 atctatagaa aatggataat cctaggatta aataaaatag taaggatgta tagccctgtt
      841 agcatattgg acataagaca agggccaaaa gaacccttca gagactatgt agataggttc
      901 tttaaaactc tcagagctga gcaagctaca caggatgtaa aaaactggat gacagaaaca
      961 ttgttggtcc aaaatgcgaa tccagactgt aaaaccattt taagagcatt aggagcaggg
     1021 gctacattag aagagatgat gacagcatgc cagggagtgg gaggacccgg ccataaagca
     1081 agggttttgg ctgaagcaat gagtcaagta caacatacaa acgtaatgat gcagagaggc
     1141 aactttaggg gtcagaaaag aattaagtgt ttcaactgtg gcaaagaagg acacctagcc
     1201 agaaattgca gggcccctag gaaaaagggc tgttggaaat gtgggaagga aggacaccaa
     1261 atgaaagact gcactgagag acaggctaat tttttaggga aaatttggcc ttccagcaag
     1321 gggaggccag gaaattttcc tcagagcaga ccagagccaa cagccccacc agcagagatg
     1381 atctttggga tgggggaaga gataacctcc cctccaaaga aggagcagaa agacagggaa
     1441 cagccccttc cttcagtctc cctcaaatca c
                                       gag ->
```

```
LOCUS       HIVLBV217    1462 bp ss-RNA            VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate LBV21-7 taken from a
            Gabonese national residing in Libreville, gag region.
ACCESSION   L11778
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Libreville, Gabon
            isolate LBV21-7.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1462)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD 20850.
            The authors group the outlying LBV21-7 gag sequence with VI191
            as subtype F[1].
BASE COUNT      530 a    283 c    371 g    278 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagcggg ggaaaattag atgaatggga aaaaattagg
gag start ->
       61 ctgaggccag ggggaaagaa aaaatataga atgaaacatt tagtatgggc aagcagggag
      121 ctggagagat ttgcacttaa ccctggcctc ttagaaacaa cagaaggttg tcaacaaata
      181 ctgcaacagt tgcaaccatc tctccagaca ggaacagagg agcttaaatc attatttaat
      241 gcagtagcag ttctctggtg tatacatcaa aggatagggg taaaagacac caaagaagct
      301 ctagaggaag tggaaaagag gcaaaagaac agtcagcaaa aaatacagca ggcagataaa
      361 ggagacaaca gccaagtcag ccaaaattat cctatagtgc agaatgcaca agggcaaatg
      421 gtacaccagc ccatatcacc taggacttta aatgcatggg taaaagtagt agaagaaaag
      481 gccttcagtc cagaagtaat acccatgttt tcagcattat cagaaggagc cactccacaa
      541 gatctaaata ccatgctaaa tacagtgggg ggacatcaag cagctatgca aatgctaaag
      601 gatactatca atgaggaagc tgcagagtgg gataggatac atccacaaca ggcagggcct
      661 attccaccag gccagataag agacccaagg ggaagtgata tagcagggac tactagtacc
      721 ctgcaggaac aaataagatg gatgaccagc aatccaccta tcccagtggg agaaatttat
      781 aaaagatgga taatcctggg gttaaataaa atagtaagaa tgtatagccc tgtcagcatt
      841 ttggacataa gacaagggcc aaaagaaccc tttagagatt atgtagatag gttctttaaa
      901 actttgagag ctgagcaagc tacacaggat gtaaaaaact ggatgacaga cactttgttg
      961 gtccaaaatg cgaacccaga ttgtaagacc atcttaaaag cattaggacc aggagctaca
     1021 ctagaagaaa tgatgacagc atgccaggga gtgggaggac ccagccataa agcaagagtt
     1081 ttagctgaag cgatgagcca ggcatcaggt acagcaacag ccataatgat gcagaaaggc
     1141 aattttaagg gcccgagaaa aaatattaag tgtttcgact gtggcaagga aggacatcta
     1201 gccagaaatt gcagggcccc taggaaaagg ggctgttgga aatgtggaaa ggagggacat
     1261 caaatgaaag actgcacaga gagacaggct aatttttag ggaaaatctg gccttcccac
     1321 aaggggaggc cagggaattt tcttcagaac agaccagagc catcagcccc acccgcagag
     1381 agcctcgggt tcggggagga gatagccccc tccccgaagc aggagccaaa ggagctatat
     1441 cctttaactt ccctcaaatc ac
                           gag ->
```

HIVLBV2310

```
LOCUS       HIVLBV2310   1459 bp ss-RNA            VRL       20-APR 1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate LBV23-10 taken from a
            Gabonese national residing in Libreville, gag region.
ACCESSION   L11779
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Libreville, Gabon
            isolate LBV23-10.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1459)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV 1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The LBV23-10 gag sequence clusters with HIV-1 A subtype sequences.
BASE COUNT      533 a    275 c    369 g    282 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagtggg ggaaaattag attcatggga gaaaattcgg
gag start ->
       61 ttaaggccag ggggaaagaa aaaatataga ctaaaacatc tagtatgggc aagcagggag
      121 ctggaaagat tcgcacttaa ccctggcctt ttagaaacag cagaaggatg tcaacaatta
      181 atggaacagt tacaatcagc tctcaggaca ggatcagaag aacttaaatc attatttaat
      241 acaatagcaa ccctttggtg cgtacatcaa aggatagacg taaaagacac caaggaagcc
      301 ttagataaat tagaggaaat acaaaataag agcaaacaaa agacacagca ggcagcagct
      361 gccacaggaa gcagcagcca aaattaccct atagtgcaaa atgcacaagg gcaaatgaca
      421 catcagccca tgtcacctag gactttgaat gcatgggtga aggtaataga agaaaaggct
      481 ttcagcccag aagtaatacc catgttttca gcattatcag agggagccac cccacaagat
      541 ttgaatatga tgctaaacat agtgggggga caccaggcag caatgcaaat gttaaaagat
      601 accatcaatg aggaagctgc agaatgggac agagtacatc cagtacatgc agggcctatt
      661 ccaccaggcc agatgaggga accaagggga agtgacatag caggaactac tagtaacctt
      721 caagaacaaa taggatggat gacaagcaat ccacctatcc cagtgggaga aatctataaa
      781 agatggatag ttctgggatt aaataaaata gtaagaatgt atagccctgt cagcattttg
      841 gacataagac aagggccaaa agaacccttt agagattatg tagataggtt ctttaaagtt
      901 ttgagagctg aacaagctac gcaggaggta aaaaactgga tgacagaaac cttgctggtc
      961 caaaatgcga atccagactg taagtccatt ttaagagcat taggaccagc ggctacatta
     1021 gaagaaatga tgacagcatg tcagggagtg ggaggacctg gccataaagc aagggttttg
     1081 gctgaggcaa tgagtcaagt acaacagacc aacataatga tgcagagagg caattttagg
     1141 ggccagagaa caataaagtg tttcaactgt ggcaaagaag gacacctagc aagaaattgc
     1201 aaggccccta ggaaaagggg ctgttggaaa tgtgggaagg aaggacacca aatgaaggac
     1261 tgtactgaga gacaggctaa ttttttaggg aaaatttggc cttccagcaa agggaggcca
     1321 ggaaattttc cccagagcag accggaacca acagccccac cagcagagag ctttgggatg
     1381 ggggaagaga taacctcctc tccgaagcag gaaccgaggg acaagggact atatcctcct
     1441 ttaacttccc tcaaatcac
                       gag ->
```

```
LOCUS       HIVPH136      1474 bp ss-RNA            VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, Philippines isolate PH136, gag
            region.
ACCESSION   L11780
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Philippines isolate
            PH136.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1474)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD 20850.
            The PH136 gag sequence clusters with HIV-1 B subtype sequences.
BASE COUNT      551 a    278 c    365 g    280 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagcggg ggagaattag acagatggga aagaattcgg
gag start ->
       61 ttaaggccag ggggaaagaa aaaatataaa ttaaaacata tagtatgggc aagcagggag
      121 ctagaacgat tcgcagttaa tcctggcctg ttagaaacat caggaggctg tagacaaata
      181 ttggaacagc tacaaccagc ccttcagaca ggatcagaag aacttaaatc attacataat
      241 acagtagcaa ccctctattg tgtgcatcaa aagatagatg taaaagacac caaggaagct
      301 ttagagaaga tagaggaaga gcaaaacaaa agtaagaaaa aagcacagca agcagcagct
      361 gacacaggaa acaagagcca ggtcagccaa aattacccta tagtgcagaa actccagggg
      421 caaatggtac atcaggccct atcacctaga actttaaatg catgggtaaa agtagtagaa
      481 gagaaggctt tcagcccaga agtaataccc atgttttcag cattatcaga aggagccacc
      541 ccacaagatt taaacactat gctaaacaca gtggggggac atcaagcagc catgcaaatg
      601 ttaaaagaga ccatcaatga ggaagctgca gaatgggata gattgcatcc agtgcatgca
      661 gggcctgttg cgccaggcca gatgagagaa ccaaggggaa gtgacatagc aggaactact
      721 agtacccttc aggaacaaat aggatggatg acaaataatc cacctatacc agtaggagaa
      781 atctataaaa gatggataat tatgggatta aataaaatag taaggatgta tagtcctact
      841 agcattctgg acataaaaca aggaccaaag gaacccttta gagactatgt agaccggttc
      901 tataaaactc taagagccga gcaagcttca caggaagtaa aaaattggat gacagaaacc
      961 ttgttggtcc aaaatgcaaa cccagattgt aagactattt taaaagcatt gggaccagca
     1021 gctacactag aagaaatgat gacagcatgt cagggagtgg gaggaccaag ccataaagca
     1081 agagttttgg cggaagcgat gagccaagta acaaattcag ctaccgccat gatgcagaga
     1141 ggcaatttta ggaaccaaag aaaaattgtt aagtgtttca attgtggcaa agaagggcac
     1201 atagccaaaa attgcagggc ccctaggaaa aagggctgtt ggaaatgtgg aagggaagga
     1261 caccaaatga aagattgtac tgagagacag gctaattttt tagggaagat ctggccttcc
     1321 cacaagggga ggccagggaa ttttctccag agcaggccag agccaacagc cccaccagaa
     1381 gagagcttca ggtttgggga agagacaaca actccctctc agaagcagga gccgatagac
     1441 aaggaactgt atcctttagc ttccctcaaa tcac
                                          gag ->
```

HIVPH153

```
LOCUS       HIVPH153     1492 bp ss-RNA             VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, Philippines isolate PH153,
            gag region.
ACCESSION   L11781
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Philippines isolate
            PH153.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1492)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD 20850.
            The PH153 gag sequence clusters with HIV-1 B subtype sequences.
BASE COUNT      557 a    295 c    357 g    283 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagcggg gggaaattag atagatggga aaaaattcgg
gag start ->
       61 ctaaggccag ggggaaagaa aaaatatcaa ttaaaacata tagtatgggc aagcagggag
      121 ctagaacgat tcgcagttaa tcctggcctg ttagaaacat cagaaggctg tagacaaata
      181 ctgggacagc tacatccagc ccttcagaca ggaacagaag aacttagatc attatataat
      241 acagtagcaa ccctctattg tgtgcatcaa aacatagagg taaaagacac caaggaagct
      301 ttagaaaaga tagaggaaga gcaaaacaaa agtaacaaaa aggcacagca agcagcagct
      361 gacacaggaa gctgcagcca ggttagccaa aattacccta tagtgcagaa catccagggg
      421 caaatggtac atcaggccat atcacctaga actttaaatg catgggtaaa agtagtagaa
      481 gagaaggctt tcagcccaga agtaataccc atgttttcag cattatcaga aggagccacc
      541 ccacaagatt taaacaccat gctaaacaca gtgggggggac atcaagcagc catgcaaatg
      601 ttaaaagaga ccatcaatga ggaagctgca gaatgggata gattgcatcc agtgcatgca
      661 gggcctattg caccaggcca gatgagagaa ccaaggggaa gtgacatagc aggaactact
      721 agtacccttc aggaacaaat aggatggatg acaaataatc cacctatccc agtaggagaa
      781 atctataaaa gatggataat cctaggatta aataaaatag taaggatgta tagccctacc
      841 agtattctgg atataagaca aggaccaaag gaacccttta gagactatgt agaccggttc
      901 tataaaactc taagagccga gcaagcttca caggatgtaa aaaattggat gacagaaacc
      961 ttgctggtcc aaaatgcaaa cccagattgt aagactattt taaaagcatt aggaccagca
     1021 gctacattag aagaaatgat gacagcatgt cagggagtgg gaggacccgg ccataaagca
     1081 agagttttgg ctgaagcaat gagccaagca acaaactcag ctaccatgat gctgcagaga
     1141 ggcaatttta ggaacacaag aaagactgtt aagtgtttca attgtggcaa agaaggacac
     1201 atagccagaa attgcaaggc ccctagaaaa aagggctgtt ggaaatgtgg aagggaagga
     1261 caccaaatga aagattgtac tgaaagacag gctaattttt tagggaaaat ctggccttcc
     1321 cacaagggga ggccagggaa ttttcttcag agcagaccag aaccaacagc cccaccagaa
     1381 gagagcttca ggttcaggga agagacaaca actccccctc agaagcaaga gccgatagac
     1441 aaggaactgt atccttcagc ttcctcaaa ttactctttg gcaacgaccc ct
                                                          gag ->
```

```
LOCUS       HIVSE365     1474 bp ss-DNA             VRL       27-MAY-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, Senegalese isolate SE365,
            gag region.
ACCESSION   L11797
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) blood DNA, Senegalese
            isolate SE365 (cocultivation on PBMCs).
REFERENCE   1  (bases 1 to 1474)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The SE365 gag sequence groups with HIV1 D subtype gag sequences.
BASE COUNT      549 a    280 c    365 g    280 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagcggg ggacaattag atcgatggga aaaaattcgg
gag start ->
       61 ttacggccag gaggaaagaa aaaatataag ctaaaacata tagtatgggc aagcagggaa
      121 ctagaacgat ttgcacttaa tcctggcctt ttagagacat cagaaggttg tagacaaata
      181 ataggacagc tacaaccagc tattcagaca ggatcagaag aacttagatc attatataat
      241 acaatagcaa ccctctattg tgtacatgaa aagatagagg taaaagacac caaggaagct
      301 gtagaaaaga tggaggaaga acgaaacaaa agtaagaaaa aggtacagca agcaacagct
      361 gactcaggaa acaacagcca ggtcagccaa aattacccta tagtgcaaaa cctacagggg
      421 caaatggtac accaagccct atcacctagg actttgaacg catgggtcaa agtaatagaa
      481 gagaaggatt tcagcccaga agtgataccc atgtttacag cactatcaga aggagccacc
      541 ccacaggatt taaacaccat gttaaacaca gtgggggggac atcaagcagc catgcaaatg
      601 ttaaaagaaa ccatcaatga ggaagctgca gaatgggata gattacatcc agtgcatgca
      661 gggcctattg caccaggcca gatgagagaa ccaaggggaa gtgatatagc aggaactact
      721 agtacccttc aggaacaaat aggatggatg acaaataatc cacccatccc agtaggagaa
      781 atctataaaa gatggataat cctgggatta aataagatag taagaatgta tagtcctgtc
      841 agcattttgg acataagaca aggaccaaaa gaacccttta gagattatgt agatcggttc
      901 tataaaactc taagagccga gcaagctaca caggaggtaa aaaattggat gactgaaacc
      961 ttgttggtcc aaaatgcgaa cccagattgt aaaaatatct taaaagcatt aggaccaggg
     1021 gctacattag aagaaatgat gacagcctgt caggggtgg gggaacccag tcataaagca
     1081 agagtcttgg ctgaggcaat gagccaagca acaagttcag ctgctgccat aatgatgcag
     1141 agaggcaatt ttaagggtca aaggaaaatc gttaagtgtt tcaactgtgg caaagaaggg
     1201 cacatagcaa gaaattgcaa ggcccctaga aaaaagggct gttggaaatg tggacaggaa
     1261 ggacaccaaa tgaaggattg cactggaaga caggctaatt ttttagggaa aatttggcct
     1321 tccagcaagg ggaggccagg gaactttcct cagagcagac cagagccaac agccccacca
     1381 gcagagagct tcgggtttgg ggaggagacg acccccctct agaaacagga gcagaaagac
     1441 aaggaactgt atcctttagc ttccctcaaa tcac
                                        gag ->
```

HIVSM145

```
LOCUS       HIVSM145     1486 bp ss-RNA             VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, Somalian isolate SM145, gag
            region.
ACCESSION   L11803
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Somalian isolate SM145.
            (cocultivation on PBMCs)
REFERENCE   1  (bases 1 to 1486)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F , Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G.,  n der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for  ltiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD 20850.
            The SM145 gag sequence clusters with HIV-1 C subtype sequences.
BASE COUNT      544 a    295 c    365 g    282 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcaat attaagaggc ggaaaattag atgcatggga aagaattagg
gag start ->
       61 ttaaggccag ggggaaagaa acactatatg ataaaacacc tagtatgggc aagcagggag
      121 ctggaaagat ttgcacttaa ccctggcctt ttagagacat cagaaggctg taaacaaata
      181 atgaaacagc tgcaaccagc tcttcagaca ggaacagagg aacttagatc attattcaac
      241 acagtagcaa ctctctattg tgtacatgaa aagatagagg tacgagacac caaggaagcc
      301 ttagacaaga tagaggaaga acaaaacaaa agtcagcaaa aaacacagca ggcaaaagcg
      361 gctgacggaa aggtcagtca aaattatcct atagtgcaga atctccaagg gcaaatggta
      421 caccaggcca tatcacctag aaccttgaat gcatgggtaa aagtaataga agagaaggcc
      481 tttagcccgg agataatacc catgtttaca gcattatcag aaggagccac cccgcaagat
      541 ttaaacacca tgttaaatac agtgggggga catcaagcag ccatgcaaat gttaaaagat
      601 accatcaatg aggaggctgc agaatgggat agattacatc cagtacaggc agggcctgtt
      661 gcaccaggcc aaatgagaga cccaagggga agtgacatag caggaactac tagtaccctt
      721 caggaacaaa tagcatggat gacaagtaac ccacctattc cagtgggaga catctataaa
      781 agatggataa ttctggggtt aaataaaata gtaagaatgt atagccctgt cagcatttta
      841 gacataaaac aagggccaaa ggaacccttt agagactatg tagaccggtt ctttaaaact
      901 ttaagagctg aacaagctac acaagatgta aaaaattgga tgacagacac cttgttggtc
      961 caaaatgcga acccagattg taagaccatt ttaagagcat taggaccagg ggcttcatta
     1021 gaagaaatga tgacagcatg tcagggagtg ggaggacctg cccacaaagc aagagtgttg
     1081 gctgaggcaa tgagccaagc aaacaatata aacatactga tgcaaagagg caattttaaa
     1141 ggctctaaaa gaattgttaa atgtttcaac tgtggcaaag aagggcacat agctagaaat
     1201 tgcagggctc ctaggaaaaa gggctgttgg aaatgtggaa aggaaggaca ccaaatgaaa
     1261 gactgtactg agaggcaggc taatttttta gggaaaattt ggccttccca caagggaggg
     1321 ccagggaatt tccttcagaa caggccagag ccaacagccc caccagcaga gagcttcagg
     1381 gtcaggccag agccaacagc cccaccagca gagagcttca ggttcgagga gacaacccca
     1441 gctccgaagc aggagctgaa agaaccctta acttccctca aatcac
                                                    gag ->
```

```
LOCUS       HIVTN238     1468 bp ss-DNA             VRL       27-MAY-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate CM238 from Northern
            Thailand, gag region.
ACCESSION   L11760
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) blood DNA, Northern
            Thailand isolate CM238
REFERENCE   1  (bases 1 to 1468)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory 1500 East Gude Drive Rockville, MD  20850.
            The CM238 gag sequence groups with HIV1 A subtype gag sequences.
BASE COUNT      551 a    277 c    363 g    277 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaactggg ggaaaattag atgcatggga aaaaattcgg
gag start ->
       61 ttacggccag ggggaaggaa aaaatataag ataaaacatt tagtatgggc aagccgagag
      121 ttagaaagat tcgcacttaa ccctggcctt ttagaaacag tagaaggatg tcaacaaata
      181 atagaacagt tacagtcaac tctcaagaca ggatcagaag aacttaaatc attatttaat
      241 acagtagcaa ccctctggtg cgtacaccaa aggatagagg taaaagacac caaggaagct
      301 ttagataaaa tagaggaagt acaaaataag agccagcaaa agacacagca ggcagcagct
      361 ggcacaggaa gcagcagcaa agtcagccaa aattacccta tagtgcaaaa tgcacaaggg
      421 caaatggtac atcagccttt atcacctaga actttgaatg catgggtaaa agtagtagaa
      481 aaaaagggtt ttaacccaga agtaataccc atgttctcag cattatcaga gggagccacc
      541 ccacaagatt taaatatgat gctaaatata gtgggggggac accaggcagc aatgcaaatg
      601 ttaaaagaaa ccatcaatga ggaagctgca gaatgggata gggtacaccc agtacatgca
      661 gggcctattc caccaggcca gatgagggaa ccaaggggaa gtgacatagc aggaactact
      721 agtacccttc aagaacaaat aggatggatg acaaacaatc cacctatccc agtgggagac
      781 atctataaaa ggtggataat cctgggatta aataaaatag taagaatgta tagccctatt
      841 agcattttgg acataagaca agggccaaaa gaacccttca gagactatgt agataggttc
      901 tataaaactc tcagagcgga acaagctaca caggaggtaa aaaactggat gacagaaacc
      961 ttgctagtcc aaaatgcgaa tccagactgt aagtccattt taaaagcatt aggaacagga
     1021 gctacattag aagaaatgat gacagcatgc cagggagtgg gaggacctag ccataaagca
     1081 agggttttgg ctgaggcaat gagccacgca caacaggcaa gtataatgat gcagagaggc
     1141 aattttaagg gccagaaagg aattaagtgc ttcaactgtg gcagagaagg acacctagcc
     1201 agaaattgca gggcccctag aaaaaagggt tgttggaaat gtgggaagga aggacatcaa
     1261 atgaaagact gcactgagag acaggctaat tttttaggga aaatttggcc ttccaacaag
     1321 ggaaggccgg ggaatttttcc tcagagcaga ccagagccaa cagccccacc agcagaaaac
     1381 tgggggatgg gggaagagat aacctcctta ctgaagcagg agcagaaaga caaggaacac
     1441 cctcctcctt tagtttccct caaatcac
                                  gag ->
```

```
LOCUS       HIVTN240     1468 bp ss-DNA             VRL       27-MAY-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate CM240 from Northern
            Thailand, gag region.
ACCESSION   L11761
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) blood DNA, Northern
            Thailand isolate CM240.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1468)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The CM240 gag sequence groups with HIV1 A subtype gag sequences.
BASE COUNT      550 a    279 c    363 g    276 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagtggg ggaaaattag atgcatggga aaaaattcgg
gag start ->
       61 ttacggccag ggggaagaaa aaaatatagg ctgaaacatt tagtatgggc aagcagagag
      121 ttagaaagat tcgcacttaa ccctagcttt ttagaaacag cagaaggatg tcaacaaata
      181 atagaacagt tacagtcaac tctcaagaca ggatcagaag aacttaaatc attatttaat
      241 acagtagcaa ccctctggtg cgtacaccaa aggatagagg taaaagacac caaggaagct
      301 ttagataaaa tagaggaagt acaaaataag agccagcaaa agacacagca ggcagcagct
      361 ggcacaggaa gcagcagcaa agtcagccaa aattacccta tagtgcaaaa tgcacaaggg
      421 caaatggcac atcagccttt atcacctaga actttgaatg catgggtgaa agtagtagaa
      481 gaaaagggtt ttaacccaga agtaataccc atgttctcag cattatcaga gggagccacc
      541 ccacaagatt taaatatgat gttaaatata gtgggggggac accaggcagc aatgcaaatg
      601 ttaaaagaaa ccatcaatga ggaagctgca gaatgggata gggtacaccc agtacatgca
      661 gggcctattc caccaggcca gatgagggaa ccaaggggaa gtgacatagc aggaactact
      721 agtacccttc aagaacaaat aggatggatg acaaacaatc cacctaccc agtgggagac
      781 atctataaaa ggtggataat cctgggatta aataaaatag taagaatgta tagccctgtt
      841 agcattttgg acataagaca agggccaaaa gaacccttca gagactatgt agataggttc
      901 tataaaactc tcagagcgga acaagctaca caggaggtaa aaaactggat gacagaaacc
      961 ttgctagtcc aaaacgcgaa tccagactgt aagtccattt taaaagcatt aggaacagga
     1021 gctacattag aagaaatgat gacagcatgc cagggagtgg gaggacctag ccataaagca
     1081 agggttttgg ctgaagcaat gagccacgca caacatgcaa ctataatgat gcagagaggc
     1141 aatttcaagg gccagaaaag aattaagtgc ttcaactgtg gtagagaagg acacctagcc
     1201 agaaattgca gggcccctag aaaaaagggt tgttggaaat gcgggaagga aggacatcaa
     1261 atgaaagact gcactgagag acaggctaat tttttaggga aaatttggcc ttccaacaag
     1321 ggaaggccgg ggaattttcc tcagagcaga ccagagccaa cagccccacc agcagaaaac
     1381 tgggggatgg gggaagagat aacctcctta ccgaagcagg agcagaaaga caaggaacat
     1441 cctcctcctt tagtttcccc caaatcac
                                  gag ->
```

```
LOCUS       HIVTN245     1468 bp ss-DNA             VRL       27-MAY-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate CM245 from Northern
            Thailand, gag region.
ACCESSION   L11762
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) blood DNA, Northern
            Thailand isolate CM245.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1468)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The CM245 gag sequence groups with HIV1 A subtype gag sequences.
BASE CO' NT      549 a    274 c    365 g    280 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagtggg ggaaaattag atgcatggga aaaaattcgg
gag start ->
       61 ttacggccag ggggaagaaa aaagtataag atgaaacatt tagtatgggc aagcagagag
      121 ttagaaagat tcgcacttaa ccctggcctt ttagaaacag cagaaggacg tcaacaaata
      181 ataagacagt tacagtcaac tctcaagaca ggatcagaag aacttaaatc attatttaat
      241 acagtagtaa ccctctggtg cgtgcaccaa aggatagagg taaaagacac caaggaagct
      301 ttagataaaa tagaggaagt acaaaataag agccagcaaa agacacagca ggcagcagct
      361 ggcacaggaa gcagcagcaa agtcagccaa aattacccta tagtgcaaaa tgcacaaggg
      421 caaatggcac atcagccttt atcacctaga actttgaatg catgggtgaa agtagtagaa
      481 gaaaagggtt ttaacccaga agtaataccc atgttctcag cattatcaga gggagccacc
      541 ccacaagatt taaatatgat gctaaatata gtgggggggac accaggcagc aatgcaaatg
      601 ttaaaagaaa ccatcaatga ggaagctgca gaatgggata gggtacaccc agtacatgca
      661 gggcctattc cacctggcca gatgagggaa ccaaggggaa gtgacatagc aggaactact
      721 agtacccttc aagaacaaat aggatggatg acaaacaatc cacctatccc agtgggagac
      781 atctataaaa ggtggataat cctgggatta aataaaatag taagaatgta tagccctgtt
      841 agcattttgg acataagaca agggccaaaa gaacccttca gagactatgt agataggttc
      901 tataaaactc tcagagcgga acaagctaca caggaggtaa aaaactggat gacagaaacc
      961 ttgctagtcc aaaatgcgaa tccagactgt aagtccattt taaaagcatt aggatcagga
     1021 gctacattag aagaaatgat gacagcatgc cagggagtgg gaggacctag ccataaagca
     1081 agggttttgg ctgaggcaat gagccacgca caacatgcaa atataatgat gcagagaggc
     1141 aattttaagg gccaaaaaag aattaagtgc ttcaactgtg gcagagaagg acacctagcc
     1201 agaaattgca gggcccctag aaaaaagggt tgttggaaat gtgggaagga aggacatcaa
     1261 atgaaagact gtactgagag acaggctaat tttttaggga aaatttggcc ttccaacaag
     1321 ggaaggccgg ggaattttcc tcagagcaga ccagagccaa cagccccacc agcagaaaac
     1381 tgggggatgg gggaagagat aacatcctta ctgaagcagg agcagaaaga caaggaacat
     1441 cctcctcctt tagtttccct caaatcac
                                  gag ->
```

HIVUG266

```
LOCUS       HIVUG266     1465 bp ss-DNA             VRL       27-MAY-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, Ugandan isolate UG266,
            gag region.
ACCESSION   L11798
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) blood DNA, Ugandan
            isolate UG266.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1465)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The UG266 gag sequence groups with HIV1 A subtype gag sequences.
BASE COUNT      591 a    281 c    318 g    275 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagtgtcagt attaagcgag gggaaattag atgcatagga gaaaattcgg
gag start ->
       61 ttaaggccag agggaaagaa aaaatataaa ctgaaacatc tagtgtaggc aagcagggag
      121 ctagaaaaat tcgcacttaa ccctagcctt ttagaaacaa cagaaggatg tcaaagaata
      181 ctagaacaat tacaaccagc tctccagaca ggagcagaag aacttagatc cttatataat
      241 acagtagcag tcctctattg cgtacatcaa aggatagaga taaaagacac caaggaagct
      301 ttagataaaa tagaggaaat gcaaaataag agcaagcaaa agacacagca ggctgcagct
      361 aacacaggaa acagcaacaa ggtcagtcaa aattacccca tagtgcaaaa tacacaaaga
      421 caaatgacat accaggcctt gtcacctagg accttaaatg cataggtaaa agtagtagag
      481 gaaaaggctt tcagcccaga agtaataccc atgttttcag cattatcaga aggagccacc
      541 tcacaagatt taaatatgat gctgaatgta gtagaaggac accaggcagc tatgcaaatg
      601 ctaaaggata ccatcaatga agaagctgca gaataggaca ggttacatcc agtgcaagca
      661 aggcctattc cacctggcca gatgagagaa ccaagaggaa gtgacatagc aggaactact
      721 agtaccgttc aagaacaagt gagatagatg acaagcaacc cacctatccc agtaggagaa
      781 atctatagaa gatagataat cctaggacta aataaaatag taagaatgta tagccctgtt
      841 agcattttag acataagaca agagccaaaa gaacccttta aagaatatgt agataagttc
      901 tttaaaactc tcagagctga gcaagctaca caggatgtaa aaaactagat gacagaaacc
      961 ttgctagtcc aaaatgcgaa tccagattgt aagtccattt taagagcctt aagaccaaag
     1021 gctacattag aagaaatgat gacagcatgc caaagagtaa gaggacccag ccataaagca
     1081 caggttttag ctgaggcaat gagtcaagta caacagacaa gcataatgat gcagagaggc
     1141 aattttaaag gccagaaaag aattaagtgt ttcaactgtg gcaaagaagg acacctagcc
     1201 agaaattgca aggcccctaa gaaaaagggc tgttagaaat gtaagaaaga aggacaccaa
     1261 ataaaagact gcactgaaag acaggctaat tttttaaaga aaatttggcc ttccagcaag
     1321 gggaggccaa ggaactttcc tcagagcaga ccagagccaa cagccccacc agcagagatc
     1381 ttgaggatga aagaagagat gacctcccct ccgaaacaga agcaaaaaga caaggaacag
     1441 actcctttaa tttccctcaa atcac
                               gag ->
```

```
LOCUS       HIVUG268     1465 bp ss-DNA             VRL       27-MAY-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, Ugandan isolate UG268,
            gag region.
ACCESSION   L11799
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) blood DNA, Ugandan
            isolate UG268.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1465)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The UG268 gag sequence groups with HIV1 C subtype gag sequences.
BASE COUNT      539 a    288 c    357 g    281 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagaggc ggaaaattag atacctggga aaaaattaag
gag start ->
       61 ttaaggccag ggggaaagaa atgctatatg atgaaacacc tagtctgggc aagcagggag
      121 ctgggaagat ttgcacttaa ctctggcctt ttagaaacat cagaaggctg taaacaaata
      181 atgaaacagc tacaaccagc tcttcagaca gggacagatg aacttagatc attatataac
      241 acagtagcaa ctctctattg tgtacataaa gggatagaag tacgagacac caaggaagcc
      301 ttagacaaga tagaggaaga acaaaacaag attcagcaaa aaacagaaac agctgacaaa
      361 ggaaaggtca gtcaaaatta tcctatagtg cagaatctcc aagggcaaat ggtacaccag
      421 gccctatcac ctagaacttt gaatgcatgg gtaaaagtaa tagaggaaaa ggctttcagc
      481 ccagaggtaa tacccatgtt tacagcatta tcagaaggag ccaccccaca agatttaaac
      541 accatgctaa atacagtggg gggacatcaa gcagccatgc aaatgttaaa agacaccatc
      601 aatgaggagg ctgcagaatg ggataggtta catccagtgc atgcagggcc tgttgcacca
      661 ggccaaatga gagaaccaag gggaagtgac atagcaggaa ctactagtac ccttcaagaa
      721 caaataaatt ggatgacaag taacccacct attccagtgg gagaaatcta taaaagatgg
      781 ataattctgg ggttaaataa aatagtaaga atgtatagcc ctgtcagcat tttggacata
      841 aaacaagggc caaaggaacc ctttagagac tatgtagatc ggttctttaa aaccttaaga
      901 gctgaacaag ctacacaaga tgtaaaaaat tggatgacag acaccttgtt ggtccaaaat
      961 gcgaacccag attgtaagac cattttaaga gcattagggc caggagcttc attagaagaa
     1021 atgatgacag catgtcaggg agtgggagga cctggccaca aagcaagagt gttggctgag
     1081 gcaatgagcc aagcaaacaa tataaacata atgatgcaga gaagcaattt taagggccct
     1141 aagagaatta ttaaatgttt caattgtggc aaggaagggc acctagccag aaattgcagg
     1201 gcccctagga aaaaaggctg ttggaaatgt ggaagggaag gacaccaaat gaaagactgt
     1261 actgagagac aggccaattt tttagggaag atttggcctc ccaacaaggg gaggccaggg
     1321 aatttccttc agagcagacc agaaccaaca gccccaccag cagagccaac agccccaccg
     1381 gcagagagct tcaggttcga ggggacaact ccccctccga agcaggagcc gaaagacagg
     1441 gaacccttaa tttcctcaa atcac
                              gag ->
```

HIVUG270

```
LOCUS       HIVUG270     1474 bp ss-DNA             VRL       27-MAY-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, Ugandan isolate UG270,
            gag region.
ACCESSION   L11800
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) blood DNA, Ugandan
            isolate UG270.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1474)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The UG270 gag sequence groups with HIV1 D subtype gag sequences.
BASE COUNT      553 a    286 c    357 g    278 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcggt attaagcggg ggaaaactag atgaatggga aaaaattcgg
gag start ->
       61 ttacggccag ggggaaacaa aaaatataaa ctaaaacatc tagtatgggc aagcagggag
      121 ctagaacgat ttgcacttaa tcctggcctt ttagaaacct cagaaggctg taaacaaata
      181 atgggacagc tacaaccatc tattcagaca ggatcagagg aagttaaatc attatttaat
      241 acagtagcaa ctctctattg tgtacatgaa aggataaagg tagcagacac aaaggaagcc
      301 ttagacaaga tagaagaaga gcaaaccaaa agtaagaaaa aagcacagca agcaacagct
      361 gacacaagaa acagcagcca ggtcagccaa aattatccta tagtacaaaa cttacagggg
      421 caaatggtac accaggccat atcacctaga actttgaacg catgggtaaa agtaatagag
      481 gagaaggctt ttagcccaga agtaataccc atgttttcag cattatcaga aggagccacc
      541 ccacaagatt taaacgccat gctaaacaca gtgggggggac atcaagcagc catgcaaatg
      601 ttaaaagaga ccatcaatga ggaagctgca gaatgggata ggctacatcc agtacatgca
      661 gggcctattg caccaggcca aatgagagag ccaaggggaa gtgatatagc aggaactacc
      721 agtatccttc aggaacaagt aggatggatg acaagcaatc cacctatccc agtaggagaa
      781 atctataaaa gatggataat cctaggatta aataaaatag taagaatgta tagccctgtc
      841 agcattttgg acataagaca aggaccaaag gaaccattta gagactatgt agatcggttc
      901 tataaaacac taagggccga gcaagcttca caagatgtaa aaaattggat gactgaaacc
      961 ttgttggtcc aaaatgcgaa cccagattgt aaaactatct taaaagcatt gggaccagcg
     1021 gctacattag aggaaatgat gacggcatgt cagggagtgg ggggacccag tcataaagca
     1081 agagttttgg ccgaggcaat gagccaagcc tcaaatgcaa atgctgctat aatgatgcaa
     1141 agagccaact ttaagggtcc aaagagaaac attaagtgtt tcaactgtgg caaagaaggg
     1201 cacctagcaa aaaattgcag ggctcctaga aaaaagggct gttaaaaatg tggaagggaa
     1261 ggacaccaaa taaaagattg cacagaaaga caggctaatt ttttagggaa aatctggcct
     1321 tcccacaagg ggaggccagg gaacttcctt cagagcagac cagagccaac agccccacca
     1381 gcagagagct tcgggtttgg ggaggagata acaccctctc agaaacagga gcagaaagac
     1441 aaggagctgt atccttcagc tgccctcaaa tcac
                                          gag ->
```

```
LOCUS       HIVUG274     1474 bp ss-DNA             VRL       27-MAY-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, Ugandan isolate UG274,
            gag region.
ACCESSION   L11801
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) blood DNA, Ugandan
            isolate UG274.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1474)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The UG274 gag sequence groups with HIV1 D subtype gag sequences.
BASE COUNT      555 a    276 c    361 g    282 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagcggg ggaaaattag atgaatggga aaaaattcgg
gag start ->
       61 ttacggccag ggggaaacaa aaaatataaa ctaaaacata tagtatgggc aagcagggag
      121 ctggaacgat ttgcaattaa tcctggcctt ttagaaacat cagaaggctg taaacaaata
      181 atgggacagc tacaaccagc tcttaagaca ggatcagagg aaatcaaatc attatttaat
      241 acagtagcaa ccctctattg tgtacatgaa aggataaagg taacagacac caaggaagct
      301 ttagacaaga tagaggaaga acaaaccaaa agtaagaaaa aggcacagca agcaacagct
      361 gacacaagaa acagcagcca ggtcagccaa aattatccta tagtgcaaaa cctacagggg
      421 caaatggtac accaggccat atcacctaga actttgaatg catgggtaaa agtaatagag
      481 gagaaggctt ttagcccaga agtaataccc atgtttacag cattatcaga aggagccacc
      541 ccacaggatt taaacaccat gctaaacaca gtgggggggac atcaagcagc catgcaaatg
      601 ttaaaagaaa ccatcaatga ggaagctgca gaatgggata gggtacatcc agtgcatgca
      661 ggacctattg caccaggaca aatgagagaa ccaaggggaa gtgatatagc cggaactact
      721 agtacccttc aggaacaaat aggatggatg acaagcaatc cgcctatccc agtaggagaa
      781 atctataaaa gatggataat cctaggatta aataaaatag taagaatgta tagccctgtc
      841 agtatattgg acataagaca aggaccaaag gaacccttta gagactatgt agatcggttc
      901 tataaaactc taagggccga gcaagcttca caggatgtaa aaaattggat gactgaaacc
      961 ttgttggtcc aaaatgcgaa cccagattgt agaactatct taaaagcatt gggaccaggg
     1021 gctacattag aagaaatgat gacagcatgt cagggagtgg gaggacccag tcataaagca
     1081 agagtcttgg ctgaggcaat gagccaagcc acaaatgcaa atactgctat aatgatgcag
     1141 agaggtaatt ttaagggccc aaggaaaatc attaagtgtt tcaactgtgg caaagaaggg
     1201 cacatagcaa aaaattgtag ggctcctagg aaaaagggct gttggaaatg tggaaaggaa
     1261 ggacaccaaa tgaaagagtg cactgaaaga caggctaatt ttttagggaa aatttggcct
     1321 tcccacaagg ggaggccagg gaacttcctt cagagcagac tggagccaac agccccacca
     1381 gcagagagct tcgggtttgg ggagaagata acaccctctc agaaacagga gcagaaagac
     1441 aaggagccat gtcctttagc ttccctcaaa tcac
                                          gag ->
```

HIVUG280

```
LOCUS       HIVUG280     1477 bp ss-DNA             VRL       27-MAY-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, Ugandan isolate UG280,
            gag region.
ACCESSION   L11802
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) blood DNA, Ugandan
            isolate UG280.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1477)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            The UG280 gag sequence groups with HIV1 B subtype gag sequences.
BASE COUNT      547 a    278 c    363 g    289 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagcggg ggagaattag atagatggga aaaaattcgg
gag start ->
       61 ttacggccag ggggaaagaa aaaatataaa ttaaaacata tagtatgggc aagcagggag
      121 ctagaacgat tcgcagttaa tcctggccta ttagaaacat cagaaggctg tagacaaata
      181 ctgggacagc tacaaccagc ccttcagaca ggatcagaag aacttagatc attgtttaat
      241 acagtagcaa ccctctattg tgtgcatcaa aggatagatg taaaagacac caaggaagct
      301 ttagacaaga tagaggaaga gcaaaacaaa agtaagaaaa aggaacagca agcggcagct
      361 ggcacaggaa acagcagcca ggtcagccaa aattacccta tagtgcaaaa catccagggg
      421 caaatggtac atcaggccat atcacctaga actttaaatg catgggtaaa agtagtagaa
      481 gagaaggctt ttagcccaga agtaataccc atgttttcag cattatcaga aggagccacc
      541 ccacaagatt taaacaccat gctaaacaca gtgggggggac atcaagcagc catgcaaatg
      601 ttaaaagaga ccatcaatga ggaagctgca gaatgggata gattgcatcc agtgcatgca
      661 gggcctattg caccaggcca gatgagagaa ccaaggggaa gtgacatagc agggactact
      721 agtacccttc aggaacaaat aggatggatg acaaataatc cacctatccc agtaggagaa
      781 atctataaaa gatggataat tctgggatta aataaaatag taaggatgta tagtcctacc
      841 agcattctgg acataaaaca aggaccaaag gaacccttta gagactatgt agaccggttc
      901 tataaaactc taagagccga gcaagcttca caggaggtaa aaaattggat gacagaaacc
      961 ttgttggtcc aaaattcgaa cccagattgt aagactattt taaaagcatt gggaccagca
     1021 gctacactag aagaaatgat gacagcatgt cagggtgtgg gaggacccgg ccataaagca
     1081 agagttttgg cagaagcaat gagccaagta acaaatccag ttaacataat gatgcagaac
     1141 ggcaatttta ggaaccaaag aaagattgtt aagtgtttca actgtggcaa agtagggcac
     1201 atagccaaaa attgcagggc ccctaggaaa aagggctgtt ggaaatgtgg aaaggaagga
     1261 caccaaatga aagattgtaa taatgagaga caggctaatt ttttagggaa gatctggcct
     1321 tcctacaagg ggaggccagg gaattttctt cagagcagac cagagccaac agccccacca
     1381 gaagagagct tcaggtttgt ggaagagacc acaactcccc ctcagaagca ggagctaata
     1441 gacaaggagc tgtattcttc agcttccctc agatcac
                                          gag ->
```

```
LOCUS       HIVVI174     1462 bp ss-RNA            VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, Zairean isolate VI174, gag
            region.
ACCESSION   L11782
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Zairean isolate VI174.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1462)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD 20850.
            The authors group the outlying VI174 gag sequence with their
            subtype E.  The naming of this subtype was made independently of
            envelope subtype studies, and so gag sequences in this subtype
            are not necessarily related to envelope sequences classified as
            subtype E in the 1992 and 1993 database compendiums.
BASE COUNT      533 a    281 c    365 g    283 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagcggg ggaaaattag atgcatggga aaaaattcag
gag start ->
       61 ttaaggccgg gggggaagaa aaaatataga atgaagcatc tagtatgggc aagcagggag
      121 ctagaacgat ttgcaattga tcctggtctt ctagaaacac cagaaggctg taggaaaata
      181 ataggacagc tacaaacatc ccttcagaca ggatcagaag agcttagatc attgtttaat
      241 acaatagtag tcctctatta tgtacatcaa agggtagaga taaaggacac caaggaagct
      301 ttagaaaagc tagaggaaga acaaaacaaa agtcagcaaa agacacagca ggcagctgac
      361 aaaggagtca gtcagaatta ccctatagta caaaatcttc agggacaaat ggtacatcag
      421 gctatatcac ctagaacttt aaatgcatgg gtaaaggtga tagaagagaa agcttttagc
      481 ccagaagtaa tacccatgtt ctcagcatta tcagaagggg ccaccccaca agatttaaac
      541 accatgctaa atacagtggg gggacatcaa gcagctatgc aaatgttaaa agacaccatc
      601 aatgaggaag ctgcagaatg ggacagatta catccagtgc aggcagggcc tatcccacca
      661 ggccagataa gggaacctag gggaagtgac atagctggaa ctactagtac ccttcaggaa
      721 caaatacaat ggatgacaaa caacccacct gtcccagtgg gagaaatcta taaaagatgg
      781 atcatcctag gattaaataa aatagtaaga atgtatagcc ctgtcagcat tttggacata
      841 agacaagggc caaaagaacc ctttagagac tatgtagaca ggttctttaa aactctaaga
      901 gctgagcaag ctacacagga agtaaagggt tggatgacag acactttgtt ggtccaaaat
      961 gcgaacccag attgtaagac catcttaaaa gcattgggac caggggctac actagaagaa
     1021 atgatgacag catgtcaggg agtgggagga cctggccata aggcaagagt tttggctgag
     1081 gcaatgagcc aagcaacaaa tacagcagca gccataatga tgcagaaaag taactttaag
     1141 ggccaaagaa gaattgttaa atgttttaat tgtggcaaag aaggacacat agccagaaat
     1201 tgcagggccc ctagaaaaaa gggctgttgg aaatgtggaa gagaaggaca ccaaatgaaa
     1261 gactgcactg aaagacaggc taatttttta gggaaaattt ggccttccaa caaggggagg
     1321 cccggaaatt ttcttcagag cagaccagag ccaacagccc caccagcaga gagcttcggg
     1381 ttcggagagg agataacccc ctctccgaag caggagcaga agggcgaggg actgtatcct
     1441 cccttagcct ccctcaaatc ac
                           gag ->
```

HIVVI191

```
LOCUS       HIVVI191     1453 bp ss-RNA             VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, Zairean isolate VI191, gag
            region.
ACCESSION   L11783
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Zairean isolate VI191.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1453)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD 20850.
            The authors group the outlying VI191 gag sequence with LBV21-7
            as subtype F, also found in Gabon and Taiwan. Gag subtype F sequences
            are not necessarily related to env F subtype sequences found in
            Brazil and Romania.
BASE COUNT      535 a    282 c    363 g    273 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagcggg ggaaaactag atgcatggga aaaaattcgg
gag start ->
       61 ttgaggccag ggggaaagaa acaatataga ataaagcatc tagtatgggc aagcagggag
      121 ctggaaaaat ttgcacttaa ccctggcctt ttagaaacaa cagaaggctg tcaacaaata
      181 atgagacagt tgcaaccagc tctccagaca ggaacagagg agattaaatc actatataat
      241 acaatagcaa ctctctattg tgtacatcaa aggatagaga taaaagacac ccaagaagct
      301 ttacaggaag tggagaaggc acaaaagaaa agtcagcaaa aaacacaaac ggaggaagga
      361 aacagcagtc aagtcagtca aaattatcct atagtgcaga atgcacaagg gcaaatggta
      421 caccagccct taacacctag aactttgaat gcatgggtaa aagtaataga agaaaagaac
      481 ttcagtccag aagtaatacc catgttttca gcattatcag aaggagccac cccacaagat
      541 ttaaatacca tgctaaacac agtgggggga catcaagcag ctatgcaaat gctaaaggat
      601 actatcaatg aggaggctgc agagtgggac aggatacatc caccacaggc aggacctatt
      661 ccaccaggcc agataaggga accgagggga agtgatatag caggaactac tagtacccta
      721 caggaacaaa tcagatggat gaccagtaat ccacctatcc cagtgggaga catttataaa
      781 agatggataa tcctgggatt aaacaaaata gtaagaatgt atagccctgt cagcattttg
      841 gatataagac aagggccaaa agaacccttt agagattatg tagataggtt ctttaaaaca
      901 ctgagagctg agcaagctac acaggaagta aaaggctgga tgacagacac cttgttggtc
      961 caaaatgcga acccagattg taagaccatc ttaagagcat taggaccagg agctacacta
     1021 gaagaaatga tgacagcatg ccagggagtg ggaggacccg gccataaagc aagagtttta
     1081 gctgaagcaa tgagccaagc atcaggtgta gcagcagcca tgatgatgca aaaaagcggg
     1141 tttaagggcc cgaaaagaac tattaagtgt ttcaactgtg gcaaggaagg acatctagcc
     1201 agaaattgca gggcccctag gaaaaagggc tgttggaaat gtggaaggga aggacatcaa
     1261 atgaaagact gcacagaggg acaggctaat tttttaggga gaatttggcc ttcccacaag
     1321 gggaggccgg ggaatttttt tcagatcagg acagagccaa cagccccacc tgcagaagag
     1381 gagataacct cctctccgaa gcaggaaccg agggacaagg aactatatcc tcctttagtt
     1441 tccctcaaat cac
                  gag ->
```

```
LOCUS       HIVVI203     1471 bp ss-RNA             VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, Zairean isolate VI203, gag
            region.
ACCESSION   L11784
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Zairean isolate VI203.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1471)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD 20850.
            The VI203 gag sequence clusters with HIV-1 D subtype sequences.
BASE COUNT      551 a    286 c    355 g    279 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaaccggg ggaaaattag attcgtggga aaaaattcgg
gag start ->
       61 ttacggccag gaggaaagaa aaaatataga ctgaaacata tagtatgggc aagcagagag
      121 ctagaacgat ttgcacttaa tcctggcctt ttagagacat cagaaggctg taaacaaata
      181 atagaacagc tacaaccatc tattcagaca ggaacagaag aacttaaatc attatttaat
      241 acagtagcaa ccctctattg tgtacatcaa aggatagagg taaaggatac caaggaagct
      301 ttagacaaat tggaggaaga acaaaacaaa agtaagaaaa aggcacagca agcaacagct
      361 gacacaagaa acagcagcca ggtcagccaa aattacccta tagtgcaaaa cctacagggg
      421 cagatggtac accaggccct atcacctaga actttgaacg catgggtaaa agtaatagag
      481 gaaaaggctt tcaatccaga agtaataccc atgttttcag cattatcaga aggagccacc
      541 ccacaagatt taaacaccat gctaaataca gtgggggggac atcaagcagc catgcaaatg
      601 ttaaaagaga ccatcaatga ggaagctgca gaatgggata ggctacatcc agtgcatgca
      661 gggcctattg caccaggcca gatgagagaa ccaaggggaa gtgatatagc aggaactact
      721 agtacccttc aggaacaaat aggatggatg acaagtaatc cacctatccc agtaggagaa
      781 atctataaaa gatggataat cctgggatta ataaaaatag taagaatgta tagccctgtt
      841 agcattttgg acataagaca aggaccaaag gaacccttta gagactatgt agatcggttc
      901 tataaaactc taagagccga gcaagctaca caagaggtaa aaaattggat gaccgaaacc
      961 ttgttggtcc aaaatgcgaa cccagattgt aaaactatct taaaagcatt gggaccaggg
     1021 gctacattag aagaaatgat gacagcatgt cagggagtgg ggggacccag tcataaagca
     1081 agagtcttgg ctgaagcaat gagccaagca acaaatacaa atgttgccat aatgatgcag
     1141 agaggcaatt tcaagggccc aaaaagaatt attaagtgtt tcaactgtgg caaggaagga
     1201 cacctagcca aaaattgcag ggcccctaga aaaaagggct gttggaaatg tggaaaggaa
     1261 ggacaccaaa tgaaagattg cactgaaaga caggctaatt ttttagggaa gatttggcct
     1321 tcccacaagg gaaggccagg gaacttcctt cagagcagac cagagccaac agccccacca
     1381 gcagagagct tcgggttcgg agaggagaaa gccccctccg cgaagcagga gccaaaggag
     1441 gagctatatc ctgtagcttc cctcaaatca c
                                        gag ->
```

HIVVI205

```
LOCUS       HIVVI205     1477 bp ss-RNA             VRL       20 APR 1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate VI205 taken from a
            Zairean national residing in Belgium, gag region.
ACCESSION   L11785
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Zairean isolate VI205.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1477)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV 1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD 20850.
            The VI205 gag sequence clusters with HIV-1 D subtype sequences.
BASE COUNT      573 a    285 c    338 g    281 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagcggg ggaaaattag atcaatggga aaaaattcgg
gag start ->
       61 ttacggccag gaaaaagcaa aaaatataga ctaaaacata tagtatgggc aagcagggag
      121 ctaaaacgat ttgcacttaa tcctggcctt ttagagacat cagaaggctg tagacaaata
      181 atagaacagc tacaaccagc tattcagaca ggatcaaaag aaattaaatc attatttaat
      241 acagtagcaa ccctctattg tgtacataaa aggatagagg tgaaagacac caaggaagct
      301 ctagaaaaac tggaggaaga acaaaacaaa agtaagaaaa aaagagcaca gcaagcagca
      361 gctgacacaa agaacagcag ccaggtcagc caaaattatc ctatagtgca gaacctacaa
      421 gggcaaatgg tacatcaggc catatcacct agaactttaa atgcatgggt agaagtaata
      481 gaagaaaagg ctttcagccc cgaagtgaca cccatgtttt cagcattatc agaaggagcc
      541 actccacagg atttaaacac catgctaaac acagtggggg gacatcatgc agctatgcaa
      601 atgctaaaag agaccatcat tgaggaagct gcagaatggg ataggctaca tccagtgcat
      661 gcagggccta ttgcaccagg ccagatgaga gaaccaaggg gaagtgatat agcaggaact
      721 actagtaccc ttcaggaaca aatagcatgg atgacaagca acccacctat cccagtaaaa
      781 aaaatctata aaagatggat aatcctagga ttaaataaaa tagtaaaaat gtatagccct
      841 gttagcattt tggacataag acagggacca aaaaaacctt ttagagacta tgtagaccgg
      901 ttctataaaa ctctaagagc cgagcaagct tcacaggatg tgaaaaactg gatgacagaa
      961 accttgttgg tccaaaatgc aaacccagat tgtaaaacta tcttaaaagc attgggacca
     1021 caggctacac taaaagaaat gatgacagca tgtcaggaag tgggggggcc cagccataaa
     1081 gcaagagttt tggctgaggc aatgagccaa gcaacaagtt cagctactgc agtaataatg
     1141 cagagaggca attttaaggg cccaaaaaaa ataattaagt gtttcaactg tggcaaagaa
     1201 gggcacatag caaaaaattg cagggccctt aaaaaaaagg gctgttggaa atgtggaagg
     1261 gaaggacacc aaataaaaga ttgcactgaa agacaggcta atttttagg gaaaatttgg
     1321 ccttccctca agggaaggcc ggggaatttt cttcagagca gaccagagcc aacagcccca
     1381 ccagcaaaga gcttcgggtt tggggaggag ataacccccc ctcagaaaca agagcagaaa
     1441 gacaaggaac taaatccttt aacctccctc aaatcac
                                              gag ->
```

```
LOCUS       HIVVI310      1465 bp ss-RNA             VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate VI310 taken from a
            Rwandan national residing in Belgium, gag region.
ACCESSION   L11786
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Rwandan isolate VI310.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1465)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD 20850.
            The VI310 gag sequence clusters with HIV-1 A subtype sequences.
BASE COUNT      547 a    280 c    358 g    280 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagcggg ggaaaattag ataagtggga gaaaattcgg
gag start ->
       61 ttaaggccag ggggaaagaa acaatataga ctaaagcatc tagtgtgggc aagcagggag
      121 ctggaaagat tcgcacttaa ccctagcctt ttagaaacaa cggaaggatg tcaacaaata
      181 atagaacagt tacaaccagc tctcaagaca ggaacagaag aactaagatc attatttaat
      241 acaatagcag tcctctattg tgtacatcaa cggatagagg taaaagacac caaggaagct
      301 ttagataaaa tagaggaaat acaaaataag agcaagcaaa tgaaacagca ggcagaagct
      361 gacacaaaca gcagcaaggt cagtcataac taccccatag tgcaaaatgc acaagggcaa
      421 atggtacacc agtccttatc acctaggact ttgaatgcat gggtgaaagt aatagaagaa
      481 agggctttca gcccagaggt aataccatg ttttcagcat tatcagaggg agccacccca
      541 caagatttaa atatgatgct gaatatagta gggggacacc aggcagccat gcaaatgtta
      601 aaagatacca tcaatgagga agctgcagaa tgggacaggg tacatccagt acaggcaggg
      661 cctgttccac caggccagat gagagaacca aggggaagtg acatagcagg aactactagt
      721 acccttcaag aacaaatagg atggatgacc agcaacccac ctgtcccagt aggagaaatc
      781 tataagagat ggataatcct gggattaaat aaaatagtaa gaatgtatag ccctgttagc
      841 attctggaca taagacaagg accaaaagaa cctttcagag actatgtaga tagattcttt
      901 aaaactctca gagctgagca ggctacacag gcagtaaaaa actggatgac agaaaccttg
      961 ctggtccaaa atgcaaatcc agattgtaag tccattttaa aagcattagg aacaggagca
     1021 acattagaag aaatgatgac agcatgccag ggagtgggag gacccagcca taaagcaagg
     1081 atcttggctg aagcaatgag tcaggcacaa catacaaaca taatgattca gaggggcaat
     1141 tttaagggcc aaaaaagaat taaatgtttc aactgtggca aagaaggaca tctagccaga
     1201 aattgcaggg cccctagaaa aaagggctgt tggaaatgtg ggaatgaggg acatcaaatg
     1261 aaagactgca ctgagagaca ggctaatttt ttagggaaaa tttggccttc caccaagggg
     1321 aggccaggaa attttcctca gaacagattg gagccaacag ctccaccagc agagagcttt
     1381 gggatgggag aagacataac ctcctctcag aagcaggagc agaaagacag ggaacatcct
     1441 cctccttag tttcccttaa atcac
                              gag ->
```

```
LOCUS       HIVVI313     1453 bp ss-RNA             VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate VI313 taken from
            Zairean national residing in Belgium, gag region.
ACCESSION   L11787
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Zairean isolate VI313.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1453)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD 20850.
            The VI313 gag sequence clusters with HIV-1 C subtype sequences.
BASE COUNT      541 a    282 c    352 g    278 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcaat attaagaggc ggaaaattag atacctggga aagaattaag
gag start ->
       61 ttaaagccag ggggaaagaa acactatatg atgaaacacc tagtatgggc aagcagggag
      121 ctggaaagat ttgcacttga ccctggcctt ttagagacat cacaaggctg tagagaaata
      181 ataaaaaagc tacaaccagc tcttcagaca ggaacaaagg aacttatatc attacataat
      241 acagtagcaa ctctctattg tgtacatgag aagatagaga tacgagacac caaggaagcc
      301 ttagacaaaa taaaggaaga acaaaacaaa agtcagcaaa aaacacagca ggcagcagcg
      361 gctgacaatg gaaaggtcag tcaaaattat cctatagtgc aaaatctcca agggcaaatg
      421 gtacaccagc ccatgtcacc tagaactttg aatgcgtggg taaaagtaat agaggagaag
      481 gctttcagcc cggaggtaat acccatgttt acagcattat cagaaggagc caccccacaa
      541 gatttgaaca ccatgttaaa tacagtaggg ggacatcaag cagccatgca aatgttaaaa
      601 gatacaatca atgaggaggc tgcagaatgg gataggttac atccagtgca ggcagggcct
      661 gtcgcaccag gccaaataag agagccaagg ggaagtgaca tagcaggaac tactagtacc
      721 cttcaggaac aaatagcatg gatgacaaat aacccaccta ttccagtagg agacatctat
      781 aaaagatgga taatttctggg gttaaataaa atagtaagaa tgtatagccc tgtcagcatt
      841 ttggacataa aacaagggcc aaaggaaccc tttagagact atgtagatcg gttctttaaa
      901 actttaagag ctgaacaagc tacacaagat gtaaaaaatt ggatgacaga caccttgttg
      961 gtcca aatg cgaacccaga ttgtaagacc attttaagag cattagggcc aggggcttca
     1021 ttagaagaaa tgatgacagc atgtcaggga gtgggaggac ctggccacaa agcaagagtg
     1081 ttggccgagg caatgagcca agcaaacaat ataaacataa tgatgcagaa aagcaatttt
     1141 aaaggcccga aaagaattat taaatgtttc aactgtggca aggaagggca cttagccaga
     1201 aattgcaggg cccctaggaa aaagggctgt tggaaatgtg gaaaggaagg acaccaaatg
     1261 aaagactgta ctgagaggca ggctaatttt ttagggaaaa tttggccttc ctacaagggg
     1321 aggccaggga atttcctcca gaacagacca gagccaacag ccccaccagc agagagcttc
     1381 aggttcgagg agacaacccc ctctccgaag caggagccga aagacaagga acccttaact
     1441 tccctcaaat cac
                  gag ->
```

```
LOCUS       HIVVI32      1474 bp ss-RNA            VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, Burundi isolate VI32, gag
            region.
ACCESSION   L11788
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Burundi isolate VI32.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1474)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD 20850.
            This sequence contains a premature stop codon at position 1156.
            The VI32 gag sequence clusters with HIV-1 A subtype sequences.
BASE COUNT      545 a    274 c    373 g    282 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagtggg ggaaaattag atgcatggga gaaaattagg
gag start ->
       61 ttaaggccag ggggaaagaa aaaatataga atgaaacatt tagtatgggc aagcagggag
      121 ctggacagat tcgcacttaa ccctagcctt ctggaaacaa aagaaggatg tcaacagata
      181 atggaacagt tagaatcagc tctcaagaca ggaacagaag aaattaaatc attatataat
      241 acagtagcag tcctcttttg tgtacatcaa cggatagatg taaaagacac caaggaagcc
      301 ttagataaaa tagaggaaat aaaaaataag agtaagcaaa aggcacaaca ggcagcagct
      361 gacacaggaa acagcggcaa agtcagccaa aattacccta tagtgcaaaa tgcacaaggg
      421 caaatgatac atcagtcctt atcacctagg actttgaatg catgggtgaa agtaatagaa
      481 gaaaaggctt ttagcccaga agtaataccc acgttctcag cattgtcaga aggagccacc
      541 ccacaagatt taaatatgat gctaaatata gtgggggggac accaggcagc tatgcaaatg
      601 ttaaaagatg ccatcaatga ggaagctgca ggatgggaca ggttacatcc agtacatgca
      661 gggcctattc caccaggcca aatgagagaa ccaaggggaa gtgacatagc aggaactact
      721 agtacccctc aagaacaaat aggatggatg acaagcaacc cacctatccc ggtgggagac
      781 atttataaaa gatggataat cctgggatta aataaaatag taagaatgta tagccctgtt
      841 agcattttgg acataaaaca agggccaaaa gaacccttca gagactatgt agatagattc
      901 tttaaaactc tcagagctga acaagctaca caggaggtaa aaggttggat gacagaaact
      961 ttgctggtcc aaaatgcaaa tccagattgt aagtccattt taagagcatt aggaccaggg
     1021 gctacattag aagaaatgat gacagcatgt cagggagtgg gaggacccgg ccataaagca
     1081 agggttttgg ctgaggcaat gagtcacgta caacaggcaa acataatgat gcaaagaggc
     1141 aatatcaggg gcggctagaa aagaattaag tgtttcaact gtggcaaaga aggacaccta
     1201 gccagaaatt gcagggcccc taggaaaaag ggctgttgga aatgtgggaa ggagggacac
     1261 caaatgaaag actgcaccaa tgagagacag gctaattttt tagggaaaat ctggccttcc
     1321 aacaagggga ggccaggaaa ttttcctcag agcagaccgg agccatcagc cccaccagca
     1381 gagatctttg ggatggggga agagatagcc tcccctccga agcaggagca gaaagacagg
     1441 gaacagagcc aacctttagt ttccctcaaa tcac
                                          gag ->
```

```
LOCUS       HIVVI325     1459 bp ss-RNA             VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, Belgian isolate VI325, gag
            region.
ACCESSION   L11789
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Belgian isolate VI325.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1459)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD 20850.
            This outlying sequence is not easily assigned to any of the
            major gag sequence subtypes, however [1] shows it most closely
            related to what they call E subtype, not to be confused with
            env-defined E subtype sequences in the 1992 and 1993 database
            compendiums.
BASE COUNT      541 a    291 c    354 g    273 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagcggg ggaaaattgg atacatggga aaaaattcgg
gag start ->
       61 ttaaggccag gaggaagcaa aaaatatagg ctaaaacatc tagtatgggc aagcagggag
      121 ctagaacgat ttgcacttaa ccccagcctt ttagagacaa cagaaggctg tcggcaaata
      181 atagagacaat tacaaccatc ccttcagaca ggatcagaag agcttaaatc attattcaat
      241 acagtagtaa ccctctattg cgtacatcag aggatagaga taagggacac caaggaagcc
      301 ttagacaaac tagaagaaga acaaaacaaa agtaagcaaa aggcacagca agaaacagct
      361 aacaaagggg tcagtcaaaa ttaccctata gtacagaata tgcaggggca aatggtacac
      421 cagcccctat cacctagaac tttaaatgca tgggtgaaag taatagaaga aaaggctttc
      481 agcccagaag taatacccat gttttcagca ttagcagatg gagccactcc acaagattta
      541 aacaccatgc taaacacagt gggggggacat caagcagcta tgcaaatgtt aaaagatact
      601 atcaatgagg aggctgcaga atgggacagg ttacacccag tgcatgcagg gcctatccca
      661 ccaggccaga tgagagaacc taggggggagt gatatagcag gaactaccag caccottcag
      721 gaacaaataa catggatgac aagcaaccca cctgtcccag tgggagaaat ctataaaaga
      781 tggataatcc tgggtttaaa taaaatagta agaatgtaca gccctgtcag cattttggac
      841 ataaaacaag ggccaaaaga atcctttaga gactatgtag acaggttttt caaaactcta
      901 agagctgaac aagccacaca ggaagtaaaa aattggatga cagacaccct gttggtccaa
      961 aacgcaaacc cagattgtaa gaccatttta aaagcgttgg gaccaggggc ttcattagag
     1021 gaaatgatga cagcatgtca aggagtggga ggacctggcc ataaagcaag aattttggct
     1081 gaggcaatga gccaggtaac aaatacaacc ataatgatgc agagaggaaa ctttaagggc
     1141 caaagaaaaa ttattaaatg tttcaattgt ggcagagagg gacatatagc caaacattgc
     1201 agggccccta gaaaaaaggg ctgttggaaa tgtgggaagg aaggacacca aatgaaagac
     1261 tgcaccgaaa ggcaggcgaa ttttttaggg aaaatttggc cttccaacaa agggaagcca
     1321 gggaattttc tccagagcag accagagccg acagccccac cagcagagaa cttcgggttc
     1381 ggggaggaga taaccccctc tccgaggcag gagacgaaag acaaggaaca gggttctcct
     1441 ttaacttccc tcaaatcac
                       gag ->
```

```
LOCUS       HIVVI354     1465 bp ss-RNA            VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, Gabonese isolate VI354, gag
            region.
ACCESSION   L11790
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Gabonese isolate VI354.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1465)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD  20850.
            This sequence contains a premature stop codon at position 793.
            The VI354 gag sequence clusters with HIV-1 A subtype sequences.
BASE COUNT      572 a    279 c    342 g    272 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcaat actaagcggg ggaaaattag atgcatggaa aagaattcgg
gag start ->
       61 ttaaggccgg ggggaaagaa aaagtatcag ataaaacata tagtgtgggc aagcaggaag
      121 ctggagaaat ttgcacttaa ccccggtctt ttaaaaacag cagaaggatg tcaacagata
      181 atggaacaat tacaatcagc tctcaaaaca ggatcagaag aacttaaatc attatttaat
      241 acagtagcaa ccctctattg tgtacatcaa aagataaatg taaaagacac caaggaagct
      301 ttagataaaa tagaggaaat acaaaataaa agcaagcaaa aaacacagca ggcagcagct
      361 gccacagaaa acagcagcaa ggtcagtcaa aattacccca tagtgcaaaa tgcacaaggg
      421 caaatggtac atcaggccat gtcacctagg actttaaatg catgggtaaa agtaatagaa
      481 gaaaaaggtt tcagtccaga agtaataccc atgttctcag cattatcaga gggagccacc
      541 ccacaaaatc taaatataat gctaaacata gttaaaggac atcaggcagc tatgcaaatg
      601 ttaaaagata ccatcaatga ggaagctgca gaatgggaca ggatacatcc agtacaggca
      661 gggcctattc caccaagtca gataagagaa ccaaggggaa gtgatatagc aggaactact
      721 agtaccactc aagaacaaat aggatggatg acaggcaatc cacctatccc agtgggaaaa
      781 atctataaaa aatgaataat cctgggatta aataaaatag taagaatgta tagccctgtc
      841 agcattttgg acataagaca agggccaaaa gaacccttca gggaatatgt aaataggttc
      901 tttaaaacgc tcagagctaa gcaagctaca caggaggtaa aaaattgaat gacagaaacc
      961 ctgctggtcc aaaatgcgaa tccagattgt aagaccattc taagaggact aggagccggg
     1021 gctacattaa aagaaatgat gacagcatgc caggaagtgg gagaacccgg ccataaagca
     1081 agggttttgg ctgaagcaat gagtcaagta cacaatacaa gcataatgat gcagagaggc
     1141 aattttaagg gccaaaaaaa aattaagtgt ttcaactgtg gcaaagaagg acacctagcc
     1201 agaaattgca aggcccctag gaaaaagggc tgttggaaat gtggaaagga aggccatcaa
     1261 ataaaaaact gcacgaagag acaggctaat tttttaggga aaatttggcc ttccaacaag
     1321 gggaggccag ggaatttttct ccagaacaga ccagagccaa cagccccacc agcagagagc
     1381 ttcgggttcg gagaggagat agccccctcc ccgaggccgg agccaaggga aaaggagcgg
     1441 tatcctttaa cctcccctcaa atcac
                               gag ->
```

```
LOCUS       HIVVI415     1459 bp ss-RNA             VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate VI415 taken from a
            Rwandan national residing in Belgium, gag region.
ACCESSION   L11791
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Rwandan isolate VI415.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1459)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD 20850.
            The VI415 gag sequence clusters with HIV-1 A subtype sequences.
BASE COUNT      542 a    278 c    366 g    273 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagtggg ggaaaattag atgcatggga gaaaattcgg
gag start ->
       61 ttaaggccag ggggaaggaa aaaatataga atgaaacatc tagtatgggc aagcagggag
      121 ctggacagat tcgcacttaa ccctggcctt ttagaaacag cagaaggatg tcaacaaata
      181 ctggaacagt tacagccagc tctcaagaca ggaacagaag aaattaaatc attatataat
      241 acagtagcaa ccctctattg tgtacatcag aggatagatg taaaagacac caaagaagct
      301 ttagataaaa tagaggaaat aaaaaataag aacaagcaaa agacacaaca ggcagcagct
      361 ggcacaggaa acagcagcaa cgtcagccaa aattacccta tagtgcagaa tgcacaaggg
      421 caaatgatac accaggccat atcacctagg actttgaatg catgggtaaa agtaatagaa
      481 gaaaaggctt tcagcccaga agtaataccc atgttctcag cattatcaga aggagccact
      541 ccacaagatt taaatatgat gctgaacata gtagggggac accaggcagc tatgcaaatg
      601 ttaaaagata caatcaatga ggaagctgca gaatgggaca ggttacatcc agtacatgca
      661 gggcctattc caccaggcca aatgagagaa ccaaggggaa gtgacatagc aggaactact
      721 agtaccactc aagaacaaat agcatggatg acaggcaacc cacctaaccc agtgggagac
      781 atctataaaa gatggataat cttgggatta aataaaatag tgagaatgta tagccctact
      841 agcattctgg atgtaaaaca agggccaaaa gaacccttca gagactatgt tgataggttc
      901 tttaaaattc tcagagctga gcaagctaca caggaggtaa aaggttggat gacagaaacc
      961 ttgctggtcc aaaatgcaaa tccagattgt aagaccattt taagagcatt aggaacaggg
     1021 gctacattag aagaaatgat gacagcatgc caaggagtgg gaggacccgg ccataaagca
     1081 agggttttgg ctgaggcaat gagtcaagta caacatacaa acataatgat gcagagaggc
     1141 aattttaaag gccagagaag aattaagtgc ttcaattgtg gcaaagaagg acacctagcc
     1201 agaaattgca gggcccctag aaaaaagggc tgttggaagt gtgggaagga aggacaccaa
     1261 atgaaagact gcactgagag acaggctaat tttttaggga aaatctggtc ttccagcaag
     1321 gggaggccag gaaactttcc tcagagcaga ccggagccaa cagccccacc agcagagatc
     1381 gttgggatgg ggggagagat ctcccctccg aagcaggagc agagggaaca ggccccacct
     1441 ttagtttccc tcaaatcac
                       gag ->
```

```
LOCUS       HIVVI525     1471 bp ss-RNA             VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, Gabonese isolate VI525, gag
            region.
ACCESSION   L11792
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Gabonese isolate VI525.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1471)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD 20850.
            The authors group the outlying VI525 gag sequence with VI557
            as subtype G.
BASE COUNT      543 a    279 c    361 g    288 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attgagcggg ggaagattag atgcttggga gaaaattcgg
gag start ->
       61 ttaaggccag ggggaaagaa acaatatagg ctaaaacatc tagtatgggc aagcagagag
      121 ctggaaagat ttgcacttaa ccctggcctt ttagaaacat cagaaggctg tctacagata
      181 atagaacagc tacagccagc tcttaagaca ggaacagaag aacttcaatc attatttaat
      241 ctattagcag tcctctattg tgtacatcaa agaatagata taaaagacac caaggaagct
      301 ttaagtaaga tagaggaagt acaaaacaac agacagcaaa aaacacagca agcaacagct
      361 gataaggaaa aagacaaaaa ggtcagtcaa aattatccca tagtacagaa tgcccaaggg
      421 cagatggtac accaggccat atcacctagg accttaaatg catgggtaaa agtagtagaa
      481 gaaaaggctt ttagcccaga agtaatacct atgttttcag cattatcaga aggagccacc
      541 ccacaagact taaatgccat gctaaataca gtgggggggc atcaagcagc catgcaaata
      601 ctaaaagata caatcaatga ggaagctgca gaatgggata ggctacatcc agtgcatgca
      661 gggcctattc caccaggcca aatgagagaa ccaaggggaa gcgatatagc aggaactact
      721 agtacccttc aggaacaaat agcatggatg acaggcaatc cagctatccc agtgggagac
      781 atctataaaa gatggataat cctgggatta aataagatag taagaatgta tagtcctgtc
      841 agcattttgg acataaaaca aggaccaaaa gaacccttta gagactatgt agacaggttc
      901 tttaaaactt taagagctga gcaagccaca caggatgtaa agaattggat gacagacacc
      961 ttgttggtcc aaaatgcgaa tccagattgc aagaatattt taaaagcatt aggaacaggg
     1021 gcttcaatag aagaaatgat gacagcatgt cagggagtgg gaggacctag ccacaaagca
     1081 agagttttgg ctgaggcaat gagccaagta acaaatacac atgcagccat aatgatgcag
     1141 aaaggcaact ttaagggtca aagaagaatt gttaaatgtt tcaactgtgg caaagaagga
     1201 cacatagcta gaaattgcag ggcccctagg aaaaagggct gttggaaatg tggaagggaa
     1261 ggacatcaga tgaaagattg cacagagaga caggctaatt ttttagggaa aatctggcct
     1321 tccagcaaag ggaggccagg gaatttttctt cagagcaggc cagagccaac agccccacca
     1381 gcagagagct ttgggttcgg agaggagatg acccccctctc cgaagcagga gcccagggac
     1441 aaggaacctc ccttagcttc cctcaaatca c
                                        gag ->
```

```
LOCUS       HIVVI557     1468 bp ss-RNA            VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, Zairean isolate VI557, gag
            region.
ACCESSION   L11793
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Zairean isolate VI557.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1468)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD 20850.
            The authors group the outlying VI557 gag sequence with VI525
            as subtype G.
BASE COUNT      538 a    277 c    363 g    290 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagcggg ggaaaattag atgcatggga gaaaattcgg
gag start ->
       61 ttgaggccag ggggaaagaa aaaatataga ctgaaacatt tagtatgggc aagcagggag
      121 ctggaaagat ttgcactcaa ccccgacctt ttagacacag cagaaggctg tctacaatta
      181 atagaacagc tacaaccagc tcttaagaca ggaacagaag aacttcaatc attatttaat
      241 ctattagcaa ccctctattg cgtacatcaa agaatagatg taaaagacac caaggaagct
      301 ttagagaagt taaaggaggc acaaaacaaa agccagaaca ggacacagca ggcaacaggt
      361 gataaaggaa atggcaacaa gatcagtcaa aattatccta tagtacaaaa tgcccaagga
      421 cagccggtac accaggccat atcacctagg accttaaatg catgggtaaa agtagtagaa
      481 gagaaggctt ttagcccaga agtaataccc atgttttcag cattatcaga aggagccacc
      541 ccacaagatt taaatgccat gttaaatata gtgggggggac atcaagcagc catgcaaatg
      601 ttaaaagata caatcaatga ggaagctgca gaatgggata gggtacatcc agtgcatgca
      661 gggcctattc caccaggcca gatgagagaa ccaaggggaa gtgatatagc aggaactact
      721 agtacccttc aggaacaaat agcatggatg acaagcaatc cccctatccc agtgggagac
      781 atctataaaa gatggataat cctgggatta aataaaatag taagaatgta tagccctgtc
      841 agcattttgg acataagaca agggccaaaa gaacccttta gagactatgt agataggttc
      901 tttaaagctt taagagctga acaagctaca caggaggtga aaggttggat gacagacacc
      961 ttgttggtcc aaaatgcgaa tccagattgt aagactattt taagagcatt aggacaaggg
     1021 gcttcaatag aagaaatgat gacagcctgc cagggagtgg gagggcctgg ccataaagca
     1081 aaagttttgg ctgaggcaat gagccaagta aatacaaatg cagttatgat gatgcagaaa
     1141 ggtaacttca agggccaaag aagaattatt aaatgtttca attgtggcaa agaaggacac
     1201 ctagccagaa attgcagggc ccctaggaaa aagggatgtt ggaaatgcgg aaaggaagga
     1261 catcagctga aagactgcac agaaagacag gctaattttt tagggaaaat ttggtctccc
     1321 aacaaaggga ggccagggaa ttttctccag agcaggccag agccaacagc cccaccagca
     1381 gagagcttcg ggtttggaga ggaaatgacc ccccctccaa aacaggagag gaaggatgca
     1441 gaatctcctt taacttccct caaatcac
                                  gag ->
```

```
LOCUS       HIVVI57      1468 bp ss-RNA             VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, Zairean isolate VI57, gag
            region.
ACCESSION   L11794
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Zairean isolate VI57.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1468)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD 20850.
            The VI57 gag sequence clusters with HIV-1 A subtype sequences.
BASE COUNT      533 a    286 c    376 g    273 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagcgga ggaaaattag atgcatggga gaaaattcgg
gag start ->
       61 ttaaggccag ggggaaagaa aaaatataga ctgaaacatc tagtatgggc aagcagggag
      121 ctggaaagat tcgcacttaa ccctagcctt ttagaaacaa cagaaggatg tcaacaaata
      181 ctggaacagt tacaaccagc tctaaagaca ggaacagaag aacttaaatc attatttaat
      241 acagtagcag tcctctattg cgtacatcaa cggatagagg taaaagacac caaggatgct
      301 ttagataaaa tagaggaaat acaaaagaag agcaagcaaa agacacaaca ggcagcagct
      361 gacacaggaa acagcagcaa agtcagccaa aattacccta tagtgcaaaa tgcacaaggg
      421 caaatgatac accaggccgt atcacctagg actttgaatg catgggtgaa ggtaatagaa
      481 gaaaaggctt tcagcccaga agtaataccc atgttctcag cattatcaga aggagccacc
      541 ccacaagatt tgaatatgat gctgaacata gtgggggggc accaggcagc tatgcaaatg
      601 ttaaaagata ccatcaatga ggaagctgca gaatgggaca ggttacatcc agtacatgca
      661 gggcctattc caccaggcca aatgagagaa ccaaggggga gtgacatagc aggaactact
      721 agcacccctc aagaacaaat aggatggatg acaagcaacc cacctatccc agtgggggac
      781 atctataaaa gatggataat cctgggatta aataaaatag taagaatgta tagccctgtt
      841 agcattttgg acataaaaca agggccgaaa gaacctttca gagactatgt agataggttc
      901 tttaaggttc tcagagctga gcaagcttca caggacgtaa aaaattggat gacagaaacc
      961 ttgctggtcc aaaatgcgaa tccagattgt aagtccattt taagagcatt aggaacaggg
     1021 gctacattag aagaaatgat gacagcatgc cagggagtgg gaggacccag ccataaagca
     1081 agggttttgg ctgaggcaat gagtcaagta caacagccaa acataatgat gcagagaggc
     1141 aattttaggg gccagagagg aattaagtgt ttcaactgtg gcaaagaagg acacctagcc
     1201 agaaattgca gggcccctag gaaaaagggc tgttggaaat gtgggaagga gggacaccaa
     1261 atgaaagact gcactgagag acaggctaat tttttaggga aaatttggcc ttccagcaag
     1321 gggaggccag gaaatttccc tcagagcaga ccggagccaa cagccccacc agcagagctc
     1381 tttggaatgg gggaagagat agcctcccct ccgaaacagg agcagaaaga caggggacag
     1441 ggcccacctt tagtttccct caaatcac
                                  gag ->
```

```
LOCUS       HIVVI59      1450 bp ss-RNA             VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate VI59 taken from a
            Zairean national residing in Belgium, gag region.
ACCESSION   L11795
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Zairean isolate VI59.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1450)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD 20850.
            This sequence has a premature stop codon at position 46.
            The VI59 gag sequence clusters with HIV-1 A subtype sequences.
BASE COUNT      571 a    279 c    327 g    273 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ataggtgcga gagcgtcagt attaagcgag ggaaaattag atgcatagga gaaaattcgg
      gag ->
       61 ttaaggccag gaggaaagaa acaatataga ctgaaacatt tagtgtaggc aagcaaggag
      121 ctagaaagat tcgcacttaa ccctagcctt ttagaaacaa cagaaggatg tcaacaaata
      181 atagaacaat tacaaccagc tctcaagaca ggaacagaag aacttagatc attatttaat
      241 gcagtagcag tcctctattg cgtacatcaa cggatagata taaaagacac caaagaagcc
      301 ttagataaaa tagaagaaat gcaaaataag agtaagcaaa agacacagca ggcagcagct
      361 aacacaggaa acagcaacaa ggtcagccaa aattacccca tagtgcaaaa tgcacaaggg
      421 caaatagtac accaggcctt atcacctaag accttaaacg cataggtgaa agtagtagaa
      481 gaaaaggctt tcagcccaga agtaataccc atgttctcag aattatcaga aggagccacc
      541 ccacaagatt taaatatgat gctaaatgta gtaggaggac accaggcagc tatgcaaatg
      601 ttaaaagata ccatcaatga agaagctgca gaataggaca ggttacatcc agtgcatgca
      661 aggcctattc caccaggcca gatgagagaa ccaaaaggaa gtgacatagc aggaactact
      721 agtacccttc aagaacaaat aagatagatg acaggcaacc cacctatccc agtaggtgac
      781 atctatagaa gatggataat cctaggatta aataaaatag taagaatgta tagccctgta
      841 agcattttgg acgtaagaca aaggccaaaa gaacccttca aggactatgt agacagattc
      901 tttaaaattc tcagagctga gcaagctaca caggaggtaa aaaactggat gacagaaacc
      961 ttgctggtcc aaaatgcgaa tccagactgt aagtccattt taaaaagatt aagagtaagg
     1021 gctacattag aagaaatgat gacagcatgc cagggagtag gaggacccgg ccataaggca
     1081 aaggttttgg ctgaggcaat aagtcaagta caacagacaa gcataatgat gcagagaggc
     1141 aattttaagg gccagaaaag aattaagtgt ttcaactgtg gcaaagaagg acatctagcc
     1201 agaaattgca gggcccctag gaaaaaaggc tgttagaaat gtaggaaaga aggacaccaa
     1261 atgaaagact gcactgagag acaggctaat tttttaggga aaatttggcc ttccagcaag
     1321 gggaggccag gaaattttcc tcagagcaga ccggagccaa cagccccacc agcagagatc
     1381 ttgaggataa ggaaagaaat gacctcccct ccgaaacagg aacagactcc ttcaatttcc
     1441 ctcaaatcac
              gag ->
```

```
LOCUS       HIVVI69      1459 bp ss-RNA             VRL       20-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate VI69 taken from a
            Rwandan national residing in Belgium, gag region.
ACCESSION   L11796
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Rwandan isolate VI69.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1459)
  AUTHORS   Louwagie,J.J., McCutchan,F., Brennan,T., Peeters,M., Brennan,T.,
            Sanders-Buell,E., Eddy,G., van der Groen,G., Fransen,K.,
            Gershy-Damet,M., DeLeys,R. and Burke,D.
  TITLE     Phylogenetic analysis of gag genes from seventy international HIV-1
            isolates provides evidence for multiple genotypes
  JOURNAL   AIDS 7, 769-780 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Henry M. Jackson Foundation
            Research Laboratory, 1500 East Gude Drive, Rockville, MD 20850.
            The authors group the outlying VI69 gag sequence with their
            subtype E.  The naming of this subtype was made independently of
            envelope subtype studies, and so gag sequences in this subtype
            are not necessarily related to envelope sequences classified as
            subtype E in the 1992 and 1993 compendiums.
BASE COUNT      531 a    277 c    365 g    286 t
ORIGIN      gag cds start
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagcggg ggaaaattag atgcatggga aaaaattcga
gag start ->
       61 ttaagaccgg ggggaaggaa aaaatacaaa atgaagcatc taatatgggc aagcagggaa
      121 ttagaaaagat ttgcacttga tcctggcctt ctagaaacat cagaaggctg tagaaaaata
      181 ataggacagt tacaaccatc ccttcagaca ggatcagaag agcttagatc attatataat
      241 acagtagcag ttctctattt tgtacatcaa aaggtagagg taaaggacac caaggaagct
      301 ttagagaagc tagaggagga acaaaacaaa agtcagcaaa agaaacagca agtggcagct
      361 gacaaagggg tcagtcaaaa ttaccctata gtacaaaatc ttcagggaca aatggtacac
      421 caggccatat cacctagaac tttaaatgca tgggtaaagg tgatagaaga gaaggctttt
      481 agtccagaag taatacccat gttttcagca ttatcagaag gagccactcc acaagattta
      541 aacaccatgc taaacacagt gggggggacat caggcagcca tgcaaatgtt aaaagacacc
      601 atcaatgagg aagctgcaga atgggataga ttacatccag tgcatgcagg gcctaaccca
      661 ccaggccaga tgagggaacc taggggaagt gatatagctg gaactactag tacccttcag
      721 gaacaaatac agtggatgac aagcaatcca cctatcccag tgggagacat ctataaaaga
      781 tggatcatcc taggattaaa taaaatagta agaatgtata gccctgtcag cattttggac
      841 ataagacaag ggccaaaaga acccttaga gactatgtag acagattctt taaaacccta
      901 agagctgagg aagctacaca ggaagtaaag ggttggatga cagacacctt gttgatccag
      961 aatgcgaacc cggattgtaa aaccatctta aaagcaatgg gaccaggggc tacactagaa
     1021 gaaatgatga cagcatgtca gggagtggga ggacctggcc ataaggcaag agttttggct
     1081 gagacaatga gccaagcaac aaatgcagcc ataatgatgc agaaaagtaa ttttaagggc
     1141 caaagaagaa ctgttaaatg ttttaattgt ggcaaagaag gacacgtagc caaaaattgc
     1201 agggccccta gaaaaaaggg ctgttggaaa tgtggaagag agggacacca aatgaaagac
     1261 tgcactgaga gacaggccaa ttttttaggg aaaatttggc cttccaacaa ggggaggcca
     1321 gggaattttc ttcagagcag accagagcca tcagccccgc cagcagagag ctttgggttc
     1381 agagaggaga taacccccctc tccgaagcag gagcagaagg acgagggact gtctcctccc
     1441 ttagcttccc tcaaatcac
                        gag ->
```

```
LOCUS       HIV17M1234    396 bp ss-RNA            VRL       23-DEC-1992
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 17M1234, partial gag
            cds, p17 region.
ACCESSION   L04602
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 17M1234 derived
            ultimately from HIVHXB2R.
REFERENCE   1  (bases 1 to 396)
  AUTHORS   Schwartz,S., Campbell,M., Nasioulas,G., Harrison,J.,
            Felber,B.K. and Pavlakis,G.N.
  TITLE     Mutational inactivation of an inhibitory sequence in human
            immunodeficiency virus type 1 results in Rev-independent Gag
            expression
  JOURNAL   J. Virol. 66, 7176-7182 (1992)
COMMENT     Deletions in gag are shown by [1] and Scwartz et al., J. Virol.
            66:150-159, 1992, to define a 200+ nt inhibitory sequence denoted
            INS-1. Inhibition is exerted by this element located within nucleo-
            tides 67-368 below. Multiple inhibitory signals may be involved;
            alternatively, a single continuous element coinciding with a
            specific mRNA structure may be involved [1]. A second INS element
            in the gag-pol region is under investigation. These elements, in
            some cases corresponding to the CRS elements, are overcome by RRE
            and Rev.
BASE COUNT      142 a     83 c    108 g     63 t
ORIGIN      Start of gag cds
        1 ATGggtgcga gagcgtcagt attaagcggg ggagaattag atcgatggga aaaaattcgg
gag start ->
       61 ttaaggccag ggggaaagaa gaagtacaag ctaaagcaca tcgtatgggc aagcagggag
      121 ctagaacgat tcgcagttaa tcctggcctg ttagaaacat cagaaggctg tagacaaata
      181 ctgggacagc tacaaccatc ccttcagaca ggatcagagg agcttcgatc actatacaac
      241 acagtagcaa ccctctattg tgtgcaccag cggatcgaga tcaaggacac caaggaagct
      301 ttagacaaga tagaggaaga gcaaaacaag tccaagaaga aggcccagca ggcagcagct
      361 gacacaggac acagcaatca ggtcagccaa aattac
                                              gag ->
```

```
LOCUS       HIVA101MA     308 bp ss-RNA            VRL       04-JUN-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 1 of LTCB sample
            A-10MA, partial env cds, V1V2.
ACCESSION   M96458
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 1 of LTCB
            sample A-10MA.
REFERENCE   1  (bases 1 to 308)
  AUTHORS   Chang,S.-Y.P., Bowman,B.H., Weiss,J.B., Garcia,R.E. and White,T.J.
  TITLE     The origin of HIV-1 isolate HTLV-IIIB
  JOURNAL   Nature 363, 466-469 (1993)
COMMENT     This is a sample taken from one of ten cultures putatively used to
            create a pool in 1983 at the LTCB.  This sequence is distinct from
            any other sequence previously published in the Los Alamos database,
            including HIV-1 LAI/IIIB, HIV-1 LAI/LAV and HIV-1 BRU.
            [1] concludes that this viral isolate could not have been the
            source of IIIB. Four additional clonal sequences with accession
            numbers M96493-M96496, are shown in alignment below.
BASE COUNT      117 a      52 c      55 g      84 t
ORIGIN      357 bp downstream from beginning of env cds
        1 aaagttaacc ccactctgtg ttactttaaa ttgcactgat tatttgggga atgctactaa
 env cds ->
       61 tacagggaat gctactaata cagagaatgc tactaatccc actagtagta gcgagagaat
      121 aatggagaaa ggagaaataa aaaactgctc tttcaatatc accacaagca taagagataa
      181 gatacagaaa gaatatgcac ttttttataa acttgatgta gtaccaatag ataatgatga
      241 taataccagc tataggttga taagttgtaa tacctcagtc attacacagg cctgtccaaa
      301 ggtatcct
              env ->
```

```
50CON.10A   AAAGTTAACCCCACTCTGTGTTACTTTAAATTGCACTGATTATTTGGGGAATGCTACTAATACGGGGAAT     70
HIVA101MA   ----------------------------------------------------------A------     70
HIVA1012MA  ---------T-------------------------A--------------------A-------------     70
HIVA1018MA  -----------------------------G---------G-G----A----------------------     70
HIVA1027MA  -----------------------------G---------A------A----------------------     70
HIVA1032MA  ----------------------------------------------------------A------     70

50CON.10A   GCTACTAAT...G?GAATG?TACTAAT.................................ACCACTAGTA    102
HIVA101MA   ---------ACA-A-----C-------.................................C---------    107
HIVA1012MA  ----A----ACA-G-----A-------.................................------G---    107
HIVA1018MA  -T-------.....................................................----------     89
HIVA1027MA  -T-------.....................................................----------     89
HIVA1032MA  ---------...-G-----C--------GGGAATGCTACTAATACAGAGAATGCTACTAATC---------    137

50CON.10A   GTAGCGGGGAAACGATGGAGAAAGGAGAAATAAAAAACTGCTCTTTCAATATCACCACAAGCATAAGAGA    172
HIVA101MA   ------A-AG--TA------------------------------------------------------    177
HIVA1012MA  -------------A------GG--------------A-------------------------G-----    177
HIVA1018MA  --G-------------------------------------------------------------------    159
HIVA1027MA  --G--------G-----------------------------------------------------------    159
HIVA1032MA  ------A--G-------------------------------------------------------------    207

50CON.10A   TAAGATACAGAAAGAATATGCACTTTTTTTATAAACTTGATGTAGTACCAATAGATAATGAT...AATACC    239
HIVA101MA   ----------------------------------------------------------GAT------    247
HIVA1012MA  ------G----G-----------------------------------------G--G----...------    244
HIVA1018MA  ---------------------------------------------------GG-----...------    226
HIVA1027MA  ---------------------------------------------------GG-----...------    226
HIVA1032MA  ---------------------------------------------------G--G----...------    274

50CON.10A   AGCTATAGGTTGATAAGTTGTAATACCTCAGTCATTACACAGGCCTGTCCAAAGGTATCCT          300
HIVA101MA   ----------------------------------------------------------          308
HIVA1012MA  ----------------------------------------------------------          305
HIVA1018MA  ----------------------------------------------------------          287
HIVA1027MA  ----------------------------------------------------------          287
HIVA1032MA  ----------------------------------------------------------          335
```

HIVA151RW

```
LOCUS       HIVA151RW     257 bp ss-RNA             VRL       04-JUN-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 1 of LTCB sample
            A-15RW, partial env cds, V1V2.
ACCESSION   M96459
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 1 of LTCB
            sample A-15RW.
REFERENCE   1  (bases 1 to 257)
  AUTHORS   Chang,S.-Y.P., Bowman,B.H., Weiss,J.B., Garcia,R.E. and White,T.J.
  TITLE     The origin of HIV-1 isolate HTLV-IIIB
  JOURNAL   Nature 363, 466-469 (1993)
COMMENT     This is a sample taken from one of ten cultures putatively used to
            create a pool in 1983 at the LTCB.  This sequence is distinct from
            any other sequence previously published in the Los Alamos database,
            including HIV-1 LAI/IIIB, HIV-1 LAI/LAV and HIV-1 BRU.
            [1] concludes that this viral isolate could not have been the
            source of IIIB.
BASE COUNT       96 a     41 c     48 g     72 t
ORIGIN      357 bp downstream from beginning of env cds
        1 aaaattaacc ccactctgtg ttactttaga ttgcactgat ttgyggaatg ctactaatag
 env cds ->
       61 tagctgggga aagatggaga gaggagaaat aaaaaactgc tcttttaata tcaccacaaa
      121 tataagagat aaggtgcaga aagtatatgc aacttttttat aaacttgatg tagtaccaat
      181 agataataat aataccagct ataggttgat aagttgtaac acctcagtca ttacacaggc
      241 ctgtccaaag atatcct
                       env ->
```

```
LOCUS       HIVA161RW     287 bp ss-DNA             VRL       04-JUN-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 1 of LTCB sample A-16RW,
            partial env cds, V1V2.
ACCESSION   M96460
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 1 of LTCB sample
            A-16RW.
REFERENCE   1  (bases 1 to 287)
  AUTHORS   Chang,S.-Y.P., Bowman,B.H., Weiss,J.B., Garcia,R.E. and White,T.J.
  TITLE     The origin of HIV-1 isolate HTLV-IIIB
  JOURNAL   Nature 363, 466-469 (1993)
COMMENT     This is a sample taken from one of ten cultures putatively used to
            create a pool in 1983 at the LTCB.  This sequence is distinct from
            any other sequence previously published in the Los Alamos database,
            including HIV-1 LAI/IIIB, HIV-1 LAI/LAV and HIV-1 BRU.
            [1] concludes that this viral isolate could not have been the
            source of IIIB.
BASE COUNT      110 a     47 c     51 g     79 t
ORIGIN      357 bp downstream from beginning of env cds
        1 aaaattaacc ccactctgtg ttgctttaaa ttgcactaat ttaaagaatg ttactcatac
 env cds ->
       61 caagaatgat actaatatca ctagtagtga ttggggagga aagatggagg aaggagaaat
      121 gaaaaactgc tctttcaatg tcaccacaag cataagaaat aaggtacaga aagaatatgc
      181 gctttttat aaacttgatg tagtgccaat agataatgat aatacaagct atacgttgat
      241 aaattgtaac acctcagtca ttacacaagc ctgtccaaag gtatcct
                                                        env ->
```

HIVA171RAW

```
LOCUS       HIVA171RAW    263 bp ss-RNA            VRL       04-JUN-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 1 of LTCB sample
            A-17RAW, partial env cds, V1V2.
ACCESSION   M96461
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 1 of LTCB
            sample A-17RAW.
REFERENCE   1  (bases 1 to 263)
  AUTHORS   Chang,S.-Y.P., Bowman,B.H., Weiss,J.B., Garcia,R.E. and White,T.J.
  TITLE     The origin of HIV-1 isolate HTLV-IIIB
  JOURNAL   Nature 363, 466-469 (1993)
COMMENT     This is a sample taken from one of ten cultures putatively used to
            create a pool in 1983 at the LTCB.  This sequence is distinct from
            any other sequence previously published in the Los Alamos database,
            including HIV-1 LAI/IIIB, HIV-1 LAI/LAV and HIV-1 BRU.
            [1] concludes that this viral isolate could not have been the
            source of IIIB.
BASE COUNT      99 a     41 c     46 g     77 t
ORIGIN      357 bp downstream from beginning of env cds
        1 aaaattaacc ccactttgtg ttactttaaa ttgcactgat tatttgggga atactactaa
 env cds ->
       61 taccaatagt agtatcatgg aggaagtaga aatgaaaaac tgctctttca atatcaccac
      121 aagtgtaaga gataaggtgc ggaaagaata tgcacttttg tataaatatg atatagtacc
      181 aatagataag gataatacta ccagatatag gttgataagt tgtaatacct cagtcattac
      241 acaggcctgt ccaaaagtat cct
                              env ->
```

```
LOCUS       HIVA81SE      290 bp ss-DNA             VRL       04-JUN-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 1 of LTCB sample A-8SE,
            partial env cds, V1V2.
ACCESSION   M96456
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 1 of LTCB sample
            A-8SE.
REFERENCE   1  (bases 1 to 290)
  AUTHORS   Chang,S.-Y.P., Bowman,B.H., Weiss,J.B., Garcia,R.E. and White,T.J.
  TITLE     The origin of HIV-1 isolate HTLV-IIIB
  JOURNAL   Nature 363, 466-469 (1993)
COMMENT     This is a sample taken from one of ten cultures putatively used to
            create a pool in 1983 at the LTCB.  This sequence is distinct from
            any other sequence previously published in the Los Alamos database,
            including HIV-1 LAI/IIIB, HIV-1 LAI/LAV and HIV-1 BRU.
            [1] concludes that this viral isolate could not have been the
            source of IIIB.
BASE COUNT      111 a     52 c     49 g     78 t
ORIGIN      357 bp downstream from beginning of env cds
        1 aaaattaacc ccactctgtg ttactttaaa ttgcactaat gctaatttga atgctactaa
 env cds ->
       61 tttgaagaat gctactaata ccactagtag taggagttgg ggacagatgg agacaggaga
      121 aataaaaaac tgctctttca atatcaccac aggcatagga aataagaaga agaaagaata
      181 tgcacttttt tataaccttg atgtagtacc aagagataaa gctaatacaa gctatatatt
      241 gatacattgt aacacctcaa ccattacaca ggcctgtcca aaggtatcct
                                                              env ->
```

HIVB54CH

```
LOCUS       HIVB54CH      296 bp ss-RNA            VRL       04-JUN-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 4 of LTCB sample B-5CH,
            partial env cds, V1V2.
ACCESSION   M96497
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 4 of LTCB sample
            B-5CH.
REFERENCE   1  (bases 1 to 296)
  AUTHORS   Chang,S.-Y.P., Bowman,B.H., Weiss,J.B., Garcia,R.E. and White,T.J.
  TITLE     The origin of HIV-1 isolate HTLV-IIIB
  JOURNAL   Nature 363, 466-469 (1993)
COMMENT     This is a sample taken from one of ten cultures putatively used to
            create a pool in 1983 at the LTCB.  This sequence is distinct from
            any other sequence previously published in the Los Alamos database,
            including HIV-1 LAI/IIIB, HIV-1 LAI/LAV and HIV-1 BRU.
            [1] concludes that this viral isolate could not have been the
            source of IIIB. Three other clonal sequences, with accession numbers
            M96457, M96499 and M96498, are shown below in alignment.  There is a
            frame shift at position 66 in clone HIVB514.
BASE COUNT      108 a     41 c     64 g     83 t
ORIGIN      357 bp downstream from beginning of env cds
        1 aaaattaacc ccactctgtg ttactttaaa ttgtactgat tatgggagga atgatactaa
 env cds ->
       61 tgtcactagt agtagtgggg gaaatagtag ttgggaaggg atgaaaggag aaataaaaaa
      121 ttgctctttc aatgtcacca caagtgtaag agataaagtg aagaacgaat atgctctctt
      181 ctatagactt gatgtagtac caatagagga tgataaggat aatagtagct atagtagcta
      241 tagattgata aattgcaata cctcagtcat tacacaggcc tgtccaaaga tatcct
                                                              env cds ->
```

```
-----
50CON.B5   AAAATTAACCCCACTCTGTGTTACTTTAAATTGCACTGAT???.?????????.?ACTAATGTCACTACT     55
HIVB510CH  ----------------------------------------.....----------------------     55
HIVB514CH  ----------------------------------------.....----------------------     55
HIVB54CH   --------------------------------T------TATGGGAGGAATGAT------------G-     70
HIVB55CH   ----------------------------------------TATTGGAGGAATGGT----------------     70

50CON.B5   AGTAGTGGGGGAAATAGTAGTTGGGAAGGGATGAAAGGAGAAATAAAAAATTGCTCTTTCAATGTCACCA     125
HIVB510CH  ------------------------------------------------------------------------     125
HIVB514CH  ----------.-------------------------------------------------C-------------     125
HIVB54CH   ---------------------------------- ----------------------------------     140
HIVB55CH   ------------------------------------------------------------------------     140

50CON.B5   CAAGTGTAAGAGATAAAGTGAAGAACGAATATGCTCTCTTCTATAGACTTGATGTAGTACCAATAGAGGA     195
HIVB510CH  ------------------------------------------------------------------------     195
HIVB514CH  ------------------------------------------------------------------------     195
HIVB54CH   ------------------------------------------------------------------------     210
HIVB55CH   ----------------G--------T-----------------------------------------------     210

50CON.B5   TGATAAGGATAATAGTAGCTATAGTAGCTATAGATTGATAAATTGCAATACCTCAGTCATTACACAGGCC     265
HIVB510CH  ------------------------------------------------------------------------     265
HIVB514CH  ------------------------------------------------------------------------     265
HIVB54CH   ------------------------------------------------------------------------     280
HIVB55CH   -A-C----------------------A-------------------------------------------     280

50CON.B5   TGTCCAAAGATATCCT                    281
HIVB510CH  ----------------                    281
HIVB514CH  --------------A-                    281
HIVB54CH   ----------------                    296
HIVB55CH   ---------G------                    296
```

```
LOCUS       HIVLAIB2M2     284 bp
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, sample B2 of Pasteur Institute
            LAI culture M2T/B, partial env cds, V1V2.
ACCESSION   M96466
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Pasteur Institute
            LAI culture M2T/B, sample B2.
REFERENCE   1  (bases 1 to 284)
  AUTHORS   Chang,S.-Y.P., Bowman,B.H., Weiss,J.B., Garcia,R.E. and White,T.J.
  TITLE     The origin of HIV-1 isolate HTLV-IIIB
  JOURNAL   Nature 363, 466-469 (1993)
COMMENT     This sequence is derived from Pasteur Institute culture M2T/B, and
            corresponds to sample B2 in Table 1 of [1].  This clonal sequence
            contains a fifteen base pair nucleotide duplication (starting at
            position 56), which according to [1] indicates that the sequence is
            a variant of HIV-1 LAI/LAV.  Other clonal sequences of M2T/B are
            LAI/IIIB-like. [1] and <HIVM2TBB8>.
BASE COUNT      109 a     48 c     51 g     76 t
ORIGIN      357 bp downstream from beginning of env cds
        1 aaaattaacc ccactctgtg ttattttaaa gtgcactgat ttggagaatg ctactaatac
 env cds ->
       61 caatagtagt aataccaata atagtagcgg ggaaatgatg atggagaaag gagagataaa
      121 aaactgctct ttcaatatca gcacaagcat aagaaataag gtgcagaaag aatatgcatt
      181 cttttataaa cttgatatag taccaataga taatgatact accagctata cgttgacaag
      241 ttgtaacacc tcagtcatta cacaggcctg tccaaaggta tcct
                                                    env ->
```

HIVLAIB8M2

```
LOCUS       HIVLAIB8M2     284 bp
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 11 of Pasteur Institute
            LAI culture M2T/B sample B8, partial env cds, V1V2.
ACCESSION   M96464
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 11 of Pasteur
            Institute LAI culture M2T/B sample B8.
REFERENCE   1  (bases 1 to 284)
  AUTHORS   Chang,S.-Y.P., Bowman,B.H., Weiss,J.B., Garcia,R.E. and White,T.J.
  TITLE     The origin of HIV-1 isolate HTLV-IIIB
  JOURNAL   Nature 363, 466-469 (1993)
COMMENT     This sequence is derived from Pasteur Institute culture M2T/B, and
            corresponds to sample B8 on Table 1 of [1].  Six additional clonal
            sequences (accession numbers M96463, M96465, M96467-M96470) are
            shown in alignment below.  These sequences represent variants of
            HIV-1 LAI/LAV and HIV-1 LAI/IIIB. As defined by [1], variants of
            LAI/LAV can be distinguished from LAI/IIIB by the presence of a
            fifteen base pair nucleotide duplication starting at position 70.
            See also <HIVLAIB2M2>.
BASE COUNT      108 a     47 c     52 g     77 t
ORIGIN      357 bp downstream from beginning of env cds
        1 aaaattagcc ccactctgtg ttattttaaa gtgcactgat ttggagaatg ctactaatac
 env cds ->
       61 caatagtagt aataccaata gtagtagcgg ggaaatgatg atggagaaag gagagataaa
      121 aaactgctct ttcaatatca gcacaagcat aagaaataag gtgcagaaag aatatgcatt
      181 tttttataaa cttgatataa taccaataga taatgatact accagctata cgttgacaag
      241 ttgtaacacc tcagtcatta cacaggcctg tccaaaggta tcct
                                                    env ->
```

```
50CON.B8    AAAATTAACCCCACTCTGTGTTA?TTTAAAGTGCACTGATTTGAAGAATGCTACTAATACCAATAGTAGT.     69
HIVB811M2T -------G---------------T------------------G-------------------------A     71
HIVB88M2T  ------------------------T-------C-----------G-------------------------A     71
HIVB821M2T ---G------------------G----------------G-------------------------A     71
HIVB812TB  ------------------------G-------------------------A-------------------.     70
HIVB824M2T ------------------------C------T-------------C-----------------C-------.     70
HIVB87M2TB ------------------------C------T-------------C-----------------C-------.     70
HIVB822M2T ------G---.-------------C------T--------------C-----------------C-------.     69

50CON.B8    ..............AGCGGGGGAATGATGATGGAGAAAGGAGAGATAAAAAACTGCTCTTTCAATATCAGC     126
HIVB811M2T ATACCAATAGTAGT-------A-------------------------------------------------     142
HIVB88M2T  ATACCAATAGTAGT-------A-------------------------------------------------     142
HIVB821M2T ATACCAATAGTAGT-------A-------------------------------------------------     142
HIVB812TB  ..............------A-------A-------------------------------------------     127
HIVB824M2T ..............---------...-C-------GG------A-------------------------C-     124
HIVB87M2TB ..............---------...-C-------GG------A-------------------------C-     124
HIVB822M2T ..............---------...-A---------------A-----G---------------G---C-     123

50CON.B8    ACAAGCATAAGAAATAAGGTGCAGAAAGAATATGCATTTTTTTTATAAACTTGATATAGTACCAATAGATAA     197
HIVB811M2T ---------------------------------------------------------A-------------     213
HIVB88M2T  ---G-----------------------------------C-------------------------------     213
HIVB821M2T ---------------------------------------C-------------------------------     213
HIVB812TB  ------------GG-----------------------------------------A-------------     198
HIVB824M2T ------------GG-------------------------------------------------------     195
HIVB87M2TB ------------G----------------------C-G---------------------------------     195
HIVB822M2T ----A----G--------A-----------------------------------C---------------     194

50CON.B8    TGATACTACCAGCTATACGTTGACAAGTTGTAACACCTCAGTCATTACACAGGCCTGTCCAAAGGTATCC     267
HIVB811M2T ---------------------------------------------------------------------     282
HIVB88M2T  ---------------------------------------------------------------------     282
HIVB821M2T ---------------------------------------------------------------------     282
HIVB812TB  ---------------------------------------------------------------------     267
HIVB824M2T -.....----------G-----------------------------------------------------     258
HIVB87M2TB -A--...---T-------G-----T---------------------------------------------     261
HIVB822M2T ---------------------------------------------------------------------     264
```

```
LOCUS       HIVLAIC319    284 bp ss-RNA            VRL       04-JUN-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 19 of Pasteur Institute
            viral culture IDAV-1 sample C3, partial env cds, V1V2.
ACCESSION   M96481
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 19 of Pasteur
            Institute culture IDAV-1 sample C3.
REFERENCE   1  (bases 1 to 284)
  AUTHORS   Chang,S.-Y.P., Bowman,B.H., Weiss,J.B., Garcia,R.E. and White,T.J.
  TITLE     The origin of HIV-1 isolate HTLV-IIIB
  JOURNAL   Nature 363, 466-469 (1993)
COMMENT     This sequence is derived from the Pasteur Institute culture
            JBB4/IDAV-1 (LAI), and corresponds to sample C3 in Table 1 of [1].
            Twenty one other clonal sequences (accession numbers M96471-M96492)
            are shown below in alignment. The sequences represent variants of
            LAI/LAV or LAI/IIB derived from sample C3.  As defined by [1],
            sequences can be distinguished by a 15 base pair nucleotide
            duplication: sequences with the duplication are variants of LAI/LAV,
            those without such duplication are variants of LAI/IIIB. Additional
            IDAV-1 (LAI) sequences (E70 F79, E69, E86 and E74), can be found on
            page I-A-74 of the 1991 compendium.
BASE COUNT      108 a     48 c     52 g     76 t
ORIGIN    357 bp downstream from the beginning of env cds
        1 aaaattaacc ccactctgtg ttattttaaa gtgcactgat ttggagaatg ctactaatac
 env cds ->
       61 caatagtagt aataccaata atagtagcgg ggaaatgatg atggagaaag gagagataaa
      121 aaactgctct ttcaatatca gcacaagcat aagagataag gtgcagaaag aatatgcatt
      181 cttttataaa cttgatatag taccaataga taatgatact accagctata cgttgacaag
      241 ttgtaacacc tcagtcatta cacaggcctg tccaaaggta tcct
                                                     env ->
----
50CON.C3   AAAATTAACCCCACTCTGTGTTA?TTTAAAGTGCACTGATTTGGAGAATGCTACTAATACCAATAGTAGTA     70
HIVC319LAI ----------------------T-----------------------------------------------     71
HIVC310LAI ----------------------T-----------------------------------------------     71
HIVC31LAI  ----------------------T-----------------------------------------------     71
HIVC39LAI  ----------------------T-----------------------------------T----------     71
HIVC315LAI ----------------------G-------------------G--------------------------     71
HIVC320LAI ----------------------G-------------------G--------------------------     71
HIVC322LAI ----------------------T------T------------GA-------------------------     71
HIVC38LAI  ----------------------T------T-------------------------G--------------     71
HIVC317LAI ----------------------T------T-----------A...---A--------------------     68
HIVC321LAI ----------------------G-------------------A------A-------------------     71
HIVC32LAI  ----------------------T-------------------------------G--------------     71
HIVC328LAI ----------------------T------T-------------------------G--------------     71
HIVC36LAI  ----------------------T------T------------G--------------------------     71
HIVC311LAI ----------------------G-------------------G--------------------------     71
HIVC34LAI  ----------------------G------T------------G--------------------------     71
HIVC325LAI ----------------------T------T------------...---A--------------------     68
HIVC314LAI ----------------------G-------------------A------A----...............-     56
HIVC316LAI -----------T-----------G-------------------A------A----...............-     56
HIVC318LAI ----------------------G-------------------A------A----...............-     56
HIVC35LAI  -----------T-----------G-------------------A------A----...............-     56
HIVC326LAI ----------------------G--------------------------A----...............-     56
HIVC33LAI  ----------------------G-------------------A------A----...............-     56
```

HIVLAIC319

```
50CON.C3    ATACCAATAGTAGTAGCGGGGAAATGATGATGGAGAAAGGAGAGATAAAAAACTGCTCTTTCAATATCAGC    141
HIVC319LAI  ---------A-------------------------------------------------------------    142
HIVC310LAI  ---------A-------------------------------------------------------------    142
HIVC31LAI   -------------------------------------------------------------------------    142
HIVC39LAI   -------------------------------------------------------------------------    142
HIVC315LAI  -------------------------------------------------------------------------    142
HIVC320LAI  -------------------------------------------------------------------------    142
HIVC322LAI  -------------------------------------------------------------------------    142
HIVC38LAI   -------------------------------------------------------------------------    142
HIVC317LAI  -------------------A-----------------------------------------------------    139
HIVC321LAI  -------------------------------------------------------------------------    142
HIVC32LAI   -------------------------------------------------------------------------    142
HIVC328LAI  -------------------------------------------------------------------------    142
HIVC36LAI   -------------------------------------------------------------------------    142
HIVC311LAI  -----G-------------------------------------------------------------------    142
HIVC34LAI   -------------------------------------------------------------------------    142
HIVC325LAI  ------------------AAA-------A---A----------A-----------------------------    139
HIVC314LAI  --------------------AG------A-------------------------------------------    127
HIVC316LAI  --------------------AG------A-------------------------------------------    127
HIVC318LAI  --------------------AG------A-------------------------------------------    127
HIVC35LAI   --------------------AG------A-------------------------------------------    127
HIVC326LAI  --------------------AG------A-------------G-----------------------------    127
HIVC33LAI   --------------------AG------A-------------------------------------------    127

50CON.C3    ACAAGCATAAGAGATAAGGTGCAGAAAGAATATGCATTCTTTTATAAACTTGATATAGTACCAATAGATAA    212
HIVC319LAI  -------------------------------------------------------------------------    213
HIVC310LAI  --------------G----------------------------------------------------------    213
HIVC31LAI   ------------A-------------------------------------------------------------    213
HIVC39LAI   ------------A-----------------------------------------------------C------    213
HIVC315LAI  ------------A-------------------------------------------------------------    213
HIVC320LAI  ------------A-----------------------------------------------------G-----    213
HIVC322LAI  ------------A-------------------------------------------------------------    213
HIVC38LAI   ------------A-------------------------------------------------------------    213
HIVC317LAI  ------------A-------------------------------------------------------------    210
HIVC321LAI  -------------G-------------------------T-----------------A-------------    213
HIVC32LAI   -------------G-------------------------T------------A-----A-------------    213
HIVC328LAI  -------------G-------------------------T-----------------A-------------    213
HIVC36LAI   -------------G-------------------------T-------------------------------    213
HIVC311LAI  -------------G---A-------------------T-------------------------------    213
HIVC34LAI   ------------A-------------------------------------------------------------    213
HIVC325LAI  -------------G-------------------------T-------------------------------    210
HIVC314LAI  -------------G-------------------------T--------G---------A-------------    198
HIVC316LAI  -------------G-------------------------T-----------------A-------------    198
HIVC318LAI  ------------A-------------------------------------------------------------    198
HIVC35LAI   ------------A-------------------------------------------------------------    198
HIVC326LAI  -------------------------------------------------------------------------    198
HIVC33LAI   -------------G-------------------------T-------------------------------    198
```

```
50CON.C3    TGATACTACCAGCTATACGTTGACAAGTTGTAACACCTCAGTCATTACACAGGCCTGTCCAAAGGTATC   281
HIVC319LAI  ------------------------------------------------------------------   282
HIVC310LAI  ------------------------------------------------------------------   282
HIVC31LAI   ------------------------------------------------------------------   282
HIVC39LAI   ------------------------------------------------------------------   282
HIVC315LAI  ------------------------------------------------------------------   282
HIVC320LAI  ------------------------------------------------------------------   282
HIVC322LAI  ------------------------------------------------------------------   282
HIVC38LAI   ------------------------------------------------------------------   282
HIVC317LAI  ------------------------------------------------------------------   279
HIVC321LAI  ------------------------------------------------------------------   282
HIVC32LAI   ----------------------------------G-------------------------------   282
HIVC328LAI  -......----------G-----T----------------------------------------   276
HIVC36LAI   -......----------G-----T----------------------------------------   276
HIVC311LAI  -......----------G-----T----------------------------------------   276
HIVC34LAI   -......----------G-----T----------------------------------------   276
HIVC325LAI  -......----------G-----T----------------------------------------   273
HIVC314LAI  ------------------------------------------------------------------   267
HIVC316LAI  ------------------------------------------------------------------   267
HIVC318LAI  ------------------------------------------------------------------   267
HIVC35LAI   ------------------------------------------------------------------   267
HIVC326LAI  ------------------------------------------------------------------   267
HIVC33LAI   -......----------G-----T----------------------------------------   261
```

HIVDLC23

```
LOCUS       HIVDLC23      278 bp ss-RNA             VRL       04-JUN-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 3 of sample IDAV-2,
            partial env cds, V1V2.
ACCESSION   M96462
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 3 of Pasteur
            Institute sample IDAV-2.
REFERENCE   1  (bases 1 to 278)
  AUTHORS   Chang,S.-Y.P., Bowman,B.H., Weiss,J.B., Garcia,R.E. and White,T.J.
  TITLE     The origin of HIV-1 isolate HTLV-IIIB
  JOURNAL   Nature 363, 466-469 (1993)
COMMENT     This sequence is derived from a Pasteur Institute viral isolate,
            JBB4/IDAV-2.  In [1], the sample sequenced was designated C2.
BASE COUNT      109 a     45 c     47 g     77 t
ORIGIN      357 bp downstream from beginning of env cds
        1 gaaattaacc ccactctgtg ttactttaaa gtgcactaac ttgaagaatg ctactaatac
 env cds ->
       61 caatagtact agttccaata gtagtagttg gggaaagatg gagaaaggag aaataaagaa
      121 ctgctctttc aatgtcacca caaacatagg aaataagatg cagaaagaat atgcattttt
      181 ttataaactt gatgtagtac caatagataa aaataataca tatatgttga taaattgtaa
      241 cacctcagtc attacacagg cctgtccaaa ggtatcct
                                              env ->
```

```
LOCUS       HIV109A11X    105 bp ds-DNA
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, sample 109A11X from
            Argentina, V3 loop coding region of envelope.
ACCESSION   L16594
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) proviral DNA, Argen-
            tinian sample 109A11X.
REFERENCE   1  (bases 1 to 105)
  AUTHORS   Gomez Carrillo,M., Piccardo,C. and Libonatti,O.
  TITLE     Molecular analysis of the principal neutralizing domain (V3 loop)
            of the human immunodeficiency virus type 1 in Argentina
  JOURNAL   Rev Arg. Microbiol. 24, 91-101 (1992)
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Gomez Carrillo,
            Universidad de Buenos Aires, Facultad de Medicina, Paraguay
            2155, 1121 - Capital Federal, Argentina.  Twenty nine additional
            patient V3 sequences from this study (accession numbers L16591-
            L16620) are shown in alignment below.
BASE COUNT      47 a     17 c     21 g     20 t
ORIGIN      V3 loop coding sequence of envelope cds.
        1 tgtacaagac ccaacaataa tacaagaaaa agtatacagt taggaccagg cagagcattt
 env cds ->
       61 tatacaacag gagatataat aggagacatc agaaaggcac attgt
                                                  env cds ->
```

```
----
ARG50CON    TGTACAAGACCCAACAACAATACAAGAAAAAGTATCCGTATCCAGATAGGACCAGGGAGAGCATTTTATA     70
HIV109A11X ----------------T----------------A.....---T----------C-------------     64
HIV119A15X ----------------T----------------.....---T----------C-------------     64
HIV128C7X  ----------------T----------------A.....---T----------AC----T-------     64
HIV135A12X ----------------T----------------A.....--------------AC------------     64
HIV136A13X ----------------T----------------A.....---T----------AC-----------G     64
HIV137A14X ----------------T----------------A.....---T----------AC-------C----     64
HIV141C8X  -----T----------------------T-------------T--G------------C------GT--     70
HIV19A3X   -------------G------C--T--T-C-----------------------------C--------G---     70
HIV20A4X   --------T----G-CC-----T---T-C----------------T------------C----------G     70
HIV22A5X   -----T-------G------------T-C----------------G-------------------GT--     70
HIV23A6X   -----T--T--------------T--T-C----------------T-----------C--------GT--     70
HIV24A7X   --------------T--T----------------A---.....-----------C-------------     64
HIV281B1X  ----------------------------------A-A-.....T-----TGG---------------G     64
HIV292B2X  ------------T----------------------A-A-.....--G--------AC--AT-G-----G     64
HIV293B3X  -----------T---CC---------T-C---------------TT---------------------G--G     70
HIV2A1X    -----T---------CC---C--T--T-C-----------------------------C--------GT-G     70
HIV301B4X  --------------------------------G--A.....TCTC----------A----T--A-----     64
HIV315B5X  ----------------------------------A.....-TAC----------A----T--A-----     64
HIV32A8X   -----------T-----------T--T-C------AA----A---T----------AC-T----------     70
HIV44A9X   -----T---------CC------T---T-C-----------------------------C----------     70
HIV45A10X  -----T-------G---------T--T--C---------------G-------------------G---     70
HIV54C1X   ---T-T--T--T--GCC-T----T--T-TCC-------------CG----------C--------G---     70
HIV59C2X   ---C-T--C--------T-----TC--TCC--------------T-------------------G---     70
HIV81C3X   -------------G-CC--G------T-C---A-----------------------------------     70
HIV82C4X   ----------------T----------------A.....--------------AC-------C---G     64
HIV84C5X   ----------------T----------------A.....-G------------ACA-----------     64
HIV8A2X    -----T--T---------CCC--C--T--T-C--------------G-------T---------C-GT--     70
HIV92C6X   ----------------T-------------------.....---T----------C-----------C     64
HIVC12D12X -------------------------T------G--A-------G------------C--A---------     70
HIVC6D1X   -------------------------T----------------G--G---------------G--AT-G     70
```

HIV109A11X

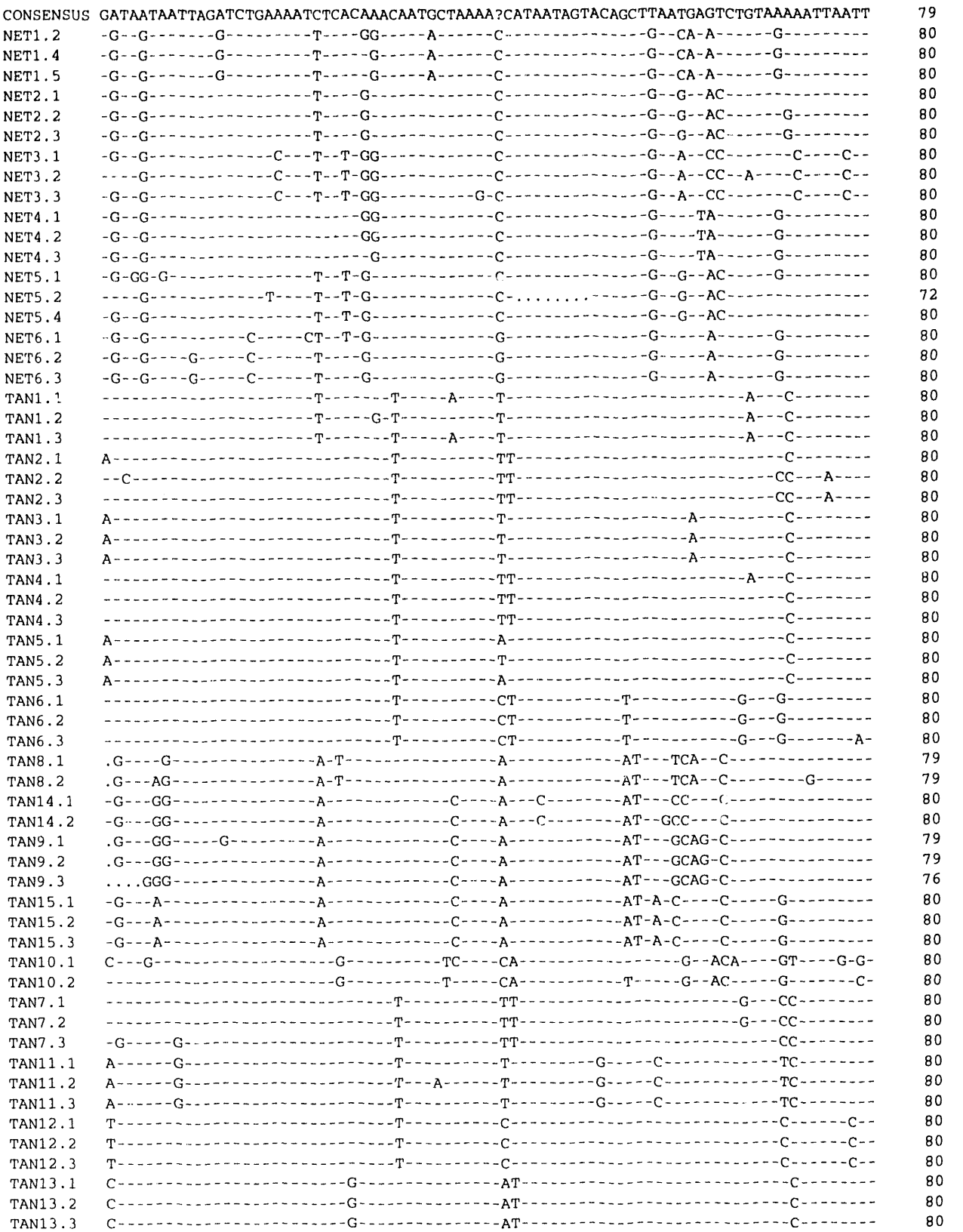
```
CONSENSUS   CAACAGGAGAAATAATAGGAGACAT?AGACAAGCACATTGT          110
HIV109A11X  ----------T----------C---A-G---------          105
HIV119A15X  ----------CG---------C---A-G---------          105
HIV128C7X   -------------------------C---ATG---------          105
HIV135A12X  --------C--G----------C---A-----------          105
HIV136A13X  ----------T----------C---A-G---------          105
HIV137A14X  --------A-T----------C---A-G---------          105
HIV141C8X   ---T---TC--C--GG-...AT-C-G--C-TT--C-G----          108
HIV19A3X    ----------C---G-------TG-G-TC--G----C----          111
HIV20A4X    ----------C----------C----C-C---------          111
HIV22A5X    ---T----------GG---T...--G----G----------          108
HIV23A6X    ---T----------GG-...A-T--G---------------          108
HIV24A7X    ----------C----------T--A---------------          105
HIV281B1X   ----------G---------A-T--A---------------          105
HIV292B2X   ----------------------T--A---------------          105
HIV293B3X   ---T------T---G---AT-TT--A---------A-----          111
HIV2A1X     ---T------CG--G----T-TG--G--C-T-----C----          111
HIV301B4X   --------A--G--------A-T--A---------------          105
HIV315B5X   --------------------A-T--A---------------          105
HIV32A8X    -T--------------------T--A---AC----------          111
HIV44A9X    --------------G----T...--G-T---G----C----          108
HIV45A10X   ---T----------G----T...--G-T--G----------          108
HIV54C1X    --G----------G----------G----G----------          111
HIV59C2X    --------------G----------G----C-C---------          111
HIV81C3X    -------------------------CC--AC-C---------          111
HIV82C4X    -------------------------C---A-G---------          105
HIV84C5X    -------------------------C---ATG---------          105
HIV8A2X     -T---CC--G-G--G-----ATT--G--T-T----------          111
HIV92C6X    ----------T----------C---ATG---------          105
HIVC12D12X  -------------------------C---A-G---------          111
HIVC6D1X    --G--AC---------------T--A---A----------          111
```

```
LOCUS       HIVNET12      219 bp ss-RNA            VRL       04-SEP-1992
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1 (NET1.2) V3 neutralizing
            domain, partial env cds.
ACCESSION   L01282
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 RNA, clone NET1.2.
REFERENCE   1  (bases 1 to 219)
  AUTHORS   Zwart,G., Wolfs,T.F., Bookelman,R., Hartman,S., Bakker,M.,
            Boucher,C.A., Kuiken,C. and Goudsmit,J.
  TITLE     Greater diversity of the V3 neutralization domain of HIV-1 in
            Tanzania than in the Netherlands: serological and genetic analysis
  JOURNAL   AIDS 7, 467-474, 1993
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Carla Kuiken, Academic
            Medical Center, University of Amsterdam, Meibergdreef 15, 1105 AZ
            Amsterdam, The Netherlands.
            This sequence is one of 16 sequences from 6 individuals from the
            Netherlands; see Genbank accession numbers L01282-L01297.
            These Dutch sequences were used as controls in a study of variation
            in Tanzanian sequences (see related entry <HIVAMTAN>).  An alignment
            of the Dutch control sequences together with the Tanzanian sequences
            from the study follows entry <HIVAMTAN>.
BASE COUNT      103 a     31 c     37 g     48 t
ORIGIN      V3 region of envelope
        1 ggtagtaatt aggtctgaaa atttcacgga caatactaaa accataatag tacagctgaa
 env cds ->
       61 caaatctgta gaaattaatt gtacaagacc caacaacaat acaagaaaaa gtatacatat
                V3 loop ->
      121 aggaccaggg agagcatttt atacaacagg agaaataata ggaaatataa gacaagcaca
                                                                    <- V3 loop
      181 ttgtaacatt agtagagcaa aatggaataa taccttaaa
                                              env ->
```

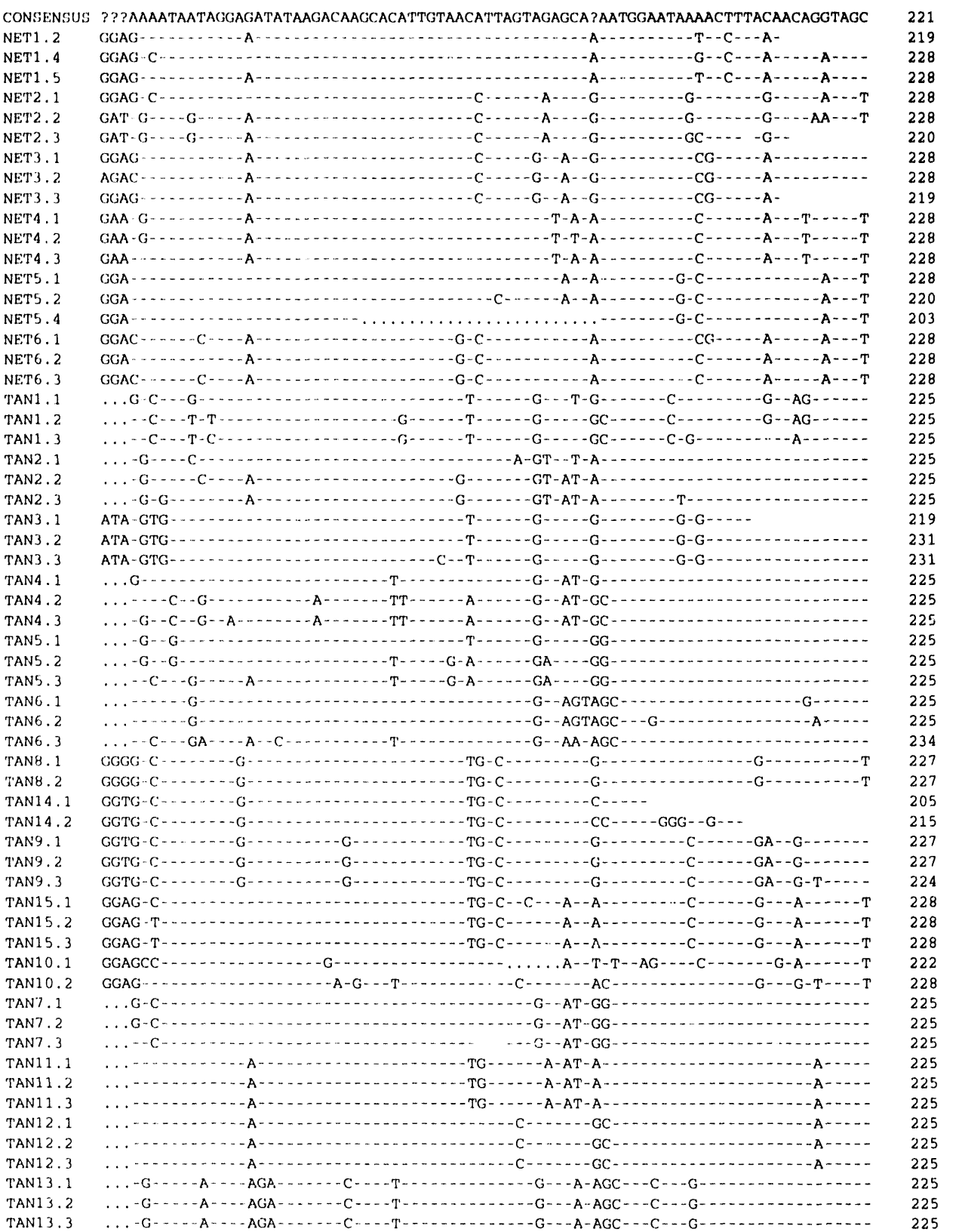
HIVAMTAN

```
LOCUS       HIVAMTAN      278 bp ss-RNA            VRL       04-SEP-1992
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1 (TAN1.1) V3 neutralizing
            domain, partial env cds.
ACCESSION   L01298
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 RNA, viral RNA TAN1.1.
REFERENCE   1  (bases 1 to 278)
  AUTHORS   Zwart,G., Wolfs,T.F., Bookelman,R., Hartman,S., Bakker,M.,
            Boucher,C.A., Kuiken,C. and Goudsmit,J.
  TITLE     Greater diversity of the V3 neutralization domain of HIV-1 in
            Tanzania than in the Netherlands; serological and genetic analysis
  JOURNAL   AIDS 7, 467-474, 1993
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Carla Kuiken, Academic
            Medical Center, University of Amsterdam, Meibergdreef 15, 1105 AZ
            Amsterdam, The Netherlands. This sequence is one of 42 sequences
            from 15 individuals in Tanzania; see Genbank accession numbers
            L01298-L01339. An alignment of the 42 Tanzanian sequences to-
            gether with 16 Dutch control sequences (representing six infected
            persons) from the same study (see entry <HIVNET12>) follows below.
            The authors report greater diversity for the Tanzanian sequence
            set (average 19%) than for the Dutch sequence set (average 10%)[1].
            The Tanzanian sequences cluster with env sequence subtypes A and
            D (TAN10 is an outlier); the Dutch samples cluster with subtype B.
            Considerable antigenic diversity ia also observed for the Tanzanian
            samples [1].
BASE COUNT      121 a     42 c     49 g     66 t
ORIGIN      V3 region of envelope
        1 agataataat tagatctgaa aatttcacaa ataatgcaaa aatcataata gtacagctta
 env cds ->
       61 atgagtctat aacaattaat tgtacaagac cctacagtag ggtaagacag ggtgcacata
                V3 loop ->
      121 taggaccagg gcgagcatac tatacaacag acatagtagg agatataaga caagcacatt
                                                                  <- V3 loop
      181 gtaatattag tggagtagaa tggaacaaaa ctttagaaag ggtagctaac aaattaagag
      241 accttcttaa taaccagcca acaataattt ttaaacca
                                            env ->
-------
```

Zwart et al., AIDS 7, 467-474, 1993. This alignment represents 15 sequences from 6 Dutch individuals and 42 sequences from 15 Tanzanian individuals. Names are given in the form NETx.y or TANX.y, where NET signifies a sequence from the Netherlands, TAN signifies a sequence from Tanzania, "x" indicates an individual and "y" a particular clone from that individual. Please see entries <HIVTAN> and <HIVNET> for descriptions of these sequences.



```
CONSENSUS GTACAAGACCC?ACAACAATACAAGA?AAAGTATACATATA.....GGACCAGGGCGAGCATTCTATACAACA...  145
NET1.2    ----------A----------A----------.....----------A------T----------...  148
NET1.4    ----------A----------A----------.....----------A------T----------...  148
NET1.5    ----------A----------A----------.....----------A------T----------...  148
NET2.1    ----------A------G-------A--------C---.....-----G---A------T---G-------...  148
NET2.2    ----------A----------AG-------GG----.....-----G---A-----A-T---G-------...  148
NET2.3    ----------A----------AG-------GG----.....-----G---A-----A-T---G-------...  148
NET3.1    ---T------AA----------A-G------TC----.....----------A------T---G-------...  148
NET3.2    ---T------AA----------AGC--G---TC----.....----------A------TGT-G-------...  148
NET3.3    ---TGC----AA----------AGG------TC----.....----------A------T---G-------...  148
NET4.1    ----------A----------A-GG----------.....----------A------T---G--G-...  148
NET4.2    -----G-----A----------A-GG----------.....----------A------T---G-------...  148
NET4.3    ----------A----------A-GG----------.....----------A------T---G-------...  148
NET5.1    ----------A----------T-A--G----------.....----------A------T----------...  148
NET5.2    ----------A----------AG-G----------.....----------A-----G-T----------...  140
NET5.4    ----------A----------AGGG----------.....----------A-----G-T----------...  148
NET6.1    ----------AG----------AG----------.....----------CA------T----------...  148
NET6.2    ----------A----------A----------.....----------CA------T----------...  148
NET6.3    ----------AG----------AG----------.....----------CA------T----------...  148
TAN1.1    ----------T---GT-GGGT----C-GG--GC-------.....----------A----------...  148
TAN1.2    ----------T----T-GGGT----C-GG--GC-------.....----------A----G-------...  148
TAN1.3    ----------T---CT-GGGT----C-GG--GC--G----.....----------A----G-------...  148
TAN2.1    -C-----G---T----------C--G---C-------.....----------A----------...  148
TAN2.2    -C-----G---T----------C--G---C-------.....----------A----------...  148
TAN2.3    -C-----G---T----------C--G---C-------.....----------A----------...  148
TAN3.1    -C-----G---T----------T-C--G---C-------.....----------A----------GAC  151
TAN3.2    -C-----G---T----------T-C--G---C-------.....----------A----------GAC  151
TAN3.3    -C---------T----------T-C--G---C-------.....----------A----------GAC  151
TAN4.1    -C-----G---TC----------CG-----C--G----.....----------A----C----------...  148
TAN4.2    -C-----G---T--C------G--T-C---AG-C-TC----.....----AG-----A----C----------...  148
TAN4.3    -C-----G---T--CG-----A--T-C---AG-C-TC----.....----AG-----A----C----------...  148
TAN5.1    -C-----G---T---------T----C----G-C--C----.....----T------A----C----------...  148
TAN5.2    -C-----G---T---------T----C----G-C--C----.....----T------A----C----------...  148
TAN5.3    -C-----G---T----------C--G---C-----C-.....----------C----------...  148
TAN6.1    -C-----G---T----------C--G------T--C-.....----------A-----A--T----GA-...  148
TAN6.2    -C-----G---T----------C--G--G------C-.....----------AG---C---T----GA-...  148
TAN6.3    -C-----G---T----A----A---GA--G--------G--GGACATACA----T----------A--------GA-...  157
TAN8.1    -C--C-----TA-T----------A-----G--------.....--------A-A----------G-------...  147
TAN8.2    -C--C-----TA-T----------A-----G--------.....--------A-A----------G-------...  147
TAN14.1   ---TC-----TA----------A-----G--------.....--------A-A----------G-------...  148
TAN14.2   ---TC-----TA----------A-----G--------.....--------A-A----------G-------...  148
TAN9.1    ----C-----TA----------GAG----G--------.....--------A-A----------G-------...  147
TAN9.2    ----C-----TA----------GAG----G--------.....--------A-A----------G-------...  147
TAN9.3    ----C-----TA----------GAG----G--------.....--------A-A----------G-------...  144
TAN15.1   ---TC-----TA----------A-----G--------.....--------A-A-A---C----G-------...  148
TAN15.2   ---TC-----TA----------A-----G----C---.....--------A-A-A---C----G-------...  148
TAN15.3   ---TC-----TA----------A-----G---GC---.....--------A-A-A--------G-------...  148
TAN10.1   ---T-------A----T---------G-----G--AGG---.....--------A-A-A--------G-------...  148
TAN10.2   ----------A----T---------G-----G--AGG---.....--------A-A-A--------G-------...  148
TAN7.1    -C-----G---T----------C------C----T-T.....----------A----------...  148
TAN7.2    -C-----G---T----------C------C----T-T.....----------A----------...  148
TAN7.3    -C-----G---T----------GC-----GA------G.....----------AA--------T--------...  148
TAN11.1   -C-----G---TC----------C-G----C--G----.....----------A----C---------AT...  148
TAN11.2   -C-----G---TC----------C-G----C--G----.....----------A----C---------AT...  148
TAN11.3   -C-----G---TC----------C-G----C--G----.....----------A----C---------AT...  148
TAN12.1   -CG----G---T----------CG-----C--G----.....----------A----C---T----T-...  148
TAN12.2   -CG----G---T----------C------C--G----.....----------A----C---T----T-...  148
TAN12.3   -CG----G---T----------C------CG-G----.....----------A----C---T----T-...  148
TAN13.1   -C-----G---T--G-A----TG---C----G-C--C----.....----T-----A----C--GT----T-...  148
TAN13.2   -C-----G---T--G-A----TG---C----G-C--C----.....----T-----A----C--GT----T-...  148
TAN13.3   -C-----G---T--G-A----TG---C----GGC--C----.....----T-----A----C--GT----T-...  148
```


CONSENSUS ???AAAATAATAGGAGATATAAGACAAGCACATTGTAACATTAGTAGAGCA?AATGGAATAAAACTTTACAACAGGTAGC 221
NET1.2 GGAG----------A----------A----------T--C---A- 219
NET1.4 GGAG-C----------A----------G--C---A-----A---- 228
NET1.5 GGAG----------A----------A----------T--C---A-----A---- 228
NET2.1 GGAG-C----------C------A----G---------G-------G-----A---T 228
NET2.2 GAT-G----G-----A----------C------A----G---------G-------G----AA---T 228
NET2.3 GAT-G----G-----A----------C------A----G---------GC---- -G-- 220
NET3.1 GGAG----------A----------C-----G--A--G----------CG-----A---------- 228
NET3.2 AGAC----------A----------C-----G--A--G----------CG-----A---------- 228
NET3.3 GGAG----------A----------C-----G--A--G----------CG-----A- 219
NET4.1 GAA-G----------A----------T-A-A----------C------A---T-----T 228
NET4.2 GAA-G----------A----------T-T-A----------C------A---T-----T 228
NET4.3 GAA----------A----------T-A-A----------C------A---T-----T 228
NET5.1 GGA----------A--A--------G-C----------A---T 228
NET5.2 GGA----------C------A--A--------G-C----------A---T 220
NET5.4 GGA----------.....--------G-C----------A---T 203
NET6.1 GGAC------C----A----------G-C----------A----------CG-----A-----A---T 228
NET6.2 GGA----------A----------G-C----------A----------C------A-----A---T 228
NET6.3 GGAC------C----A----------G-C----------A----------C------A-----A---T 228
TAN1.1 ...G-C---G----------T------G---T-G-------C---------G--AG------ 225
TAN1.2 ...--C---T-T----------G------T------G-----GC------C---------G--AG------ 225
TAN1.3 ...--C---T-C----------G------T------G-----GC------C-G----------A------- 225
TAN2.1 ...-G----C----------A-GT--T-A---------- 225
TAN2.2 ...-G-----C----A----------G-------GT-AT-A---------- 225
TAN2.3 ...-G-G--------A----------G-------GT-AT-A--------T---------- 225
TAN3.1 ATA-GTG----------T------G-----G--------G-G----- 219
TAN3.2 ATA-GTG----------T------G-----G--------G-G---------- 231
TAN3.3 ATA-GTG----------C--T------G-----G--------G-G---------- 231
TAN4.1 ...G----------T----------G--AT-G---------- 225
TAN4.2 ...----C--G----------A-------TT------A------G--AT-GC---------- 225
TAN4.3 ...-G--C--G--A--------A-------TT------A------G--AT-GC---------- 225
TAN5.1 ...-G--G----------T------G-----GG---------- 225
TAN5.2 ...-G--G----------T-----G-A------GA----GG---------- 225
TAN5.3 ...--C---G-----A----------T-----G-A------GA----GG---------- 225
TAN6.1 ...------G----------G--AGTAGC----------G------ 225
TAN6.2 ...------G----------G--AGTAGC---G----------A----- 225
TAN6.3 ...--C---GA----A--C----------T----------G--AA-AGC---------- 234
TAN8.1 GGGG-C--------G----------TG-C---------G----------G----------T 227
TAN8.2 GGGG-C--------G----------TG-C---------G----------G----------T 227
TAN14.1 GGTG-C--------G----------TG-C---------C----- 205
TAN14.2 GGTG-C--------G----------TG-C---------CC-----GGG--G--- 215
TAN9.1 GGTG-C--------G----------G----------TG-C---------G---------C------GA--G------- 227
TAN9.2 GGTG-C--------G----------G----------TG-C---------G---------C------GA--G------- 227
TAN9.3 GGTG-C--------G----------G----------TG-C---------G---------C------GA--G-T----- 224
TAN15.1 GGAG-C----------TG-C--C---A--A---------C------G---A------T 228
TAN15.2 GGAG-T----------TG-C------A--A---------C------G---A------T 228
TAN15.3 GGAG-T----------TG-C------A--A---------C------G---A------T 228
TAN10.1 GGAGCC----------G----------.....A--T-T--AG----C-------G-A------T 222
TAN10.2 GGAG----------A-G---T----------C-------AC----------G---G-T----T 228
TAN7.1 ...G-C----------G--AT-GG---------- 225
TAN7.2 ...G-C----------G--AT-GG---------- 225
TAN7.3 ...--C----------G--AT-GG---------- 225
TAN11.1 ...----------A----------TG------A-AT-A----------A----- 225
TAN11.2 ...----------A----------TG------A-AT-A----------A----- 225
TAN11.3 ...----------A----------TG------A-AT-A----------A----- 225
TAN12.1 ...----------A----------C-------GC----------A----- 225
TAN12.2 ...----------A----------C-------GC----------A----- 225
TAN12.3 ...----------A----------C-------GC----------A----- 225
TAN13.1 ...-G-----A----AGA-------C----T----------G---A-AGC---C---G---------- 225
TAN13.2 ...-G-----A----AGA-------C----T----------G---A-AGC---C---G---------- 225
TAN13.3 ...-G-----A----AGA-------C----T----------G---A-AGC---C---G---------- 225

```
CONSENSUS TAAAAAATTAAGAGA?CT?TTT...AACAAAACAACAATA?TTTTTAAACCA   267
NET1.4    -GTC----------A-AA---AAG--T...-A-------G-C-----T-AC   277
NET1.5    -GTC----------A-AA---AAG--T...-A-------G-C-----T-     275
NET2.1    ---------------A-AA---AGG----...-A-------G-C-----T-A- 277
NET2.2    ---C----------A-AA---AGG----...-A-------G-C-----T-A- 277
NET3.1    -G----------CA-A-AA---GGG--T...-A-------G-C-----G-A- 277
NET3.2    -G----------CA-A-AA---GGG--T...-A-------G-C-----G-A- 277
NET4.1    --C----------AAAA---GGG--T--T-A-------G-C-----T-A-   280
NET4.2    --C----------AAAA---GGG--T--T-A-------G-C-----T-A-   280
NET4.3    --C----------AAAA---GGG--T--T-A-------G-C-----T-A-   280
NET5.1    --T--------A---A-AA---GGG--T...-A-------G-G-----T-A- 277
NET5.2    --T--------A---A-AA-A-GGG--T...-A-------G-G-----T-A- 269
NET5.4    --T--------A---A-AA---GGG--T...-A-------G-G-----T-A- 252
NET6.1    --T----------A-A-AA---GAG--T...-G-- ----G-C-----T-A- 277
NET6.2    --T----------A-AA---...--T...-A-- ----G-C-----T-A-   274
NET6.3    --T----------A-A-AA---GAG--T...-G-- ----G-C-----T-A- 277
TAN1.1    ---C----------C--TC--AAT---C-GC--- ----A----------   277
TAN1.2    ---C----------T--TC--AGT---C                         254
TAN1.3    ---C----------C--TC--AAT---C-G--T-----A----------   277
TAN2.1    ---------------C--TC--...----T-----A----A----------   274
TAN2.2    ---------------C--TC--...----T-----A----A----------   274
TAN2.3    ---------------C--TC--...----T-----A----A----------   274
TAN3.2    ------.---G----T--TC--...---C-G---------A----------   279
TAN3.3    ----------G----C--TC--...---C-G---------A----------   280
TAN4.1    ---------------C--T---...---------------A----------   274
TAN4.2    ---------------C--T---...---------------A----------   274
TAN4.3    ---------------C--T---...----------------A----------   274
TAN5.1    ---------------C--T--A...-----G----------A--------T--   274
TAN5.2    ---------------C--T--A...-----G---------A--------T--   274
TAN5.3    ---------------C--T--A...-----G---------A--------T--   274
TAN6.1    ---------------T--TC--...---------------A-----C-----   274
TAN6.2    ---C----------T--TC--...---------------A---C C-----   274
TAN6.3    -------------A-C--T---...---------------A-----C-----   283
TAN8.1    CC--C--------ACG-AC---GGG----------T--CCT--GC--GG     276
TAN8.2    CC--C--------ACG-AC---GGG----------T--CCT--GC--GG     276
TAN9.1    CG-CC--------ATATAC---GAG----------T---CT--GC---C     276
TAN9.2    CG-CC--------ATATAC---GAG----------T---CT--GC---C     276
TAN9.3    CG-CC-------GATGTAC---GAG                             249
TAN15.1   C---C------A-C-ATAC---GGG----------T---CT--AC---C     277
TAN15.2   C---C------A-C-ATAC---GGG----------T---CT--AC---C     277
TAN15.3   C---C------A-C-ATAC---GGG----------T---CT--AC---C     277
TAN10.1   -C-G------GC-C-G-AC--CCCT--T-------T--A-T--GCACCG     271
TAN10.2   --C-------GC---G-AC--CCCT--T-------T--ACT--GCACC-     277
TAN7.1    -G----------C--TC--...---------------A----------C   274
TAN7.2    ---------------C--TC--...---------------A----------C 274
TAN7.3    ---------------C--T---...---C----------A----------C 274
TAN11.1   ---T----------A--CC--...---------------AA---------- 274
TAN11.2   ---T----------A--CC--...---------------AA---------- 274
TAN11.3   ---T----------A--CC--...---------------AA---------- 274
TAN12.1   ----------G---GC--TC--...---C-GG--------G----------   274
TAN12.2   ----------G-G-GC--TC--...---C-G---------G----------   274
TAN12.3   ----------G---GC--TC--...---C-G---------G----------   274
TAN13.1   ----------G----C--T---...---------------C----------   274
TAN13.2   ----------G----C--T---...---------------C----------   274
TAN13.3   ----------G----C--T---...T--------------C----------   274
```

```
LOCUS       HIVZ6555      294 bp ds-DNA             VRL       16-JUN-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, sample Z6555 from Zaire,
            partial env cds (V3 region).
ACCESSION   L19623
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), sample Z6555 from
            Zaire; amplification and sequencing from patient PBMCs.
REFERENCE   1  (bases 1 to 294)
  AUTHORS   Potts,K.M., Kalish,M.L., Bandea,C.I., Orloff,G.M., St Louis,M.,
            Brown,C., Malanda,N., Kavuka,M., Schochetman,G., Ou,C.-Y. and
            Heyward,W.L.
  TITLE     Genetic diversity of Human immunodeficiency virus type 1
            strains in Kinshasa, Zaire
  JOURNAL   AIDS Res. Hum. Retroviruses 9, 613-618, 1993.
COMMENT     Sequences kindly provided prior to publication by the CDC, Atlanta
            GA. An alignment of this sequence and thirteen other sequences, repre-
            senting fourteen infected women in Kinshasa, Zaire, is shown below.
            These sequences belong to env subtype A and subtype D groups,
            judging from the limited stretch of V3 represented. The viral
            sequences are found to be 9% to 25% different, with an average
            difference of 16% [1]. Seroconversion dates for the women are
            not known. Accession numbers for the set are L19623-L19636.
BASE COUNT      131 a     50 c     46 g     67 t
ORIGIN      820 bp downstream from beginning of env cds
        1 tctaagaata tcacaaacaa cgttaacaac ataatagtac agcttaatga atctgtagca
     env ->
       61 attaactgta taaggcctaa caacaataca agacaaagta cacatttagg accaggacaa
      121 gcattatata caacgaaggt aataggagat ataagacaag catattgtaa tattagtgga
      181 acagaatgga ataaagcttt acaacaggta gctataaaat taggaaacct ttttaacaaa
      241 acaacaataa attttgacca ttcctcagga ggggacccag aaattacaac acac
                                                              env ->
-----
CONSENSUS .............TCTGAAAATATCACAAACAATGCCAAAACCATAATAGTACAGCTT?ATGA?CCTG     53
HIVZ6555  .............---A-G--------------C-TT--C-A---------------A----AT---     55
HIVZ6557  .............-------              ---------------A--------------GTCA-T----     55
HIVZ6559  .............------               --------------T------------T-AG----G----     55
HIVZ6563  .............------               G------GT--------------------GT---G----     55
HIVZ6565  GAGATAATTATTAGA------              G-----CTT--G-A---------------A----AT---     70
HIVZ6569  GAGGTAGCAATTAG-------              -------------------------------GTCA-G-AG-     70
HIVZ6571  .............----C------T---G------------A-------------T--A----GT---     55
HIVZ6649  .............-----------------------------------------------GTCACT----     55
HIVZ6651  .............---------C-------------T---------------------A---CAA---     55
HIVZ6653  .............-- ------T--------------------C-------G------G--AGT----     55
HIVZ6655  .............--------------------------------------G------A----GT---     55
HIVZ6657  .............-----------------------------------------T--GT-A-T----     55
HIVZ6659  .........ATTAGA---------CC-----G-T--------------------------A----AT---     61
HIVZ6663  .............---------T-----------------------------------A--A-GA---     55
```

HIVZ6555

```
CONSENSUS TA?AAATTAATTGTACCAGACCTAACAACAATACAAGAAAAAGTATACGTATAGGACCAGGACAAGCATT    122
HIVZ6555  --GC------C----TA--G-----------------C------C--A-T------------------    125
HIVZ6557  --G---------------------G--------G----C-----G------------------------    125
HIVZ6559  --A--------------C-------------------CC--G--G---A-----------------T---    125
HIVZ6563  --A-C----G---------------T-----------------G----G---------------A----    125
HIVZ6565  --AT------------A--G-----------------------------A------------G------A-    140
HIVZ6569  --AG-----------T----------------------G-G------AC--G------------AT-C-    140
HIVZ6571  --C-------------------C--------------------------C--T-------------TC--    125
HIVZ6649  --CC-----------------------------------G------G---A---------------------    125
HIVZ6651  --GC------------A--G--C-----------------G------A------------G------C-    125
HIVZ6653  --A--------------------------------G-------------------------------------    125
HIVZ6655  --TC--------------G-----------------G--------------------------T---    125
HIVZ6657  --C----A--C--------G-----------------------G--------------------A-G--    125
HIVZ6659  --AC------------A--G--C---------GT----C----G-C--C------------G--G-----    131
HIVZ6663  --C-----------------------T----------C----G-----------------------G--    125
CONSENSUS CTATGCAACAGGTGACATAATAGGGGATATAAGACAAGCACATTGTAATGTCAGTAGA?CAGAATGGAAT    191
HIVZ6555  A---A----G...A-GG-------A--------------T--------A-T---G--A----------    192
HIVZ6557  ---------------------------------AG-----------C-----A----A--A--------    195
HIVZ6559  --------G--A-AGA----------C-------A-G---T-----G-G----A----G---TG-----C    195
HIVZ6563  ------------A-------------------------T------CCA---A----A-----------    195
HIVZ6565  ----A-----...--TG-------A--------------T-----G-AA-T-A-G--C--A--------    207
HIVZ6569  T------------AG------------C-----------------------------A-AA---C------    210
HIVZ6571  ----A---AT...--------------------G--------------A----C---A---C----T--    192
HIVZ6649  -------------------------A-C-------------------------------G---------G-    195
HIVZ6651  A---A--T----A--T---G----A--------------------                            171
HIVZ6653  -------------------------A---------------------------------G---C-------    195
HIVZ6655  ------------G-T                                                          140
HIVZ6657  ----------------------------C------------------------------GA----------    195
HIVZ6659  ----A-------G-T                                                          146
HIVZ6663  ------------------------A---------AG------------------C---G-T-C-------    195

CONSENSUS AAAACTTTACAAAAGGTAGCTACACAATTAAGAAAA?ACTTTA??AACA?AACAATAATC......TTTA    251
HIVZ6555  ---G--------C---------T-A-----G----CCTT----AC--A-C--------AT.........G    256
HIVZ6557  --C------G-CC-----AAAG-------GGA---GT------AC----C--                    247
HIVZ6559  --C----------G-------G--------G---GCT-----GGG----A--------A-.....T--AC    260
HIVZ6563  ------------C------------G-------G--T------CA-CT-AC----C--CAATAATC---G    265
HIVZ6565  ------------C--                                                         222
HIVZ6569  G--G-------C--------C--------------TC------AC----A----------.........-    274
HIVZ6571  GCC----------------T--A------------C----CCCT--T                         240
HIVZ6649  ------------G-C-------------------C-C------AC----A----------.........-    259
HIVZ6653  --C---------------------A-----------T-----GGG--T-G----------.........-    259
HIVZ6657  G----------C--------TGGA-------G-C-C-T------GG----C-----AC--A...ACC---G    262
HIVZ6663  --C--------T--A------GT-G--C--CAT-C-CTG---GCT--T-C----G--G--.........-    259

CONSENSUS ATAGCTCCTCAGGAGGGGATTTACAAATTACAACACATAGTTTTAATTGTG?AGGAGAATTTTTCTATTG    320
HIVZ6555  -CCAT--------------CCC---------------C                                  294
HIVZ6559  TAG-A-----------A---------------------------------C------------------    330
HIVZ6563  C--A-CA---------------                                                  287
HIVZ6569  -C-------------------------C---                                         306
HIVZ6649  ----AC------------                                                      277
HIVZ6653  ------------------------------------------                              303
HIVZ6657  C-------------------------------------------------G------------------    332
HIVZ6663  C-TCA--TGT--------                                                      277

CONSENSUS CAATACA?CAGGCCTGTGG          338
HIVZ6559  -------A-----------          349
HIVZ6657  -------T-------              347
```

```
LOCUS       HIVFLPI01     324 bp
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, sample FLPI01 from U.S.
            (Florida dental patient I), partial env cds, v3 region.
ACCESSION   L22590
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), sample FLPT01
            from United States, proviral DNA clone.
REFERENCE   1  (bases 1 to 324)
  AUTHORS   Kalish,M., et al, CDC, Atlanta GA 30333.
  JOURNAL   Unpublished (1993)
COMMENT     Kindly submitted in computer readable form by the CDC (Centers
            for Disease Control), Public Health Service, Department of Health
            and Human Services, Atlanta GA  30333. The sequence in this entry
            is one of 16 clone sequences of Patient I from Florida dentist case
            (MMWR 1993).  See also, direct sequence <HIVFLPID> from this subject.
            An alignment of this set of sequences, including the direct sequence,
            follows (other accession numbers are L22591-L22606).
BASE COUNT      138 a     47 c     60 g     79 t
ORIGIN      838 bp downstream from beginning of envelope cds (V3 region)
        1 tctgccaatc tcacagacaa tgctaaaatc ataatagtac agctgaatgc atctgtagaa
 env cds ->
       61 attaattgta caagacccaa caacaataca agaaaaggta taaatatagg accagggagg
         v3 loop ->
      121 gcattttata caacaggaga aataatagga aatataagac aagcacattg taacattagt
                                                                  <- v3 loop
      181 aaagaaaaat ggaataatac tttaaaacag gtagttacaa aattaagaga acaacttgtg
      241 aatagagcaa taatctttaa tcactcctca ggaggggacc cagaaattgt aatgcacagt
      301 tttaattgtg gaggggaatt tttc
                           env cds ->
----
PT.I.CON TCTGCCAATTTCACAGACAATGCTAAAACCATAATAGTACAGCTGAATGCATCTGTAGAAATTAATTGTA     70
PT.I.DIR ---------------------------------------------------------------------     70
PT.I.A02 ----------------------------T----------------------------------------     70
PT.I.A03 ---------------------------------------------------------------------     70
PT.I.A04 -T--------------------------T----------------------------------------     70
PT.I.A05 ---------------------------------------------------------------------     70
PT.I.A06 ---------A------------------T----------------------------------------     70
PT.I.A07 ---------------------------------------------------------------------     70
PT.I.A08 ----------------------A----T-----------------------------------C----     70
PT.I.A09 ----------------------------T----------------------------------------     70
PT.I.A10 ----------------------------T-----------------------------------C----     70
PT.I.A11 -------------------------G-T-----------------------A---------------     70
PT.I.A11 -------------------------G-T-----------------------A---------------     70
PT.I.A12 ---------------------------------------------------------------------     70
PT.I.A13 -------------------G-------------------------------------------------     70
PT.I.A14 ---------------------------------------------------------------------     70
PT.I.A15 ------------------------------------------TC-------------------------     70
PT.I.A16 ------------------------------------------A-------------------------     70
```

```
PT.I.CON CAAGACCCAACAACAATACAAGAAAAGGTATAAATATAGGACCAGGGAGGGCATTTTATACAACAGGAGA    140
PT.I.DIR ------------------------------------------------------------------------    140
PT.I.A02 ------------------------------------------------------------------------    140
PT.I.A03 --------------------------------C--------------------C---------------    140
PT.I.A04 --------------------------------C-----------------------------------    140
PT.I.A05 ------------------------------------------------------------------------    140
PT.I.A06 ------------------------------------------------------------------------    140
PT.I.A07 ------------------------------------------------------------------------    140
PT.I.A08 --------------------------------C-----------------------------------    140
PT.I.A09 --------------------------------C-------------A--------------------TC-    140
PT.I.A10 --------------------------------C-----------------------------------    140
PT.I.A11 ------------------------------------------------------------------------    140
PT.I.A11 ------------------------------------------------------------------------    140
PT.I.A12 ------------------------------------------------------------------------    140
PT.I.A13 ------------G--------------------C-----------------------------------    140
PT.I.A14 ------------------------------------------------------------------------    140
PT.I.A15 ------------------------------------------------------------------------    140
PT.I.A16 ------------------------------------------------------------------------    140

PT.I.CON AATAATAGGAAATATAAGACAAGCACATTGTAACATTAGTA?AGAAAAATGGAATAATACTTTAAAACAG    209
PT.I.DIR ----------G------------------------------G----------------------------    210
PT.I.A02 ----------G------------------------------GG---------------------------    210
PT.I.A03 ----------------------------------------A-C-------------------------    210
PT.I.A04 ----------------------------A-----------G----------------------------    210
PT.I.A05 -------------------------T                                                166
PT.I.A06 ----------G-----------------------------GG---------------------------    210
PT.I.A07 ----------------------------------------AG---------------------------    210
PT.I.A08 ----------G------------------------------A------T--------------------    210
PT.I.A09 ----------------------------------------A----------------------------    210
PT.I.A10 -----------------------------------C----A-C-------------------------    210
PT.I.A11 ----------G------------------------------GG---------------------------    210
PT.I.A11 ----------G------------------------------GG---------------------------    210
PT.I.A12 ----------------------------------------A----------------------------    210
PT.I.A13 ----------G------------------------------GG---------------------------    210
PT.I.A14 ----------------G-----------------------A----------------------------    210
PT.I.A15 ----------------------------------------A----------------------------    210
PT.I.A16 -C---------------------------------------G----------------------------    210

PT.I.CON GTAGTTACAAAATTAAGAGAACAATTTGTGAATAGAACAATAATCTTTAATCACTCCTCAGGAGGGGACC    279
PT.I.DIR ----------------------------------C-------------------------------    280
PT.I.A02 -----CG-------------G-------G-G---AC-------------------------------    280
PT.I.A03 ------------------------------------------------------------------------    280
PT.I.A04 ------G-----------------------------------------------------------------    280
PT.I.A05                                                                          166
PT.I.A06 ----------T-------------------------------------------------------------    280
PT.I.A07 ------------------------------------------------------------------------    280
PT.I.A08 ----------------------------G-G--GAC---------------------------------T    280
PT.I.A09 ------------------------------G-------------------------------------T    280
PT.I.A10 ----------------------------------A-----------------------------------    280
PT.I.A11 ----------------------------G-----AC---------------------------------    279
PT.I.A11 ----------------------------G-----AC---------------------------------    279
PT.I.A12 ------------------------------------------------------------------------    280
PT.I.A13 ----------------------------G-----AC-----------------------------------    280
PT.I.A14 ------------------------------------------------------------------------    280
PT.I.A15 ------------------------------------------------------------------------    280
PT.I.A16 ------G---------------------------A-----------------------------------    280
```

```
PT.I.CON CAGAAATTGTAATGCACAGTTTTAATTGTGGAGGGGAATTTTTC          323
PT.I.DIR ---------------------------------------------          324
PT.I.A02 TT-------------------------------------------          324
PT.I.A03 ----------                                             290
PT.I.A04 --------------T                                        295
PT.I.A05                                                        166
PT.I.A06 -T                                                     282
PT.I.A07 ---------------------------------------------          324
PT.I.A08 -----------------C---------------------------          324
PT.I.A09 ---------------C                                       296
PT.I.A10 -----------------------------------------              323
PT.I.A11                                                        279
PT.I.A11                                                        279
PT.I.A12 ---------------------------------------------          324
PT.I.A13 T----------------------------C---------------          324
PT.I.A14 -----------------------------------------              321
PT.I.A15 --                                                     282
PT.I.A16 ---------------------------------------------          324
```

HIVFLPID

```
LOCUS       HIVFLPID      324 bp ss-RNA            VRL       05-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, sample FLPID from U.S.
            (Florida dental patient I) partial env cds, v3 region.
ACCESSION   L22606
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), sample FLPID from
            United States; direct sequence from amplification pool.
REFERENCE   1  (bases 1 to 324)
  AUTHORS   Kalish,M., et al., CDC, Atlanta GA.
  JOURNAL   Unpublished (1993)
COMMENT     Kindly submitted in computer readable form by the CDC (Centers for
            Disease Control), Public Health Service, Dept. of Health and Human
            Services, Atlanta GA  30333. The sequence in this entry is a direct
            sequence over the V3 region obtained from patient I of a Florida
            dentist (MMWR May 1993). 16 clone sequences over this region from
            this patient are also available (L22590-L22605).
BASE COUNT      136 a     47 c     61 g     80 t
ORIGIN      838 bp downstream from beginning of envelope cds (V3 region)
        1 tctgccaatt tcacagacaa tgctaaaacc ataatagtac agctgaatgc atctgtagaa
     env ->
       61 attaattgta caagacccaa caacaataca agaaaaggta taaatatagg accagggagg
        v3 loop ->
      121 gcattttata caacaggaga aataatagga gatataagac aagcacattg taacattagt
                                                                <- V3 loop
      181 agagaaaaat ggaataatac tttaaaacag gtagttacaa aattaagaga acaatttgtg
      241 aatagcacaa taatctttaa tcactcctca ggaggggacc cagaaattgt aatgcacagt
      301 tttaattgtg gaggggaatt tttc
                               env ->
```

```
LOCUS       HIV1789V      483 bp ss-RNA             VRL       20-OCT-1992
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, sample SBL-1789 RNA,
            partial pol region.
ACCESSION   M93383
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), sample SBL-1789,
            direct sequencing of virion RNA
REFERENCE   1  (bases 1 to 483)
  AUTHORS   Albert,J., Wahlberg,J., Lundeberg,J., Cox,S., Sandstrm,E.,
            Wahren,B. and Uhlen,M.
  TITLE     Persistence of azidothymidine-resistant human immunodeficiency
            virus type 1 RNA genotypes in posttreatment sera
  JOURNAL   J. Virol. 66, 5627-5630 (1992)
COMMENT     This sequence, and twenty-two other sequences from this set,
            representing four patients who had been on long-term AZT
            treatment, are shown below in alignment. Other accession numbers
            are M93364-M93382. These pol sequences cluster with HIV-1 subtype
            B pol sequences.
BASE COUNT      195 a     76 c     97 g    115 t
ORIGIN      650 bp downstream of 5' end of pol region
        1 ataaagaaaa agaacagtac tagatggaga aaattagtag atttcagaga acttaataag
     pol ->
       61 agaactcaag acttctggga aattcaatta ggaataccac atcccgcagg gttaaaaaag
      121 aaaaaatcag taacagtatt ggatgtgggt gatgcatatt tttcagttcc cttagatgaa
      181 gactttagga agtatactgc atttaccata cctagtacaa acaatgagac accagggatt
      241 agatatcagt acaatgtgct tccacaggga tggaaaggat caccagcaat attccaacat
      301 agcatgacaa aaatcttaga gccttttaga aaacaaaatc cagacatagt tatctatcaa
      361 tacatggatg atttgtatgt aggatctgac ttagaaatag ggcagcatag aacaaaaata
      421 gaggaactga gagaacatct gttgaggtgg ggattttaca caccagacca aaaacatcag
      481 aaa
         pol ->
----
CONSENSUS  ATAAAGAAAAAGAACAGTACTAGATGGAGAAAATTAGTAGATTTCAGAGAACTTAATAAGAGAACTCAAG     70
HIV1789V   ---------------------------------------------------- ----------------     70
HIV1959V   ----------------------------------------------------C----------------     70
HIV2743V   ----------------------------------------------------C----------------     70
HIV2748PBL ------------------GA-----------------------------------C-------------     70
HIV2748V   ------------------GA-----------------------------------C-------------     70
HIV3068V   --------G------------------------------C---------------------------     70
HIV3480V   --------N--------------------------K----C---------------------------     70
HIV3591V   ------------------GA-----------------------------------C-------------     70
HIV3875V   -------------------A----------------------------------------------     70
HIV3885PBL ---------------------M-R-M-----------------------------C----------     70
HIV3885V   ----------------------------------------------------C----------------     70
HIV4585V   ------------------GA----- ------------------------------C--R----------     70
HIVE21PBL  ------------------GA-----------------------------------C-------------     70
HIVE21V    ------------------GA-----------------------------------C-------------     70
HIVJ2748P  ------------------GA-----------------------------------C-------------     70
HIVJ3885P  --------------------G-----------------------G-----C----------------     70
HIVJ3912P  ------------------GA-----------------------------------C-------------     70
HIVJ3932P  -----------AG---------A------------------C---------------------------     70
HIVLY3PBL  -----------AG---------A------------------C---------------------------     70
HIVLY3V    --------G-RRR--------G------------------C---------------------------     70
```

HIV1789V

```
CONSENSUS  ACTTCTGGGAAGTTCAATTAGGAATACCACATCCTGCAGGGTTAAAAAAGAAAAAATCAGTAACAGTA?T   139
HIV1789V   ----------A----------------------C------------------------------T-   140
HIV1959V   ------------------------------------------------------------------C-   140
HIV2743V   -------------------------T--------------------------C--------------C-   140
HIV2748PBL ---------------------------T--------------------------------------T-   140
HIV2748V   -------------------------T--------------------------------------T-   140
HIV3068V   ----------------------------------C------------------------------C-   140
HIV3480V   ----------------------------------C------------------------------C-   140
HIV3591V   ------------------------------------------------------------------T-   140
HIV3875V   ----------A----------------------C------------------------------T-   140
HIV3885PBL ------------------------------------------------------------------C-   140
HIV3885V   ------------------------------------------------------------------C-   140
HIV4585V   -----K----------------------------------------------R--------------T-   140
HIVE21PBL  ----------------------------------------------------G--------------T-   140
HIVE21V    ------------------------------------------------------------------T-   140
HIVJ2748P  ------------------------------------------------------------------T-   140
HIVJ3885P  --------------------------------M---------------------------------C-   140
HIVJ3912P  ------------------------------------------------------------------T-   140
HIVJ3932P  ----------------------------------C------------------------------C-   140
HIVLY3PBL  ----------------------------------C------------------------------C-   140
HIVLY3V    ----------------------------------C------------------------------C-   140

CONSENSUS  GGATGTGGGTGATGCATATTTTTCAGTTCCCTTAGATAAAGACTTCAGGAAGTATACTGCATTTACCATA   209
HIV1789V   ------------------------------------G-------T-----------------------   210
HIV1959V   ----------------------------------------A-------------A------------   210
HIV2743V   ----------------------------------------A-------------G------------   210
HIV2748PBL -------------------------A-------------------------A-----------------T   210
HIV2748V   -------------------------A-------------------------A-----------------T   210
HIV3068V   ------A----------------------------------------A---------------------   210
HIV3480V   ------A----------------------------------------A---------------------   210
HIV3591V   -------------------------A-------------------------A-----------------   210
HIV3875V   ------------------------------------G-------T-----------------------   210
HIV3885PBL ----------------------------------------A-------------A------------   210
HIV3885V   ----------------------------------------A-------------A------------   210
HIV4585V   -------------------------A-----------R-------------A-----------------   210
HIVE21PBL  -------------------------A-------------------------A-----------------   210
HIVE21V    -------------------------A-------------------------A-----------------   210
HIVJ2748P  -------------------------A-------------------------A-----------------   210
HIVJ3885P  ----------------------------------------A-------------A------------   210
HIVJ3912P  ------------------C------A-------------------------A-----------------   210
HIVJ3932P  ------A--------C--------------------------------A---------------------   210
HIVLY3PBL  ------A--------C--------------------------------A---------------------   210
HIVLY3V    ------A----------------------------------------A---------------------   210
```

```
CONSENSUS  CCTAGTATAAACAATGAGACACCAGGGATTAGATATCAGTACAATGTGCTTCCACAGGGATGGAAAGGAT  279
HIV1789V   -------C-------------------------------------------------------------  280
HIV1959V   -------------------------------------------------------------------  280
HIV2743V   ---------------------------G---------------------------------------  280
HIV2748PBL ----------------------------------------------------------------G-  280
HIV2748V   ----------------------------------------------------------------G-  280
HIV3068V   -------------------------------------------------------------------  280
HIV3480V   -------------------------------------------------------------------  280
HIV3591V   ---------------------------------------------A---------------------  280
HIV3875V   -------C-------------------------------------------------------------  280
HIV3885PBL -----C---------------------------------------------------------------  280
HIV3885V   -------------------------------------------------------------------  280
HIV4585V   ----------------------------------------------------------------G-  280
HIVE21PBL  ---------------------------------------------R----------------G-  280
HIVE21V    ----------------------------------------------------------------G-  280
HIVJ2748P  ---------------------------------------------A---------------------  280
HIVJ3885P  -------------------------------------------------------------------  280
HIVJ3912P  --------------------T------------------------------------------------  280
HIVJ3932P  --C-----------------------------------------------------------------  280
HIVLY3PBL  -------------------------------------------------------------------  280
HIVLY3V    -------------------------------------------------------------------  280

CONSENSUS  CACCAGCAATATTCCAAAGTAGCATGACAAAAATCTTAGAGCCTTTTAGAAAACAAAATCCAGACATAGT  349
HIV1789V   -----------------CA-------------------------------------------------  350
HIV1959V   -----------------TA---T-----------------------------------------G-----  350
HIV2743V   -----------------TA---T-----------------------------------------G-----  350
HIV2748PBL -------------------------------------------------------------------  350
HIV2748V   -------------------------------------------------------------------  350
HIV3068V   ----------------------------------------------------------------T-----  350
HIV3480V   ----------------------------------------------------------------T-----  350
HIV3591V   -------------------------------------------------------------------  350
HIV3875V   ----------------GCA-----------------------------------------------------  350
HIV3885PBL -----------------TA---T-------------------C-------------------G-----  350
HIV3885V   -----------------TA---T---------------------------G-----------G-----  350
HIV4585V   -------------------------------------------------------------------  350
HIVE21PBL  -------------------------------------------------------------------  350
HIVE21V    -------------------------------------------------------------------  350
HIVJ2748P  -------------------------------------------------------------------  350
HIVJ3885P  -----------------TA---T---------------------------G-----------G-----  350
HIVJ3912P  -------------------------------------------------------------------  350
HIVJ3932P  ----------------------------------------------------------------T-----  350
HIVLY3PBL  ----------------------------------------------------------------T-----  350
HIVLY3V    ----------------------------------------------------------------T-----  350
```

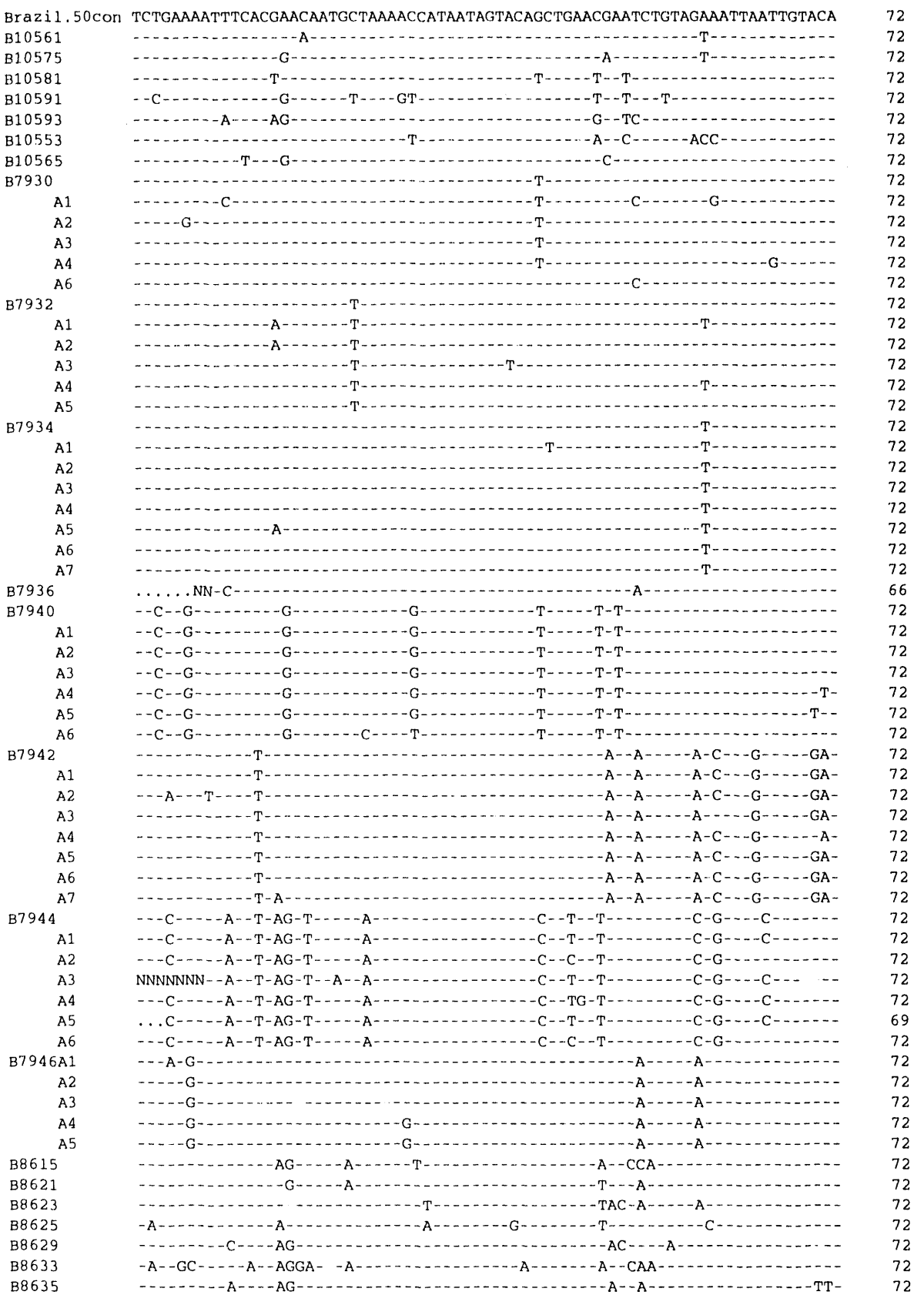
HIV1789V

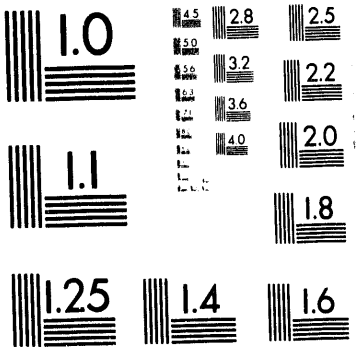
```
CONSENSUS  TATCTATCAATACATGGATGATTTGTATGTAGGATCTGACTTAGAAATAGGGCAGCATAGAACAAAAATA  419
HIV1789V   ------------------------------------------------------------------------  420
HIV1959V   ----------------------------------G-------------------------------------  420
HIV2743V   ----------------------------------G-------------------------------------  420
HIV2748PBL ---------------------------------------------G---------------G---------  420
HIV2748V   ---------------------------------------------G---------------G---------  420
HIV3068V   ------------------------------------------------------------------------G--  420
HIV3480V   ----------------------------------------------------A---------------G--  420
HIV3591V   ---------------------------------------------G---------------G---------  420
HIV3875V   ------------------------------------------------------------------------  420
HIV3885PBL ----------------------------------G-------------------------------------  420
HIV3885V   ----------------------------------G-------------------------------------  420
HIV4585V   ---------------------------------------------G---------------G---------  420
HIVE21PBL  ---------------------------------------------G---------------G---------  420
HIVE21V    ---------------------------------------------G---------------G---------  420
HIVJ2748P  ---------------------------------------------G----A----------G---------  420
HIVJ3885P  ----------------------------------G-------------------------R----------  420
HIVJ3912P  ---------------------------------------------G---------------G---------  420
HIVJ3932P  ------------------------------------------------------------------------G--  420
HIVLY3PBL  ------------------------------------------------------------------------G--  420
HIVLY3V    ------------------------------------------------------------------------G-G  420

CONSENSUS  GAGGAACTGAGACAACATCTGTTGAAGTGGGGATTTT?CACACCAGACCAAAAACATCAGAAAGAA  484
HIV1789V   ------------G------------G-----------A-------------------------  483
HIV1959V   ------------------------G-----------W-------------------------  486
HIV2743V   ------------------------G-----------A-------------------------  486
HIV2748PBL ------------G--------------------C---T-------------------------  486
HIV2748V   ------------G--------------------C---T-------------------------  486
HIV3068V   ----------------T----------------------A---------MM-------------  483
HIV3480V   ----------------Y----------------------A---------A-------------  483
HIV3591V   ------------G--------------------C---T-------------------------  486
HIV3875V   ------------G-G----------G-----------A-------------------------  483
HIV3885PBL ------------------------A-G-----------T-------------------------  486
HIV3885V   ------------------------G-----------W-------------------------  486
HIV4585V   ------------A--------------------C--AC----------A-------------  486
HIVE21PBL  ------------R--------------------C---Y-------------------------  486
HIVE21V    ------------G--------------------C---T-------------------------  486
HIVJ2748P  ------------G----------A---------C---T-------------------------  486
HIVJ3885P  -------------------------G-----------T------------G------------  486
HIVJ3912P  ------------G--------------------C--AC----------A-------------  486
HIVJ3932P  ----------------------------------AC----------A-------------  483
HIVLY3PBL  ----------------------------------AC----------A-------------  483
HIVLY3V    ----------------Y--------------------AC----------A-------------  483
```

```
LOCUS       HIVP896      4684 bp
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1 proviral DNA encoding the vif,
            vpr, vpu, env, tat, rev and nef genes, and 3' LTR, clone p89.6
            from strain 89.6.
ACCESSION   M96155
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone p89.6,
            proviral DNA.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4684)
  AUTHORS   Collman,R., Balliet,J.W., Gregory,S.A., Friedman,H., Kolson,D.L.,
            Nathanson,N. and Srinivasan,A.
  TITLE     An infectious molecular clone of an unusual macrophage-tropic and
            highly cytopathic strain of HIV-1
  JOURNAL   J. Virol. 66, 7517-7521 (1992)
COMMENT     The authors point out that this sequence is unusual because it is
            both macrophage-tropic and extremely cytopathic in lymphocytes:
            they contend that the virus is unusual in so far as it is
            the first well-characterized infectious molecularly cloned
            macrophage-tropic HIV-1 strain derived from peripheral blood.
            The HIVP896 env sequence clusters with HIV-1 subtype B env
            sequences.
BASE COUNT     1579 a    849 c   1145 g   1111 t
ORIGIN      11 bp downstream of vif cds start
        1 attagggatt ATGgaaaaca gatggcaggt gatgattgtg tggcaagtag acaggatgag
       vif cds start ->
       61 gatTAGaaca tggaaaagtt tagtaaaaca ccatatgtat atttcaggga aagctaaggg
            <- pol cds end
      121 atggtcttat agacatcact atgaaagcac taatccaaga ataagttcag aagtacacat
      181 cccactaggg gatgctaaat tggtagtaac aacatattgg ggtctgcata caggagaaag
      241 agactggcat ttgggtcagg gagtctccat agaatggagg aaaaagagat atagcacaca
      301 agtagaccct ggcctagcag accgactaat tcatctgtat tactttgatt gtttttcaga
      361 ctctgctata agaaagtcca tattaggaca tatagttagc cctagttgtg aatatcaagc
      421 aggacataac aaggtaggat ctctacagta cttggcacta gcagcattaa caacaccaag
      481 aaggataaag ccacccctttc ctagtgttac gaaactgaca gaggatagAT Ggaacaagcc
                                                  vpR start ->
      541 ccagaagacc aagggccaca gagggagcca tacaatgact ggacacTAGa gcttttagag
                                                        <- vif end
      601 gagcttaaga atgaagctgt gagacatttc cctaggatat ggctccatag tttagggcaa
      661 catatctatg aaacttatgg ggatacttgg acaggagtgg aagccttaat aagaattctg
      721 caacaactgc tgtttattca tttcagaatt gggtgtcgac atagcagaat aggcattatt
      781 caacacagga gaacaagaaA TGgagccagt aaatccTAGc ctagagccct ggaagcatcc
                  tat start ->                    <- vpR end
      841 aggaagtcag cctaaaactg cttgtaccaa ttgctattgc aaaaaatgtt gctttcattg
      901 ccaagcttgt ttcataacaa aaggcttagg catctcctAT Ggcaggaaga agcggagaca
                                             rev ->
      961 gcgacgaaga cctcctcaag acagtcagac tcatcaagtt tctctatcaa agcaGTaagt
                                                (tat, rev) 5' sj /\
     1021 agtacATGTA Atgctttctt tacaaatatt agcaatagta gcattagtag tagcagcaat
           vpU ->   <- premature vpU termination
     1081 aatagcaata gttgtgtggt ctatagtatt catagaatat aggaaaatat taagacaaag
     1141 aaaaatagac agattaattg atagaataag agaaagagaa gaagacagtg gcaATGagag
                                                    env cds start ->
     1201 tgaaggagat caggaagaat tggcagcact tgagaggggg catcttgctc cttgggatgt
     1261 tgatgatctg TAGtgctgca aaagaaaaaa cgtgggtcac aatctattat ggggtacctg
                    <- vpU end
     1321 tgtggagaga agcaaccacc actctatttt gtgcatcaga tgctaaagcc tatgatacag
     1381 aggtacataa tgtttgggcc acacatgcct gtgtacccac agaccccaac ccacaagaag
     1441 tagtattggg aaatgtgaca gaaaatttta acatgtggaa aaataacatg gtagatcaga
     1501 tgcatgagga tataatcagt ttatgggatg aaagcctaaa gccatgtgta aaattaaccc
     1561 cactctgtgt tactttaaat tgcactaatt tgaatatcac taagaatact actaatccca
     1621 ctagtagcag ctggggaatg atggagaaag gagaaataaa aaattgctct ttctatatca
     1681 ccacaagcat aagaaataag gtaaagaaag aatatgcact ttttaataga cttgatgtag
     1741 taccaataga aaatactaat aatactaagt ataggaacca ccgttgtaac acctcagtca
     1801 ttacacaggc ctgtccaaag gtatcctttc agccaattcc catacattat tgtgtcccgg
     1861 ctgggtttgc gatgctaaag tgtaacaata agacattcaa tggatcagga ccatgcacaa
```

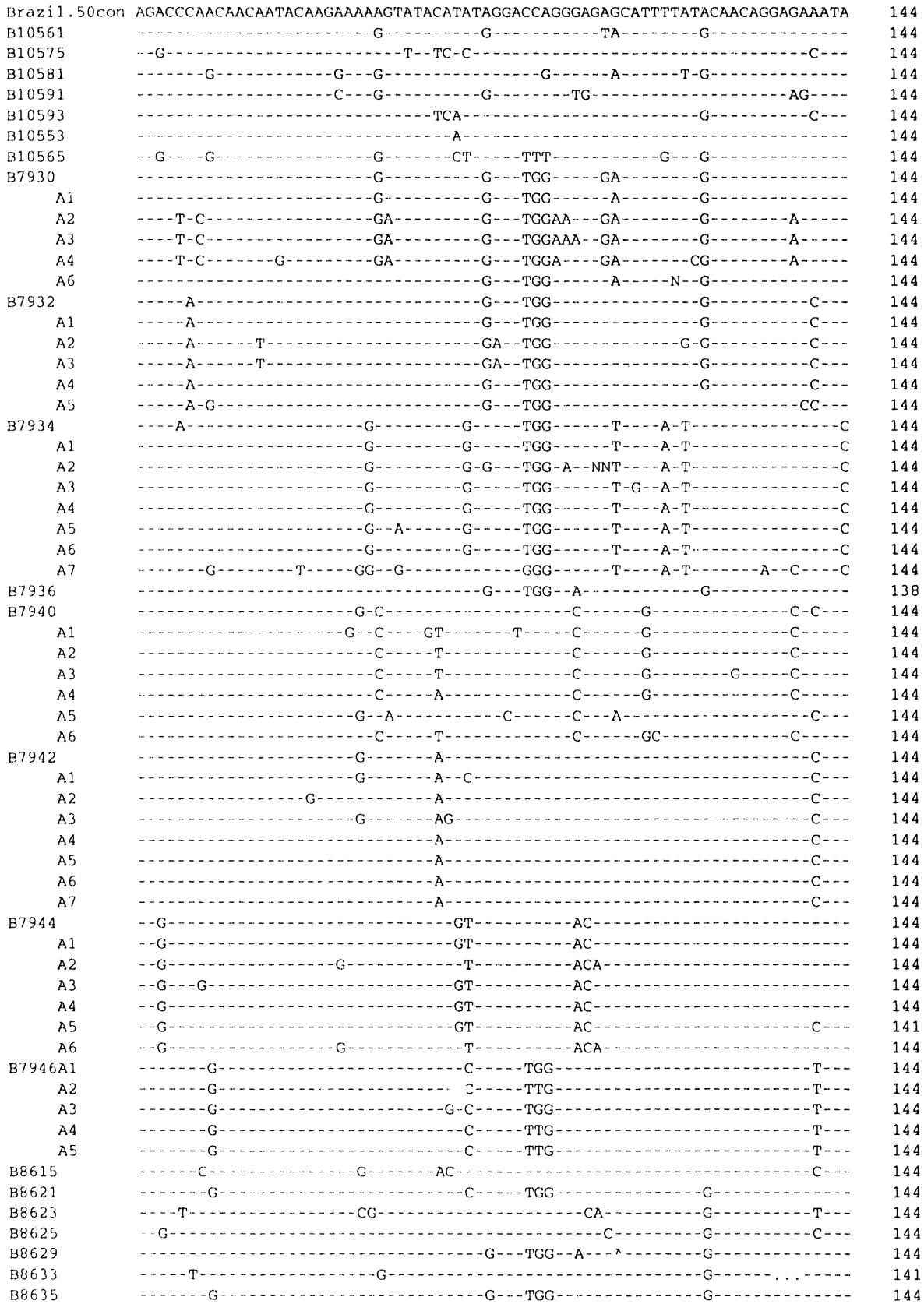
```
1921 atgtcagcac agtacaatgt acacatggaa ttaggccagt ggtgtcaact caactgctgt
1981 taaatggcag tctagcagaa gaagacatag taattagatc tgaaaatttc acagacaatg
2041 ctaaaaccat aatagtacag ctaaatgaat ctgtagtaat taattgtaca agacccaaca
                                          v3 loop ->
2101 acaatacaag aagaaggtta tctataggac cagggagagc attttatgca agaagaaaca
2161 taataggaga tataagacaa gcacattgta acattagtag agcaaaatgg aataacactt
                                  <- v3 loop
2221 tacaacagat agttataaaa ttaagagaaa aatttaggaa taaaacaata gcctttaatc
2281 aatcctcagg aggggaccca gaaattgtaa tgcacagttt taattgtgga ggggaatttt
2341 tctactgtaa tacagcacaa ctgtttaata gtacttggaa tgttactgga gggacaaatg
2401 gcactgaagg aaatgacata atcacactcc aatgcagaat aaaacaaatt ataaatatgt
2461 ggcagaaagt aggaaaagca atgtatgccc ctcccatcac aggacaaatt agatgttcat
2521 caaatattac agggctgcta ctaacaagag atggaggtaa tagtactgag actgagactg
2581 agatcttcag acctggagga ggagatatga gggacaattg gagaagtgaa ttatataaat
2641 ataaagtagt aagaattgaa ccaataggag tagcacccac cagggcaaag agaagaacag
2701 tgcaaagaga aaaaagagca gtgggaatag gagctgtgtt ccttgggttc ttgggagcag
2761 caggaagcac tatgggcgca cggtcagtga cgctgacggt acaggccagg ctattattgt
2821 ctggtatagt gcagcagcag aacaatctgc tgagggctat tgaggcgcaa cagcatatgt
2881 tgcaactcac agtctggggc atcaagcagc tccaggcaag agtcctggct ctggaaagat
2941 acctaaggga tcaacagctc atgggaattt ggggttgctc tggaaaactc atttgcacca
3001 cttctgtgcc ttggaatgtt agttggagta ataaatctgt ggatgatatt tggaataaca
3061 tgacctggat ggagtgggaa agagaaattg acaattacac agactatata tatgacttac
3121 ttgaaaaatc gcaaacccaa caagaaaaga atgaaaaaga attattggaa ttggataaat
3181 gggcaagttt gtggaattgg tttgacataa caaactggct gtggtatata agattattca
3241 taatgatagt aggaggcttg ataggtttaa gaatagtttt tgctgtactt tctatagtaa
3301 atagagttag gcagggatat tcaccattat cgtttcAGac cctcctccca gcctcgaggg
                                              /\ 3' sj (tat, rev)
3361 gacccgacag gcccgaagga acagaagaag aaggtggaga gagagacaga gacagatccg
3421 gtccatTAGt gaacggattc ttggcacttt tctgggtcga tttgaggaac ctgtgcctct
          <- tat end
3481 tcctctacca cctcttgaga aacttactct tgattgtaac gaggattgtg gaacttctgg
3541 gacgcagggg gtgggaagcc ctcaaatatt ggtggaatct cctgcaatat tggagccagg
3601 aactaaagaa TAGtgctgtt agcttgctca acgccacagc catagcagta gctgagggga
               <- rev end
3661 cagatagggt tataaaaata gtacaaagag cttgtagagc tattcgcaac atacctacaa
3721 gaatcagaca gggcttggaa agggctttgc taTAAgATGg gaggcaagtg gtcaaaacgt
                                     <- env cds end
                                nef cds start ->
3781 agggcagagg gatggcagac tataagggaa agaatgagac gagctgaacc agctgaacca
3841 gcagcagatg gggtgggagc agtatctcga gacctggcga gacatggagc tatcacaagt
3901 agcaatacta acaatgctga tattgcctgg ctggaagcac aagaggaggg agaagtgggt
3961 tttccagtca gacctcaggt acctttaaga ccaa'gactt acaaggcagc tgtagatctt
4021 agccactttt taaaagaaaa gggggactg gaagggctag ttcactccca gaaaagacaa
                            3' LTR ->
4081 gatatccttg atctgtgggt ctaccacaca caaggcttct tcccagattg gcagaactac
4141 acaccagggc caggaatcag atatccactg acctttggat ggtgctacaa gctagtacca
4201 gttgagccag atgaaggaga gaacaacaga gaggacaaca gcttgctaca ccctgctaac
4261 cagcatggag tagaagactc ggagagacaa gtgttagtgt ggaggtttga cagccgccta
4321 gcattccatc acgtggcccg agagctgcat ccggagtact tcaagaacTG Aactgctgac
                                                          <- nef cds end
4381 actgagctat ctacaaggga ctttccgctg gggactttcc agggaggtgt ggcctgggcc
4441 gaactgggga gtggcgagcc ctcagatgct gcaTATAAgc agctgctttt tgcctgtact
                                  signal ->
4501 gGGtctctct ggttagacca gatctgagcc tgggagctct ctggctagct agggaaccca
R start ->
4561 ctgcttaagc ctcaataaag cttgccttga gtgcttcaag tagtgtgtgc ccgtctgttg
4621 tgtgactctg gtagctagag atccctcaga ccatcctagt tagtgtagaa aatctctagc
4681 aggg
```

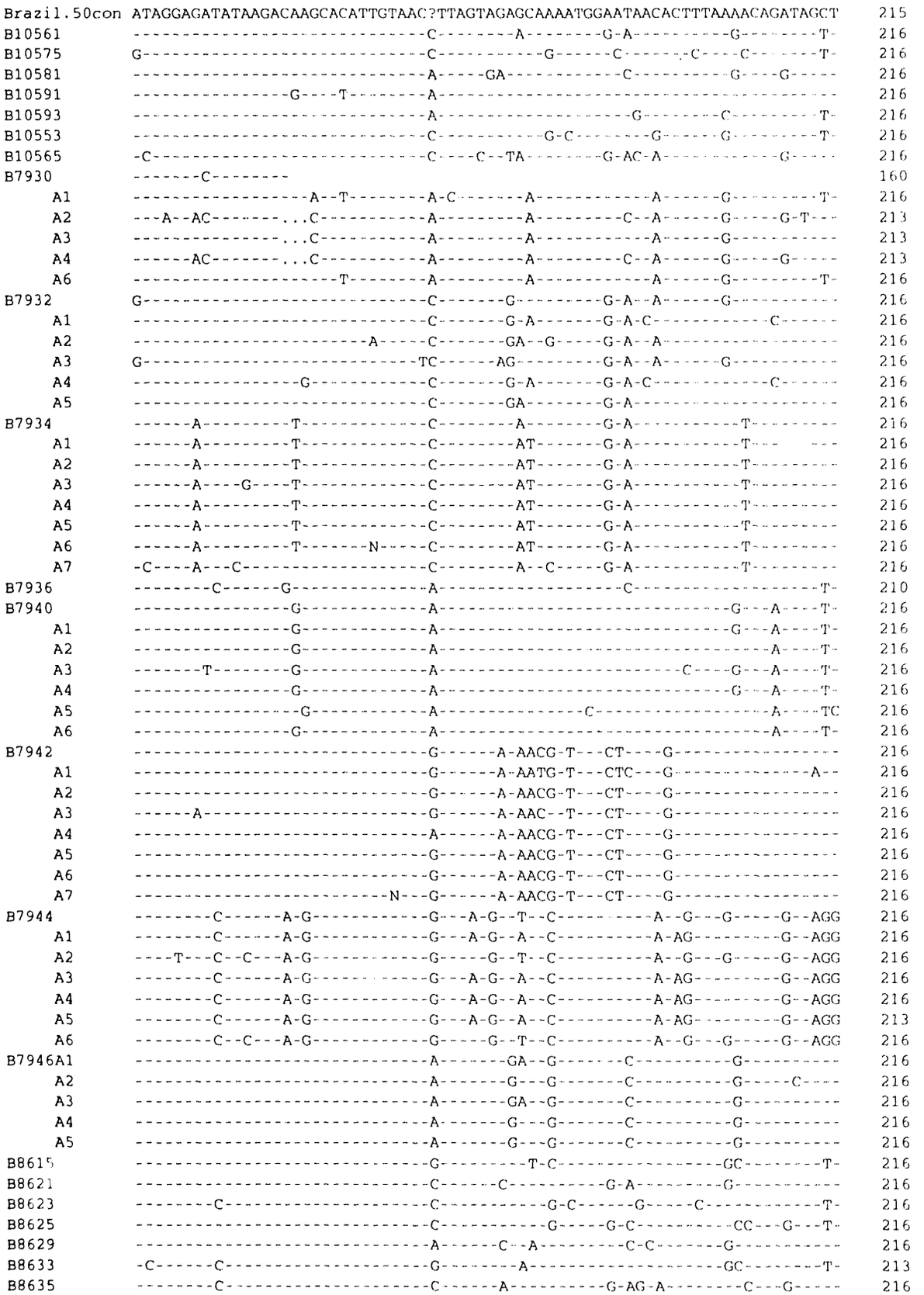
```
LOCUS       HIVB10561     330 bp
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, sample B10561 from Brazil,
            partial env cds, v3 region.
ACCESSION   L19226
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), sample B10561 from
            Brazil.
REFERENCE   1  (bases 1 to 330)
  AUTHORS   Potts,K.M., Kalish,M.L., Lott,T.J., Orloff,G.M., Bernard,M.,
            Alves,C.B., Badaro,R., Luo,C., Lorenco,R., Ferreira,O.
            Schochetman,G. and Johnson,W.D.
  TITLE     Genetic heterogeneity of the V3 region of the human immunodeficiency
            virus type 1 (HIV-1) envelope glycoprotein in Brazil
  JOURNAL   AIDS (in press, 1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication in computer-readable form by
            CDC (Centers for Disease Control), Public Health Service, Dept. of
            Health and Human Services, Atlanta, GA  30333.  This sequence and
            sixty one additional sequences from Brazil are shown in the
            alignment that follows this entry. The accession numbers for the
            sequences in this set are L19225-L19237, L19240-L19246, and L20963.
BASE COUNT      141 a     45 c     62 g     82 t
ORIGIN      838 bp downstream from beginning of envelope cds (V3 region)
        1 tctgaaaatt tcacgaaaaa tgctaaaacc ataatagtac agctgaacga atctgtagta
      env ->
       61 attaattgta caagacccaa caacaataca agaaaaggta tacatatggg accagggagt
        V3 loop ->
      121 acattttatg caacaggaga aataatagga gatataagac aagcacattg taaccttagt
                                                                  <- V3 loop
      181 agaacaaaat gggaaaacac tttaagacag atagttataa aaataagaga acaatttagg
      241 aataaaacaa tagtctttaa tcaatcctca ggaggggact cagaaattgt aatgcacagt
      301 tttaattgtg gaggggaatt tttctactgt
                                    env ->
-----
Alignment of 62 HIV-1 env V3 nucleotide sequences from Brazil.  See database entry
<HIVB10561>. The prefix "B" in locus names indicates country of origin, Brazil.
Clones are distinguished from direct sequences by the suffix "AX", where X indicates
clone number (i.e. B7930A1 = clone #1 of sample 7930).
```

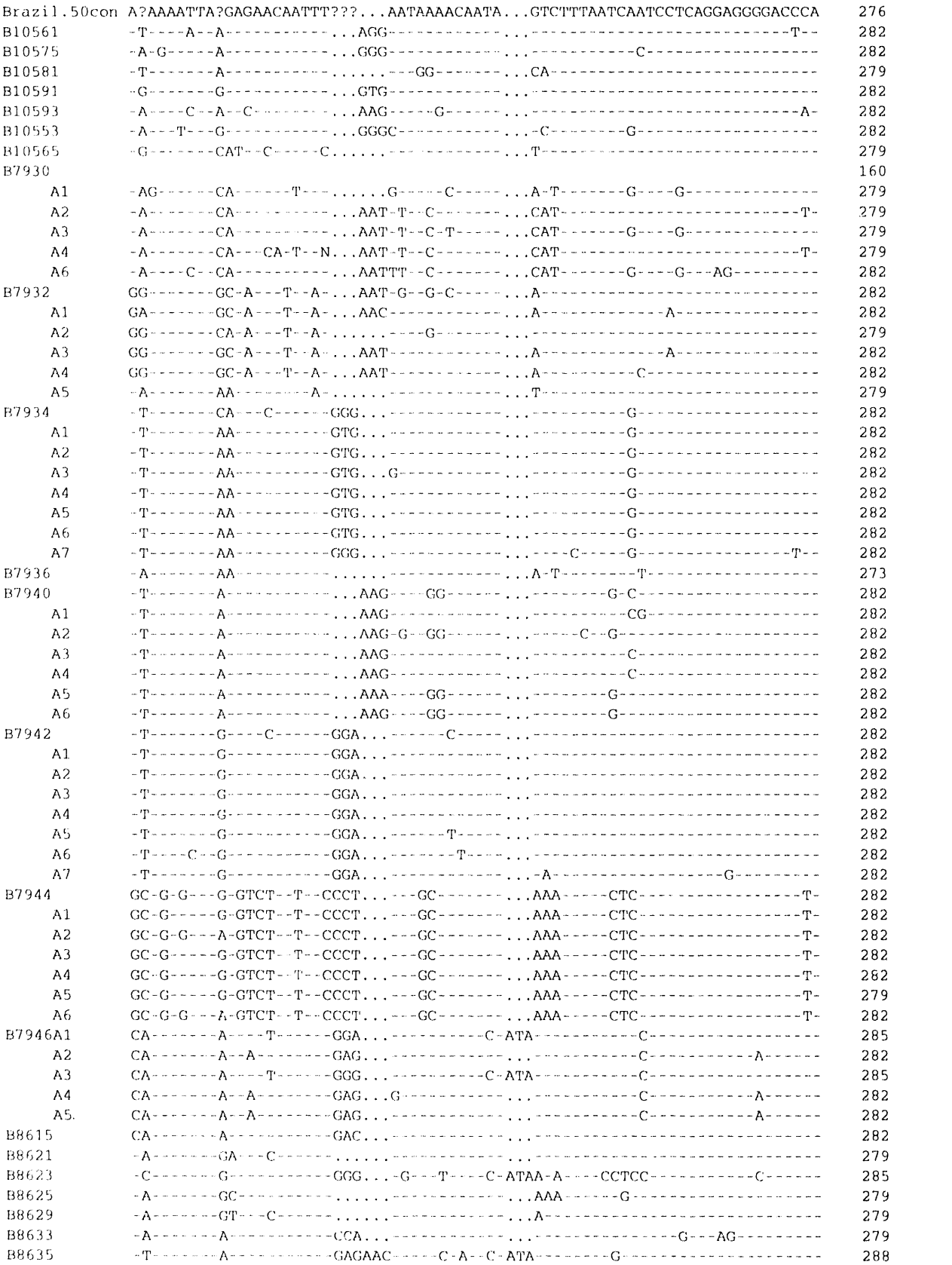

Brazil.50con TCTGAAAATTTCACGAACAATGCTAAAACCATAATAGTACAGCTGAACGAATCTGTAGAAATTAATTGTACA 72
B10561 ----------A---------T---------- 72
B10575 ----------G---------A---------T---------- 72
B10581 ----------T---------T-----T--T---------- 72
B10591 --C---------G------T----GT---------T--T---T---------- 72
B10593 ---------A----AG---------G--TC---------- 72
B10553 ----------T----------A--C------ACC---------- 72
B10565 ----------T---G---------C---------- 72
B7930 ----------T---------- 72
A1 ---------C---------T---------C-------G---------- 72
A2 -----G---------T---------- 72
A3 ---------T---------- 72
A4 ---------T----------G------ 72
A6 ---------C---------- 72
B7932 ----------T---------- 72
A1 ----------A-------T---------T---------- 72
A2 ----------A-------T---------- 72
A3 ----------T----------T---------- 72
A4 ----------T---------T---------- 72
A5 ----------T---------- 72
B7934 ----------T---------- 72
A1 ---------T----------T---------- 72
A2 ---------T---------- 72
A3 ---------T---------- 72
A4 ---------T---------- 72
A5 ----------A---------T---------- 72
A6 ---------T---------- 72
A7 ---------T---------- 72
B7936 ......NN-C---------A---------- 66
B7940 --C--G---------G---------G---------T-----T-T---------- 72
A1 --C--G---------G---------G---------T-----T-T---------- 72
A2 --C--G---------G---------G---------T-----T-T---------- 72
A3 --C--G---------G---------G---------T-----T-T---------- 72
A4 --C--G---------G---------G---------T-----T-T----------T- 72
A5 --C--G---------G---------G---------T-----T-T----------T-- 72
A6 --C--G---------G-------C----T---------T-----T-T---------- 72
B7942 ----------T---------A--A-----A-C---G-----GA- 72
A1 ----------T---------A--A-----A-C---G-----GA- 72
A2 ---A---T----T---------A--A-----A-C---G-----GA- 72
A3 ----------T---------A--A-----A-----G-----GA- 72
A4 ----------T---------A--A-----A-C---G------A- 72
A5 ----------T---------A--A-----A-C---G-----GA- 72
A6 ----------T---------A--A-----A-C---G-----GA- 72
A7 ----------T-A---------A--A-----A-C---G-----GA- 72
B7944 ---C-----A--T-AG-T-----A---------C--T--T---------C-G----C------- 72
A1 ---C-----A--T-AG-T-----A---------C--T--T---------C-G----C------- 72
A2 ---C-----A--T-AG-T-----A---------C--C--T---------C-G---------- 72
A3 NNNNNNN--A--T-AG-T--A--A---------C--T--T---------C-G----C--- -- 72
A4 ---C-----A--T-AG-T-----A---------C--TG-T---------C-G----C------- 72
A5 ...C-----A--T-AG-T-----A---------C--T--T---------C-G----C------- 69
A6 ---C-----A--T-AG-T-----A---------C--C--T---------C-G---------- 72
B7946A1 ---A-G---------A-----A---------- 72
A2 -----G---------A-----A---------- 72
A3 -----G---------A-----A---------- 72
A4 -----G---------G---------A-----A---------- 72
A5 -----G---------G---------A-----A---------- 72
B8615 ----------AG-----A------T---------A--CCA---------- 72
B8621 ----------G-----A---------T---A---------- 72
B8623 ---------- ----------T---------TAC-A-----A---------- 72
B8625 -A---------A---------A--------G--------T----------C---------- 72
B8629 ---------C----AG---------AC----A---------- 72
B8633 -A--GC-----A--AGGA- -A---------A-------A--CAA---------- 72
B8635 ---------A----AG---------A--A---------TT- 72


1.0
1.1
1.25
1.4
1.6
1.8
2.0
2.2
2.5
2.8
3.2
3.6
4.0
4.5
5.0
5.6
6.3
7.1

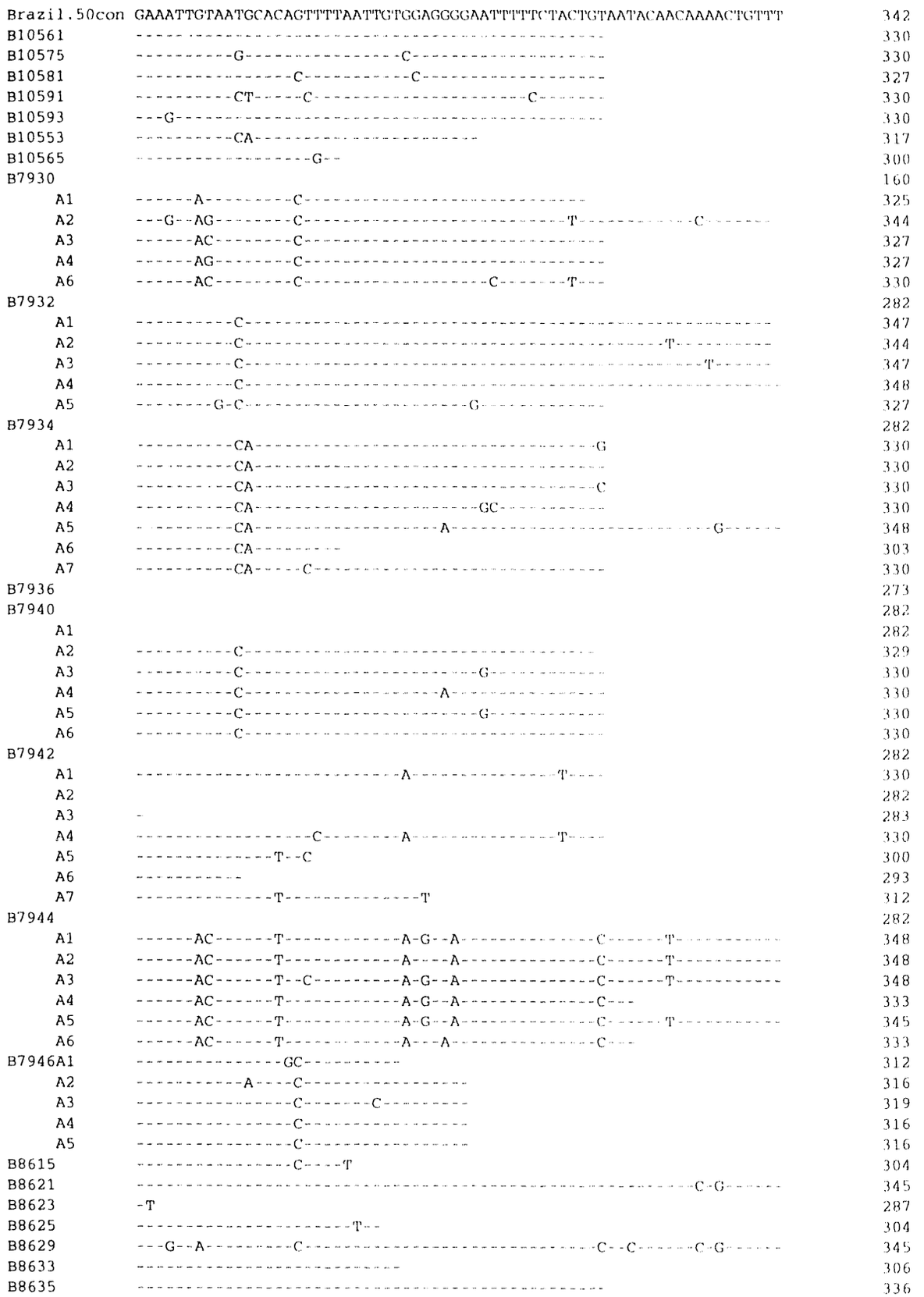
4 of 11


Brazil.50con AGACCCAACAACAATACAAGAAAAAGTATACATATAGGACCAGGGAGAGCATTTTATACAACAGGAGAAATA 144
B10561 144
B10575 144
B10581 144
B10591 144
B10593 144
B10553 144
B10565 144
B7930 144
A1 144
A2 144
A3 144
A4 144
A6 144
B7932 144
A1 144
A2 144
A3 144
A4 144
A5 144
B7934 144
A1 144
A2 144
A3 144
A4 144
A5 144
A6 144
A7 144
B7936 138
B7940 144
A1 144
A2 144
A3 144
A4 144
A5 144
A6 144
B7942 144
A1 144
A2 144
A3 144
A4 144
A5 144
A6 144
A7 144
B7944 144
A1 144
A2 144
A3 144
A4 144
A5 141
A6 144
B7946A1 144
A2 144
A3 144
A4 144
A5 144
B8615 144
B8621 144
B8623 144
B8625 144
B8629 144
B8633 141
B8635 144


Brazil.50con ATAGGAGATATAAGACAAGCACATTGTAAC?TTAGTAGAGCAAAATGGAATAACACTTTAAAACAGATAGCT 215
B10561 216
B10575 216
B10581 216
B10591 216
B10593 216
B10553 216
B10565 216
B7930 160
A1 216
A2 213
A3 213
A4 213
A6 216
B7932 216
A1 216
A2 216
A3 216
A4 216
A5 216
B7934 216
A1 216
A2 216
A3 216
A4 216
A5 216
A6 216
A7 216
B7936 210
B7940 216
A1 216
A2 216
A3 216
A4 216
A5 216
A6 216
B7942 216
A1 216
A2 216
A3 216
A4 216
A5 216
A6 216
A7 216
B7944 216
A1 216
A2 216
A3 216
A4 216
A5 213
A6 216
B7946A1 216
A2 216
A3 216
A4 216
A5 216
B8615 216
B8621 216
B8623 216
B8625 216
B8629 216
B8633 213
B8635 216


Brazil.50con A?AAAATTA?GAGAACAATTT???...AATAAAACAATA...GTCTTTAATCAATCCTCAGGAGGGGACCCA 276
B10561 -T---A--A----------...AGG----------...----------T-- 282
B10575 -A-G-----A----------...GGG----------...----------C---------- 282
B10581 -T-------A----------.....---GG--------...CA---------- 279
B10591 -G-------G----------...GTG----------...---------- 282
B10593 -A----C--A--C--------...AAG-----G------...----------A- 282
B10553 -A---T---G----------...GGGC----------...-C--------G---------- 282
B10565 -G-------CAT--C-----C.....----------...T---------- 279
B7930 160
A1 -AG------CA------T---.....G-----C-----...A-T-------G----G---------- 279
A2 -A-------CA----------...AAT-T--C-------...CAT----------T- 279
A3 -A-------CA----------...AAT-T--C-T-----...CAT-------G----G---------- 279
A4 -A-------CA---CA-T--N...AAT-T--C-------...CAT----------T- 279
A6 -A----C--CA----------...AATTT--C-------...CAT-------G----G---AG--------- 282
B7932 GG-------GC-A---T--A-...AAT-G--G-C-----...A---------- 282
A1 GA-------GC-A---T--A-...AAC----------...A----------A---------- 282
A2 GG-------CA-A---T--A-.....----G-------...---------- 279
A3 GG-------GC-A---T--A-...AAT----------...A----------A---------- 282
A4 GG-------GC-A---T--A-...AAT----------...A----------C---------- 282
A5 -A-------AA--------A-.....----------...T---------- 279
B7934 -T-------CA---C------GGG...----------...----------G---------- 282
A1 -T-------AA---------GTG...----------...----------G---------- 282
A2 -T-------AA---------GTG...----------...----------G---------- 282
A3 -T-------AA---------GTG...G----------...----------G---------- 282
A4 -T-------AA---------GTG...----------...----------G---------- 282
A5 -T-------AA---------GTG...----------...----------G---------- 282
A6 -T-------AA---------GTG...----------...----------G---------- 282
A7 -T-------AA---------GGG...----------.....-C-----G----------T-- 282
B7936 -A-------AA---------.....----------...A-T--------T---------- 273
B7940 -T-------A----------...AAG----GG------...--------G-C---------- 282
A1 -T-------A----------...AAG----------...----------CG---------- 282
A2 -T-------A----------...AAG-G--GG------...-----C--G---------- 282
A3 -T-------A----------...AAG----------...----------C---------- 282
A4 -T-------A----------...AAG----------...----------C---------- 282
A5 -T-------A----------...AAA----GG------...--------G---------- 282
A6 -T-------A----------...AAG----GG------...--------G---------- 282
B7942 -T-------G----C------GGA...------C-----...---------- 282
A1 -T-------G----------GGA...----------...---------- 282
A2 -T-------G----------GGA...----------...---------- 282
A3 -T-------G----------GGA...----------...---------- 282
A4 -T-------G----------GGA...----------...---------- 282
A5 -T-------G----------GGA...------T-----...---------- 282
A6 -T----C--G----------GGA...--------T----...---------- 282
A7 -T-------G----------GGA...----------...-A----------G--------- 282
B7944 GC-G-G---G-GTCT--T--CCCT...---GC--------...AAA-----CTC----------T- 282
A1 GC-G-----G-GTCT--T--CCCT...---GC--------...AAA-----CTC----------T- 282
A2 GC-G-G---A-GTCT--T--CCCT...---GC--------...AAA-----CTC----------T- 282
A3 GC-G-----G-GTCT--T--CCCT...---GC--------...AAA-----CTC----------T- 282
A4 GC-G-----G-GTCT--T--CCCT...---GC--------...AAA-----CTC----------T- 282
A5 GC-G-----G-GTCT--T--CCCT...---GC--------...AAA-----CTC----------T- 279
A6 GC-G-G---A-GTCT--T--CCCT...---GC--------...AAA-----CTC----------T- 282
B7946A1 CA-------A----T------GGA...----------C-ATA----------C---------- 285
A2 CA-------A--A--------GAG...----------...----------C----------A------ 282
A3 CA-------A----T------GGG...----------C-ATA----------C---------- 285
A4 CA-------A--A--------GAG...G----------...----------C----------A------ 282
A5 CA-------A--A--------GAG...----------...----------C----------A------ 282
B8615 CA-------A----------GAC...----------...---------- 282
B8621 -A-------GA---C------.....----------...---------- 279
B8623 -C-------G----------GGG...-G---T----C-ATAA-A----CCTCC----------C------ 285
B8625 -A-------GC----------.....----------...AAA------G---------- 279
B8629 -A-------GT---C------.....----------...A---------- 279
B8633 -A-------A----------CCA...----------...----------G---AG--------- 279
B8635 -T-------A----------GAGAAC-----C-A--C-ATA--------G---------- 288

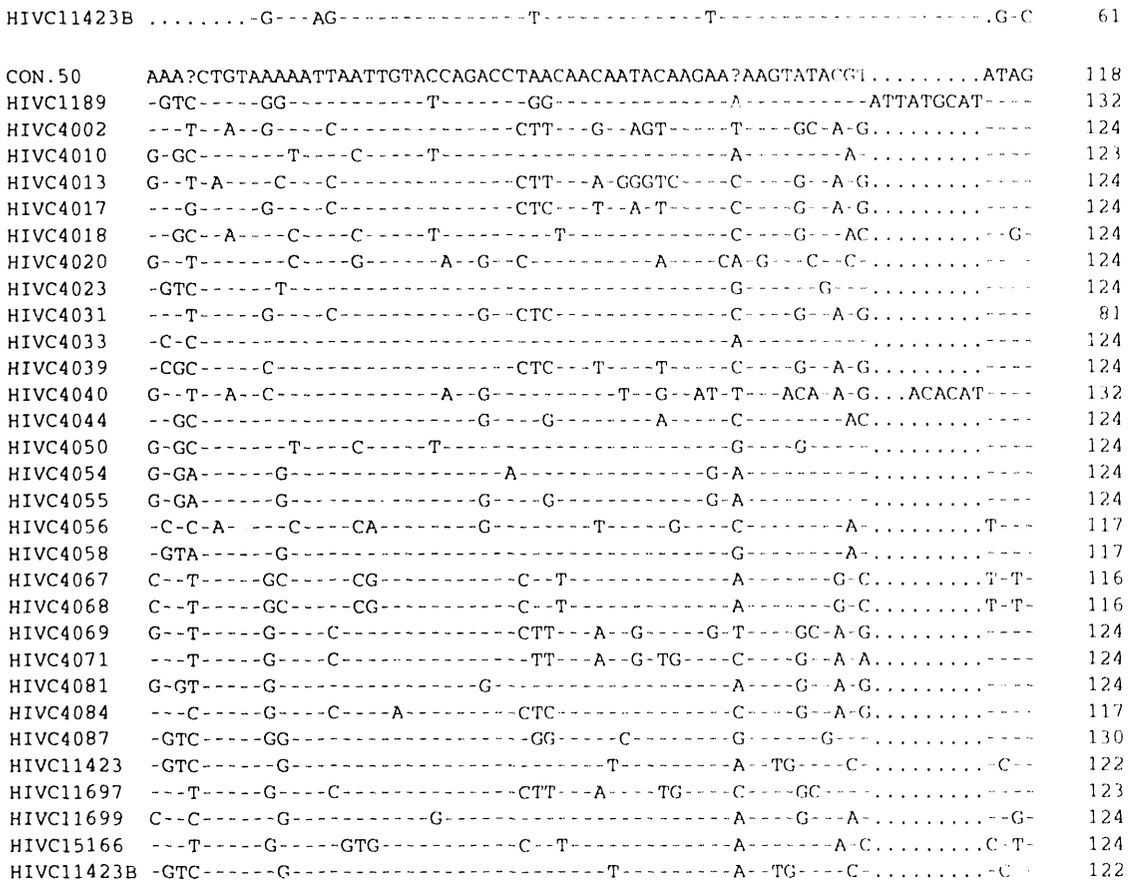
HIVB10561

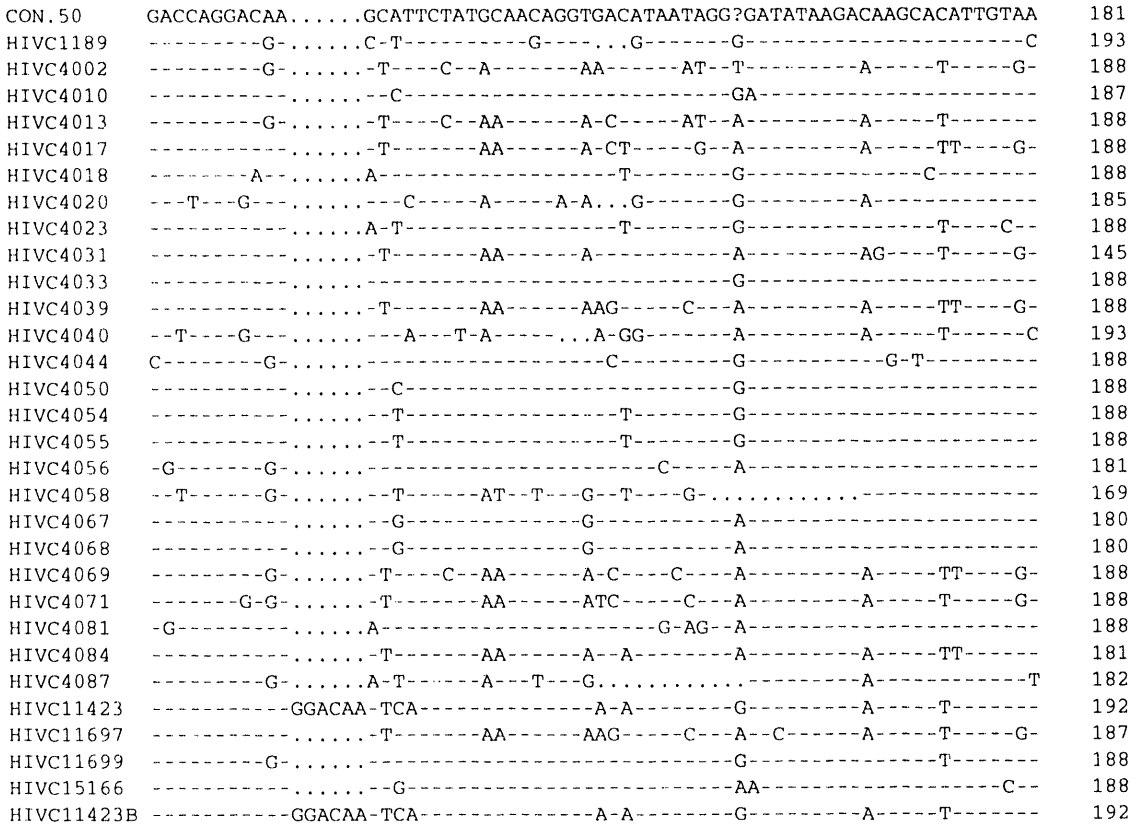

Brazil.50con GAAATTGTAATGCACAGTTTTAATTGTGGAGGGGAATTTTTTCTACTGTAATACAACAAAACTGTTTT 342
B10561 330
B10575 330
B10581 327
B10591 330
B10593 330
B10553 317
B10565 300
B7930 160
A1 325
A2 344
A3 327
A4 327
A6 330
B7932 282
A1 347
A2 344
A3 347
A4 348
A5 327
B7934 282
A1 330
A2 330
A3 330
A4 330
A5 348
A6 303
A7 330
B7936 273
B7940 282
A1 282
A2 329
A3 330
A4 330
A5 330
A6 330
B7942 282
A1 330
A2 282
A3 283
A4 330
A5 300
A6 293
A7 312
B7944 282
A1 348
A2 348
A3 348
A4 333
A5 345
A6 333
B7946A1 312
A2 316
A3 319
A4 316
A5 316
B8615 304
B8621 345
B8623 287
B8625 304
B8629 345
B8633 306
B8635 336

```
LOCUS       HIVC11893X     280 bp ss-RNA             VRL       23-JUL-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, sample 1189.3 from Bangui,
            Central African Republic, partial env cds.
ACCESSION   L11457
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), sample 1189.3
            proviral DNA (short-term cocultivation on PBMCs)
REFERENCE   1  (bases 1 to 280)
  AUTHORS   Murphy,E., Korber,B., Georges-Courbot,M.C., You,B., Pinter,A.,
            Cook,D., Kieny,M.P., Georges,A., Mathiot,C., Barre-Sinoussi,F.
            and Girard,M
  TITLE     Diversity of V3 region sequences of human immunodeficiency viruses
            type 1 from the Central African Republic.
  JOURNAL   AIDS Res. Hum. Retroviruses (1993, in press)
COMMENT     Sequences kindly provided prior to publication by Dr. Ellen
            Murphy, Public Health Research Institute, New York, NY 10016.
            This sequence and the consensus sequences shown in alignment below,
            represent twenty nine patients from Bangui, Central African Republic.
            The accession numbers for the original sequences are L11457-L11525.
            Viral sample 1189.3 and many of the other samples in this set
            cluster with env A subtype sequences; however env sequence subtypes
            C, D, and E are also represented and a few of the sequences cannot
            be definitively assigned to any of the defined subtypes. The E
            subtype viral sequences are related to the E samples currently
            prevalent in Thailand.
BASE COUNT      120 a     44 c     48 g     68 t
ORIGIN      812 bp downstream from beginning of envelope cds
        1 gggtaataat tagatctgaa aacatcacaa acaatgctaa aaccataata gtacagcttg
      env ->
       61 acagtcctgt aggaattaat tgtatcagac ctggcaacaa tacaagaaaa agtatacgta
      121 ttatgcatat aggaccagga cgacctttct atgcaagagg tgtaataggg gatataagac
      181 aagcacattg taccattaat aaagcaaaat ggaatcaaac tttacaaaag gtagctaaaa
      241 aattaagagg gatctttaac aaacatatct ttactaaaca
                                                 env ->
```

```
CON.50      ......?AG?TAATAATTAGATCTGAAAAC?TCACAAACAATGC?AAAACCATAATAGTACAGCTT.AAT     59
HIVC1189    .......G-G--------------------A-------------T---------------------.G-C     62
HIVC4002    ......G--A-------C-----------TC-----G-------C--------------G--C---.---     63
HIVC4010    .......-TG---GC--C-----------TA-------------A-----GT--------------.GTA     62
HIVC4013    ......G-TA-------C--------G--TC-------------C--------------G--C---.---     63
HIVC4017    ......G--A--------------------TC-------T-----C--------------G--C---.---     63
HIVC4018    ......GG-G---GG---------------T--T---G----T-T--------------------C.G-C     63
HIVC4020    ......G--A-----G--------------C-----G-------T-----------------------.--G     63
HIVC4023    ......C--G----G-----------G--A-A----------T---------------------.G-C     63
HIVC4031    ..................................................----------G--C---.---     20
HIVC4033    ......A--G---GG-----C---------T------G------T-----T---------------.GTC     63
HIVC4039    ......G--G--G-G--------------TA-------------C--------------------G.GT-     63
HIVC4040    ....AGAGAGCT-----------------TC------G-.-AT-AT---A-------------T--T---     65
HIVC4044    ......G--G--CAG---------------T--T--G-----A-T---C-G---------------.-CC     63
HIVC4050    ......A-TG---GC--C-----------TA-----G-------A-----AT-G-------------.GTC     63
HIVC4054    ......AG-G---G-----------------T-------------T---------------------.---     63
HIVC4055    ......A--G---G-----------------T-------------T---------------------.---     63
HIVC4056    ....................A--A----TA--T--G-----A-C----A----------------.--G     56
HIVC4058    ..............-G---------------T-----G-------T---------------------.--C     56
HIVC4067    ..............G---------------C-T-----------C----T---------G------.---     55
HIVC4068    ..............G---------------C-T-----------C----T---------G------.---     55
HIVC4069    ......GG-A-------C------------TC--G--G-------C--------------G--C---.---     63
HIVC4071    ......G-AA-------------------TC-----------A-C--------------G--C---.---     63
HIVC4081    ......G--A--------------------A-----G-------C----T-----------T---.---     63
HIVC4084    ..............---AC----------TC-----G-------C--------------G--C---.---     56
HIVC4087    AAAGGAA--G----G---------------A--------------T---------------------.G-C     69
HIVC11423   .........-G---AG--------------T---------------T---------------------.G-C     61
HIVC11697   ......G-CAA------C----------.TC-------------C--------------G--C---.---     62
HIVC11699   ......A--A---GG--------------T--------------T------------C-CA-----.GTC     63
HIVC15166   ......G-AA--------------------CAT---G-T---A-C----T---------G------.---     63
```

```
HIVC11423B .........-G---AG---------------T-------------T---------------------.G-C     61

CON.50     AAA?CTGTAAAAATTAATTGTACCAGACCTAACAACAATACAAGAA?AAGTATACGT.........ATAG    118
HIVC1189   -GTC-----GG-----------T-------GG--------------A----------ATTATGCAT----    132
HIVC4002   ---T--A--G----C--------------CTT---G--AGT-----T----GC-A-G.........----    124
HIVC4010   G-GC-------T----C-----T----------------------A--------A-.........----    123
HIVC4013   G--T-A----C---C--------------CTT---A-GGGTC----C----G--A-G.........----    124
HIVC4017   ---G-----G----C--------------CTC---T--A-T-----C----G--A-G.........----    124
HIVC4018   --GC--A----C----C-----T---------T-------------C----G---AC.........--G-    124
HIVC4020   G--T-------C----G------A--G--C----------A----CA-G---C--C-.........----    124
HIVC4023   -GTC------T-----------------------------------G------G---.........----    124
HIVC4031   ---T-----G----C-----------G--CTC--------------C----G--A-G.........----     81
HIVC4033   -C-C-----------------------------------------A----------.........----    124
HIVC4039   -CGC-----C-------------------CTC---T----T-----C----G--A-G.........----    124
HIVC4040   G--T--A--C-------------A--G----------T--G--AT-T---ACA-A-G...ACACAT----    132
HIVC4044   --GC----------------------G----G--------A-----C--------AC.........----    124
HIVC4050   G-GC-------T----C-----T----------------------G----G-----.........----    124
HIVC4054   G-GA------G-----------------A---------------G-A----------.........----    124
HIVC4055   G-GA------G---------------G----G------------G-A----------.........----    124
HIVC4056   -C-C-A- ---C----CA--------G--------T-----G----C--------A-.........T---    117
HIVC4058   -GTA------G-----------------------------------G--------A-.........----    117
HIVC4067   C--T-----GC-----CG-----------C--T-------------A-------G-C.........T-T-    116
HIVC4068   C--T-----GC-----CG-----------C--T-------------A-------G-C.........T-T-    116
HIVC4069   G--T-----G----C--------------CTT---A--G-----G-T----GC-A-G.........----    124
HIVC4071   ---T-----G----C---------------TT---A--G-TG----C----G--A-A.........----    124
HIVC4081   G-GT-----G----------------G-------------------A----G--A-G.........----    124
HIVC4084   ---C-----G----C----A---------CTC--------------C----G--A-G.........----    117
HIVC4087   -GTC-----GG-------------------GG-----C--------G------G---.........----    130
HIVC11423  -GTC------G-------------------------T---------A--TG----C-.........-C--    122
HIVC11697  ---T-----G----C--------------CTT---A----TG----C----GC----.........----    123
HIVC11699  C--C------G-----------G-----------------------A----G---A-.........--G-    124
HIVC15166  ---T-----G-----GTG-----------C--T-------------A-------A-C.........C-T-    124
HIVC11423B -GTC------G-------------------------T---------A--TG----C-.........-C--    122
```





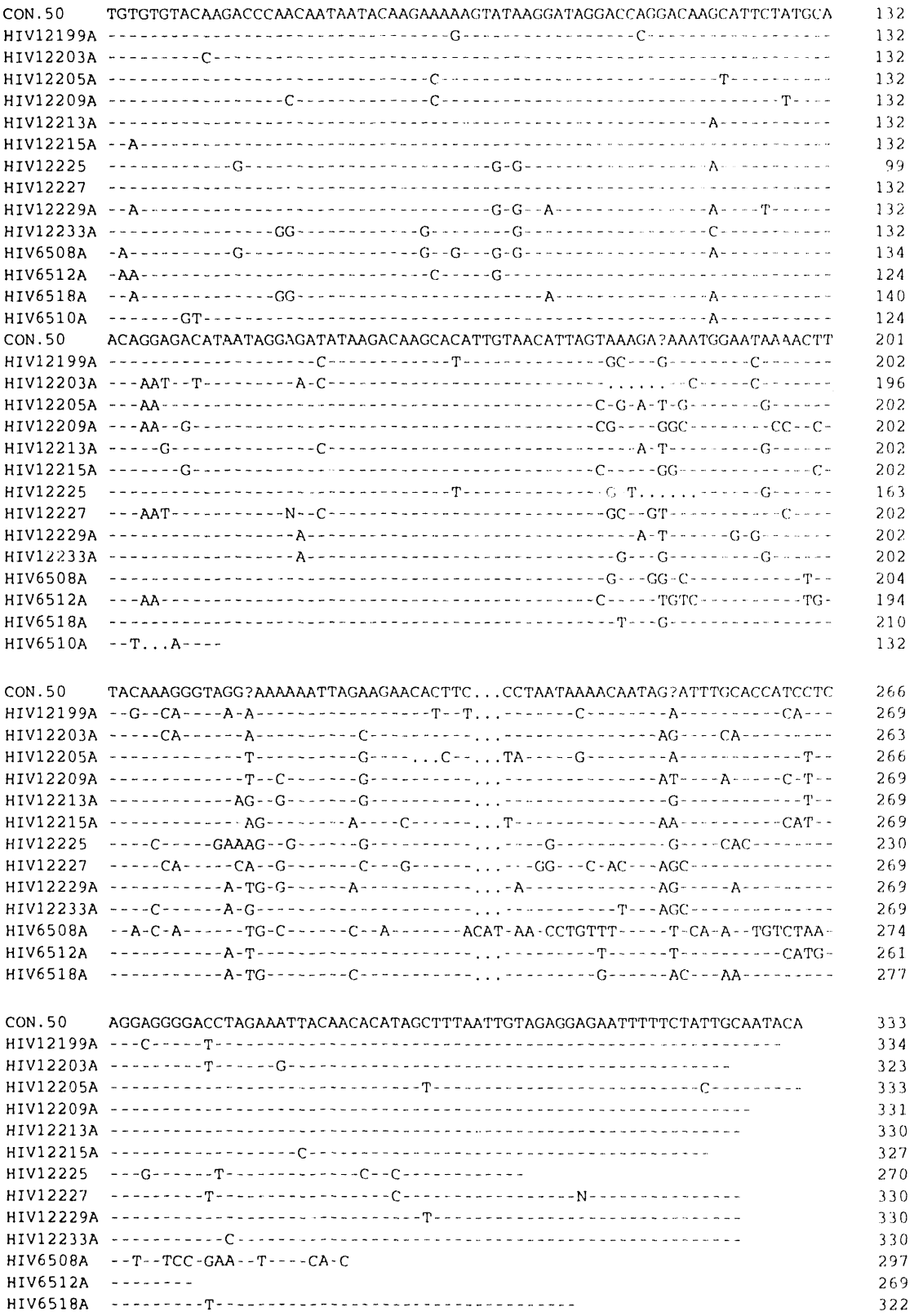
HIVC11893X

```
CON.50      ???....?????ACAATAATCTTT?A?A????AACCTTTA?????C          265
HIVC1189    ............-A-CAT------ACT-AACA                        280
HIVC4002    ACA......ACG-------G----ACA-CA                         282
HIVC4010    ACA............--------CACT-GCT                        276
HIVC4013    .........AAA------T-A-A-CGACCAT                        277
HIVC4017    .........AAG------CA----CGACCAT                        277
HIVC4018    AAA...AGTGCA------------ACT-ACC                        286
HIVC4020    ...AACAAGTCA-A-----AT---C-ACCCC                        277
HIVC4023    AAA.........------------A-T-GC                         279
HIVC4031    ACA............---------A-ACCAT                        234
HIVC4033    AAA...AATGAA----A---AA--TTTGCTAAGC                     289
HIVC4039    ACA............---------C-ACGATC                       278
HIVC4040    ACA.........--------T---A-CCAAT                        285
HIVC4044    AAT......ACA-AC----C----ACT-ATC                        283
HIVC4050    ACA............----G---CACT-ATC                        277
HIVC4054    AAA.........------CAA---GCT-AC                         279
HIVC4055    AAA.........------CAA---GCT-AC                         279
HIVC4056    TAGAACAATAGA-------G----A-GCCAA                        281
HIVC4058    .......TTAACGAC--C-----AT-G                            245
HIVC4067    ...CGGGGGGAG-AC----C---AG-A-ACAT--------ACTCA-         287
HIVC4068    ...CGGGGGGAG-AC----C---AG-A-ACAT--------CTCAC          286
HIVC4069    ......AAAAAG------C-----C-ACCA                         276
HIVC4071    ..AATTAATTAG------CAA---                               274
HIVC4081    ...GGGAATACA----C---AAACTTT-GTAA-T                     283
HIVC4084    ...AAGAATAAG------------C-GCCAT                        273
HIVC11697   ...AAGAATAAG------------C-ATCCAT                       280
HIVC11699   AGAAATGACACAT-----------GCT-GGC                       283
HIVC15166   ......AATAAG-AC----C----A-TTCAT                        277
```

```
LOCUS       HIVM12199     334 bp ds-DNA             VRL       03-JUN-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, sample M12199 from Malawi,
            partial env cds, V3 region.
ACCESSION   L15721
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Malawi sample 12199.
REFERENCE   1  (bases 1 to 334)
  AUTHORS   Orloff,G.M., Kalish,M.L., Chiphangwi,J., Potts,K.E., Ou,C.,
            Schochetman,G., Dallabetta,G., Saah,A.I. and Miotti,P.G.
  TITLE     V3 loops of HIV-1 specimens from pregnant women in Malawi uniformly
            lack a potential N-linked glycosylation site
  JOURNAL   AIDS Res. Hum. Retroviruses 9, 705-706, 1993
COMMENT     Partial HIV-1 envelope sequences obtained from PCR amplified
            PBMC-cell DNA of infected pregnant women enrolled in a study
            of risk factors for HIV-1 in Blantyre, Malawi. The sequences
            in this set (accession numbers L15721-L15735), are shown in
            alignment below. All of the sequences in this study belong to
            the env subtype C.
BASE COUNT      146 a     53 c     59 g     76 t
ORIGIN      826 bp downstream from the beginning of env cds
        1 tctgaaaatc tgacaaacaa tgccaaaaca ataatagtaa accttaatga ctctgtagaa
     env ->
       61 attgtgtgta caagacccaa caataataca agaaagagta taaggatagg acccggacaa
      121 gcattctatg caacaggaga cataatagga gacataagac aagcatattg taacattagt
      181 gcagagaaat ggaacaaaac tttagaacag gtaagaaaaa aattagaaga acattttcct
      241 aatacaacaa tagaatttgc accacactca ggcggggatc tagaaattac aacacatagc
      301 tttaattgta gaggagaatt tttctattgc aata
                                          env ->
```

```
----
CON.50     ........TCTGAAAATCTGACAAACAATGCCAAAACAATAATAGTACATCTTAATGAATCTGTAGAAAT     62
HIV12199A  ........----------------------------------------A-C--------C----------     62
HIV12203A  ........---------------G----------------------C---------C----------     62
HIV12205A  ........----------------------------------------------------T----------     62
HIV12209A  .........---A----------G-----A-------------------------------------     62
HIV12213A  ........----------------------T-------------------------------A----C--     62
HIV12215A  ........----------------------T---------------------------------AG---     62
HIV12225   ..........................................-------------A--C----------     29
HIV12227   ........---------------G------T-----------------C--------------------     62
HIV12229A  ........----------------------T--------------------C--------------G--     62
HIV12233A  ........---------------G------T---------------------------C----------     62
HIV6508A   ......GA---------------G-----------T-----------------C--------------     64
HIV6512A   ..............------TG-A---A-------------------------------A-------     54
HIV6518A   TAATTAGA---------T-----------T-----------------------------------G--     70
HIV6510A   ..............--------------------------------C--------C----------     54
```

HIVM12199


CON.50 TGTGTGTACAAGACCCAACAATAATACAAGAAAAAGTATAAGGATAGGACCAGGACAAGCATTCTATGCA 132
HIV12199A 132
HIV12203A 132
HIV12205A 132
HIV12209A 132
HIV12213A 132
HIV12215A 132
HIV12225 99
HIV12227 132
HIV12229A 132
HIV12233A 132
HIV6508A 134
HIV6512A 124
HIV6518A 140
HIV6510A 124
CON.50 ACAGGAGACATAATAGGAGATATAAGACAAGCACATTGTAACATTAGTAAAGA?AAATGGAATAAAACTT 201
HIV12199A 202
HIV12203A 196
HIV12205A 202
HIV12209A 202
HIV12213A 202
HIV12215A 202
HIV12225 163
HIV12227 202
HIV12229A 202
HIV12233A 202
HIV6508A 204
HIV6512A 194
HIV6518A 210
HIV6510A 132
CON.50 TACAAAGGGTAGG?AAAAAATTAGAAGAACACTTC...CCTAATAAAACAATAG?ATTTGCACCATCCTC 266
HIV12199A 269
HIV12203A 263
HIV12205A 266
HIV12209A 269
HIV12213A 269
HIV12215A 269
HIV12225 230
HIV12227 269
HIV12229A 269
HIV12233A 269
HIV6508A 274
HIV6512A 261
HIV6518A 277
CON.50 AGGAGGGGACCTAGAAATTACAACACATAGCTTTAATTGTAGAGGAGAATTTTTCTATTGCAATACA 333
HIV12199A 334
HIV12203A 323
HIV12205A 333
HIV12209A 331
HIV12213A 330
HIV12215A 327
HIV12225 270
HIV12227 330
HIV12229A 330
HIV12233A 330
HIV6508A 297
HIV6512A 269
HIV6518A 322

```
LOCUS       HIVRA14018    336 bp ds-DNA             VRL       14-JUN-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate RM14018 from
            Romania, env region, V3 loop cds.
ACCESSION   L19571
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), Romania, isolate
            14018.
REFERENCE   1  (bases 1 to 336)
  AUTHORS   Dumitrescu,O., Kalish,M.L., Kliks,S.C., Bandea,C.I. and Levy,J.A.
  TITLE     Characterization of HIV-1 strains isolated from children in
            Romania: Identification of a new envelope subtype
  JOURNAL   J. Inf. Dis. (1993, in press)
COMMENT     Kindly submitted prior to publication by Dr. Marsha Kalish,
            CDC, Atlanta GA. 30333. Eight additional isolates, from eight
            different patients, are shown in alignment below (accession numbers
            L19572-L19579). These data were obtained by direct sequencing of
            PCR amplified PBMC. The sequences cluster with distinctive env subtype
            sequences found also in Brazil and designated env F subtype.
BASE COUNT      139 a     59 c     55 g     83 t
ORIGIN      V3 loop cds of envelope
        1 caaaatatct cagataatac aaaaaccata atagtacacc ttaatgaaac tgtacagatt
     env ->
       61 aattgtacaa gacccaacaa caatacaagg aaaagtatac atttaggacc aggacaagca
  v3 loop cds ->
      121 ttctatgcaa caggtgatat aataggagat ataagaaagg cacattgtaa cgttaatgga
                                                              <- v3 loop
      181 acacaatgga ataacactgt acaacgggta cgtgcaaagt tacggtctca tttccctaat
      241 aaaacaataa catttaactc atcctcagga ggggacctag aaattacaat gcatagtttt
      301 aattgtagag gagaattttt ctactgcaat acatca
                                        env ->
```

```
50CONROM    CAAAATATCTCAGATAATACAAAAACCATAATAGTACACCTTAATGAAACTGTACAGATTAATTGTAC     68
HIVRM14018  ----------------------------------------------------------------------     68
HIVRM14020  ----------------------------------------------------------------------     68
HIVRM14024  ----------------------------------------------------------------------     68
HIVRM14027  ----------------------------------------------------------------------     68
HIVRM14028  ----------------------------------------------------------------------     68
HIVRM14034  ----------------------------------------------------------------------     68
HIVRM14036  ----------------------------------------------------------------------     68
HIVRM14041  ----------------------------------------------------------------------     68
HIVRM14046  ----------------------------------------------------------------------     68

50CONROM    AAGACCCAACAACAATACAAGGAAAAGTATACATTTAGGACCAGGACAAGCATTCTATGCAACAGGTG    136
HIVRM14018  ----------------------------------------------------------------------    136
HIVRM14020  ----------------------------------------------------------------A-----    136
HIVRM14024  ----------------------------------------------------------------------    136
HIVRM14027  ----------------------------------------------------------------------    136
HIVRM14028  ----------------------------------------------------------------------    136
HIVRM14034  ----------------------------------------------------------A-----------    136
HIVRM14036  ----------------------------------------------------------------------    136
HIVRM14041  ----------------------------------------------------------------------    136
HIVRM14046  ----------------------------------------------------------------------    136

50CONROM    ATATAATAGGAGATATAAGAAAGGCACATTGTAACGTTAGTGGAACACAATGGAATAACACTGTACAA    204
HIVRM14018  ----------------------------------------A-----------------------------    204
HIVRM14020  ----------G-----------------------------------T-------------------------    204
HIVRM14024  ------------------------T---------------------------------------------    204
HIVRM14027  ----------------------------------------------------------------------    204
HIVRM14028  ------------------------T---------------------------------------------    204
HIVRM14034  ----------------------------------------------------------------------C    204
HIVRM14036  ----------------------------------------------------------------------    204
HIVRM14041  ----------------------------------------------------------------------    204
HIVRM14046  ----------------------------------------------------------------------    204
```

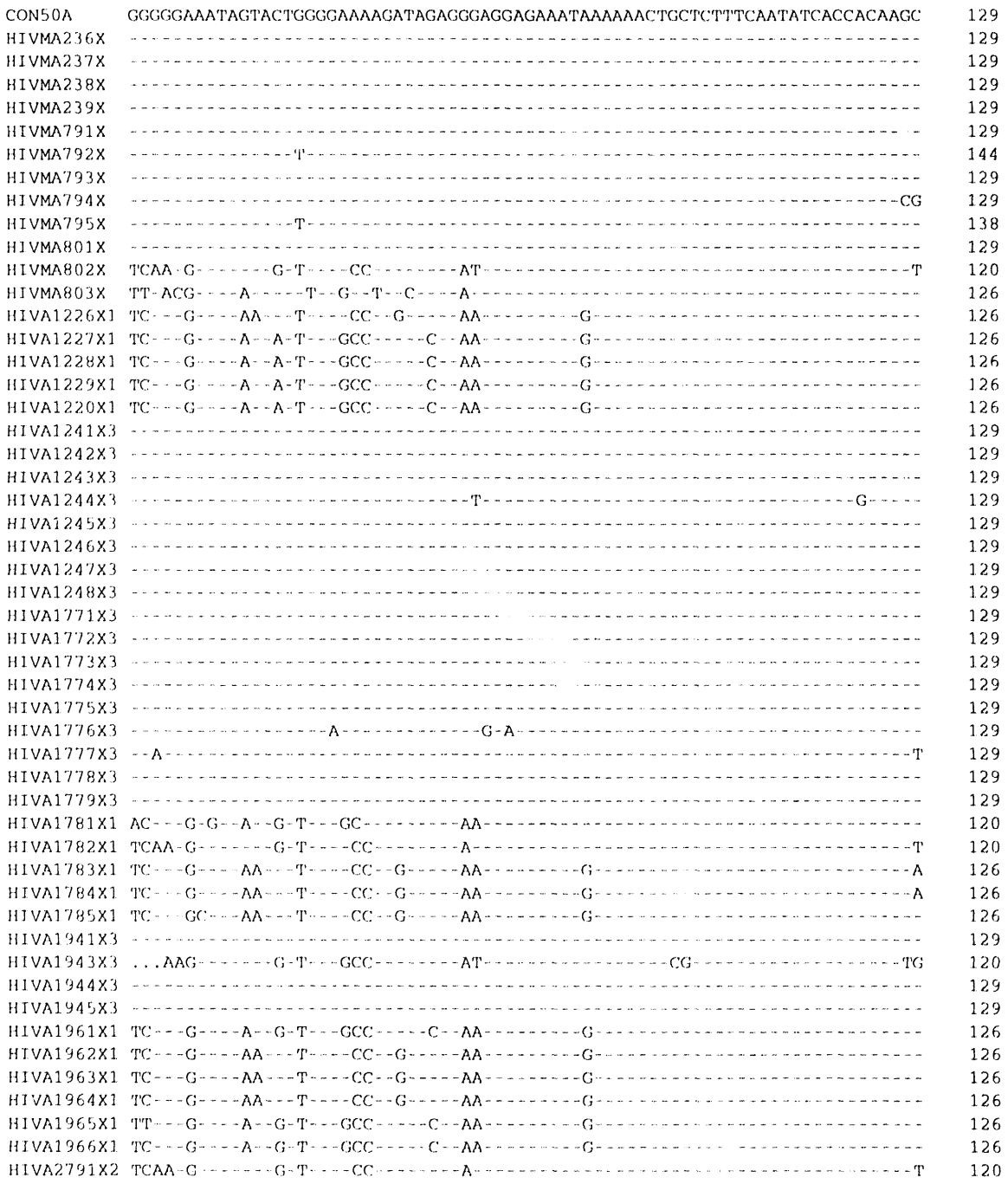
HIVRA14018

```
50CONROM    CGAGTACGTGCAAAGTTACAGTCTCATTTCCCTAATAGAACAATAA?ATTTAACTCATCCTCAGGAGG    271
HIVRM14018 --G----------------G----------------A--------C--------------------    272
HIVRM14020 -------A-----------------------------------------T--------------------    272
HIVRM14024 ---------------------------------------------C--------------------    272
HIVRM14027 A-G----T-----------------------------A--------G--------------------    272
HIVRM14028 ------------------A-----------------A--------C-------A-------------    272
HIVRM14034 ----------A----------C---T-------------------GG--------------------    272
HIVRM14036 --------G-------------------------------C-------T--------------------    272
HIVRM14041 --------G-----------------------------C-------T--------------------    272
HIVRM14046 --G-----G-----------------------------A--------C--------------------    272

50CONROM    GGACCTAGAAATTACAATGCATAGTTTTAATTGTAGAGGAGAATTTTTCTACTGCAATACATCA        335
HIVRM14018 ------------------------------------------------------------        336
HIVRM14020 ------------------------------------------------------------        336
HIVRM14024 ------------------------------------------------------------        336
HIVRM14027 ------------------------------------------------------------        336
HIVRM14028 ------------------------------------------------------------T       335
HIVRM14034 -------------------------------------------------------------       335
HIVRM14036 ------------------------------------------------------------        336
HIVRM14041 ------------------------------------------------------------        336
HIVRM14046 ------------------------------------------------------------        336
```

```
LOCUS       HIVMA236X      360 bp ss-RNA             VRL       30-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, sample MA236X, partial env
            cds, V1V2 region.
ACCESSION   L15143
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), sample MA236X.
REFERENCE   1  (bases 1 to 360)
  AUTHORS   Lamers,S.L., Sleasman,J.W., She,J.X., Barrie,K.A., Pomeroy,S.M.,
            Barrett,D.M. and Goodenow,M.M.
  TITLE     Independent variation and positive selection in env V1 and V2
            domains within maternal-infant strains of human immunodeficiency
            virus type 1 in vivo
  JOURNAL   J. Virol. 67, 3951-3960 (1993)
COMMENT     These sequences are from a mother-infant study which involved eight
            individuals in two families:  family "A", consisting of mother M-A,
            children A-1, A-2, A-3 and family "B" consisting of mother M-B
            children B-1, B-2, B-3.  Locus names containing a "M" indicate a
            maternal sequence. Locus names without "M" signify offspring.  Among
            the offspring, children are distinguished by the last character in
            the locus name - child 1, 2, or 3.  The other sequences from family
            "A" (accession numbers L15138-L15187), are shown in the alignment
            that follows.
BASE COUNT      126 a     60 c     78 g     96 t
ORIGIN      360 bp downstream from beginning of env cds
        1 aaattaaccc cactctgtgt tagcttaact tgcactgatt atgtagggaa taatactggg
     env ->
       61 ggaaatagta ctggggaaaa gatagaggga ggagaaataa aaaactgctc tttcaatatc
      121 accacaagca gaagggataa gatgcgggag gaatatgcat tttttaataa gcttgatcta
      181 gtaccaataa atgatgaggg taataagagc tatatattga tacattgtaa tacctcagtc
      241 attacacaag cctgtccaaa ggtatccttt gagccaattc ccatacatta ttgtacccca
      301 gctggttttg cgatgctaaa gagtaatgat aagcagttca atggaacagg gccatgtaac
                                                                    env ->
```

HIVMA236X

```
CON50A      AAATTAACCCCACTCTGTGTTAGCTTAACTTGCACTGAT.....TATGTAGGGAATAATACT     57
HIVMA236X   ----------------------------------------.....----------------     57
HIVMA237X   ----------------------------------------.....----------------     57
HIVMA238X   ----------------------------------------.....----------------     57
HIVMA239X   ----------------------------------------.....----------------     57
HIVMA791X   ------C-----------------------------------.....----------------     57
HIVMA792X   ---------------------------------A----TATTTAGGGAGCAATA--TCGAC-----G----     72
HIVMA793X   ------C-----------------------------------.....----------------     57
HIVMA794X   ----------------------------------------.....----------------     57
HIVMA795X   ------C-----------------------------------.....TATGTAGGGA--TCGAC-----G----     66
HIVMA801X   ----------------------------------------.....----------------G     57
HIVMA802X   ----------------------T---CA-----T-A--.....TTA----G-     48
HIVMA803X   ---------------------------------A----.....----A---C--A-A-     54
HIVA1226X1  ----------------------T----A----------.....T-------C------     54
HIVA1227X1  ----------------------T----A----------.....T-------C------     54
HIVA1228X1  ----------------------T----A----------.....T-------C------     54
HIVA1229X1  ----------------------T----A----------.....T-------C------     54
HIVA1220X1  ----------------------T----A----------.....T-------C------     54
HIVA1241X3  ----------------------------------------.....----------------     57
HIVA1242X3  ----------------------------------------.....----------------     57
HIVA1243X3  ----------------------A-----------------.....----------------     57
HIVA1244X3  ----------------------------------------.....----------------     57
HIVA1245X3  ----------------------------------------.....----------------     57
HIVA1246X3  ----------------------------------------.....----------------     57
HIVA1247X3  ----------------------------------------.....----------------     57
HIVA1248X3  ----------------------A-----------------.....---------------G--     57
HIVA1771X3  ------C-----------------------------------.....----------------     57
HIVA1772X3  ------C-----------------------------------.....----------------     57
HIVA1773X3  ------C-----------------------------------.....----------------     57
HIVA1774X3  ------C-----------------------------------.....----------------     57
HIVA1775X3  ------C-----------------------------------.....----------------     57
HIVA1776X3  ---------------------------------A--.....----------------     57
HIVA1777X3  ----------------------------------------.....----------------     57
HIVA1778X3  ----------------------------------------.....----------------     57
HIVA1779X3  ----------------------------------------.....----------------     57
HIVA1781X1  ----------------------T----A-------A--.....TTA------     48
HIVA1782X1  --------------------C--T---CA-----T-A--.....TTA----G-     48
HIVA1783X1  ----------------------T----A-------A--.....T-------C------     54
HIVA1784X1  ----------------------T----A-------A--.....T-------C------     54
HIVA1785X1  ----------------------T----A----------.....T-------C------     54
HIVA1941X3  ----------------------------------------.....----------------     57
HIVA1943X3  ----------------------T---CA-----TGA--.....T--.....----G-T-A     51
HIVA1944X3  ----------------------T-----------------.....---T--------------     57
HIVA1945X3  ----------------------------------------.....----------------     57
HIVA1961X1  ----------------------T----A----------.....T-------CG-----     54
HIVA1962X1  ----------------------T----A----------.....T-------C------     54
HIVA1963X1  --------T--------------T----A----------.....T-------C------     54
HIVA1964X1  --------T--------------T----A----------.....T-------C------     54
HIVA1965X1  ------C----------------T----A----------.....T-------C------     54
HIVA1966X1  ------C----------------T----A----------.....T-------CG-----     54
HIVA2791X2  --------------------C--T---CA-----T-A--.....T--.....----G-     48
```


CON50A GGGGGAAATAGTACTGGGGAAAAGATAGAGGGAGGAGAAATAAAAAACTGCTCTTTCAATATCACCACAAGC 129
HIVMA236X 129
HIVMA237X 129
HIVMA238X 129
HIVMA239X 129
HIVMA791X 129
HIVMA792X 144
HIVMA793X 129
HIVMA794X 129
HIVMA795X 138
HIVMA801X 129
HIVMA802X 120
HIVMA803X 126
HIVA1226X1 126
HIVA1227X1 126
HIVA1228X1 126
HIVA1229X1 126
HIVA1220X1 126
HIVA1241X3 129
HIVA1242X3 129
HIVA1243X3 129
HIVA1244X3 129
HIVA1245X3 129
HIVA1246X3 129
HIVA1247X3 129
HIVA1248X3 129
HIVA1771X3 129
HIVA1772X3 129
HIVA1773X3 129
HIVA1774X3 129
HIVA1775X3 129
HIVA1776X3 129
HIVA1777X3 129
HIVA1778X3 129
HIVA1779X3 129
HIVA1781X1 120
HIVA1782X1 120
HIVA1783X1 126
HIVA1784X1 126
HIVA1785X1 126
HIVA1941X3 129
HIVA1943X3 120
HIVA1944X3 129
HIVA1945X3 129
HIVA1961X1 126
HIVA1962X1 126
HIVA1963X1 126
HIVA1964X1 126
HIVA1965X1 126
HIVA1966X1 126
HIVA2791X2 120

HIVMA236X

```
CON50A      .........AGAAGGGATAAGATGCGGGAGGAATATGCATTTTTTAATAAGCTTGATCTAGTACCAATA?AT    191
HIVMA236X   .........----------------------------------------------------------...    189
HIVMA237X   .........----------------------------------------------------------...    189
HIVMA238X   .........----------------------------------------------------------...    189
HIVMA239X   .........----------------------------------------------------------...    189
HIVMA791X   .........---------------------------CG-A-------------------------------...    189
HIVMA792X   .........---------------------------CG-A-------------------------------...    204
HIVMA793X   .........---------------------------CG-A-------------------------------...    189
HIVMA794X   .........-----------------------C--CG-A-------------------------------...    189
HIVMA795X   .........--------------------A------CG---------,-----------------------...    198
HIVMA801X   .........---------------------------CAT-------------------------------...    189
HIVMA802X   .........-----A-G--------A-ATA--C---------------GC------------G------...    180
HIVMA803X   .........----------------------------------------------------------...    186
HIV1226X1   .........-T-G-A-G--G----AA-A-A-C----------------GC------------------G--    189
HIV1227X1   .........-C-G-A-G--G-C--AA-A-A--C------A--------GC------------------A--    189
HIV1228X1   .........-T-G-A-G--G-C--AA-A-A--C------A--------GC------------------A--    189
HIV1229X1   .........-T-G-A-G--G-C--AA-A-A--C------A--------GC--------------G---A--    189
HIV1220X1   .........-T-G-A-G--G-C--AA-A-A--C------A--------GC------------------A--    189
HIV1241X3   .........----------------------------------------------------------A--    192
HIV1242X3   .........----------------------------------------------------------A--    192
HIV1243X3   .........-----------------------------A----------------------------A--    192
HIV1244X3   .........----------------------------------------------------------A--    192
HIV1245X3   .........-----------------------------A----------------------------A--    192
HIV1246X3   .........-----------------------------A----------------------------A-G    192
HIV1247X3   .........----------------------------------------------------------A--    192
HIV1248X3   .........-----------------------------A----------------------------A--    192
HIV1771X3   .........---------------------------CG-------------------------------A--    192
HIV1772X3   .........----------------------------------------------------------A--    192
HIV1773X3   .........----------------------------------------------------------A--    192
HIV1774X3   .........----------------------------------------------------------A--    192
HIV1775X3   .........----------------------------------------------------------A--    192
HIV1776X3   .........--------------------A--------------T---GCT-GATCT---AT------A--    192
HIV1777X3   .........-----A-G--------A-ATA--C---------------GC---GA----GA--------G--    192
HIV1778X3   .........----------------------------------------------------------A--    192
HIV1779X3   .........----------------------------------------------------------A--    192
HIV1781X1   .........-----A-G-------...C-A--C---------------GC------------------G--    180
HIV1782X1   .........-----A-G--------A-ATA--C---------------GC------------------G--    183
HIV1783X1   .........CT-G-A-G--G----AA-CTAAG-C--------------GC------------------G--    189
HIV1784X1   .........CT-G-A-G--G----AA-CTAAG-C--------------GC------------------G--    189
HIV1785X1   AGCACAAGC-----A-G--G----AA-C-A--C---------------GC------------------G--    198
HIV1941X3   .........----------------------------------------------------------A--    192
HIV1943X3   .........------AGG-----CGA-ATA--C---CG----------GC------------------G--    183
HIV1944X3   .........----------------------------------------------------------A--    192
HIV1945X3   .........---------------------------CG-------------------------------A--    192
HIV1961X1   .........-T-G-A----G----AA-A-A--C-------A-------GC------------------G--    189
HIV1962X1   AGCACAAGC-----A-G--G----...CTA--C---CG----------C------------------G--    195
HIV1963X1   AGCACAAGC-----A-G--G----...CTA--C--------------GC------------------G--    195
HIV1964X1   AGCACAAGC-----A-G--G----...CTA--C--------------GC------------------G--    195
HIV1965X1   .........-T-G-A----G----AA-A-A--C--------------GC------------------G--    189
HIV1966X1   .........-T---A----G----AA-A-A--C-----------A-T-CGCG----------------G--    189
HIV2791X2   .........-----A-G--------A-ATA--C---------------GC------------------G--    183
```

```
CON50A      AATGAT.........................???GGTAATAAGAGC.............TATATATTGATA   221
HIVMA236X   ------.........................GAG-----------.............-----------   222
HIVMA237X   ------.........................GAG-----------.............-----------   222
HIVMA238X   ------.........................GAG-----------.............-----------   222
HIVMA239X   ------.........................GAG-----------.............-----------   222
HIVMA791X   ------.........................GAG-----------.............-T---------   222
HIVMA792X   ------.........................GAG-----------.............-T---------   237
HIVMA793X   ------.........................GAG-----------.............-T---------   222
HIVMA794X   ------.........................GAG-----------.............-T---------   222
HIVMA795X   ------.........................GAG-----------.............----------C-   231
HIVMA801X   ---A--.........................GAG-----------.............----------C-   222
HIVMA802X   ......-........................AAT-A--G--T---.............----G-------   210
HIVMA803X   ------.........................GAG-----------.............----------C-   219
HIVA1226X1  ------..............AGTAGGAATGATAGTA-G---G-T---.............----G-------   234
HIVA1227X1  ------AGTGATCTAGTACCAATAGATAATGATAGTA-G----GT---.............----G-------   249
HIVA1228X1  ------AGTGATCTAGTACCAATAGATAATGATAGTA-G----GT---.............----G-------   249
HIVA1229X1  ------AGTGATCTAGTACCAATAGATAATGATAGTA-G---G-T--TAGAAATAGTAGC----G-------   261
HIVA1220X1  ------AGTGATCTAGTACCAATAGATAATGATAGTA-G----GT---.............----G-------   249
HIVA1241X3  G----G.....................-----------.............-T---------   222
HIVA1242X3  G----G.....................-----------.............-T---------   222
HIVA1243X3  G----G.....................-----------.............-T---------   222
HIVA1244X3  G----G.....................-----------.............----------C-   222
HIVA1245X3  G----G.....................-----------.............-T---------   222
HIVA1246X3  G----G.....................-----------.............-T---------   222
HIVA1247X3  G----G.....................-----------.............-T---------   222
HIVA1248X3  G----G.....................-----------.............-T---------   222
HIVA1771X3  G----G.....................-----------.............-T---------   222
HIVA1772X3  G----G.....................-----------.............-T---------   222
HIVA1773X3  G----G.....................-----------.............-T---------   222
HIVA1774X3  G----G.....................-----------.............-T---------   222
HIVA1775X3  G----G.....................-----------.............-T---------   222
HIVA1776X3  G----G.....................-----------.............-T---------   222
HIVA1777X3  ------.....................G---TA---.............----G-------   219
HIVA1778X3  G----G.....................-----------.............-T---------   222
HIVA1779X3  G----G.....................-----------.............-T---------   222
HIVA1781X1  ------.....................AAT-A--G--GT---.............----G-------   213
HIVA1782X1  ------.....................-G--T---.............----G-------   210
HIVA1783X1  ------..............AGTAGGAATGATAGTA-G----GT---.............----G-------   234
HIVA1784X1  ------..............AGTAGGAATGATAGTA-G----GT---.............----G-------   234
HIVA1785X1  ------.....................GGTA-G---G-T---.............----G-------   231
HIVA1941X3  G----G.....................-----------.............-T---------   222
HIVA1943X3  ------.....................-G--TA---.............----G-------   210
HIVA1944X3  G----G.....................-----------.............-T---------   222
HIVA1945X3  G----G.....................-----------.............-T---------   222
HIVA1961X1  G-----.....................AGTA-G---G-T---.............----G-------   222
HIVA1962X1  ------AGT.....AGGAATGATAGTAGAAATAGTAACT---GT---.............----G-------   249
HIVA1963X1  ------AGT.....AGGAATGATAGTAGAAATAGTAACT---GT---.............----G-------   249
HIVA1964X1  ----------.....AGTAGGAATGATAGTAGAAATAGTAACT---GT---.............----G-------   249
HIVA1965X1  G-----.....................AGTA-G---G-T---.............----G-------   222
HIVA1966X1  G-----.....................AAT-A----TCT-CG.............----G-------   222
HIVA2791X2  ------AGT.....................ATG-GCT-T--ATT.....G---C----...      215
```

HIVMA236X

```
CON50A      CATTGTAATACCTCAGTCATTACACAAGCCTGTCCAAAGGTATCCTTTGAGCCAATTCCCATACATTATTGT   293
HIVMA236X   ------------------------------------------------------------------------   294
HIVMA237X   ------------------------------------------------------------------------   294
HIVMA238X   ------------------------------------------------------------------------   294
HIVMA239X   ------------------------------------------------------------------------   294
HIVMA791X   ------------------------------------------------------------------------   294
HIVMA792X   ---------------------------------------------------------G--------------   309
HIVMA793X   ------------------------------------------------------------------------   294
HIVMA794X   ------------------------------------------------------------------------   294
HIVMA795X   ------------------------------------------------------------------------   303
HIVMA801X   ------------------------------------------------------------------------   294
HIVMA802X   ----------------------C-------------------------------------------------   282
HIVMA803X   ------------------------------------------------------------------------   291
HIVA1226X1  ----------------------C-------------------------------------------------   306
HIVA1227X1  ----------------------C-------------------------------------------------   321
HIVA1228X1  ----------------------C-------------------------------------------------   321
HIVA1229X1  ----------------------C--------------A----------------------------------   333
HIVA1220X1  ----------------------C-------------------------------------------------   321
HIVA1241X3  ------------------------------------------------------------------------   294
HIVA1242X3  ------------------------------------------------------------------------   294
HIVA1243X3  ------------------------------------------------------------------------   294
HIVA1244X3  ------------------------------------------------------------------------   294
HIVA1245X3  ------------------------------------------------------------------------   294
HIVA1246X3  ------------------------------------------------------------------------   294
HIVA1247X3  ------------------------------------------------------------------------   294
HIVA1248X3  ------------------------------------------------------------------------   294
HIVA1771X3  ------------------------------------------------------------------------   294
HIVA1772X3  ------------------------------------------------------------------------   294
HIVA1773X3  ------------------------------------------------------------------------   294
HIVA1774X3  ------------------------------------------------------------------------   294
HIVA1775X3  ------------------------------------------------------------------------   294
HIVA1776X3  ------------------------------------------------------------------------   294
HIVA1777X3  ----------------------C-------------------------------------------------   291
HIVA1778X3  ---------------------------------------------------------T--------------   294
HIVA1779X3  ---------------------------------------------------------T--------------   294
HIVA1781X1  ----------------------C-------------------------------------------------   285
HIVA1782X1  ----------------------C-------------------------------------------------   282
HIVA1783X1  ----------------------C-------------------------------------------------   306
HIVA1784X1  ----------------------C-------------------------------------------------   306
HIVA1785X1  ----------------------C-------------------------------------------------   303
HIVA1941X3  ------------------------------------------------------------------------   294
HIVA1943X3  ----------------------C-------------------------------------------------   282
HIVA1944X3  ------------------------------------------------------------------------   294
HIVA1945X3  ------------------------------------------------------------------------   294
HIVA1961X1  ----------------------C-------------------------------------------------C  294
HIVA1962X1  ----------------------C-------------------------------------------------   321
HIVA1963X1  ----------------------C-------------------------------------------------   321
HIVA1964X1  ----------------------C-------------------------------------------------   321
HIVA1965X1  ----------------------C-------------------------------------------------   294
HIVA1966X1  ----------------------C-------------------------------------------------   294
HIVA2791X2  .....----------------C-------------------------------------------------   282
```

```
CON50A      ACCCCAGCTGGTTTTGCGATGCTAAAGTGTAATGATAAGCAGTTCAATGGAACAGGGCCATGTAAC  359
HIVMA236X   ----------------------------I-----------------------------------  360
HIVMA237X   ----------------------------A-----------------------------------  360
HIVMA238X   ----------------------------A-----------------------------------  360
HIVMA239X   ------------------------------------------------------------------  360
HIVMA791X   ------------------------------------------------------------------  360
HIVMA792X   ------------------------------------------------------------------  375
HIVMA793X   ------------------------------------------------------------------  360
HIVMA794X   ------------------------------------------------------------------  360
HIVMA795X   ------------------------------------------------------------------  369
HIVMA801X   ------------------------------------------------------------------  360
HIVMA802X   -----G----------A----------G-------------------------------------  348
HIVMA803X   ------------------------------------------------------------------  357
HIVA1226X1  -----G----------T----------A-----A--A--T-------------------------  372
HIVA1227X1  -----G----------T----------A-------------------------------------  387
HIVA1228X1  -----G----------T----------A----------T-------------------------  387
HIVA1229X1  -----G----------T----------A----------T-------------------------  399
HIVA1220X1  -----G----------T----------A----------T-------------------------  387
HIVA1241X3  -----G----------A----------G-------------------------------------  360
HIVA1242X3  ------------------------------------------------------------------  360
HIVA1243X3  ---------------------------G----------------------C--------------  360
HIVA1244X3  ------------------------------------A-----------------------------  360
HIVA1245X3  ------------------A----------A-----------------------------------  360
HIVA1246X3  ------------------------------------------------------------------  360
HIVA1247X3  ------------------------------------------------------------------  360
HIVA1248X3  ------------------------------------------------------C--------------  360
HIVA1771X3  ------------------------------------------------------------------  360
HIVA1772X3  ------------------------------------------------------------------  360
HIVA1773X3  ------------------------------------------------------------------  360
HIVA1774X3  ------------------------------------------------------------------  360
HIVA1775X3  ------------------------------------------------------------------  360
HIVA1776X3  ------------------------------------------------------------------  360
HIVA1777X3  -----G----------A----------G-------------------------------------  357
HIVA1778X3  ------------------------------------------------------------------  360
HIVA1779X3  ------------------------------------------------------------------  360
HIVA1781X1  ------------------------------------------------------------------  351
HIVA1782X1  -----G----------A----------A-------------------------------------  348
HIVA1783X1  ------------------------------------------------------------------  372
HIVA1784X1  ------------------------------------------------------------------  372
HIVA1785X1  ------------------------------------------------------------------  369
HIVA1941X3  ------------------------------------------------------------------  360
HIVA1943X3  ------------------------------------------------------------------  348
HIVA1944X3  ------------------------------------------------------------------  360
HIVA1945X3  ------------------------------------------------------------------T  360
HIVA1961X1  -----G----------T----------A-------------------------------------  360
HIVA1962X1  -----G----------T----------A----------T-------------------------  387
HIVA1963X1  -----G----------T----------A-------------------------------------  387
HIVA1964X1  -----G----------T----------A-------------------------------------  387
HIVA1965X1  -----G----------T----------A----------T-------------------------A  360
HIVA1956X1  -----G----------T----------A--------------------------AT-GGA     360
HIVA2791X2  -----G----------A----------A-------------------------------------  348
```

HIVMB293X

```
LOCUS       HIVMB293X     387 bp ss-RNA             VRL       30-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, sample MB293X, partial env
            cds, V1V2 region.
ACCESSION   L15098
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), sample MB293X.
REFERENCE   1  (bases 1 to 387)
  AUTHORS   Lamers,S.L., Sleasman,J.W., She,J.X., Barrie,K.A., Pomeroy,S.M.,
            Barrett,D.M. and Goodenow,M.M.
  TITLE     Independent variation and positive selection in env V1 and V2
            domains within maternal-infant strains of human immunodeficiency
            virus type 1 in vivo
  JOURNAL   J. Virol. 67, 3951-3960 (1993)
COMMENT     These sequences are from a mother-infant study which involved eight
            individuals in two families:  family "A", consisting of mother M-A,
            children A-1, A-2, A-3 and family "B" consisting of mother M-B
            children B-1, B-2, B-3.  Locus names containing a "M" indicate a
            maternal sequence. Locus names without "M" signify offspring.  Among
            the offspring, children are distinguished by the last character in
            the locus name - child 1, 2, or 3.  The other sequences from family
            "B" (accession numbers L15085-L15137), are shown in the alignment
            that follows.
BASE COUNT      141 a     59 c     75 g    112 t
ORIGIN      360 bp downstream from beginning of env cds
        1 aaattaaccc cactctgtgt tactttaaat tgcactaatg cgaatggtaa tgtcactgga
     env ->
       61 ggtattaatg tcactgaaga gatgagagga gaaataaaaa actgctcttt caacatcacc
      121 acaagcataa gagataaggt gaagaaagaa tatgcacttt tttatagact tgatatagta
      181 ccaatagagg ataatgagaa taatagtcat agtaagaata atgatagtgg tagctataga
      241 ttgataagtt gtaatacctc agtcattaca caggcttgtc caaaggtatc ctttgaacca
      301 attcctatac atttttgtac cccggctggt tttgcgattc taaagtgtaa tgaaaagaag
      361 ttcaatggat caggaccatg taacaat
                                  env ->
----
```

```
CON50B      AAATTAACCCCACTCTGTGTTACTTTAAATTGCACTAATGTGAATGGTACT?AGGTGAGGAATGATACTA     69
HIVMB291X   --------T-------------------------A------------A-...--C-CTGGA-G--T-.     66
HIVMB292X   --------T-------------------------A------------A-...--C-CTGGA-G--T-.     66
HIVMB293X   ---------------------------------------C--------A-...--C-CTGGA-G--T-.     66
HIVMB294X   ---------------------------------------C--------A-...--C-CTGGA-G--T-.     66
HIVMB295X   ----------------------------------T-GCG.....................T---AG----.     54
HIVMB432X   --------T-----------------------------------------A-...--C-CTGGA-G--T-.     66
HIVMB433X   -------------------------------------------------A-...--C-CTGGA-G-GT-.     66
HIVMB434X   -------------------------------------------------A-...--C-CTGGA-G-GT-.     66
HIVMB435X   ----------------------------------T-----------A-----C--TC--------------     70
HIVMB501X   ----------------------------------T-----------A-----C--TCA-------------     70
HIVMB502X   ----------------------------------T-----------A-----CG-TC--------------     70
HIVMB503X   ----------------------------------T-----------A-----C--TC--------------     70
HIVMB504X   ----------------------------------T-----------A-----C--TCA-------------     70
HIVMB505X   ----------------------------------T-----------A---A-C--TCA----------T--     70
HIVMB831X   ----------------------------------T-----CA---------C------------G-----     70
HIVMB832X   ----------------------------------T-----------A-----C--TCA-------------     70
HIVMB833X   ----------------------------------T-----------A-----C--TCA-------------     70
HIVMB834X   ----------------------------------T-------A---A-----C--TC--------------     70
HIVMB835X   ----------------------------------T-----------A-----C--TCA------------C     70
HIVMB836X   ----------------------------------T-----------A-----C--TC--------------     70
HIVB1421X1  ----------------------------------T-------A---------A--------G---------     70
HIVB1422X1  ----------------------C----------------C----------AC------C---AG-----     70
HIVB1423X1  ----------------------C----------------C----------AC------C---AG-----     70
HIVB1424X1  ----------------------C---------T-------C----------C---------C-A--G-C-     70
HIVB1425X1  ----------------------C---------T-------C----------A---------C-A--G-C-     70
HIVB1426X1  ----------------------C--G-------------C----------AC----------G-----     70
HIVB1427X1  -------A----------------C----------------C----------AC----------G----C     70
HIVB1428X1  -------A----------A----C---------------------------AC------C----------     70
HIVB1501X1  ----------------------C----------------C----------AT------C----G-----     70
HIVB1502X1  ----------------------C---------T---------A---------A--------G-----G---     70
HIVB1503X1  ----------------------C----------------C----------.................C     52
HIVB1821X1  ----------------------C---------------------------AC-----------------     70
HIVB1823X1  ----------------------C---------------------------AC-----------------     70
HIVB1824X1  ----------------------C---------------------------AC------C---A------     70
HIVB1825X1  ----------------------C----------------C----------AC----------G-----     70
HIVB1826X1  ----------------------C----------T-------------T---AAT-----A----------     70
HIVB1827X1  ----------------------C---------------------------AC------C----------     70
HIVB1828X1  ----------------------C----------------C----------AC----------G-----     70
HIVB1829X1  ----------------------C---------------------------.................-     52
HIVB1871X2  ----------------------------------T-----------A-----C--TC--------------     70
HIVB1872X2  ----------------------------------T-----------A-----C--TCA------A------     70
HIVB1873X2  ----------------------------------T-----------A-----C--TC------A-------     70
HIVB1874X2  ----------------------------------T-----------A-----C--TG------G-------     70
HIVB1875X2  ----------------------------------T-----------A-----C--TC--------------     70
HIVB2061X2  -------------------------------------------------A-...--C-CTGGA-G--T--     67
HIVB2063X2  ----------------------------------T-----------A-----C--TC------------A-     70
HIVB2064X2  ----------------------------------T-----------A-----C--TCA-------------     70
HIVB2065X2  ----------------------------------T-----------A-----C--TC--------------     70
HIVB2066X2  ----------------------------A---T-----------A-----C--TC--------------     70
HIVB2067X2  -----------G----------------------T-------A---A-----C--TC--------------     70
HIVB2511X3  ----------------------------------T-----------A-----C--TCA------------A-     70
HIVB2512X3  ----------------------------------T-----------A-----C--TCA------------A-     70
HIVB2513X3  ----------------------------------T-----------A-----C--CCA-----------CC     70
```

HIVMB293X

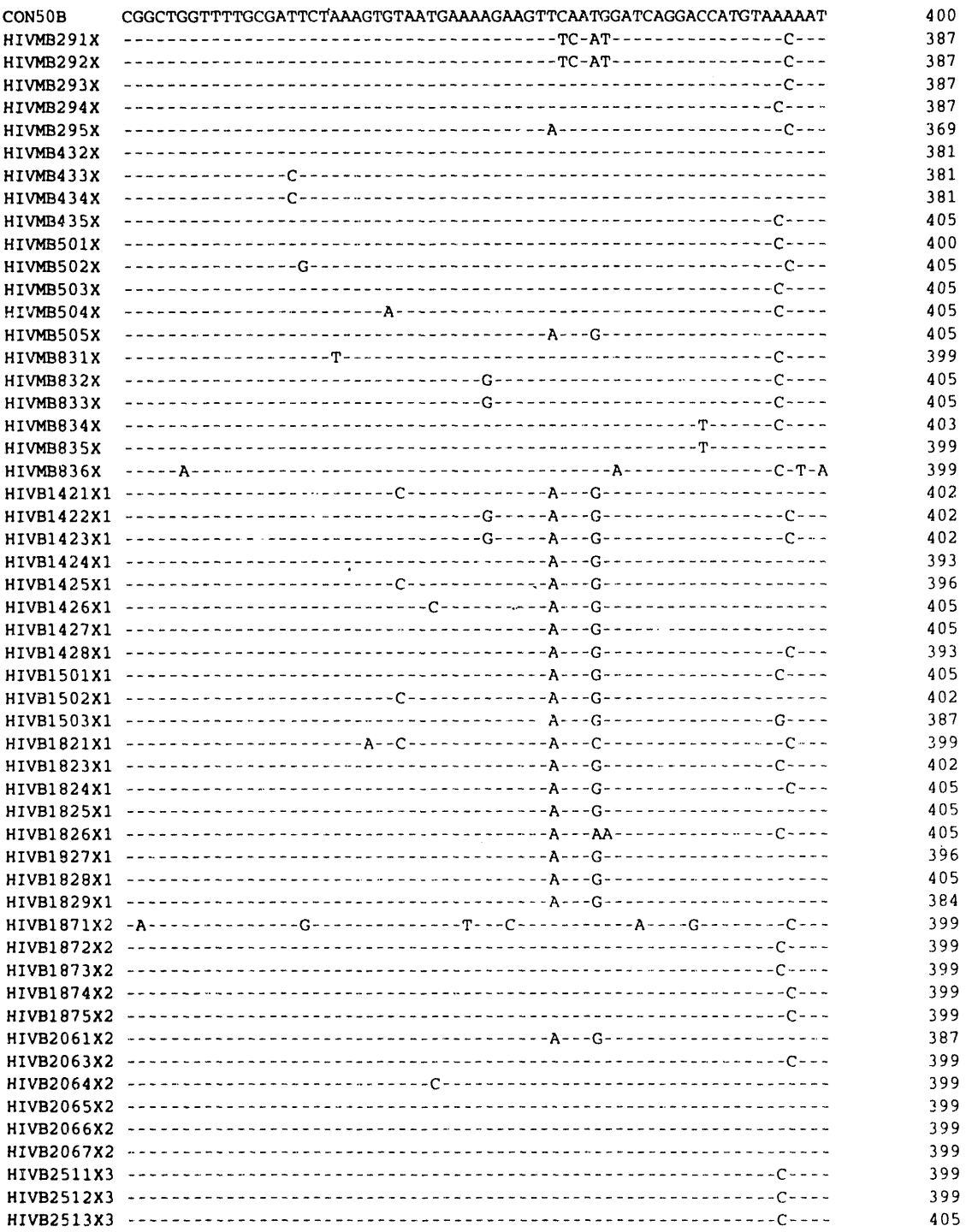
```
CON50B      ATGCCACTGAAGGTAATTGG?AAAAGATGGAGGAAGGAGAAATAAAAAAC....TGCTCTTTCAACATCA    134
HIVMB291X   ........A-T-TC-C-...G--G------...AG----------------....----------------    118
HIVMB292X   ........A-T-TC-C-...G--G------...AG----------------....----------------    118
HIVMB293X   ........A-T-TC-C-...G--G------...AG----------------....----------------    118
HIVMB294X   ........A-T-TC-C-...G--G------...AG----------------....----------------    118
HIVMB295X   ........A-T-TC-C-...G--G-T---...A-----------------....----------------    106
HIVMB432X   ........A-T-TC-C-...G--G------...AG----------------....----------------    118
HIVMB433X   ........A-T-TC-C-...G--G------...AG----------------....----------------    118
HIVMB434X   ........A-T-TC-C-...G--G------...AG----------------....----------------    118
HIVMB435X   --------------------AG-----------------------------....----------------    136
HIVMB501X   -G------------------A-----------A-----------------....-----------T--T-    136
HIVMB502X   ------A-------------A-------------------------G---....----------------    136
HIVMB503X   -A------------------A-----------------------------....----------------    136
HIVMB504X   -G---------AA--T----A-----------T-----------------....----------------    136
HIVMB505X   --------------------A-------------------------G---....----------------    136
HIVMB831X   -----------AA--C--C-A-----------------------------....----------------    136
HIVMB832X   --------------------AG----------------------------....----------------    136
HIVMB833X   --------------------AG----------------------------....----------------    136
HIVMB834X   -G------------------A-----------------AGG-G---T--AAAAC----------------    140
HIVMB835X   -----------A--T-----A-----------------------------....----------------    136
HIVMB836X   ------A----A--T-----A-------------------------G---....----------------    136
HIVB1421X1  -G--------TA--G--G--GG----------------------------....----------------    136
HIVB1422X1  C----------A--G--G--G-----------------------------....--------T-------    136
HIVB1423X1  C----------A--G--G--G-----------------------------....--------T-------    136
HIVB1424X1  C-......---A--...-T-GG----------------------------....--------T-------    127
HIVB1425X1  C-......---A---G--T-GG----------------------------....--------T-------    130
HIVB1426X1  -----------A--------GG----------------------------....----------------    136
HIVB1427X1  -----------A--------GG----------------------------....----------------    136
HIVB1428X1  C-------.........G--GG----------------------------....----------------    127
HIVB1501X1  C----------TA----A-T-G----------------------------....--------T-------    136
HIVB1502X1  -----------A--...A--GG----------------------------....----------------    133
HIVB1503X1  -----------A--G--G--GG---------A------------------....--------T-------    118
HIVB1821X1  --A--------A----A-T-G----------------------------....--------T-------    136
HIVB1823X1  --A--------A----A-T-GG---------------------------....----------------    136
HIVB1824X1  -----------A---T--T-G----------------------------...A--------T-------    136
HIVB1825X1  -----------A--------GG----------------------------....----------------    136
HIVB1826X1  -CA-------TA----A-T-G----------------------------....--------T-------    136
HIVB1827X1  C-------.........G--GG----------------------------....----------------    127
HIVB1828X1  -----------A--------GG----------------------------....----------------    136
HIVB1829X1  -----------A----AG--A-----------------------------....----------------    118
HIVB1871X2  --------------------AG----------------------------....----------------    136
HIVB1872X2  --------------------AG----------------------------....----------------    136
HIVB1873X2  --------------------AG----------------------------....----------------    136
HIVB1874X2  --------------------AG----------------------------....----------------    136
HIVB1875X2  --------------------AG----------------------------....----------------    136
HIVB2061X2  ---T-------.............G------...AG----------------....----------------    118
HIVB2063X2  --------------------AG----------------------------....----------------    136
HIVB2064X2  --------------------AG----------------------------....----------------    136
HIVB2065X2  --------------------AG----------------------------....----------------    136
HIVB2066X2  --------------------AG----------------------------....----------------    136
HIVB2067X2  --------------------AG----------A-----------------....----------------    136
HIVB2511X3  -G------------------A-----------A-----------------....-----------T--T-    136
HIVB2512X3  -G------------------A-----------A-----------------....-----------T--T-    136
HIVB2513X3  --------------T-----A-------TA--------------------....----------------    136
```

```
CON50B      CCACAAGCATAAGAGATAAGGTGAAGAAAGAATATGCACTTTTTTATAAACTTGATATAGTACCAATAGA   204
HIVMB291X   ------------------------------------------------------------------   188
HIVMB292X   ------------------------------------------------------------------   188
HIVMB293X   ----------------------------------------------G-------------------   188
HIVMB294X   ------CG--------------------------CG----------------A---------------   188
HIVMB295X   ------------------------------------------------------------GAT..   174
HIVMB432X   ------------------------------------------------------------------   188
HIVMB433X   ------------------------------------------------------------------   188
HIVMB434X   ------------------------------------------------------------------   188
HIVMB435X   ------------------------------------------------------------------   206
HIVMB501X   -------------------------AG--------------------G-------------------   206
HIVMB502X   ----------------------------------------------G-------------------   206
HIVMB503X   -------------------A--------------------------G-------------------   206
HIVMB504X   -------------------A--------------------------G-------------------   206
HIVMB505X   ------------------------------------------------------------------   206
HIVMB831X   ------T-----------------------------G----------G-------------------   206
HIVMB832X   ------------------------------------------------------------------   206
HIVMB833X   ------------------------------------------------------------------   206
HIVMB834X   -------------------------A--------------------G-------------------   210
HIVMB835X   -------------------------A--------------------G-------------------   206
HIVMB836X   ----------------------------------------------G-------------------   206
HIVB1421X1  ------------------------------------------C-------------------------   206
HIVB1422X1  ------------------G---A-------------------------------------------   206
HIVB1423X1  ------------------G---A-------------------------------------------   206
HIVB1424X1  ----------------------A-------------------------------------------   197
HIVB1425X1  ----------------------A-G-----------------------------------------   200
HIVB1426X1  ------------------------------------------------------------------   206
HIVB1427X1  ------------------------------------------------------------------   206
HIVB1428X1  ------------------------------------------C-------------------------   197
HIVB1501X1  --G--------------------A-------------------------------------------   206
HIVB1502X1  ------------------------------------------------------------------   203
HIVB1503X1  ----------------------A-------------------------------------------   188
HIVB1821X1  ----------------------A---------------------------------------A-------   206
HIVB1823X1  ------------------------------------------------------------------   206
HIVB1824X1  ----------------------A-------------------------------------------   206
HIVB1825X1  ------------------------------G-----------------------------------   206
HIVB1826X1  ----------------------A-------G-----------------------------------   206
HIVB1827X1  ------------------------------C------------C-------------------------   197
HIVB1828X1  ------------------------------------------------------------------   206
HIVB1829X1  ----------------------A-------------------------------------------   188
HIVB1871X2  ------------------------------------------------------------------   206
HIVB1872X2  ------------------------------------------------------------------   206
HIVB1873X2  ------------------------------------------------------------------   206
HIVB1874X2  ------------------------------------------------------------------   206
HIVB1875X2  ------------------------------------------------------------------   206
HIVB2061X2  ------------------------------------G----------G-------------------   188
HIVB2063X2  ------------------------------------------------------------------   206
HIVB2064X2  ------------------------------G-----------------------------------A-   206
HIVB2065X2  ------------------------------G------------------T-------------------   206
HIVB2066X2  ------------------------------------------------------------------A-   206
HIVB2067X2  --------A----------------------G-----------------------------------   206
HIVB2511X3  -------------------------A----------------------G-------------------   206
HIVB2512X3  -------------------------A----------------------G-------------------   206
HIVB2513X3  -------------------A--------------------------GG-------------------   206
```

```
CON50B      GGATAAT......GAGAATAATA?T?ATA?TAGGAATAATGATAGTGGTAGCTATAGATTGATAAATTGT    265
HIVMB291X   -------.....----------G-C---G-----------------------------------G----    252
HIVMB292X   -------.....----------G-C---G-----------------------------------G----    252
HIVMB293X   -------.....----------G-C---G--A--------------------------------G----    252
HIVMB294X   -------......A---------CGA---A--A-----------TGT-G-CG-----------------    252
HIVMB295X   ....---......A---------TCG---TG------------TGT-G-CG-----------------    234
HIVMB432X   A------.....A---------G-C--.......-G--G-----------------------T------    246
HIVMB433X   A------.....A---------G-C--.......-G--G-----------A------------T------    246
HIVMB434X   A------.....A---------G-C--.......-G--G-----------A------------T------    246
HIVMB435X   -------.....--AG------A-C-A-G-------------------------------------    270
HIVMB501X   ---AT-A......T-AG--T-ATAAT-G.....-------------------------------------    265
HIVMB502X   -------.....------T---A-T---G----------A---------A--------------G---    270
HIVMB503X   -------......A------G--A-T---G--T-------A----------A-----------------    270
HIVMB504X   -------......A------G--A-T---G--T-------A----------A-----------------    270
HIVMB505X   -------.....----------G-C---G-------------------------------------    270
HIVMB831X   -------.....---C-----.....-G---T-----G-----------------------------    264
HIVMB832X   -------.....----------A-C-A-G-------------------------------------    270
HIVMB833X   -------.....----------A-C-A-G-------------------------------------    270
HIVMB834X   -------.....----------.....-A-------------------------------------    268
HIVMB835X   -------.....----------.....-A-------------------------------------    264
HIVMB836X   -------.....----------.....-A-------------------------------------    264
HIVB1421X1  -------.....--A-------ACT---G---T----G-...-----AT----------C---G----    267
HIVB1422X1  -------.....--A-------A-C---TG-T-------...-TGT-G-A-------------G----    267
HIVB1423X1  -------.....--A-------A-C---TG-T-------...-TGT-G-A-------------G----    267
HIVB1424X1  -------.....--A-------G-C---G---T------...-------A-------------G----    258
HIVB1425X1  -------.....--A-------ACT---G---T----G-...-----AT----------C---G----    261
HIVB1426X1  -------.....----------G-C---G-----------------------------------G----    270
HIVB1427X1  -------.....----------G-C---G-----------------------------------G----    270
HIVB1428X1  -------.....----------A-C---G---T----G-AG-G--A-C...-------------G----    258
HIVB1501X1  -------.....--A--A----A-AG-CA---T-G----A------A--A-------------G----    270
HIVB1502X1  -------.....--A--A----A-A--CA---T-G----A-C----------------------G----    267
HIVB1503X1  -------.....--A--A----A-A--CA---T-G----A-------A--------------G----    252
HIVB1821X1  -------......A-A---C---G-AG--A--AT----G-.....----A-------------G----    264
HIVB1823X1  -------.....--A-------G-C---G---T------AG-G--A-C...-------------G----    267
HIVB1824X1  -------.....--A-------A-C---G---T-G----A-------------------------G----    270
HIVB1825X1  -------.....----------G-C---G-----------------------------------G----    270
HIVB1826X1  -------.....--A---C---A-C---A---T-G----A-----A------------------G----    270
HIVB1827X1  -------.....--A-------A-C---G---T------A-----------------------G----    261
HIVB1828X1  -------.....----------G-C---G-----------------------------------G----    270
HIVB1829X1  -------.....----------G-...-G--AT------A------------------A----G----    249
HIVB1871X2  -------.....-----C----G-.....-------------------------------------    264
HIVB1872X2  -------.....-----C----G-.....-------------------------------------    264
HIVB1873X2  -------.....-----C----TG.....-----------------CG-----------------    264
HIVB1874X2  -------.....-----C----G-.....-------------------------------------    264
HIVB1875X2  -------.....-----C----G-.....-------------------------------------    264
HIVB2061X2  -------AGAATAATAGTC----A-.....-A-----------------------------------    252
HIVB2063X2  -A-----.....A----C----G-.....-AA------A---------------------------    264
HIVB2064X2  AA-----.....A----C----G-.....-AA------A---------------------------    264
HIVB2065X2  -------.....A----A----G-.....---------A---------------------------    264
HIVB2066X2  AA-----.....A----C----G-.....-AT------A---A------A----------------    264
HIVB2067X2  -------.....A----C----T-.....-----------------A----------------    264
HIVB2511X3  -------.....A---------A-.....-------------------------------------    264
HIVB2512X3  -------.....A---------A-.....-------------------------------------    264
HIVB2513X3  -------.....----G--G--A-T---G--T-------A----------A-------------G---    270
```

```
CON50B      AATACCTCAGTCATTACACAGGCTTGTCCAAAGGTATCCTTTGAACCAATTCCCATACATTTTTGTACCC  335
HIVMB291X   ------------------------------------------------------------------------  322
HIVMB292X   ------------------------------------------------------------------------  322
HIVMB293X   ----------------------------------------------------T-------------------  322
HIVMB294X   ------------------------------------------------------------------------  322
HIVMB295X   ------------------------------------------------------------------------  304
HIVMB432X   ------------------------------------------------------------------------  316
HIVMB433X   --------------------A---G---------------------------------------------  316
HIVMB434X   --------------------A---G---------------------------------------------  316
HIVMB435X   ----------------------------------C--A----------------------------------  340
HIVMB501X   ------------------------------------------------------------------------  335
HIVMB502X   ------------------------------------------------------------------------  340
HIVMB503X   ------------------------------------------------------------------------  340
HIVMB504X   ------------------------------------------------------------------G---  340
HIVMB505X   ------------------------------------------------------------------------  340
HIVMB831X   ----------------------------------C--A-----G-------------------------  334
HIVMB832X   -C--------------------------------------------G-------------------------  340
HIVMB833X   -C--------------------------------------------G-------------------------  340
HIVMB834X   ----------------------------------C--A-----G-------------------------  338
HIVMB835X   ------------------------------------------------------------------------  334
HIVMB836X   ------------------------------------------------------------------------  334
HIVB1421X1  ------------------------------------------------------------------------  337
HIVB1422X1  ------------------------------------------------------------------------  337
HIVB1423X1  ------------------------------------------------------------------------  337
HIVB1424X1  ------------------------------------------------------------------------  328
HIVB1425X1  ------------------------------------------------------------------------  331
HIVB1426X1  ------------------------------------------------------------------------  340
HIVB1427X1  ------------------------------------------------------------------------  340
HIVB1428X1  ------------------------------------------------------------------------  328
HIVB1501X1  ------------------------------------------------------------------------  340
HIVB1502X1  ------------------------------------------------------------------------  337
HIVB1503X1  ------------------------------------------------------------------------  322
HIVB1821X1  ------------------------------------------------------------------------  334
HIVB1823X1  ------------------------------------------------------------------------  337
HIVB1824X1  ------------------------------------------------------------------T---  340
HIVB1825X1  ------------------------------------------------------------------------  340
HIVB1826X1  --------------------------------A---------------------------------------  340
HIVB1827X1  ------------------------------------------------------------------------  331
HIVB1828X1  ------------------------------------------------------------------------  340
HIVB1829X1  ------------------------------------------------------------------------  319
HIVB1871X2  ----------------C-------------------------G---------------A--------  334
HIVB1872X2  ----------------C-------------------------------------------------------  334
HIVB1873X2  ----------------C-------------------------------------------------------  334
HIVB1874X2  ----------------C-------------------------------------------------------  334
HIVB1875X2  ----------------C-------------------------------------------------------  334
HIVB2061X2  ------------------------------------------------------------------------  322
HIVB2063X2  ----------------C------C------------------------------------------------  334
HIVB2064X2  ----------------C-------------------------------------------------------  334
HIVB2065X2  ----------------C-------------------------------------------------------  334
HIVB2066X2  ----------------C-------------------------------------------------------  334
HIVB2067X2  ----------------C-------------------------------------------------------  334
HIVB2511X3  ------------------------------------------------------------------------  334
HIVB2512X3  ------------------------------------------------------------------------  334
HIVB2513X3  ----------------------------------------A---------------------------------  340
```

HIVMB293X


CON50B CGGCTGGTTTTGCGATTCTAAAGTGTAATGAAAAGAAGTTCAATGGATCAGGACCATGTAAAAAT 400
HIVMB291X ---TC-AT----------C--- 387
HIVMB292X ---TC-AT----------C--- 387
HIVMB293X --C--- 387
HIVMB294X --C---- 387
HIVMB295X ---------------------------------------A--------------------C--- 369
HIVMB432X -- 381
HIVMB433X ---------------C--- 381
HIVMB434X ---------------C--- 381
HIVMB435X --C---- 405
HIVMB501X --C---- 400
HIVMB502X ----------------G--C--- 405
HIVMB503X --C---- 405
HIVMB504X ------------------------A---------------------------------C---- 405
HIVMB505X ---------------------------------------A---G-------------------- 405
HIVMB831X -------------------T---------------------------------------C---- 399
HIVMB832X ---------------------------------G-------------------------C---- 405
HIVMB833X ---------------------------------G-------------------------C---- 405
HIVMB834X --T------C---- 403
HIVMB835X --T---------- 399
HIVMB836X -----A-------------------------------------A--------------C-T-A 399
HIVB1421X1 -------------------------C-------------A---G---------------------- 402
HIVB1422X1 ----------------------------------G-----A---G-----------------C--- 402
HIVB1423X1 ----------------------------------G-----A---G-----------------C--- 402
HIVB1424X1 --A---G---------------------- 393
HIVB1425X1 ------------------------C-------------A---G---------------------- 396
HIVB1426X1 ----------------------------C---------A---G---------------------- 405
HIVB1427X1 ---------------------------------------A---G---------------------- 405
HIVB1428X1 ---------------------------------------A---G-----------------C--- 393
HIVB1501X1 ---------------------------------------A---G-----------------C---- 405
HIVB1502X1 ------------------------C-------------A---G---------------------- 402
HIVB1503X1 ---------------------------------------A---G-----------------G---- 387
HIVB1821X1 ----------------------A--C-------------A---C-----------------C--- 399
HIVB1823X1 ---------------------------------------A---G-----------------C---- 402
HIVB1824X1 ---------------------------------------A---G-----------------C--- 405
HIVB1825X1 ---------------------------------------A---G---------------------- 405
HIVB1826X1 ---------------------------------------A---AA----------------C---- 405
HIVB1827X1 ---------------------------------------A---G---------------------- 396
HIVB1828X1 ---------------------------------------A---G---------------------- 405
HIVB1829X1 ---------------------------------------A---G---------------------- 384
HIVB1871X2 -A--------------G--------------T---C-----------A----G---------C--- 399
HIVB1872X2 --C---- 399
HIVB1873X2 --C---- 399
HIVB1874X2 --C--- 399
HIVB1875X2 --C--- 399
HIVB2061X2 ---------------------------------------A---G---------------------- 387
HIVB2063X2 --C--- 399
HIVB2064X2 ----------------------------C-------------------------------- 399
HIVB2065X2 -- 399
HIVB2066X2 -- 399
HIVB2067X2 -- 399
HIVB2511X3 --C---- 399
HIVB2512X3 --C---- 399
HIVB2513X3 --C---- 405

HIV2/SIV LTR

Splice sites have been determined for SIV only. Currently, two sequence subtypes can be recognized among the HIV-2 sequences, A and B. Subtype A sequences are prototypical HIV2s; UC1 and D205 are representative of subtype B sequences. Further classification is anticipated. HIV-2 and related SIV LTRs differ from other HIV and SIV LTRs in so far as they include a duplicated tar element that has significant sequence similarity with an Ig varH chain cds.

```
          nef cds ->
CONSENSUS          TGgAaGGgaTtTatTAcAgTgagagaAGACatAgAaTctTagacataTactTaGAaAAggaagaagg?at     69
HIV2ROD            --G-A--GA-G-TT--C-G-GAAAGA----AT-A-A-CT-AAATATA-ACT-A--A--GGAAGAAGGGAT     70
HIV2NIHZ           --G-A--GC-G-TT--T-G-CAGAGA----AT-G-A-CT-AGACTTA-ACT-A--C--G...........     59
HIV2ISY            --G-A--GA-G-AT--C-G-GAGAGA----AT-G-A-CC-AGACATA-ACT-A--A--GGAAGAAGGGAT     70
HIV2ST             --G-A--GC-G-AT--C-G-GATAGG----GT-G-G-CC-AGACATA-ACT-A--A--GGAAGAGGGAAT     70
HIV2BEN            --C-A--GA-G-TT--C-G-AGGAGG----AT-G-A-CC-AGACATA-ACC-A--A--AGAGGAAGGGAT     70
HIV2CAM2 5' LTR    --G-A--GC-G-TT--C-G-GAAAGA----AT-G-A-CC-GGATATA-ACT-A--A--AGAAGAAGGGAT     70
HIV2D194           --G-A--GA-A-TT--C-G-AGGGAG----AT-G-A-CC-AGACTTG-TCC-A--A--GGAGGAAGGGAT     70
HIV2GH1 3'         --G-T--GA-G-TT--C-G-AGGGAT----AT-G-A-CC-AGACTTG-ACC-A--A--GGAGGAAGGGAT     70
HIV2D205           --G-A--GA-G-AT--T-G-GAGAGA----AC-G-A-AT-AGACACA-ATT-T--G--TGAAGAAGGCAT     70
HIV2UC1            --G-A--GA-T-AC--T-G-GAGAGA----AT-G-A-AC-AGACACA-ATC-A--G--TGAGGAAGGCAT     70
SIVMM251 5'        --G-A--GA-T-AT--C-G-GCAAGA----AT-G-A-CT-AGACATG-ACT-A--A--GGAAGAAGGCAT     70
SIVMM1A11 5'       --G-A--GA-T-AT--T-G-GCAAGA----AT-G-A-CT-AGACATA-ACT-A--A--GGAAGAAGGCAT     70
SIVMM32H 5'        --G-A--GA-T-AT--C-G-GCAAGA----AT-G-A-CT-AGACATG-ACT-A--A--GGAGGAAGGCAT     70
SIVMM142           --G-A--GA-T-AT--C-G-GCAAGA----AT-G-A-CT-AGACATA-ACT-A--A--GGAAGAAGGCAT     70
SIVMM239           --G-A--GA-T-AT--C-G-GCAAGA----AT-G-A-CT-AGACATA-ACT-A--A--GGAAGAAGGCAT     70
SIVMNE             --G-A--GA-T-AT--C-G-GAAAGA----AT-A-A-CT-AGACATG-ACT-A--A--GGAAGAAGGCAT     70
SIVSMMH4 5'LTR     --G-A--GA-T-AT--C-A-GAGAGA----AT-G-A-AT-AGATATG-ACT-G--A--GGAAGAAGGAAT     70
SIVSMMPBJ          --G-A--GA-T-AT--C-G-GATAGA----AT-A-A-AT-AGATCTG-ACT-A--A--GGAAGAAGGAAT     70
SIVSTAK1           --G-A--.A-T-AT--C-G-GAGAGA----AT-G-A-AT-GGGTATG-ACT-A--A--AGAAGAAGGGAT     69
SIVSTM             --G-A--GA-T-AT--C-G-GAGAGA----AT-G-A-AT-GGACATG-ACT-A--A--AGAAGAAGGGAT     70

CONSENSUS          aataccagattggcagaattaca?ctca?gggccaggaataagatacccaaag??ctttgg?tggctatg    134
HIV2ROD            AATTGCAGATTGGCAGAACTACA.CTCATGGGCCAGGAGTAAGATACCCAATGTTCTTTGGGTGGCTATG    139
HIV2NIHZ           ..........................................................................     59
HIV2ISY            AATTCCAGATTGGCAGAACTATA.CTCATGGGCTAGGAGTAAGGTACCCAATGTTCTTTGGGTGGCTATG    139
HIV2ST             AATTGGAGACTGGCAGAACTATA.CTCATGGACCAGGAGTAAGGTATCCAAAGTTCTTTGGGTGGTTATG    139
HIV2BEN            AATACCAGATTGGCAGAATTATA.CTCATGGGCCAGGAGTAAGGTACCCAATGTACTTCGGGTGGCTGTG    139
HIV2CAM2 5' LTR    AATTGCAGATTGGCAGAACTATA.CTAGTGGGCCAGGAGTAAGATACCCAATGTTCTTTGGGTGGCTATG    139
HIV2D194           AATACCAGATTGGCAGAATTATA.CTCATGGGCCAGGAACAAGGTACCCAATGTACTTCGGGTGGCTGTG    139
HIV2GH1 3'         AATACCAGATTGGCAGAATTATA.CTCATGGGCCAGGAGTAAGGTACCCAATGTGTTTCGGGTGGCTATG    139
HIV2D205           TCTGTCTGGCTGGCAAAACTATA.CTCATGGGCCAGGGATAAGGCATCCCAAATACTTTGGTTGGCTGTG    139
HIV2UC1            TGTATCTGGATGGCAAAACTATA.CATATGGGCCAGGGATAAGGTATCCAAGGACCTTTGGGTGGCTGTG    139
SIVMM251 5'        CATACCAGATTGGCAGGATTACACCTCA.GGACCAGGAATTAGATACCCAAAGACATTTGGCTGGCTATG    139
SIVMM1A11 5'       CATACCAGATTGGCAGGATTACACCTCA.GGACCAGGAATTAGATACCCAAAGACATTTGGCTGGCTATG    139
SIVMM32H 5'        CATACCAGATTGGCAGGATTACACCTCA.GGACCAGGAATTAGATACCCAAAGACATTTGGCTGGCTATG    139
SIVMM142           CATACCAGATTGGCAGA..TACA.CTCC.GGACCAGGAATTAGATACCTAAAGATGTTTGGCTGGCTATG    136
SIVMM239           CATACCAGATTGGCAGGATTACACCTCA.GGACCAGGAATTAGATACCCAAAGACATTTGGCTGGCTATG    139
SIVMNE             CATGCCAGATTGGCAGAATTACACCTCG.GGACCAGGACCTAGATACCCAAAGACATTTGGCTGGCTATG    139
SIVSMMH4 5'LTR     AATACCAGATTGGCAAAATTACACATCA.GGGCCAGGAATTAGATACCCTATGCACTATGGGTGGCTCTG    139
SIVSMMPBJ          AATACCAGATTGGCAAAATTACACAGCA.GGGCCAGGAATCAGATACCCTATGTTCTTTGGATGGCTCTG    139
SIVSTAK1           AGTTCCAGATTGGCAGAATTACACAGCA.GGACCAGGGGTAAGATATCCAAAGCATTTTGGATGGCTATG    138
SIVSTM             AGTTCCAGATTGGCAGAATTACACAGCA.GGACCAGGGATAAGATACCCAAAGCAGTTTGGATGGCTATG    139
```

HIV2/SIV LTR

```
CONSENSUS          gaaactagtaccagtagatgt?tcagatgaggca???cagga?gatgag???????????ac?cattgc   186
HIV2ROD            GAAGCTAGTACCAGTAGATGTCCCACAAGAAGGG...GAGGACACTGAG.....ACTCACTGC   194
HIV2NIHZ           ..........................................................          59
HIV2ISY            GAAGCTAGTACCAGTAACTGTCCCACAAGAAGGG...GAGGACACTGAG.....ACTCTCTGC   194
HIV2ST             GAAGCTAGTACCAGTAGATGTCCCACAAGAGGGA...GATGACAGTGAG.....ACTCACTGC   194
HIV2BEN            GAAGCTAGTATCAGTAGAACTCTCACAAGAGGCA...GAGGAAGATGAG.....GCCAACTGC   194
HIV2CAM2 5' LTR    GAAGCTAGTACCAGTAGATACCTCACAAGAGGGA...GAGGACACTGAGACTGACACTGAGACTCACTGC   206
HIV2D194           GAAACTAGTACCAGTAGACATCTCACAAGAGGCA...GAGGAAGTAGAG.....ACCAACTGC   194
HIV2GH1 3'         GAAGCTAGTACCAGTAGATGTCTCACAAGAGGCA...GAGGACGATGAG.....ACCAACTAC   194
HIV2D205           GAAGCTGGTACCAGTAGAGGTGCCAGCAGCGACCCGAGAGGAGGAGGAA.....ACCCATTGC   197
HIV2UC1            GAAGCTAGTGCCAGTAGATATACCAGAGGAGGAA...AGGGGAGCGGAA.....ACCAGTTGT   194
SIVMM251 5'        GAAATTAGTCCCTGTAAATGTATCAGATGAGGCA...CAGGAGGATGAG.....AGGCATTAT   194
SIVMM1A11 5'       GAAATTAGTCCCTGTAAATGTATCAGATGAGGCA...CAGGAGGATGAG.....GAGCATTAT   194
SIVMM32H 5'        GAAATTAGTCCCCGTAAATGTATCAGATGAGGCA...CAGGAGGATGAG.....AGGCATTAT   194
SIVMM142           GAAATTAATCCCTGTAAATGTATCAGATGAGGCA...CAGGAGGATGAG.....GAGCATTAT   191
SIVMM239           GAAATTAGTCCCTGTAAATGTATCAGATGAGGCA...CAGGAGGATGAG.....GAGCATTAT   194
SIVMNE             GAAATTAGTCCCTGTAAATGTATCAGATGAGGCA...CAGGAGGGTGAG.....GAGAATTAT   194
SIVSMMH4 5'LTR     GAAATTAGTCCCAGTAGATGTCTCAGATGAAGCT...CAGGAAGACGAG.....ACACATTGC   194
SIVSMMPBJ          GAAATTAGTCCCGGTAAATGTCTCAGATGAAGCT...CAGGAAGACGAG.....ACACATTAC   194
SIVSTAK1           GAAACTAGTACCAGTAGATGTGTCAAATGAGGCA...CAGGAGGATGAG.....ACACATTGT   193
SIVSTM             GAAACTAGTACCAGTAGATATGTCAAATGAGGCA...CAGGAGGATGAT.....GGGACACATTAT   197

CONSENSUS          tta?tgca?ccagcacaaac?t?c?agtgggatgaccc???tggggaga??tactagt?tggaagtttga   245
HIV2ROD            TTAGTACATCCAGCACAAACAAGCAAGTTTGATGACCCGCATGGGGAGA..CACTAGTCTGGGAGTTTGA   262
HIV2NIHZ           ..........................................................          59
HIV2ISY            TTAATGCACTCAGCACAAGTAAGCAGATTTGATGACCCGCATGGGGAGA..CACTAGTCTGGAAGTTTGA   262
HIV2ST             TTAGTGCATCCAGCACAAACAAGCAGGTTTGATGACCCGCATGGAGAAA..CATTAGTTTGGAGGTTTGA   262
HIV2BEN            TTAGTACACCCAGCACAAACAAGCAGACATGATGATGAGCATGGGGAGA..CATTAGTGTGGCAGTTTGA   262
HIV2CAM2 5' LTR    TTATTACACCCAGCACAAACAAGCAGGCATGATGACATGCATGGGGAGA..CACTGGTCTGGAAGTTTGA   274
HIV2D194           TTAGTACACCCAGCACAAACAAGCAGATATGATGACGAGCATGGGGAGA..CACTAGTTTGGCGGTTTGA   262
HIV2GH1 3'         TTAACACACCCAGCACAAACAAGCAGACATGATGACGAGCATGGAGAAA..CACTACTTTGGCGGTTTGA   262
HIV2D205           CTAATGCACCCGGCACAGATCTCCTCATGGGATGACATCCATGGGGAGA..CTCTTATCTGGCAGTTTGA   265
HIV2UC1            CTGGTGCACCCAGCACAGATCTCTTCATGGGATGACATCCACGGGGAGA..CCCTTGCCTGGCGGTTTGA   262
SIVMM251 5'        TTAATGCAGCCAGCTCAAACTTCCAAGTGGGATGACCCT..TGGGGAGAGGTTCTAGCGTGGAAGTTTGA   262
SIVMM1A11 5'       TTAATGCATCCAGCTCAAACTTCCCAGTGGGATGACCCT..TGGGGAGAGGTTCCAGCATGGAAGTTTGA   262
SIVMM32H 5'        TTAATGCAGCCAGCTCAAACTTCCAAGTGGGATGACCCT..TGGGGAGAGGTTCTAGCATGGAAGTTTGA   262
SIVMM142           TTAGTGCACCCAGCTCAAACTTCCCAGTGGGATGACCCT..TGGGGAGAGGTTCTAGCATGGAAGTTTGA   259
SIVMM239           TTAATGCATCCAGCTCAAACTTCCCAGTGGGATGACCCT..TGGGGAGAGGTTCTAGCATGGAAGTTTGA   262
SIVMNE             TTACTGCATCCAGCTCAAACTTCCCAGTGGGATGACCCT..TGGGGAGAGGTTCTAGTATGGAAGTTTGA   262
SIVSMMH4 5'LTR     CTGGTGCATCCGGCACAGACTTATCAGTGGGATGACCCC..TGGGGAGAGGTACTGGCATGGAAGTTTGA   262
SIVSMMPBJ          TTGATGCATCCAGCACAAACTTCTCAGTGGGATGACCCC..TGGGGAGAGGTACTGGCATGGAAGTTTGA   262
SIVSTAK1           CTGGTGCATCCAGCACAGGAATATCAGTGGGATGACCCT..TGGGGAGAAGTACTGGCTTGGAAATTTGA   261
SIVSTM             CTGGTGCATCCAGCACAGACACATCAGTGGGATGACCCT..TGGGGAGAAGTACTGGTTTGGAAATTTGA   265
```

```
CONSENSUS          tccaa??ctggcctata?ttatgaggC?TttattagatacCCAGAaGAgTTtGGg?acaAgTCAGGccTg   310
HIV2ROD            TCCCTTGCTGGCTTATAGTTACGAGG-T-TTATTCGGTAC-----G--A--T--GCACA-G-----CC-G   332
HIV2NIHZ           ........................G-T-TTACTCTGTAC-----G--A--T--GCATA-T-----AC-G   104
HIV2ISY            CCCCATGCTGGCTCATGAGTACACGA-C-TTATTCTATAC-----G--A--T--GCACA-C ----AA-G   332
HIV2ST             CCCCACGCTAGCTTTTAGCTACGAGG-C-TTATTCGATAC-----G--G--T--GTACA-G-----CC-G   332
HIV2BEN            CTCCATGCTGGCCTATAACTACAAGG-C-TCACTCTGTAC-----A--G--T--GCACA-G-----AT-G   332
HIV2CAM2 5' LTR    CTCCATGCTGGCCCTTAAGTATGAGG-C-TTACTCGATAC-----A--A--T--GCACA-G-----CC-A   344
HIV2D194           CCCCATGCTGGCCTATAGTTACAAGG-C-TCATTCTGCAC-----A--A--T--GCACA-G-----AT-G   332
HIV2GH1 3'         CCCCACGCTGGCCTATGATTACAAGG-T-TCATTCTGCAT-----A--G--T--GCACA-G-----AT-G   332
HIV2D205           TTCCCTCCTGGCATATGATTATGTGG-T-TCAATAGGTTT-----A--G--C--GTACC-G-----GC-A   335
HIV2UC1            CCCCCTCCTGGCACATGACTATGTAG-C-TCAACAGGTAC-----A--G--T--GTATC-G-----AT-A   332
SIVMM251 5'        TCCAACTCTAGCCTACACTTATGAGG-A-ATGCTAGATAC-----A--G--.--AAGCA-G-----CC-G   331
SIVMM1A11 5'       CCCAACTCTGGCCTACACTTATGAGG-A-ATGTTAGATAC-----A--G--T--AAGCA-G-----CC-G   332
SIVMM32H 5'        TCCAACTCTAGCCTACACTTATGAGG-A-ATGTTAGATAC-----A--G--T--AAGCA-G-----CC-G   332
SIVMM142           TCCAACTCTAGCCTACACTTATGAGG-A-ATATTAGATAC-----A--G--T--AAGCA-G-----CC-G   329
SIVMM239           TCCAACTCTGGCCTACACTTATGAGG-A-ATGTTAGATAC-----A--G--T--AAGCA-G-----CC-G   332
SIVMNE             TCCAACTCTAGCCTACACTTATGAGG-A-ATATTAGATAC-----A--G--T--AAGCA-G-----CC-G   332
SIVSMMH4 5'LTR     TCCAGAATTAGCTTATAGCTATAAGG-A-TTATTAAGTAC-----A--G--T--TAGTA-G-----CT-G   332
SIVSMMPBJ          TCCAAAGTTAGCTTATAACTATAAGG-A-TTGTTGAGCAC-----A--G--T--TAGTC-G-----CT-G   332
SIVSTAK1           TCCAAAACTAGCCTATACTTATGAGG-C-TTGTTAGATAT-----A--G--T--TTCTA-G-----CT-G   331
SIVSTM             TCCACTATTAGCCCATACTTATGAGG-C-TTGTTAGACAC-----A--G--T--TTCTA-G-----CT-G   335

                                                  <- nef cds
CONSENSUS          ccAgAggAaGAg??gaag??aAg?CTaa??GCAAgaGG????CC?tt?????????????????????   345
HIV2ROD            CC-G-GG-A--GTGGAAGGCG-GA--GAAA----GA--AATA--ATT....TAGTTAAA.GACAGGAACA   397
HIV2NIHZ           CC-G-GA-A--GTGGAAGGCG-GA--GAAA----GG--AATA--ATT....TAGTTAAA.AACAGGAACA   169
HIV2ISY            GA-G-AG-T--CTGGAAGGCA-AA--GAAA----GA--GATA--ATT....TAGTTAAA.AACAGGAACA   397
HIV2ST             CC-G-GG-T--ATGGAAGGCA-GA--GAAA----GA--GATA--GTT....TAGCTAAA.AACAGGAACA   397
HIV2BEN            CC-G-GA-A--ATGGAAGGCA-AA--GAAA----GA--GATA--ATA....TAGTGAAT.AACAGGAACA   397
HIV2CAM2 5' LTR    CC-G-AG-T--GTGGAAGGCG-AA--GAAA----GA--GATA--ATT....TAGTTAAG.GGCAGGAACA   409
HIV2D194           CC-G-GA-A--GTGGAAGGCA-AA--GAAA----GA--GATA--ATA....TAGTGAAT.AACAGGAACA   397
HIV2GH1 3'         CC-G-GA-A--GTGGAAGGCA-AA--GAAA----GA--GATA--ATA....TAGTTAAC.AACAGGAACA   397
HIV2D205           CC-G-GG-G--GTGGAAGGCT-GA--AAAA----GA--GATA--TACAGATTAGGCAAGAGACAGCAGCA   405
HIV2UC1            CC-G-GA-G--GTGAAAGGCT-GA--AAAA----GA--GATA--TACAGACTAGGCAAGAGACAGCAGCA   402
SIVMM251 5'        TC-G-GG-A--GGTTAGAAGA-GG--AACC----GA--.....TT.....................   373
SIVMM1A11 5'       TC-G-GG-A--GGTTAGAAGA-GG--AACC----GA--.....TT.....................   374
SIVMM32H 5'        CC-G-GG-A--GGTTAGAAGA-GG--AACC----GA--.....TT.....................   374
SIVMM142           TC-G-GA-A--GGTTAAAAGA-GG--AGCC----GA--.....TT.....................   371
SIVMM239           TC-G-GG-A--GGTTAGAAGA-GG--AACC----GA--.....TT.....................   374
SIVMNE             TC-G-GG-A--GGTTAGAAGA-GG--AACC----GA--.....TC.....................   374
SIVSMMH4 5'LTR     TC-G-GG-A--GGTAAAGAGA-GG--AACC----GA--.....TT.....................   374
SIVSMMPBJ          TC-A-GG-A--GGTGCAGAGA-GG--AACC----GA--.....TT.....................   374
SIVSTAK1           TC-G-GG-A--GGTTAAGAGA-GG--AACC----AA--.....TT.....................   373
SIVSTM             CC-A-GG-A--GGTTGAGAGA-GG--AACC----GA--.....TT.....................   377
```

HIV2/SIV LTR

```
                                                                                                                enhancer
CONSENSUS          ??????????????????ctgaaaaTggctgacaagaaggaaac?aGctgagac?GCAGGGACTTTCCA?A     395
HIV2ROD            GCTATACTTGGTCAGGGCAGGAAG-AACT......AACAGAAACA-CTGAGACT--------------G-     461
HIV2NIHZ           GCTATACTTGGTCAGGGCAGGAAG-AGCTACTGA......GAACA-CTGAGACT--------------G-     233
HIV2ISY            ACCATACTTGGTCAGGACAGGAAG-AGCTACTGA......AAACA-CTGAGACT--------------G-     461
HIV2ST             GCTATACTTGGTCAGGGCAGGAAG-AACTAACAGA.....AAACA-CTGAGACT--------------G-     462
HIV2BEN            ACCATACTTGGTCAAGGCAGGAAG-AGCTACTAAG.....AAACA-CTGAGGCT--------------G-     462
HIV2CAM2 5' LTR    ACCATACATGGCCAGGGCAGGAAG-AGCTACTGA......AAACA-CTGAGACT--------------G-     473
HIV2D194           ACCATACTTGGTCAGGGCAGGAAA-AGCTACTAAG.....AA.CA-CTGAGACT--------------G-     461
HIV2GH1 3'         GCCATACTTGGTCAAGGCAGGAAG-AGCTACTGAGAACAGCTGAG-CTGCAGCT--------------G-     467
HIV2D205           ..TAAACAGGAACTA.GCTGACAC-GCA...CAAGAAGGAAACTA-CAGACACT---------------A-     469
HIV2UC1            ..TAAACAGGAACTA.GCTGACAC-GCA...CAAGAGGGAAACTA-CTGACACC--------------A-     466
SIVMM251 5'        ................CTTAACA-GGCTGACAAGAGGGAAACTC-CTGAGATA---------------C-     426
SIVMM1A11 5'       ................CTTAACA-GGCTGACAAGAAGGAAACTA-ATGAGACA---------------C-     427
SIVMM32H 5'        ................CTTAACA-GGCTGACAAGAAGGAAACTC-CTGAGACA---------------C-     427
SIVMM142           ................CTTGAAA-GGCTGACAGGAAGGAAACTA-CTGACACA---------------C-     424
SIVMM239           ................CTTAACA-GGCTGACAAGAAGGAAACTC-CTGAAACA---------------C-     427
SIVMNE             ................TTAAAAA-GGCTGACAAGAGGGAAACTA-CTGAGACA---------------T-     427
SIVSMMH4 5'LTR     ................TTAAAA-GGCTGACAAGAAGGAAACAA-CTGAGACA---------------C-     426
SIVSMMPBJ          ................TTAAAAA-GGCTGACAAGAAGAAAACAA-CTAAGACA---------------C-     427
SIVSTAK1           ................CTAAAGA-GGCTGACAAGAGGGAAACAA-CTGAGACG---------------C-     426
SIVSTM             ................CTAAAGA-GGCTGACAAGAAGGAAACAA-CTGAGACA---------------C-     430

                                                 enhancer    Sp-1          Sp-1          Sp-1
CONSENSUS          A????????????????????????GgGGcTGTaac??gGgG?agg?aca?gggAGGagctGGtggggaac     437
HIV2ROD            -.....................-G--C---AACCAA-G-.AGGGACATGGG---AGCT--TGGGGAAC     507
HIV2NIHZ           -.....................-G--C---AACCAG-A-.AGGGACATGGG---AGCT--TGGGGAAC     279
HIV2ISY            -.....................-G--C---AACCAG-G-.AGGGACATGGG---AGCT--TGGGGAAC     507
HIV2ST             -.....................-G--C---TACCAG-G-.AGGGACATGGG---AGCC--TGGGGAAC     508
HIV2BEN            -.....................-G--C---AACCAA-G-.AGGGACATGGG---AGCT--TGGGGAAC     508
HIV2CAM2 5' LTR    -.....................-G--C---A.CCAG-G-.AGGGATATGGG---AGCT--TGGGGAAC     518
HIV2D194           -.....................-G--C---AACCAA-G-.AGGGACATGGG---AGCT--TG......     501
HIV2GH1 3'         -.....................-G--C---AACCAA-G-.AGGGACATGGG---AGCT--TGGGGAAC     513
HIV2D205           -.....................-A--C---AACAT.-G-.AGGAGCAAGGG---GGTT--TTGGGAAC     514
HIV2UC1            -.....................-A--C---AACAT.-G-.AGGGACATGGG---AGTT--TTGGGAAC     511
SIVMM251 5'        -.....................-G--A---TAT..G-G-.............---AGCC--TCGGGAAC     459
SIVMM1A11 5'       -.....................-G--.---TAC..G-G-.AGGTACTGGGG---AGCC--TCGGGAAC     470
SIVMM32H 5'        -.....................-G--A---TAC..G-G-.AGGTACTGGGG---AGCC--TCGGGAAC     471
SIVMM142           -.....................-G--A---CAT..G-G-.AGGTACTGGGG---AGCC--TTGGGAAC     468
SIVMM239           -.....................-G--A---TAC..G-G-.AGGTACTGGGG---AGCC--TCGGGAAC     471
SIVMNE             -.....................-G--A---CAT..G-G-.AGGTACTGGGG---AGCC--TCGGGAAC     471
SIVSMMH4 5'LTR     -.....................-G--C---CAT...-G-.AGGTACTGGGG---AGCT--CTGG.AAC     468
SIVSMMPBJ          -AGACAGCAGGGACTTTCCACAAA-G--A---TAC..G-G-.AGGTACTGGGG---AGCT--CTGG.AAC     493
SIVSTAK1           -.....................-G--C---AAC..A-G-GAGGTACTGGG.---AGCT--TGGGGAAC     470
SIVSTM             -.....................-G--C---AAC..A-G-GAGGTACTGGG.---AACT--TGGGGAAC     474
```

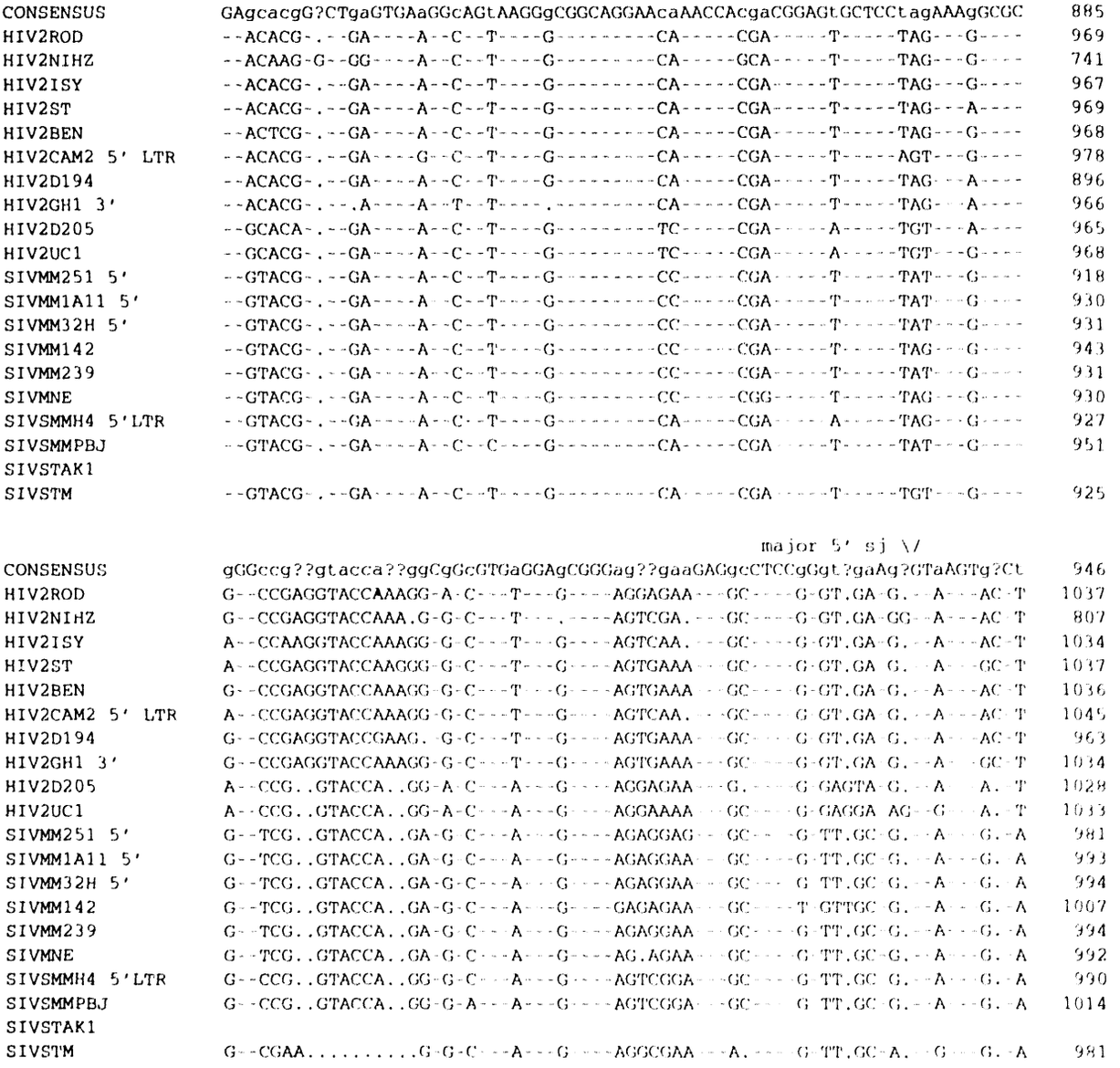
```
                                signal ->                                mRNA ->          /<- tar core I
CONSENSUS          gccc??cttactttcTGTATAAATata?ccGCt?tcTcgC?tTGTA?tTCaGTCgCTCTGcGgAGAGGCT    501
HIV2ROD            GCCC.TCATATTCTC---------ATACCC--TAGC-TG-AT----CT--G---G-----C-G-------    576
HIV2NIHZ           GCCCTTCATACTTTC---------GTACCC--T.GC-TG-AT----.T--A---G-----.-C-------    346
HIV2ISY            GCCC.TCATACTTTC---------GTACCC--T.GC-CG-AT----.T--A---G-----C-G-------    574
HIV2ST             GCCC.TCATACTTTC---------GTACCC--T.AC-CG-AT----.T--A---G-----C-G-------    575
HIV2BEN            GCCC.TCATACTTAC---------GTACCC--T.TC-TG-AT----.T--A---G-----C-G-------    575
HIV2CAM2 5' LTR    GCCC.TCATACCTTC---------TCACCC--T.GC-TG-AT----CT--A---G-----C-G-------    586
HIV2D194           .....TCATATTCTC---------GTACCC--T.TC-TG-AT----.T--A---G-----C-G-------    564
HIV2GH1 3'         GCCC.TCATACTTAC---------GTACTC--T.TC-TA-AT----.T--A---G-----.-C-------    579
HIV2D205           GCCC.ATTAAATCTC---------GTACCC--T.TC-CG-AT----.T--A---G-----C-G-------    581
HIV2UC1            GCCC.ATTAAATCTC---------GTACCC--T.TC-TG-AT----.T--A---G-----C-G-------    578
SIVMM251 5'        ACCC.ACTTTCTTGA---------ATCACT--A.TT-CG-TC----.T--A---G-----C-G-------    526
SIVMM1A11 5'       ACCC.ACTTTCTTGA---------ATCACT--A.TT-TG-TA----.G--A---G-----C-G-------    537
SIVMM32H 5'        ACCC.ACTTTCTTGA---------ATCACT--A.TT-CG-TC----.T--A---G-----C-G-------    538
SIVMM142           ACCC.ACTTTCTTGA---------ATCACT--A.TT-CG-TC----.T--A---G-----C-G-------    535
SIVMM239           GCCC.ACTTTCTTGA---------ATCACT--A.TT-CG-TC----.T--A---G-----C-G-------    538
SIVMNE             ACCC.ACTTTCTTGA---------ATCACT--A.TT-CG-TC----.T--A---G-----C-G-------    538
SIVSMMH4 5'LTR     GCCC.ACTTATTCTC---------ACAACT--A.TT-CG-TC----.T--A---G-----C-G-------    535
SIVSMMPBJ          GCCC.ACGTATTCTC---------ACAACT--A.TT-CG-TC----.T--A---A-----C-G-------    560
SIVSTAK1           GCCC.TTTTACTTTC---------ACAACC--T.TA-AG-TC----.T--A---A-----C-G-------    537
SIVSTM             GCCC.TTTTACTTTC---------ACAACC--T.TA-AG-TC----.T--A---A-----C-G-------    541

                                                                  /<-      tar core II          ->/
          tar core I                          ->/            \/ 5'sj
CONSENSUS          GGCAgATtGAGCCCTGgGAGGTTCTCTCCAGCAcTAGCAGGTagagcctgggtgttccctgctagactct    571
HIV2ROD            ----G--T--------G----------------G--------AGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTAGACTCT    646
HIV2NIHZ           ----G--T--------G----------------C--------AGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTAGACTCT    416
HIV2ISY            ----G--T--------G----------------C--------AGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTGGACTCT    644
HIV2ST             ----G--T--------G----------------C--------AGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTAGACTCT    645
HIV2BEN            ----G--C--------A----------------C--------AGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTGGACTCT    645
HIV2CAM2 5' LTR    ----G--T--------G----------------C--------AGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTAGACTCT    656
HIV2D194           ----G--T--------G----------------C--------............................    606
HIV2GH1 3'         ----G--T--------G----------------C--------AGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTAGACTCT    649
HIV2D205           ----G--T--------G----------------C--------AGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTAGACTCT    651
HIV2UC1            ----G--C--------G----------------C--------AGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTAGACTCT    648
SIVMM251 5'        ----G--T--------G----------------C--------AGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTAGACTCT    596
SIVMM1A11 5'       ----G--T--------G----------------C--------AGAGCCTGGGTTTTCCCTGCTAGACTCT    607
SIVMM32H 5'        ----G--T--------G----------------C--------AGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTAGACTCT    608
SIVMM142           ----C--T--------G----------------C--------AGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTAGACTCT    605
SIVMM239           ----G--T--------G----------------C--------AGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTAGACTCT    608
SIVMNE             ----G--T--------G----------------C--------AGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTAGACTCT    608
SIVSMMH4 5'LTR     ----G--T--------G----------------C--------AGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTAGACTCT    605
SIVSMMPBJ          ----G--T--------G----------------C--------AGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTAGACTCT    630
SIVSTAK1           ----G--T--------G----------------C--------AGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTAGACTCT    607
SIVSTM             ----G--T--------G----------------C--------AGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTAGACTCT    611
```

HIV2/SIV LTR

```
                                                                                  signal ->
CONSENSUS          caccagcacttggccggtgctgggcaga?tggctcCACGCTTGCTTGCTTAaA?gacCTCttcAATAAAg    639
HIV2ROD            CACCAGCACTTGGCCGGTGCTGGGCAGA.CGGCCC----------------A-.AAC---CTT------G    714
HIV2NIHZ           CACCAGTGCTTGGCCGGCGCTGGGCAGA.CGGCTC----------------A-.GAC---T.C------G    483
HIV2ISY            CACCAGTGCTTGGCCGGCGCTGGGCAGA.CGGCTC----------------A-AGAC---TT.------G    712
HIV2ST             CACCAGTGCTTGGCCGGCACTGGGCAGA.CGGCTC----------------A-AGAC---TT.------G    713
HIV2BEN            CACCAGTACTTGGCCGGTACTGGGCAGA.CGGCTC----------------A-.GAC---TTC------G    713
HIV2CAM2 5' LTR    CACCAGTGCTTGGCCGGCACTGGGCAGA.CGGCTC----------------A-.GAC---TT.------G    723
HIV2D194           ................................ C----------------A-.GAC---TT.------G    640
HIV2GH1 3'         CACCAGTGCTTGGCCGGCACTGGGCAGA.CGGCTC----------------A-.GAC---TT.-- ---G    716
HIV2D205           CACCAGCACTAGGCCAGTGTTGGGCAGA.CGGCTC----------------A-.ACC---TT.------.    717
HIV2UC1            CACCAGCACTTGGCCGGTGCTGGGCAGA.CGGCTC----------------A-.ACC---TT.------.    714
SIVMM251 5'        CACCAGCACTTGGCCAGTGCTGGGCAGAGTGGCTC----------------A-.GAC---TTC------G    665
SIVMM1A11 5'       CACCAGCACTTGGCCGGTGCTGGGCAGAGTGACTC----------------A-.GCC---TTC------G    676
SIVMM32H 5'        CACCAGCACTTGGCCGGTGCTGGGCAGAGTGGCTC----------------A-.GAC---TTC------G    677
SIVMM142           CACCAGCACTTGGCCGGTGCTGGGCAGAGTGGCTC----------------A-.GAC---TTC------G    674
SIVMM239           CACCAGCACTTGGCCGGTGCTGGGCAGAGTGACTC----------------A-.GCC---TTC------G    677
SIVMNE             CACCAGCACTTGGCCGGTGCTGGGCAGAGTGGCTC----------------A-.GAC---TTC------G    677
SIVSMMH4 5'LTR     CACCAGCACTTGGCCGGTGCTGGGCAGAGTGGCTC----------------A-.GAC---TTC------G    674
SIVSMMPBJ          CACCAGCACTTGGCCGGTGCTGGGCAGAGTGGCTC----------------A-.GAC---TTC------G    699
SIVSTAK1           CACCAGCACTTGGCCAGTGCTGGGTAGAGTGGCTT----------------T-.TAC---TTC------G    676
SIVSTM             CACCAGCACTTGGCCAGTGCTGGGTAGAGTGGCTC----------------T-.TAT---TTC------G    680

                                  <- R rpt                        \/ 3'sj
CONSENSUS          CTGCCa??TTAGaAG?AAG?t?AGTGtGTGtTCCCATCTCTCCTAgtCGCcGCCTGGTCA?ctCggT?cT    702
HIV2ROD            -----AG.----A--C---TTA----T---C--------------GT---C---------.TT-GG-GT-    782
HIV2NIHZ           -----AA.----A--C---TTA----T---C--------------GT---C---------.TC-GG-GT-    551
HIV2ISY            -----AG.----A--C---TTA----T---T--------------GT---C---------.TT-GG-GT-    780
HIV2ST             -----AG.----A--C---TTA----T---C--------------GT---C---------.TT-GG-GT-    781
HIV2BEN            -----AG.----A--C---TTA----T---T--------------GT---C---------.TT-GG-GT-    781
HIV2CAM2 5' LTR    -----AG.----A--C---TTA----T---T--------------GT---C---------.TT-GG-GT-    791
HIV2D194           -----AG.----A--C---TTA----T---T--------------GT---C---------.TT-GG-GT-    708
HIV2GH1 3'         -----AA.----A--C---TTA----T---T--------------GT---C---------.TT-GG-GT-    784
HIV2D205           -----AA.----A--C---T.A----T---T--------------GT---.---------.CT-GG-GC-    783
HIV2UC1            -----AA.----A--C---TTG----T---T--------------GT---C---------.TT-AA-GC-    782
SIVMM251 5'        -----ATT----A--T---CC.----T---T--------------GT---C---------ACT-GG-AC-    734
SIVMM1A11 5'       -----ATT----A--T---CT.----T---T--------------GT---C---------ACT-GG-AC-    745
SIVMM32H 5'        -----ATT----A--T---CT.----T---T--------------GT---C---------ACT-GG-AC-    746
SIVMM142           -----AT.----A--T---CT.----T---T--------------GT---C---------ACT-GG-AC-    742
SIVMM239           -----ATT----A--T---CT.----T---T--------------GC---C---------ACT-GG-AC-    746
SIVMNE             -----.TT----A--T---CC.----T---C--------------GT---C---------ACT-GG-AC-    745
SIVSMMH4 5'LTR     -----AA.----A--T---CA.----T---T--------------GT---C---------TCT-GG-AC-    742
SIVSMMPBJ          -----AT.----A--T---CC.----T---T--------------GT---C---------TCT-GG-AC-    767
SIVSTAK1           -----ATT----G--T---CA.----T---T--------------AT---C---------ACT-GG-AC-    745
SIVSTM             -----AAT----A--T---CA.----G---T--------------GT---C---------ACT-GG-AC-    749
```

```
CONSENSUS          C??c?g?aataa?aagaCCCTGGTCTGTTAGGACC??????????????????CTTtctGCTTTGggaaaCc   751
HIV2ROD            -ACCTG.AGTAACAAGA----------.....---CTT------GGAAA-C                       835
HIV2NIHZ           -ACCTGTA.TAACAAGA----------.....---CTT------GGAAA-C                       604
HIV2ISY            -TCCTG.AGTAACAAGA----------.....---CTT------GGAAA-C                       833
HIV2ST             -ATCTAAAGTAACAAGA----------.....---TCT------GGAAA-C                       835
HIV2BEN            -ATCTG.AGTAACAAGA----------.....---CTC------GGAAT-C                       834
HIV2CAM2 5' LTR    -ACCTG.AATAACAAGA----------.....---CTT------GGAAA-C                       844
HIV2D194           -ATCTG.AGTAACAAGA----------.....---CCC------AGAAT-C                       761
HIV2GH1 3'         -ATCTG.AATAACAA.A----------.....---CC.------GGAAT-C                       835
HIV2D205           -CACTGATA......GA----------.....---CTT------GGAAA-C                       831
HIV2UC1            -TACTAAAATAAA..GA----------.....---TCT------GGAAA-C                       834
SIVMM251 5'        -G...GTAATAAGAAGA----------.....---TCT------AGAAA-C                       785
SIVMM1A11 5'       -G...GTAATAAGAAGA----------.....---TCT------GGAAA-C                       796
SIVMM32H 5'        -G...GTAATAAGGAGA----------.....---TCT------AGAAA-C                       797
SIVMM142           -G...GTAATAAAAAGA----------CTGGTCTGTTAGGACC---TCT------GGAAA-C             809
SIVMM239           -A...ATAATAAGAAGA----------.....---TCT------GGAAA-C                       797
SIVMNE             -G...ATAATAAGAAGA----------.....---TCT------GGAAA-C                       796
SIVSMMH4 5'LTR     -GAC..ACATAAGAAGA----------.....---TCT------GAAAA-C                       794
SIVSMMPBJ          -G...GACATAAGAAGC----------.....---TCT------GGAAA-C                       818
SIVSTAK1           -C.....AGA----------.....---TCT------GGCTA-T                              787
SIVSTM             -A.....AGA----------.....---TCT------GGCTA-T                              791

                                                <- lys-tRNA pbs
CONSENSUS          gAgGCaGg???AAAATCCCTAGCAGgTTGGCGCCcgAACAGGgACtTGaaggaG?AgTGAgAgactcct?   816
HIV2ROD            G-G--A-G...----------G--------TG------G--T--AAGAA-.-C---G-.AGTCTTG       900
HIV2N1HZ           G-G--A-GCGG----------G--------CG------.--T--AAGAA-.-C---G-.AGCCTTG       671
HIV2ISY            G-G--A-G...----------G--------CG------G--T--AGGAA-.-C---G-.AGCCTTG       898
HIV2ST             A-G--A-G...----------G--------CG------G--T--AAGAA-.-C---G-.AGCCTTG       900
HIV2BEN            A-G--A-G...----------G--------CG------G--T--AAGAG-.-C---G-.AGCCCTG       899
HIV2CAM2 5' LTR    A-G--A-G...----------G--------CG------G--T--AAGAA-.-C---A-.AGCCTTG       909
HIV2D194           A-G--A-G...----------G--------CG------G--T--AAAGA-G-C---G-.AGCCCTG       827
HIV2GH1 3'         A-G--A-G...----------G--------C.------G--T--AAAGG-.-C---G-.AGCCCTG       899
HIV2D205           G-A--G-G...----------A--------CG------G--C--.GGAA-.-G---G-GTCTTCAA       896
HIV2UC1            A-G--A-G...----------A--------CG------G--A--AAGAA-.-G---G-GTCTTC.G       899
SIVMM251 5'        G-A--A-G...----------A--------CG------.--T--AAGGA-.-G---G-GACTCCT.       849
SIVMM1A11 5'       G-A--A-G...----------A--------CG------G--T--AAGGA-.-G---G-GACTCCT.       861
SIVMM32H 5'        G-A--A-G...----------A--------TG------G--T--AAGGA-.-G---G-GACTCCT.       862
SIVMM142           G-A--A-G...----------A--------CG------G--T--AAGGA-.-G---G-GACTCCT.       874
SIVMM239           G-A--A-G...----------A--------TG------G--T--AAGGA-.-G---G-GACTCCT.       862
SIVMNE             G-A--A-G...----------A--------CG------G--T--AAGGA-.-G---G-GACTCCT.       861
SIVSMMH4 5'LTR     G-G--A-G...----------G--------CG------G--T--AAGGA-.-G---G-G.CTCCT.       858
SIVSMMPBJ          G-G--A-G...----------G--------CG------G--T--AAGGA-.-G---G-G.CTCCT.       882
SIVSTAK1           G-G--A-A...----------                                                    808
SIVSTM             G-G--A-A...----------A--------CG------G--T--AAGGA-.-G---G-GACTCCT.       856
```

HIV2/SIV LTR


CONSENSUS GAgcacgG?CTgaGTGAaGGcAGtAAGGgCGGCAGGAAcaAACCAcgaCGGAGtGCTCCtagAAAgGCGC 885
HIV2ROD --ACACG-.--GA----A--C--T----G---------CA-----CGA-----T-----TAG---G---- 969
HIV2NIHZ --ACAAG-G--GG----A--C--T----G---------CA-----GCA-----T-----TAG---G---- 741
HIV2ISY --ACACG-.--GA----A--C--T----G---------CA-----CGA-----T-----TAG---G---- 967
HIV2ST --ACACG-.--GA----A--C--T----G---------CA-----CGA-----T-----TAG---A---- 969
HIV2BEN --ACTCG-.--GA----A--C--T----G---------CA-----CGA-----T-----TAG---G---- 968
HIV2CAM2 5' LTR --ACACG-.--GA----G--C--T----G---------CA-----CGA-----T-----AGT---G---- 978
HIV2D194 --ACACG-.--GA----A--C--T----G---------CA-----CGA-----T-----TAG---A---- 896
HIV2GH1 3' --ACACG-.--.A----A--T--T----.---------CA-----CGA-----T-----TAG---A---- 966
HIV2D205 --GCACA-.--GA----A--C--T----G---------TC-----CGA-----A-----TGT---A---- 965
HIV2UC1 --GCACG-.--GA----A--C--T----G---------TC-----CGA-----A-----TGT---G---- 968
SIVMM251 5' --GTACG-.--GA----A--C--T----G---------CC-----CGA-----T-----TAT---G---- 918
SIVMM1A11 5' --GTACG-.--GA----A--C--T----G---------CC-----CGA-----T-----TAT---G---- 930
SIVMM32H 5' --GTACG-.--GA----A--C--T----G---------CC-----CGA-----T-----TAT---G---- 931
SIVMM142 --GTACG-.--GA----A--C--T----G---------CC-----CGA-----T-----TAG---G---- 943
SIVMM239 --GTACG-.--GA----A--C--T----G---------CC-----CGA-----T-----TAT---G---- 931
SIVMNE --GTACG-.--GA----A--C--T----G---------CC-----CGG-----T-----TAG---G---- 930
SIVSMMH4 5'LTR --GTACG-.--GA----A--C--T----G---------CA-----CGA-----A-----TAG---G---- 927
SIVSMMPBJ --GTACG-.--GA----A--C--C----G---------CA-----CGA-----T-----TAT---G---- 951
SIVSTAK1
SIVSTM --GTACG-.--GA----A--C--T----G---------CA-----CGA-----T-----TGT---G---- 925
major 5' sj \/
CONSENSUS gGGccg??gtacca??ggCgGcGTGaGGAgCGGGag??gaaGAGgcCTCCgGgt?gaAg?GTaAGTg?Ct 946
HIV2ROD G--CCGAGGTACCAAAGG-A-C---T---G----AGGAGAA---GC----G-GT.GA-G.--A---AC-T 1037
HIV2NIHZ G--CCGAGGTACCAAA.G-G-C---T---.----AGTCGA.---GC----G-GT.GA-GG--A---AC-T 807
HIV2ISY A--CCAAGGTACCAAAGG-G-C---T---G----AGTCAA.---GC----G-GT.GA-G.--A---AC-T 1034
HIV2ST A--CCGAGGTACCAAGGG-G-C---T---G----AGTGAAA---GC----G-GT.GA-G.--A---GC-T 1037
HIV2BEN G--CCGAGGTACCAAAGG-G-C---T---G----AGTGAAA---GC----G-GT.GA-G.--A---AC-T 1036
HIV2CAM2 5' LTR A--CCGAGGTACCAAAGG-G-C---T---G----AGTCAA.---GC----G-GT.GA-G.--A---AC-T 1045
HIV2D194 G--CCGAGGTACCGAAG.-G-C---T---G----AGTGAAA---GC----G-GT.GA-G.--A---AC-T 963
HIV2GH1 3' G--CCGAGGTACCAAAGG-G-C---T---G----AGTGAAA---GC----G-GT.GA-G.--A---GC-T 1034
HIV2D205 A--CCG..GTACCA..GG-A-C---A---G----AGGAGAA---G.----G-GAGTA-G.--A---A.-T 1028
HIV2UC1 A--CCG..GTACCA..GG-A-C---A---G----AGGAAAA---GC----G-GAGGA-AG--G---A.-T 1033
SIVMM251 5' G--TCG..GTACCA..GA-G-C---A---G----AGAGGAG---GC----G-TT.GC-G.--A---G.-A 981
SIVMM1A11 5' G--TCG..GTACCA..GA-G-C---A---G----AGAGGAA---GC----G-TT.GC-G.--A---G.-A 993
SIVMM32H 5' G--TCG..GTACCA..GA-G-C---A---G----AGAGGAA---GC----G-TT.GC-G.--A---G.-A 994
SIVMM142 G--TCG..GTACCA..GA-G-C---A---G----GAGAGAA---GC----T-GTTGC-G.--A---G.-A 1007
SIVMM239 G--TCG..GTACCA..GA-G-C---A---G----AGAGGAA---GC----G-TT.GC-G.--A---G.-A 994
SIVMNE G--TCG..GTACCA..GA-G-C---A---G----AG.AGAA---GC----G-TT.GC-G.--A---G.-A 992
SIVSMMH4 5'LTR G--CCG..GTACCA..GG-G-C---A---G----AGTCGGA---GC----G-TT.GC-G.--A---G.-A 990
SIVSMMPBJ G--CCG..GTACCA..GG-G-A---A---G----AGTCGGA---GC----G-TT.GC-G.--A---G.-A 1014
SIVSTAK1
SIVSTM G--CGAA.....G-G-C---A---G----AGGCGAA---A.----G-TT.GC-A.--G---G.-A 981

```
CONSENSUS          aCac?aaaaa???t?gc?agaaa??gc?????ttgttatcCtac?ttt?Aga?ag?g?gtAgaagat??   995
HIV2ROD            A-ACCAAAAACTGTAGCC.GAAAGGGC......TTGCTATC-TACCTTT.-GACAG...GT-GAAGATT.  1095
HIV2NIHZ           A-ACCAAAAACTGTAGCCAAAGAGGGC......TTGTTATC-TACCTTT.-GACAG...GT-GAAGATT.   866
HIV2ISY            A-ACCAAAAACTGTAGCCGGAAAAGGC......TTGTTATC-TACCTTT.-GACAG...GT-GAAGATT.  1093
HIV2ST             A-ACCAAATACAGTAGCCAGAA.GGGC......TTGTTATC-TACCTTT.-GACGG...GT-GAAGATT.  1095
HIV2BEN            A-ACCAAAAACTGTAGCCAGAAAAGGC......TTGTTATC-TACCTTT.-GACAG...GT-GAAGATT.  1095
HIV2CAM2 5' LTR    A-ACCAAAAACTGTAGCCTGAAAGGGC......TTGTTATC-TACCTTT.-GACAG...GT-GAAGATT.  1104
HIV2D194           A-ACCGAAAACTGTAGCCAGAAAAGGC......TTGTTATC-TACCTTT.-GACAG...GT-GAAGATT.  1022
HIV2GH1 3'         A-ACCGAAAACCGTAGCCAGAAAAGGC......TAGTTATC-TATCTTTT-GACAG...GT-GAAGATT.  1094
HIV2D205           C-.....AAATTTT.GC.................ATTGT.-TACTCT..-AAGAGGGAGT-GGGCATA.  1070
HIV2UC1            C-.....AAATTCT.GA.................ATTGT.-TGCTCTA.-GAAAG.GAGT-GGGCATA.  1075
SIVMM251 5'        A-ACAAAAA.........AGAAATAGC..TGTCTTGTTATC-.........-GGAAGGGATA-TAAGATAG  1032
SIVMM1A11 5'       A-ACAAAAA.........AGAAATAGC..TGTCTT.TTATC-.........-GGAAGGGATA-TAAGATAG  1043
SIVMM32H 5'        A-ACAAAAAA........AGAAATAGC..TGTCTT.TTATC-.........-GGAAGGGATA-TAAGATAG  1045
SIVMM142           A-ACAAAAA.........GGAAATAGC..TGTCTT.TTATC-.........-GGAAGGGATA-TAAGATAG  1057
SIVMM239           A-ACAAAAA.........AGAAATAGC..TGTCTT.TTATC-.........-GGAAGGGGTA-TAAGATAG  1044
SIVMNE             A-ACAAAAA.........AGAGATAGC..TGTCTT.TTATC-.........-GGAAGGGATA-TAAGATAG  1042
SIVSMMH4 5'LTR     A-AGAAA...........AGTCATAGGACTGAGTT....CC-TACTTTTG-GGAAA.GAGT-GGAGA...  1041
SIVSMMPBJ          A-AAAAAG..........AGTCATAGGACTGAGTT....CC-TACTTTTG-GAAAA.GAGT-GGAGA...  1066
SIVSTAK1
SIVSTM             A-A........AGTAGCCAGA..GGGC..TGA.TTGTT...-TACTCTTG-GGGAAGAGGT-GAAG....  1031

CONSENSUS          ?GTGGGAG     1002
HIV2ROD            .-------     1102
HIV2NIHZ           .-------      873
HIV2ISY            .-------     1100
HIV2ST             .-------     1102
HIV2BEN            .-------     1102
HIV2CAM2 5' LTR    .-------     1111
HIV2D194           .-------     1029
HIV2GH1 3'         .-------     1101
HIV2D205           A-------     1078
HIV2UC1            A-------     1083
SIVMM251 5'        A-------     1040
SIVMM1A11 5'       A-------     1051
SIVMM32H 5'        A-------     1053
SIVMM142           A-------     1065
SIVMM239           A-------     1052
SIVMNE             A-------     1050
SIVSMMH4 5'LTR     .-------     1048
SIVSMMPBJ          .-------     1073
SIVSTAK1
SIVSTM             .-------     1038
```

HIV2/SIV GAG

HIV-2/SIV GAG

Two sequence subtypes, A and B, are recognizable among the HIV-2 gag sequences: A subtype sequences are the prototypical HIV-2s, UC1 and D205 are representative of the subtype Bs. Further classification is anticipated.

```
CONSENSUS ATGGGcGcGAgAaaCTCCGTCtTGtcAGGGAAgaAagCAGAtGAATTAGAAAaaaTtAGgtTACGgCCCg    70
HIV2ROD   -----C-C--G-AA-------T--AG------AA-AG----T----------GAA-C--GT----G---G    70
HIV2NIHZ  -----C-C--G-AA-------T--AG------AA-AG----T----------AAA-T--GT----G---G    70
HIV2ISY   -----C-C--A-AA-------T--AG------AA-GG----T----------AAA-T--GT----G---G    70
HIV2ST    -----C-C--G-AA-------T--AG------AA-AG----C----------AGA-T--GT----G---G    70
HIV2BEN   -----C-C--G-AA-------T--AG------AA-AG----C----------AAG-T--GT----G---G    70
HIV2CAM2  -----C-C--G-AA-------T--AG------AA-AG----C----------AAG-T--GT----G---G    70
HIV2D194  -----C-C--G-AA-------T--AG------AA-AG----C----------AAG-T--GT----G---A    70
HIV2GH1   -----C-C--G-AA-------T--AG------AA-AG----T----------AGA-T--GT----G---A    70
HIV2D205  -----C-C--G-GG-------C--TC------GA-AA----T----------AAG-T--GT----G---G    70
HIV2UC1   -----C-C--G-AG-------T--TC------GA-AA----T----------AAG-T--GT----G---G    70
SIVMM251  -----C-C--G-AA-------T--TC------GA-AG----T----------AAA-T--GC----A---G    70
SIVMM32H  -----C-C--G-AA-------T--TC------GA-AG----T----------AAA-T--GC----A---G    70
SIVMM1A11 -----C-C--G-AA-------T--TC------GA-AG----T----------AAA-T--GC----A---A    70
SIVMM142  -----C-C--G-AA-------T--TC------GA-AG----T----------AAA-T--AC----A---G    70
SIVMM239  -----C-T--G-AA-------T--TC------GA-AG----T----------AAA-T--GC----A---A    70
SIVMNE    -----C-C--G-AA-------T--TC------GA-AG----T----------AAA-T--GC----A---G    70
SIVSMMH4  -----C-C--G-AA-------T--TC------GG-AG----T----------AAG-T--GT----G---A    70
SIVSMMH9  -----T-T--G-AA-------T--TC------GA-AG----T----------AAA-T--GT----G---G    70
SIVSMMPBJ -----C-C--G-AA-------T--TC------GA-AG----T----------AAA-T--GT----G---G    70
SIVSTM    -----C-C--G-AG-------T--TC------AA-AG----T----------AAG-T--GT----G---G    70

CONSENSUS gCGGaAAGAAAAagTAca?gtT?AAaCAT?TagTaTGGGCAGc?AAtgAATTgGAcAgATTtGGATTagC   136
HIV2ROD   G---A-------AG--CAGGC-A--A---A-TG-G-------CG--TA----G--C-G---C-----AG-   140
HIV2NIHZ  G---A-------AG--CAAGT-A--A---A-TG-G-------CG--TG----G--C-G---C-----AG-   140
HIV2ISY   G---G-------AA--CAGAT-A--A---A-TG-G-------CG--TG----G--C-G---C-----AA-   140
HIV2ST    G---A-------AA--TAGGC-A--A---A-TG-G-------CG--TG----G--C-G---C-----GG-   140
HIV2BEN   G---A-------AG--CAGGT-A--A---A-TG-G-------CG--TG----G--T-A---C-----GG-   140
HIV2CAM2  G---A-------AA--CAAGT-A--A---A-TG-G-------CG--TG----G--C-G---C-----GG-   140
HIV2D194  A---A-------GA--CAGGT-A--A---G-TG-G-------CG--TG----A--C-G---C-----GG-   140
HIV2GH1   G---A-------AG--CAGGC-A--A---A-TG-G-------CG--CG----G--C-A---C-----GG-   140
HIV2D205  G---A-------AG--TATGC-A--A---G-AG-A-------TG--CG----A--C-G---T-----AG-   140
HIV2UC1   G---A-------GG--TTGTC-A--A---A-AA-A-------TG--CG----G--C-G---T-----AG-   140
SIVMM251  G---A-------AG--CATGT-G--G---G-AG-A-------CA--TG----A--T-G---T-----AG-   140
SIVMM32H  G---A-------AG--CATGT-G--G---G-AG-A-------CA--TG----A--T-G---T-----AG-   140
SIVMM1A11 A---A-------AG--CATGT-G--G---G-AG-A-------CA--TG----A--T-G---T-----AG-   140
SIVMM142  G---A-------AG--CATGT-G--G---G-AG-A-------CA--TG----A--T-G---T-----AG-   140
SIVMM239  A---A-------AG--CATGT-G--G---G-AG-A-------CA--TG----A--T-G---T-----AG-   140
SIVMNE    G---G-------AG--CATGT-G--G---G-AG-A-------CA--TG----A--T-G---T-----AG-   140
SIVSMMH4  A---A-------AG--TATGT-G--G---G-AG-A-------CA--TG----G--C-G---T-----AG-   140
SIVSMMH9  G---A-------AG--CATGC-G--G---A-AG-A-------CA--TG----G--C-G---T-----AG-   140
SIVSMMPBJ G---A-------GG--CCAGC-G--G---A-AG-A-------CA--TG----G--C-G---T-----AG-   140
SIVSTM    G---G-------AG--CATGT-G--A---G-AG-G-------CA--CG----G--C-G---T-----GG-   140
```

```
CONSENSUS AGA?AGCCTGTTGGAgtcaAAAGAaGGtTGtCAaAaaATtcTt?caGTtTTAGctCCAtTaGT?CCaACA  203
HIV2ROD   ---G----------GTCA-----G--T--T--A-AA--TC-TACA--T----AT---A-G--A--G---  210
HIV2NIHZ  ---G----------GTCA-----A--T--C--A-AA--TC-TACA--T----AT---T-A--A--G---  210
HIV2ISY   ---G----------GTCA-----A--T--C--A-AA--TA-TTCA--T----AA---T-A--A--A---  210
HIV2ST    ---G----------GTCA-----G--T--C--A-AA--TC-TACA--T----AT---T-A--A--G---  210
HIV2BEN   ---G----------GTCA-----A--T--C--A-AG--TC-CAGA--T----AT---T-A--A--A---  210
HIV2CAM2  ---G----------ATC.   --A--T--C--A-GA--TC-TAAA--T----AT---T-A--A--G---  210
HIV2D194  ---G----------ATCA-----A--T--C--A-AG--TC-TAAA--T----AA---T-A--A--A---  210
HIV2GH1   ---G----------GTCA---  --A--T--C--A-AG--TC-CACA--T----AT---T-A--A--A---  210
HIV2D205  ---G----------ATCA-----  --A--T--A-AA--TC-TAAA--C----CT---T-A--A--A---  210
HIV2UC1   ---G----------ATCA-  ----A--A--T--C-AA--TC-TACG--C----CT---T-A--A--A---  210
SIVMM251  ---A----------GAAC-----A--A--T--A-AA--AC-TTCG--C----CT---T-A--G--A---  210
SIVMM32H  ---A----------GAAC-----A--A--T--A-AA--AC-TTCG--C----CT---T-A--G--A---  210
SIVMM1A11 ---A----------GAAC-----A--A--T--A-AA--AC-TTCG--C----CT---T-A--G--A---  210
SIVMM142  ---A----------GAAC-----A--A--T--A-AA--AC-TTCG--C----CT---T-A--G--A---  210
SIVMM239  ---A----------GAAC-----A--A--T--A-AA--AC-TTCG--C----CT---T-A--G--A---  210
SIVMNE    ---A----------GAAC-----A--A--T--A-AA--AC-TTCG--C----CT---T-A--G--A---  210
SIVSMMH4  ---A----------TAAC-----A--T--T--A-AA--TC-TTCA--T----CT---T-A--T--G---  210
SIVSMMH9  ---A----------GAAC-----A--T--T--A-AA--TC-TTCA--T----CT---T-A--T--G---  210
SIVSMMPBJ ---A----------GAAC-----A--T--T--A-AA--TC-TTCA--T----CT---T-A--T--G---  210
SIVSTM    ---A----------GTCA-----A--G--T--A-AA--TA-AACG--C----AA---T-A--G--A---  210

CONSENSUS GG?TCAGAAAAtTTAAAaAGcCTTT?TAAtActgtCtGCGTCaTtTggTGcaT?CACGCAGAAGAGAAAG  270
HIV2ROD   --T--------T-----A--T----T---T-CTGT-T-----A-T-GG--CA-A----------------  280
HIV2NIHZ  --T--------T-----A--C----T---T-CTGT-T-----A-C-GG--CA-A----------------  280
HIV2ISY   --G--------T-----A--C----A---T-CTAC-T-----A-T-GG--CT-G----------------  280
HIV2ST    --G--------T-----A--C----T---T-CTGT-T-----A-T-GG--TA-A----------------  280
HIV2BEN   --G--------T-----A--C----T---T-CCGT-T-----A-T-GG--CT-G----------------  280
HIV2CAM2  --T--------T-----A--C----T---T-CTGT-T-----A-A-GG--CA-A----------------  280
HIV2D194  --G--------T-----A--C----T---T-CCGT-T-----A-T-GG--CT-G----------------  280
HIV2GH1   --G--------T-----A--C----T---C-CAGT-T-----A-T-GG--CT-G----------------  280
HIV2D205  --G--------T-----A--C----T---T-TCGT-T-----A-T-TT--CC-G----------------  280
HIV2UC1   --A--------T-----A--C----T---T-CTGT-T-----A-T-AC--CT-G----------------  280
SIVMM251  --C--------T-----A--C----A---T-CTGT-T-----A-C-GG--CA-T----------------  280
SIVMM32H  --C--------T-----A--C----A---T-CTGT-T-----A-C-GG--CA-T----------------  280
SIVMM1A11 --C--------T-----A--C----A---T-CTGT-T-----A-C-GG--CA-T----------------  280
SIVMM142  --C--------T-----A--C----A---T-CTGT-T-----A-C-GG--CA-T----------------  280
SIVMM239  --C--------T-----A--C----A---T-CTGT-T-----A-C-GG--CA-T----------------  280
SIVMNE    --C--------T-----G--C----A---T-CTGT-T-----A-C-GG--CA-T----------------  280
SIVSMMH4  --T--------C-----G--C----A---T-CTGT-T-----A-T-GG--CA-T----------------  280
SIVSMMH9  --T--------T-----G--C----A---C-CTGT-C-----C-T-GG--CA-T----------------  280
SIVSMMPBJ --T--------T-----G--C----A---C-CTGT-T-----C-T-GG--CA-T----------------  280
SIVSTM    --T--------T-----G--T----T---T-CTGT-T-----A-T-GG--TA-C----------------  280
```

HIV2/SIV GAG

```
CONSENSUS tGAAA?AtACtGAgGaAGCAAAacaaataGtacaGAGACAtCTaGtGg?gGAaACaggaac?gcagA?Aa   336
HIV2ROD   T----G-T--T--A-G------ACAAATA-TGCG------T--A-T-GCA--A--AGGAACTGCAG-G-A   350
HIV2NIHZ  T----G-T--T--A-G------ACAAATA-TACA------T--A-T-GCA--A--AGGAACTGCAG-G-A   350
HIV2ISY   T----G-T--T--A-A------AAGAATA-TAGG------T--A-T-GCA--A--AGAAACTGCAG-G-A   350
HIV2ST    C----G-T--T--A-A------ACAAAAG-TACA------T--A-T-GCA--A--AAAAACTACAG-A-A   350
HIV2BEN   T----G-T--T--G-A------GAAACTA-CACA------T--A-T-GCA--A--TGGAACTGCAG-G-A   350
HIV2CAM2  T----G-T--T--A-A------AAGAATA-CACT------T--A-C-GCA--A--AGGAACTGCAG-G-A   350
HIV2D194  T----G-T--T--A-A------GAAACTA-CACA------T--A-T-GCA--A--AGGAACTGCAG-G-A   350
HIV2GH1   T----G-T--T--A-A------AAAACTA-TACA------T--A-G-GCA--A--AGGAACTGCAG-A-A   350
HIV2D205  T----G-T--A--G-A------AAAGATA-CACA------T--A-C-GCG--C--A.........G-A-A   341
HIV2UC1   T----G-T--T--G-A------AAAGATA-CACA------T--A-C-GCG--C--A.........G-G-A   341
SIVMM251  T----C-C--T--G-A------ACAGATA-TGCA------C--A-T-GTG--A--AGGAACAGCAG-A-C   350
SIVMM32H  T----C-C--T--G-A------ACAGATA-TGCA------C--A-T-GTG--A--AGGAACAGCAG-A-C   350
SIVMM1A11 T----C-C--T--G-A------ACAGATA-TACA------C--A-T-GTG--A--AGGAACAGCAG-A-T   350
SIVMM142  T----C-C--T--G-A------ACAGATA-TGCA------C--A-T-ATG--A--AGGAACAGCAG-A-C   350
SIVMM239  T----C-C--T--G-A------ACAGATA-TGCA------C--A-T-GTG--A--AGGAACAACAG-A-C   350
SIVMNE    T----C-C--T--G-A------ACAGATA-TGCA------C--A-T-GTG--A--AGGAACAGCAG-A-C   350
SIVSMMH4  T----C-T--T--G-A------ACAAATA-TGCA------T--A-T-GTG--A--AGGAACAGCAG-C-G   350
SIVSMMH9  T----C-T--T--A-A------ACAAATA-TGCA------T--A-T-GTG--A--AGGAACAGCAG-C-A   350
SIVSMMPBJ T----C-C--T--A-A------ACAAATA-TGCA------T--A-T-GTG--A--AGGAACAGCAG-C-A   350
SIVSTM    T----C-T--T--G-A------GCAAGTG-TAAA------T--T-T-GTA--G--TGGAACTGCAA-C-A   350

CONSENSUS aATGCCaaa?AcAAgtAgACCAACaGCACCAccTAGcGgca?aggaggaAAtTacCCaGTgCAacaa???   401
HIV2ROD   A-----AAGC-C--GT-G------A------TC---C-AGAAGGGAGGA--T-AC--A--G--ACAT...   417
HIV2NIHZ  A-----AAAT-C--GT-G------A------CC---C-GGAAA.....--C-TC--C--G--GCAA...   411
HIV2ISY   A-----AAAT-T--GT-G------A------CC---C-GGAAAGGGGGA--C-TC--C--G--ACAA...   417
HIV2ST    A-----AAGT-C--GT-G------A------CC---C-GGAACGGAGGA--C-TC--C--A--ACAA...   417
HIV2BEN   A-----AAAT-C--GT-G------A------CC---T-GGAAAAGAGGA--C-AC--C--G--ACAA...   417
HIV2CAM2  A-----AGAT-C--GT-G------A------CC---T-GGAAGGGAGGA--T-AC--C--G--AAGC...   417
HIV2D194  A-----AAAT-T--GT-G------A------CC---T-GGAAAGGAGGA--C-TC--C--G--ACAG...   417
HIV2GH1   A-----AAGT-C--GT-G------A------CC---C-GGAGAGGAAGA--C-TC--T--A--ACAGACA   420
HIV2D205  A-----AGCT-C--AT-A------A------CC---C-GC......GGA--T-AT--A--G--GCAA...   402
HIV2UC1   A-----AGCT-C--GT-G------A------CC---C-GC......GGA--T-AC--A--G--GCAG...   402
SIVMM251  T-----AAAA-C--GT-G------A------TC---C-GCAGAGGAGGA--T-AC--A--A--ACAA...   417
SIVMM32H  T-----AAAA-C--GT-G------A------TC---C-GCAGAGGAGGA--T-AC--A--A--ACAA...   417
SIVMM1A11 T-----AAAA-C--GC-G------T------TC---C-GCAGAGGAGGA--T-AC--A--A--ACAA...   417
SIVMM142  T-----AAAA-C--GT-G------A------TT---C-GCAGAGGAGGA--T-AC--A--A--ACAA...   417
SIVMM239  T-----AAAA-C--GT-G------A------TC---C-GCAGAGGAGGA--T-AC--A--A--ACAA...   417
SIVMNE    T-----AAAA-C--GT-G------A------TC---T-GCAGAGGAGGA--T-AC--A--A--ACAA...   417
SIVSMMH4  A-----AGCA-C--GC-G------A------CC---T-GCAGAGGAGGA--T-AC--A--G--GCAA...   417
SIVSMMH9  A-----AGCA-C--GT-G------A------CC---T-GCAGAGGAGGA--T-AC--A--G--GCAA...   417
SIVSMMPBJ A-----AGCA-C--GT-G------A------CC---T-GCAAAGGAGGA--T-AC--A--G--GCAA...   417
SIVSTM    A-----TGCC-C--GT-G------A------CC---T-GCAGAGGAGGA--T-AC--A--A--GCAA...   417
```

```
CONSENSUS ?taGgtGGcAAcTAt?tcCAccTgCCa?TaAGcCC??GAAC?tTaAATGC?TGGGTAAAatTagTaGAgG  464
HIV2ROD   GTA-GC--C--C--CACC--TA-A--GC-G--T--CC----CC-A-----C--------AT-AG-A--G-  487
HIV2NIHZ  GTA-CT--C--C--TACC--TA-A--AC-G--T--CG----TC-A-----T--------AT-AG-G--G-  481
HIV2ISY   ATA-GC--C--C--TGTC--TC-G--GC-G--T--CC----CC-A-----T--------GT-AG-A--G-  487
HIV2ST    GTG-CC--C--C--TACC--TG-G--AC-A--T--CC----CC-A-----T--------AC-AG-A--G-  487
HIV2BEN   CCG-GT--C--C--TGTC--TG-G--AC-G--C--CC----TC-A-----A--------AT-AG-G--G-  487
HIV2CAM2  ATA-GC--C--C--TACT--TG-G--GC-A--T--CC----TC-A-----T--------AT-AG-A--G-  487
HIV2D194  GCA-GC--C--C--TATC--TG-G--GC-G--C--CC----TC-A-----T--------AT-AG-A--G-  487
HIV2GH1   GGC-GT--C--C--TATC--CG-G--AC-G--C--CC----TC-A-----T--------AT-AG-A--G-  490
HIV2D205  CTG-CT--C--C--CGTC--CC-G--GC-A--C--CC----CT-A-----T--------GT-AG-A--A-  472
HIV2UC1   ATA-CT--C--C--CGTC--CA-G--GC-A--C--TC----CT-A-----C--------GT-AG-A--A-  472
SIVMM251  ATA-GT--T--C--TGTC--CC-G--AT-A--C--GA----AT-A-----C--------AT-GA-A--G-  487
SIVMM32H  ATA-GT--T--C--TGTC--CC-G--AT-A--C--GA----AT-A-----C--------AT-GA-A--G-  487
SIVMM1A11 ATA-GT--T--C--TGTC--CC-G--AT-A--C--GA----AT-A-----C--------AT-GA-A--G-  487
SIVMM142  ATA-GT--T--C--TACC--CC-A--AT-A--C--GA----AT-A-----C--------AT-AA-A--G-  487
SIVMM239  ATA-GT--T--C--TGTC--CC-G--AT-A--C--GA----AT-A---  -C--------AT-GA-A--G-  487
SIVMNE    GTA-GT--T--C--TACC--CC-A--AT-A--C--GA----AT-A-----C--------AT-GA-A--G-  487
SIVSMMH4  GTA-GT--C--T--TGTC--CC-A--CT-A--T--AA----AT-A-----T--------AT-AG-A--A-  487
SIVSMMH9  GTA-GT--C--T--TACC--CC-A--TT-A--T--AA----AT-A-----T--------AT-GG-A--A-  487
SIVSMMPBJ ATA-GT--C--T--TACC--CC-A--TT-A--T--AA----AT-A-----T--------AT GA-A--A-  487
SIVSTM    GTA-GC--C--T--TGTC--CC-A--AT-A--C--AA----CT-G-----A--------GT-AG-G--G-  487

CONSENSUS AaAAgAAaTT?GGgGCAGAaGTaGTgcCaGGATTtCAgGCaCT?TCAGAAGGcTGcac?CCcTAtGAtAT  531
HIV2ROD   -A--A--G--C--G-----A--A--GC-A-----T--G--A--C--------C--CACG--C--T--T--  557
HIV2NIHZ  -A--G--A--C--G-----A--A--GC-A-----T--G--A--C--------C--CACG--C--T--T--  551
HIV2ISY   -G--A--G--C--G-----A--A--GC-G-----T--G--A--C--------C--CACG--C--T--T--  557
HIV2ST    -A--G--G--C--G-----A--A--GC-A-----T--G--A--C--------C--CACG--C--T--T--  557
HIV2BEN   -A--G--G--C--G-----A--A--GC-A-----T--G--A--C--------C--CACG--C--T--T--  557
HIV2CAM2  -A--G--G--C--G-----A--A--GC-A-----T--C  A--C--------C--CACG--C--T--C--  557
HIV2D194  -A--G--G--C--G-----A--A--GC-A-----T--G--A--C--------C--CACG--C--T--T--  557
HIV2GH1   -C--G--G--C--G-----A--A--GC-A-----T--A--A--C--------C--CACG--C--T--T--  560
HIV2D205  -A--G--G--C--G-----A--A--AC-A-----T--G--A--A--------A--CACC--T--T--T--  542
HIV2UC1   -A--G--G--C--G-----A--A--AC-A-----C--G--A--A--------A--CACT--T--T--T--  542
SIVMM251  -A--G--A--T--A-----A--A--GC-A-----T--G--A--G--------C--CACC--C--T--C--  557
SIVMM32H  -A--G--A--T--A-----A--A--GC-A-----T--A--A--G--------C--CACC--C--T--C--  557
SIVMM1A11 -A--G--A--T--A-----A--A--GC-A-----T--G--A--G--------T--CACC--C--T--C--  557
SIVMM142  -G--G--A--T--A-----A--A--GT-A-----T--G--A--G--------C--CCTC--C--T--C--  557
SIVMM239  -A--G--A--T--A-----A--A--GC-A-----T--G--A--G--------T--CACC--C--T--C--  557
SIVMNE    -G--G--A--T--A-----A--A--GC-A-----T--G--A--G--------C--CACC--C--T--C--  557
SIVSMMH4  -G--A--A--T--G-----G--A--GC-A-----T--A--G--A--------C--CACT--C--T--T--  557
SIVSMMH9  -G--A--A--T--G-----G--A--GC-A-----T--A--G--A--------C--CACT--C--Y--T--  557
SIVSMMPBJ -G--A--A--T--G-----G--A--GC-A-----T--A--G--A--------C--CACT--C--T--C--  557
SIVSTM    -A--G--A--T--T-----A--G--GC-A-----T--G--A--A--------C--TACC--C--T--C--  557
```

HIV2/SIV GAG

```
CONSENSUS tAAtCAaaTGcTaAATTGTGTgGGaGAcCAtCAaGCaGCtATGCAaATtATcAgaGA?ATtAT?AAtGAg   599
HIV2ROD   C--C--AA--C-T--------G--C--C--T--A--A--C-----G--A--C-GG--G--T--C--T--G   627
HIV2NIHZ  T--T--GA--C-T--------G--C--C--T--A--A--T-----A--A--C-GG--A--T--T--T--G   621
HIV2ISY   T--T--AA--C-T--------G--C--C--T--A--A--G-----A--A--C-GA--A--T--T--T--A   627
HIV2ST    T--T--AA--C-T--------G--C--C--T--A--A--T-----A--A--C-GG--A--T--T--T--A   627
HIV2BEN   T--T--AA--C-T--------G--C--T--C--A--A--T-----A--A--C-GA--G--T--T--T--A   627
HIV2CAM2  T--T--AA--C-T--------G--C--C--T--A--A--T-----A--A--C-GG--G--T--T--T--A   627
HIV2D194  C--T--AA--C-T--------G--C--T--C--A--A--T-----A--A--C-GA--A--T--T--T--G   627
HIV2GH1   C--C--AA--C-T--------G--C--T--C--A--A--T-----A--A--C-GA--G--T--C--T--C   630
HIV2D205  A--T--GA--C-A--------A--A--A--T--G--A--C-----A--T--T-GA--A--A--C--T--G   612
HIV2UC1   A--T--GA--C-A--------A--A--C--T--G--A--C-----A--T--T-GG--A--A--C--T--G   612
SIVMM251  T--T--GA--T-A--------G--A--C--T--A--G--T-----G--T--C-GA--T--T--A--T--G   627
SIVMM32H  T--T--GA--T-A--------G--A--C--T--A--G--T-----G--T--C-GA--C--T--A--T--G   627
SIVMM1A11 T--T--GA--T-A--------G--A--C--T--A--G--T-----G--T--C-GA--C--C--A--C--G   627
SIVMM142  T--T--GA--T-A--------G--A--C--T--A--G--T-----G--C--C-GA--T--T--A--T--G   627
SIVMM239  T--T--GA--T-A--------G--A--C--T--A--G--T-----G--T--C-GA--T--T--A--C--G   627
SIVMNE    T--T--GA--T-A--------G--A--A--T--A--A--T-----G--T--C-GA--A--T--A--C--G   627
SIVSMMH4  T--T--AA--C-A--------A--A--A--T--G--A--C-----A--T--T-GA--G--T--A--T--A   627
SIVSMMH9  C--T--AA--C-A--------A--A--A--T--G--A--C-----A--T--T-GA--A--T--A--T--A   627
SIVSMMPBJ C--T--AA--C-A--------A--A--G--T--G--A--C-----A--T--T-GA--A--T--A--T--A   627
SIVSTM    C--T--AC--T-A--------G--G--G--T--A--A--C-----A--T--A-AA--G--C--A--T--G   627

CONSENSUS GAaGC?GCaGAtTGGGA??tgcagCAcCCa??aCcA???GgtCC??taCcagc?GGaCAgCTtAGaGAgC   658
HIV2ROD   --A--A--A--A-----TGTGCAA--T--AATA-C-...-GC--CTTA-CAGCG--G--G--T--A--G-   694
HIV2NIHZ  --A--A--A--C-----TGTTGCA--T--CATA-C-...-GC--CTTA-CAGCG--G--G--T--A--G-   688
HIV2ISY   --A--A--A--C-----TGTACAA--T--AATA-C-...-GC--CTTA-CAGCG--G--G--C--A--T-   694
HIV2ST    --A--A--A--T-----CGCACAA--C--AATA-C-...-GC--CTTA-CAGCG--G--G--C--G--G-   694
HIV2BEN   --A--A--A--C-----TTCGCAG--C--AATA-C-...-GC--CTTA-CAGCA--A--G--C--A--C-   694
HIV2CAM2  --A--A--A--C-----TGCCAAT--T--AATA-C-...-GC--CTTA-CAGCG--G--G--C--A--C-   694
HIV2D194  --A--A--A--T-----TGCGCAG--C--AATA-C-...-GC--CTTA-CAGCA--G--G--T--A--C-   694
HIV2GH1   --A--A--A--T-----TGCACAG--C--AATA-C-...-GC--CTTA-CAGCA--G--G--T--A--C-   697
HIV2D205  --A--A--A--C-----CCAGCAA--C--GTCA-C-...-GC--AATG-CGGCA--A--A--T--G--C-   679
HIV2UC1   --G--G--A--C-----CCAGCAG--C--GATA-C-...-GT--ACTG-CAGCA--A--A--T--G--C-   679
SIVMM251  --G--T--A--T-----CTTGCAG--C--ACAA-C-...-CT--ACAA-AA...--A--G--T--G--G-   691
SIVMM32H  --G--T--A--T-----CTTGCAG--C--ACAA-C-...-CT--ACAA-AA...--A--G--T--G--G-   691
SIVMM1A11 --G--T--A--T-----CTTGCAG--C--ACAA-C-...-CT--ACAA-AA...--A--G--T--G--G-   691
SIVMM142  --G--T--A--T-----CTTGCAG--C--ACAA-A-...-CT--ACAA-AA...--A--G--T--G--G-   691
SIVMM239  --G--T--A--T-----CTTGCAG--C--ACAA-C-...-CT--ACAA-AA...--A--A--T--G--G-   691
SIVMNE    --G--T--A--T-----CTTGCAG--C--ACAA-A-...-CT--ACAA-AA...--A--G--T--G--G-   691
SIVSMMH4  --A--T--C--T-----TTTACAA--C--GCAA-C-...-GT--ACTA-CAGCA--G--A--T--A--G-   694
SIVSMMH9  --G--T--T--T-----TTTACAA--C--RCAG-C-...-GT--AATA-CAGCA--A--A--T--A--G-   694
SIVSMMPBJ --A--T--T--T-----TTTACAA--C--GCAG-C-...-GT--GATA-CACCA--A--A--T--A--G-   694
SIVSTM    --A--T--T--T-----CATGCAG--T--ACAA-C-CCG-GT--GCTG-CAGCA--G--A--T--A--A-   697
```

```
CONSENSUS CaagaGGaTC?GAcATaGCAGGaACaAC?AGcaCAgtAGA?GAaCAaATccAgTGGATGTa?aGgcaaca   724
HIV2ROD   -AAGG--A--T--C--A-----G--A--A--CA--GT---A--A--G--CC-G-------TTA-GCCACA   764
HIV2NIHZ  -AAGA--G--T--C--A-----G--A--A--CA--GT---A--G--G--CC-G-------TTA-ACCACA   758
HIV2ISY   -ACGA--A--T--C--A-----G--A--A--CA--GT---G--A--G--CG-A-------ATA-GCAAGA   764
HIV2ST    -AAGG--A--T--C--A-----G--A--A--CA--GT---A--G--G--CC-G-------TTA-GCCACA   764
HIV2BEN   -AAGA--G--T--C--A-----A--A--A--CA--GT---T--A--G--CC-G-------ATA-GCCACA   764
HIV2CAM2  -AAGA--G--T--C--A-----A--A--A--CA--GT---A--A--G--CC-A-------TTA-GGCACA   764
HIV2D194  -AAGG--G--T--C--A-----A--A--A--CA--GT---T--A--G--CC-G-------ATA-GCAACC   764
HIV2GH1   -AAGG--G--T--C--A-----A--A--A--CA--GT---A--A--G--CC-G-------ATA-GCCACA   767
HIV2D205  -AAGA--G--A--T--A-----A--C--C--CA--GT---G--A--G--AC-G-------ACA-GGCCCA   749
HIV2UC1   -CAGA--G--A--T--A-----A--C--C--CA--GT---G--A--A--AC-G-------ACA-GGCACA   749
SIVMM251  -GTCA--A--A--T--T-----A--A--T--TT--GT---T--A--A--CC-G-------ACA-ACAACA   761
SIVMM32H  -GTCA--A--A--T--T-----A--A--T--TT--GT---T--A--A--CC-G-------ACA-ACAACA   761
SIVMM1A11 -GTCA--A--A--T--T-----A--A--T--TT--GT---T--A--A--CC-G-------ACA-ACAACA   761
SIVMM142  -GTCA--A--A--T--T-----A--A--T--TA--GT---A--A--A--CC-G-------ACA-ACAACA   761
SIVMM239  -GTCA--A--A--T--T-----A--A--T--TT--GT---T--A--A--CC-G-------ACA-ACAACA   761
SIVMNE    -GTCA--A--A--C--T-----A--A--T--TA--GT---T--A--A--CC-G-------ACA-ACAACA   761
SIVSMMH4  -AAGA--A--A--C--T-----A--T--T--TA--GT---T--A--A--CC-A-------ACA-GCAACA   764
SIVSMMH9  -AAGR--A--C--C--T-----A--T--T--CA--ST---C--A--A--TC-A-------AYA-GCAGCA   764
SIVSMMPBJ -AAGA--A--C--C--T-----A--T--T--CA--GT---C--A--A--TC-A-------ATA-GCAGCA   764
SIVSTM    -AAGC--G--A--T--A-----G--T--T--CT--CC---G--A--A--TC-A-------ACC-GCAGCA   767

CONSENSUS aAAtCCc?TaCCaGTaGG?AaCATcTAcAG?AGaTGGATcCAa?TaGGgcTgCAgAAaTGtGTcaGaAtG   790
HIV2ROD   A--T--TG-A--A--A--A-A---C--T--A--A-----C--GA-A--AT-G--G--G--T--CA-G-T-   834
HIV2NIHZ  A--T--TG-A--A--A--C-A---C--T--G--A-----T--GA-A--AC-G--A--G--C--CA-G-T-   828
HIV2ISY   A--T--TG-A--A--A--A-A---C--T--G--A-----C--GA-A--AC-G--G--G--T--CA-A-T-   834
HIV2ST    A--T--TG-A--A--A--A-G---C--T--A--A-----C--GA-A--GC-A--G--G--C--CA-G-T-   834
HIV2BEN   A--T--CG-A--G--A--G-A---C--C--A--A-----C--AA-A--GC-G--A--G--T--CA-A-A-   834
HIV2CAM2  A--T--CG-A--A--A--G-A---C--T--A--A-----C--GA-A--GC-G--G--G--T--CA-G-T-   834
HIV2D194  A--T--CG-G--G--A--G-A---C--C--G--A-----C--GA-A--GC-A--G--A--T--CA-G-T-   834
HIV2GH1   A--T--CG-G--G--A--G-A---C--C--A--A-----C--GA-A--GC-A--G--G--T--CA-G-T-   837
HIV2D205  A--T--TG-C--A--G--A-A---T--T--A--A-----T--AT-A--AT-G--G--A--T--CC-A-T-   819
HIV2UC1   A--T--TG-T--G--A--G-A---T--C--A--A-----T--AA-A--GC-G--G--A--T--CC-G-T-   819
SIVMM251  G--C--CA-A--A--A--C-A---T--C--G--A-----C--AC-G--GT-G--A--A--T--CA-A-T-   831
SIVMM32H  G--C--CA-A--A--A--C-A---T--C--G--A-----C--AC-G--GT-G--A--A--T--CA-A-T-   831
SIVMM1A11 G--C--CA-A--A--A--C-A---T--C--G--A-----C--AC-G--GT-G--A--A--T--CA-A-T-   831
SIVMM142  G--C--CA-A--A--A--C-A---T--C--G--A-----C--AC-G--GT-G--A--A--T--CA-A-T-   831
SIVMM239  G--C--CA-A--A--A--C-A---T--C--G--A-----C--AC-G--GT-G--A--A--T--CA-A-T-   831
SIVMNE    G--C--CA-A--A--A--C-A---T--C--G--A-----C--AC-G--GT-G--A--A--T--CA-A-T-   831
SIVSMMH4  A--C--CA-A--A--A--C-A---T--T--A--G-----C--AT-A--GC-G--G--A--T--AA-A-T-   834
SIVSMMH9  A--C--TA-A--A--A--C-A---C--C--R--G-----C--AT-A--GC-G--G--A--C--AA-A-T-   834
SIVSMMPBJ A--C--TA-A--A--A--T-A---C--C--A--G-----C--AC-A--GC-G--G--A--T--AA-A-T-   834
SIVSTM    A--T--TA-A--G--A--A-A---C--C--G--A-----T--AC-A--GC-A--A--A--T--CA-A-T-   837
```

HIV2/SIV GAG

```
CONSENSUS TAcAAcCCaac?AaCATtcTaGA?gTaAAaCAaGGaCCAAAaGAgcCaTTcCAaAGcTAtGTaGA?AG?T   856
HIV2ROD   --C--C--GACC-A---CC-A--CA-A--A--G--A-----G--GC-G--C--A--C--T--A--T--A-   904
HIV2NIHZ  --C--T--AACC-A---CC-A--CA-A--T--A--A-----G--AC-A--C--A--C--T--A--T--G-   898
HIV2ISY   --C--T--AACC-A---TC-A--CA-A--A--A--A-----A--GT-G--C--A--C--T--G--T--A-   904
HIV2ST    --C--C--AACC-A---CC-A--CA-A--A--G--A-----G--GC-A--C--G--T--T--A--T--A-   904
HIV2BEN   --C--C--AACT-A---CT-A--CA-A--A--G--A-----A--AC-G--C--A--C--T--A--C--G-   904
HIV2CAM2  --C--C--GACC-A---CC-A--CA-A--A--G--A-----G--GT-A--C--A--C--T--A--T--A-   904
HIV2D194  --C--C--AACT-A---CT-A--TG-G--G--G--A-----A--AT-G--C--G--C--T--A--C--A-   904
HIV2GH1   --C--C--AACT-A---CT-A--CG-A--G--G--A-----G--AC-G--C--G--C--T--G--C--G-   907
HIV2D205  --C--T--TACC-A---AT-A--CA-A--G--G--A-----G--GC-C--C--A--C--T--A--T--A-   889
HIV2UC1   --C--T--TACC-A---AT-A--CA-A--G--G--A-----A--AC-T--C--A--C--C--A--T--A-   889
SIVMM251  --T--C--AACA-A---TC-A--TG-A--A--A--G-----A--GC-A--T--G--C--T--A--C--G-   901
SIVMM32H  --T--C--AACA-A---TC-A--TG-A--A--A--A-----A--GC-A--T--G--C--T--A--C--G-   901
SIVMM1A11 --T--C--AACA-A---TC-A--TG-A--A--A--G-----A--GC-A--T--G--C--T--A--C--G-   901
SIVMM142  --T--C--AACA-A---TC-A--TG-A--A--A--G-----A--GC-A--T--G--C--T--A--C--G-   901
SIVMM239  --T--C--AACA-A---TC-A--TG-A--A--A--G-----A--GC-A--T--G--C--T--A--C--G-   901
SIVMNE    --T--C--AACA-G---TC-A--TG-A--A--A--G-----A--GC-A--T--G--C--T--A--C--G-   901
SIVSMMH4  --T--C--AACA-A---TT-A--TG-G--A--A--A-----A--GC-A--T--A--C--C--A--T--A-   904
SIVSMMH9  --T--T--AACA-A---TT-G--TG-G--A--A--A-----A--GT-A--T--A--C--T--A--T--A-   904
SIVSMMPBJ --T--T--AACA-A---TT-G--TG-G--A--A--A-----A--GC-A--T--A--C--T--A--T--A-   904
SIVSTM    --C--T--AGTT-A---TT-A--CG-A--G--A--G-----A--AA-G--C--A--T--T--A--C--G-   907

CONSENSUS TCTAcAAaAGctTaaG?GCAGAaCAaaCAGAtcCagCagTaAA?AAtTGGATGAC?CaaACaCTGCT?aT   922
HIV2ROD   ----C--A--CT-GA-G-----A--AA----TC-AG-AG-G--G--T--------C-AA--A-----AG-   974
HIV2NIHZ  ----C--A--CT-GA-G-----A--AA----TC-AG-AG-A--A--T--------C-AA--A-----AA-   968
HIV2ISY   ----C--A--CT-AA-G-----A--GA----TG-AG-AG-G--G--T--------C-AG--G-----AG-   974
HIV2ST    ----C--G--CT-GA-G-----A--AA----TC-AG-AG-A--A--T--------C-AA--A-----AG-   974
HIV2BEN   ----C--A--CT-GA-G-----A--AA----CC-AG-AG-A--A--T--------C-AA--G-----AA-   974
HIV2CAM2  ----C--A--CT-GA-G-----A--AA----TC-AG-AG-A--A--T--------C-AA--A-----AG-   974
HIV2D194  ----C--A--CC-AA-G-----A--AA----CC-GG-TG-A--A--T--------C-AA--G-----AA-   974
HIV2GH1   ----T--A--CT-GA-G-----A--AA----TC-GG-AG-A--G--C--------C-AA--G-----AA-   977
HIV2D205  ----C--A--CT-AC-G-----A--AA----CC-AG-AG-G--A--T--------A-AA--A-----GA-   959
HIV2UC1   ----C--A--CT-AC-G-----G--AA----CC-AG-AG-G--A--T--------A-AA--A-----AA-   959
SIVMM251  ----C--A--CT-AA-A-----A--AA----TG-AG-AG-A--G--T--------T-AA--A-----GA-   971
SIVMM32H  ----C--A--CT-AA-A-----A--AA----TG-AG-AG-A--G--T--------T-AA--A-----GA-   971
SIVMM1A11 ----C--A--TT-AA-A-----A--GA----TG-AG-AG-A--G--T--------T-AA--A-----GA-   971
SIVMM142  ----C--A--TT-AA-A-----A--AA----TC-AG-AG-A--G--T--------T-AA--A-----GA-   971
SIVMM239  ----C--A--TT-AA-A-----A--GA----TG-AG-AG-A--G--T--------T-AA--A-----GA-   971
SIVMNE    ----C--A--CT-AA-A-----A--AA----TC-AG-AG-A--G--T--------T-AA--A-----GA-   971
SIVSMMH4  ----C--A--TC-AA-A-----G--AA----TC-CG-AG-A--G--T--------C-AA--A-----GA-   974
SIVSMMH9  ----C--G--TC-AA-A-----A--AA----CC-GG-AS-G--A--T--------T-AA--A-----GA-   974
SIVSMMPBJ ----C--G--TC-AA-A-----A--AA----CC-GG-AG-G--A--T--------T-AA--A-----GA-   974
SIVSTM    ----C--G--TT-GA-A-----A--AG----TC-AT-AG-G--A--T--------T-GG--A-----AA-   977
```

```
CONSENSUS tCAaaatgC?AAcCCaCA?TGcAAgtTaGT?cT?AAgGG?cTgGG?atgAAtCCcACc?TAGAaGAaATG   985
HIV2ROD   A--AAATG-C--C--A--C--T--AT-A--GC-A--A--AC-A--GATG--C--T--CT----A--G---  1044
HIV2NIHZ  A--GAATG-C--C--A--T--T--AT-A--AC-A--A--AT-A--AATG--T--T--CT----A--A---  1038
HIV2ISY   G--A...T-G--C--A--C--T--GT-A--AC-A--G--AC-A--GATG--T--T--CT----A--G---  1041
HIV2ST    G--GAATG-C--C--A--C--T--GT-A--AC-A--A--AC-A--GATA--T--T--CT----A--A---  1044
HIV2BEN   A--GAATG-C--C--A--C--C--GT-A--AC-A--A--AC-G--GATG--T--C--CC----A--G---  1044
HIV2CAM2  G--GAATG-C--C--A--C--T--AT-A--AC-A--G--AT-A--GATG--T--T--CT----A--G---  1044
HIV2D194  A--GAATG-C--C--A--C--C--GT-A--AT-A--A--AC-A--GATG--T--C--CC----G--G---  1044
HIV2GH1   A--GAATG-C--C--A--C--C--GT-A--AC-A--A--AC-G--GATG--T--C--CC----A--G---  1047
HIV2D205  T--GAATG-T--C--A--T--C--GT-A--GC-T--G--CT-G--AATG--T--C--CT----G--A---  1029
HIV2UC1   T--GAATG-T--C--A--T--C--GT-A--AC-T--G--CT-A--AATG--T--C--CT----G--A---  1029
SIVMM251  T--AAATG-T--C--A--T--C--GC-A--GC-G--G--GC-G--TGTG--T--C--CC----A--A---  1041
SIVMM32H  T--AAATG-T--C--A--T--C--GT-A--AC-G--G--AC-G--TGTG--T--C--CC----A--A---  1041
SIVMM1A11 T--AAATG-T--C--A--T--C--GC-A--GC-G--G--GC-G--TGTG--T--C--CC----A--A---  1041
SIVMM142  T--AAATG-T--C--A--T--C--GC-A--GC-G--G--GC-G--TACG--T--C--CC----A--A---  1041
SIVMM239  T--AAATG-T--C--A--T--C--GC-A--GC-G--G--GC-G--TGTG--T--C--CC----A--A---  1041
SIVMNE    T--AAATG-T--C--A--T--C--GC-A--GC-G--G--GC-G--TATG--T--C--CC----A--A---  1041
SIVSMMH4  T--AAATG-T--C--A--T--T--AC-A--GC-C--G--TC-G--CATG--T--C--TT----A--A---  1044
SIVSMMH9  T--AAATG-C--C--G--C--T--AT-G--GC-C--G--TC-G--YATA--T--C--TT----A--A---  1044
SIVSMMPBJ T--AAATG-C--C--G--C--T--AT-G--GC-C--G--TC-G--TATA--T--C--TT----A--A---  1044
SIVSTM    T--AAATG-T--T--A--C--C--AT-G--AT-G--A--TC-G--CATG--T--C--CC----A--G---  1047

CONSENSUS cTgAC?gCcTGtCAaGGagTaGG?GGaCCagG?CAgAAagCtAGa?TaATGGCaGAaGCccTgAAaGAgG  1051
HIV2ROD   C-G--CG-C--T--G--GG-A--T--G--AG-C--G--AG-T--AT-A-----A--G--CC-G--A--G-  1114
HIV2NIHZ  C-G--CA-C--T--G--GG-A--G--A--AG-C--G--AG-T--AT-A-----A--A--CC-A--G--G-  1108
HIV2ISY   C-A--CG-C--T--A--GA-A--T--A--AG-C--G--GG-C--AC-A-----A--A--CT-A--A--G-  1111
HIV2ST    C-A--CG-C--T--G--GG-A--T--A--AG-C--G--AG-C--AT-A-----A--A--CT-A--G--G-  1114
HIV2BEN   C-A--CG-C--C--G--GG-A--C--A--AG-C--G--AG-C--GC-A-----T--A--CC-A--A--G-  1114
HIV2CAM2  C-A--TG-C--T--A--AG-A--T--A--AG-C--G--AG-T--AC-A-----A--A--CT-A--G--G-  1114
HIV2D194  C-G--TG-C--C--G--AG-A--C--A--AA-C--G--AG-C--AC-A-----T--A--CC-A--G--G-  1114
HIV2GH1   C-G--TG-C--T--G--GG-A--T--A--AG-C--A--AG-C--AC-A-----C--A--CC-G--G--G-  1117
HIV2D205  C-A--GG-C--C--A--GA-A--A--C--AG-G--G--GG-A--GC-A-----C--A--CT-A--A--G-  1099
HIV2UC1   C-G--GG-C--C--A--GA-A--A--C--AG-G--G--GG-A--GC-A-----T--G--CT-A--A--G-  1099
SIVMM251  C-G--GG-T--T--A--AG-A--G--A--AG-A--G--GG-T--AT-A-----A--A--CC-G--A--G-  1111
SIVMM32H  C-G--GG-T--T--A--AG-A--G--A--AG-A--G--GG-T--AT-A-----A--A--CC-G--A--G-  1111
SIVMM1A11 C-G--GG-T--T--A--AG-A--G--G--AG-A--G--GG-T--AT-A-----A--A--CC-G--A--G-  1111
SIVMM142  C-G--GG-C--T--A--AG-A--G--G--AG-A--G--GG-T--AT-A-----A--A--CC-G--A--G-  1111
SIVMM239  C-G--GG-T--T--A--AG-A--G--G--GG-A--G--GG-T--AT-A-----A--A--CC-G--A--G-  1111
SIVMNE    C-G--GG-T--T--A--AG-A--A--A--AG-A--A--GG-A--AT-A-----A--A--CC-G--A--G-  1111
SIVSMMH4  C-G--AG-C--T--G--AG-A--A--G--AG-A--A--AG-T--GT-A-----A--A--AT-G--A--G-  1114
SIVSMMH9  T-G--AG-C--T--G--AG-A--R--G--AG-A--A--AS-T--AC-A-----A--G--AT-G--A--T-  1114
SIVSMMPBJ T-G--AG-C--T--G--AG-A--A--G--AG-A--A--AG-T--AC-A-----A--G--AT-A--A--T-  1114
SIVSTM    T-A--AG-A--T--A--GG-T--G--A--AG-A--G--AG-T--AC-G-----A--A--CT-G--A--G-  1117
```

HIV2/SIV GAG

```
CONSENSUS cc?T?gcaCcag??Cc?aTcCCaTTtGCaGCaGccCAacAga??g?a??????agaaaG?caaTtaagTg  1106
HIV2ROD   TCA-AGGA-CTGCC-CTA-C--A--C--A--A-CC--GC-G...........AGAAA-GCAT-TAAA-G  1172
HIV2NIHZ  TCA-GGCA-CAGCC-CCA-C--A--T--A--A-CC--GC-G...........AGAAA-ACAT-CAAG-G  1166
HIV2ISY   CCA-GCGA-CAGCC-CTA-C--A--T--A--A-CC--AC-G...........AAAAG-GCAA-TAAG-G  1169
HIV2ST    CCA-GGCA-CAGCC-CCA-C--A--T--A--A-CC--AC-G...........AGAAG-ACAA-TAAG-G  1172
HIV2BEN   CTA-GGGA-CAAGC-CTA-C--A--T--A--A-CC--AC-A...........AGAAA-GCAA-TAGG-A  1172
HIV2CAM2  CCA-GGGA-CACCC-CTA-C--A--C--A--A-CC--GC-G...........AGAAG-ACGA-TAAA-G  1172
HIV2D194  CTT-GACG-CAGCC-CTA-C--A--T--A--A-CC--AC-A...........AGAAG-GCAA-TAGG-G  1172
HIV2GH1   CTT-GACA-CACCC-CTA-C--A--T--A--A-CC--AC-A...........AGAAA-GTAA-TAGG-G  1175
HIV2D205  CCC-AACA-CTGCA-CCA-A--G--T--T--C-TT--AC-AAAAGCAGGGAAGAGAGG-ACAG-GACA-G  1169
HIV2UC1   CCT-AACA-CTGCA-CCA-A--G--T--T--C-CT--AC-AAAAGCAGGAAAGAGAGG-ACGG-GACA-G  1169
SIVMM251  CCC-CGCA-CAGTG-CAA-C--T--T--A--A-CC--GA-GAGGGGACCA...AGAAA-CCAA-TAAG-G  1178
SIVMM32H  CCC-CGCA-CAGTG-CAA-C--T--T--A--A-CC--AC-GAGGGGACCA...AGAAA-CCAA-TAAG-G  1178
SIVMM1A11 CCC-CGCA-CAGTG-CAA-C--T--T--A--A-CC--AC-GAGGGGACCA...AGAAA-CCAA-TAAG-G  1178
SIVMM142  CCC-CGCA-CAGCG-CAA-C--T--T--A--A-CC--AC-GAAGGGACCA...AGAAA-CCAA-TAAG-G  1178
SIVMM239  CCC-CGCA-CAGTG-CAA-C--T--T--A--A-CC--AC-GAGGGGACCA...AGAAA-CCAA-TAAG-G  1178
SIVMNE    CCC-TGCA-CAGGG-CAC-C--T--T--A--A-CC--AC-GAAGGGACCA...AGAAA-CCAA-TAAG-G  1178
SIVSMMH4  CAC-GAGG-CAGAT-AAC-C--A--T--A--A-TC--AC-GAAAGGACAA...AGGAA-ACAA-CAAG-G  1181
SIVSMMH9  CAC-GACG-AAGGG-CAC-C--A--T--R--A-TC--AC-GAAAGGACAA...RGAAA-ATAA-TWAG-G  1181
SIVSMMPBJ CAC-GACG-AAGGG-CAC-C--A--T--A--A-TC--AC-GAAAGGACAA...AGAAA-ATAA-TAAG-G  1181
SIVSTM    TCT-CCAA-CAGAC-CAC-G--C--C--A--A-CC--AC-GCAGGGA......CGAAG-ACAG-AAAA-G  1181

CONSENSUS tTgGAAtTGtgG?AAgga?GGaCACtC?GCaAgaCAaTgcagagccCCtAGAAGaCAgGGcTGcTGGAAa  1173
HIV2ROD   C-G---C--TG-A--GGAA--G---T-G--A-GA--A-GCCGAGCA--T-----G--G--C--C-----G  1242
HIV2NIHZ  C-G---T--TG-A--GGAA--A---T-G--A-GA--A-GGAGCGCG--T-----A--G--C--C-----G  1236
HIV2ISY   T-G---T--TG-A--GGAA--G---T-G--A-GA--A-GCCGAGCG--T-----A--G--C--C-----A  1239
HIV2ST    C-G---T--CG-A--GGAA--G---T-G--A-GA--A-GCCGAGCA--T-----A--A--C--C-----A  1242
HIV2BEN   T-G---C--TG-A--GGAG--A---T-G--A-GA--G-GCCGAGCA--T-----A--G--C--C-----G  1242
HIV2CAM2  C-G---T--TG-G--GGAG--G---T-G--A-GA--A-GCCGAGCA--T-----G--G--C--C-----G  1242
HIV2D194  T-G---T--TG-A--GGAG--A---T-G--G-AA--G-GCCGAGCA--C-----A--G--C--C-----G  1242
HIV2GH1   T-G---C--CG-A--GGAG--A---T-G--G-GA--G-GCCGAGCG--T-----A--G--C--C-----A  1245
HIV2D205  C-G---C--TG-C--ACAG--A---A-A--C-GG--A-GCAGGGCC--T-----A--G--A--C-----A  1239
HIV2UC1   C-G---C--TG-C--GGTA--A---A-A--C-AG--A-GCAGGGCC--T-----A--G--A--C-----A  1239
SIVMM251  T-G---T--TG-G--GGAG--A---T-T--A-GG--A-GCAGAGCC--A-----A--G--A--C-----A  1248
SIVMM32H  T-G---T--TG-G--AGAA--A---T-T--A-GG--A-GCAGAGCC--A-----A--G--A--C-----A  1248
SIVMM1A11 T-G---T--TG-G--AGAG--A---T-T--A-GG--A-GCAGAGCC--A-----A--G--A--C-----A  1248
SIVMM142  T-G---T--TG-G--GGAA--A---T-T--A-GG--A-GCAGAGCC--A-----A--G--A--C-----A  1248
SIVMM239  T-G---T--TG-G--AGAG--A---T-T--A-GG--A-GCAGAGCC--A-----A--G--A--C-----A  1248
SIVMNE    T-G---T--TG-G--AGAG--A---T-T--A-GG--A-GCAGAACC--A-----A--G--C--C-----A  1248
SIVSMMH4  T-G---T--TG-A--GGAG--A---T-T--A-AA--A-GCAGGGCC--T-----A--G--C--C-----G  1251
SIVSMMH9  T-R---C--TR-A--GGAA--A---T-T--A-GA--A-TCAGAGCC--T-----A--R--C--C-----G  1251
SIVSMMPBJ T-G---C--TG-A--GGAA--A---T-T--A-GA--A-GCAGAGCC--T-----A--G--C--C-----G  1251
SIVSTM    C-G---T--TG-G--AGCA--G---A-T--A-AA--G-GTAAAGGC--G-----A--A--T--T-----A  1251
```

```
                                                    pol orf ->
CONSENSUS TGTGGaaAa?caGg?CAtgt?ATGgC?AAaTGCCCagA?AGACAgGcgGGTTTTTTAGGg?TtGGcCcat   1237
HIV2ROD   -----TA-GCCA-GA--CATC---A-A--C-----AG-T-----G-CA----------AC-G--C-CTT   1312
HIV2NIHZ  -----TA-GTCA-GA--TGTC---G-A--T-----AG-T-----G-CT----------GA-T--C-ACT   1306
HIV2ISY   -----CA-GTCA-GA--CATC---G-A--C-----AG-T-----G-CT----------GC-T--A-CAT   1309
HIV2ST    -----CA-GGCA-GA--CATC---G-A--A-----AG-A-----G-CG----------GT-G--C-CAT   1312
HIV2BEN   -----CA-GCCA-GA--CATC---G-A--C-----GG-A-----G-CA----------GT-G--C-CAC   1312
HIV2CAM2  -----CA-GCCA-GA--CATC---A-A--T-----TG-T-----G-CG----------GA-T--C-CCT   1312
HIV2D194  -----CA-GTCA-GA--CATC---G-A--C-----GG-A-----G-CA----------GA-G--C-CAC   1312
HIV2GH1   -----CA-GACA-GA--CGTC---G-A--A-----AG-A-----G-CA----------GA-G--T-CAT   1315
HIV2D205  -----AA-AACA-GA--CATC---T-A--A-----AG-A-----G-CG----------GT-A--A-CCT   1309
HIV2UC1   -----AA-ACAA-GA--CATC---T-A--A-----AG-A-----G-CT----------GT-A--A-CCT   1309
SIVMM251  -----AA-AATG-AC--TGTT---G-C--A-----AG-C-----G-CG----------CC-T--T-CAT   1318
SIVMM32H  -----AA-AATG-AC--TGTT---G-C--A-----AG-C-----G-CG----------CC-T--T-CAT   1318
SIVMM1A11 -----AA-AATG-AC--TGTT---G-C--A-----AG-C-----G-CG----------CC-T--T-CAT   1318
SIVMM142  -----AA-AATG-AC--TGTT---G-C--A-----AA-C-----G-CG----------CC-T--C-CTT   1318
SIVMM239  -----AA-AATG-AC--TGTT---G-C--A-----AG-C-----G-CG----------CC-T--T-CAT   1318
SIVMNE    -----AC-AATG-GC--TGTT---G-C--A-----AG-C-----G-CA----------CT-T--C-CAT   1318
SIVSMMH4  -----AA-AACG-GT--TGTT---G-C--A-----TG-A-----G-CG----------GC-T--C-CAT   1321
SIVSMMH9  -----AA-AGCA-GC--TGTT---G-T--A-----CG-A-----G-CG----------GC-T--C-CAT   1321
SIVSMMPBJ -----AA-AGCA-GC--TGTT---G-T--A-----CG-A-----A-CG----------GC-T--C-CAT   1321
SIVSTM    -----AC-ACAG-GC--TCAG---G-C--A-----AG-A-----G-TG----------CT-T--C-CAT   1321

CONSENSUS GGGGAAAGaAGcCcCgCAAtTTCCCcatGgccCaagtgcctCaGGGgcTg??????????????????   1287
HIV2ROD   --------A--C-C-G---C-----CGT-GCC-AAGTTCCG-A---GC-G.....................   1362
HIV2NIHZ  --------A--G-C-G---C-----CGC-GCC-AAGTCCCG-A---GC-A.....................   1356
HIV2ISY   --------A--C-C-G---C-----CGT-GTC-CAAGTTCG-A---GC-A.....................   1359
HIV2ST    --------A--C-C-G---T-----TGT-GCC-AAATCCCG-A---GC-G.....................   1362
HIV2BEN   --------A--C-T-G---C-----CGT-ACC-AAGCCCCT-A---GC-G.....................   1362
HIV2CAM2  --------A--C-C-G---T-----CGT-GCC-AAGTTCCA-A---GC-A.....................   1362
HIV2D194  --------C--C-C-G---C-----CGC-GCC-AAGCTCCT-A---GC-G.....................   1362
HIV2GH1   --------A--C-C-G---C-----CGT-GCC-AAGCTCCT-C---GC-G.....................   1365
HIV2D205  --------A--C-T-G---C-----CAT-ACC-AAGTGCCT-A---AG-GACACCATCTGCACCCCCGAT   1379
HIV2UC1   --------A--C-T-G---C-----CAT-ACC-AAGTGCCT-A---AG-GACACCATCTGCACCCCCGAT   1379
SIVMM251  --------A--C-C-G---T-----CAT-GCT-AAGTGCAT-A---GC-G.....................   1368
SIVMM32H  --------A--C-C-G---T-----CAT-GCT-AAGTGCAT-A---GC-G.....................   1368
SIVMM1A11 --------A--C-C-G---T-----CAT-GCT-AAGTGCAT-A---GC-G.....................   1368
SIVMM142  --------A--C-C-G---T-----CAT-GCT-AAGTGCAT-A---GC-G.....................   1368
SIVMM239  --------A--C-C-G---T-----CAT-GCT-AAGTGCAT-A---GC-G.....................   1368
SIVMNE    --------A--C-C-G---T-----CAT-GCC-AAATGCAT-A---GC-G.....................   1368
SIVSMMH4  --------A--C-C-G---T-----CAT-GCC-AGATGCCT-A---GC-G.....................   1371
SIVSMMH9  --------A--C-C-G---T-----CAT-GCC-AGATGCCT-A---GC-G.....................   1371
SIVSMMPBJ --------A--C-C-G---T-----CAT-GCC-AGATGCCT-A---GC-G.....................   1371
SIVSTM    --------A--C-C-A---C-----CAT-GCC-AAATACCT-A---GC-G.....................   1371
```

HIV2/SIV GAG

```
CONSENSUS ??????????????????????????????????AcaCCAaCtGC?CCcCCag?gGAtCCAGc?GtGGAt   1320
HIV2ROD   ..................................-CA---A-A--A--C--AGTG--T----CA-T---T   1398
HIV2NIHZ  ..................................-CA---A-A--A--C--ATTG--T----CA-T---C   1392
HIV2ISY   ..................................-CA---A-A--A--C--AATG--T----CA-T---C   1395
HIV2ST    ..................................-CA---A-A--A--C--GATA--C----TA-A---C   1398
HIV2BEN   ..................................-TA---A-A--A--T--GGCA--T----CA-C---A   1398
HIV2CAM2  ..................................-CA---A-A--A--C--ATTG--T----CA-T---T   1398
HIV2D194  ..................................-TA---A-A--A--C--AATA--T----CA-T---C   1398
HIV2GH1   ..................................-TA---A-A--A--C--AGCA--T----CA-T---T   1401
HIV2D205  GAACCCAGCAGAGGGCATGACACCTCGGGGGGCG-CA---T-T--G--C--TGCA--T----CA-T---G   1449
HIV2UC1   GGACCCAGCAGAGGGCATGACACCTCGGGGGGCG-CA---T-T--G--C--TGCA--T----CA-T---G   1449
SIVMM251  ..................................-CG---A-T--T--C--AGAG--C----CT-T---T   1404
SIVMM32H  ..................................-CG---A-T--T--C--AGAG--C----CT-T---T   1404
SIVMM1A11 ..................................-CG---A-T--T--C--AGAG--C----CT-T---T   1404
SIVMM142  ..................................-CG---A-T--T--C--AGAA--A----CT-T---T   1404
SIVMM239  ..................................-TG---A-T--T--C--AGAG--C----CT-T---T   1404
SIVMNE    ..................................-CG---A-T--T--C--AGAG--C----CT-T---T   1404
SIVSMMH4  ..................................-TA---A-T--T--C--AGAG--T----CT-T---T   1407
SIVSMMH9  ..................................-CA---A-T--T--Y--AGAG--T----CT-T---T   1407
SIVSMMPBJ ..................................-CA---A-T--T--C--AGAG--T----CT-T---T   1407
SIVSTM    ..................................-CG---A-T--C--T--AGAA--C----CT-C---T   1407

CONSENSUS cTgcTgaagAa?TAcATGcAg?tgGG?AaaaagCAgAGaGAg???????????aacagagagAgaCC?T   1374
HIV2ROD   C-AC-GGAG-AA--T---C-GCAA--G-AAAGA--G--A--G............CAGAGAGAG-GA--A-   1456
HIV2NIHZ  C-AC-GGAG-AA--T---C-GCAA--A-AAAGG--A--G--G............CAGAGAGAG-GA--G-   1450
HIV2ISY   C-AC-GGAG-AG--C---C-GCAA--G-GAAAA--G--A--G............CAGAGACAA-GA--A-   1453
HIV2ST    C-AC-AGAG-AG--C---C-GCAA--G-AAAGG--G--A--G............CAGAGAGAG-GG--A-   1456
HIV2BEN   C-GT-GGAG-GA--T---C-GCAA--G-GAAAG--G--G--G............CAGAGGGAG-GA--A-   1456
HIV2CAM2  C-AC-GGAG-AA--T---C-GCAA--G-AAAGG--G--G--G............CAGAGACAG-GA--A-   1456
HIV2D194  C-GT-GGAG-AA--T---C-GCAA--G-GAAAG--G--A--G............CAGAGGGAG-GA--A-   1456
HIV2GH1   C-AT-GGAA-GA--T---C-GCAG--G-GAGAG--G--G--G............CAGAGGGAG-GA--A-   1459
HIV2D205  A-GC-GAAA-GT--C---C-GATG--G-GACAA--G--A--G............AGCCGAGAG-GA--C-   1507
HIV2UC1   A-GC-GAAA-GC--C---A-GATG--G-GACAG--G--A--G............AGCCGAGAG-GA--C-   1507
SIVMM251  C-GC-AAAG-AC--C---C-GTTG--C-AGCAG--G--A--A............AGCAGAGAG-AG--T-   1462
SIVMM32H  C-GC-AAAG-AC--C---C-GCTG--C-AGCAG--G--A--AAAGCAGAGAGAAAGCAGAGAG-AG--T-   1474
SIVMM1A11 C-GC-AAAG-AC--C---C-GTTG--C-AGCAG--G--A--AAAACAGAGAGAAAGCAGAGAG-AG--T-   1474
SIVMM142  C-GC-AAAG-AC--C---C-CTTG--C-AGCAG--G--A--A............AGCAGAGGG-AG--T-   1462
SIVMM239  C-GC-AAAG-AC--C---C-GTTG--C-AGCAG--G--A--AAAGCAGAGAGAAAGCAGAGAG-AG--T-   1474
SIVMNE    C-GC-AAAA-AC--C---C-GTTG--C-AACAG--G--A--A............AGCAAAAGG-AG--T-   1462
SIVSMMH4  C-AC-GAAG-AT--C---A-GATG--C-GAAAG--G--G--G............AACAGAGAG-GA--T-   1465
SIVSMMH9  C-AC-GAAG-AT--C---A-GGTG--C-GAAGG--G--G--G............AACAGAGAG-GA--T-   1465
SIVSMMPBJ C-AC-GAAG-AT--C---A-GATG--C-GAAGG--G--G--G............AACAGAGAG-GA--T-   1465
SIVSTM    C-GC-GAGA-GT--C---C-GCTG--C-AGAAG--G--A--G............AGCAGGAAG-CA--C-   1465
```

```
CONSENSUS ACAAgGAggTg??????????????????????????????????????????????????????ACaGA   1390
HIV2ROD   ----G--AG-GACAGAGGACTTACTGCACCTCGAGCAGGGGGAGACACCATACAGGGAGCCACCA--A--   1526
HIV2NIHZ  ----G--AG-GACAGAGGACTTACTGCGTTTCGAGCAGGCAGAGACACCATGCAGGGAG...ACG--A--   1517
HIV2ISY   ----A--AG-GACAGAGGACTTGCTGCATCTCGAGCAAGGAGAGACACCACACAGAGAG...ACG--A--   1520
HIV2ST    ----A--AG-GACAGAGGACTTCCTGCAGCTCGAGAAACAAGAGACACCATGCAGAGAG...ACG--A--   1523
HIV2BEN   ----A--GG-GACGGAGGACTTGCTGCACCTCGAGCAGAGAGAGACACCTCACAGAGAG...GAG--A--   1523
HIV2CAM2  ----A--GG-GACAGAGGACTTACTGCACCTCGAACAAGGAGAGGCCCCATGCAGGGAG...ACA--A--   1523
HIV2D194  ----G--GG-GACGGAGGACTTACTGCACCTCGAGCAGGGAGAGACGCCCCACAGAGGG...GCG--A--   1523
HIV2GH1   ----A--GG-GACGGAAGACTTACTGCACCTCGAGCAGGGAAAAGCACCTCACAGAGAG...GCG--A--   1526
HIV2D205  ----G--GG-G.....................................................--A--   1523
HIV2UC1   ----G--GG-G.....................................................--A--   1523
SIVMM251  ----G--GG-G.....................................................--A--   1478
SIVMM32H  ----G--GG-G.....................................................--A--   1490
SIVMM1A11 ----G--GA-G.....................................................--A--   1490
SIVMM142  ----G--GG-G.....................................................--A--   1478
SIVMM239  ----G--GG-G.....................................................--A--   1490
SIVMNE    ----G--GG-G.....................................................--A--   1478
SIVSMMH4  ----G--GG-G.....................................................--A--   1481
SIVSMMH9  ----G--GG-A.....................................................--G--   1481
SIVSMMPBJ ----G--GG-A.....................................................--G--   1481
SIVSTM    ----G--GG-G.....................................................--A--   1481

CONSENSUS GGAtTTGCTgCACCTCAATTCTCTCTTTGGAgaaGACCAg*    1430
HIV2ROD   ---C-----G-------------------AAA----G-    1566
HIV2NIHZ  ---C-----G-------------------AAA----G-    1557
HIV2ISY   ---C-----G-------------------AAC----G-    1560
HIV2ST    ---C-----G-------------------AAA----G-    1563
HIV2BEN   ---C-----G-------------------AAA----G-    1563
HIV2CAM2  ---C-----G-------------------AAA----G-    1563
HIV2D194  ---C-----A-------------------AAA----G-    1563
HIV2GH1   ---C-----G-------------------AAA----G-    1566
HIV2D205  ---T-----G-------------------GAA----G-    1563
HIV2UC1   ---T-----G-------------------GAA----G-    1563
SIVMM251  ---T-----G-------------------GGA----G-    1518
SIVMM32H  ---T-----G-------------------GGA----G-    1530
SIVMM1A11 ---T-----G-------------------GGA----G-    1530
SIVMM142  ---T-----G-------------------GGA----G-    1518
SIVMM239  ---T-----G-------------------GGA----G-    1530
SIVMNE    ---T-----G-------------------GAA----G-    1518
SIVSMMH4  ---T-----G-------------------GAA----G-    1521
SIVSMMH9  ---T-----G-------------------GAA----G-    1521
SIVSMMPBJ ---T-----G-------------------GAA----A-    1521
SIVSTM    ---T-----G-------------------GAA----G-    1521
```

HIV2/SIV POL

HIV2/SIV POL

Two sequence subtypes are currently recognized among HIV-2s, A and B. A sequences are the prototypical HIV-2 sequences; UC-1 and D205 are representative of the B subtype. Further classification is anticipated. Splice sites annotated below have been determined for SIV.

```
CONSENSUS GTGTTGGAATTGTGGgAA?GAgGGACACTCtGCaAggCAaTGCaGAgccCCaAGAAGACAgGGaTGcTGG     69
HIV2ROD                                                                            0
HIV2NIHZ                                                                           0
HIV2ISY                                                                            0
HIV2ST                                                      ------A--C--C---      16
HIV2BEN                                                     ------G--C--C---      16
HIV2CAM2                                                                           0
HIV2D194  ---------------A--G--G--------G--G-AA--G---C--GCA--C--------G--C--C---     70
HIV2GH1                                                     ------G--C--C---      16
HIV2D205                                                    ------G--A--C---      16
HIV2UC1                                                     ------G--A--C---      16
SIVMM251  ---------------G--G--G--------T--A-GG--A---A--GCC--A--------G--A--C---     70
SIVMM142  ---------------G--G--A--------T--A-GG--A---A--GCC--A--------G--A--C---     70
SIVMM239  ---------------G--A--G--------T--A-GG--A---A--GCC--A--------G--A--C---     70
SIVMM32H  ---------------G--A--A--------T--A-GG--A---A--GCC--A--------G--A--C---     70
SIVMNE    ---------------G--A--G--------T--A-GG--A---A--ACC--A--------G--C--C---     70
SIVSMMH4                                                                           0
SIVSMMH9                                                                           0
SIVSMMPBJ                                                                          0
SIVSTM                                              -GGC--G--------A--T--T---      25

CONSENSUS AAaTGTGGaaAaa??Gg?CA?gtcATGgC?AAaTGCCCagAaAGACAgGcgGGTTTTTTTAGGg?TtGGcC    133
HIV2ROD                                          ---G-CA-----------AC-G--C-        26
HIV2NIHZ                                         ---G-CT-----------GA-T--C-        26
HIV2ISY                                          ---G-CT-----------GC-T--A-        26
HIV2ST    --A-----CA-GGCA-GA--CATC---G-A--A-----AG-A-----G-CG-----------GT-G--C-     86
HIV2BEN   --G-----CA-GCCA-GA--CATC---G-A--C-----GG-A-----G-CA-----------GT-G--C-     86
HIV2CAM2                                         ---G-CG-----------GA-T--C-        26
HIV2D194  --G-----CA-GTCA-GA--CATC---G-A--C-----GG-A-----G-CA-----------GA-G--C-    140
HIV2GH1   --A-----CA-GACA-GA--CGTC---G-A--A-----AG-A-----G-CA-----------GA-G--T-     86
HIV2D205  --A-----AA-AACA-GA--CATC---T-A--A-----AG-A-----G-CG-----------GT-A--A-     86
HIV2UC1   --A-----AA-ACAA-GA--CATC---T-A--A-----AG-A-----G-CT-----------GT-A--A-     86
SIVMM251  --A-----AA-AATG-AC--TGTT---G-C--A-----AG-C-----G-CG-----------CC-T--T-    140
SIVMM142  --A-----AA-AATG-AC--TGTT---G-C--A-----AA-C-----G-CG-----------CC-T--C-    140
SIVMM239  --A-----AA-AATG-AC--TGTT---G-C--A-----AG-C-----G-CG-----------CC-T--T-    140
SIVMM32H  --A-----AA-AATG-AC--TGTT---G-C--A-----AG-C-----G-CG-----------CC-T--T-    140
SIVMNE    --A-----AC-AATG-GC--TGTT---G-C--A-----AG-C-----G-CA-----------CT-T--C-    140
SIVSMMH4                                      A-----G-CG-----------GC-T--C-        29
SIVSMMH9                                 A-----CG-A-----G-CG-----------GC-T--C-     38
SIVSMMPBJ                                A-----CG-A-----A-CG-----------GC-T--C-     38
SIVSTM    --A-----AC-ACAG-GC--TCAG---G-C--A-----AG-A-----G-TG-----------CT-T--C-     95
```

```
CONSENSUS catGGGGAAAGaAGcCcCgCAAtTTCCCcatGgccCaagtgcctCaGGGgcTgAcaCCAaCtGCaCCcCC  203
HIV2ROD   CTT--------A--C-C-G---C-----CGT-GCC-AAGTTCCG-A---GC-G-CA---A-A--A--C--   96
HIV2NIHZ  ACT--------A--G-C-G---C-----CGC-GCC-AAGTCCCG-A---GC-A-CA---A-A--A--C--   96
HIV2ISY   CAT--------A--C-C-G---C-----CGT-GTC-CAAGTTCG-A---GC-A-CA---A-A--A--C--   96
HIV2ST    CAT--------A--C-C-G---T-----TGT-GCC-AAATCCCG-A---GC-G-CA---A-A--A--C--  156
HIV2BEN   CAC--------A--C-T-G---C-----CGT-ACC-AAGCCCCT-A---GC-G-TA---A-A--A--T--  156
HIV2CAM2  CCT--------A--C-C-G---T-----CGT-GCC-AAGTTCCA-A---GC-A-CA---A-A--A--C--   96
HIV2D194  CAC--------C--C-C-G---C-----CGC-GCC-AAGCTCCT-A---GC-G-TA---A-A--A--C--  210
HIV2GH1   CAT--------A--C-C-G---C-----CGT-GCC-AAGCTCCT-C---GC-G-TA---A-A--A--C--  156
HIV2D205  CCT--------A--C-T-G---C-----CAT-ACC-AAGTGCCT-A---AG-G-CA---T-T--A--C--  156
HIV2UC1   CCT--------A--C-T-G---C-----CAT-ACC-AAGTGCCT-A---AG-G-CA---T-T--A--C--  156
SIVMM251  CAT--------A--C-C-G---T-----CAT-GCT-AAGTGCAT-A---GC-G-CG---A-T--T--C--  210
SIVMM142  CTT--------A--C-C-G---T-----CAT-GCT-AAGTGCAT-A---GC-G-CG---A-T--T--C--  210
SIVMM239  CAT--------A--C-C-G---T-----CAT-GCT-AAGTGCAT-A---GC-G-TG---A-T--T--C--  210
SIVMM32H  CAT--------A--C-C-G---T-----CAT-GCT-AAGTGCAT-A---GC-G-CG---A-T--T--C--  210
SIVMNE    CAT--------A--C-C-G---T-----CAT-GCC-AAATGCAT-A---GC-G-CG---A-T--T--C--  210
SIVSMMH4  CAT--------A--C-C-G---T-----CAT-GCC-AGATGCCT-A---GC-G-TA---A-T--T--C--   99
SIVSMMH9  CAT--------A--C-C-G---T-----CAT-GCC-AGATGCCT-A---GC-G-CA---A-T--T--Y--  108
SIVSMMPBJ CAT--------A--C-C-G---T-----CAT-GCC-AGATGCCT-A---GC-G-CA---A-T--T--C--  108
SIVSTM    CAT--------A--C-C-A---C-----CAT-GCC-AAATACCT-A---GC-G-CG---A-T--C--T--  165

CONSENSUS ag?ggAtCCAGcaGtGGatcTgctg?agaa?tacatGcagc?ggg?aaaaa???????????gCagaga  256
HIV2ROD   AGTGG-T----CA-T--ATC-ACTGGAGAAATATAT-CAGCAAGGGAAAAG.............A-AGAGA  154
HIV2NIHZ  ATTGG-T----CA-T--ACC-ACTGGAGAAATATAT-CAGCAAGGAAAAAG.............G-AAAGG  154
HIV2ISY   AATGG-T----CA-T--ACC-ACTGGAGAAGTACAT-CAGCAAGGGAGAAA.............A-AGAGA  154
HIV2ST    GATAG-C----TA-A--ACC-ACTAGAGAAGTACAT-CAGCAAGGGAAAAG.............G-AGAGA  214
HIV2BEN   GGCAG-T----CA-C--AAC-GTTGGAGAGATATAT-CAGCAAGGGAGAAA.............G-AGAGG  214
HIV2CAM2  ATTGG-T----CA-T--ATC-ACTGGAGAAATATAT-CAGCAAGGGAAAAG.............G-AGAGG  154
HIV2D194  AATAG-T----CA-T--ACC-GTTGGAGAAATATAT-CAGCAAGGGAGAAA.............G-AGAGA  268
HIV2GH1   AGCAG-T----CA-T--ATC-ATTGGAAAGATATAT-CAGCAGGGGAGAGA.............G-AGAGG  214
HIV2D205  GATGA-C----CA-A--GCA-GACACCTCGGGGGGC-ACACCATCTGCGCC.............C-CTGCA  214
HIV2UC1   GATGG-C----CA-A--GCA-GACACCTCGGGGGGC-ACACCATCTGCGCC.............C-CTGCA  214
SIVMM251  AGAGG-C----CT-T--ATC-GCTAAAGAACTACAT-CAGTTGGGCAAGCA.............G-AGAGA  268
SIVMM142  AGAAG-A----CT-T--ATC-GCTAAAGAACTACAT-CACTTGGGCAAGCA.............G-AGAGA  268
SIVMM239  AGAGG-C----CT-T--ATC-GCTAAAGAACTACAT-CAGTTGGGCAAGCAGCAGAGAGAAAAG-AGAGA  280
SIVMM32H  AGAGG-C----CT-T--ATC-GCTAAAGAACTACAT-CAGCTGGGCAAGCAGCAGAGAGAAAAG-AGAGA  280
SIVMNE    AGAGG-C----CT-T--ATC-GCTAAAAAACTACAT-CAGTTGGGCAAACA.............G-AGAGA  268
SIVSMMH4  AGAGG-T----CT-T--ATC-ACTGAAGAATTACAT-AAGATGGGCAGAAA.............G-AGAGG  157
SIVSMMH9  AGAGG-T----CT-T--ATC-ACTGAAGAATTACAT-AAGGTGGGCAGAAG.............G-AGAGG  166
SIVSMMPBJ AGAGG-T----CT-T--ATC-ACTGAAGAATTACAT-AAGATGGGCAGAAG.............G-AGAGG  166
SIVSTM    AGAAG-C----CT-C--ATC-GCTGAGAAGTTACAT-CAGCTGGGCAAGAA.............G-AGAGA  223

CONSENSUS GAgca?agagagagacc?tacAAggaggt?a???a???????????c????????ga????????a????c  290
HIV2ROD   --GCAGAGAGAGAGACCATAC--GGAAGTGACAGAGGACTTACTGCACCT...CGAGCAGGGGGAGACAC  221
HIV2NIHZ  --GCAGAGAGAGAGACCGTAC--GGAAGTGACAGAGGACTTACTGCGTTT...CGAGCAGGCAGAGACAC  221
HIV2ISY   --GCAGAGACAAAGACCATAC--AGAAGTGACAGAGGACTTGCTGCATCT...CGAGCAAGGAGAGACAC  221
HIV2ST    --GCAGAGAGAGAGGCCATAC--AGAAGTGACAGAGGACTTCCTGCAGCT...CGAGAAACAAGAGACAC  281
HIV2BEN   --GCAGAGGGAGAGACCATAC--AGAGGTGACGGAGGACTTGCTGCACCT...CGAGCAGAGAGAGACAC  281
HIV2CAM2  --GCAGAGACAGAGACCATAC--AGAGGTGACAGAGGACTTACTGCACCT...CGAACAAGGAGAGGCCC  221
HIV2D194  --GCAGAGGGAGAGACCATAC--GGAGGTGACGGAGGACTTACTGCACCT...CGAGCAGGGAGAGACGC  335
HIV2GH1   --GCAGAGGGAGAGACCATAC--AGAGGTGACGGAAGACTTACTGCACCT...CGAGCAGGGAAAAGCAC  281
HIV2D205  --TCCAGCAGTGGAGATGCTG--AAGTTACATGCAGATGGGGAGACAACAGAGAGAGAGCCGAGAGAGAC  284
HIV2UC1   --TCCAGCAGTGGAGATGCTG--AAGCTACATGAAGATGGGGAGACAGCAGAGAGAGAGCCGAGAGAGAC  284
SIVMM251  --AAGCAGAGAGAAGCCTTAC--GGAGGT.....................................  297
SIVMM142  --AAGCAGAGGGAAGCCTTAC--GGAGGT.....................................  297
SIVMM239  --AAGCAGAGAGAAGCCTTAC--GGAGGT.....................................  309
SIVMM32H  --AAGCAGAGAGAAGCCTTAC--GGAGGT.....................................  309
SIVMNE    --AAGCAAAAGGAAGCCTTAC--GGAGGT.....................................  297
SIVSMMH4  --GAACAGAGAGAGACCTTAC--GGAGGT.....................................  186
SIVSMMH9  --GAACAGAGAGAGACCTTAC--GGAGGT.....................................  195
SIVSMMPBJ --GAACAGAGAGAGACCTTAC--GGAGGT.....................................  195
SIVSTM    --GAGCAGGAAGACACCCTAC--GGAGGT.....................................  252
```

HIV2/SIV POL

```
CONSENSUS c???ca??g???????gACaGAGGAtTTGCTgCACCTCAATTCTCTCTTTGGAgaaGACCAgTAGTCAca   348
HIV2ROD   CATACAGGGAGCCACCA--A-----C-----G--------------------AAA-----G------CA   291
HIV2NIHZ  CATGCAGGGA...GACG--A-----C-----G--------------------AAA-----G------CA   288
HIV2ISY   CACACAGAGA...GACG--A-----C-----G--------------------AAC-----G------CA   288
HIV2ST    CATGCAGAGA...GACG--A-----C-----G--------------------AAA-----G------CA   348
HIV2BEN   CTCACAGAGA...GGAG--A-----C-----G--------------------AAA-----G------CA   348
HIV2CAM2  CATGCAGGGA...GACA--A-----C-----G--------------------AAA-----G------CA   288
HIV2D194  CCCACAGAGG...GGCG--A-----C-----A--------------------AAA-----G------CA   402
HIV2GH1   CTCACAGAGA...GGCG--A-----C-----G--------------------AAA-----G------CA   348
HIV2D205  CCTACAAGGA...GGTG--A-----T-----G--------------------GAA-----G------AA   351
HIV2UC1   CCTACAAGGA...GGTG--A-----T-----G--------------------GAA-----G------GA   351
SIVMM251  ..............G--A-----T-----G--------------------GGA-----G------CT   351
SIVMM142  ..............G--A-----T-----G--------------------GGA-----G------CT   351
SIVMM239  ..............G--A-----T-----G--------------------GGA-----G------CT   363
SIVMM32H  ..............G--A-----T-----G--------------------GGA-----G------CT   363
SIVMNE    ..............G--A-----T-----G--------------------GAA-----G------CT   351
SIVSMMH4  ..............G--A-----T-----G--------------------GAA-----G------CT   240
SIVSMMH9  ..............A--G-----T-----G--------------------GAA-----G------CT   249
SIVSMMPBJ ..............A--G-----T-----G--------------------GAA-----A------CG   249
SIVSTM    ..............G--A-----T-----G--------------------GAA-----G------CA   306

CONSENSUS GC?tacaTtGAgGg?CAGcC?gtaGAAGTatTatTaGAcACAgGgGcTgAtGAcTCaATaGTagCaGGaa   415
HIV2ROD   --ATACA-T--G-GT---C-AGTA-----CT-GT-A--C---G-G-C-G-C--C--A--A--AG-A--AA   361
HIV2NIHZ  --ACACA-T--G-GT---C-AGTA-----TT-GT-A--C---A-G-C-A-C--C--A--A--AG-A--AA   358
HIV2ISY   --ATACA-T--G-AT---C-AGTA-----TT-AC-A--C---G-G-C-G-C--C--A--A--AG-A--AA   358
HIV2ST    --ACATG-T--G-GC---C-AGTA-----TT-GC-A--C---G-G-C-G-C--C--A--A--AG-A--CG   418
HIV2BEN   --GTACA-C--G-AT---C-GGTA-----CT-AC-A--C---G-G-C-G-T--C--A--A--AG-A--AA   418
HIV2CAM2  --ACACA-T--G-GT---C-AGTA-----TT-GT-A--C---G-G-C-G-T--C--A--A--AG-A--AA   358
HIV2D194  --ATTCA-C--G-AT---C-GGTA-----CT-AC-A--C---G-A-C-G-T--C--A--A--AG-A--AA   472
HIV2GH1   --ATACA-C--G-TA---C-GGTA-----CT-AT-A--C---G-G-C-G-T--C--A--A--GG-A--AA   418
HIV2D205  --ATGTA-C--G-GT---T-AGTA-----AT-AC-A--C---G-A-T-G-C--C--A--A--AG-A--GA   421
HIV2UC1   --ATGTA-C--G-GT---C-AGTG-----AT-AC-A--C---G-A-C-G-C--C--A--A--AG-A--AA   421
SIVMM251  --TCATA-T--A-GA---C-TGTA-----AT-AT-G--T---G-G-C-G-T--T--T--T--AA-A--AA   421
SIVMM142  --TCATA-T--A-GA---C-TGTA-----AT-AT-A--T---G-G-C-G-T--T--T--T--AA-A--AA   421
SIVMM239  --TCATA-T--A-GA---C-TGTA-----AT-AC-G--T---G-G-C-G-T--T--T--T--AA-A--AA   433
SIVMM32H  --TCATA-T--A-GA---C-TGTA-----AT-AC-A--T---G-G-C-G-T--T--T--T--AA-A--AA   433
SIVMNE    --TCATA-T--G-GA---C-TGCA-----AT-AT-A--T---G-G-C-G-T--T--T--T--AG-A--AA   421
SIVSMMH4  --CTACA-T--A-AA---C-CGTA-----AT-AT-A--T---G-G-C-G-C--T--A--T--AG-A--GA   310
SIVSMMH9  --CTACA-T--A-AA---C-CATA-----AT-AT-A--T---G-G-C-G-T--T--A--T--AG-A--GA   319
SIVSMMPBJ --CTACA-T--A-AA---C-CGTA-----AT-AT-A--T---G-G-C-G-T--T--A--T--AG-A--GA   319
SIVSTM    --CCATA-T--G-GT---C-TGTA-----AC-AT-G--C---G-G-C-G-C--C--A--A--GG-G--GA   376

CONSENSUS TagAgtTaGGt??caAtTAtaccCCaAAaaTAGTaGGaGGaATAGGaGG?TTcATaAAtACcAAaGAata   482
HIV2ROD   -AG-GT-A--GAACA-T--TAGC--A--AA----A--G--A-----G--A--C--A--T--C--G--ATA   431
HIV2NIHZ  -AG-GT-A--GAGCA-T--TAGT--A--AA----A--A--A-----G--A--C--A--T--C--G--ATA   428
HIV2ISY   -AG-GT-A--GAGCA-T--TAGT--A--AA----A--G--A-----A--A--C--A--T--C--A--ATA   428
HIV2ST    -AG-GT-A--GAGCA-T--TAGT--A--GA----A--G--A-----G--A--C--A--T--C--A--ATA   488
HIV2BEN   -AG-AT-A--GGACA-T--CACT--A--AA----A--G--A-----G--A--T--A--C--C--A--ATA   488
HIV2CAM2  -AG-AT-A--GAGCA-T--TAGC--A--AA----G--G--A-----A--A--C--A--T--C--A--ATA   428
HIV2D194  -AG-GT-A--GGACA-T--CACT--A--AA----G--G--A-----G--A--C--A--T--C--A--ATA   542
HIV2GH1   -AC-GT-A--GGACA-T--CGTT--A--AA----G--G--A-----G--A--C--A--C--C--A--GAT   488
HIV2D205  -AG-AT-A--TAGCA-T--CACC--A--AA----A--A--G-----A--G--C--A--T--C--A--ATA   491
HIV2UC1   -AG-AT-A--TAGCA-T--CACC--A--AA----A--G--G-----A--G--C--A--T--C--A--ATA   491
SIVMM251  -AG-GT-A--TCCAC-T--TACC--A--AA----A--A--A-----A--T--T--T--T--T--A--ATA   491
SIVMM142  -AG-GT-A--TCCAC-T--TACC--A--AA----A--A--A-----A--T--T--T--T--T--A--ATA   491
SIVMM239  -AG-GT-A--TCCAC-T--TACC--A--AA----A--A--A-----A--T--T--T--T--T--A--ATA   503
SIVMM32H  -AG-GT-A--TCTAC-T--TACC--A--AA----A--A--A-----A--T--T--T--T--T--A--ATA   503
SIVMNE    -AG-GT-A--TCCAC-T--TACC--A--AA----A--A--A-----A--T--T--T--T--T--A--ATA   491
SIVSMMH4  -AG-AT-G--TCCAA-T--TACC--T--AA----A--A--A-----A--C--C--T--C--C--A--ATA   380
SIVSMMH9  -AG-AT-G--TCCAA-T--TACC--T--AA----A--A--A-----A--C--C--T--C--C--A--ATA   389
SIVSMMPBJ -TG-AT-G--TCCAA-T--TACC--T--AA----A--A--A-----A--C--C--T--C--C--A--ATA   389
SIVSTM    -AG-GC-A--GCTAC-A--CACC--A--GG----A--T--A-----A--A--T--A--T--T--G--ATT   446
```

```
CONSENSUS tAAaaATgTagAaATAgaaGT?tTagg?AAaagagTaaaaGc?AC?ATaATGACaGG?GAtACcCCaAT?  546
HIV2ROD   T--AA--G-AG-A---GAA--TC-AA.AT--AAAGG-ACGG-CC--C--A-----A--C--C--C--A--C  501
HIV2NIHZ  T--AA--G-AG-A---GAA--CC-AGGT--AAGGG-AAAA-CC--C--A-----A--T--T--C--G--C  498
HIV2ISY   T--AG--G-AG-A---AGA--GC-AAAT--AAAGG-AAGA-CC--C--A-----A--T--T--C--A--C  498
HIV2ST    T--AA--G-AG-A---AGA--AT-AAAT--AAGAG-AAGA-CC--C--A-----A--T--T--C--A--C  558
HIV2BEN   C--AA--G-AG-A---AAA--AC-AAAT--AAGAG-AAGA-CC--C--A-----A--A--T--C--A--C  558
HIV2CAM2  T--AA--G-GG-A---GAA--TC-AGGT--AAGGG-AAGG-CC--T--A-----A--C--C--C--A--C  498
HIV2D194  T--AA--G-AG-A---AAG--AC-AAAT--AAGAG-AAGA-CC--C--A-----A--A--T--C--A--C  612
HIV2GH1   T--AA--A-AG-A---AAA--AC-AAAT--AAGAG-AAGA-CC--C--A-----A--A--T--C--A--C  558
HIV2D205  C--AG--G-AG-A---GAA--AG-GGGA--AAGAG-AAGG-CA--T--A-----A--A--T--C--A--A  561
HIV2UC1   C--AG--G-AG-A---GAA--AG-GGGA--AAGAG-AAGG-CA--T--A-----A--A--C--C--A--A  561
SIVMM251  C--AA--G-AA-A---GAA--TT-AGGC--AAGGA-TAAA-GG--A--C-----A--G--C--T--G--T  561
SIVMM142  C--AA--G-AG-A---GAA--TT-AGGC--AAGGA-TAAA-GG--A--C-----A--G--C--C--G--T  561
SIVMM239  C--AA--G-AG-A---GAA--TT-AGGC--AAGGA-TAAA-GG--A--C-----A--G--C--C--G--T  573
SIVMM32H  C--AA--G-AG-A---GAA--TT-AGGC--AAGGA-TAAA-GG--A--C-----A--G--C--C--G--T  573
SIVMNE    C--AA--G-AA-A---GAA--TT-AGGC--AAGGA-TAAA-GG--A--C-----A--G--C--C--G--T  561
SIVSMMH4  T--AG--G-AA-A---AAA--CT-AGGC--GGTAA-TAAG-GA--A--T-----G--A--T--C--A--T  450
SIVSMMH9  T--AG--G-AA-A---AAA--AT-AGGC--AGTAA-TAAG-GA--A--T-----A--A--T--C--A--T  459
SIVSMMPBJ T--AG--G-AA-A---AAA--AT-AGGC--AGTAA-TAAG-GA--A--T-----A--A--T--C--A--T  459
SIVSTM    T--GA--G-AA-C---GAG--AT-AGGC--GAAAA-AAAA-GA--T--T-----T--A--C--C--C--T  516

CONSENSUS AAcATtTTTGGcAGaAAt?T?cTaacagCttTgGgcATGtCttTAAAtcT?CCagTaGC?AAggTaGA?C  611
HIV2ROD   --C--T-----C--A--TA-TC-GACAG-CT-A-GC---T-AT----TC-A--AG-C--C--AG-A--G-  571
HIV2NIHZ  --C--T-----C--A--TG-TC-GACAG-TT-A-GC---T-AT----CC-G--AG-T--C--GA-A--A-  568
HIV2ISY   --C--T-----C--A--TA-CC-GACAG-CT-G-GC---T-AT----TT-A--AG-C--C--AA-A--A-  568
HIV2ST    --C--T-----C--A--CA-TC-GACAG-CT-A-GC---T-AT----TC-A--AG-C--C--GA-A--A-  628
HIV2BEN   --C--C-----C--A--TA-TC-GACAG-CT-A-GC---T-AT----TT-A--AG-T--C--GA-A--G-  628
HIV2CAM2  --C--T-----C--A--TA-TC-GACAG-CT-A-GC---T-AT----TC-A--AG-C--C--GA-A--A-  568
HIV2D194  --C--T-----C--A--TA-TC-GGCAA-CT-A-GC---T-AT----CC-A--AG-C--C--GT-A--C-  682
HIV2GH1   --C--C-----C--A--TA-CC-GACAG-CT-A-GC---T-AT----TT-A--AA-C--C--GA-A--A-  628
HIV2D205  --C--T-----C--A--TA-TT-AAATA-CT-G-GC---A-TT----TT-C--AG-G--A--GG-A--A-  631
HIV2UC1   --C--T-----C--A--TA-TT-AAATA-AT-A-GC---A-TC----TT-C--AG-A--A--GA-A--A-  631
SIVMM251  --C--T-----T--G--TT-GC-AACAG-TC-G-GG---T-TC----TC-T--CA-A--T--GG-A--G-  631
SIVMM142  --C--T-----T--A--TT-AC-AACAG-TC-G-GG---T-TC----TC-T--CA-A--T--GG-A--G-  631
SIVMM239  --C--T-----T--A--TT-GC-AACAG-TC-G-GG---T-TC----TT-T--CA-A--T--AG-A--G-  643
SIVMM32H  --C--T-----T--A--TT-AC-AACAG-TC-G-GG---T-TT----CC-T--CA-A--T--AG-A--G-  643
SIVMNE    --C--T-----T--A--TT-GC-AACAG-TC-G-AG---T-TC----TT-C--CA-A--T--GG-A--G-  631
SIVSMMH4  --T--T-----C--A--TT-GC-AACAG-TA-G-GC---T-TT----TC-C--CA-A--T--GG-G--G-  520
SIVSMMH9  --C--T-----C--A--TC-GC-AACAG-TA-G-GC---T-TC----TC-C--CA-A--T--GG-G--R-  529
SIVSMMPBJ --T--T-----C--A--TC-GC-AACAG-TA-G-GT---T-TC----TC-C--CA-A--T--GG-A--G-  529
SIVSTM    --C--T-----C--G--CC-AT-GACAG-TT-G-GG---T-AT----TT-T--AG-A--T--AG-A--A-  586

CONSENSUS CaaTAAAagtaac?tTaAAgCCaGGaAAaGatGGaCCAAaa?tgAgaCAaTGGCC?tTatCaAaaGAaAA  678
HIV2ROD   -AA----AATAATGC-A--G--A--G--A-AT--A----AACTG-GA--A-----CT-AA-A-AA--A--  641
HIV2NIHZ  -AA----AATAATGC-A--G--A--G--A-AT--A----GACTA-AA--A-----TT-AA-A-AA--A--  638
HIV2ISY   -AG----AGTAACAT-A--G--A--A--A AT--G----AACAA-GA--A-----CT-AA-A-GA--A--  638
HIV2ST    -AA----AATAATGC-G--G--A--A--G-AT--A----AACTG-GA--A-----CT-AA-A-AA--A--  698
HIV2BEN   -AA----AGTAACAT-G--G--A--G--A-AT--A----GGCTG-AA--A-----CC-AA-A-AA--G--  698
HIV2CAM2  -AA----AATAATGC-A--G--A--A--A-AT--A----GATTG-GA--A-----CT-GA-A-AA--A--  638
HIV2D194  -AA----AGTAACAT-G--G--A--G--A-AT--A----GGCTG-AA--A-----CC-AA-A-AA--A--  752
HIV2GH1   -AA----AGTAACGT-G--G--A--G--A-AT--A----GACTG-GA--A-----CC-AA-A-AA--G--  698
HIV2D205  -AG----AGTTGAGT-A--A--T--A--A-AT--G----AGATC-GA--A-----TC-AT-C-GG--A--  701
HIV2UC1   -AG----AGTCAAAC-A--G--T--G--A-AT--A----AAATC-GA--A-----TC-AT-C-AA--A--  701
SIVMM251  -TG----AGTCACCT-A--G--A--A--G-TT--A----AATTG-AG--G-----AT-AT-A-AA--A--  701
SIVMM142  -TG----GTCGCCCT-A--G--A--A--G-AT--A----AATTG-AG--G-----AT-AT-A-AA--A--  701
SIVMM239  -TG----AGTCGCCT-A--G--A--A--G-AT--A----AATTG-AG--G-----AT-AT-A-AA--A--  713
SIVMM32H  -TG----AGTCGCCT-A--G--A--A--G-AT--A----AATTG-AG--G-----AT-AT-A-AA--A--  713
SIVMNE    -TG----AGTCACCT-A--G--A--A--A-AT--A----AATTG-GG--G-----AT-AT-A-AA--A--  701
SIVSMMH4  -TA----AGTAACAC-A--A--A--A--A-AA--A----AATTA-GA--G-----GC-AT-A-AA--A--  590
SIVSMMH9  -TA----AGTAACAC-A--A--A--A--A-AT--A----AATTA-GA--G-----GC-AT-G-AA--A--  599
SIVSMMPBJ -TA----AGTAACAC-A--A--A--A--A-AT--A----AATTA-GA--G-----GC-AT-A-AA--A--  599
SIVSTM    -AG----GGTGACAT-A--A--A--A--A-AT--A----AAATA-AA--A-----AT-AT-A-AA--A--  656
```

HIV2/SIV POL

```
CONSENSUS gATAgt?GCacTaAgaGAaATcTGtGAaAAaATGGAaAaaGA?GGcCAgcTaGAgGaaGC?CCtCCaACt   745
HIV2ROD   A---GAA--AC-A-AA--A--C--T--A--A-----A-AA--A--C--GC-A--G-AA--A--T--A--T   711
HIV2NIHZ  A---GAA--AC-A-AA--A--C--T--A--A-----A-AA--A--C--GC-A--A-AA--A--T--A--T   708
HIV2ISY   A---GAA--AC-A-GA--A--C--T--A--A-----A-GA--A--T--GC-A--A-AA--G--T--A--T   708
HIV2ST    A---GAG--AC-A-AA--G--C--T--G--A-----A-GA--G--C--GC-A--G-AG--A--T--A--T   768
HIV2BEN   A---GAA--AC-A-AA--G--C--T--A--A-----A-AA--G--C--GC-A--A-AG--A--T--A--T   768
HIV2CAM2  A---GAA--AC-A-AA--G--C--T--A--A-----A-AA--A--C--GC-A--G-AA--A--T--A--T   708
HIV2D194  A---GAA--AC-A-AA--A--T--T--A--A-----A-GG--G--C--AC-A--A-AA--A--T--A--T   822
HIV2GH1   A---GAA--AC-A-GA--G--C--C--A--A-----A-AG--G--C--AC-A--A-AG--A--T--A--T   768
HIV2D205  G---CTA--CC-C-AA--A--C--T--A--A-----A-AG--G--A--AT-A--A-AA--A--C--T--T   771
HIV2UC1   G---TTG--CC-C-AG--A--C--T--A--G-----A-AG--G--A--GC-A--A-AA--G--C--T--T   771
SIVMM251  G---GTT--AT-A-GA--A--C--T--A--G-----A-AG--T--T--GT-G--G-AA--T--C--G--C   771
SIVMM142  G---GTT--AT-A-GA--A--C--T--A--G-----A-AA--T--T--GT-G--G-AA--T--C--G--C   771
SIVMM239  G---GTT--AT-A-GA--A--C--T--A--G-----A-AG--T--T--GT-G--G-AA--T--C -G--C   783
SIVMM32H  G---GTT--AT-A-GA--A--C--T--A--G-----A-AG--T--T--GT-G--G-AA--T--C--G--C   783
SIVMNE    G---GTT--AT-A-GA--A--C--T--A--G-----A-AG--T--T--GT-G--G-AA--T--C--G--C   771
SIVSMMH4  G---ATT--AT-A-GA--A--C--T--A--A-----A-AA--T--C--GT-A--G-AA--C--T--A--C   660
SIVSMMH9  G---ATT--AT-A-GA--A--C--T--A--A-----G-AA--T--C--GT-A--G-RA--T--T--A--C   669
SIVSMMPBJ G---ATT--AT-G-GA--A--C--T--A--A-----G-AA--T--C--GT-A--G-AA--C--T--A--C   669
SIVSTM    G---GAG--AC-A-AA--G--C--T--A--A-----G-AG--T--G--GC-A--A-AA--T--T--A--A   726

CONSENSUS AATCC?TAtAAcACcCCcACaTTTGC?ATaAagaAaaagGAcaagAAcAAaTGGAGaATgCTaATAGAtT   813
HIV2ROD   -----T--T--T--C--C--A-----A--C-AGA-AAAG--CAAA--C--A-----G--G--A-----T-   781
HIV2NIHZ  -----T--T--T--C--C--A-----A--C-AGA-AAAG--CAAA--C--A-----A--G--A-----C-   778
HIV2ISY   -----C--T--T--C--T--A-----A--T-AGA-AAAG--CAAA--C--A-----G--G--G-----T-   778
HIV2ST    -----T--T--T--C--C--A-----A--C-AGA-AAAG--CAAA--C--A-----A--G--A-----T-   838
HIV2BEN   -----T--T--T--C--C--A-----A--T-AGA-AAAG--CAAG--C--A-----G--G--G-----T-   838
HIV2CAM2  -----T--T--T--C--C--A-----A--C-GGA-AAAG--CAAG--C--A-----G--G--A-----T-   778
HIV2D194  -----T--T--T--C--C--A-----A--T-AGA-AAAG--CAAG--C--A-----A--G--A-----T-   892
HIV2GH1   -----T--T--T--C--C--A-----A--T-AGA-AAAG--CAAG--C--A-----G--G--A-----C-   838
HIV2D205  -----A--C--C--A--C--C-----C--A-AGA-GAAA--TAAG--C--A-----A--G--A-----C-   841
HIV2UC1   -----A--C--C--A--C--C-----C--A-AAA-GAGA--TAAA--C--A-----A--G--A-----T-   841
SIVMM251  -----A--C--C--C--C--A-----C--A-AGA-AAAA--TAAG--C--A-----A--G--G-----T-   841
SIVMM142  -----A--T--C--C--C--A-----T--A-AGA-AAAG--TAAA--C--A-----A--G--G-----T-   841
SIVMM239  -----A--C--C--C--C--A-----T--A-AGA-AAAG--TAAG--C--A-----A--G--G-----T-   853
SIVMM32H  -----A--C--C--C--C--A-----T--A-AGA-AAAA--TAAG--C--A-----A--G--G-----T-   853
SIVMNE    -----A--C--C--C--C--A-----C--A-AGA-AAAG--CAAG--C--A-----A--A--G-----T-   841
SIVSMMH4  -----G--T--C--C--C--T-----T--A-AGA-GAAA--CAAA--T--A-----G--G--A-----T-   730
SIVSMMH9  -----A--T--C--C--C--A-----T--A-AGR-GRAA--CGGA--T--A-----G--G--A-----T-   739
SIVSMMPBJ -----A--T--C--C--T--A-----T--A-AGA-GAAA--CAAG--T--A-----G--G--A-----T-   739
SIVSTM    -----T--C--T--C--C--T-----T--A-AGA-AAAG--CAAA--C--G-----G--G--G-----T-   796

CONSENSUS TtAGaGAacTaAAcAagGT?ACtCAaGAtTTtACaGAagt?CAgtTaGGaATtCCaCACCC?gCAGGact   880
HIV2ROD   -C--A--AC-A--C-AG--A--T--A--T--C--A--AATT--GT-A--A--T--A-----AG----GTT   851
HIV2NIHZ  -T--G--GC-A--C-AG--A--T--G--T--C--A--AATT--GT-A--A--T--A-----AG----ATT   848
HIV2ISY   -T--A--AC-A--C-AG--A--T--A--T--C--A--GGTT--GT-A--A--T--A-----AG----ATT   848
HIV2ST    -T--A--AC-A--C-AG--A--T--A--C--C--A--AATC--GT-A--A--T--A-----AG----ACT   908
HIV2BEN   -T--A--AC-A--T-AG--G--T--A--T--C--A--AATT--GC-A--A--T--A-----GG----ACT   908
HIV2CAM2  -T--A--GC-A--C-AA--A--C--A--T--C--A--AATC--GT-A--A--T--A-----AG----ATT   848
HIV2D194  -T--A--AC-A--C-GG--G--T--A--T--C--A--AATT--GC-A--A--T--A-----GG----ATT   962
HIV2GH1   -T--A--AC-A--C-GG--G--T--A--T--C--A--AATT--GC-A--A--T--A-----GG----ATT   908
HIV2D205  -T--A--GT-A--C-AG--A--C--G--C--C--A--A.GT--AC-G--T--T--C-----GG----TGG   910
HIV2UC1   -T--A--AT-A--C-AG--G--C--A--C--T--A--AGTC--AC-G--T--T--C-----GG----GTT   911
SIVMM251  -T--G--AC-A--T-GG--C--T--G--C--T--A--AGTC--AT-A--A--A--A-----TG----ACT   911
SIVMM142  -T--G--AC-A--T-GG--C--T--A--C--T--G--AGTC--AT-A--A--A--A-----TG----ACT   911
SIVMM239  -T--G--AC-A--T-GG--C--T--G--C--T--G--AGTC--AT-A--A--A--A-----TG----ACT   923
SIVMM32H  -T--G--AC-A--T-GG--C--T--G--C--T--A--AGTC--AT-A--A--A--A-----TG----ACT   923
SIVMNE    -T--G--AC-A--T-AG--C--T--G--C--T--A--AGTC--AT-G--A--A--A-----TG----ACT   911
SIVSMMH4  -T--A--AT-G--T-AG--C--T--A--C--T--A--AGTA--GT-A--A--A--A-----TG----ACT   800
SIVSMMH9  -T--A--AT-A--C-AG--C--T--A--T--T--A--AGTA--GT-A--G--A--A-----TR----ACT   809
SIVSMMPBJ -T--A--AT-A--C-AG--C--T--A--T--T--A--AGTA--GT-A--G--A--A-----TG----ACT   809
SIVSTM    -C--A--AC-A--T-AA--G--A--A--T--T--A--AATT--GC-A--T--A--A-----TG----ACT   866
```

```
CONSENSUS agcaaAaAaga?aaGgATtaCagTacTaGATgTaGG?GAtGC?TAtTTctccATaCC?cTAgATgaaga?  945
HIV2ROD   GGCCA-G-AGAGAA-A--TA-TG-AC-A---G-A--G--T--T--C--TTCC--A--AC--C--GAGGAC  921
HIV2NIHZ  GGCCA-A-AGAGGA-A--TA-TG-AC-A---G-A--G--T--T--C--TTCC--A--AC--C--GAGGAC  918
HIV2ISY   AGCCA-G-AAAGAA-A--TA-TG-GT-A---G-A--A--T--C--C--TTCC--A--CC--T--GAGGAT  918
HIV2ST    AGCCA-G-AGAAAC-A--TA-TG-CC-A---G-A--G--T--T--C--TTCC--A--AC--C--GAGGAT  978
HIV2BEN   AGCCA-A-AGAAAA-G--CT-TA-AT-A---G-A--G--T--C--T--TTCC--A--AC--C--GAAGAT  978
HIV2CAM2  AGCCA-A-AGAGAA-A--TA-TG-AC-A---G-A--G--T--T--T--TTCC--A--AT--C--GAAGAC  918
HIV2D194  AGCCA-A-AGAAAA-G--TA-TG-AC-A---G-A--G--T--C--C--TTCC--A--AC--C--GAAGAT 1032
HIV2GH1   AGCCA-A-AGAAAA-G--CA-TG-AC-A---G-A--G--T--C--C--TTCC--A--GC--C--GAAGAT  978
HIV2D205  CAGAA-A-AGG..A-A--AA-AG-AA-A---G-G--A--T--C--C--CAGT--C--AC--G--CCAAAC  978
HIV2UC1   GGCAG-A-AAAGGA-A--AA-AG-AC-A---G-G--A--T--C--C--CAGT--C--AC--G--CCAAAC  981
SIVMM251  AGCAA-A-GGAAAA-G--TA-AG-AC-G---A-A--T--T--A--T--CTCC--A--TC--G--GAAGAA  981
SIVMM142  AGCAA-A-GGAAAA-G--TA-AG-AC-G---A-A--T--C--A--T--CTCT--A--TC--G--GAAGAA  981
SIVMM239  AGCAA-A-GGAAAA-A--TA-AG-AC-G---A-A--T--T--A--T--CTCC--A--TC--G--GAAGAA  993
SIVMM32H  AGCAA-A-GGAAAA-C--TA-AG-AC-G---A-A--T--T--A--T--CTCC--A--TC--G--GAAGAA  993
SIVMNE    AGCAA-A-GGAAGA-G--CA-AG-AC-G---G-A--T--C--A--T--CTCC--A--TC--G--GAAGAA  981
SIVSMMH4  AGCAA-G-GAAGGA-G--CA-AG-AT-G---G-A--T--T--A--T--CTCC--A--TC--G--GAGGAA  870
SIVSMMH9  AGCAA-G-GAAGAA-G--CA-AG-GT-G---G-A--T--T--A--T--CTCC--A--TT--G--GAAGAA  879
SIVSMMPBJ AGCAA-G-GAAGAA-G--CA-AG-GT-G---G-A--T--T--A--T--CTCC--A--TT--G--GAAGAA  879
SIVSTM    AGCAA-G-GGAGAA-A--CA-AG-AT-G---G-A--G--T--A--T--TTCC--A--CC--G--GAGGGC  936

CONSENSUS TTtAGgCagTAtACtGCaTTtACttTaCCAtCagTaAAcAATgcaGAaCCAGgAAAaaGATAcaT?TAtA 1014
HIV2ROD   --T--A-CA--T--T--A--T--TC-A---T-AG-G--C---GCA--A----G---AA----CA-A--T-  991
HIV2NIHZ  --T--A-AG--T--T--A--C--TC-A---T-AG-A--C---GCA--A----G---AA----TA-A--C-  988
HIV2ISY   --T--A-AG--T--T--A--T--TC-G---T-AG-A--C---GCA--A----G---AA----TA-A--C-  988
HIV2ST    --T--A-AG--T--T--A--T--TC-A---T-AA-A--C---GCT--A----G---AA----CA-A--T- 1048
HIV2BEN   --T--G-AG--T--T--A--T--CC-A---G-AG-A--C---ATG--A----G---AA----TA-A--T- 1048
HIV2CAM2  --T--A-AG--C--T--A--T--TC-A---T-AG-G--C---GCA--A----G---AA----CA-A--T-  988
HIV2D194  --T--G-AA--T--T--A--T--CC-A---T-AG-A--C---GCA--G----A---AA----TG-A--T- 1102
HIV2GH1   --T--G-AG--T--T--A--T--CC-A---T-AG-A--C---GCA--A----G---AA----TA-A--T- 1048
HIV2D205  --C--A-AG--T--A--A--C--CT-G---T-AG-A--C---GCA--G----G---GA----CA-T--T- 1048
HIV2UC1   --C--A-AG--T--A--A--C--CT-G---T-AA-A--C---GCA--G----G---GA----CA-T--T- 1051
SIVMM251  --T--G-AG--C--T--C--T--TT-A---T-AG-A--T---GCA--G----G---AC----CA-T--T- 1051
SIVMM142  --T--G-AG--C--T--C--T--TT-A---T-AG-A--T---GCA--G----G---AC----CA-T--T- 1051
SIVMM239  --T--G-AG--C--T--C--T--TT-A---T-AG-A--T---GCA--G----G---AC----CA-T--T- 1063
SIVMM32H  --T--G-AG--C--T--C--T--TT-A---T-AG-A--T---GCA--G----G---GC----CA-T--T- 1063
SIVMNE    --T--G-AG--C--T--T--T--TT-A---T-AG-A--T---GCA--A----G---AC----CA-T--T- 1051
SIVSMMH4  --C--G-AG--C--T--C--T--TT-A---T-AG-A--T---GCA--A----G---AA----CA-C--T-  940
SIVSMMH9  --C--G-AA--C--T--C--T--CT-A---T-GG-A--C---GCA--A----G---AA----CA-C--T-  949
SIVSMMPBJ --C--G-AA--C--T--C--T--CT-A---T-GG-A--C---GCA--A----G---AA----CA-C--T-  949
SIVSTM    --T--G-AG--T--T--T--C--CT-A---T-AG-A--C---GCA--A----G---AA----CA-C--C- 1006

CONSENSUS AgGT?ttaCCaCAgGGaTGGAAgGGgTCaCcagCaATtTttCAatacac?aTGAGacA?gT?tTaGAaCC 1080
HIV2ROD   -A--CTTG--A--G--A-----G--A--A-CAG-A--T-TT--ACACACAA----AC-GG-AT-A--A--  1061
HIV2NIHZ  -A--CCTA--A--G--G-----G--G--A-CAG-A--T-TT--ATACACAA----GC-GA-CT-A--A--  1058
HIV2ISY   -A--CTTA--A--G--A-----G--G--A-CAG-A--T-TT--ATACACAA----GC-AG-CT-A--A--  1058
HIV2ST    -A--CTCA--A--G--A-----G--A--A-CAG-A--T-TT--GTACACAA----GC-GG-CT-A--A--  1118
HIV2BEN   -A--CTTG--A--A--A-----G--A--A-CAG-A--T-TT--ATACACAA----GC-AG-CT-A--A--  1118
HIV2CAM2  -A--CTTA--G--G--G-----A--A--A-CAG-A--T-TT -GTACACAA----GC-GG-CT-A--G--  1058
HIV2D194  -G--CTTA--A--A--A-----A--A--A-CAG-A--C-TT--ATTCATGA----GC-AA-CT-A--A--  1172
HIV2GH1   -G--CTTA--A--A--A-----G--A--A-CAG-A--T-TT--ACACACAA----GC-AG-CT-A--A--  1118
HIV2D205  -A--TCTA--A--A--G-----G--G--C-AGT-A--T-GT--ATACTCCA----AA-GG-AT-A--T--  1118
HIV2UC1   -A--TCTA--A--A--A-----G--G--C-CAG-A--T-TT--ATACTCCA----GA-GG-AT-A--T--  1121
SIVMM251  -G--TCTG--T--G--A-----G--G--A-CAG-C--C-TC--ATACACTA----AC-TG-GC-A--A--  1121
SIVMM142  -G--TCTG--T--G--A-----G--G--A-CAG-C--C-TC--ATACACTA----AC-TG-GC-A--A--  1121
SIVMM239  -G--TCTG--T--G--A-----G--G--A-CAG-C--C-TC--ATACACTA----AC-TG-GC-A--A--  1133
SIVMM32H  -G--TCTG--T--G--A-----A--G--A-CAG-C--C-TC--ATACACTA----AC-TG-GC-A--A--  1133
SIVMNE    -G--TCTG--T--G--G-----G--G--A-CAG-C--C-TC--ACACACTA----AA-TG-GC-G--A--  1121
SIVSMMH4  -G--ATTA--T--A--G-----G--G--A-CAG-T--T-TT--GTATACTA----AA-TG-AT-A--A--  1010
SIVSMMH9  -G--ATTA--T--A--G-----A--A--A-CAG-T--T-TT--RCATACTR----AA-TG-AT-A--A--  1019
SIVSMMPBJ -G--ATTA--T--A--G-----A--A--A-CAG-T--T-TT--GCATACTA----AA-TG-CT-A--A--  1019
SIVSTM    -G--TCTG--A--G--A-----G--A--A-CAG-A--T-TT--ATATACAA----AA-TA-AT-A--G--  1076
```

HIV2/SIV POL

```
CONSENSUS ?TTcAGaAaaGCaAAcccaGAtgTcAtt?T?aTcCAgTAcATGGATGAcATctTaaTAGCtAGtGAcAGg  1147
HIV2ROD   A--C--A-AA--A--CAAG--TG-C-TTA-CA-T--G--C--------T--CT-AA----T--T--C--G  1131
HIV2NIHZ  A--C--A-AA--A--CGAG--TG-C-TTA-CA-T--G--C--------T--CT-AA----C--C--C--G  1128
HIV2ISY   A--C--A-AA--A--CCCA--TG-C-TTA-CG-T--G--C--------T--CT-AA----T--T--C--G  1128
HIV2ST    A--C--A-AA--A--CCCG--TA-C-TTC-CA-T--G--C--------T--CT-GA----C--C--C--G  1188
HIV2BEN   T--C--A-AA--A--CCCA--TG-C-TTC-CA-C--G--C--------T--CT-AA----T--T--C--G  1188
HIV2CAM2  A--C--A-AA--A--CTCA--TG-C-TTA-CA-T--G--C--------T--CT-AA----T--T--C--G  1128
HIV2D194  T--C--A-AA--A--CCCA--CG-C-TTC-CA-C--A--C--------T--CT-AA----T--T--C--G  1242
HIV2GH1   T--C--A-AA--A--CCCA--TG-C-TTC-CA-C--A--C--------T--TT-AA----T--T--C--G  1188
HIV2D205  T--T--A-AG--C--CAGC--TG-C-TTA-AA-T--G--C--------C--CC-TA----A--T--C--A  1188
HIV2UC1   T--C--A-AG--C--CAGC--TG-C-TTA-AA-T--G--C--------C--CC-TA----A--T--C--A  1191
SIVMM251  C--C--G-AG--A--TCCA--TG-G-CCT-AG-C--G--T--------C--CT-AA----T--T--C--G  1191
SIVMM142  C--C--G-AG--A--TCCA--TG-G-CCT-AG-C--G--T--------C--CT-AA----T--T--C--G  1191
SIVMM239  C--C--G-AG--A--TCCA--TG-G-CCT-AG-C--G--T--------C--CT-AA----T--T--C--G  1203
SIVMM32H  C--C--G-AG--A--TCCA--TG-G-CCT-AG-C--G--T--------C--CT-AA----T--T--C--G  1203
SIVMNE    C--C--G-AG--A--TCCA--TG-G-CCT-AG-C--G--T--------C--CT-AG----T--T--C--G  1191
SIVSMMH4  T--C--A-AA--A--TCCA--TG-G-CCC-GA-C--A--C--------C--CT-AA----T--T--T--A  1080
SIVSMMH9  T--T--A-AA--A--TCCA--TG-G-CCC-GA-C--A--C--------C--CT-AA----T--T--T--A  1089
SIVSMMPBJ C--T--A-AA--A--TCCA--TG-G-CCC-GA-C--A--C--------C--CT-AA----T--T--T--A  1089
SIVSTM    A--C--G-GA--C--CCCA--TG-A-CTC-GA-C--A--C--------T--CT-GA----C--T--C--A  1146

CONSENSUS AcaGattTaGAaCAtGAcAggGTaGTtttaCAgctaAAgGAacTtcTaAAtggcaTaGGaTTtTCtaCcC  1217
HIV2ROD   -CA-ATT-A--A--T--T-GG--A--CCTG--GCTC--G--AC-TC-A--TGGCC-A--A--T--TA-C-  1201
HIV2NIHZ  -CA-ACT-A--A--T--C-AA--G--CCTG--GCTA--A--AC-TC-A--TGGAC-A--A--T--CA-C-  1198
HIV2ISY   -CA-ATT-G--A--T--C-AA--A--CCTA--GCTA--G--AC-TC-A--TGGCC-G--A--T--CA-C-  1198
HIV2ST    -CA-ATT-A--A--T--C-GA--G--TCTG--GCTA--G--AC-TC-A--TGGCC-G--A--T--CA-C-  1258
HIV2BEN   -CA-GTT-A--G--T--C-AA--G--CCTG--GCTA--A--AC-TC-A--TGGCC-A--G--T--TA-T-  1258
HIV2CAM2  -CA-ACT-A--A--T--C-AA--G--TCTG--GCTA--G--AC-TC-A--TAACC-A--A--C--TA-C-  1198
HIV2D194  -CG-GTT-A--G--T--C-AA--A--CCTG--ACTA--A--AC-TC-G--TGGCC-A--G--C--TA-C-  1312
HIV2GH1   -CA-GTT-A--G--T--C-AA--A--CCTG--GCTA--A--AC-TC-G--TGGCC-A--G--C--TA-C-  1258
HIV2D205  -GT-ATC-G--G--C--C-GG--A--GTCC--ACTA--A--GT-AT-A--TGACA-G--A--C--TA-C-  1258
HIV2UC1   -GT-ATC-G--G--T--C-GG--A--GTCC--ACTA--A--GC-AT-A--TGACA-G--A--C--TA-C-  1261
SIVMM251  -CA-ACC-G--A--T--C-GG--A--TTTA--GCTA--G--AC-CT-A--TAGCA-A--G--C--TA-C-  1261
SIVMM142  -CA-ACC-G--A--T--C-GG--A--TTTA--GTTA--A--AC-CT-A--TAGCA-A--G--T--AT-C-  1261
SIVMM239  -CA-ACC-G--A--T--C-GG--A--TTTA--GTCA--G--AC-CT-G--TAGCA-A--G--T--TA-C-  1273
SIVMM32H  -CA-ACC-G--A--T--C-GG--A--TTTA--GTTA--G--AC-CT-G--TAGCA-A--G--T--TA-C-  1273
SIVMNE    -CA-ACC-G--A--T--C-GG--A--TTTA--GTTA--G--AC-CT-A--TAGCA-A--G--T--TA-C-  1261
SIVSMMH4  -CA-ATT-A--G--T--C-GG--A--TTTA--GTTA--G--AC-TC-G--CGGCA-A--A--C--TA-C-  1150
SIVSMMH9  -CA-ATT-A--A--T--C-GG--A--TTTA--ATTA--G--AC-TC-G--CAGTA-A--A--T--CA-C-  1159
SIVSMMPBJ -CA-ATT-A--A--T--C-GG--A--TTTA--GTTG--G--AC-TC-G--CAGTA-A--A--T--CA-C-  1159
SIVSTM    -CA-ATC-A--G--T--C-GG--A--TTTA--GTTG--G--AC-CC-A--TAATT-A--A--T--CA-C-  1216

CONSENSUS CaGAaGAgAAgTTcCAaAAaGAcCCtCCatttcaaTGGATGGG?TatGAatTgTGGCCaAc?AaaTGGAA  1285
HIV2ROD   -A--T--G--G--C--A--A--C--T--ATACCAC--------C-AT--AC-A-----A-CT-AA-----  1271
HIV2NIHZ  -A--T--G--A--C--G--A--C--T--ATATCGC--------C-AT--AT-A-----A-CT-AA-----  1268
HIV2ISY   -A--C--A--G--C--A--G--C--T--ATACCAA--------C-AT--AC-G-----A-CC-AA-----  1268
HIV2ST    -A--T--G--G--C--A--A--C--T--ATACCAA--------C-AT--AC-G-----A-CT-AA-----  1328
HIV2BEN   -A--T--G--G--C--A--A--C--T--ATTTCAA--------C-GT--AC-A-----A-CT-AA-----  1328
HIV2CAM2  -A--T--G--G--C--A--A--C--T--ATACCGC--------C-AT--AC-G-----A-CT-AA-----  1268
HIV2D194  -A--T--G--G--C--A--G--C--T--GTTTCAA--------C-AT--AT-G-----A-CT-AA-----  1382
HIV2GH1   -A--T--G--G--C--A--A--C--T--GCTTCAA--------C-AT--AC-A-----A-CT-AA-----  1328
HIV2D205  -A--A--A--G--C--A--A--C--T--GTTCAAA--------T-AT--GC-C-----A-AA-AG-----  1328
HIV2UC1   -A--A--A--G--C--A--A--C--T--GTTCAAA--------T-AT--GC-C-----A-AA-GG-----  1331
SIVMM251  -A--A--G--A--C--A--A--T--C--ATTTCAA--------G-AC--AT-G-----G-CA-AA-----  1331
SIVMM142  -A--A--G--A--C--A--A--T--C--ATTTCAA--------G-AC--AT-G-----G-CA-AA-----  1331
SIVMM239  -A--A--G--A--C--A--A--T--C--ATTTCAA--------G-AC--AT-G-----A-CA-AA-----  1343
SIVMM32H  -A--A--A--A--C--A--A--T--C--ATTTCAA--------G-AC--AT-G-----A-CA-AA-----  1343
SIVMNE    -A--A--G--G--C--A--A--T--C--ATTTCAA--------G-AT--AT-G-----A-CA-AA-----  1331
SIVSMMH4  -A--A--G--G--C--G--A--T--C--ATTCCAG--------A-AT--AT-G-----A-CC-AA-----  1220
SIVSMMH9  -A--A--G--G--C--A--A--T--C--ATTCCAG--------A-AT--AT-G-----C-CC-AA-----  1229
SIVSMMPBJ -A--A--G--G--C--G--A--T--C--ATTCCAG--------A-AT--AT-G-----C-CC-AA-----  1229
SIVSTM    -T--A--G--A--T--G--G--T--T--ATTTCAA--------A-AT--GT-A-----A-CA-AG-----  1286
```

```
CONSENSUS gcTGCAaAaaaTAcAgtTgCC?cAaAaaGAaat?TGGACAGT?AAtgacAT?CAaAAgcTaGTaGGaGT?  1350
HIV2ROD   GT----G-AAA--C-GT-G--CC-A-AA--AATA--------C--TGAC--C--G--GC-A--G--T--C  1341
HIV2NIHZ  GT----A-AAA--C-GC-G--CC-A-AA--AGTA--------C--TGAC--C--A--GC-A--G--T--C  1338
HIV2ISY   AT----A-AAA--C-AT-G--CC-A-AG--AGTA--------T--TGAC--C--G--AC-A--G--T--C  1338
HIV2ST    GC----A-GAA--C-AT-G--CC-A-AG--AGTA--------C--TGAC--C--A--AC-G--G--T--C  1398
HIV2BEN   GC----G-AAC--C-AC-G--CC-G-AA--CATA--------C--TGAC--C--A--GC-A--G--A--C  1398
HIV2CAM2  GT----G-AAA--C-AT-G--CC-A-AG--GGTG--------C--TGAC--C--A--GC-A--A--T--C  1338
HIV2D194  AC----G-AAA--C-AT-A--TC-G-AA--AATA--------C--TGAC--C--A--AC-A--A--A--T  1452
HIV2GH1   GC----G-AAT--C-AC-G--CC-G-AA--AATA--------C--CGAC--C--G--GC-G--G--A--C  1398
HIV2D205  AC----A-AAA--C-AC-G--AG-A-AA--AGTT--------G--TGCA--T--A--AC-G--A--A--A  1398
HIV2UC1   AC----A-AAA--C-AC-G--AG-A-AG--AGTT--------G--TGAC--T--A--AC-A--G--A--A  1401
SIVMM251  GT----A-AGA--G-GT-G--AC-A-GA--GACC--------G--TGAT--A--G--GT-A--A--A--A  1401
SIVMM142  GT----A-AGA--G-GT-G--AC-A-GA--GACC--------G--TGAT--A--G--GT-A--A--A--A  1401
SIVMM239  GT----A-AGA--G-GT-G--AC-A-GA--GACC--------G--TGAT--A--G--GT-A--A--A--A  1413
SIVMM32H  GT----A-AGA--G-GT-G--AC-A-GA--GACC--------G--TGAT--A--G--GT-A--A--A--A  1413
SIVMNE    GT----A-AGA--G-GT-G--AC-A-AA--GACC--------G--TGAT--A--G--GT-A--A--A--A  1401
SIVSMMH4  AC----G-AAA--G-GT-G--AC-A-GA--GACC--------A--TGAC--A--A--AT-A--A--A--G  1290
SIVSMMH9  AC----A-AAA--G-GT-G--GC-A-GA--AACC--------A--TAAT--A--A--AT-A--A--A--G  1299
SIVSMMPBJ AC----A-AAA--G-GT-G--AC-A-GA--AACC--------A--TGAT--A--A--AT-A--A--A--G  1299
SIVSTM    AC----A-AAA--G-AT-A--TC-G-GA--CGTT--------G--TGAT--C--A--AC-G--A--G--C  1356

CONSENSUS tTaAAtTGGGCaGCaCAaaTcTatcCaGG?ATaAAgACcAaacAtcT?TGtAggtTaATtAgaGGaAAaA  1418
HIV2ROD   C-A--T-----A--A--AC-C-ACC-A--G--A--G--C-AAC-CT-A--T-GGT-A--C-GA--A--A-  1411
HIV2NIHZ  C-A--T-----A--A--AA-C-ACC-A--G--A--G--C-AAC-CC-A--T-GGC-A--T-GA--A--A-  1408
HIV2ISY   C-A--C-----G--A--AA-C-ACC-A--A--A--G--C-AAC-CT-A--T-AGC-A--T-GA--A--G-  1408
HIV2ST    C-A--T-----A--A--AA-C-ACC-A--G--A--G--C-GAA-CT-A--T-GGT-A--C-GA--A--A-  1468
HIV2BEN   T-A--T-----G--A--AA-C-ATT-A--A--A--A--C-AAC-CT-A--T-GAC-A--T-GA--A--A-  1468
HIV2CAM2  C-A--T-----A--A--AA-C-ACC-A--G--A--G--C-AAC-CT-G--T-GAT-A--T-GA--A--A-  1408
HIV2D194  T-G--C-----G--G--GA-C-ATC-A--G--A--A--C-AGC-TT-A--T-AAT-G--T-GA--A--A-  1522
HIV2GH1   T-A--T-----G--A--AA-C-ATC-A--A--A--A--C-AAC-TT-G--T-GGC-A--C-AA--A--A-  1468
HIV2D205  T-A--C-----A--T--AC-C-TTC-T--A--T--G--A-GGC-CA-A--C-AAC-A--T-GG--A--G-  1468
HIV2UC1   T-A--C-----A--T--AC-C-TTC-T--A--T--G--A-GGC-CA-A--T-AAC-A--T-GG--A--G-  1471
SIVMM251  T-A--T-----A--T--AA-T-ATC-A--T--A--A--C-AAC-TC-C--T-GGT-A--T-GA--A--A-  1471
SIVMM142  T-A--T-----A--T--AA-T-ATC-A--T--A--A--C-AAC-TC-C--T-GGT-A--T-GA--A--A-  1471
SIVMM239  T-A--T-----A--T--AA-T-ATC-A--T--A--A--C-AAC-TC-C--T-GGT-A--T-GA--A--A-  1483
SIVMM32H  T-A--T-----A--T--AA-T-ATC-A--T--A--A--C-AAC-TC-C--T-GGT-A--T-GA--A--A-  1483
SIVMNE    T-A--T-----A--T--AA-T-ATC-A--T--A--A--C-AAC-TC-C--T-GGT-A--T-GA--A--A-  1471
SIVSMMH4  C-A--T-----A--A--AA-T-ATC-A--A--A--G--T-AAC-TC-T--C-GAC-A--C-GA--A--A-  1360
SIVSMMH9  C-A--T-----A--A--AA-T-ATC-A--A--A--G--T-AAC-TC-T--C-GAT-A--C-GA--A--A-  1369
SIVSMMPBJ C-A--T-----A--A--AA-T-ATC-A--A--A--G--T-AAC-TC-T--C-GAT-A--C-GA--A--A-  1369
SIVSTM    T-A--C-----A--A--AA-T-ATC-A--A--T--A--T-AAC-TC-G--C-AAT-A--C-GA--T--G-  1426

CONSENSUS TGaC?ctaACaGAaGAaGT?CAgTGGACaGAg?TaGCAGAaGCaGAatt?gaaGAaAAcAaaAT?ATtct  1483
HIV2ROD   --A-ACTC--A--A--A--A--G-----A--AT-A-----A--A--GCTAGAA--A--C-GA--T--CCT  1481
HIV2NIHZ  --A-ACTC--A--A--G--A--G-----A--AT-A-----A--A--GCTAGAG--A--C-GA--T--CTT  1478
HIV2ISY   --A-ACCC--G--A--A--A--G-----A--AT-A-----A--A--GCTGGAG--A--C-AA--T--CTT  1478
HIV2ST    --A-ACTC--A--A--G--A--G-----A--AT-A-----A--G--ACTAGAA--A--C-AA--C--CTT  1538
HIV2BEN   --A-ACTC--A--A--A--G--G-----A--AC-A-----A--A--GCTAGAA--A--C-AA--T--CTT  1538
HIV2CAM2  --A-ACTC--A--A--G--A--A-----A--AT-A-----A--A--ACTAGAA--A--C-GA--T--CTT  1478
HIV2D194  --A-ACTC--A--G--A--A--G-----A--GT-A-----G--A--ACTAGAA--A--C-AA--T--CTT  1592
HIV2GH1   --A-ACTC--A--A--A--G--G-----A--GT-A-----A--A--GCTAGAA--A--C-AA--T--CTT  1538
HIV2D205  --A-CCTA--A--A--A--A--G-----A--AC-A-----A--A--GCTACAG--G--T-AA--C--CTT  1538
HIV2UC1   --A-CCTA--A--A--A--A--A-----A--AT-A-----G--A--GTTACAG--G--C-AA--C--TTT  1541
SIVMM251  --A-TCTA--A--G--A--T--G-----T--GA-G-----A--A--ATATGAG--A--T-AG--A--TCT  1541
SIVMM142  --A-TCTA--A--G--A--T--G-----T--GA-G-----A--A--ATATGAG--A--T-AA--A--TCT  1541
SIVMM239  --A-TCTA--A--G--A--T--G-----T--GA-G-----A--A--ATATGAG--A--T-AA--A--TCT  1553
SIVMM32H  --A-TTTA--A--G--A--T--G-----T--GA-G-----A--A--ATATGAG--A--T-AA--A--TCT  1553
SIVMNE    --A-TCTA--A--G--A--T--G-----T--GA-G-----G--A--ATATGAG--A--T-AA--A--TCT  1541
SIVSMMH4  --A-TTTA--A--A--G--T--G-----T--GA-G-----G--A--ATATGAA--A--C-AG--A--TCT  1430
SIVSMMH9  --A-TTTA--A--A--G--T--G-----T--GA-G-----G--A--ATATGAA--A--C-AG--A--TCC  1439
SIVSMMPBJ --A-TTTA--A--A--G--T--G-----T--GA-G-----G--A--ATATGAA--A--C-AG--A--TCT  1439
SIVSTM    --G-ACTG--T--G--G--A--G-----A--AA-G-----G--A--ATATGCA--A--T-AA--T--TCT  1496
```

HIV2/SIV POL

```
CONSENSUS ?agtCAggAaCaaGAaGGat??TAtTAccaaGAaggaaagccatTAGAaGCaaCagTa?taAAgaatCaa  1549
HIV2ROD   AAGC--GG-A-AA--G--ACAC--T--CCAA--AGAAAAAGAGC----A--AA-AG-CCAA--GGAT-AA  1551
HIV2NIHZ  AAGC--GA-A-AA--A--ACAC--T--CCAG--AGAAAAAAAGT----A--AA-AG-CCAG--AGAT-AA  1548
HIV2ISY   AAGC--GG-A-AG--G--ACAC--T--CCAA--GGAAAAAGAGT----A--AA-AG-TCAA--GGAT-AA  1548
HIV2ST    AAGC--GG-A-AA--A--ATGC--T--CCAA--GGAAAAGGAGC----A--AA-AG-CCAA--AGAT-AA  1608
HIV2BEN   GAGC--GG-A-AA--A--ATAT--T--CCAA--AGAAAAAGAAT----G--AA-AA-CCAA--AAGC-AA  1608
HIV2CAM2  AAGC--AG-A-AA--G--ACAC--C--CCAG--AGAAAAGGAGT----A--AA-AG-TCAA--GGAT-AA  1548
HIV2D194  AAGT--GG-A-AA--G--ATCC--C--TCAG--AGAAGAAGAAC----A--AA-AG-CATC--AAGC-AA  1662
HIV2GH1   AAGC--GG-A-AA--A--ATAC--T--CCAA--AGAAAAAGAAT----G--AA-AA-CCAA--AAAT-AA  1608
HIV2D205  AGAA--GG-A-AA--A--ATCC--C--CAAG--AAGGGTACCGC----A--AA-AG-ACAG--AAAC-TA  1608
HIV2UC1   AGAA--GG-A-AA--A--ATCC--C--CAAG--AGGGGTACCAC----A--AA-AG-ACAG--AAAC-TA  1611
SIVMM251  CAGT--GG-A-AA--A--ATGT--T--CCAA--AGGCAAGCCAT----A--CA-GG-AATA--GAGT-AG  1611
SIVMM142  CAGT--GG-A-AA--A--ATGT--T--CCAA--AAGCAAGCCAT----A--CA-GG-GATA--GAGT-AG  1611
SIVMM239  CAGT--GG-A-AA--A--ATGT--T--CCAA--AGGCAAGCCAT----A--CA-GG-AATA--GAGT-AG  1623
SIVMM32H  CAGT--GG-A-AA--A--ATGT--T--CCAA--GGGCAAGCCAT----A--CA-GG-AATA--GAGT-AG  1623
SIVMNE    CAGT--GG-A-AA--A--ATGT--T--CCAA--AGGCAAGCCAT----G--CA-GG-AATA--GAAT-AG  1611
SIVSMMH4  CAGT--AG-A-AA--A--ATGT--C--CCAA--AGGAAAACCAA----G--AA-AG-AATA--GAGT-AG  1500
SIVSMMH9  CAGT--AG-A-CA--G--ATGT--C--TCAG--GGGAAAGCCAC----G--AC-AG-AATA--GAGT-AG  1509
SIVSMMPBJ CAGT--AG-A-AA--A--ATGT--C--TCAG--GGGAAAGCCAC----G--AA-AG-AATA--GAGT-AG  1509
SIVSTM    CAGT--GG-G-AG--A--GCAA--C--CCGA--AGACAAGCCTC----G--AA-AG-AGTG--AGAT-AG  1566

CONSENSUS GacaATCAgTGG?CaTAtAAaaTtCAcCAgGaaga?AaaaT?cTaAAAGtaGGaAAatttgcaAAgataA  1616
HIV2ROD   -AGA----G---A-A--T--AA-A--C--G-AAGAA-AAA-TC-A----TA--A--ATATGCA--GGTG-  1621
HIV2NIHZ  -ACA----G---A-A--T--GG-A--C--G-GGGAG-AAA-TC-C----GT--G--AATATGC--AGAT-  1618
HIV2ISY   -ACA----G---A-A--T--AG-A--C--G-GAGAA-AAA-TC-A----TA--A--ATATGCA--GATA-  1618
HIV2ST    -ACA----G---A-A--T--GA-A--C--G-GAGGA-AAA-TC-A----TA--A--ATATGCA--GGTA-  1678
HIV2BEN   -GAC----A---A-A--C--AA-A--C--G-AAGAG-AAA-CC-A----TA--A--GTATGCA--GATA-  1678
HIV2CAM2  -ACA----G---A-A--T--GA-A--C--G-AAGAA-AAA-TC-A----TA--A--ATATGCA--AATA-  1618
HIV2D194  -ACA----G---G-A--C--AA-A--C--G-GAGAG-GGG-TC-A----TA--A--GTATGCG--GATA-  1732
HIV2GH1   -ACA----G---A-A--C--AA-A--C--G-AAGAG-AAA-CC-A----TA--G--ATATGCA--GATA-  1678
HIV2D205  -CAA----G---A-A--C--AA-T--T--G-GAAAT-AAG-CC-A----TA--A--ATATGCA--GGTT-  1678
HIV2UC1   -CAA----G---A-A--C--AA-T--T--G-GAAAT-GAA-TT-A----TA--A--ATATGCA--GGTT-  1681
SIVMM251  -ACA----G---T-T--T--AA-T--C--A-AAGAC-AAA-AC-G----TA--A--ATTTGCA--GATA-  1681
SIVMM142  -ACA----G---T-T--T--AA-T--C--A-AAGAC-AAA-AC-G----TA--A--ATTTGCA--GATA-  1681
SIVMM239  -ACA----G---T-T--T--AA-T--C--A-AAGAC-AAA-AC-G----TA--A--ATTTGCA--GATA-  1693
SIVMM32H  -ACA----G---T-T--T--AA-T--C--A-AAGAC-AAA-AC-G----TA--A--GTTTGCA--GATA-  1693
SIVMNE    -ACA----G---T-T--T--GA-T--C--A-AAGAC-AAA-AC-A----TA--A--ATTTGCA--GATA-  1681
SIVSMMH4  -ATA----A---T-A--T--AA-T--C--A-AAGAC-AAG-AC-G----TA--T--ATTTGCA--GGTT-  1570
SIVSMMH9  -ATA----A---T-A--T--AA-T--C--A-AGGAC-AAA-AC-A----TA--C--ATTTGCA--GATT-  1579
SIVSMMPBJ -ATA----A---T-A--T--AA-T--C--A-AAGAC-AAA-AC-G----TA--C--ATTTGCA--GATT-  1579
SIVSTM    -ACA----A---T-C--T--GA-A--C--A-AAGAC-AAA-AT-G----TA--C--GTTTGCA--AATA-  1636

CONSENSUS AaaAtac?CataccaAtgGagTcAgatTatTaGCACAtGTagTtCAgAAaATAGGaAAaGAaGCacTagT  1685
HIV2ROD   -AA-CACC-ATACCA-TG-AA-C-GAT-GT-A-----G--AG-T--G--A-----A--A--A--AC-AG-  1691
HIV2NIHZ  -AA-ATAC-CATACC-AC-GG-C-GAT-GT-A-----G--AG-T--A--A-----A--A--A--AC-AG-  1688
HIV2ISY   -AA-TACC-ATACCA-CG-GG-C-GGT-GT-G-----G--AG-T--G--A-----A--A--A--AC-AG-  1688
HIV2ST    -AA-TACC-ACACCA-CG-AG-C-GAC-CC-A-----A--AG-T--A--A-----A--A--A--AC-AG-  1748
HIV2BEN   -AA-TACC-ATACCA-TG-GG-C-GAT-AC-A-----G--AG-T--G--A-----A--A--G--AC-AG-  1748
HIV2CAM2  -AC-TACC-ATACCA-TG-AG-C-AAT-AT-A-----G--AG-T--A--A-----A--A--A--AC-AG-  1688
HIV2D194  -AA-TACT-ATACCA-TG-GG-C-GAC-AC-A-----A--AG-C--A--A-----A--G--A--AC-GG-  1802
HIV2GH1   -AA-TACC-ATACCA-TG-GG-C-GAT-AC-A-----G--AG-T--G--A-----A--A--A--AC-AG-  1748
HIV2D205  -AA-CACG-ACACCA-CG-GG-A-GAC-AC-G-----T--AG-T--G--A-----C--A--A--CC-AG-  1748
HIV2UC1   -AA-CACC-ACACCA-CG-GG-A-GAC-AC-G-----T--AG-T--G--A-----A--A--A--CC-AG-  1751
SIVMM251  -GA-TACA-ATACCA-TG-AG-T-GAC-AT-A-----T--AA-A--G--A-----A--G--A--AA-AG-  1751
SIVMM142  -GA-TACA-ATACCA-TG-AG-T-GAC-AT-A-----T--AA-A--G--A-----A--G--A--AA-AG-  1751
SIVMM239  -GA-TACA-ATACCA-TG-AG-G-GAC-AT-A-----T--AA-A--G--A-----A--G--A--AA-AG-  1763
SIVMM32H  -GA-TACA-ATACCA-TG-AG-T-GAC-AT-A-----T--AA-A--G--A-----A--G--A--AA-AG-  1763
SIVMNE    -AA-TACA-ATACCA-TG-AG-T-GAC-AT-A-----T--AA-A--G--A-----A--G--A--AA-AG-  1751
SIVSMMH4  -AA-TACA-ATACAA-TG-AG-C-GAT-AC-A-----C--AG-G--G--A-----A--A--A--AC-AG-  1640
SIVSMMH9  -AA-TACA-ATACAA-TG-AG-C-GCT-AT-A-----T--AG-G--G--A-----A--A--A--AA-AA-  1649
SIVSMMPBJ -AA-TACA-ATACAA-TG-AG-C-GAT-AT-A-----T--AG-G--G--A-----A--A--A--AA-AG-  1649
SIVSTM    -AA-CACA-ATACAA-TG-AG-T-GAT-AT-G-----T--GA-T--G--G-----G--A--A--AA-AG-  1706
```

```
CONSENSUS cATtTGgGGAcagaT?CCaaaaTTcCActTaCCaGTaGAgAgaGA?at?TGGGAaCAgTGGTGGacagAc  1752
HIV2ROD   C--T--G---CGAA-A--AAAA--T--CC-A--A--A--G-GA--AATC-----G--G------GATA-C  1761
HIV2NIHZ  C--T--G---CGGA-A--AAAA--T--CC-A--A--A--G-GA--TACC-----G--G------GATA-C  1758
HIV2ISY   C--T--G---CGAA-A--AAAA--T--CC-A--A--A--A-GA--GACC-----A--G------GATA-C  1758
HIV2ST    C--T--G---CGAA-A--AAAA--T--CC-A--A--A--A-GA--TACC-----A--G------GATA-C  1818
HIV2BEN   C--T--G---CGGA-A--AAAA--T--CC-G--A--G--G-GA--GACC-----G--G------GATA-C  1818
HIV2CAM2  C--T--A---CGAA-A--TAAA--T--CC-A--A--A--G-GA--GGTC-----G--G------GATA-C  1758
HIV2D194  C--T--G---CGAG-G--AAAA--T--CC-A--G--A--G-GA--CACC-----G--A------GATA-C  1872
HIV2GH1   C--C--G---CGGA-A--AAAA--C--CT-A--G--G--G-GA--GACC-----G--G------GATA-C  1818
HIV2D205  C--C--G---GAGA-A--AGTG--C--TC-G--A--A--A-GA--GACA-----C--G------ACAG-T  1818
HIV2UC1   C--C--G---GAGA-A--AGTA--C--TC-G--A--A--A-GA--GACA-----C--G------ACAG-T  1821
SIVMM251  G--C--G---CAGG-C--AAAA--C--CT-A--A--T--G-GG--TGTA-----A--G------ACAG-C  1821
SIVMM142  G--C--G---CAGG-C--AAAA--C--CT-A--A--T--G-AG--TGTA-----A--G------ACAG-C  1821
SIVMM239  G--C--G---CAGG-C--AAAA--C--CT-A--A--T--G-AG--TGTA-----A--G------ACAG-C  1833
SIVMM32H  G--C--G---CAGG-T--AAAA--C--CT-A--A--T--G-AG--TGTA-----A--G------ACAG-C  1833
SIVMNE    G--C--G---CAGG-C--AAAA--C--CT-A--A--T--G-AA--TGTA-----A--G------ACAG-C  1821
SIVSMMH4  A--T--G---GAGG-G--AAAA--C--TT-G--A--A--A-GA--AATT-----A--A------ACAG-T  1710
SIVSMMH9  A--T--G---CAGG-G--AAGA--T--TT-G--A--A--G-RA--AATT-----A--A------ACAG-T  1719
SIVSMMPBJ A--T--G---CAGG-G--GAGA--T--TT-G--A--A--G-GA--AATT-----A--A------ACAG-T  1719
SIVSTM    G--C--G---CAGA-C--AAAA--C--CT-G--A--A--G-GA--GGTC-----A--A------GCAG-T  1776

CONSENSUS TAtTGGCAaGTaAC?TGGaTcCCagA?TGGGAcTTtgT?TC?ACcCCaCCacTagTcAGatTagt?TtcA  1817
HIV2ROD   --C-----A--G--A---A-C--AG-C-----C--CG-G--T--C--A--AC-GG-C--GT-AGCG-TT-  1831
HIV2NIHZ  --C-----A--A--A---A-C--AG-C-----C--TG-A--T--C--A--AC-GG-C--GC-AGCA-TT-  1828
HIV2ISY   --T-----A--G--A---A-C--AG-C-----C--CG-A--C--C--A--GT-GG-C--GT-AGCA-TT-  1828
HIV2ST    --C-----A--G--A---A-C--AG-C-----C--CA-A--T--C--G--AC-GG-C--AT-AGTA-TT-  1888
HIV2BEN   --C-----A--G--A---A-C--AG-G-----C--TG-A--T--C--A--AC-GG-C--GT-AACA-TT-  1888
HIV2CAM2  --C-----G--G--A---A-C--AG-C-----C--CG-A--T--C--A--AC-GG-C--AC-AGCA-TT-  1828
HIV2D194  --C-----A--A--A---G-C--AG-G-----C--CG-A--T--C--A--AC-GG-C--GT-GACA-TT-  1942
HIV2GH1   --C-----A--G--A---A-C--AG-G-----C--CG-A--T--C--A--AC-AG-C--GT-AACA-TT-  1888
HIV2D205  --C-----A--A--C---A-C--AG-G-----C--TG-C--G--C--A--AT-AA-A--AC-AGCC-AC-  1888
HIV2UC1   --C-----A--A--T---A-C--AG-A-----T--TG-C--A--C--A--AT-AG-A--AC-AGCC-AC-  1891
SIVMM251  --T-----G--A--C---A-A--GG-G-----T--TA-C--A--G--A--AC-AG-A--AT-AGTC-TC-  1891
SIVMM142  --T-----G--A--C---A-A--GG-A-----T--CA-C--A--A--A--AT-AG-A--AT-AGTC-TC-  1891
SIVMM239  --T-----G--A--C---A-A--GG-A-----T--TA-C--A--A--A--GC-AG-A--AT-AGTC-TC-  1903
SIVMM32H  --T-----G--A--C---A-A--AG-A-----T--TA-C--A--A--A--AC-AG-A--AT-AGTC-TC-  1903
SIVMNE    --T-----G--A--C---A-A--GA-A-----T--TA-C--A--A--A--AC-AG-A--AT-AGTC-TC-  1891
SIVSMMH4  --T-----A--A--C---A-A--AG-T-----C--TG-G--A--A--T--CT-AG-C--AT-AGTC-TC-  1780
SIVSMMH9  --T-----A--A--C---A-A--AG-A-----C--TG-G--A--A--T--CT-AG-C--AC-AGTT-TC-  1789
SIVSMMPBJ --T-----A--A--T---A-A--AG-A-----C--TG-G--A--A--T--CT-AG-C--AC-AGTT-TC-  1789
SIVSTM    --T-----G--A--A---A-A--AG-A-----T--TG-A--C--A--T--TT-AG-A--AT-AGTC-TT-  1846

CONSENSUS AccTaGTaaaaGA?CCtaTacaagg?gcaGAaACcTttTAcacaGATgGaTC?TGcAatAgacagTCaAa  1884
HIV2ROD   -CC-G--AGGG--T--TA-ACCAGGTGCA--G--C-TC--CACA---G-A--C--C-AT-GGCAA--A-A  1901
HIV2NIHZ  -CC-G--AGGA--G--TG-ACCAGGCGCA--A--T-TC--CACA---G-A--C--C-AT-GGCAG--A-A  1898
HIV2ISY   -CC-G--AAAA--T--TA-ACCAGGCGCA--G--C-TC--CACG---G-A--T--C-AT-GGCAA--A-A  1898
HIV2ST    -CC-G--GAAA--T--CA-ACTAGGCGCA--A--C-TC--CACA---G-A--C--C-AT-AGCAA--A-G  1958
HIV2BEN   -CC-A--AGGA--T--TA-ACCAGGCGCA--G--C-TC--CACA---G-A--A--C-AT-GACAG--A-A  1958
HIV2CAM2  -CT-A--AGGG--T--TA-ACCAGGCACA--G--C-TC--CACA---G-A--C--C-AT-GGCAA--A-A  1898
HIV2D194  -CT-G--AGGA--T--TA-ACCAGGCACA--G--C-TT--CACA---G-A--A--C-AT-GACAG--A-A  2012
HIV2GH1   -CC-A--AGGA--T--TA-ACCAGGCGCA -G--C-TC--CACA---G-A--A--C-AT-GACAG--A-A  1958
HIV2D205  -CC-A--CAAA--C--CC-AGAAGGGAGA--A--C-AC--CACA---G-G--C--C-AT-GAACC--A-A  1958
HIV2UC1   -CC-A--CAAA--C--CC-AGAAAAGGTG--A--C-AC--CACA---G-A--C--C-AC-GAGCC--A-A  1961
SIVMM251  -TC-A--GAAG--C--TA-AGAGGGAGAA--A--C-AT--TACA---G-A--A--T-AT-AACAG--A-A  1961
SIVMM142  -TC-A--GAAG--C--TA-AGAGGGAGAA--A--C-AT--TGTA---G-A--A--T-GT-AACAG--A-A  1961
SIVMM239  -TC-A--GAAG--C--TA-AGAGGGAGAA--A--C-AT--TACA---G-A--A--T-AT-AACAG--A-A  1973
SIVMM32H  -TC-A--GAAG--C--TA-AAAGGGAGAA--A--C-AT--TACA---G-A--A--T-AT-AACAG--A-A  1973
SIVMNE    -TC-G--AAAG--C--TA-AAAGGGAGAA--A--C-AT--TGTA---G-A--A--T-AT-AACAG--A-A  1961
SIVSMMH4  -CC-A--AAAA--G--TA-ACAGGGAGCA--A--A-TT--TGTA---G-A--C--T-AT-GGCAG--A-G  1850
SIVSMMH9  -CC-A--AAAA--G--TA-ACAGGGAGCA--A--A-TT--TGTA---A-A--C--T-AT-GGCAG--A-G  1859
SIVSMMPBJ -CC-A--AAAA--G--TA-ACAGGGAGCA--A--A-TT--TGTA---G-A--C--T-AT-GGCAG--A-G  1859
SIVSTM    -TT-A--AAAA--A--CT-GGAAGGAACA--A--A-TT--TGTG---G-C--A--T-AC-GGCAA--T-A  1916
```

HIV2/SIV POL

```
CONSENSUS aGAaGGaAAaGCAgGaTAtgT?ACaGAtAGaGG?AaAgacAaggtaAaagt?tTaGAaCagACtaCcAAt  1951
HIV2ROD   A--A--A--A---G-A--TG-A--A--T--A--G-A-GAC-AGGTA-AGAAAC-A--G-AA--TA-C--T  1971
HIV2NIHZ  A--A--G--A---G-A--TA-A--A--T--A--G-G-GAC-GGGTA-AAGTAT-A--G-AA--TA-C--T  1968
HIV2ISY   A--G--A--A---G-A--TA-A--A--T--A--A-A-GAC-AAGTA-GGATAT-A--G-AA--TA-C--C  1968
HIV2ST    A--A--A--A---G-A--CA-A--A--T--A--A-G-GAC-AGGTG-GGCTAT-A--G-AA--CA-C--T  2028
HIV2BEN   A--G--A--A---G-A--TG-A--A--T--A--A-A-GAC-AAGTA-AAGTAT-A--A-AA--TA-C--T  2028
HIV2CAM2  A--A--A--A---G-A--TG-A--A--T--A--A-G-GAC-AGGTA-AAATAC-A--G-AA--TA-C--T  1968
HIV2D194  A--A--A--A---G-A--TG-A--A--T--A--G-G-GAC-GGGTA-GAGTAT-A--G-AA--AT-C--T  2082
HIV2GH1   G--A--A--A---C-A--TG-G--A--T--A--A-G-GAC-AGGTA-GAGTAC-A--A-GA--TA-C--T  2028
HIV2D205  G--A--A--A---G-A--TG-C--T--C--G--A-A-GAT-AGGTT-AAGTGT-A--A-AG--AA-A--C  2028
HIV2UC1   G--G--A--G---G-A--TG-C--A--C--G--A-A-GAT-AGGTT-AAGTGC-A--G-AG--AA-A--T  2031
SIVMM251  A--A--G--A---G-A--TA-C--A--T--G--C-A-GAC-AAGTA-AAGTGT-A--A-AG--TA-T--T  2031
SIVMM142  A--A--A--A---G-A--TA-C--A--C--G--C-A-GAC-AGGTA-AAGTGT-A--A-AG--TA-T--T  2031
SIVMM239  A--A--G--A---G-A--TA-C--A--T--G--C-A-GAC-AAGTA-AAGTGT-A--A-AG--TA-T--T  2043
SIVMM32H  A--A--G--A---G-A--TA-C--A--T--G--C-A-GAC-AAGTA-AAGTGT-A--A-AG--TA-T--T  2043
SIVMNE    A--A--G--A---G-A--TA-C--A--T--G--C-A-GAC-AAGTA-AAGTCT-A--A-AG--TA-T--T  2031
SIVSMMH4  A--A--A--A---G-C--TG-G--G--T--G--C-G-GAC-AAGCA-AACTTT-A--A-AG--TA-C--C  1920
SIVSMMH9  A--A--A--A---G-C--TG-G--A--T--A--C-G-GGC-AGACA-AACTGC-G--A-AG--TA-C--T  1929
SIVSMMPBJ A--A--A--G---G-C--TG-G--A--T--A--C-G-GAC-AGGCA-AACTGC-G--A-AG--TA-C--T  1929
SIVSTM    A--A--G--A---G-C--CA-A--T--T--A--A-A-AAC-AAGTA-AAGCTT-A--A-AG--TA-T--T  1986

CONSENSUS CAaCAaGCAGAatTaGAAGccTTtgc?aTggCatTaacaGAcTCaGg?CCaaAagc?AAtATtaTaGTAG  2018
HIV2ROD   --G--A-----AC-A----CC--TGCGA-GG-AC-AACA--C--G-GT--AA-AGTT--T--TA-A----  2041
HIV2NIHZ  --G--A-----AT-A----CC--TGCAA-GG-AC-AACA--C--A-GT--AA-AGCT--T--TA-A----  2038
HIV2ISY   --A--A-----AT-A----CC--TGCAA-GG-AG-AACA--C--A-GT--AA-AGTC--T--TG-A----  2038
HIV2ST    --G--A-----AT-A----CC--TGCGA-GG-AG-AACA--C--A-GT--AA-GGCC--C--TA-A----  2098
HIV2BEN   --G--G-----AT-A----TC--TCGGA-GG-AC-GGCA--C--A-GC--AA-GGTT--T--CA-A----  2098
HIV2CAM2  --G--A-----GT-A----CC--TGCGA-GG-AC-AACA--C--A-GT--AA-AGCT--T--TA-A----  2038
HIV2D194  --G--A-----AC-A----CC--TGCGA-GG-AC-GGCA--C--A-GT--CA-GGTT--T--CA-A----  2152
HIV2GH1   --G--A-----AT-A----CC--TGCGA-GA-AC-GACA--C--G-GT--AA-AGTT--T--CA-A----  2098
HIV2D205  --A--A-----AC-T----CA--TGCAT-AG-AT-AACA--C--A-AA--AC-AGTT--C--CA-A----  2098
HIV2UC1   --A--A-----AC-T----CA--TGCAC-AG-AC-ACAG--T--A-GA--AC-AGTC--C--CA-A----  2101
SIVMM251  --A--A-----AT-A----CA--TCTCA-GG-AT-GACA--C--A-GG--AA-GACA--T--TA-A----  2101
SIVMM142  --A--A-----AT-G----CA--TCTCA-GG-AT-GACA--C--A-GG--AA-GGCA--T--TA-A----  2101
SIVMM239  --A--A-----AT-G----CA--TCTCA-GG-AT-GACA--C--A-GG--AA-GGCA--T--TA-A----  2113
SIVMM32H  --A--A-----AT-G----CA--TCTCA-GG-AT-GACA--C--A-GG--AA-GGCA--T--TA-A----  2113
SIVMNE    --A--A-----AT-G----CA--TCTCA-GG-AT-GGCA--C--A-GG--AA-GGCA--T--TA-A----  2101
SIVSMMH4  --A--A-----GT-G----CC--CTATC-AG-CT-AGCA--T--G-GA--AA-AGCA--T--TA-A----  1990
SIVSMMH9  --A--A-----GT-G----CC--TTATC-AG-CT-AGCA--T--A-GA--AA-AGCA--T--TA-A----  1999
SIVSMMPBJ --A--A-----GT-G----CC--CTACC-AG-CT-AGCA--T--A-GA--AA-AGCA--T--TA-A----  1999
SIVSTM    --A--A-----AT-A----CA--TGCCA-GG-CT-GGCG--C--A-GT--AA-AGCA--T--TG-G----  2056

CONSENSUS AcTCaCAaTATGT?ATGGGaATagtagcagg?ca?CC?aCaGAatCaGAgagtaga?TAGTaaaccAaAT  2083
HIV2ROD   -C--A--G-----A-----G--CAGTGCAAGCCAA--AA-A--GT-A--AAGTAAAA----GAACC-G--  2111
HIV2NIHZ  -C--A--A-----A-----G--AGTAGCAGGCCAA--AA-A--GT-A--GAATAGAA----AAATC-G--  2108
HIV2ISY   -C--A--G-----A-----A--AGTAACAGGCCAA--GG-T--AT-A--GAGTAGAA----AAATA-A--  2108
HIV2ST    -C--A--A-----A-----A--AGTAGCAGGCCAA--AA-A--GT-A--GAGTAAAA----AAATC-A--  2168
HIV2BEN   -T--A--G-----A-----G--AGTAGCAGGCCAG--AA-A--GT-A--AAATAGAA----GAACC-G--  2168
HIV2CAM2  -C--A--G-----A-----A--AGTGGCAGGCCAA--AA-A--GT-A--AAATAGAA----AAATC-A--  2108
HIV2D194  -C--A--G-----A-----G--AGTAGCAGGCCAA--AA-A--GT-A--AAATAGAA----AAACC-A--  2222
HIV2GH1   -C--A--G-----A-----A--AGTAGTAGGCCAA--AA-A--GT-A--AAGTAGAA----AAACC-A--  2168
HIV2D205  -T--A--A-----C-----A--AATAGCTGCACAG--AA-A--AA-A--ATCACCAA----AGCAA-A--  2168
HIV2UC1   -C--A--A-----C-----A--AGTAGCTGGACAG--AA-A--AA-G--GTCACCAC----AAATC-A--  2171
SIVMM251  -T--A--A-----T-----A--AATAACAGGATGC--TA-A--AT-A--GAGCAGGC----TAACC-A--  2171
SIVMM142  -C--A--A-----T-----A--AATAACAGGATGC--TA-A--AT-A--GAGCAGGC----TAACC-A--  2171
SIVMM239  -T--A--A-----T-----A--AATAACAGGATGC--TA-A--AT-A--GAGCAGGC----TAATC-A--  2183
SIVMM32H  -T--A--A-----T-----A--AATAACAGGATGC--TA-A--AT-A--GAGCAGGC----TAACC-A--  2183
SIVMNE    -T--A--A-----T-----A--AATAACAGGATGC--TA-A--AT-A--GAGCAGGC----TAACC-A--  2171
SIVSMMH4  -T--C--A-----T-----C--AATAGCAGGTCAG--CA-T--AT-A--AAGTAGAT----AAACC-G--  2060
SIVSMMH9  -T--C--A-----T-----C--AGTAGCAGGTCAA--CA-T--AT-A--AAGTAGAT----AAACC-G--  2069
SIVSMMPBJ -T--C--A-----T-----C--AGTAGCAGGTCAA--CA-T--AT-A--AAGTAGAT----AAACC-G--  2069
SIVSTM    -C--A--A-----G-----A--CATAACAGGACAG--CA-A--AT-G--GAGCAAGT----AAATC-G--  2126
```

```
CONSENSUS aATaGAagAaATGAT?AAaAAggaaGcAaT?TATGTaGcaTGGGT?CCaGC?CAcAaagg?aTaGGaGga  2148
HIV2ROD   C--A--AG-A-----A--A--GGAA-C-A-C-----T-CA-----C--A--C--C-AAGGCA-A--G-GA  2181
HIV2NIHZ  C--A--AG-A-----A--G--AGAA-C-A-C-----T-CG-----C--A--C--C-AAGGCA-A--A-GA  2178
HIV2ISY   T--A--AG-G-----A--A--GGAA-C-A-C-----T-CA-----C--G--C--C-AAGGCA-A--A-GA  2178
HIV2ST    C--A--AG-A-----A--A--GGAA-C-A-C-----T-CA-----C--A--C--T-AAGGCA-A--A-GA  2238
HIV2BEN   C--A--AG-A-----A--G--GGAA-C-G-C-----T-CA-----C--A--C--T-AAGGCA-A--A-GA  2238
HIV2CAM2  C--A--AG-A-----A--A--GGAA-C-A-C-----T-CA-----C--A--C--T-AAGGCA-A--G-GA  2178
HIV2D194  C--T--GG-C-----A--G--AGAA-C-G-C-----T-CA-----C--A--C--T-AAGGCA-A--A-GA  2292
HIV2GH1   C--T--GG-C-----A--G--AGAA-C-G-C-----C-CG-----C--A--C--T-AAGGCA-A--A-GA  2238
HIV2D205  A--T--AG-A-----C--A--AGAG-C-G-A-----A-GA-----A--A--T--C-AGGGAC-G--T-GT  2238
HIV2UC1   A--T--AG-A-----C--A--AGAA-C-A-A-----A-GA-----G--A--T--C-GAGGAC-A--T-GT  2241
SIVMM251  A--A--AG-A-----T--A--GTCA-A-A-T-----A-CA-----A--A--A--C-AAGGTA-A--A-GA  2241
SIVMM142  A--A--AG-A-----C--A--GACA-A-A-T-----G-CA-----A--A--A--C-AAGGTA-A--A-GA  2241
SIVMM239  A--A--AG-A-----T--A--GTCA-A-A-T-----A-CA-----A--A--A--C-AAGGTA-A--A-GA  2253
SIVMM32H  A--A--AG-A-----T--A--GTCA-A-A-T-----A-CA-----A--A--A--C-AAGGTA-A--A-GA  2253
SIVMNE    A--A--AG-A-----T--A--GACA-A-A-T-----A-CA-----G--A--A--C-AAGGTA-A--A-GA  2241
SIVSMMH4  A--A--GG-A-----T--A--GGAA-C-A-T-----A-CA-----A--T--A--T-AAGGAA-A--A-GC  2130
SIVSMMH9  A--A--GA-A-----T--A--GGAA-C-A-T-----A-CA-----A--T--A--T-AARRAA-A--A-AA  2139
SIVSMMPBJ A--A--AG-A-----T--A--GGAA-C-A-T-----A-CA-----A--T--A--T-AAGGAA-A--A-GA  2139
SIVSTM    A--A--AG-A-----T--A--GGAA-C-A-T-----A-CA-----A--A--A--T-AAGGAA-A--A-GA  2196

CONSENSUS AAcCAgGAagTaGAcCAccTaGT?AGtCAaGg?ATtAGaCAaGT?cTaTTCcTagAaAagATAGAgCCaG  2215
HIV2ROD   --C--G--AG-A--T--TT-A--G--T--G-GT--C--A--A--GT-G---C-GG-A-AA-----G--C-  2251
HIV2NIHZ  --C--G--AG-A--T--TT-A--A--T--G-GC--T--A--A--AT-A---C-AG-G-AA-----A--C-  2248
HIV2ISY   --T--A--AA-T--C--CT-A--A--T--G-GC--C--A--A--AT-A---C-AG-G-GA-----G--C-  2248
HIV2ST    --T--G--GG-A--T--CT-A--A--T--G-GC--C--A--A--AT-A---C-AG-G-AA-----A--C-  2308
HIV2BEN   --C--G--AG-A--C--TT-A--A--T--A-GC--C--A--A--AT-A---C-GG-A-AG-----G--C-  2308
HIV2CAM2  --C--G--AG-A--T--TT-A--G--T--A-GC--C--A--A--AC-G---C-AG-A-AG-----G--T-  2248
HIV2D194  --C--G--AG-A--C--TT-A--A--T--G-GC--C--A--A--AT-A---C-GG-A-AG-----G--C-  2362
HIV2GH1   --C--G--AG-A--C--TT-A--A--T--G-GC--C--A--A--AT-G---C-AG-A-GG-----G--C-  2308
HIV2D205  --T--G--AG-A--C--CC-A--A--T--A-GA--C--A--G--CT-G---C-AG-A-AA-----A--A-  2308
HIV2UC1   --T--G--AG-A--C--CC-A--A--T--A-GA--T--G--G--TC-A---C-AG-A-AG-----A--A-  2311
SIVMM251  --C--A--AA-A--C--CC-A--T--T--G-GG--T--A--A--TC-C---T-GG-A-AG-----G--A-  2311
SIVMM142  --C--A--AA-A--C--CC-A--T--T--A-GG--T--A--A--TC-C---T-GG-A-AG-----G--A-  2311
SIVMM239  --C--A--AA-A--C--CC-A--T--T--A-GG--T--A--A--TC-C---T-GG-A-AG-----G--A-  2323
SIVMM32H  --C--A--AA-A--C--CC-A--T--T--A-GG--T--A--A--TC-C---T-GG-A-AG-----G--A-  2323
SIVMNE    --C--A--AA-A--C--CC-A--T--T--A-GG--T--A--A--TC-C---T-GG-A-AG-----G--A-  2311
SIVSMMH4  --T--A--AG-A--T--CC-G--T--C--G-GA--T--A--A--CC-A---T-AA-A-AA-----A--A-  2200
SIVSMMH9  --T--A--AG-A--T--TC-A--T--T--A-AA--T--A--A--CC-A---T-AG-A-AA-----A--A-  2209
SIVSMMPBJ --T--A--AG-A--T--TC-G--T--T--A-GA--T--A--A--CC-A---T-AG-A-AA-----A--A-  2209
SIVSTM    --T--G--GG-A--T--TT-G--A--T--G-GA--T--A--G--CC-A---C-AG-A-AA-----A--A-  2266

CONSENSUS C?CAaGAaGAaCAtgaaAAaTAtCATagcAatgTaAAAgAacTggt?catAAaTTtgga?TaCCca?acT  2281
HIV2ROD   -T--G--A--A--TGAA--A--T---AGC-ATG-A---G-AC-GTCTCAT--A--TGGAA-A--CAATT-  2321
HIV2NIHZ  -G--G--A--A--TGAA--A--T---AGC-ATA-A---G-AC-GTCCCAT--A--TGGAA-A--CAAGC-  2318
HIV2ISY   -T--G--A--A--TGGA--A--T---AGC-ATG-A---G-AC-AGCCCAT--G--TGGAT-A--CAACC-  2318
HIV2ST    -T--G--G--A--TGAA--A--T---AGC-ATG-A---G-AC-ATCCCAT--A--TGGAC-G--CAAAT-  2378
HIV2BEN   -T--A--G--A--TGAA--A--T---AGC-TTA-A---G-AC-AACCCAT--A--TGGAA-A--CCTTC-  2378
HIV2CAM2  -T--G--A--A--TGAA--A--T---ACC-ATG-A---G-GC-ATGCCAT--A--TGATA-A--CCAAC-  2318
HIV2D194  -T--A--A--A--CGAA--A--T---AGC-ATA-A---G-AC-AACCCAT--A--TGGAA-A--CCAAC-  2432
HIV2GH1   -C--A--A--A--TGAA--A--T---AGC-ATA-G---G-AC-AACCCAT--A--TGGAA-A--CCAAC-  2378
HIV2D205  -C--G--A--G--TGAA--A--T---GGC-ATG-A---G-AC-GGTCCAT--A--CGGAA-T--ACAAT-  2378
HIV2UC1   -A--A--A--A--TGAA--G--C---GGC-ATG-A---G-AT-AGTTCAT--A--TGGAC-C--ACAGT-  2381
SIVMM251  -A--A--A--A--TGAT--A--C---AGT-ATG-A---G-AT-GGTATTC--A--TGGAT-A--CAGAA-  2381
SIVMM142  -A--A--A--A--TAGT--A--C---AGT-ACA-A---G-AT-GGTATTC--A--TGGAT-A--CAGAC-  2381
SIVMM239  -A--A--A--A--TGAT--A--C---AGT-ATG-A---G-AT-GGTATTC--A--TGGAT-A--CAGAA-  2393
SIVMM32H  -A--A--G--A--TGAT--G--C---AGT-ATG-A---G-AT-GGTATTC--A--TGGAT-A--CAGAA-  2393
SIVMNE    -A--A--A--A--TGAT--A--C---AGT-ATG-A---G-AT-GGTATTC--A--TGGAT-A--CAGAC-  2381
SIVSMMH4  -A--A--A--G--TGAA--G--C---AGC-ATG-A---G-AT-GGTATTC--A--TGGTT-A--TAGGC-  2270
SIVSMMH9  -G--G--A--G--TGAA--A--C---AGC-ATG-A---A-AT-GGTATTC--A--TRGTT-A--TAGGC-  2279
SIVSMMPBJ -G--G--A--G--TGAA--A--C---AGC-ATG-A---G-AT-GGTATTC--A--TGGTT-A--TAGGC-  2279
SIVSTM    -T--A--A--G--TGAA--A--T---AGC-ATG-G---G-GC-AGTCTTC--G--TGGCA-A--AAGGC-  2336
```

HIV2/SIV POL

```
CONSENSUS aGTgGCaAgaCAgATAGTaaAcaCaTGtgataAaTgc?CA?CagAAAGGaGAaGCtaTaCATGGgCAaGt   2349
HIV2ROD   A--G--A-GG--A-----AA-CT-A--TGCCC-A-GT.--A-AG-----G--A--TA-A-----G--A-T   2390
HIV2NIHZ  A--G--A-GA--A-----AA-CA-A--TGCCC-.-GTG--A-AG-----G--G--TA-A-----G--A-T   2387
HIV2ISY   G--G--A-GA--A-----AA-CA-A--TGCCC-G-GC.--A-AA-----G--A--TA-A-----G--A-T   2387
HIV2ST    A--G--A-GA--A-----AA-CA-A--CACCC-A-GT.--G-AG-----G--G--TA-A-----G--A-T   2447
HIV2BEN   A--A--A-GA--G-----AA-CT-A--TGCCC-A-GC.--A-AG-----A--A--CA-A-----G--A-T   2447
HIV2CAM2  A--G--A-GA--A-----AA-CA-A--TGCCC-A-AT.--A-AG-----G--G--TA-A-----G--A-T   2387
HIV2D194  A--G--A-GA--G-----AA-CA-A--TGCCC-A-GC.--A-AG-----A--A--CA-A-----G--A-T   2501
HIV2GH1   A--A--A-GA--G-----AA-CA-A--TGCCC-A-GC.--A-AG-----A--G--CA-A-----G--G-T   2447
HIV2D205  A--G--A-AA--G-----AA-TT-C--TGATA-A-GC.--A-AA-----G--A--TA-T-----A--G-T   2447
HIV2UC1   A--G--A-AA--A-----AA-CT-C--TGATA-A-GC.--A-AA-----G--A--TG-T-----A--G-T   2450
SIVMM251  A--G--C-GA--G-----AG-CA-C--TGATA-A-GT.--T-AG-----A--A--TA-A-----G--G-T   2450
SIVMM142  A--G--C-AA--G-----AG-CA-A--TGATA-A-GT.--T-AA-----A--A--TA-A-----G--G-T   2450
SIVMM239  A--G--C-GA--G-----AG-CA-C--TGATA-A-GT.--T-AG-----A--G--TA-A-----G--G-C   2462
SIVMM32H  A--G--C-GA--G-----AG-CA-A--TGATA-A-GT.--T-AA-----A--A--TA-A-----G--G-T   2462
SIVMNE    A--G--C-AA--G-----AG-CA-A--TGATA-A-GT.--T-AG-----A--A--TA-A-----G--G-T   2450
SIVSMMH4  A--A--A-AA--G-----AG-CA-A--TGATA-A-GC.--C-AG-----A--A--CA-A-----G--A-T   2339
SIVSMMH9  A--A--A-AA--A-----AG-CA-A--TGATA-A-GC.--C-TG-----A--A--YA-A-----G--A-T   2348
SIVSMMPBJ A--A--A-AA--G-----AG-CA-A--TGATA-A-GC.--C-AG-----A--A--CA-A-----A--A-T   2348
SIVSTM    A--A--A-AG--A-----GG-TA-A--TGACA-G-GC.--C-AG-----A--A--TA-A-----G--A-T   2405

CONSENSUS AAATgCaGaacTaGGgactTGGCAaATGGAcTgtACaCAtcTAGAaGGaAAaaT?aTtATAGT?GCAGTa   2417
HIV2ROD   ----G-A-AAC-A--CACT-----A-----C-GC--A--TT----A--A--GA-CA-T-----A-----A   2460
HIV2NIHZ  ----G-A-AAC-A--CACT-----A-----C-GC--A--TT----A--A--AG-CA-T-----A-----A   2457
HIV2ISY   ----G-A-AAC-A--CACC-----A-----C-GC--A--CT----A--A--AA-CA-T-----A-----A   2457
HIV2ST    ----G-A-AAT-A--CACT-----A-----C-GC--A--CT----A--A--AA-CA-T-----A-----A   2517
HIV2BEN   ----G-A-AAA-A--CGTT-----A-----C-AC--A--CT----A--A--AA-CA-T-----A-----A   2517
HIV2CAM2  ----G-A-AAG-G--CACC-----A-----C-GC--A--TC----G--A--AA-CA-C-----A-----A   2457
HIV2D194  ----G-A-AAA-A--CGTT-----A-----C-GC--A--CT----A--A--AA-CA-T-----A-----G   2571
HIV2GH1   ----G-A-AAA-A--TGTC-----A-----C-GC--A--CT----A--A--GA-CA-T-----A-----A   2517
HIV2D205  ----G-A-ACC-A--GACA-----G-----C-GT--A--TT----A--A--AA-TA-A-----G-----C   2517
HIV2UC1   ----G-A-AAC-A--AACA-----G-----C-GT--A--CT----A--A--GG-CA-A-----G-----C   2520
SIVMM251  ----T-A-ATC-A--GACT-----A-----C-GT--C--TC----A--A--AA-AG-C-----T-----A   2520
SIVMM142  ----T-A-ACC-A--GACT-----A-----T-GT--C--TC----G--A--AA-AG-C-----T-----A   2520
SIVMM239  ----T-A-ATC-A--GACT-----A-----T-GT--C--TC----G--A--AA-AA-C-----T-----A   2532
SIVMM32H  ----T-A-ATC-A--GACT-----A-----T-GT--C--TC----G--A--AA-AA-C-----T-----A   2532
SIVMNE    ----T-A-ATC-A--GACT-----A-----T-GT--C--TC----G--A--AA-AA-C-----T-----A   2520
SIVSMMH4  ----G-A-AAC-A--GACT-----A-----C-GT--G--CC----A--C--AA-AA-T-----T-----A   2409
SIVSMMH9  ----G-R-RAC-A--GACT-----A-----C-GT--A--CC----G--C--AA-AA-T-----T-----A   2418
SIVSMMPBJ ----G-A-AAC-A--GACT-----A-----C-GT--A--CC----G--C--AA-AA-T-----T-----A   2418
SIVSTM    ----G-A-AGT-A--GACT-----G-----C-GT--A--TC----A--C--GA-AA-T-----A-----A   2475

CONSENSUS CATGT?Gc?AGTGGaTTcATAGAaGCAGAaGTaATcCCaCagGAaaCAGGaAGaCAgACaGCacT?TTcc   2484
HIV2ROD   -----T-CA-----A--T-----A-----A--C--C--A-AG--AT----A--A--A--A--AC-C--CC   2530
HIV2NIHZ  -----T-CA-----A--T-----G-----A--T--C--A-AG--AT----A--G--A--A--AC-G--CT   2527
HIV2ISY   -----T-CA-----A--T-----A-----A--C--C--A-AG--AT----A--G--A--A--AC-C--CC   2527
HIV2ST    -----T-CA-----A--T-----A-----A--C--C--A-AG--AT----A--G--A--G--AC-C--CC   2587
HIV2BEN   -----T-CA-----A--C-----A-----A--C--C--A-AG--AT----A--G--G--A--AC-C--CC   2587
HIV2CAM2  -----T-CA-----A--T-----A-----A--C--C--A-AG--AT----A--G--A--A--AC-C--CC   2527
HIV2D194  -----T-CA-----A--C-----A-----A--C--C--A-AG--AT----A--G--G--A--AC-C--CC   2641
HIV2GH1   -----T-CA-----A--C-----A-----A--T--C--A-AG--AT----A--G--G--A--GC-C--CC   2587
HIV2D205  -----A-CC-----G--T-----A-----G--A--A--C-AA--GA----A--A--G--A--TC-C--CC   2587
HIV2UC1   -----A-CC-----A--T-----G-----G--A--A--C-AA--AA----A--A--A--A--TC-C--CC   2590
SIVMM251  -----A-CT-----A--C-----A-----A--A--T--A-AA--GA----A--A--G--A--AC-A--TC   2590
SIVMM142  -----A-CT-----A--C-----A-----A--A--T--A-AA--AA----A--A--G--A--AC-A--TC   2590
SIVMM239  -----A-CT-----A--C-----A-----G--A--T--A-AA--GA----A--A--G--A--AC-A--TC   2602
SIVMM32H  -----A-CT-----A--C-----A-----A--A--T--A-AA--GA----A--A--G--A--AC-A--TC   2602
SIVMNE    -----A-CT-----A--C-----A-----A--A--T--A-AA--GA----A--A--G--A--AC-A--TC   2590
SIVSMMH4  -----G-CT-----A--T-----G-----A--A--C--G-AG--AA----A--A--A--A--AC-G--TC   2479
SIVSMMH9  -----G-GT-----A--C-----G-----A--A--C--G-RG--AA----A--A--A--A--AC-G--TC   2488
SIVSMMPBJ -----G-CT-----A--C-----G-----A--A--T--G-AG--AA----A--A--A--A--AC-G--TC   2488
SIVSTM    -----A-CT-----G--T-----G-----A--A--C--A-AA--AA----G--A--G--A--AT-G--TC   2545
```

```
CONSENSUS TgtTaAAatTgGCcaGcAGaTGGCC?aT?ACaCAccTgCAcACaGAtAAtGGtgCcAAcTTcaCtTCaCa  2552
HIV2ROD   -AT-G--AC-G--AA-T--G-----AA-A--A--CT-G--T--A--T--T--TG-C--C--CA-T--A-A  2600
HIV2NIHZ  -AC-G--AC-G--CA-T--G-----AA-A--A--CC-G--C--A--T--T--TG-C--C--CA-T--A-A  2597
HIV2ISY   -AT-A--AC-G--CA-T--G-----AA-A--A--CT-G--C--A--T--T--TG-C--C--CA-T--A-A  2597
HIV2ST    -AC-A--AC-G--CA-T--G-----AA-A--A--TT-G--C--A--C--T--TG-C--C--CA-T--A-A  2657
HIV2BEN   -AT-A--AC-G--CA-T--G-----AA-A--G--CT-G--C--A--C--T--CC-C--C--CA-T--A-A  2657
HIV2CAM2  -AT-A--AT-G--TA-C--G-----AA-A--A--CT-A--C--A--T--T--TG-C--C--CA-T--A-A  2597
HIV2D194  -AT-A--AC-G--CA-T--G-----AA-A--A--CT-G--C--A--C--T--CC-C--C--CA-T--A-A  2711
HIV2GH1   -AT-A--AC-G--CA-T--G-----AA-A--A--CT-A--C--A--C--T--CT-C--C--CA-T--A-A  2657
HIV2D205  -AC-A--GT-G--CA-C--A-----TA-C--A--CC-A--C--A--C--C--TG-C--C--CA-C--A-C  2657
HIV2UC1   -GT-A--AT-G--CA-C--A-----TA-C--A--CC-G--C--A--C--C--CG-C--C--CA-C--A-A  2660
SIVMM251  -GT-A--AT-G--AG-C--A-----TA-T--A--TC-A--C--A--T--T--TG-T--C--TG-C--G-A  2660
SIVMM142  -GT-A--AT-G--AA-C--A-----TA-T--A--TC-G--C--A--T--T--TG-T--C--TG-T--G-A  2660
SIVMM239  -GT-A--AT-G--AG-C--A-----TA-T--A--TC-A--C--A--T--T--TG-T--C--TG-T--G-A  2672
SIVMM32H  -GT-A--AT-G--AG-C--A-----TG-T--A--TC-A--C--A--T--T--TG-T--C--TG-C--G-A  2672
SIVMNE    -GT-A--AT-G--AA-C--A-----TA-T--G--TC-A--C--A--T--T--TG-C--C--TG-T--G-A  2660
SIVSMMH4  -GT-A--GT-A--TG-C--A-----CA-C--A--TC-G--T--T--T--T--TG-C--T--CA-A--A-A  2549
SIVSMMH9  -GC-A--AT-A--CA-C--A-----CA-C--A--TC-G--T--T--T--T--TG-C--T--CA-A--A-A  2558
SIVSMMPBJ -GC-A--AT-A--CA-C--A-----CA-C--A--TC-G--T--T--T--T--TG-C--T--CA-A--A-A  2558
SIVSTM    -GT-G--GT-A--AA-C--A-----TG-C--A--CC-G--C--G--T--T--CG-T--C--CA-C--G-A  2615

CONSENSUS agaaGTaAAgATGGt?GCaTGGTGGgtaGG?ATaGAaCAaaCcTTtgGaGTaCCtTAcAAtCCACAgAGc  2620
HIV2ROD   GGAG--G--G----TA--A------ATA--T--A--A--AT-C--TG-A--A--T--C--T-----G--C  2670
HIV2NIHZ  GGAA--G--A----TA--A------GTA--T--A--A--AA-C--TG-A--G--T--C--T-----A--C  2667
HIV2ISY   GGAG--A--G----TA--A------GTA--C--A--A--AT-C--TG-A--A--T--C--T-----A--C  2667
HIV2ST    GGAA--A--G----TG--A------ATA--T--A--A--AT-C--CG-A--A--T--C--T-----A--C  2727
HIV2BEN   GGAA--G--G----TG--A------GTA--T--A--A--AT-C--TG-A--A--T--C--C-----A--C  2727
HIV2CAM2  GGAA--A--G----TA--A------GTA--C--A--A--AA-C--TG-A--A--T--C--C-----A--C  2667
HIV2D194  GGAA--G--G----TG--A------ATA--T--A--G--AT-C--TG-A--A--T--C--T-----A--C  2781
HIV2GH1   GGAA--G--G----TG--A------ATA--T--A--G--AT-C--TG-A--A--T--C--C-----A--C  2727
HIV2D205  AAGT--A--G----TA--C------GTA--A--A--A--AA-T--TG-A--A--C--T--C-----A--T  2727
HIV2UC1   AGAC--G--G----CG--C------ATA--G--A--A--AA-C--CG-G--A--C--T--C-----A--T  2730
SIVMM251  AGAA--A--G----TT--A------GCA--G--A--G--CA-C--TG-G--A--A--C--T-----G--T  2730
SIVMM142  AGAA--A--G----TT--A------GCA--G--A--G--CA-C--TG-G--A--A--C--T-----G--T  2730
SIVMM239  AGAA--A--G----TT--A------GCA--G--A--G--CA-C--TG-G--A--A--C--T-----G--T  2742
SIVMM32H  AGAA--A--G----TT--A------GCA--G--A--G--CA-C--TG-G--A--A--C--T-----G--T  2742
SIVMNE    AGAA--A--G----TT--A------GCA--G--A--G--CA-C--TG-G--A--A--C--T-----G--T  2730
SIVSMMH4  AGAA--G--A----TT--C------GCA--G--T--A--GA-C--TG-G--G--T--T--T-----G--C  2619
SIVSMMH9  AGAA--G--A----TT--T------GCA--R--T--A--GA-C--TR-G--A--T--T--T-----G--C  2628
SIVSMMPBJ AGAA--G--A----TT--T------GCA--G--T--A--GA-C--TG-G--A--T--T--T-----G--C  2628
SIVSTM    GGAG--A--G----TA--C------GCG--A--A--A--AA-C--TG-A--A--T--C--T-----G--C  2685

CONSENSUS CAggGaGTAGTgGAAGCaATGAAtCAcCAccTaAAaAatCAaATAgatAGAaTtAGaGAaCAgGCAaatt  2690
HIV2ROD   --AG-A-----A-----A-----T--C--TC-A--A-AC--A---AGT---A-C--A--A--G---AATA  2740
HIV2NIHZ  --AG-A-----A-----A-----T--T--TC-A--A-AT--G---GAC---A-T--A--G--G---AATA  2737
HIV2ISY   --GG-A-----A-----A-----T--C--CC-G--A-AT--G---GAA---A-T--A--G--G---AATA  2737
HIV2ST    --AG-A-----G-----A-----T--C--CC-A--A-AT--G---AGC---A-T--A--G--G---AACA  2797
HIV2BEN   --GG-A-----A-----A-----T--C--CC-A--G-AT--G---AGT---A-T--A--A--G---AATA  2797
HIV2CAM2  --AG-A-----A-----A-----T--C--CC-A--A-AT--G---AGT---A-T--A--A--G---AATA  2737
HIV2D194  --GG-A-----A-----A-----T--C--CC-A--A-AT--G---AGT---A-T--A--A--G---AATA  2851
HIV2GH1   --GG-A-----A-----A-----T--C--CT-A--G-AT--G---AGT---A-T--A--A--G---AATA  2797
HIV2D205  --AG-A-----G-----A-----C--T--CC-G--A-AT--A---GAC---C-C--A--C--A---GTAT  2797
HIV2UC1   --GG-A-----A-----A-----C--T--CC-A--A-AC--A---GAT---A-C--G--C--G---GTAT  2800
SIVMM251  --GG-A-----G-----A-----T--C--CC-G--A-AT--A---GAT---A-C--G--A--A---AATT  2800
SIVMM142  --GG-A-----G-----A-----T--C--CC-G--A-AT--A---GAT---A-C--G--A--A---AATT  2800
SIVMM239  --GG-A-----G-----A-----T--C--CC-G--A-AT--A---GAT---A-C--G--A--A---AATT  2812
SIVMM32H  --GG-A-----G-----A-----T--C--CC-G--A-AT--A---GAT---A-C--G--A--A---AATT  2812
SIVMNE    --GG-A-----G-----A-----T--C--TC-A--A-AT--A---GAT---A-C--G--A--A---AATT  2800
SIVSMMH4  --AG-A-----G-----A-----C--T--TT-A--A-CC--G---GAT---A-T--A--A--A---AACT  2689
SIVSMMH9  --AR-G-----G-----G-----C--T--TC-A--A-CC--A---GAT---A-T--A--A--G---AATT  2698
SIVSMMPBJ --AG-G-----G-----G-----C--T--TC-A--A-CC--A---GAT---A-T--A--A--G---AATT  2698
SIVSTM    --AG-A-----G-----C-----T--T--TT-A--G-CC--G---GAC---A-T--A--T--A---AACA  2755
```

HIV2/SIV POL

```
CONSENSUS CAaTaGAaAC?aTaGTAcTaATGGCAgtTCAtTGcATgAATTTTAAaAgaAGGGGaGGAaTAGGGGATAT   2759
HIV2ROD   --A-A--A--AA-A---C-A------AT---T--C--G--------A-GA-----G---A----------   2810
HIV2NIHZ  --G-A--A--AA-A---T-A------GT---T--C--G--------A-GA-----A---A----------   2807
HIV2ISY   --A-G--A--AA-A---C-A------GT---T--C--G--------A-GA-----A---A----------   2807
HIV2ST    --G-A--A--AA-A---C-A------GT---T--C--G--------A-GG-----A---A----------   2867
HIV2BEN   --A-A--A--AA-A---C-G------GT---T--C--G--------A-GA-----A---A----------   2867
HIV2CAM2  --G-A--A--AA-A---C-A------GT---T--C--G--------A-GA-----A---A----------   2807
HIV2D194  --A-A--A--AA-A---C-A------GT---T--C--G--------A-GA-----A---A----------   2921
HIV2GH1   --A-A--A--CA-A---C-A------GT---T--C--G--------A-GA-----A---A----------   2867
HIV2D205  --A-A--G--AG-T---C-A------AC---C--C--G--------A-GA-----A---A----------   2867
HIV2UC1   --A-A--G--AG-T---C-A------GC---C--C--G--------A-GA-----A---A----------   2870
SIVMM251  --G-A--A--CA-A---T-A------GT---T--C--G--------A-GA-----A---A----------   2870
SIVMM142  --G-A--A--CA-A---T-A------GT---T--C--G--------A-GA-----A---A----------   2870
SIVMM239  --G-A--A--CA-A---T-A------GT---T--C--G--------A-GA-----A---A----------   2882
SIVMM32H  --G-A--A--CA-A---T-A------GT---T--C--G--------A-GA-----A---A----------   2882
SIVMNE    --A-G--A--CA-A---T-A------GT---T--C--G--------A-GA-----A---A----------   2870
SIVSMMH4  --A-A--G--TA-A---C-A------GT---T--T--G--------A-GA-----A---A----------   2759
SIVSMMH9  --A-A--A--TA-A---C-A------AT---T--C--C--------A-GA-----A---A----------   2768
SIVSMMPBJ --A-A--A--TA-A---C-A------GT---T--C--G--------A-GA-----A---A----------   2768
SIVSTM    --G-A--A--TG-A---C-C------GT---C--C--G--------G-AA-----A---C----------   2825

CONSENSUS GACtCCagcAGAaAGAtTAaTcAAcATGaTcACcaCAGAaCAaGAaATACAaTTcctcCAA?caAAAAAt   2828
HIV2ROD   ---T--ATC---A---T--A-C--T---A-C--CA----A--A--G-----A--CCTC---GCC-----T   2880
HIV2NIHZ  ---C--AGC---A---A--A-C--T---A-C--CA----A--A--A-----A--CCTC---GCA-----T   2877
HIV2ISY   ---C--AGT---A---C--G-C--T---A-C--CA----A--A--A-----A--CCTC---GCA-----T   2877
HIV2ST    ---C--AGC---A---C--A-C--T---G-C--TG----A--G--A-----A--CCTC---GCA-----T   2937
HIV2BEN   ---C--AGC---A---C--A-C--C---A-T--CA----A--A--A-----A--CCTC---AGA-----T   2937
HIV2CAM2  ---T--ATC---A---C--A-C--T---A-C--CA----A--A--G-----A--CCTC---GCC-----T   2877
HIV2D194  ---C--AGC---A---C--A-T--C---A-C--CA----A--A--A-----A--CCTC---AGA-----T   2991
HIV2GH1   ---C--AGC---A---C--A-C--C---A-T--CA----A--A--A-----A--CCTC---AGA-----T   2937
HIV2D205  ---C--TGC---A---C--G-T--C---A-A--CA----G--A--A-----G--CTTC---GCA-----T   2937
HIV2UC1   ---C--TGC---G---C--G-T--C---A-A--CA----A--A--A-----G--CTTC---GCA-----T   2940
SIVMM251  ---T--AGC---A---T--A-T--C---A-C--TA----A--A--A-----A--TCAA---TCA-----C   2940
SIVMM142  ---T--AGC---A---T--A-T--C---A-C--TA----A--A--A-----A--TCAA---TCA-----C   2940
SIVMM239  ---T--AGC---A---T--A-T--C---A-C--TA----A--A--G-----A--TCAA---TCA-----C   2952
SIVMM32H  ---T--AGC---A---T--A-T--C---A-C--TA----A--A--A-----A--TCAA---TCA-----C   2952
SIVMNE    ---T--AGC---A---T--C-T--C---A-C--TA----A--A--A-----A--CCAA---TCA-----C   2940
SIVSMMH4  ---T--AGC---A---T--G-C--T---A-C--CA----A--A--A-----A--CCAA---TCA-----T   2829
SIVSMMH9  ---T--AGC---A---T--G-C--T---A-T--CA----A--A--A-----A--CCAA---TCA-----T   2838
SIVSMMPBJ ---T--AGC---A---T--G-C--T---A-C--CA----A--A--A-----A--CCAA---TCA-----T   2838
SIVSTM    ---C--AGC---A---T--G-T--T---A-C--CA----A--A--A-----A--TCAA---TCA-----T   2895

                                        \/ 3' sj (rare)                \/ 5' sj (rare)
CONSENSUS TcAAAaTTtaAAaAtTTtCgGGTCTATTaCAGaGAAGGCAGAgAtCAgcTgTGGaAaGGACCtGGtGAgC   2898
HIV2ROD   -C---A--AA--G-T--T-G--------T---A---------G-T--GT-G---A-A-----T--G--A-   2950
HIV2NIHZ  -C---A--AA--A-T--T-G--------T---A---------G-T--GC-G---A-A-----T--G--A-   2947
HIV2ISY   -C---A--AA--A-T--T-G--------T---A---------A-T--AC-G---C-A-----T--G--G-   2947
HIV2ST    -C---A--AC--A-T--T-G--------T---A---------G-T--GC-G---A-A-----T--G--A-   3007
HIV2BEN   -C---T--TA--A-T--C-A--------A---A---------G-T--GC-G---A-A-----T--T--A-   3007
HIV2CAM2  -C---A--AA--A-T--T-G--------T---A---------G-T--GT-G---A-A-----T--G--A-   2947
HIV2D194  -C---T--TA--A-A--C-A--------A---A---------G-T--GC-G---A-A-----T--A--G-   3061
HIV2GH1   -C---T--TA--A-C--C-A--------A---A---------G-T--GC-G---A-A-----T--A--A-   3007
HIV2D205  -T---A--TC--A-T--C-A--------A---A---------G-T--AC-C---A-G-----T--T--A-   3007
HIV2UC1   -T---A--TC--A-T--C-A--------A---A---------G-T--AC-C---A-A-----T--T--G-   3010
SIVMM251  -C---A--TA--A-T--T-G--------A---A---------G-T--AC-G---A-G-----C--T--G-   3010
SIVMM142  -C---A--TA--A-T--T-G--------A---A---------G-T--GC-G---A-G-----C--T--G-   3010
SIVMM239  -C---A--TA--A-T--T-G--------A---A---------G-T--AC-G---A-G-----C--T--G-   3022
SIVMM32H  -C---A--TA--A-T--T-G--------A---A---------G-T--AC-G---A-G-----C--T--G-   3022
SIVMNE    -C---A--TA--A-T--T-G--------A---A---------G-T--GC-G---A-A-----T--T--G-   3010
SIVSMMH4  -C---A--TA--A-T--T-G--------A---A---------G-C--GC-G---A-A-----C--T--G-   2899
SIVSMMH9  -C---A--TA--A-T--T-G--------A---A---------G-C--GC-G---A-A-----C--T--G-   2908
SIVSMMPBJ -C---A--TA--A-T--T-G--------A---A---------G-C--GC-G---A-A-----C--T--G-   2908
SIVSTM    -C---A--CA--A-T--T-G--------A---G---------G-T--AC-A---A-G-----C--T--G-   2965
```

```
CONSENSUS TatTGTGGAAaGGgGAaGGAGCAGTCaTc?TaAAGGTAGGgaCaGAcAT?AAagTAgTACCaAGaAGgAA  2966
HIV2ROD   -AC-------A--A--A---------C-AG-C--------AA-A--C--A--AA--A----A--A--G--  3020
HIV2NIHZ  -GC-------G--A--C---------A-AG-C--------GA-A--A--A--AG--G----A--A--G--  3017
HIV2ISY   -AC-------A--G--C---------A-AG-C--------GA-A--T--A--AG--A----A--A--A--  3017
HIV2ST    -AC-------G--G--C---------A-AG-C--------GG-T--C--A--AA--A----A--A--G--  3077
HIV2BEN   -AC-------G--A--A---------A-AG-C--------GA-A--C--A--AG--G----A--A--G--  3077
HIV2CAM2  -AC-------G--A--C---------A-AG-C--------AA-A--T--A--AA--A----A--G--G--  3017
HIV2D194  -AC-------G--A--C---------A-AG-C--------GG-G--C--A--AG--G----A--A--G--  3131
HIV2GH1   -AC-------G--A--C---------A-AG-C--------GG-A--C--A--AG--A----A--A--G--  3077
HIV2D205  -AT-------A--G--A---------A-CA-A--------GA-A--A--C--AG--G----C--G--A--  3077
HIV2UC1   -AT-------A--G--A---------C-CA-A--------GA-A--G--C--AG--A----C--A--G--  3080
SIVMM251  -AT-------A--G--A---------A-CT-A--------GA-A--C--T--GG--G----C--A--A--  3080
SIVMM142  -AT-------A--G--A---------A-CT-A--------AA-A--C--T--GG--G----C--G--A--  3080
SIVMM239  -AT-------A--G--A---------A-CT-A--------GA-A--C--T--GG--G----C--A--A--  3092
SIVMM32H  -AT-------A--G--A---------A-CT-A--------GA-A--C--T--GG--G----C--A--A--  3092
SIVMNE    -AT-------A--G--A---------G-CT-A--------GA-A--C--T--GG--G----C--A--A--  3090
SIVSMMH4  -AT-------A--G--A---------A-CC-A--------GA-A--G--C--GG--G----A--G--G--  2969
SIVSMMH9  -AT-------A--G--A---------A-CC-A--------GA-A--G--C--GG--G----A--G--G--  2978
SIVSMMPBJ -AT-------A--G--A---------A-CC-A--------GA-A--G--C--GG--G----A--G--G--  2976
SIVSTM    -AT-------A--G--A---------A-CG-A--------GA-A--C--T--AG--G----A--G--A--  3035

                        vif cds ->
CONSENSUS gGCtAAgATtATcAaagAcTATGGAggagGaaAaGag?TGGATaGt?gttcCcac?tGGagGataccagg  3033
HIV2ROD   A--C--G--C--C-GAG-C------GGAA-AC-A-AGA-----A-TGGTTC-CACCT--AG-GTGCCAGG  3090
HIV2NIHZ  A--C--G--C--T-AAG-C------GGAA-GC-A-AGA-----A-TGGTTC-CATTT--AG-GTGCCAGG  3087
HIV2ISY   G--C--G--C--C-GAG-C------CCAA-GC-A-AGA-----A-CGGTTC-CACCT--AG-GTGCCAGG  3087
HIV2ST    A--T--G--C--C-AAG-C------GGAA-GC-A-AGA-----A-CGGTTC-AACTT--AG-GTGCCAGG  3147
HIV2BEN   G--C--G--T--C-GGG-C------GGAA-AC-G-AAC-----A-TAGTCC-CACCT--AG-GTGCCAGG  3147
HIV2CAM2  A--C--G--C--C-GAG-C------GGAA-GC-A-AGC-----A-CAGTTC-CACCT--AG-GTGCCAGG  3087
HIV2D194  G--C--G--T--C-GGG-C------GGAA-GC-A-AAC-----A-TAGTTC-CACCT--AG-GTGCCAGG  3201
HIV2GH1   G--C--G--T--C-GAG-C------GGAA-GC-A-AAC-----A-TTCCCA-CTGGA--GT-CCAGGGAG  3147
HIV2D205  A--A--A--T--A-GGC-C------GGAG-AA-A-GAT-----T-TAGTGC-GACAT--AG-ATACCAGG  3147
HIV2UC1   A--A--G--C--A-GGC-C------GGGG-AA-A-AAT-----T-TGGTAC-GACAT--AG-ATACCAGG  3150
SIVMM251  G--T--A--T--C-AAG-T------GGAG-AA-A-AGG-----A-CAGTTC-CACAT--AG-ATACCGGA  3150
SIVMM142  G--T--A--T--C-AAG-T------GGAG-AA-A-AGA-----A-TAGTTC-CACAT--AG-ATACCGGA  3150
SIVMM239  G--T--A--T--C-AAG-T------GGAG-AA-A-AGG-----A-CAGTTC-CACAT--AG-ATACCGGA  3162
SIVMM32H  G--T--A--T--C-AAG-T------GGAG-GA-A-AGG-----A-CAGTTC-CACAT--AG-ATACCGGA  3162
SIVMNE    G--T--G--T--C-AAG-T------GGAG-AA-A-AGG-----A-CAGTTC-CACAT--AG-ATACCGGA  3150
SIVSMMH4  A--T--A--T--C-AAG-C------GGAG-AA-A-AAT-----A-TGGTTC-CACTT--AG-ATACCGGA  3039
SIVSMMH9  A--T--A--T--C-AAG-C------GGAG-AA-A-AAT-----A-TGGTTC-CACTT--AG-ATACCGGG  3048
SIVSMMPBJ A--T--A--T--C-AAG-C------GGAG-AA-A-AAT-----A-TGGTTC-CACTT--AG-ATACCGGG  3048
SIVSTM    G--T--A--C--C-AAG-T------GGAG-AA-A-AGG-----A-TGGTTC-CACCT--AG-ATACCAGG  3105

CONSENSUS gAGgcTaGAGAggTGGCA?agtCTggTcAAGTACCTGAA??A?AGAACAAAAGACCTAGAGGAGGTGCGC>  3308
HIV2ROD   G--GA-G----AA-----*                                                     3108
HIV2NIHZ  G--GA-G----GA-----*                                                     3105
HIV2ISY   G--GA-G----AA-----*                                                     3105
HIV2ST    G--GA-G----GG-----*                                                     3165
HIV2BEN   G--GA-G----AA-----TGCC--TG-C----------AT-C-------------------------->  3426
HIV2CAM2  G--AA-G----AG-----*                                                     3105
HIV2D194  G--GA-G----GG-----*                                                     3219
HIV2GH1   G--GA-G----GG-----*                                                     3165
HIV2D205  C--GC-A----GA-----CAGT--GA-*                                            3174
HIV2UC1   C--GC-A----AA-----CAGT--GG-C----------GC-*                              3192
SIVMM251  G--GC-A----GG-----*                                                     3168
SIVMM142  G--GC-A----GG-----*                                                     3168
SIVMM239  G--GC-A----GG-----*                                                     3180
SIVMM32H  G--GC-A----GG-----*                                                     3180
SIVMNE    G--GC-A----GG-----*                                                     3168
SIVSMMH4  G--GC-A----GG-----*                                                     3057
SIVSMMH9  G--GC-A----AG-----*                                                     3066
SIVSMMPBJ G--GC-A----AG-----*                                                     3066
SIVSTM    G--GC-G----GG-----*                                                     3123
```

HIV2/SIV VIF

Two sequence subtypes, A and B, are currrently recognized among HIV-2 sequences. A sequences are the prototypical HIV-2s; UC-1 and D205 are representative of B subtype sequences. Further classification is anticipated. Splice sites annotated below have been determined for SIV.

```
CONSENSUS ATGGAggagGaaAaGag?TGGATagtaGTtCCcAc?TGGAGGaTaCCaGggAGg???cTaGAGAggTGGC      65
HIV2ROD   -----GGAA-AC-A-AGA-----AGTG--T--C-CC------G-G--A-GG--G...A-G----AA----      67
HIV2NIHZ  -----GGAA-GC-A-AGA-----AGTG--T--C-TT------G-G--A-GG--G...A-G----GA----      67
HIV2ISY   -----CCAA-GC-A-AGA-----AGCG--T--C-CC------G-G--A-GG--G...A-G----AA----      67
HIV2ST    -----GGAA-GC-A-AGA-----AGCG--T--A-CT------G-G--A-GG--G...A-G----GG----      67
HIV2BEN   -----GGAA-AC-G-AAC-----AGTA--C--C-CC------G-G--A-GG--G...A-G----AA----      67
HIV2CAM2  -----GGAA-GC-A-AGC-----AGCA--T--C-CC------G-G--A-GG--A...A-G----AG----      67
HIV2D194  -----GGAA-GC-A-AAC-----AGTA--T--C-CC------G-G--A-GG--G...A-G----GG----      67
HIV2GH1   -----GGAA-GC-A-AAC-----A...--T--C-CC------G-G--A-GG--GAGGA-G----GG----      67
HIV2D205  -----GGAG-AA-A-GAT-----TGTA--G--G-CA------A-A--A-GC--G...C-A----GA----      67
HIV2UC1   -----GGGG-AA-A-AAT-----TGTG--A--G-CA------A-A--A-GC--G...C-A----AA----      67
SIVMM251  -----GGAG-AA-A-AGG-----AGCA--T--C-CA------A-A--G-AG--G...C-A----GG----      67
SIVMM1A11 -----GGAG-AA-A-AGA-----AGCA--T--C-CA------A-A--G-AG--G...C-A----GG----      67
SIVMM32H  -----GGAG-GA-A-AGG-----AGCA--T--C-CA------A-A--G-AG--G...C-A----GG----      67
SIVMM142  -----GGAG-AA-A-AGA-----AGTA--T--C-CA------A-A--G-AG--G...C-A----GG----      67
SIVMM239  -----GGAG-AA-A-AGG-----AGCA--T--C-CA------A-A--G-AG--G...C-A----GG----      67
SIVMNE    -----GGAG-AA-A-AGG-----AGCA--T--C-CA------A-A--G-AG--G...C-A----GG----      67
SIVSMMH4  -----GGAG-AA-A-AAT-----AGTG--T--C-CT------A-A--G-AG--G...C-A----GG----      67
SIVSMMH9  -----GGAG-AA-A-AAT-----AGTG--T--C-CT------A-A--G-GG--G...C-A----AG----      67
SIVSMMPBJ -----GGAG-AA-A-AAT-----AGTG--T--C-CT------A-A--G-GG--G...C-A----AG----      67
SIVSTM    -----GGAG-AA-A-AGG-----AGTG--T--C-CC------A-A--A-GG--G...C-G----GG----      67

            <- pol cds
CONSENSUS AtagccTcaTcAA?tAtcTgAAatAtAaaAC?aaaGAtcTacaaaaGGt?tgcTATGT?CCcCAtcatAA    131
HIV2ROD   -TAGCC-TG-C--GT-TC-A--AT-C-AA--AAAG--TC-AGAAAA--TGTGC-----T--C--CCAT--    137
HIV2NIHZ  -TAGCT-GG-C--GT-CT-G--AT-C-GA--AAAA--CT-AGAGAA--TATGC-----T--C--TCAT--    137
HIV2ISY   -TAGCC-TA-C--GT-TC-A--AT-C-GA--AAAA--TC-AGAACA--TGCGC-----T--C--CCAT--    137
HIV2ST    -TAGCC-TA-C--GT-TC-A--AT-C-GA--AGGA--TC-AGAGAA--TGTGC-----T--C--CCAT--    137
HIV2BEN   -TGCCC-TG-C--GT-CC-G--AT-C-GA--AAAA--CC-AGAGGA--TGCGC-----T--C--CCAC--    137
HIV2CAM2  -TAGCC-TG-C--GT-TC-A--AT-C-AA--AGGA--TC-AGAACA--TGTGC-----T--C--CCAT--    137
HIV2D194  -TAGCC-TG-C--GC-CC-G--GT-C-GA--AAAA--CT-AGAGGA--TGCGC-----T--C--TCAC--    137
HIV2GH1   -TAGTC-TG-C--GT-CC-A--AT-C-GA--AAGA--CC-AGAGGA--TGCGC-----T--C--CCAC--    137
HIV2D205  -CAGTC-GA-T--GT-TC-T--GT-T-GA--AGGA--GT-GCAACA--TCTCT-----C--T--CCAC--    137
HIV2UC1   -CAGTC-GG-C--GT-CC-G--GC-T-GA--AAAA--GT-GCAACA--TCTCT-----C--T--CCAC--    137
SIVMM251  -TAGCC-CA-A--AT-TC-G--AT-T-AA--TAAA--TC-ACAAAA--TTTGC-----G--C--TTTT--    137
SIVMM1A11 -TAGCC-CA-A--AT-TC-G--AT-T-AA--TAAA--TC-ACAAAA--TTTGC-----G--C--TTTT--    137
SIVMM32H  -TAGCC-CA-A--AT-TC-G--AT-T-AA--TAAA--TC-ACAAAA--TTTGC-----G--C--TTAT--    137
SIVMM142  -TAGCC-CA-A--AT-TT-G--AT-T-AA--TAAA--TC-ACAAAA--CTTGC-----G--C--TCAT--    137
SIVMM239  -TAGCC-CA-A--AT-TC-G--AT-T-AA--TAAA--TC-ACAAAA--TTTGC-----G--C--TTTT--    137
SIVMNE    -TAGCC-CA-A--AT-TC-G--AT-T-AA--TAAA--TC-ACAAAA--TTTGC-----G--C--TCAT--    137
SIVSMMH4  -TAGCC-CA-C--AC-CC-G--AT-T-AC--TAAA--CC-ACAGAT--CTTGT-----G--C--TCAT--    137
SIVSMMH9  -TAGCC-CA-C--AC-CC-G--AT-T-AC--TAAA--CC-ACAGAA--CTTGT-----A--C--TCAT--    137
SIVSMMPBJ -TAGCC-CA-C--AC-CC-G--AT-T-AC--TAAA--CC-ACAGAA--CTTGT-----A--C--TCAT--    137
SIVSTM    -TAGCC-CA-A--AC-TT-A--GT-T-AC--TAAA--GC-AAGCAA--CATGC-----G--C--CCAT--    137
```

```
CONSENSUS gGT?GGaTGGGCaTGGTGGACtTGCAGcAGagTaATaTTcCCacTaaaagaagaaagtcat?TaGAagTa  199
HIV2ROD   G--G--A-----A--------T-----C--GG-A--A--C--AT-AAAAGGAAACAGTCATC-A--GA-A  207
HIV2NIHZ  G--G--G-----A--------T-----C--GG-A--A--C--AC-GAAAGAGAACAGTCATC-G--GA-A  207
HIV2ISY   G--G--G-----A--------T-----C--GG-A--A--C--AT-AAAAGGAAACAGTCATC-A--GA-A  207
HIV2ST    G--G--A-----G--------T-----C--GG-A--A--C--AT-AAAAGGAGAAAGTCATC-G--GA-A  207
HIV2BEN   G--G--A-----A--------T-----C--GG-A--A--C--AC-ACAAGGAAAAAGTCATC-A--AA-A  207
HIV2CAM2  G--A--A-----A--------T-----C--GG-A--A--C--AT-AAGAGGAGACAGTCGTC-A--GA-A  207
HIV2D194  G--A--A-----A--------T-----C--GG-A--A--C--AC-AGAAGGAGAAAGTCATC-A--GA-A  207
HIV2GH1   G--G--A-----G--------T-----C--GG-A--A--C--TC-AAAAGGAGAAAGTCATC-A--GA-A  207
HIV2D205  G--A--A-----T--------T-----T--AA-A--A--T--CC-AAACAAAGGAGCATGGC-A--AG-C  207
HIV2UC1   G--G--A-----C--------T-----T--AG-A--A--C--CC-AAAAGAAGAAGCATACT-A--GG-C  207
SIVMM251  G--C--A-----A--------C-----C--AG-A--C--C--CC-ACAGGAAGGAAGCCATT-A--AG-A  207
SIVMM1A11 G--C--A-----A--------C-----C--AG-A--C--C--AC-ACAGGAAGGAAGCCATT-A--AG-A  207
SIVMM32H  G--C--A-----A--------C-----C--AG-A--C--C--AC-ACAGGAAGGAAGCCATT-A--AG-A  207
SIVMM142  G--C--A-----A--------C-----C--AG-A--C--C--AC-ACAGGAAGGAAGCCATT-A--AG-A  207
SIVMM239  G--C--A-----A--------C-----C--AG-A--C--C--AC-ACAGGAAGGAAGCCATT-A--AG-A  207
SIVMNE    G--C--A-----A--------C-----C--AG-A--C--C--AC-ACAAGAAAAAAGCCAAT-A--AG-A  207
SIVSMMH4  A--T--A-----A--------T-----C--AG-A--T--C--AT-AAGGGATGAGACTCATT-G--AG-A  207
SIVSMMH9  A--T--A-----A--------T-----C--AG-A--C--C--GT-AAGGGATGAGGCTCATT-G--AG-A  207
SIVSMMPBJ A--T--A-----A--------T-----C--AG-A--C--C--AT-AAAGGATGAAGCTCATT-G--AG-A  207
SIVSTM    G--T--G-----A--------T-----T--AG-G--T--T--CT-GCAAGGAGAAGCACACC-A--AG-T  207

CONSENSUS CAaGgaTAtTGGaAttT?aCaCCaGAaaaaGGaTggcTcag?tcttAtgCaGTgAGaaTaACcTGGTAct  267
HIV2ROD   --G-CA--T---A-CT-AA-A--A--AAAA--A-GGC-CTCCTCTT-TT-A--A--AA-A--T-----CA  277
HIV2NIHZ  --A-CA--T---A-CT-AA-A--A--AAAA--A-GGC-CTCCTCTC-CT-A--G--AA-A--T-----TA  277
HIV2ISY   --G-CA--T---A-CC-AA-A--A--AAAA--A-GGC-CTCCTCTT-TT-A--A--AA-G--T-----CT  277
HIV2ST    --G-CA--C---A-CC-AA-A--A--AAAA--A-GGC-CTCCTCCT-TT-A--A--AC-A--T-----TA  277
HIV2BEN   --G-CA--T---A-CC-AA-A--A--AAAA--A-GGC-CTCCTCTC-TG-A--A--AT-A--C-----TA  277
HIV2CAM2  --G-CA--T---A-CT-AA-A--A--AAAA--A-GGC-CTCCTCTT-TG-A--A--AA-G--T-----CA  277
HIV2D194  --G-CA--T---A-CC-AA-A--A--AAAA--A-GGC-CTCCTCTC-TT-A--A--GT-A--C-----TA  277
HIV2GH1   --G-CA--T---A-CC-AA-G--A--AAAA--A-GGC-CTCCTCTC-TT-A--G--AA-A--C-----TA  277
HIV2D205  --A-GA--T---A-CC-AA-C--A--AAGG--A-TCT-GAGCTCCT-TG-T--A--AC-A--A-----TG  277
HIV2UC1   --A-GG--T---A-TC-GA-C--G--AAGG--A-TCT-GAGCTCCT-TG-T--A--AC-A--A-----TA  277
SIVMM251  --A-GG--T---C-TT-GA-A--A--AAGA--G-GGC-CAGTACTT-TG-A--G--GA-A--C-----CT  277
SIVMM1A11 --A-GG--T---C-TT-GA-A--A--AAAA--G-GGC-CAGTACTT-TG-A--G--GG-A--C-----CT  277
SIVMM32H  --A-GG--T---C-TT-GA-A--A--AAGA--G-GGC-CAGTACTT-TG-A--T--GA-A--C-----CT  277
SIVMM142  --A-GG--T---A-TT-GA-A--A--AAGA--G-GGC-CAGTACTT-TG-A--G--GA-A--C-----CT  277
SIVMM239  --A-GG--T---C-TT-GA-A--A--AAAA--G-GGC-CAGTACTT-TG-A--G--GA-A--C-----CT  277
SIVMNE    --A-GG--T---A-TT-GA-A--A--AAGA--G-GGC-CAGTACTC-TG-A--G--AA-A--C-----CT  277
SIVSMMH4  --A-GA--T---A-TT-GG-A--A--AAAA--A-GGC-CAGTACTT-TG-A--A--AA-A--C-----CT  277
SIVSMMH9  --A-GA--T---A-TT-GA-A--A--GRAA--G-GGC-CAGTACTT-TG-A--G--AA-A--C-----CT  277
SIVSMMPBJ --G-GA--T---A-TT-GA-A--A--GAAA--G-GGC-CAGTACTT-TG-A--G--AA-A--C-----CT  277
SIVSTM    --A-GG--T---A-TT-AA-A--A--AAAA--A-GGC-CAGTGAAT-TG-T--G--GA-A--T-----TA  277
```

HIV2/SIV VIF

```
CONSENSUS caaaaaa?TTcTggaCAGATGtaACaCCagAct?tGCaGAca??cTAcTgCAtaGcaCTTATTTCcCTTG    333
HIV2ROD   CAGAAAAG--C-GGA------TT--C--AG-CTGT--A--TGTCC--A-A--TA-CA--------C----    347
HIV2NIHZ  CAGAAAAG--C-GGA------TT--C--AG-CTGT--A--TACCC--A-A--TA-CA--------T----    347
HIV2ISY   CAGAAGGG--C-GGA------TT--C--AG-CTGT--A--CACCC--A-A--CA-CA--------T----    347
HIV2ST    CAGAAAAA--C-GGA------TT--C--AG-CTGT--G--CTCCC--A-A--TA-CA--------T----    347
HIV2BEN   CAGAAAAG--C-GGA------TT--C--AG-CTGT--A--CATCC--A-A--TA-CA--------T----    347
HIV2CAM2  CAGAAAAG--C-GGA------TC--C--AG-CTGT--A--CACCC--A-A--TA-TA--------T----    347
HIV2D194  CAGAAAAG--C-GGA------TT--C--AG-CTGT--A--CTCCC--A-A--CA-CA--------T----    347
HIV2GH1   CAGAAAGG--C-GGA------TT--C--AG-CTAT--A--CATCC--A-A--TA-CA--------T----    347
HIV2D205  AGAGGAAC--T-ATA------TA--A--TG-TGTG--A--CCAGC--C-G--TG-GT--------T----    347
HIV2UC1   AAAGGAGC--T-ATA------TG--A--TG-CGTG--A--CCAGC--C-G--TG-GT--------T----    347
SIVMM251  CAAGGAAC--T-GGA------TA--A--AG-CTAT--A--CATTT--C-G--TA-CA--------C----    347
SIVMM1A11 CAAAGAAC--T-GGA------TA--A--AA-CTAT--A--CATTT--C-G--TA-CA--------C----    347
SIVMM32H  CAAGGAAC--T-GGA------TA--A--AG-CTAT--A--CATTT--C-G--TA-CA--------C----    347
SIVMM142  CAAAGGAC--T-GGA------TA--A--AG-ATAT--A--TATTT--C-G--TA-CA--------C----    347
SIVMM239  CAAAGAAC--T-GGA------TA--A--AA-CTAT--A--CATTT--C-G--TA-CA--------C----    347
SIVMNE    CAAGGAAC--T-GGA------TA--A--AG-CTGT--A--CATTT--C-G--TA-CA--------C----    347
SIVSMMH4  CCAGAAAT--C-GGA------TA--A--AG-TTAT--A--CACTT--C-G--TA-CA--------C----    347
SIVSMMH9  CCAGAAAT--C-GGA------CA--A--AG-TTAT--A--CACTT--C-G--TG-CA--------C----    347
SIVSMMPBJ CCAGAAAT--C-GGA------TG--A--AG-TTAT--A--CACTT--C-G--TG-CA--------C----    347
SIVSTM    CCAGAAAT--C-GGT------TA--A--AG-CTGT--A--TCAGC--C-G--TG-CA--------C----    347

                \/ 3' sj
CONSENSUS CTTTaCaGcgggaGAAGTaaGaAgaGcCATCAGgGGaGAaaa?tta?TgTCcTgCTGCAagT?ccC?a?A    398
HIV2ROD   ----A-A-CAGGT-----AA-A-GA-C------A--G--AAAGTTAT-G--C-G-----AT-ATC-CCG-    417
HIV2NIHZ  ----A-G-CAGGT-----AA-A-GA-C------A--G--AAAATTAT-G--C-G-----AA-ACC-CCG-    417
HIV2ISY   ----A-G-CAGGT-----AA-A-GA-C------G--A--AAAGTCAT-G--C-G-----AT-ATC-CCA-    417
HIV2ST    ----A-G-CAGGC-----AA-A-GA-C------A--G--AAAGCTAT-A--C-G-----AC-ACC-CCA-    417
HIV2BEN   ----A-G-CAGGT-----AA-A-GA-C------A--G--AAAGTTAT-G--C-G-----AC-ATC-CCA-    417
HIV2CAM2  ----A-A-CAGGG-----AA-A-GA-C------A--G--AAAGTTAT-G--C-G-----AA-ATC-CCG-    417
HIV2D194  ----A-G-CAGGT-----AA-A-GA-C------A--G--AAAGTTAT-G--C-G-----AC-ACC-CCA-    417
HIV2GH1   ----A-G-CAGGT-----AA-A-GA-C------A--G--AAAGTTAT-G--C-G-----AC-ATC-CCA-    417
HIV2D205  ----T-A-CCAAT-----AA-G-GA-C------G--A--AAAGATAT-G--C-A-----AC-ATC-ATC-    417
HIV2UC1   ----A-A-CCAAT-----AA-G-GA-C------G--A--AAAGATAT-G--C-A-----AC-ATC-ATC-    417
SIVMM251  ----A-A-CGGGA-----GA-A-GG-C------G--A--ACAACTGC-G--T-G-----AG-TCC-GAG-    417
SIVMM1A11 ----A-A-CGGGA-----GA-A-GG-C------G--A--ACAACTGC-G--T-G-----GG-TCC-GAG-    417
SIVMM32H  ----A-A-CGGGA-----GA-A-GG-T------G--A--ACAACTGC-G--C-G-----AG-TCC-GAG-    417
SIVMM142  ----A-A-CGGGA-----GA-A-GG-C------G--A--ACGACTGC-G--T-G-----GG-TCC-AAG-    417
SIVMM239  ----A-A-CGGGA-----GA-A-GG-C------G--A--ACAACTGC-G--T-G-----GG-TCC-GAG-    417
SIVMNE    ----A-A-CGGCA-----GA-A-GG-C------G--A--ACAACTGC-G--T-G-----GG-TCC-GAG-    417
SIVSMMH4  ----T-A-AGGGA-----AC-G-AG-C------G--A--GAAATTGC-G--T-G-----AG-TCC-GAA-    417
SIVSMMH9  ----T-A-AGGGA-----AC-A-GG-C------G--A--AAAATTGC-G--T-G-----AG-TCC-GAA-    417
SIVSMMPBJ ----T-A-AGGGA-----AC-A-GG-C------G--A--AAAATTGC-G--T-G-----AG-TCC-GAA-    417
SIVSTM    ----A-A-CGGGA-----GA-A-GA-C------G--A--AAAGTTAC-G--T-G-----GG-TCA-GAA-    417
```

```
                    5' sj \/ (rare)                                    vpX cds ->
CONSENSUS GCtCAtaag?accAGGTACCaag?cTaCAgTa?cTaGCccTaa?aGTagTa????aa?atgtc???agat    456
HIV2ROD   --T--TAGAGCCC-------GTCAC-T--A-TTC-G--CT-AGTG--AG-GCAACAAAATGAC...AGAC  484
HIV2NIHZ  --G--TAGATCCC-------GTCAC-T--A-TTC-G--CT-AGTG--AG-GCAACAAAATGAC...AGAT  484
HIV2ISY   --C--TAAGTCCA-------GTCAC-C--A-TTC-G--CT-AGTA--AG-ACAGCAAAATGAC...AAAC  484
HIV2ST    --C--TAAGTACC-------GTCAC-C--G-TTC-G--CT-AGTG--AG-GCAACAAAATGGC...AGGC  484
HIV2BEN   --T--TAAAGCAC-------ATCAC-T--A-ACC-A--CC-AGTA--AG-ACAACAAAATGAC...AGAC  484
HIV2CAM2  --C--TAGATCCC-------ATCAC-T--A-TTC-G--CT-AGTG--AG-GCAACAAAATGAC...AGAC  484
HIV2D194  --T--TAAAGCAC-------ATCAC-T--A-ACC-A--CC-AGTG--AG-GCAACAAAATGGC...AGAC  484
HIV2GH1   --T--TAAAGTAC-------ATCAC-T--A-ACC-A--CC-AGTG--AG-GCAACAAAATGAC...AGAC  484
HIV2D205  --T--CGAAGGGC-------AAGCT-A--G-TTC-A--CC-AAGG--CG-ACAGGAAGGAAAAAATGGAT  487
HIV2UC1   --T--CGAAGGGC-------AAGCT-A--G-TTC-A--CC-AAGG--CA-ACAGGAAGGAAAAGATGGAT  487
SIVMM251  --T--TAGGTACC-------AAGCC-A--G-ACT-A--AC-AAAA--AG-A...AGCGATGTC...AGAT  481
SIVMM1A11 --T--TAAGTACC-------AAGCC-A--G-ACT-A--AC-GAAA--AG-A...AGCGATGTC...AGAT  481
SIVMM32H  --T--TAGGTACC-------AAGTC-A--G-ACT-A--AC-GAGA--AG-A...AGTTATGTC...AGAT  481
SIVMM142  --T--TAAGCACC-------AAGTC-A--G-ACT-A--AC-GAGA--AG-A...AGTCATGTC...AGAT  481
SIVMM239  --T--TAAGTACC-------AAGCC-A--G-ACT-A--AC-GAAA--AG-A...AGCGATGTC...AGAT  481
SIVMNE    --T--TAAGACCC-------AAGTC-A--G-ACT-A--AC-GAGA--AG-A...AGTTATGTC...AGAT  481
SIVSMMH4  --T--TAAAAATC-------AAGCC-A--G-ATC-A--AC-AACA--AG-A...AGTCATGTC...AGAT  481
SIVSMMH9  --T--TAAGAATC-------AAGCC-A--G-ATC-A--AC-AACA--AG-A...AGTCATGTC...RSRT  481
SIVSMMPBJ --T--TAAGAATC-------AAGCC-A--G-ATC-A--AC-AACA--AG-G...AGCCATGTC...AGAT  481
SIVSTM    --T--TAAGAACC-------AAGCT-A--G-ACT-A--TT-AAAA--AG-G...GAACATGTC...AGAT  481

CONSENSUS CCCAGgGAgAgaaT?CCaCCaGGAAACAGtGgaGAaGAgaCaaTaGgagAgGCcTTCGa?TGGCTAgAcA  524
HIV2ROD   -----A--G-CAG-A--A--A--------C-GC--A--GA-TA-C-GAG-G--C----CC------A-C-  554
HIV2NIHZ  -----G--A-CAG-G--A--A--------C-GC--G--GA-TA-C-AAG-G--C----CA------G-C-  554
HIV2ISY   -----A--G-CAA-A--A--A--------T-GC--A--AA-TA-C-AAG-G--C----AT------G-C-  554
HIV2ST    -----A--G-CAA-A--A--A----  ---T-GC--A--AA-TA-C-GAG-G--C----AG------G-C-  554
HIV2BEN   -----A--A-GGG-A--G--A--------T-GA--A--GA-CA-T-GAG-G--C----AG------G-G-  554
HIV2CAM2  -----A--G-CCG-A--A--A--------T-GC--A--GA-TA-C-AAG-G--C----CC------G-C-  554
HIV2D194  -----A--A-GGG-G--G--A--------T-GA--A--GA-CA-T-GAG-G--C----AG------G-C-  554
HIV2GH1   -----A--A-GGG-A--G--A--------T-GA--A--GA-CA-T-GAG-G--C----AG------G-C-  554
HIV2D205  -----G--G-GAG-G--A--A--------C-AC--A--AA-AG-A-GAG-A--A----CT------G-A-  557
HIV2UC1   -----G--G-GAG-G--A--A--------C-AC--A--AA-AA-A-GAG-A--A----AT------G-A-  557
SIVMM251  -----G--G-GAA-C--A--T--------T-GA--A--GA-AA-A-GAG-G--C----AA------A-C-  551
SIVMM1A11 -----G--G-GAA-C--A--T--------T-GA--A--GA-AA-A-GAG-G--C----AA------A-C-  551
SIVMM32H  -----G--G-GAA-C--A--T--------T-GA--A--GA-AG-A-GAG-A--C----AA------A-C-  551
SIVMM142  -----G--G-GAA-C--A--T--------T-GA--A--GA-AA-A-GAG-A--C----AG------A-C-  551
SIVMM239  -----G--G-GAA-C--A--T--------T-GA--A--GA-AA-A-GAG-G--C----AA------A-C-  551
SIVMNE    -----A--G-GAA-C--A--T--------T-GA--A--GA-AA-A-GAG-A--C----AA------A-C-  551
SIVSMMH4  -----G--G-GGA-C--A--T--------T-GA--A--AA-AA-A-GAA-G--C----AA------A-C-  551
SIVSMMH9  -----G--G-GRA-C--A--T--------T-GA--A--AA-RR-A-GCG-G--Y----AC------C-C-  551
SIVSMMPBJ -----G--G-GAA-C--A--T--------T-GA--A--AA-AA-A-GCG-G--C----AC------G-C-  551
SIVSTM    -----A--G-GAA-A--G--C----  ---T-GA--A--GG-AA-A-AGG-A--A----AG------C-C-  551
```

HIV2/SIV VIF

```
CONSENSUS GaACagTAgaaGa?aTaAACaGaGagGCaGTgAAcCAcctgCC?aGgGAgcT?ATTTTCCAGGT?TGGCa    590
HIV2ROD   -G--AG--GAA-CCA-A---A-A-AA--A--G--T--CCTA--CC-A--AC-T----------G----A    624
HIV2NIHZ  -G--AG--GAG-CTA-A---A-A-AG--A--G--T--CCAC--AC-A--GC-C----------C----A    624
HIV2ISY   -G--GG--GAA-CCA-A---A-A-AG--A--G--C--CCTG--CA-G--GC-T----------G----A    624
HIV2ST    -G--GG--GAA-CCA-A---A-A-AG--A--G--C--CCTG--CC-A--GC-T----------G----A    624
HIV2BEN   -G--CA--GAA-CCT-A---A-G-AG--A--G--C--TCTG--CC-A--GC-C----------G----A    624
HIV2CAM2  -G--AG--GAA-CTA-A---A-A-AG--A--G--T--CCTG--CC-G--GC-T----------G----A    624
HIV2D194  -G--TA--GAA-CCT-A---A-G-AG--A--G--C--TCTG--CC-A--GC-C----------G----A    624
HIV2GH1   -G--TA--GAA-CCT-A---A-A-AG--A--G--C--TCTG--CC-A--GC-C----------G----A    624
HIV2D205  -A--AA--ACA-AGC-C---A-G-TA--G--C--C--TTTG--CC-A--AC-T----------C----A    627
HIV2UC1   -A--AA--ACA-AGC-C---A-G-TA--A--C--C--CTTG--CC-A--AC-C----------C----A    627
SIVMM251  -A--AG--GAG-AGA-A---A-A-AG--A--A--C--CCTA--AA-G--GC-G----------T----A    621
SIVMM1A11 -A--AG--GAG-AGA-A---A-A-AG--G--A--C--CCTA--AA-G--GC-A----------T----A    621
SIVMM32H  -A--AG--GAG-AGA-A---A-A-AG--G--A--C--CCTA--AA-G--GC-A----------T----A    621
SIVMM142  -A--AG--GAG-AGA-A---A-A-AG--G--A--C--CCTA--GA-G--GC-A----------T----A    621
SIVMM239  -A--AG--GAG-AGA-A---A-A-AG--G--A--C--CCTA--AA-G--GC-A----------T----A    621
SIVMNE    -A--AG--GAG-AGA-A---A-A-AG--A--A--C--CCTA--AA-G--GT-G----------T----A    621
SIVSMMH4  -A--AG--GAA-AAA-A---A-G-CA--A--A--T--CCTG--GA-G--GC-A----------T----G    621
SIVSMMH9  -A--AS--GAA-AAA-A---A-G-CA--A--G--T--TTTG--RA-G--GC-A----------C----G    621
SIVSMMPBJ -A--AG--GAA-AAA-A---A-G-CA--A--G--T--TTTG--GA-G--AC-A----------C----G    621
SIVSTM    -A--GG--GAG-ACA-A---C-A-AG--A--A--C--TCTA--GA-G--AC-G----------C----G    621

CONSENSUS aAGGtccTGGgaATAcTGGCa*    611
HIV2ROD   G---TCC---AG---C----A-    645
HIV2NIHZ  G---TCC---AG---C----A-    645
HIV2ISY   A---TCC---AG---C----A-    645
HIV2ST    A---TCC---AG---C----A-    645
HIV2BEN   A---TCC---AG---T----A-    645
HIV2CAM2  A---TCC---AG---C----A-    645
HIV2D194  A---TCC---GC---T----A-    645
HIV2GH1   A---TCC---AG---C----A-    645
HIV2D205  G---TCT---GC---C----G-    648
HIV2UC1   G---TGT---GC---C----G-    648
SIVMM251  A---TCT---GA---C----A-    642
SIVMM1A11 A---TCT---GA---C----A-    642
SIVMM32H  A---TCT---GA---C----A-    642
SIVMM142  A---TCT---GA---C----A-    642
SIVMM239  A---TCT---GA---C----A-    642
SIVMNE    A---TCT---GA---C----A-    642
SIVSMMH4  A---TCC---GA---C----A-    642
SIVSMMH9  A---KCC---GA---C----A-    642
SIVSMMPBJ A---TCC---GA---C----A-    642
SIVSTM    A---TCT---GA---C----A-    642
```

HIV2/SIV VPX

Two sequence subtypes, A and B, are currently recognized among HIV-2 sequences. A subtype sequences are the protypical HIV-2s; UC-1 and D205 are representative of the B subtype. Further classification is anticipated. Splice sites annotated below have been determined for SIV.

```
CONSENSUS ATGtcagatCCCAGgGAgAgaaT?CCaCCaGGAAACAGtGgaGAaGAgaCaaTaGgagAgGCcTTCGa?T    68
HIV2ROD   ---ACAGAC-----A--G-CAG-A--A--A--------C-GC--A--GA-TA-C-GAG-G--C----CC-    70
HIV2NIHZ  ---ACAGAT-----G--A-CAG-G--A--A--------C-GC--G--GA-TA-C-AAG-G--C----CA-    70
HIV2ISY   ---ACAAAC-----A--G-CAA-A--A--A--------T-GC--A--AA-TA-C-AAG-G--C----AT-    70
HIV2ST    ---GCAGGC-----A--G-CAA-A--A--A--------T-GC--A--AA-TA-C-GAG-G--C----AG-    70
HIV2BEN   ---ACAGAC-----A--A-GGG-A--G--A--------T-GA--A--GA-CA-T-GAG-G--C----AG-    70
HIV2CAM2  ---ACAGAC-----A--G-CCG-A--A--A--------T-GC--A--GA-TA-C-AAG-G--C----CC-    70
HIV2D194  ---GCAGAC-----A--A-GGG-G--G--A--------T-GA--A--GA-CA-T-GAG-G--C----AG-    70
HIV2GH1   ---ACAGAC-----A--A-GGG-A--G--A--------T-GA--A--GA-CA-T-GAG-G--C----AG-    70
HIV2D205  ---...GAT-----G--G-GAG-G--A--A--------C-AC--A--AA-AG-A-GAG-A--A----CT-    67
HIV2UC1   ---...GAT-----G--G-GAG-G--A--A--------C-AC--A--AA-AA-A-GAG-A--A----AT-    67
SIVMM251  ---TCAGAT-----G--G-GAA-C--A--T--------T-GA--A--GA-AA-A-GAG-G--C----AA-    70
SIVMM1A11 ---TCAGAT-----G--G-GAA-C--A--T--------T-GA--A--GA-AA-A-GAG-G--C----AA-    70
SIVMM32H  ---TCAGAT-----G--G-GAA-C--A--T--------T-GA--A--GA-AG-A-GAG-A--C----AA-    70
SIVMM142  ---TCAGAT-----G--G-GAA-C--A--T--------T-GA--A--GA-AA-A-GAG-A--C----AG-    70
SIVMM239  ---TCAGAT-----G--G-GAA-C--A--T--------T-GA--A--GA-AA-A-GAG-G--C----AA-    70
SIVMNE    ---TCAGAT-----A--G-GAA-C--A--T--------T-GA--A--GA-AA-A-GAG-A--C----AA-    70
SIVSMMH4  ---TCAGAT-----G--G-GGA-C--A--T--------T-GA--A--AA-AA-A-GAA-G--C----AA-    70
SIVSMMH9  ---TCRSRT-----G--G-GRA-C--A--T--------T-GA--A--AA-RR-A-GCG-G--Y----AC-    70
SIVSMMPBJ ---TCAGAT-----G--G-GAA-C--A--T--------T-GA--A--AA-AA-A-GCG-G--C----AC-    70
SIVSTM    ---TCAGAT-----A--G-GAA-A--G--C--------T-GA--A--GG-AA-A-AGG-A--A----AG-    70

CONSENSUS GGCTAgAcAGaACagTAgaaGa?aTaAACaGaGagGCaGTgAAcCAcctgCC?aGgGAgcT?ATTTTCCA   135
HIV2ROD   -----A-C--G--AG--GAA-CCA-A---A-A-AA--A--G--T--CCTA--CC-A--AC-T--------   140
HIV2NIHZ  -----G-C--G--AG--GAG-CTA-A---A-A-AG--A--G--T--CCAC--AC-A--GC-C--------   140
HIV2ISY   -----G-C--G--GG--GAA-CCA-A---A-A-AG--A--G--C--CCTG--CA-G--GC-T--------   140
HIV2ST    -----G-C--G--GG--GAA-CCA-A---A-A-AG--A--G--C--CCTG--CC-A--GC-T--------   140
HIV2BEN   -----G-G--G--CA--GAA-CCT-A---A-G-AG--A--G--C--TCTG--CC-A--GC-C--------   140
HIV2CAM2  -----G-C--G--AG--GAA-CTA-A---A-A-AG--A--G--T--CCTG--CC-G--GC-T--------   140
HIV2D194  -----G-C--G--TA--GAA-CCT-A---A-G-AG--A--G--C--TCTG--CC-A--GC-C--------   140
HIV2GH1   -----G-C--G--TA--GAA-CCT-A---A-A-AG--A--G--C--TCTG--CC-A--GC-C--------   140
HIV2D205  -----G-A--A--AA--ACA-AGC-C---A-G-TA--G--C--C--TTTG--CC-A--AC-T--------   137
HIV2UC1   -----G-A--A--AA--ACA-AGC-C---A-G-TA--A--C--C--CTTG--CC-A--AC-C--------   137
SIVMM251  -----A-C--A--AG--GAG-AGA-A---A-A-AG--A--A--C--CCTA--AA-G--GC-G--------   140
SIVMM1A11 -----A-C--A--AG--GAG-AGA-A---A-A-AG--G--A--C--CCTA--AA-G--GC-A--------   140
SIVMM32H  -----A-C--A--AG--GAG-AGA-A---A-A-AG--G--A--C--CCTA--AA-G--GC-A--------   140
SIVMM142  -----A-C--A--AG--GAG-AGA-A---A-A-AG--G--A--C--CCTA--GA-G--GC-A--------   140
SIVMM239  -----A-C--A--AG--GAG-AGA-A---A-A-AG--G--A--C--CCTA--AA-G--GC-A--------   140
SIVMNE    -----A-C--A--AG--GAG-AGA-A---A-A-AG--A--A--C--CCTA--AA-G--GT-G--------   140
SIVSMMH4  -----A-C--A--AG--GAA-AAA-A---A-G-CA--A--A--T--CCTG--GA-G--GC-A--------   140
SIVSMMH9  -----C-C--A--AS--GAA-AAA-A---A-G-CA--A--G--T--TTTG--RA-G--GC-A--------   140
SIVSMMPBJ -----G-C--A--AG--GAA-AAA-A---A-G-CA--A--G--T--TTTG--GA-G--AC-A--------   140
SIVSTM    -----C-C--A--GG--GAG-ACA-A---C-A-AG--A--A--C--TCTA--GA-G--AC-G--------   140
```

HIV2/SIV VPX

```
                                                    <- vif
CONSENSUS GGT?TGGCaaAGGtccTGGgaATAcTGGCaTGAtGAacaaGGgATGtCa??aAGcTAcacaAAaTatAGA    202
HIV2ROD   ---G----AG---TCC---AG---C----A---T--ACAA--G---T-AGAA--T--CACA--G-AT---    210
HIV2NIHZ  ---C----AG---TCC---AG---C----A---T--ACAA--G---T-AACA--C--CACA--A-AT---    210
HIV2ISY   ---G----AA---TCC---AG---C----A---T--GCAA--G---T-ACGA--C--CACA--G-AT---    210
HIV2ST    ---G----AA---TCC---AG---C----A---T--ACAA--A---T-AATA--T--CACA--G-AT---    210
HIV2BEN   ---G----AA---TCC---AG---T----A---T--ACAA--G---T-AGCA--C--CACA--G-AT---    210
HIV2CAM2  ---G----AA---TCC---AG---C----A---T--ACAA--G---T-ACAA--T--CACC--G-AT---    210
HIV2D194  ---G----AA---TCC---GC---T----A---T--ACAA--G---T-AACA--T--CACA--G-AT---    210
HIV2GH1   ---G----AA---TCC---AG---C----A---T--CCAA--G---T-ACCA--C--CACA--G-AT---    210
HIV2D205  ---C----AG---TCT---GC---C----G---G--ACAG--C---T-AATT--C--TACC--A-AT---    207
HIV2UC1   ---C----AG---TGT---GC---C----G---G--ACAG--C---T-AAGT--T--TACC--A-AT---    207
SIVMM251  ---T----AA---TCT---GA---C----A---T--ACAA--G---T-ACAA--C--TGTA--A-AC---    210
SIVMM1A11 ---T----AA---TCT---GA---C----A---T--ACAA--G---T-ACCA--C--TGTA--A-AC---    210
SIVMM32H  ---T----AA---TCT---GA---C----A---T--ACAA--G---T-ACAA--C--TGTA--A-AC---    210
SIVMM142  ---T----AA---TCT---GA---C----A---T--ACAA--G---T-ACAA--C--TACA--A-AC---    210
SIVMM239  ---T----AA---TCT---GA---C----A---T--ACAA--G---T-ACCA--C--TGTA--A-AC---    210
SIVMNE    ---T----AA---TCT---GA---C----A---T--ACAA--G---T-GCAA--C--TGTA--G-AC---    210
SIVSMMH4  ---T----GA---TCC---GA---C----A---T--AATG--A---T-AGAA--C--CACA--A-AT---    210
SIVSMMH9  ---C----GA---KCC---GA---C----A---T--AATG--G---T-AGTC--C--CACT--A-RC---    210
SIVSMMPBJ ---C----GA---TCC---GA---C----A---T--AATG--G---T-AGTC--C--CACT--A-AC---    210
SIVSTM    ---C----GA---TCT---GA---C----A---T--GCAA--G---C-CGGG--C--TGTT--A-AT---    210

CONSENSUS TAcTTGTgctTaATaCAgAaaGCt?TgTttatgCAttgcAagAaaGggtGtAg?TGcctgggggaaGgac    270
HIV2ROD   --T----GCA-A--A--G-AA--AG-G-ACATG--TGTT-GG-AA-GGT-T-CT--CCTGGGGAGG-GAC    280
HIV2NIHZ  --T----GCT-A--A--G-TG--AA-G-ACATG--TGCT-AG-GA-ATG-C-CT--CCTGGGGGGA-G.C    279
HIV2ISY   --T----GCT-A--G--G-AA--TG-G-TCATG--TTTC-AG-AA-GGT-C-CT--CCGGGGGGAA-GAC    280
HIV2ST    --T----GCC-A--G--G-AA--TA-G-TCATA--TTCT-AG-GA-GGT-C-CT--CCTGGGGGGA-GAC    280
HIV2BEN   --T----GCC-A--G--A-AA--TA-A-TTACA--TTTC-AG-GA-GGT-C-CT--CTGGGGGGAG-ACA    280
HIV2CAM2  --T----GCT-A--G--G-AA--AG-G-TCATA--TTTT-AG-GA-GGT-C-CT--CCTGGGGGGA-GGC    280
HIV2D194  --T----GCA-A--G--G-AA--TG-G-ATATA--TTTC-AG-AG-GGT-C-CT--CCTGGGGAGA-GAC    280
HIV2GH1   --T----GCC-G--G--G-AA--TG-A-TTATA--TTTC-AG-GA-GGT-C-CT--CCTGGGGGGA-GAC    280
HIV2D205  --C----TGC-A--G--G-AA--AA-G-TTGTG--CTAT-CA-AG-GCT-T-GG--CCTGCAGGAG-GCC    277
HIV2UC1   --C----TGC-A--G--G-AA--AA-G-TTGTG--CTAT-CA-AG-GCT-T-GA--CCTGCAGGAG-GCC    277
SIVMM251  --C----GTT-A--G--A-AG--TT-A-TTATG--TTGC-AG-AA-GCT-T-GA--TCTAGGGGAA-GAC    280
SIVMM1A11 --C----GTT-A--A--A-AG--TT-A-TTATG--TTGC-AG-AA-GCT-T-GA--TCTAGGGGAA-GAC    280
SIVMM32H  --C----GTT-A--A--A-AG--TT-A-TTATG--TTGC-AG-AA-GCT-T-GA--TCTAGGGGAA-GAC    280
SIVMM142  --C----GTT-A--A--A-AG--TT-A-TTATG--TTGC-AG-AA-GCT-T-GA--TCTAGGGGAA-GAC    280
SIVMM239  --C----GTT-A--A--A-AG--TT-A-TTATG--TTGC-AG-AA-GCT-T-GA--TCTAGGGGAA-GAC    280
SIVMNE    --C----GTT-A--A--A-AG--TT-A-TTATG--TTGC-AG-AA-GCT-T-GA--TCTAGGGGAA-GAC    280
SIVSMMH4  --C----GCT-G--A--G-AA--TC-G-TTGTG--TTGC-AG-AA-GGT-T-GG--CTTAGGAGAG-AGC    280
SIVSMMH9  --C----GCT-G--A--G-AA--TC-G-TTATG--TTGC-AG-AA-GGT-T-GG--CTTAGGAGGA-AGC    280
SIVSMMPBJ --C----GCT-G--A--G-AA--TA-G-TTATG--TTGC-AG-AA-GGT-T-GG--CTTAGGAGGA-AGC    280
SIVSTM    --C----GCT-G--A--G-AA--TT-G-TTATG--TAGC-AG-GG-GAT-C-GA--CTTGGGGGAA-GAC    280
```

```
                                                                \/ 3' sj
CONSENSUS atGGg?caGg?GGa?TGG?AGAcCA?GGaCCTCCtCCTCCTCCcCCtCCAGG?cTaGc?*    322
HIV2ROD   AT--GCCA-GA--G.---.---C--.--G-----T--------C--T-----TC-G-TC-    336
HIV2NIHZ  AT--GCCA-AA--G.---.---T--G--A-----C--------A--T-----TT-A-TC-    336
HIV2ISY   AT--GCCA-GA--G.---.---T--.--A-----C--------T--C-----TT-A-TC-    336
HIV2ST    AT--GCCG-GA--A.---.---T--.--A-----C--------C--T-----TC-A-TC-    336
HIV2BEN   TG--CCGG-AA--AT---A---C--A--A-----C--------C--T-----TC-A-TC-    339
HIV2CAM2  AT--GCCA-GA--G.---.---C--.--A-----C--------C--T-----GT-A-TC-    336
HIV2D194  AT--CCCG-GA--A.---.---C--.--A-----C--------C--T-----TC-A-TC-    336
HIV2GH1   AT--ACCG-GA--A.---.---T--.--A-----C--------C--T-----TC-A-TC-    336
HIV2D205  AT--GCCA-GG--A.---.---T--.--A-----T--------T--C-----CC-G-CC-    333
HIV2UC1   AT--GCCA-GG--A.---.---T--.--A-----T--------T--C-----CC-A-CC-    333
SIVMM251  AC--GGCA-GA--A.---.---C--.--A-----T--------C--T-----AC-A-CA-    336
SIVMM1A11 AC--GGCA-GG--A.---.---C--.--A-----T--------C--T-----AC-A-CA-    336
SIVMM32H  AC--GGCA-GG--A.---.---C--.--A-----T--------C--T-----AC-A-CA-    336
SIVMM142  AC--GGCA-GG--A.---.---C--.--A-----T--------C--T-----AC-A-CA-    336
SIVMM239  AT--GGCA-GG--A.---.---C--.--A-----T--------C--T-----AC-A-CA-    336
SIVMNE    AT--GGCA-GG--A.---.---C--.--A-----T--------C--T-----AC-A-CA-    336
SIVSMMH4  AT--GGCA-GG--A.---.---A--.--G-----T--------C--T-----AC-A-CA-    336
SIVSMMH9  AT--GGCA-GG--A.---.---C--.--G-----T--------C--T-----AC-A-CA-    336
SIVSMMPBJ AT--GGCA-GG--A.---.---C--.--G-----T--------C--T-----AC-A-CA-    336
SIVSTM    AT--GGCA-GA--A.---.---C--.--C-----T--------C--T-----CT-A-CA-    336
```

HIV2/SIV VPR

HIV2/SIV VPR

Two sequence subtypes, A and B, are currently recognized among HIV-2 sequences. A sequences include the prototypical HIV-2s; UC-1 and D205 are representative of B subtype sequences. Further classification is anticipated. Splice sites annotated below have been determined for SIV.

```
         <- vpX
CONSENSUS ATG???gaa???????cagA?a??CCtCCaGaagAtgaa?ccCCAcagAGgGAaccatGGgatga?TGGg     55
HIV2ROD   ---GCTGAAGCACCAACAG-GCTC--C--G-TGG-TGGGACC---CTG--G--GCCAG--GATGAG---A     70
HIV2NIHZ  ---ACTGAAGCACCAACAG-ACTC--C--G-AGG-TAGGACC---CCG--G--GCCAG--GATGCA---G     70
HIV2ISY   ---ACTGAAGCACCAGCAG-GTTT--C--G-AGG-TGGGACC---CCG--G--ACCAG--GATGAG---G     70
HIV2ST    ---ACTGAAGCACCAACAG-GTCT--C--G-AGG-TAGGACC---CCG--G--GCCAG--GATGAG---G     70
HIV2BEN   ---ACTGAAGCACCAACAG-GTTT--C--A-AAG-TGGGACC---CGG--G--CTTAG--AGTGAC---G     70
HIV2CAM2  ---ACTGAAGCACCAACAG-GCTC--T--A-AGG-TGGGACC---CCG--G--GCCAG--GATGAA---G     70
HIV2D194  ---ACTGAAGCACCAACAG-GTTT--C--A-AAG-TGGGACC---CGG--A--GCTAG--AGTACC---G     70
HIV2GH1   ---ACTGAAGCACCAACAG-GTTT--C--A-AAG-TGGGACC---CGG--G--ACTAG--GGTGAC---G     70
HIV2D205  ---GCAGAAGCAGCCCCAG-GATC--T--A-AGA-CGAGAAC---CAA--A--ACCGT--GAAGAG---A     70
HIV2UC1   ---GCAGAAGCAGCCCCAG-GACT--T--A-AGA-TGAAAGC---CAG--A--GCCAT--GAAGAG---G     70
SIVMM251  ---...GAA.........G-AAGA--T--A-AAA-TGAAGGC---CAA--G--ACCAT--GATGAA---G     58
SIVMM32H  ---...GAA.........G-AAGA--T--A-AAA-TGAAGGC---CAA--G--ACCAT--GATGAA---G     58
SIVMM1A11 ---...GAA.........G-AAGA--T--A-AAA-TGAAGGC---TGA--G--ACCAT--GGTGAA---G     58
SIVMM142  ---...GAA.........G-AAGA--T--A-AAA-TGAAGGC---CAA--G--ACCAT--GATGAG---G     58
SIVMM239  ---...GAA.........G-AAGA--T--A-AAA-TGAAGGA---CAA--G--ACCAT--GATGAA---G     58
SIVMNE    ---...GAA.........G-AAGA--T--A-AAG-TGAAGGC---CAA--G--ACCAT--GATGAA---G     58
SIVSMMH4  ---............GCAG-AAGA--T--A-AAG-TGAAGCC---CAG--G--ACCAT--GATGAA---G     58
SIVSMMH9  ---............ACAG-AAGA--T--A-AAG-TGAAGCC---CAG--G--ACCGT--GATGAA---G     58
SIVSMMPBJ ---............ACAG-AAGA--T--A-AAG-TGAAGCC---CAG--G--ACCGT--GATGAA---G     58
SIVSTM    ---............ACAC-CAGA--T--A-AGG-TGAAGGC---CAG--A--ACCAT--GATGAG---G     58

CONSENSUS Tagt?gaagttcTggaaGAaataaAagAAGaAGC?tTaaa?CAtTTTGAtCCtcGctTgCTAActgC?CT    121
HIV2ROD   -AATAGAAATCT-GAGA--AATAA-AG---A---TT-AAAG--T-----C--TC-CT-G----TTG-T--    140
HIV2NIHZ  -AATAGAAATCC-GAGA--AATAG-AG---A---TT-AAGG--T-----C--TC-CT-G----CTG-T--    140
HIV2ISY   -AATAGAAATTC-GAGA--AATAA-GG---A---TT-AAAG--T-----C--TC-CT-G----CTG-T--    140
HIV2ST    -AATAGAAACCC-GAGA--GATAA-AT---A---TT-AAAG--C-----C--TC-CT-G----TTA-T--    140
HIV2BEN   -AATAGAAACTC-GAGG--AATAA-GG---A---CT-AAGA--T-----T--CC-CT-G----TTG-T--    140
HIV2CAM2  -AATAGAAATCC-GAGA--CATAA-AG---A---CC-AAAG--C-----C--TC-CT-G----CTG-T--    140
HIV2D194  -AATAGAAACTC-GAAG--AATCA-GG---A---CT-AAAA--T-----T--CT-CT-G----TTG-T--    140
HIV2GH1   -AATAAGAATTC-GGGA--AATAA-GG---A---CT-AAAG--T-----T--CC-CT-G----TCG-T--    140
HIV2D205  -AGGGGAGATCC-GGAG--AATAA-GC---A---CT-AAAG--T-----T--TC-CT-G----CTG-G--    140
HIV2UC1   -AGAGGACGTCA-GGAG--AATAA-GC---A---CT-AAGG--T-----T--CC-CT-G----CTG-G--    140
SIVMM251  -AGTGGAGGTTC-GGAA--ATTGA-AG---A---TT-AAAA--T-----T--TC-CT-G----CTG-A--    128
SIVMM32H  -AGTGGAGGTTC-GGAA--ACTGA-AG---A---TT-AAAA--T-----T--TC-CT-G----CTG-A--    128
SIVMM1A11 -AGTGGAGGTTC-GGAA--ACTGA-GG---G---TT-AAAA--T-----T--TC-CT-G----CTG-A--    128
SIVMM142  -AGTGGAAGTTC-GAAA--ACTGA-AG---A---TT-AAAG--T-----T--TC-GC-T----CCG-A--    128
SIVMM239  -AGTGGAGGTTC-GGAA--ACTGA-AG---A---TT-AAAA--T-----T--TC-CT-G----CTG-A--    128
SIVMNE    -AGTGGAGGTTC-GGAG--ACTGA-AG---A---TT-AAAA--T-----T--TC-CT-G----CTG-G--    128
SIVSMMH4  -AGTGGAAGTTC-AGAG--ATTAA-AG---A---CC-GAAA--T-----T--TC-CT-G----CTG-G--    128
SIVSMMH9  -RGTAGAAGTTC-GGAG--ACKAA-AG---A---CC-GAAC--K-----T--TC-CT-G----TYG-G--    128
SIVSMMPBJ -AGTAGAAGTTC-GGAG--AATAA-AG---A---CC-GAAC--T-----T--TC-CT-G----CTG-G--    128
SIVSTM    -AGTGGAAGTTC-GGAG--AATAA-AC---A---CC-GCGG--T-----T--TC-CT-G----GCG-G--    128
```

```
                                \/ 3' sj
                            tat cds ->
CONSENSUS TGGtaa?taTATctAtaaTAGaCATGGAGAcACcCtTGaagGaGCagGAGagCTCATTAgaatCCTcCAa   190
HIV2ROD   ---CAAATA---CT-TAC---A--------C--C-T--AAG-C--CA---AG-------AAGT---G--A   210
HIV2NIHZ  ---CAGATA---CT-TAC---G--------C--C-T--AAG-C--CA---AG-------GAAT---G--A   210
HIV2ISY   ---CTACTA---CT-TAC---A--------C--C-T--AAG-C--CA---AG-------GGGT---A--A   210
HIV2ST    ---CAACTA---CT-TGC---A--------C--C-T--AAG-C--CA---GG-------GGAT---A--A   210
HIV2BEN   ---CTACTA---CC-TAA---A--------C--C-T--AAG-C--CA---AG-------AAAC---A--A   210
HIV2CAM2  ---CGGACA---CT-TGC---A--------C--C-T--AAA-A--CA---AG-------GGGT---G--A   210
HIV2D194  ---CAACTA---CT-TAA---A--------C--C-T--AAG-A--CA---AG-------GAGT---A--A   210
HIV2GH1   ---CAACTA---CC-TAG---A--------C--A-C--AAG-C--CA---AG-------GAAT---A--A   210
HIV2D205  ---TAACTT---CT-CAG---G--------T--C-T--CAG-A--AG---AG-------AAAT---C--A   210
HIV2UC1   ---TAATTT---CT-CAG---G--------T--C-T--CAG-A--AG---AG-------AAAT---C--G   210
SIVMM251  ---TAATCA---CT-TAA---A--------C--C-T--AGG-A--AG---AA-------GAAT---C--A   198
SIVMM32H  ---TAATCA---CT-TAA---A--------C--C-T--AGG-A--AG---AA-------GAAT---C--A   198
SIVMM1A11 ---TAATCA---CT-TAA---A--------C--C-T--AGG-A--AG---AA-------GAAT---C--G   198
SIVMM142  ---TAATCA---CT-TAA---A--------C--C-T--AGG-A--AG---AA-------GAAT---C--A   198
SIVMM239  ---TAATCA---CT-TAA---A--------C--C-T--AGG-A--AG---AA-------GAAT---C--A   198
SIVMNE    ---TAATCA---CT-TAA---A--------C--C-T--AGG-A--AG---AA-------AAAT---C--A   198
SIVSMMH4  ---TAACTA---TT-TGA---A--------C--C-T--AAG-A--AG---AA-------GAAT---G--G   198
SIVSMMH9  ---TAACTA---CT-TGA---A--------C--C-T--AAG-A--AG---AG-------GAAT---C--G   198
SIVSMMPBJ ---TAACTA---CT-TGA---A--------C--C-T--AAG-A--AG---AG-------GAAT---C--G   198
SIVSTM    ---TAACTA---CT-TGA---A--------C--C-T--AAG-A--AG---AG-------AGAT---C--G   198

CONSENSUS cGaGCcCTctTCatgCActTcAGag??GGaTGca?cCacTC?AGaAt?gGccaa?ctgggggaggaaatc   254
HIV2ROD   C-A--C--TT--ACG--CT-C--AGCA--A--TGGC-AC--A--A-TTG-CCAGACAAGGGGAGGAAATC   280
HIV2NIHZ  C-A--C--CT--GCG--CT-C--AGCA--A--TGGC-AC--A--A-TTG-CCAGACAAGGGGAGGAAATC   280
HIV2ISY   C-A--C--CT--ACG--CT-C--AGCA--A--TGGC-AC--A--A-TTG-CCAACCAAGGGGAAGAAATC   280
HIV2ST    C-A--C--CC--TTG--CT-C--AGCA--A--CGGC-GC--A--G-TTG-TCAGCCCAGGGGACGAAATC   280
HIV2BEN   C-A--C--CT--GTG--CT-C--AGCG--A--TAAC-GC--A--A-TTG-C*                    261
HIV2CAM2  C-A--C--CT--ACG--CT-C--GGCA--A--CAAC-AC--A--A-TTG-CCAAACTAGGGGAGGAAATC   280
HIV2D194  C-A--C--CT--GTG--CA-C--AGCG--A--TGAC-GC--A--A-AGG-CCAAACAAGGAGAAGAGCTC   280
HIV2GH1   C-A--C--CT--GTG--CC-C--AGCA--G--TAAC-GC--A--A-TTA-CCAAACAAGGAGAAGAACTC   280
HIV2D205  C-A--C--CT--CTC--CT-C--AGCC--T--TCAA-AC--A--G-TTG-ACAATCAGGGGGAGGAAATC   280
HIV2UC1   C-A--C--CT--CTC--CT-C--AGCC--T--TCAA-AC--A--G-TCG-ACAACCAGGGGGAGGAAATC   280
SIVMM251  C-A--G--CT--ATG--TT-T--AGGC--A--CAAC-AC--C--A-TCG-CCAACCTGGGGGAGGAAATC   268
SIVMM32H  C-A--G--CT--ATG--TT-C--AGGC--A--CAAC-AC--C--A-TCG-CCAACCTGGGGGAGGAAATC   268
SIVMM1A11 C-G--A--CT--ATG--CT-C--AGGC--C--CATC-AC--C--A-TTG-CCAACCTGGGGGAAGAAATC   268
SIVMM142  C-A--G--CT--ATA--TT-C--AAGC--C--CAGC-AT--C--A-TCG-CCAACCTGGGGGAGGAAATC   268
SIVMM239  C-A--G--CT--ATG--TT-C--AGGC--A--CATC-AC--C--A-TCG-CCAACCTGGGGGAGGAAATC   268
SIVMNE    C-G--G--CT--ATG--CT-C--AGGC--C--CACC-AC--T--A-TCG-CCAATCTGGAGGAGGAAATC   268
SIVSMMH4  A-A--A--CT--ATC--TT-C--AAGT--A--TGCC-AC--C--A-TCG-CCAATCTAGAGGAGGAAATC   268
SIVSMMH9  G-A--A--CT--ATC--TT-C--AGGT--A--CAGA-AC--C--A-TCG-CCAGTCTGGAGGARGAAATC   268
SIVSMMPBJ A-A--A--CT--ATC--TT-C--AGGT--A--CAGA-AC--C--A-TCG-CCAGTCTGGAGGAGGAAATC   268
SIVSTM    C-A--C--CT--ATG--CT-C--AGGC--T--CCGC-AC--C--G-TTG-CCAACCAGGAGGAGGAAATC   268
```

HIV2/SIV VPR

```
CONSENSUS ctctctcagctataccgccc?ctagaggcatgcta*    288
HIV2ROD   CTCTCTCAGCTATACCGACCCCTAGAAACATGCAA-    315
HIV2NIHZ  CTCTCTCAGCTATACCGACCCCTAGAGGCATGCAC-    315
HIV2ISY   CTCTCTCAGCTATACCGACCCCTAGAAACATGCAA-    315
HIV2ST    CTTTATCAGCTATACCAACCCCTAGAGGCATGCGA-    315
HIV2BEN
HIV2CAM2  CTCTCTCAGCTATACCAACCCCTAGAAGAATGTGA-    315
HIV2D194  CTTGCCCAGCTGCACCGACCCCTAGAGGCATGCAC-    315
HIV2GH1   CTTTCCCAGCTGCACCGACCCCTAGAGGCATGTAC-    315
HIV2D205  CTCTCTCAACTATACCGCCCCCT*                 303
HIV2UC1   CTCTCTCAGCTATACCGCCCTCT*                 303
SIVMM251  CTCTCTCAACTATACCGCCCTCT*                 291
SIVMM32H  CTCTCTCAACTATACCGCCCTCTAGAGGCGTGCTA-    303
SIVMM1A11 CTCTCTCAGCTATACCGCCCTCTAGAAGCATGCTA-    303
SIVMM142  CTCTCTCAACTATACCGCCCTCTAGAAGCATGCTA-    303
SIVMM239  CTCTCTCAGCTATACCGCCCTCTAGAAGCATGCTA-    303
SIVMNE    CTCTCTCAACTATACCGCCCTCTAGAAGAATGCTA-    303
SIVSMMH4  CTCTCTCAACTATACCGCCCTCTAGAGGCGTGCTA-    303
SIVSMMH9  CTCTCTCAACTATACCGCCCKGTAGAGGCGTGTTA-    303
SIVSMMPBJ CTCTCTCAACTATACCGCCCTCTAGAGGCGTGTTA-    303
SIVSTM    CTTTGGCAACTATACCGCCCACTAGAGGAGTGTTG-    303
```

HIV2/SIV TAT

Two sequence subtypes, A and B, are currently recognized from among HIV-2 sequences. A sequences are the prototypical HIV-2s; UC-1 and D205 are representative of B subtype sequences. Further classification is anticipated. Splice sites annotated below have been determined for SIV.

```
CONSENSUS ATGGAGAcACcCtTGaagGaGCagGAGagCTCATTAgaatCCTcCAacGaGCcCTctTCatgCActTcAG      70
HIV2ROD   -------C--C-T--AAG-C--CA---AG-------AAGT---G--AC-A--C--TT--ACG--CT-C--      70
HIV2NIHZ  -------C--C-T--AAG-C--CA---AG-------GAAT---G--AC-A--C--CT--GCG--CT-C--      70
HIV2ISY   -------C--C-T--AAG-C--CA---AG-------GGGT---A--AC-A--C--CT--ACG--CT-C--      70
HIV2ST    -------C--C-T--AAG-C--CA---GG-------GGAT---A--AC-A--C--CC--TTG--CT-C--      70
HIV2BEN   -------C--C-T--AAG-C--CA---AG-------AAAC---A--AC-A--C--CT--GTG--CT-C--      70
HIV2CAM2  -------C--C-T--AAA-A--CA---AG-------GGGT---G--AC-A--C--CT--ACG--CT-C--      70
HIV2D194  -------C--C-T--AAG-A--CA---AG-------GAGT---A--AC-A--C--CT--GTG--CA-C--      70
HIV2GH1   -------C--A-C--AAG-C--CA---AG-------GAAT---A--AC-A--C--CT--GTG--CC-C--      70
HIV2D205  -------T--C-T--CAG-A--AG---AG-------AAAT---C--AC-A--C--CT--CTC--CT-C--      70
HIV2UC1   -------T--C-T--CAG-A--AG---AG-------AAAT---C--GC-A--C--CT--CTC--CT-C--      70
SIVMM251  -------C--C-T--AGG-A--AG---AA-------GAAT---C--AC-A--G--CT--ATG--TT-T--      70
SIVMM32H  -------C--C-T--AGG-A--AG---AA-------GAAT---C--AC-A--G--CT--ATG--TT-C--      70
SIVMM1A11 -------C--C-T--AGG-A--AG---AA-------GAAT---C--GC-G--A--CT--ATG--CT-C--      70
SIVMM142  -------C--C-T--AGG-A--AG---AA-------GAAT---C--AC-A--G--CT--ATA--TT-C--      70
SIVMMP11  -------C--C-T--AGG-A--AG---AA-------GAAT---C--AC-A--G--CT--ATG--TT-T--      70
SIVMM239  -------C--C-T--AGG-A--AG---AA-------GAAT---C--AC-A--G--CT--ATG--TT-C--      70
SIVMNE    -------C--C-T--AGG-A--AG---AA-------AAAT---C--AC-G--G--CT--ATG--CT-C--      70
SIVSMMH4  -------C--C-T--AAG-A--AG---AA-------GAAT---G--GA-A--A--CT--ATC--TT-C--      70
SIVSMMH9  -------C--C-T--AAG-A--AG---AG-------GAAT---C--GG-A--A--CT--ATC--TT-C--      70
SIVSMMPBJ -------C--C-T--AAG-A--AG---AG-------GAAT---C--GA-A--A--CT--ATC--TT-C--      70
SIVSTM    -------C--C-T--AAG-A--AG---AG-------AGAT---C--GC-A--C--CT--ATG--CT-C--      70

CONSENSUS agg?GGaTGca?cCacTC?AGaAt?gGccAa?CtgGggGAgGAaaTCCTctctCAgCTatACCgcCC?cT     134
HIV2ROD   AGCA--A--TGGC-AC--A--A-TTG-CC-GA-AA-GG--G--AA----CTCT--G--AT---GA--CC-     140
HIV2NIHZ  AGCA--A--TGGC-AC--A--A-TTG-CC-GA-AA-GG--G--AA----CTCT--G--AT---GA--CC-     140
HIV2ISY   AGCA--A--TGGC-AC--A--A-TTG-CC-AC-AA-GG--A--AA----CTCT--G--AT---GA--CC-     140
HIV2ST    AGCA--A--CGGC-GC--A--G-TTG-TC-GC-CA-GG--C--AA----TTAT--G--AT---AA--CC-     140
HIV2BEN   AGCG--A--TAAC-GC--A--A-TTG-CT-AA-AA-GA--A--AC----TGCC--G--GC---GA--CC-     140
HIV2CAM2  GGCA--A--CAAC-AC--A--A-TTG-CC-AA-TA-GG--G--AA----CTCT--G--AT---AA--CC-     140
HIV2D194  AGCG--A--TGAC-GC--A--A-AGG-CC-AA-AA-GA--A--GC----TGCC--G--GC---GA--CC-     140
HIV2GH1   AGCA--G--TAAC-GC--A--A-TTA-CC-AA-AA-GA--A--AC----TTCC--G--GC---GA--CC-     140
HIV2D205  AGCC--T--TCAA-AC--A--G-TTG-AC-AT-AG-GG--G--AA----CTCT--A--AT---GC--CC-     140
HIV2UC1   AGCC--T--TCAA-AC--A--G-TCG-AC-AC-AG-GG--G--AA----CTCT--G--AT---GC--TC-     140
SIVMM251  AGGC--A--CAAC-AC--C--A-TCG-CC-AC-TG-GG--G--AA----CTCT--A--AT---GC--TC-     140
SIVMM32H  AGGC--A--CAAC-AC--C--A-TCG-CC-AC-TG-GG--G--AA----CTCT--A--AT---GC--TC-     140
SIVMM1A11 AGGC--C--CATC-AC--C--A-TTG-CC-AC-TG-GG--A--AA----CTCT--G--AT---GC--TC-     140
SIVMM142  AAGC--C--CAGC-AT--C--A-TCG-CC-AC-TG-GG--G--AA----CTCT--A--AT---GC--TC-     140
SIVMMP11  AGGC--A--CAAC-AC--C--A-TCG-CC-AC-TG-GG--G--AA----CTCT--A--AT---GC--TC-     140
SIVMM239  AGGC--A--CATC-AC--C--A-TCG-CC-AC-TG-GG--G--AA----CTCT--G--AT---GC--TC-     140
SIVMNE    AGGC--C--CACC-AC--T--A-TCG-CC-AT-TG-AG--G--AA----CTCT--A--AT---GC--TC-     140
SIVSMMH4  AAGT--A--TGCC-AC--C--A-TCG-CC-AT-TA-AG--G--AA----CTCT--A--AT---GC--TC-     140
SIVSMMH9  AGGT--A--CAGA-AC--C--A-TCG-CC-GT-TG-AG--R--AA----CTCT--A--AT---GC--KG-     140
SIVSMMPBJ AGGT--A--CAGA-AC--C--A-TCG-CC-GT-TG-AG--G--AA----CTCT--A--AT---GC--TC-     140
SIVSTM    AGGC--T--CCGC-AC--C--G-TTG-CC-AC-AG-AG--G--AA----TTGG--A--AT---GC--AC-     140
```

HIV2/SIV TAT

```
                    <- vpR                                                  \/ 3' sj
CONSENSUS agAggcaTGctaTAAcacaTGcTatTGtAAaaagTGttGcTaccAtTGcCAGcttTGTTTtcttaaaAAg    204
HIV2ROD   AG-AACA--CAA---CTCA--C-AT--T--GCGA--CT-C-ACC-T--T---ATG-----TCTAAAC--G    210
HIV2NIHZ  AG-GGCA--CAC---CTCC--C-AT--C--GAAA--CT-C-ACG-T--C---CTG-----TTTACAA--G    210
HIV2ISY   AG-AACA--CAA---CAAA--C-TT--T--GGGG--CT-C-TCC-T--C---CTG-----TTTAAAC--G    210
HIV2ST    AG-GGCA--CGA---CAAA--T-AC--T--AAAG--CT-C-ACC-T--C---ATG-----TTTAAAC--G    210
HIV2BEN   AG-GCCA--CAC---CAAA--C-AT--T--GCGA--CA-T-TCC-T--C---CTG-----CTCGAAA--G    210
HIV2CAM2  AG-AGAA--TGA---CTCA--C-AT--T--GCGA--CT-C-ATC-T--C---CTA-----TCTAAAA--G    210
HIV2D194  AG-GGCA--CAC---CTCA--C-AT--T--GCAG--CA-T-ACC-T--C---CTG-----CTTGAAA--A    210
HIV2GH1   AG-GGCA--TAC---CTCA--C-AT--T--GCAG--CA-C-TCC-T--C---CTG-----CTTGAAA--A    210
HIV2D205  TA-GGCA--CGA---TACA--C-AC--T--GAAA--CT-C-ACC-T--C---CTT-----TCTTAAA--G    210
HIV2UC1   TG-AGCA--CGA---TAAA--C-AC--T--AAAA--CT-T-ACC-T--C---CTT-----CCTTAAA--G    210
SIVMM251  TG-GGCG--CTA---CACA--C-AT--T--AAAG--TT-C-ACC-T--C---TTT-----TCTTAAA--G    210
SIVMM32H  AG-GGCG--CTA---CACA--C-AT--T--AAAG--TT-C-ACC-T--C---TTT-----TCTTAAA--G    210
SIVMM1A11 AG-AGCA--CTA---CACA--C-AT--T--AAAG--TT-C-ACC-T--C---TTT-----TCTTAAA--A    210
SIVMM142  AG-AGCA--CTA---CACA--C-AT--C--AAAG--TT-C-ACC-T--C---TTT-----TCTTAAA--G    210
SIVMMP11  TG-GGCG--CTA---CACA--C-AT--T--AAAG--TT-C-ACC-T--C---TTT-----TCTTAAA--G    210
SIVMM239  AG-AGCA--CTA---CACA--C-AT--T--AAAG--TT-C-ACC-T--C---TTT-----TCTTAAA--A    210
SIVMNE    AG-AGAA--CTA---CACA--C-AT--C--AAAG--TT-C-ACC-T--C---TTT-----TCTTAAA--G    210
SIVSMMH4  AG-GGCG--CTA---CAAG--C-AC--T--GAGG--TT-C-ATC-T--T---CAT-----TCTTAAA--G    210
SIVSMMH9  AG-GGCG--TTA---CAAG--Y-AC--T--GAAA--TT-C-ATC-T--T---CAT-----TCTYAAA--G    210
SIVSMMPBJ AG-GGCG--TTA---CAAG--C-AC--T--AAGG--TT-C-ATC-T--T---CAT-----TCTTAAA--G    210
SIVSTM    AG-GGAG--TTG---CAAG--C-TT--C--AAAA--TT-C-ATC-C--C---CTG-----TGTTACA--A    210

                rev cds ->
CONSENSUS GG?cT?GGgATAtgtTATGagca???a?gca??aGaAgaAGaacTccgAagAaggCTAAGgcTaaT?Cat    265
HIV2ROD   --GC-C--G---TGT----AACGAAAGGGCAGAC-A-GA--GAC-CCA-AG-AAA-----AC-CA-C-GT    280
HIV2NIHZ  --GC-C--G---TGG----ACCGAAAGGGCAGAC-A-GA--GAC-CCA-AG-AAA-----GC-CA-C-GT    280
HIV2ISY   --GC-C--G---TGT----ACCGAAAGGGCAGAC-A-GA--GAG-CCG-AG-AAA-----GC-CA-T-GT    280
HIV2ST    --GC-C--G---TGG----AACGAAAGGGCAGAA-A-GA--AAC-CCG-AG-AAA-----GC-CA-T-GT    280
HIV2BEN   --GC-C--A---TCA----AGCGAAAGGGCAGAC-A-GA--GAC-CCA-GG-AAA-----AC-CC-T-GC    280
HIV2CAM2  --GC-C--G---TGT----ACCGAAAGGGCAGAC-A-GA--GAC-CCA-AG-AAG-----GC-CA-T-GT    280
HIV2D194  --GC-C--G---TGG----CGCGACAGGGCAGAC-A-GA--GAC-CCA-GA-AAA-----AC-CA-C-GC    280
HIV2GH1   --GC-C--G---TGG----CACGAAAAAGCAGAC-G-GA--AAC-CCA-GA-AGA-----AC-CA-T-GT    280
HIV2D205  --TC-T--G---TGT----ACCGCTCG......A-A-GG--ATC-GCA-AA-GAG-----AC-AC-G-AC    274
HIV2UC1   --CC-T--G---TGG----ACCACTCG......A-A-AA--ATC-TCA-AA-GGG-----GT-AC-G-AT    274
SIVMM251  --AT-G--G---TGT----AGCAGTCACGAAAGA-A-GA--AAC-CCG-AA-AGG-----GC-AA-A-AT    280
SIVMM32H  --CT-G--G---TGT----AGCAGTCACGAAAGA-A-GA--AAC-CCG-AA-AGG-----GC-AA-A-AT    280
SIVMM1A11 --CT-G--G---TGT----AGCAGTCACGAAAGA-A-GA--AAC-CCG-AA-AGG-----GC-AA-A-AT    280
SIVMM142  --CT-G--G---AGT----AGAAGTCACACAGGA-A-GA--AAC-CCG-AG-AGG-----GC-AA-A-AT    280
SIVMMP11  --AT-G--G---TGT----AGCAGTCACGAAAGA-A-GA--AAC-CCG-AA-AGG-----GC-AA-A-AT    280
SIVMM239  --CT-G--G---TGT----AGCAATCACGAAAGA-A-GA--AAC-CCG-AA-AGG-----GC-AA-A-AT    280
SIVMNE    --CT-G--G---TGT----AGCAGTCACGCAGAA-A-GA--AAC-CCG-AG-AGG-----GC-AA-A-AT    280
SIVSMMH4  --TT-G--A---TGC----AGCAG...CAC...C-A-GA--AAC-CCG-AG-AGA-----GC-AA-C-AT    274
SIVSMMH9  --CT-G--A---TGC----AGCAGCAA......C-A-GA--AAC-CCG-AG-AGA-----GC-AA-A-AT    274
SIVSMMPBJ --CT-G--A---TGC----AGCAGCAA......C-A-GA--AAC-CCG-AG-AGA-----GC-AA-A-AT    274
SIVSTM    --TC-T--A---ACC----AGCGATCA......A-A-GA--AGT-AAG-AA-AGG-----AC-TA-C-AA    274
```

```
                        exon 2\/exon 3
CONSENSUS cTtCTgCAtCAgAc???aaatcCaTAtCcacaaggacc?GG?aCaGCCAacCAaaGAAGgaacAgAAgaa  330
HIV2ROD   C-C--A--C--G-C...AAATC-A--T-CACAAGGACCG--GA-A----GC--AC----AAAC-G--GAA  347
HIV2NIHZ  C-T--G--T--G-C...AAATC-A--T-CACAAGGACCA--AA-A----GC--GA----AAAC-G--GAA  347
HIV2ISY   C-C--G--T--G-C...AAATC-A--T-CACAAGGACTG--AA-A----GA--GA----AAAC-G--GAA  347
HIV2ST    C-T--G--T--G-C...AAATC-A--T-CACAAGGACCG--AA-A----GC--GA----AAAC-G--GAA  347
HIV2BEN   C-T--G--C--G-C...AAATC-A--T-CACAAGGACCG--GA-A----GC--AC----GAAC-G--GAA  347
HIV2CAM2  C-T--G--T--G-C...AAATC-A--T-CACAAGGACCC--AA-A----GC--GC----AAAC-G--GAA  347
HIV2D194  C-C--G--T--G-T...AAATC-A--T-CACACGGACAG--GA-A----GC--AC----AAAC-G--GAA  347
HIV2GH1   C-T--G--T--G-C...AAATC-A--T-CACACGGACCG--GA-A----GC--AC----GAAC-G--GAA  347
HIV2D205  C-T--G--C--G-C...AAATC-C--T-CGCAAGGACCG--GA-A----GC--AC----AAAC-G--GAA  341
HIV2UC1   C-T--G--T--G-C...GAATC-C--T-CGCAAACACCG--GA-A----GC--AC----AAAC-G--GAC  341
SIVMM251  C-T--G--T--A-C...AAACT-A--C-CAACAGGACCC--CA-T----AC--GA----GCAA-G--GGA  347
SIVMM32H  C-T--G--T--A-CAACAGACC-A--T-CAACAGGACCC--CA-T----AC--GA----GCAA-G--GGA  350
SIVMM1A11 C-T--G--T--A-CAATAGACC-A--T-CAACAGGACCA--CA-T----AC--GA----GCAA-G--GGA  350
SIVMM142  C-T--G--T--A-C...GAACC-A--C-CAACAGGATCC--CT-T----AC--AA----GCAA-A--GGA  347
SIVMMP11  C-T--G--T--A-C...AAACT-A--C-CAACAGGACCC--CA-T----AC--GA----GCAA-G--GGA  347
SIVMM239  C-T--G--T--A-C...AAACC-A--T-CAACAGGACCC--CA-T----AC--GA----GCAA-G--AGA  347
SIVMNE    C-T--G--T--A-C...AAACC-A--T-CGACAGGACCA--CA-T----AC--AA----GAAC-G--GGA  347
SIVSMMH4  T-C--G--T--A-C...AAATC-C--T-CACAAGGGCCA--AA-C----AC--AA----GAGA-G--GGA  341
SIVSMMH9  T-T--G--T--G-C...AAGTC-C--T-YARACGGGCCA--AA-T----AC--AA----GAGA-G--GGA  341
SIVSMMPBJ C-T--G--T--G-C...AAATC-C--T-CAGACGGGCCA--AA-T----AC--AA----GAGA-G--GGA  341
SIVSTM    T-T--G--T--A-CAACAGATC-C--T-CACAAGGGCCA--AA-A----AC--AA----GAAC-G--GAA  344

CONSENSUS GacGgtgGagacggcggtGgcaaCagcTccTgGCCtTgGCaga*    373
HIV2ROD   -AC-GTG-AAGCAACGGT-GAGA-AGA-AC-G---C-G--CGA-    390
HIV2NIHZ  -AC-TTG-AAGCAACGGT-GAGA-AGA-CT-G---T-G--CGA-    390
HIV2ISY   -AC-TTG-GAACGACGTT-GAAG-AGA-CC-G---T-G--CGA-    390
HIV2ST    -AC-TTG-AAACAGCGTT-GAGA-AAT-GG-G---C-G--CGA-    390
HIV2BEN   -AC-TCG-AGGCGACAGT-GTTA-GAC-TG-G---T-G--CAA-    390
HIV2CAM2  -AC-TTG-AGGCAACGGT-GAGA-AGA-CC-G---T-G--AGA-    390
HIV2D194  -AC-CCG-AGACGACAGT-GTTT-GGC-TG-G---T-G--CAC-    390
HIV2GH1   -AC-ACA-AGACGACGAT-GTTA-GAC-TG-A---T-G--CGA-    390
HIV2D205  -GA-GTG-AAACGACGGG-ACTA-AGA-CC-G---C-G--AGA-    384
HIV2UC1   -AA-GTG-AAACGAAGGG-CTTA-AGA-CT-G---C-G--AGA-    384
SIVMM251  -AC-GTG-AGAAGGCGGT-GCAA-AGC-CC-G---T-G--AGA-    390
SIVMM32H  -AC-GTG-AGAAGGCGGT-GCAA-AGC-CC-G---T-G--AGA-    393
SIVMM1A11 -AC-GTG-AGAAGGCGGT-GCAA-AGC-CC-G---T-G--AGA-    393
SIVMM142  -AC-GTG-AGGCAGCGGT-GCAA-AGC-CC-G---T-G--AGA-    390
SIVMMP11  -AC-GTG-AGAAGGCGGT-GCAA-AGC-CC-G---T-G--AGA-    390
SIVMM239  -AC-GTG-AGAAGGCGGT-GCAA-AGC-CC-G---T-G--AGA-    390
SIVMNE    -AC-GTG-AGGCAGCGGT-GCAA-AGC-CC-G---T-G--AGA-    390
SIVSMMH4  -AC-GTG-AGACAGAGGT-GCAG-AGA-CT-G---T-G--AGA-    384
SIVSMMH9  -AC-GTG-AGRCAGAGGT-GCAA-AGA-CT-G---T-R--AGA-    384
SIVSMMPBJ -AC-GTG-AGGCAGAGGT-GCAA-AGA-CT-G---T-G--AGA-    384
SIVSTM    -GA-GTG-AGACAGAGGT-GAAT-AAC-CC-G---T-G--AAA-    387
```

HIV2/SIV REV

HIV2/SIV REV

Two sequence subtypes, A and B, are currently recognized among HIV-2 sequences. The A subtype sequences are the prototypical HIV-2s; UC-1 and D205 are representative of B subtype sequences. Furtehr classification is anticipated.

```
                                                
```

```
                                                <- tat
CONSENSUS gtGgcaaCagcTccTgGCCtTgGCagaTAgaaTAtattCAtTTcCTgaTcCgCCaacTgatacgCCTCTT  197
HIV2ROD   GT-GAGA-AGA-AC-G---C-G--CGA--GCA--TATA--T--C--GA-C-G--AGC-GATTCG------  207
HIV2NIHZ  GT-GAGA-AGA-CT-G---T-G--CGA--GCA--TATA--T--C--GA-C-G--TGC-GATTCG------  207
HIV2ISY   TT-GAAG-AGA-CC-G---T-G--CGA--GAA--TATA--T--C--GA-C-G--TGC-GATCCG------  207
HIV2ST    TT-GAGA-AAT-GG-G---C-G--CGA--AGA--TATA--T--C--GA-C-G--AGC-GATTCG------  207
HIV2BEN   GT-GTTA-GAC-TG-G---T-G--CAA--AAC--TGTG--G--C--GA-C-A--TAC-GACTCG------  207
HIV2CAM2  GT-GAGA-AGA-CC-G---T-G--AGA--GAA--TATA--T--C--GA-C-G--AGC-GATCCG------  207
HIV2D194  GT-GTTT-GGC-TG-G---T-G--CAC--AAC--CATA--A--C--GA-C-A--TAC-GACTCG------  207
HIV2GH1   AT-GTTA-GAC-TG-A---T-G--CGA--AAC--TATA--T--C--GA-C-A--TAC-GACTCG------  207
HIV2D205  GG-ACTA-AGA-CC-G---C-G--AGA--GAA--CATT--T--T--AC-G-G--AGC-GAGGAA------  201
HIV2UC1   GG-CTTA-AGA-CT-G---C-G--AGA--GAA--CGCT--C--T--GA-T-G--AAC-GAGGAA------  201
SIVMM251  GT-GCAA-AGC-CC-G---T-G--AGA--GAA--TATT--T--C--GA-C-G--AAC-GATACG------  207
SIVMM32H  GT-GCAA-AGC-CC-G---T-G--AGA--GAA--TATT--T--C--GA-C-G--AAC-GATACG------  210
SIVMM1A11 GT-GCAA-AGC-CC-G---T-G--AGA--GAA--TATT--T--C--GA-C-G--AAC-GATACG------  210
SIVMM142  GT-GCAA-AGC-CC-G---T-G--AGA--GAA--TATT--T--C--GA-C-G--AAC-GATACG------  207
SIVMMP11  GT-GCAA-AGC-CC-G---T-G--AGA--GAA--TATT--T--C--GA-C-G--AAC-GATACG------  207
SIVMM239  GT-GCAA-AGC-CC-G---T-G--AGA--GAA--TATT--T--C--GA-C-G--AAC-GATACG------  207
SIVMNE    GT-GCAA-AGC-CC-G---T-G--AGA--GAA--TATT--T--C--GA-C-G--AAC-AATACG------  207
SIVSMMH4  GT-GCAG-AGA-CT-G---T-G--AGA--GAA--TATT--T--C--GA-C-G--AGT-GATACG------  201
SIVSMMH9  GT-GCAA-AGA-CT-G---T-R--AGA--GAA--TATT--T--C--GA-C-G--AGC-GATACG------  201
SIVSMMPBJ GT-GCAA-AGA-CT-G---T-G--AGA--GAA--TATT--T--C--GA-C-G--AGT-GATACG------  201
SIVSTM    GT-GAAT-AAC-CC-G---T-G--AAA--GAA--TACT--T--C--GA-C-G--AGC-AGTACG------  204

CONSENSUS gActtGgcTaTaCAgca?cTgCAGagacTt?CTaTcgAgga?cT?CCagAtCCtCCaaCcaat??tccag  261
HIV2ROD   G-CCA-AC-A-A--GCATC-G---GGAC-TA--A-CC-GGAGC-T--TG-C--T--AA-TCATCTACCAG  277
HIV2NIHZ  G-CCG-GC-A-A--ACATC-G---GGAC-TA--A-CC-GGATC-C--CG-T--T--AA-CAATCTTCCAG  277
HIV2ISY   G-CCA-AC-A-A--ACAGC-G---GGAC-TA--A-CC-GACTC-A--TG-T--T--AA-CACT.......  270
HIV2ST    G-ACA-AC-A-A--ACATC-G---GGAC-TA--A-CC-GGAGC-T--AG-C--T--AA-TAATCTCCCAG  277
HIV2BEN   G-TCG-GC-A-A--ACATC-G---AGAC-TA--A-CC-AGAAC-C--CG-C--G--GA-TGATCTCCCAG  277
HIV2CAM2  G-CCG-AC-A-A--ACATC-G---GAAC-TA--A-CC-GGATC-T--AG-C--T--AA-CCATCCTCCAG  277
HIV2D194  G-CCG-GC-A-A--ACAGC-G---GGGC-TA--A-CC-AGAAC-C--CG-C--G--GA-TGATCTCCCAG  277
HIV2GH1   G-CCG-GC-A-A--AGATC-G---AGAC-TA--A-CC-CGAAC-C--CG-C--A--GA-TGATCTCCCAG  277
HIV2D205  A-TTT-GC-A-A--ACGGC-G---AACC-TA--G-TG-AGACC-T--AA-T--T--AC-AAATCTCAACC  271
HIV2UC1   G-TTT-GC-G-A--ACGGC-G---GAAC-TA--G-TG-AGACC-C--AA-T--T--AA-CAGCACTCCAA  271
SIVMM251  G-CTT-GC-A-T--GCAAC-G---AACC-TG--A-CG-GAGCA-A--AG-T--T--AA-CAATACTCCAG  277
SIVMM32H  G-CTT-GC-A-T--GCAAC-G---AACC-TG--A-CG-GAGCA-A--AG-T--T--AA-CAATACTCCAG  280
SIVMM1A11 G-CTT-GC-A-T--GCAAC-G---AACC-TG--A-CG-GAGTA-A--AG-T--T--AA-CAATACTCCAG  280
SIVMM142  G-CTT-GC-A-T--GCAAC-G---AACC-TG--A-CG-GAGCA-A--AG-T--T--AA-CAATATTCCAG  277
SIVMMP11  G-CTT-GC-A-T--GCAAC-G---AACC-TG--A-CG-GAGCA-A--AG-T--T--AA-CAATACTCCAG  277
SIVMM239  G-CTT-GC-A-T--GCAAC-G---AACC-TG--A-CG-GAGTA-A--AG-T--T--AA-CAATACTCCAG  277
SIVMNE    G-CTT-GT-A-T--GCAAC-G---AACC-TG--A-CG-GAGCA-A--AG-T--T--AA-CAATATTCCAG  277
SIVSMMH4  G-CTT-GC-A-T--GCAGC-G---GGAT-GG--A-TG-GGAGC-A--AG-T--T--AA-CAGTGCTCCAG  271
SIVSMMH9  G-CTT-GC-A-T--GCAGT-G---GGAT-GG--A-TG-GGANC-G--AA-T--T--AG-CAGTGCTCCAG  271
SIVSMMPBJ G-CTT-GC-A-T--GCAGT-G---AGAT-GG--A-TG-GGAAC-G--AA-C--T--AG-CAGTGCTCCAG  271
SIVSTM    G-CTT-GC-G-A--ACAAC-T---GGCT-GT--A-CC-GGATC-A--AG-C--T--AC-CAACCTTCCAA  274
```

HIV2/SIV REV

```
CONSENSUS ag?ctctc??????????c??ag??????a??ag?cctcaggg??tggctgaGact?cAaGaAGC??tCC   304
HIV2ROD   AATCT.............................CAGAGACTGGCTGA-ACT*                    300
HIV2NIHZ  AGTCT............CCAGAGAGCACTAACAGCAATCAGAGACTGGCTGA-GCT*                 321
HIV2ISY   .................................CAGAGACTGGCTGA-ACTCA-G-C---CTA--       302
HIV2ST    AGTCT............TCGGAGAGCATTGACAGCAGTCAGAGACTGGCTGA-ATT*                 321
HIV2BEN   AGTCT.......................AACAGCAATCAGGGACTGGCTGA-ACT*                 309
HIV2CAM2  AATCT.............................CAGAGACTGGCTGA-GCC*                    300
HIV2D194  AGTCT.......................AACAGCAATCAGGGACTGGCTGA-ACT*                 309
HIV2GH1   AATCT.......................AACAGCAATCAGGGACTGGCTGA-ACT*                 309
HIV2D205  AATCTCCAACCACTCAGGCTCCCGGTTGCGTACCTCCAGTATGGGATCAGCT-GTTCC-A-A---GCT--   341
HIV2UC1   CCGCT.........CAGGCTTTCACTTGCATACCTCCAGTATGGGATCAGCT-GTTCC-A-A---AAT--   332
SIVMM251  AGGCTCTCTGCGACCCTACGAAGGGTTCGAGAAGTCCTCAGGAC*                           321
SIVMM32H  AGGCTCTCTGCGGCCCTACAGAGAATTCGAGAAGTCCTCAGGAC*                           324
SIVMM1A11 AGGCTCTCTGCGACCCTACGAAGGATTCGAGAAGTCCTCAGGAC*                           324
SIVMM142  AGGCTCTCTGCGACCCTACGGAGAATTCGAGAAGTCCTCAGGCT*                           321
SIVMMP11  AGGCTCTCTGCGACCCTACGAAGGATTCGAGAAGTCCTCAGGAC*                           321
SIVMM239  AGGCTCTCTGCGACCCTACAGAGGATTCGAGAAGTCCTCAGGAC*                           321
SIVMNE    AGATTCTCCACGACCCTACAGAGAATCCGAGAAGTCCTCAGGAC*                           321
SIVSMMH4  AGCCTCTCAACGACGTTGCAAAG.........AGTCCG*                                 300
SIVSMMH9  AGCCTCTCAAGGACGCTGCAGAG.........AGCCCG*                                 300
SIVSMMPBJ AGCCTCTCAAGGACGCTGCAGAG.........AGCCCG*                                 300
SIVSTM    AGGATCTC.............................CAGGATACTGCAGA-AAT*                 300

CONSENSUS ?agcggcagcgaGgGct?cGagagAaactcttgcgaa?gCcggag?gacc?TatggaaaGctctcag?Ag   368
HIV2ROD
HIV2NIHZ
HIV2ISY   TGCAGTATGGGT-C-AGTG-ATCC-AGAAGCGTTCCAGG-CCTCGCGAGGG-TACAAGA-AGACTCTT-C   372
HIV2ST
HIV2BEN
HIV2CAM2
HIV2D194
HIV2GH1
HIV2D205  GAGCGGCAGCAA-G-CTAC-GGAG-AACTCTTGCGAGTG-CGGAGAGACCT-ATGGGAG-CTCTCAGG-G   411
HIV2UC1   AAGCAGCAACGA-G-CTGC-AGAG-GACTCTTGCGAACA-AGGAAGAGCCC-ATGGAAA-CTCTCAGA-G   402
SIVMM251
SIVMM32H
SIVMM1A11
SIVMM142
SIVMMP11
SIVMM239
SIVMNE
SIVSMMH4
SIVSMMH9
SIVSMMPBJ
SIVSTM
```

```
CONSENSUS gac?GCGggagcaAtCaTcgcGatccCcagGaGaatcAgacaAgGact?ATACTCGCAGTTCCACGAAGG>   498
HIV2ROD
HIV2NIHZ
HIV2ISY   GAGC---GGGAGG-G-T-GTG-GGGG-TCT-G-ACGA-TCGG-A-GGGG---------------------->   504
HIV2ST
HIV2BEN
HIV2CAM2
HIV2D194
HIV2GH1
HIV2D205  AGCG---AGAGCA-T-A-CGC-ATCC-CAG-A-AATC-GACA-G-ACT*                          459
HIV2UC1   GACA---GAAGCA-T-A-CGC-ATCC-CAG-A-GATC-GACA-G-ACT*                          450
SIVMM251
SIVMM32H
SIVMM1A11
SIVMM142
SIVMMP11
SIVMM239
SIVMNE
SIVSMMH4
SIVSMMH9
SIVSMMPBJ
SIVSTM
```

HIV2/SIV ENV

Two sequence subtypes, A and B, are currently recognizable among HIV-2 sequences: the A subtype includes prototypical HIV-2s; UC-i and D205 are representative of B subtype sequences. Further classification is anticipated. Splice sites annotated below were determined for SIV.

```
CONSENSUS ATGg?atgtctt?ggAatCagCTgcttaT?gccatcttgcTa?taaGTgctt?cgggat?tattGta?t?     62
HIV2ROD   ---.........ATG-AT-AG--GCTTA-TGCCATTTTAT-AGCTA--GCTTGCTTAGTATATT-CACC.     60
HIV2NIHZ  ---AAGGGTAGTAAG-AT-AA--GCTGA-TGCTATTGTAC-AGCTA--GCTTACCTAATACATT-CAAG.     69
HIV2ISYR  ---...AGTGGTAAA-TT-AG--GCTTG-TGCCTTTCTGC-AACTA--GCTTGCTTAATATATT-CACC.     66
HIV2ST    ---...TGTGGTAGG-AT-AA--ATTTG-TGCCAGCTTGC-AGCTA--GCTTGCTTAATATATT-CGTC.     66
HIV2BEN   ---GAGCCTGGTAGG-AT-AG--GTTTG-TGTCATTTTAC-AACAA--GCTTGCTTAGTATATT-TAGC.     69
HIV2CAM2  ---GAGCGTGGCAGA-AT-AG--GCTTA-TGCCATTCTAC-AGCTA--GCTTGCTTAATATATT-CAGAC     70
HIV2D194  ---GAGCCTGGTAGG-AT-AG--GCTTG-TGCCATTTTAT-AACTA--GCTTGCTTAATATATT-CAAA.     69
HIV2GH1   ---...TGTGGTAAG-GT-TA--ATGTG-TGCCAGCTTGC-AGCTA--GCTTACTTAGTATATT-CACC.     66
HIV2D205  ---GCATATTTTAGC-GC-GC--GCCTA-TGCGCTCCTGC-TATAG--ATCAGTGGGTTTGTAT-TAAA.     69
HIV2UC1   ---GCACACACTAGC-AT-AC--GTTTA-TTTGCTCCTAC-TATAA--GTCTATGGGTTTCTGG-TCATA     70
SIVMM251  ---GGATGTCTTGGG-AT-AG--GCTTA-CGCCATCTTGC-TTTAA--GTCTATGGGATCTATT-TACT.     69
SIVMM32H  ---GGATGTCTTGGG-AT-AG--GCTTA-CGCCATCTTGC-TTTAA--GTCTACGGGATCTATT-TACT.     69
SIVMM1A11 ---GGATGTCTTGGG-AT-AG--GCTTA-CGCCATCTTGC-TTTAA--GTCTATGGGATCTATT-TACT.     69
SIVMM142  ---GGTTGTCTTGGA-AT-AG--GCTTA-CGCCATCTTGC-TCTAA--GTCTATGGGATTTATT-TATT.     69
SIVMM239  ---GGATGTCTTGGG-AT-AG--GCTTA-CGCCATCTTGC-TTTAA--GTCTATGGGATCTATT-TACT.     69
SIVMNE    ---GGATGTCTTGGG-AT-AG--GCTTA-CGCCATCTTGT-TCTAA--GCCTATGGGATCTATT-CATT.     69
SIVSMMH4  ---GGATGTCTTGGG-AT-AG--GCTTA-CGCGCTCTTGC-AGTAA--GTTTTAGAGATTTGTT-TGTT.     69
SIVSMMH9  ---GGATGTCTTGGG-AT-AG--GCTTA-CGCGCTCTCGC-ATYAA--GCTTCAGGGATTTATT-TGTT.     69
SIVSMMPBJ ---GGATGTCTTGGG-AT-AG--GCTTA-CGCGCTCTTGC-ATTAA--GCTTCAGGGATTTATT-TGTT.     69
SIVSTM    ---GCCTGCCCTGGA-AT-AA--GCTTA-CGCTATCTTGC-ATTAA--GCTTGCTTGACCTATT-CACT.     69

CONSENSUS ?????caaTaTGT?ACtGT?TTcTAtGGtgTaCCagc?TGGAggAAtGC?aC?aTTCCccTctT?TGTGc    121
HIV2ROD   .....CAA-A---A- T--T--C--T--CG-A--CACG----AA--T--AA-CA----CC-CT-T----C    125
HIV2NIHZ  .....CAA-T---G--T--T--C--C--CA-A--C       GG--T--AT-CA----CC-GT-T----C    134
HIV2ISYR  .....AAA-A---G--T--T--C--T--AG-A-          A--T--AT-CA----CC-CT-T----C    131
HIV2ST    .....CAA-A---G--T--T--C--T--CG-G-          A--T--AT-CA----CC-CT-T----C    131
HIV2BEN   .....CAG-A---G--T--T--C--T--CA-A--        AA--T--AT-TA----CT-AT-T----C    134
HIV2CAM2  AA...CAA-A---G--T--T--C--T--CG-A--CGCG    -AA--T--AT-CA----CC-CT-T----C    137
HIV2D194  .....CAA-A---G--T--T--C- T--CA-A--CGCG----GA--T--AT-TA----CC-AT-T----C    134
HIV2GH1   .....CAA-A---G--T--T--C--T--CG-G--CGTG----GA--T--AT-CA----CC-CT-T----C    131
HIV2D205  .....CAA-A---T--T--C--C--T--CA-A--CGCA----GG--C--AA-AG----CC-CA-T----C    134
HIV2UC1   AGAAAAAC-A---C--T--C--C--T--CA-A--TGCA----GG--C--AA-GG----TC-CT-C----C    140
SIVMM251  .....CAA-A---C--A--C--T--T--TG-A--AGCT----GG--T--GA-AA----CC-CT-C----C    134
SIVMM32H  .....CAA-A---C--A--C--T--T--TG-A--AGCT----GG--T--GA-AA----CC-CT-C----C    134
SIVMM1A11 .....CTA-A---C--A--C--T--T--TG-A--AGCT----GG--T--GA-GA----CC-CT-C----C    134
SIVMM142  .....CAA-A---C--A--C--T--T--TG-A--AGCT----GG--T--GA-AA----CC-CT-C----C    134
SIVMM239  .....CTA-A---C--A--C--T--T--TG-A--AGCT----GG--T--GA-AA----CC-CT-T----C    134
SIVMNE    .....CAA-A---C--A--C--T--T--TG-A--AGCT----GG--T--GA-AA----CC-CT-C----T    134
SIVSMMH4  .....CAA-A---A--A--A--C--T--TG-A--AGCA----AG--T--GA-AA----CC-CT-C----C    134
SIVSMMH9  .....CAA-A---A--A--A--C--T--TG-A--AGCA----GG--T--GA-AG----CC-CT-C ---C    134
SIVSMMPBJ .....CAA-A---A--A--A--C--T--TA-A--AGCA----GG--T--GA-AG----CC-CT-C----C    134
SIVSTM    .....CAG-A---C--G--A--T--T--TG-A--AGCA----GG--T--GA-GA----CC-CT-C----C    134
```

```
CONSENSUS AACcaaaAAtAGgGAtACtTGGGGaACaa?aCAgTGctt?CCaGAcAATGatGAtTAttcaGAaaTggc?   188
HIV2ROD   ---CAGA--T--G--T--T-----A--CATA--G--CTTG--T--C----AT--T--TCAG--AA-AACT   195
HIV2NIHZ  ---CAAA--T--A--T--T-----A--AATA--G--CTTA--A--C----AT--T--TCAG--AA-AACT   204
HIV2ISYR  ---TAAA--T--A--T--T-----A--CATA--G--CTTG--A--C----AT--T--TCAA--GA-ACCT   201
HIV2ST    ---TAAA--T--A--T--T-----A--CATA--G--CTTG--A--C----AT--C--TCAG--AA-AGCT   201
HIV2BEN   ---TAAA--T--A--C--T-----G--CATA--G--CTTG--A--C----AT--T--TCAG--AA-AATT   204
HIV2CAM2  ---TAAA--T--G--T--T-----A--TATA--G--CTTA--A--C----AT--T--TCAG--GA-ACCT   207
HIV2D194  ---CAAA--T--A--T--T-----G--CATC--G--CTTG--A--C----AT--T--TCAG--AA-AACC   204
HIV2GH1   ---TAAA--C--A--T--T-----A--CATA--G--CAAG--A--C----AT--T--TCAA--AA-AACC   201
HIV2D205  ---CACA--C--A--C--C-----A--TGTA--G--TCTC--A--C----GT--C--CACT--GA-CAGG   204
HIV2UC1   ---CACA--C--G--T--C-----A--TGTA--G--CCTC--A--C----GG--T--CACC--GA-CAGT   210
SIVMM251  ---CAAG--T--G--T--T-----A--AACT--G--CCTA--A--T----GT--T--TTCA--AT-GGCC   204
SIVMM32H  ---CGAG--T--G--T--T-----A--AACT--G--CCTA--A--T----GT--T--TTCA--AT-GGCC   204
SIVMM1A11 ---CAAG--T--G--T--T-----A--AACT--G--CCTA--A--T----GT--T--TTCA--AT-GGCC   204
SIVMM142  ---CAAG--T--G--T--T-----A--AACT--G--CCTA--A--T----AT--T--TTCA--AT-GGCC   204
SIVMM239  ---CAAG--T--G--T--T-----A--AACT--G--CCTA--A--T----GT--T--TTCA--AG-GGCC   204
SIVMNE    ---CAGG--T--G--T--T-----A--AACT--G--CCTA--A--T----AT--T--TTCA--AT-GGCC   204
SIVSMMH4  ---CAAG--T--G--C--T-----A--AACA--A--CTTG--A--T----AT--T--CTCA--AT-GGCA   204
SIVSMMH9  ---CAGA--T--G--T--T-----A--CACA--A--CTTG--A--T----GT--T--CTCA--AT-GGCA   204
SIVSMMPBJ ---CAAG--T--G--C--T-----A--AACA--A--CTTG--A--T----GT--T--CTCA--AT-GGCA   204
SIVSTM    ---CAAG--T--G--T--T-----A--AACT--A--TCTA--A--C----GT--T--CTCA--AT-GGCA   204

CONSENSUS ?T?AAtgT?ACAGAggctTTtGAtGCaTGGgAtAATAcAgTcACAgAACAaGCAaTAGAgGAtGT?TGGa   254
HIV2ROD   T-G--TG-A-----GGCT--T--T--A---A-T----C-G-A---G----A---A----A--T--C---C   265
HIV2NIHZ  C-A--TG-G-----GGCT--C--T--A---A-T----C-G-A---G----A---G----G--T--C---A   274
HIV2ISYR  T-G--TG-A-----GGCT--T--C--A---G-T----T-G-A---G----A---G----A--T--C---A   271
HIV2ST    T-A--TG-G-----GGCC--C--C--A---A-T----C-G-A---G----A---G----A--T--C---A   271
HIV2BEN   T-A--TG-G-----GGCT--T--T--A---A-T----C-G-G---G----A---G----A--T--C---C   274
HIV2CAM2  T-A--TG-G-----GGCT--C--T--A---G-T----C-A-A---G----A---A----G--T--C---A   277
HIV2D194  T-A--TG-G-----AGCT--T--T--A---G-T----C-G-A---G----A---A----A--T--C---A   274
HIV2GH1   T-G--TG-G-----GGCT--C--C--A---G-T----C-G-A---G----A---G----A--T--C---A   271
HIV2D205  C-A--CA-A-----GGCT--T--T--A---G-T----C-G-G---C----G---G----T--T--G---A   274
HIV2UC1   G-A--TA-A-----GGCT--T--T--A---A-T----C-G-A---G----G---C----T--T--G---A   280
SIVMM251  C-T--TG-T-----AAGC--T--T--T---G-G----C-G-C---G----G---A----G--C--A---C   274
SIVMM32H  C-T--CG-T-----AAGC--T--T--C---G-G----C-G-C---G----G---A----G--T--A---C   274
SIVMM1A11 C-T--TG-T-----AAGC--T--T--T---G-G----C-G-C---G----G---A----A--T--A---C   274
SIVMM142  C-T--TG-T-----AAGC--T--T--T---G-G----C-G-C---G----G---A----G--C--A---C   274
SIVMM239  C-T--TG-T-----AAGC--T--T--C---A-T----C-G-C---G----G---A----G--T--A---C   274
SIVMNE    C-T--TA-T-----AAGC--T--T--T---G-G----C-G-C---G----G---A----G--T--A---C   274
SIVSMMH4  A-C--TG-C-----GGCT--T--T--T---G-T----C-G-C---G----A---A----G--T--G---A   274
SIVSMMH9  A-T--TG-C-----GGCT--T--T--T---G-T----C-G-C---G----A---A----G--T--A---A   274
SIVSMMPBJ A-T--TG-C-----GGCT--T--T--T---G-T----C-G-C---G----A---A----G--T--A---A   274
SIVSTM    A-A--TG-C-----GGCT--T--T--C---G-C----C-G-C---G----A---A----G--T--C---A   274
```

HIV2/SIV ENV

```
CONSENSUS a?CTcTTtGAgACaTCaATaAAaCCaTGtGTaAAatTaaCcCCatTaTGt?T?gCaATGagaTGtAataa   321
HIV2ROD   AT--A--C--G--A--A--A--A--A--T--C--AC-AA-A--TT-A--TG-AG-A---AAA--C-GCAG   335
HIV2NIHZ  AT--A--T--G--A--A--A--A--A--T--C--AT-AA-A--CT-A--TG-AG-A---AAC--T-CAAG   344
HIV2ISYR  AT--A--T--G--A--A--A--A--A--T--C--AT-AA-G--TT-A--TG-AA-A---AAC--T-ACGC   341
HIV2ST    GT--A--T--G--A--A--A--A--A--C--C--AC-AA-A--CT-A--TG-AG-A---CGT--T-ACAG   341
HIV2BEN   AT--A--T--G--A--A--A--A--A--T--C--GC-AA-A--TC-A--TG-GG-A---AAT--T-GCAG   344
HIV2CAM2  AT--A--C--G--A--A--A--A--A--T--C--AT-AA-A--TT-A--TG-AG-A---AAA--T-ACAT   347
HIV2D194  GA--G--T--G--A--A--A--A--A--T--C--GT-GA-G--CC-A--TG-GG-G---AAT--T-ATAT   344
HIV2GH1   GT--A--T--G--A--A--A--A--A--C--C--AC-AA-A--TC-A--TG-AG-A---AGT--T-ACAG   341
HIV2D205  GA--C--T--A--C--C--A--A--A--T--C--AC-AA-C--AC-G--TG-GG-A---AAC--T-GTAA   344
HIV2UC1   GT--T--T--A--C--C--A--A--A--T--T--GC-GA-G--GC-G--CG-GG-A---AGA--T-ATAA   350
SIVMM251  AA--C--T--G--C--A--A--G--T--T--A--AT-AT-C--AT-A--CA-TA-T---AGA--C-ATAA   344
SIVMM32H  AA--C--T--G--C--A--A--G--T--T--A--AT-AT-C--AT-A--CA-TA-T---AGA--C-ATAA   344
SIVMM1A11 AA--C--T--G--C--A--A--G--T--T--A--AT-AA-C--AT-A--CA-TA-T---AGA--C-ATAA   344
SIVMM142  AA--C--T--G--C--A--A--G--T--T--A--AT-AT-C--AT-A--CA-TA-T---AGA--C-ATAA   344
SIVMM239  AA--C--T--G--C--A--A--G--T--T--A--AT-AT-C--AT-A--CA-TA-T---AGA--C-ATAA   344
SIVMNE    AT--C--T--G--C--A--A--G--T--T--A--AT-AA-C--AT-A--CA-TA-T---AAA--C-ACAA   344
SIVSMMH4  AC--C--T--A--A--C--T--G--C--T--A--AC-CA-C--AC-A--TA-AG-A---AGA--T-ATAA   344
SIVSMMH9  AC--C--T--A--A--C--T--G--C--T--A--AC-CA-C--AC-A--TA-AA-A---AGG--T-ATAA   344
SIVSMMPBJ AC--C--T--A--A--C--T--G--C--T--A--AC-CA-C--AC-A--TA-AA-A---AGG--T-ATAA   344
SIVSTM    AC--T--T--A--A--C--T--A--T--T--A--AT-GA-T--AC-A--TA-TG-A---AGG--T-ATAA   344

CONSENSUS aagtgagacaga?a?atgg???tt?acaa?a?????a?????????????????????acaacaacaaca   358
HIV2ROD   CACAGAGAGCAGCACAGGG...AACAACACA.....................ACCTCAAAGAGCACA   378
HIV2NIHZ  G.....................AACATGACC.....................ACATGGACA   363
HIV2ISYR  AAGT.....................ACAGAGAGCGCA   357
HIV2ST    CACA.....................ACTGCAAAAAACACA   360
HIV2BEN   GGTTCAAGGG.....AATACCACGACCCCGAATCCC.....AGGACCTCG   384
HIV2CAM2  AAGT.....................ACAAGTGACACAACT   366
HIV2D194  AACT.....................TCAGGGACT   357
HIV2GH1   CACC.....................ACTAACAACACA   357
HIV2D205  AACCGAAACAAACCCAGGG...AATGCCAGT.....AGTACTACC   381
HIV2UC1   CACAGGAACC.....AATACTACT.....ACTAAACCT   378
SIVMM251  AAGTGAGACAGATAGATGGGGATTGACAAAATCATCA.....ACAACAATAACA   393
SIVMM32H  AAGTGAGACAGATAAATGGGGATTGACAAAATCATTA.....ACAACAACAGCA   393
SIVMM1A11 AAGTGAGACAGATAGATGGGGATTGACAAAATCATCA.....ACAACAACCACA   393
SIVMM142  AAGTGAGACAGATAAATGGGGATTGACAAAATCATCA.....ACAACAACAGCA   393
SIVMM239  AAGTGAGACAGATAGATGGGGATTGACAAAATCAATA.....ACAACAACAGCA   393
SIVMNE    AAGTGAGACAGATAAATGGGGATTGACAAAATCATCA.....ACAACAACAGCA   393
SIVSMMH4  AACTGAGACAGATAGGTGGGGTTTGACAGGAAACGCA.....GGGACAACAACAACA   396
SIVSMMH9  AAGTGAGMCAGMCAGATGGGGTTTAACAGGAGSACCAGCACCAACAACAACACAAACATCAACAACACCA   414
SIVSMMPBJ AAGTGAGACAGACAGATGGGGTTTAACAGGAACACCAGCACCAACAACAACACAAACAACAACAACACAA   414
SIVSTM    GAATGAAACAGACAAATGGGGATTGACAGGGAAAACA.....GTAACAACAGTG   393
```

```
CONSENSUS ac?acaaca?caac?aca?ca?ca??a?????????aaa??aaa?at?aTaaatGA?acta?tccttgta   406
HIV2ROD   AGCACAACCACAACCACACCCACAGAC.........CAGGAGCAAGAGA-AAGT--GGATACTCCATGCG   439
HIV2NIHZ  GGGAGGACAGACACCCAA.................AATATCACAATTA-AAAT--CACTTCCCAT...G   412
HIV2ISYR  GTTGCAACTACAAGCCCATCT..............GGACCTGATATGA-AAAT--TACTGATCCATGCA   412
HIV2ST    ACCTCCACACCAACAACCACCACAACAGCA......AACACAACA...A-AGGA--GAATTCTTCATGCA   421
HIV2BEN   AGTTCCACAACCTCGAGACCACCCACATCC......GCAGCCTCCATAA-AAAT--AACTTCTAACTGCA   448
HIV2CAM2  ATGATAAGGACAACCACACCCAGCACAGCT......AAAGAGGCACCAA-AAGT--CAATTCTCCTTGCA   430
HIV2D194  ACCGCGACCCCGAGTCCACCA..............AACATTACAATAA-AGAT--AAATTCTACCTGTA   412
HIV2GH1   ACCACAACAGGGAGCACAACA..............GGGATGTCAGAGA-AAAT--AACTTCTCCATCAT   412
HIV2D205  ACCACTAAGCCTACTACCACCTCTCGT.........GGGCTGAAAACGA-TAAC--AACAGACCCATGCA   442
HIV2UC1   ATTACTACACCTATTACTACTACTAAACCA......TCAGAAAACTTAC-CAAC--CACAAGTCCATGTA   442
SIVMM251  ACAGCAGCACCAACATCAGCACCAGTATCA...GAAAAAATAGACATGG-CAAT--GACTAGTTCTTGTA   460
SIVMM32H  CCAACAGCACCAACGGCAGCATCA............AAAATAGACATGG-CAAT--GACTAGTTCTTGTA   451
SIVMM1A11 ...GCAGCACCAAAGGCAATGTCAGAA.........AAAATAAACATGA-CAAT--GACTAGTTCTTGTA   451
SIVMM142  TCAACAACAACAACAACAACAGCAAAATCAGTAGAGACAAGAGACATAG-CAAT--GACTAGTCCTTGTG   463
SIVMM239  TCAACAACATCAACGACAGCATCAGCA.........AAAGTAGACATGG-CAAT--GACTAGTTCTTGTA   454
SIVMNE    CCAACAGCAATACCAACAAAAGCAGAG.........GCAATAAAAGTGG-CAAT--GAATAGTCCTTGTA   454
SIVSMMH4  GCAATAACAACAACAGCAACACCAAGTGTA......GCAGAAAATGTTA-AAAT--AAGTAATCCTTGCA   460
SIVSMMH9  CCA..............TCACCAATAATA......GCA...AAGGTTG-AAAT--CAGTGATCCTTGTA   460
SIVSMMPBJ GCATCAACAACACCAACATCACCAATA.........ACAGCAAAGGTTG-AAAT--CAGTGATCCTTGTA   475
SIVSTM    ACACCAACAGCAGCAGCAGCAGCAACA.........AAGCCAGAGTTAG-AAAT--AACAAGCTCCTGTG   454

CONSENSUS ta????a?gAcAatTGcaCaGGctTggaacaaGAg?aaatgaTa???TGtaAaTTcaa?ATGAcaGGgtT   466
HIV2ROD   CACGCGCAG-C-AC--CT-A--AT-GGGAGAG--AGAAACGA-CAAT--CC-G--CAAT----CA--AT-   509
HIV2NIHZ  CGCGTGCAG-C-AC--CA-A--AT-AAAGGAG--AGAAATGA-CGAC--TC-G--TAGT----CA--AT-   482
HIV2ISYR  TACAATTGA-C-AT--CT-A--AC-GAGGGAG--AGACATGG-CGAG--TC-G--CAAT----CA--AC-   482
HIV2ST    TACGCACAG-C-AC--CA-A--GT-GGGAGAA--AGAGATGG-CGAC--TC-G--CAAT----CA--AT-   491
HIV2BEN   TAGAAAACA-C-CA--CG-A--AT-AGGGTAT--GGAGATGA-GCAA--TG-G--CAAT----AG--GT-   518
HIV2CAM2  TACGCACAA-C-AC--CT-A--AT-AGAGGAA--AAAGATAG-CAAG--TC-C--CAAT----CA--AT-   500
HIV2D194  TAGGCGACA-C-AC--CA-A--AT-AGGGAAA--AGAGGTGG-TGAG--TG-G--CAAT----CG--GC-   482
HIV2GH1   AC...TCAG-C-AC--CA-A--AT-GGGGAAG--AGAGATAG-CAAT--TC-G--CTAT----CA--AT-   479
HIV2D205  TAAAAAATG-C-GC--CA-A--AC-AGGAGAA--GGAAATAA-GCAA--TA-T--TAGT----CG--AC-   512
HIV2UC1   TTAAAAATG-C-CC--CC-G--AA-AGGACTA--AAACACAG-TGAC--TT-C--TAAC----CA--AC-   512
SIVMM251  TAGCTCAGA-T-AT--CA-A--CT-GGAACAA--GCAAATGA-AAGC--TA-A--CACC----CA--GT-   530
SIVMM32H  TAACTCATG-T-AT--CA-A--CT-GGAACAA--GCAAATGA-AGGC--TA-A--CAAC----CA--GT-   521
SIVMM1A11 TAGTTCATG-T-AT--CA-A--CT-GGAACAA--GCAAATGA-AGGC--TA-A--CAAC----CA--GT-   521
SIVMM142  TAGTTCATG-T-AT--CA-A--CT-GGAACAA--GCCAATGA-AAGC--TA-A--CAAC----CA--GT-   533
SIVMM239  TAGCCCAGG-T-AT--CA-A--CT-GGAACAA--GCAAATGA-AAGC--TA-A--CAAC----CA--GT-   524
SIVMNE    TAAATCATG-T-AT--CA-A--CT-GGAACAA--GCCAATGA-AAGC--TA-A--CAAC----CA--GT-   524
SIVSMMH4  TAAAAAATA-T-GT--TG-A--CT-GGAACAG--GCCCATGA-AGGT--TA-A--TAAC----CA--GT-   530
SIVSMMH9  TAAGAAGTA-T-AT--TA-A--CT-GGAACAG--GCCCATGG-AAGT--TA-A--TAAC----CA--GT-   530
SIVSMMPBJ TAAAAATTA-T-AT--TA-A--CT-GGAACAG--GCCCATGG-AAGT--TA-A--TAAC----CA--GT-   545
SIVSTM    TAAGTAACA-C-AC--CA-A--CT-GGAAGAA--ATCACTAG-AGGT--TA-A--CAAT----CA--AC-   524
```

HIV2/SIV ENV

```
CONSENSUS AaaaagaGA?aAgaaaAaagagTAtAatGAaaCaTGGTActcaa?aGATtTggttTGtgaacaa?????? 528
HIV2ROD   -GAAAGA--TA-GAAA-AACAG--T-AT--AA-A-----CTCAAAA---G-GGTT--TGAGACA...... 573
HIV2NIHZ  -GAGAGA--CA-GAGA-AACAG--T-CT--AG-A-----CTCAAAA---G-GGTT--TGAC......... 543
HIV2ISYR  -GAGTTA--TA-GAAA-AACAG--T-GT--AA-C-----CTCAAAA---G-GGTT--TGAATCA...... 546
HIV2ST    -GAGAGG--TA-GAAA-AACTA--T-AT--AA-A-----CTCAAAA---G-AGTC--TGAATCA...... 555
HIV2BEN   -GAACAA--TA-GAAA-GGAGG--T-AG--CA-A-----TTTAGAA---G-GGTT--TGAC......... 579
HIV2CAM2  -GAAAGA--TA-GAAA-AACAG--C-AT--AA-A-----CTCAAGC---G-GGTT--TGAT......... 561
HIV2D194  -GAACAA--TA-GAAA-GGAAG--T-AT--CG-A-----CTCAAGA---G-GGTT--TGACAAG...... 546
HIV2GH1   -GAGAGA--TA-GAAA-AACAG--T-AT--AA-A-----CTCAAAA---G-AGTT--TGAATCA...... 543
HIV2D205  -AGAAGA--TG-GCTA-AACAA--T-AA--CA-C-----CTCAGAA---T-AGAG--T............ 570
HIV2UC1   -AGAAGA--TG-GAAA-AACAA--T-AG--CA-C-----CGAAAAA---T-AGAG--CAAC......... 573
SIVMM251  -AAAAGA--CA-GACA-AGGAG--C-AT--AA-T-----CTCTACA---T-GGTT--TGAACAA...... 594
SIVMM32H  -AAAAGA--CA-GACA-AGGAG--C-AT--AA-T-----CTCTACA---T-GGTT--TGAACAA...... 585
SIVMM1A11 -AAAAGA--CA-GAAA-AAGAG--C-AT--AA-T-----CTCTGCA---T-GGTA--TGAACAA...... 585
SIVMM142  -AAAAGA--CA-GAAA-AGGAG--C-AT--AA-T-----CTCTGCA---T-GGTT--TGAACAA...... 597
SIVMM239  -AAAAGA--CA-GAAA-AAGAG--C-AT--AA-T-----CTCTGCA---T-GGTA--TGAACAA...... 588
SIVMNE    -AAAAGA--CA-GAGA-GAGAG--C-AT--AA-T-----CTCTGCA---T-GGTT--TGAACAA...... 588
SIVSMMH4  -AATAGG--CA-AAAG-AAGAA--T-AT--AA-A-----TTCAAGA---T-AATC--TGAGCAGTCA... 597
SIVSMMH9  -AAAAGA--CA-AAAG-GAGAA--T-AT--AA-A-----TTCAAGA---T-AGTG--TGAACAAAATAGC 600
SIVSMMPBJ -AAAAGA--CA-AAAG-GAGAA--T-AT--AA-A-----TTCAAGA---T-AGTT--TGAACAAAAT... 612
SIVSTM    -AAAAGA--TA-AAAG-GAGAG--C-AT--AA-G-----CTCTAGC---C-AATC--TGAACAA...... 588

CONSENSUS ???g??AAtagcAct????????????aatga?agcagaTGtTAcATgaa?catTG?AAcAC?tc?gTtA 576
HIV2ROD   ...AAT--TAGC-CA............AATCAGACCCAG--T--C--GAACCAT--C--C--ATCAG-C- 628
HIV2NIHZ  ........--TAAC-CC.........TCAAGTCAGAGCAAG--T--C--GAACCAT--C--C--ATCAG-C- 598
HIV2ISYR  ...GAT--CAGC-CA............GACCGAAAAAGA--T--C--GAACCAT--C--C--ATCAG-C- 601
HIV2ST    .......--TGAC-CC.........AAGAAAGAGAAAACA--T--C--GAACCAC--C--C--ATCAG-C- 610
HIV2BEN   .......--CACA-CA..............GCTGGCACA--T--C--GAGACAT--C--C--ATCAA-C- 628
HIV2CAM2  .......--TAGC-CAGATCAGACCACAAATGAGACCACG--T--C--GAACCAT--C--C--ATCAG-C- 625
HIV2D194  ...ACA--CGGA-CA..................GGCACA--T--C--GAGACAT--C--C--ATCAG-C- 595
HIV2GH1   .......--TAAT-CC......AAAGATGGGAAAAACAGA--T--C--GAACCAT--C--C--ATCAG-C- 601
HIV2D205  .......--TAAT-CC......AGGAAGTATACCAGCAGA--C--T--AAGAACC--C--C--AACAA-T- 628
HIV2UC1   ...GGC--CAGC-CC..............AGCACCATA--T--C--GAGAACT--T--T--CTCAG-G- 625
SIVMM251  ...GGG--TAGC-CT.........GATAATGAAAGCAGA--C--C--GAATCAC--T--C--TTCTG-T- 652
SIVMM32H  ...GGG--TAGC-CT.........GATAATGAAAGTAGA--C--C--GAATCAC--T--C--TTCTA-T- 643
SIVMM1A11 ...GGG--TAGC-CT.........GGTAATGAAAGTAGA--T--C--GAATCAC--T--C--TTCTG-T- 643
SIVMM142  ...GGG--TAGC-CT.........GGTAATGAAAGTAGA--T--C--GAATCAC--T--T--TTCTG-T- 655
SIVMM239  ...GGG--TAAC-CT.........GGTAATGAAAGTAGA--T--C--GAACCAC--T--C--TTCTG-T- 646
SIVMNE    ...GGT--TAGC-CT.........GAAAATGAAAGTAGA--T--C--GAATCAC--T--C--TTCTG-T- 646
SIVSMMH4  ...GCG--TGAA-GT..............GAGAGTAAA--T--C--GCATCAT--T--C--CAGTG-T- 649
SIVSMMH9  AATGGA--TGAA-CT..............GACAGTAAA--C--T--GAACCAT--T--C--CAGTG-T- 655
SIVSMMPBJ ...AGC--TGAA-CT..............GACAGTAAA--C--T--GAACCAT--T--C--CAGTG-T- 664
SIVSTM    .......--TGTC-CT.........GGCGAAGAGAGCAGA--C--C--GAGACAT--C--T--CAGTG-A- 643
```

```
CONSENSUS TccaAGAgTcaTGTGAcAAgcAtTAtTGGGAtgctaT?AgaTttAGaTAtTGTGCaCC?CCaGGtTaTgc   644
HIV2ROD   -CAC---A-CA-----C--GC-C--T-----TGCTA-A-GG-TT--A--C-----A--A--G--T-A-GC   698
HIV2NIHZ  -CAC---G-CA-----T--GC-C--T-----TGCTA-G-GG-TT--A--C-----A--A--G--T-T-GC   668
HIV2ISYR  -CAC---G-CA-----C--GC-C--T-----TGCTA-G-GA-TT--A--C-----A--A--G--T-T-GT   671
HIV2ST    -CAC---G-CA-----C--GC-C--T-----TACTA-G-GG-TT--A--T-----A--A--G--T-T-GC   680
HIV2BEN   -CAA---G-CA-----T--GC-C--T-----TGCTA-G-GG-TT--A--C-----A--A--G--C-T-GC   698
HIV2CAM2  -CAC---G-CA-----T--GC-C--T-----TGCTA-G-GG-TT--A--C-----A--A--G--T-T-GC   695
HIV2D194  -CAA---G-CA-----C--GC-C--T-----TGCTA-G-AG-TT--A--C-----A--A--G--T-T-GC   665
HIV2GH1   -CAC---G-CA-----T--GC-C--T-----TGCTA-A-AG-TT--A--C-----A--A--G--T-A-GC   671
HIV2D205  -CCA---G-CA-----C--AC-T--T-----CAGCT-A-GG-TT--G--T-----T--C--G--G-T-TT   698
HIV2UC1   -CCA---G-CA-----T--AC-T--C-----CAGCT-A-GA-TT--G--C-----T--C--A--A-A-GC   695
SIVMM251  -CCA---A-CT-----C--AC-T--T-----TACTA-T-GA-TT--G--T-----A--T--A--T-A-GC   722
SIVMM32H  -CCA---G-CT-----C--GC-T--T-----TACTA-T-GA-TT--G--T-----A--T--A--T-A-GC   713
SIVMM1A11 -CCA---G-CT-----C--AC-T--T-----TGCTA-T-GA-TT--G--T-----A--T--A--T-A-GC   713
SIVMM142  -CCA---G-GT-----C--AG-T--T-----TGCTA-T-GA-GT--A--T-----A--T--A--T-A-GC   725
SIVMM239  -CCA---G-CT-----C--AC-T--T-----TGCTA-T-GA-TT--G--T-----A--T--A--T-A-GC   716
SIVMNE    -TCA---A-CT-----C--AC-T--T-----TGCTA-T-GA-TT--G--T-----A--T--A--T-A-GC   716
SIVSMMH4  -TCA---A-CC-----C--GC-T--T-----TGCTA-T-GA-TT--A--C-----A--G--A--T-A-GC   719
SIVSMMH9  -TCA---A-CC-----C--GC-T--T-----TGCTA-T-GA-TY--A--T-----A--G--A--T-A-GC   725
SIVSMMPBJ -TCA---A-CC-----C--AC-T--T-----TGCTA-T-GA-TT--A--T-----A--G--A--T-A-GC   734
SIVSTM    -TCA---A-CC-----C--AC-T--T-----TGCCT-A-GG-TT--G--T-----A--A--T--T-A-GC   713

CONSENSUS ttTgcTaAGaTGtAATGAtaCcAAtTAttcAGGCTTtg?gCCtAA?TGttcTAAgGTaGTaGtttCttCa   712
HIV2ROD   CC-AT-A--A--T-----TA-C--T--TTC------TGCA--C--C--TTC---A--A--A-CTT-TA-A   768
HIV2NIHZ  CT-AC-A--A--C-----TA-C--T--TTC------TGCA--T--C--CTC---A--A--A-CTG-TA-A   738
HIV2ISYR  CT-GC-A--G--C-----TA-C--T--CTC------TGAG--C--T--CTC---A--A--A-CTT-TA-A   741
HIV2ST    CC-GC-A--A--C-----TA-C--T--TTC------TGAG--C--T--TTC---G--A--A-CTG-TA-A   750
HIV2BEN   CC-AT-A--A--T-----TA-C--C--TTC------TGAA--T--G--CAC---A--A--A-CTG-TT-A   768
HIV2CAM2  CA-AC-A--A--C-----TA-C--G--CTC------TGCA--C--C--TTC---G--A--A-CTT-TA-A   765
HIV2D194  CC-AC-A--A--C-----TA-C--C--TTC------TGAA--T--G--CTC---A--A--A-CTG-TT-A   735
HIV2GH1   CC-AC-A--A--C-----TA-C--T--TTC------CGAG--A--G--TTC---A--A--A-CTT-TA-A   741
HIV2D205  TC-AC-A--A--T-----TA-C--C--TTC------CATG--C--C--CAG---G--A--A-CGT-CT-C   768
HIV2UC1   TC-GC-A--A--T-----CA-C--C--TTC------TATG--A--A--TAG---A--A--A-TGT-CT-T   765
SIVMM251  TT-GC-T--A--T-----CA-A--T--TTC------TATG--T--A--TTC---G--G--G-TCT-TT-A   792
SIVMM32H  TT-GC-T--A--T-----CA-A--T--TTC------TATG--T--A--TTC---G--G--G-TCT-TT-A   783
SIVMM1A11 TT-GC-T--A--T-----CA-A--T--TTC------TATG--T--A--TTC---G--G--G-TCT-TT-A   783
SIVMM142  TT-GC-T--A--T-----CA-A--T--TTC------TATG--T--C--TTC---G--A--G-TCT-TT-A   795
SIVMM239  TT-GC-T--A--T-----CA-A--T--TTC------TATG--T--A--TTC---G--G--G-TCT-TT-A   786
SIVMNE    TT-GC-T--A--T-----CA-A--T--TTC------TATG--T--C--TTC---G--G--G-TCT-TT-A   786
SIVSMMH4  TT-GC-T--G--T-----TT-A--T--TTT------TGCT--T--C--TTC---G--A--G-TTT-TT-A   789
SIVSMMH9  TT-GC-T--G--T-----TA-C--T--TTC------TGCT--T--C--TAC---G--A--A-TTT-TT-A   795
SIVSMMPBJ TT-GC-T--G--T-----TT-A--T--TTC------TGCT--T--C--TAC---G--A--A-TTT-TT-A   804
SIVSTM    TT-GC-C--A--C-----TA-A--T--TAC------TGCA--T--T--CTC---G--A--A-TCT-CT-G   783
```

HIV2/SIV ENV

```
CONSENSUS TGcACaAG?ATGATGGAaACaCAaaCtTCtACttGGtTTgGcTTtAATGG?ACtAGagCAGAaAAtAGaA   780
HIV2ROD   --C--C--G--------A--G--AA-T--C--A---T--G-C--T-----C--T--AG----G--T--A-   838
HIV2NIHZ  --C--C--A--------A--G--AA-T--T--A---T--G-C--T-----C--T--AG----A--T--A-   808
HIV2ISYR  --T--A--A--------A--G--AA-T--T--T---C--G-C--T-----C--T--GG----A--T--A-   811
HIV2ST    --T--A--G--------A--G--AA-C--C--T---T--G-C--T-----C--T--GG----A--T--A-   820
HIV2BEN   --C--A--G--------A--G--AA-T--T--T---T--G-C--T-----C--T--AG----A--T--A-   838
HIV2CAM2  --C--C--A--------A--G--GA-T--T--G---T--G-C--T-----C--C--AG----G--T--A-   835
HIV2D194  --C--A--G--------A--G--AA-T--T--T---T--G-C--T-----C--T--AG----A--T--A-   805
HIV2GH1   --C--A--G--------A--G--AA-C--C--T---T--G-C--T-----C--T--GG----G--T--A-   811
HIV2D205  --C--A--A--------A--A--GT-C--T--A---T--G-C--C-----T--A--GG----G--C--G-   838
HIV2UC1   --C--A--A--------G--A--GA-C--T--A---T--G-C--C-----T--G--GA----A--T--G-   835
SIVMM251  --C--A--G--------G--A--GA-T--T--T---T--G-C--T-----A--T--AG----A--T--A-   862
SIVMM32H  --C--A--G--------G--A--GA-T--T--T---T--G-C--T-----A--T--AG----A--T--A-   853
SIVMM1A11 --C--A--G--------G--A--GA-T--T--T---T--G-C--T-----A--T--AG----A--T--A-   853
SIVMM142  --C--A--G--------G--A--GA-T--T--T---T--C-G--T-----A--T--AG----A--T--A-   865
SIVMM239  --C--A--G--------G--A--GA-T--T--T---T--G-C--T-----A--T--AG----A--T--A-   856
SIVMNE    --C--A--A--------G--A--GA-T--T--T---T--G-C--T-----A--T--AG----A--T--A-   856
SIVSMMH4  --C--A--A--------G--G--AA-C--T--T---T--G-C--C-----T--T--GG----A--T--A-   859
SIVSMMH9  --C--A--A--------A--A--AA-C--T--T---T--G-T--C-----T--T--AG----A--T--A-   865
SIVSMMPBJ --C--A--A--------A--A--AA-C--T--T---T--G-T--C-----T--T--AG----A--T--A-   874
SIVSTM    --T--T--A--------G--A--AA-T--A--T---T--G-C--T-----A--T--AG----A--T--A-   853

CONSENSUS CaTAtAT?TAtTGGCATggtAgagatAAtAGgACtAT?ATtAGcttaAAtAagtatTatAAtcTaacaaT   848
HIV2ROD   -A--T--C--T------GGC-GAGAT--T--A--T--C--C--CT-A--C-AATAT-AT--TC-CAGTT-   908
HIV2NIHZ  -A--T--C--T------GGT-AAGAT--C--A--T--T--C--CT-A--T-ACTTT-AT--TC-CACTA-   878
HIV2ISYR  -A--T--C--T------GGT-GGGAT--C--A--T--T--C--CT-A--C-AATAT-AT--TC-CACCA-   881
HIV2ST    -A--T--C--T------GGT-GGGAT--T--A--T--C--T--CT-A--C-AGTTT-AT--TC-CACCG-   890
HIV2BEN   -A--T--C--T------GGC-GAGAT--T--G--T--C--T--CT-A--C-AGTAT-AT--TC-CACAA-   908
HIV2CAM2  -A--T--C--T------GGT-AAGAT--C--A--T--C--C--TT-A--C-AGCAT-AT--CC-CTCTA-   905
HIV2D194  -A--T--C--T------GGT-AGGAT--T--G--T--C--T--CT-A--C-AGTAT-AT--TC-CACAA-   875
HIV2GH1   -A--T--C--T------GGC-GAGAT--T--G--T--C--C--CT-A--C-AGTAT-AT--CC-TTCTA-   881
HIV2D205  -A--T--A--T------GAA-AAGAC--T--G--C--C--A--CT-A--T-CATAC-AT--TT-GTCAA-   908
HIV2UC1   -A--T--G--T------AGT-AAGAT--T--G--C--C--A--CT-G--T-AGTAT-AT--TC-AACAA-   905
SIVMM251  -T--T--T--C------GGT-GGGAT--T--G--T--A--T--TT-A--T-AGTAT-AT--TC-AACAA-   932
SIVMM32H  -T--T--T--C------GGT-GGGAT--T--G--T--A--T--TT-A--T-AGTAT-AT--TC-AACAA-   923
SIVMM1A11 -T--T--T--C------GGT-GGGAT--T--A--T--A--T--TT-A--T-AGTAT-AT--TC-AACAA-   923
SIVMM142  -C--T--T--C------GGT-GAGAT--T--G--T--A--T--TC-A--T-AGCAT-AT--TC-AACAA-   935
SIVMM239  -T--T--T--C------GGT-GGGAT--T--G--T--A--T--TT-A--T-AGTAT-AT--TC-AACAA-   926
SIVMNE    -T--T--T--C------AGC-AAGAT--T--G--T--A--T--TT-G--T-AGTAT-AT--TC-AACAA-   926
SIVSMMH4  -A--C--T--T------GGC-AAAGT--T--A--C--A--T--CT-G--T-AGTAT-AT--TC-AACAA-   929
SIVSMMH9  -A--C--T--T------RGC-GAAGC--T--A--C--A--T--CT-A--T-AGTAT-RT--TC-AACAA-   935
SIVSMMPBJ -A--C--T--T------GGC-GAAGC--T--A--C--A--T--CT-A--T-AGTAT-AT--TC-AACAA-   944
SIVSTM    -A--T--C--T------GGC-GGGAT--T--G--T--T--T--CT-G--C-AGTAT-AC--TT-AACAA-   923
```

```
CONSENSUS gaa?TGtAgaAGaCCaGgaAAtAAgAcaGTtttaCcA?T?AccattaTGTCaggattggt?TTcCAcTC?   913
HIV2ROD   GCAT--T-AG--G--A-GG--T--G-TA--GAAA-A-A-A-TGCTTA----AGGACATGTG--T--C--C   978
HIV2NIHZ  GCAT--T-AG--G--G-GA--T--G-CA--GTTA-C-A-A-CATTTA----AGGGTTTAAG--T--C--C   948
HIV2ISYR  ACTT--T-GG--A--A-GA--T--A-CA--TGTA-C-A-A-CACTCA----AGGCCGCAGA--T--C--C   951
HIV2ST    ACAT--T-AG--G--A-GA--C--G-CA--TGTA-C-A-A-CACTCA----AGGGTTAGTG--T--C--C   960
HIV2BEN   GCGT--T-AG--A--A-GA--T--G-CA--TTTA-C-A-A-CACTTA----AGGATTAGTG--T--C--T   978
HIV2CAM2  GTAT--T-GG--G--A-GA--T--G-CA--GGTG-C-A-A-CACTTA----AGGGCAAAGA--T--C--C   975
HIV2D194  GCAT--T-AG--A--A-GA--T--G-CA--TGTA-C-A-A-CACTTA----AGGGCGAAGG--T--C--T   945
HIV2GH1   ACAT--T-AG--A--A-GA--C--G-CA--TGTA-C-A-A-CACTCA----AGGGTTAGTG--T--C--C   951
HIV2D205  ACAC--T-AG--G--A-GA--C--G-CG--TGTA-C-A-A-GAACCG----AGGACTACTT--C--T--A   978
HIV2UC1   GCAT--C-GA--G--A-GG--C--G-CA--CATA-C-A-A-CAATCA----AGGACTGAAT--C--T--G   975
SIVMM251  GAAA--T-GA--A--A-GA--T--G-CA--TTTA-C-G-C-CCATTA----TGGATTGGTT--C--C--A  1002
SIVMM32H  GAAA--T-GA--A--A-GA--T--G-CA--TTTA-C-G-C-CCATTA----TGGATTGGTT--C--C--A   993
SIVMM1A11 AAAA--T-GA--A--A-GA--T--G-CA--TTTA-C-G-C-CCATTA----TCAATTGGTT--C--C--A   993
SIVMM142  GAAA--T-GA--A--A-GA--T--G-CA--TTTA-C-G-C-CCATTA----TGCATTGGTT--C--C--A  1005
SIVMM239  GAAA--T-GA--A--A-GA--T--G-CA--TTTA-C-G-C-CCATTA----TGGATTGGTT--C--C--A   996
SIVMNE    GAAA--T-GA--A--A-GA--T--G-CA--TTTA-C-G-C-CCATCA----TGGATTGGTT--C--C--A   996
SIVSMMH4  GAGA--T-GA--A--A-AA--T--G-CA--TTTA-C-G-C-CCATTA----AGGGTTGGTC--C--T--G   999
SIVSMMH9  GAGA--T-GA--A--A-GA--T--G-CA--CTTA-C-G-C-CCATTA----AGGGTTGGTC--C--T--G  1005
SIVSMMPBJ GAGA--T-GA--A--A-GA--T--G-CA--CTTA-C-G-C-CCATTA----AGGGTTGGTC--C--T--G  1014
SIVSTM    GAGC--T-GA--A--A-GG--C--A-CA--CTTA-C-G-C-CCATTA----AGGCTTGGTC--C--T--G   993

CONSENSUS ??????CagccaaTc???AAt?a?AgaCCaa?gCAgGCaTGGTGctGGTTtgaaGGaaa?TGGAaggaaG   970
HIV2ROD   CACTAC-AGCCGA-C...--TAAA-GA--CAGA--A--A-----CT----CAAA--CAAA----AAGAC-  1045
HIV2NIHZ  .......-AGCCAG-CATC--TAAA-AA--CAGG--A--A-----TT----CGAA--CCAA----AGGAA-  1012
HIV2ISYR  .......-AGAAGA-CATC--TAAA-AA--CAGG--A--A-----CC----CAAA--CGAG----GGGAA-  1015
HIV2ST    .......-AGCCAA-C...--TAGA-GA--CAGG--A--A-----CT----CAAA--CGAG----AGGAA-  1021
HIV2BEN   .......-AGCCAA-C...--CACA-GG--TAGG--G--A-----CC----TGGA--CAGA----GGGAA-  1039
HIV2CAM2  .......-GGCCAA-CATT--TAAA-GG--CAGG--A--A-----CT----CAAA--CAAC----CAGAA-  1039
HIV2D194  .......-GGCCAG-CTAC--CAAA-AA--TGGG--G--A-----TT----TCAA--CAAC----TAGAA-  1009
HIV2GH1   .......-AGCCAA-C...--TACA-GA--TAGG--A--A-----CT----CAAA--CAAG----GGGAA-  1012
HIV2D205  .......-AGCCTA-C...--TAAG-GA--CAGA--A--T-----CT----TAAG--AAAC----CAGAA-  1039
HIV2UC1   .......-AGCCTC-C...--TACC-GA--CAGA--G--T-----CT----TAAG--AAAC----TAGAA-  1036
SIVMM251  .......-AACCAA-C...--TGAT-GG--AAAG--G--A-----TT----TGGA--AAAA----AGGAT-  1063
SIVMM32H  .......-AACCAA-C...--TGAT-GG--AAAG--G--A-----TT----TGGA--AAAT----AGGAT-  1054
SIVMM1A11 .......-AACCAA-C...--TGAT-GG--AAAG--G--A-----TT----TAGA--AAAA----AGGAT-  1054
SIVMM142  .......-AACCAG-C...--TGAG-GG--AAAG--G--A-----TA----TGGA--AAAT----AGGAG-  1066
SIVMM239  .......-AACCAA-C...--TGAT-GG--AAAG--G--A-----TT----TGGA--AAAA----AGGAT-  1057
SIVMNE    .......-AACCAA-C...--TGAT-GG--AAAA--G--A-----TA----TGAA--AAAT----AGGAG-  1057
SIVSMMH4  .......-AGCCCA-A...--TGAG-GA--AAAA--G--C-----CT----TGAA--AAGC----AAAAG-  1060
SIVSMMH9  .......-AACCCA-A...--TGAG-GA--AAAA--G--C-----CT----TGGA--AGAA----AAGAG-  1066
SIVSMMPBJ .......-AACCCA-A...--TGAG-GA--AAAA--G--C-----CT----TGGA--AGAA----AAAAG-  1075
SIVSTM    .......-AACCCA-T...--TGAG-GA--AAAA--A--T-----CT----TGGA--AGAA----GAGGA-  1054
```

```
CONSENSUS CcAT??agGAggTgAAgcaaaCC?TtgtcaAaCATCCCAGgTAta?aGGa??????Ac?Aataa?Ac?ga  1027
HIV2ROD   -C--GCAG--GG-G--GGAAA--C-TGCAA-A--------G--TAGA--A.......-CC-ATGAC-CAAG  1109
HIV2NIHZ  -C--GCAG--GG-G--GGAGA--C-TGCGA-A--------A--TAAA--G...AAC-GG-GCCGC-CAGA  1079
HIV2ISYR  -C--GCAG--GG-G--ACAAA--C-TGTAA-A--------G--TAAA--A.......-CC-ATGAC-CAAA  1079
HIV2ST    -C--GAAG--GG-G--GCTAA--C-TGCAA-A--------G--TAAA--A.......-CC-ACGAC-CAGA  1085
HIV2BEN   -C--GCAG--GG-G--GCAAA--C-TGTAC-A--------A--CAAA--A.......-TC-ATGAT-CAGG  1103
HIV2CAM2  -C--GCAG--GG-A--GCAAA--C-TGCGG-G--------G--TAAA--A.......-CC-AAAAC-TAAC  1103
HIV2D194  -C--GCGG--GG-G--GCAAA--C-TGCAA-A--------G--CGGA--A.......-CA-ATGAT-CAGG  1073
HIV2GH1   -C--GCAG--GG-A--GCAAA--C-TATAA-A--------G--TAAA--A.......-CC-ACGAC-CAAA  1076
HIV2D205  -C--AAAG--GG-G--AAGGA--A-CATAA-A--------G--TAAA--AGGTGCA-AA-ATATC-CAAG  1109
HIV2UC1   -C--AAGG--GG-A--GGAGA--A-CATAA-A--------G--TAAA--A.......-CA-ATAAC-CCGA  1100
SIVMM251  -A--AAAA--GG-G--ACAGA--A-TGTCA-A--------G--TACT--A.......-CT-ACAAT-CTGA  1127
SIVMM32H  -A--AAAA--GA-G--GCAGA--A-TGTCA-A--------G--TACT--A.......-CT-ACAAT-CTGA  1118
SIVMM1A11 -A--AAAA--GG-G--GCAGA--A-TGTCA-A--------G--TACT--A.......-CT-ACAAT-CTGA  1118
SIVMM142  -A--AAAA--GG-G--GCAGA--A-TGTCA-A--------G--TACT--A.......-CT-ACAAT-GTGA  1130
SIVMM239  -A--AAAA--GG-G--GCAGA--A-TGTCA-A--------G--TACT--A.......-CT-ACAAT-CTGA  1121
SIVMNE    -A--AAAA--GG-A--GCAGA--A-TGTCA-A--------G--TACT--A.......-CT-ACAAT-CTGA  1121
SIVSMMH4  -C--CCAG--AG-G--GGAAA--T-GGTCA-A--------G--TACG--A.......-CT-ATGAT-CTAG  1124
SIVSMMH9  -C--CCGG--AG-G--GGMAM--T-GGTCA-A--------G--TAAG--A.......-CT-ATRAK-YTRA  1130
SIVSMMPBJ -C--CCAG--AG-G--GGAAA--T-GGTCA-A--------G--TACG--A.......-CT-ATAAG-CTGA  1139
SIVSTM    -A--AAAA--GG-T--GGAAA--T-GGTCA-A--------G--TACA--A.......-CC-ATGAC-CGGC  1118

CONSENSUS ????aaaaTtaa?tT?acagctCcaggaggAgga???GAtCCaGAagt?acattcATGTGGaCaAAtTGc  1087
HIV2ROD   G...AATA-TAGCT-TGCAGCG-CAGGAAA-GGCTCA--C--A--AGTAGCATAC------A-T--C--C  1176
HIV2NIHZ  G...AATA-TAAAT-TAAAGCA-CAGGGAG-GGCTCA--C--A--AGTAACATAC------A-T--C--C  1146
HIV2ISYR  T...AAAA-TAACT-TACAGCA-CAGGAAA-GACTCA--C--A--AGTAGCATAT------A-T--C--C  1146
HIV2ST    A...AAAA-TCGTT-TATAGCG-CAGGAGA-CGCTCA--C--A--AGTGGCATAC------A-T--C--C  1152
HIV2BEN   G...AAAA-TAACT-TACGAAA-CGGGAGC-GGCTCA--C--G--AGTGGCATTT------A-T--C--C  1170
HIV2CAM2  G...GATA-TACCT-CAAAGCA-CAGAAAG-GGTTCA--C--A--AGTGACATAC------T-T--C--C  1170
HIV2D194  A...AAAA-TAACT-TACGAAG-CAGGAAT-GGTTCA--C--A--AGTGACATAC------A-T--C--C  1140
HIV2GH1   G...AATA-TAACT-TACAAAA-CAGGAAG-GGCTCA--C--A--AGTGGCATAC------A-T--C--C  1143
HIV2D205  CGTAAAGT-A...G-ATCAGAA-ATGGAAA-GGTTCA--T--A--AACAACATAT------A-C--T--T  1176
HIV2UC1   G...AGGA-AAGAT-GGTAGGG-CCTCGGC-GGTTCA--C--A--GGTGAGACAT------A-T--C--T  1167
SIVMM251  T...AAAA-CAATT-AACGGCT-CTGGAGG-GGA...--T--G--AGTTACCTTC------A-A--T--C  1191
SIVMM32H  T...AAAA-CAATT-GACGGCT-CTAGAGG-GGA...--T--G--AGTTACCTTC------A-A--T--C  1182
SIVMM1A11 T...AAAA-CAATT-GACGGCT-CTGGAGG-GGA...--T--G--AGTTACCTTC------A-A--T--C  1182
SIVMM142  T...AAAA-CAATT-GACGGCT-CTAGAGG-GGA...--T--G--AGTTACCTTC------A-A--T--C  1194
SIVMM239  T...AAAA-CAATT-GACGGCT-CTGGAGG-GGA...--T--G--AGTTACCTTC------A-A--T--C  1185
SIVMNE    T...AAAA-CAATT-GACGGCT-CTGGAGG-GGA...--T--G--AGTTACCTTC------A-A--T--C  1185
SIVSMMH4  G...AAAA-TAATC-AACAGCT-CAGCAGG-GGA...--T--A--AGTCACTTTT------A-A--T--T  1188
SIVSMMH9  A...CAAA-TAAGC-AACAGCT-CAGGAGG-GGA...--T--A--AGTTACTTTC------A-A--T--T  1194
SIVSMMPBJ A...CAAA-TAAGC-AACAGCT-CAGGAGG-GGA...--T--A--AGTTACTTTC------A-A--T--T  1203
SIVSTM    A...AAAA-AAGGA-AGTGGCT-CTGGGGG-GGA...--T--A--GGTCACCTTC------A-A--T--C  1182
```

```
CONSENSUS aGaGGAGAaTttcTcTAcTG?AAaATGA?tTGGTT?cT?AAtTGGgTaGAa?????????aata?aacta   1143
HIV2ROD   A-A-----G-TTC-C--C--C--C----CT-----CC-C--T---A-A--G.........AATAAGACA.   1236
HIV2NIHZ  A-A-----A-CTC-C--C--C--C----CT-----CC-C--T---G-A--G.........AACAGGACGG   1207
HIV2ISYR  A-A-----A-TCC-C--T--C--C----CT-----CC-T--T---G-A--A.........AACAAGACGG   1207
HIV2ST    A-A-----A-TTC-C--C--C--T----CT-----CC-C--T---G-A--A.........AACAGAACGA   1213
HIV2BEN   A-A-----A-TTC-C--C--T--C----CT-----CC-C--T---G-A--AGACAAG...........A   1228
HIV2CAM2  A-A-----A-TTT-C--C--C--C----CC-----CC-C--T---G-A--A.........AATAAACCTA   1231
HIV2D194  A-A-----A-TTC-C--C--T--T----CT-----CC-C--T---G-A--A.........AATAAGACGA   1201
HIV2GH1   A-A-----A-TTC-C--C--C--C----CT-----CC-C--T---G-A--A.........AACAGACCGA   1204
HIV2D205  A-A-----A-TCT-A--C--T--T----CC-----CT-A--C---G-A--G.........AACAAAACAA   1237
HIV2UC1   A-G-----A-TCT-C--T--T--T----CC-----TT-A--C---G-G--G.........AACAGAACAG   1228
SIVMM251  A-A-----G-TCC-C--C--T--A----AT-----TC-A--T---G-A--GGATAGG...GATGTAACTA   1258
SIVMM32H  A-A-----G-TCC-C--C--T--A----AT-----TC-A--T---G-A--AGATAGG...GATGTAACTA   1249
SIVMM1A11 A-A-----G-TTC-C--C--T--A----AT-----TT-A--T---G-A--AGATAGG...AATACAGCTA   1249
SIVMM142  A-A-----G-TTC-C--C--T--A----AT-----TC-A--T---G-A--AGATAGG...AGTCTAACTA   1261
SIVMM239  A-A-----G-TCC-C--C--T--A----AT-----TC-A--T---G-A--AGATAGG...AATACAGCTA   1252
SIVMNE    A-A-----G-TTC-C--C--T--A----AT-----TC-A--T---G-A--AGATAAG...AATCTGACTG   1252
SIVSMMH4  C-A-----A-TCT-A--T--C--A----AT-----TC-T--T---G-A--GGACAGAGACCAAAAGGGTG   1258
SIVSMMH9  C-A-----A-TCT-A--T--C--A----AT-----TC-T--T---G-A--AGYTATAAAAAATGGTTCT.   1263
SIVSMMPBJ C-A-----A-TCT-A--T--C--A----AT-----TC-T--T---G-A--AAATATACAAAATGGTTCT.   1272
SIVSTM    C-T-----A-TTC-T--T--C--A----AT-----CT-A--T---A-A--A.........AACAGAAGTA   1243

CONSENSUS ??????????????????????????????????????????????agag?AAtTAtgtgccaTG?CatAT   1166
HIV2ROD   ..........................................CACCGC--T--TGCACCG--C-AT--   1262
HIV2NIHZ  GTCAGAAA..................................CAGCGC--T--TGCACCG--C-GT--   1241
HIV2ISYR  GTCAA.....................................CAGCAT--C--TGTGCCG--C-AT--   1238
HIV2ST    ATCAGACA..................................CAGCAC--T--TGTGCCA--C-AT--   1247
HIV2BEN   ACCAAACA..................................CGGCGC--C--T........-C-AT--   1256
HIV2CAM2  ATACGACA..................................AAGCGC--T--TGCACCA--C-AT--   1265
HIV2D194  ACCAAACA..................................CACGGC--C--TGCGCCA--C-AT--   1235
HIV2GH1   ATCAGACA..................................CAGCAC--T--TGCGCCG--C-AT--   1238
HIV2D205  ATACAACT..................................CGGAGA--T--TGCGCCA--T-AT--   1271
HIV2UC1   GTACAACT..................................CAGAAG--T--TGTGACG--C-AC--   1262
SIVMM251  CC.....................CAGAGGCCAAAGGAACGGCATAGAAGG--T--CGTGCCG--T-AT--   1307
SIVMM32H  AC.....................CAGAGGCCAAAGGAACGGCATAGAAGG--T--CGTGCCA--T-AT--   1298
SIVMM1A11 AC.....................CAGAAGCCAAAGGAACAACATAAAAGG--T--CGTGCCA--T-AT--   1298
SIVMM142  CC.....................CAGAAGCCAAAGGAACGGCATAAAAGG--T--CGTACCA--T-AT--   1310
SIVMM239  AC.....................CAGAAGCCAAAGGAACAGCATAAAAGG--T--CGTGCCA--T-AT--   1301
SIVMNE    GAACTACC...............CAGAAGCCACAGGAACGGCATAAAAGG--T--CGTGCCA--T-AT--   1307
SIVSMMH4  GC.........AGATGGAAACAACAAAATAGGAAAGAGCAACAGAAGAAA--T--TGTGCCA--T-AT--   1319
SIVSMMH9  ...........AGATGGACAAGTCAAAACCAGAAAGAACGATACCAGAAA--T--TGTGCCA--T-AT--   1322
SIVSMMPBJ ...........AGATGGACAAGTCAAAACCAGAAAGAGCGACAAAGGAGA--T--TGTGCCA--T-AT--   1331
SIVSTM    CATCAGAAATGAGAGATTGGAACAAAAACAAAAAGGAACAACAAAAGAGG--T--TGTACCA--C-AC--   1313
```

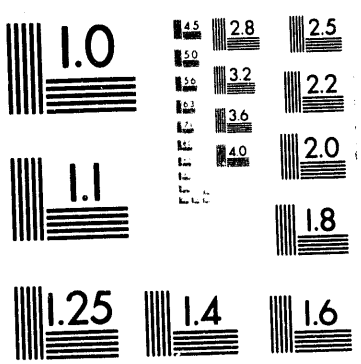
```
CONSENSUS ?agaCAaaTAaTcAAcAC?TGGCAtAaaGTaGGgAaaaAtgTaTaTTTGCCTCC?AGggAaGGaga?cTg   1232
HIV2ROD   AAAG--AA--A-T--C--A-----T-AG--A--G-GAA-TG-A-A---------C--GG-A--GGAGC-G   1332
HIV2NIHZ  AAGG--AA--A-T--T--C-----C-GG--A--G-AAA-TC-A-A---------C--GG-A--GGAGT-G   1311
HIV2ISYR  AGAG--AA--A-T--T--C-----T-AG--A--G-AAA-TG-A-A---------T--GG-A--AGAGT-G   1308
HIV2ST    AAAG--AA--A-T--T--C-----C-AG--A--G-AAA-TG-A-A---------T--GG-A--ACAGT-A   1317
HIV2BEN   AAAG--GA--A-T--T--C-----T-AA--A--G-AAA-TG-A-A---------T--GG-A--GGAGT-G   1326
HIV2CAM2  AAGG--AA--A-T--C--C-----T-AG--A--G-AGA-TG-A-A---------C--GG-A--GGAGT-G   1335
HIV2D194  AAGG--GA--A-T--C--C-----T-AG--A--G-CAA-TG-A-A---------T--GG-A--GGAGT-G   1305
HIV2GH1   AAGG--AA--A-T--T--C-----C-AG--A--G-AAA-TG-A-A---------T--AG-A--ACAGT-G   1308
HIV2D205  CAGA--GA--A-C--C--G-----C-AG--T--G-AAA-TA-A-A---------A--AG-A--TGAGC-C   1341
HIV2UC1   CAAA--GA--G-C--C--G-----C-AG--T--A-AAT-CG-A-A---------A--GG-G--TACGC-C   1332
SIVMM251  TAGA--AA--A-C--C--T-----T-AA--A--C-AAA-TG-T-A---------A--AG-G--AGACC-C   1377
SIVMM32H  TAGA--AA--A-C--C--T-----T-AA--A--C-AAA-TG-T-A---------A--AG-G--AGACC-C   1368
SIVMM1A11 TAGA--AA--A-C--C--T-----T-AA--A--C-AAA-TG-T-A---------A--AG-G--AGACC-C   1368
SIVMM142  TAGA--AA--A-C--C--T-----T-AA--A--C-AAA-TG-T-A---------A--AG-G--AGACC-C   1380
SIVMM239  TAGA--AA--A-C--C--T-----T-AA--A--C-AAA-TG-T-A---------A--AG-G--AGACC-C   1371
SIVMNE    TAGA--AA--A-C--C--T-----T-AA--A--C-GAA-TG-T-A---------A--AG-G--AGACC-C   1377
SIVSMMH4  TAGA--AA--A-C--C--G-----C-AA--A--C-AAA-TG-A-A---------T--GG-A--AGACC-G   1389
SIVSMMH9  TRGA--GA--A-C--C--G-----C-AA--A--C-AAA-TG-G-R---------T--GG-A--AGACC-G   1392
SIVSMMPBJ TAGA--GA--A-C--C--G-----C-AA--A--C-AAA-TG-G-A---------T--GG-A--AGACC-G   1401
SIVSTM    CAGA--AG--A-T--T--A-----T-AA--A--G-AAA-TG-T-A---------A--AC-A--AGACC-T   1383

CONSENSUS aC?TGtaacTCcAcaGTgACcAG?cTcATaGCaaAcATtgAt???tgga??gatgga???aA?cagAC??   1289
HIV2ROD   T-C--CAAC--A-CA--A--C--CA-A--T--TA-C--TG-C...TGGCAAAACAAT...A-TCAG--A.   1395
HIV2NIHZ  A-C--CAAC--A-CG--G--C--CA-A--T--CA-C--TG-T.........GCGGGA...G-TCAA--A.   1368
HIV2ISYR  T-C--CGAA--A-CA--G--C--TA-C--T--TA-C--TG-TGTT......GATGGAGATA-CCGG--A.   1371
HIV2ST    A-C--CAAC--T-CA--G--C--CA-A--T--TA-C--TG-C......GGAGGAGAG...A-CCAG--A.   1377
HIV2BEN   G-C--TGAA--A-CA--A--C--CA-A--T--TA-C--TG-C......ATAGATAAA...A-TCGG--TC   1387
HIV2CAM2  A-C--CAAC--A-CA--G--C--CA-A--T--TA-C--TG-CGAG...AGGGAT......A-TCAG--AA   1396
HIV2D194  A-C--CAAT--A-CA--A--C--CA-A--T--TA-C--TG-C......TCACATGGA...A-TCAG--C.   1365
HIV2GH1   A-C--CAAC--A-CA--G--C--CA-A--T--TA-C--TG-CGTA...AATAGT......A-CCAG--A.   1368
HIV2D205  T-A--TAAT--C-CT--G--T--CC-C--A--CA-C--CA-C......TCAGAC......A-CAGT--CA   1399
HIV2UC1   T-C--TAAT--C-GT--C--C--TC-T--A--CA-C--TG-CGTGTATTATGATGGC...A-TGAT--CA   1399
SIVMM251  A-G--TAAC--C-CA--G--C--TC-C--A--AA-C--AG-T...TGGACTGATGGA...A-CCAA--T.   1440
SIVMM32H  A-G--TAAC--C-CA--G--C--TC-C--A--AA-C--AG-T...TGGACTGATGGA...A-CCAA--T.   1431
SIVMM1A11 A-G--TATC--C-CA--G--C--TC-C--A--AA-C--AG-T...TGGACTGATGGA...A-CCAA--T.   1431
SIVMM142  A-G--TAAC--C-CA--G--C--TC-C--A--AA-C--AA-T...TGGACTGATGGA...A-CCAA--T.   1443
SIVMM239  A-G--TAAC--C-CA--G--C--TC-C--A--AA-C--AG-T...TGGATTGATGGA...A-CCAA--T.   1434
SIVMNE    A-G--TAAT--C-CA--G--C--TC-C--A--AA-C--AG-T...TGGATTGATGGA...A-CCAA--T.   1440
SIVSMMH4  A-A--CAAT--C-CT--A--T--TC-C--A--AG-G--AG-T...TGGATCAATAGC...A-TGAG--C.   1452
SIVSMMH9  A-A--TAAC--C-CT--A--T--CC-C--A--AG-A--AG-T...TGGATCAATGGC...A-TAAG--C.   1455
SIVSMMPBJ A-A--TAAT--C-CT--A--T--CC-C--A--AG-A--AG-T...TGGATCAATGGC...A-TGAG--C.   1464
SIVSTM    A-T--TAAT--C-CT--G--C--TA-A--A--AA-C--TG-C...TGGACTAACAAT...A-TGAG--T.   1446
```

```
CONSENSUS ?????AatAT?aCcatgAGTGCAGAgGtGgcAGAACTgTAtcGATTgGAatTGGGaGAtTAtAAATTagT  1353
HIV2ROD   .....-AC--TA-CTTT--------G-T-GC------A--CA----G--GT----A--T--T-----GG-  1460
HIV2NIHZ  .....-AT--TA-CTTT--------G-C-GC------A--CC----G--AT----G--T--C-----AG-  1433
HIV2ISYR  .....-AT--TA-CTTT--------G-T-GC------A--CC----G--AT----G--T--T-----AG-  1436
HIV2ST    .....-AT--TA-CTTT--------G-T-GC------A--CC----A--AT----G--T--T-----GA-  1442
HIV2BEN   ATACC-AC--TA-CTTT--------A-T-GC------G--CC----A--AC----A--C--C-----AA-  1457
HIV2CAM2  CA...-AT--TA-CTTT--------T-T-GC------G--CC----G--AT----G--T--T-----GG-  1463
HIV2D194  .....-AC--TA-CTTT--------A-T-GC------G--CC----A--AT----G--C--C-----GA-  1430
HIV2GH1   .....-AT--TA-CTTT--------G-T-GC------A--CC----A--AT----A--T--T-----AA-  1433
HIV2D205  CC...-AT--TT-TGTG--------A-T-TC------G--TA----G--AC----G--C--T-----AG-  1466
HIV2UC1   AGACC-AT--TA-CATG--------A-T-GG------G--CA----G--AC----G--C--C-----AG-  1469
SIVMM251  .....-GT--CA-CATG--------G-T-GC------G--TC----G--GT----A--T--T-----AG-  1505
SIVMM32H  .....-AT--CA-CATG--------G-T-GC------G--TC----G--AT----A--T--T-----AG-  1496
SIVMM1A11 .....-AT--CA-CATG--------G-T-GC------G--TC----G--AT----A--T--T-----AG-  1496
SIVMM142  .....-GT--CA-CATG--------G-T-GC------G--TC----G--AT----A--T--T-----AG-  1508
SIVMM239  .....-AT--CA-CATG--------G-T-GC------G--TC----G--AT----A--T--T-----AG-  1499
SIVMNE    .....-AT--CA-CATG--------G-T-GC------G--TC----G--AT----A--T--T-----AG-  1505
SIVSMMH4  .....-AT--CA-CATG--------G-T-GC------G--TC----G--GT----A--T--C-----AA-  1517
SIVSMMH9  .....-AT--CA-CATG--------G-T-GC------G--TC----G--GT----A--T--C-----AG-  1520
SIVSMMPBJ .....-AT--CA-CATG--------G-T-GC------G--TC----G--GT----A--T--C-----AG-  1529
SIVSTM    .....-AC--CA-TGCA--------G-T-GC------G--TC----G--AT----A--T--C-----AG-  1511

CONSENSUS AGAaaTaAC?CCaATTggcTTcGCcCCtACaaatgt?AaaAG?TAc?CcaCt???ggt?cctc?AGaaat  1414
HIV2ROD   ---AA-A--A--A---GGC--C--A--T--AAAAGAA-AA--A--CT-CT-T...GCTCACGGG--ACAT  1527
HIV2NIHZ  ---AA-C--A--A---GGC--C--A--T--ATCAGTA-AG--A--CT-CT-T...GCTCACCAG--ACAT  1500
HIV2ISYR  ---AG-A--A--A---GGC--C--C--T--AGCAGAA-AA--A--CT-CT-T...GCTCCAGGG--ACAT  1503
HIV2ST    ---AG-A--A--A---GGC--T--A--T--ACCAGTA-AA--A--CT-CT-T...GCTCCAGTG--GAAT  1509
HIV2BEN   ---AA-A--A--A---GGC--C--A--T--AGATCAG-GA--G--CT-CT-A...ACTCCAGTG--GAAC  1524
HIV2CAM2  ---AA-A--A--A---GGC--C--A--T--ATCACAA-AG--A--CT-CC-T...GCTCACGGG--ACCT  1530
HIV2D194  ---AG-A--A--A---CCG--C--A--T--AAAAGAG-AA--A--TT-CT-G...GCTCCAGTG--GAAC  1497
HIV2GH1   ---AG-A--A--A---GGC--C--A--T--GAGAGAG-AA--A--TT-CT-G...GCTCCAGTG--GAAC  1500
HIV2D205  ---AA-A--A--A---GGC--C--A--T--AGATGTA-GA--A--CT-CT-A...GTAAAACCG--GAAT  1533
HIV2UC1   ---AA-A--A--G---GGC--T--A--T--AGAGATA-AA--A--TT-CT-A...ACGACACCG--GAAT  1536
SIVMM251  ---GA-C--T--G---GGC--G--C--C--AGATGTG-AG--G--CA-TA-TGGTGGCACCTCA--AAAT  1575
SIVMM32H  ---GA-C--T--A---GGC--G--C--C--AGATGTG-AG--G--CA-TA-TGGTGGCACCTCA--AAAT  1566
SIVMM1A11 ---GA-C--T--A---GGC--G--C--C--AAATGTG-GG--G--CA-TA-TGGTGGCACCTCA--AAAT  1566
SIVMM142  ---AA-C--T--A---GGC--G--C--C--AAATGTG-AG--G--CA-TA-TGGTGGCACCTCA--AAAT  1578
SIVMM239  ---GA-C--T--A---GGC--G--C--C--AGATGTG-AG--G--CA-TA-TGGTGGCACCTCA--AAAT  1569
SIVMNE    ---GA-C--T--A---GGC--G--C--C--AAATGTG-AG--G--CA-TA-TGGTGGCACCTCA--AAAT  1575
SIVSMMH4  ---GA-T--T--A---GGC--G--C--C--AAGTGTA-GA--G--CA-CA-AACTGGTGCCTCA--AAAT  1587
SIVSMMH9  ---GA-T--T--A---GGC--C--C--C- AAGTGTA-AA--G--CA-CA-AACTGGTGCCTCA--AAAT  1590
SIVSMMPBJ ---GA-T--T--A---GCC--C--C--C--AAGTGTA-AA--G--CA-CA-AACTGGTGCCTCA--AAAT  1599
SIVSTM    ---AA-A--T--A---GGC--G--C--A--GAATGTG-AG--A--CA-AA-T...AGTACCTCA--AACT  1578
```

HIV2/SIV ENV

```
CONSENSUS AaaAGAGG?GtctTtGTGCTAGGgTTCtTgGGttTtCTcgCaAcaGCAGGttcTGCaATGgGcgcggcGT   1483
HIV2ROD   -CA-----T-TGT-C--------G---T-G--TT-T--CG-A-CA-----TTC---A---G-CGCGGC--   1597
HIV2NIHZ  -CA-----T-TGT-T--------G---C-A--TT-T--CG-A-CA-----TTC---C---G-CGCGGC--   1570
HIV2ISYR  -AG-----T-TGC-T--------G---C-A--TT-T--CA-G-CA-----TGC---A---G-GGCGGC--   1573
HIV2ST    -AA-----T-TAT-C--------G---T-A--TT-T--CA-G-CA-----AGC---A---G-CGCGGC--   1579
HIV2BEN   -AA-----T-TGT-C--------G---T-G--TT-T--CG-G-CA-----TTC---A---G-CGCGCG--   1594
HIV2CAM2  -AA-----T-CGT-T--------G---T-G--TT-T--CA-A-CA-----AGT---A---G-CACGGC--   1600
HIV2D194  -AA-----T-TGT-C--------G---T-G--TT-T--CG-G-CA-----TTC---A---G-CGGCGC--   1567
HIV2GH1   -AA-----T-TGT-T--------G---T-G--TT-T--CG-G-CA-----TTC---A---G-CGCGGC--   1570
HIV2D205  -AA-----T-TAA-G--------A---T-G--AT-C--TG-A-TG-----TTC---A---G-CGCAAC--   1603
HIV2UC1   -AA-----T-TAA-G--------G---T-G--AC-T--TG-A-TG-----TTC---A---G-CGCAAC--   1606
SIVMM251  -AA-----G-TCT-T--------G---T-G--TT-T--CG-A-CG-----TTC---A---G-CGCGGC--   1645
SIVMM32H  -AA-----G-TCT-T--------G---T-G--TT-T--CG-A-CG-----TTC---A---G-CGCGGC--   1636
SIVMM1A11 -AA-----G-TCT-T--------G---T-G--TT-T--CG-A-CG-----TTC---A---G-CGCGGC--   1636
SIVMM142  -AA-----G-TCT-T--------G---T-G--TT-T--CG-A-CG-----TTC---A---G-CGCGGC--   1648
SIVMM239  -AA-----G-TCT-T--------G---T-G--TT-T--CG-A-CG-----TTC---A---G-CGCGGC--   1639
SIVMNE    -AA-----G-TCT-T--------G---T-A--TT-T--CG-A-CG-----TTC---A---G-CGCGGC--   1645
SIVSMMH4  -AG-----G-TCT-T--------G---T-G--TT-T--CG-G-CA-----TTC---A---G-CGCGGC--   1657
SIVSMMH9  -AA-----G-TCT-T--------G---T-G--TT-T--CG-G-CA-----TTC---A---G-CGCGGC--   1660
SIVSMMPBJ -AA-----G-TCT-T--------G---T-G--TT-T--CG-G-CA-----TTC---A---A-CGCGGC--   1669
SIVSTM    -AG-----G-TCT-C--------G---T-G--TT-T--CG-G-CA-----TTC---A---G-CGCAGC--   1648

CONSENSUS CctTGACgcTGtC?GCtCAgTCcCGgACTTTatTggctGGGATAGTGCAGCAaCAGCAACaGCtgtTgGA   1552
HIV2ROD   -CC----CG--T-G--T--G--C--G-----AC-GGCC-------------A-------A--TGT-G--   1667
HIV2NIHZ  -CT----GC--T-A--T--G--T--G-----AT-GGCC-------------A-------A--TGT-G--   1640
HIV2ISYR  -TC----GC--T-G--T--G--T--G-----AT-CCGT-------------A-------A--TGT-G--   1643
HIV2ST    -CT----GC--T-G--T--G--T--G-----AT-GGCC-------------A-------A--TGT-G--   1649
HIV2BEN   -CC----GC--T-A--C--G--C--G-----AC-GGCC-------------A-------A--TGT-G--   1664
HIV2CAM2  -CT----GC--T-A--C--G--T--G-----AT-GGCC-------------A-------A--TGT-A--   16/
HIV2D194  -CT----GC--T-G--T--G--C--G-----AC-GGCC-------------A-------A--TGT-G--   16.
HIV2GH1   -CC----GC--T-G--T--G--C--G-----AC-GGCC-------------A-------A--TGT-G--   1640
HIV2D205  -TT----GC--T-A--T--G--C--G-----AC-GGCC-------------G-------A--CTG-G--   1673
HIV2UC1   -CT----GC--T-A--T--G--C--G-----AC-GGCT-------------G-------A--TGC-G--   1676
SIVMM251  -GT----GC--A-C--T--G--C--G-----AT-GGCT-------------A-------A--TGT-G--   1715
SIVMM32H  -GT----GC--A-C--T--A--C--G-----AT-GGCT-------------A-------A--TGT-G--   1706
SIVMM1A11 -GT----GC--A-C--T--G--C--G-----AT-GGCT-------------A-------T--TGT-G--   1706
SIVMM142  -GT----CG--A-C--T--G--C--G-----AT-GGCT-------------A-------A--TGT-G--   1718
SIVMM239  -GT----GC--A-C--T--G--C--A-----AT-GGCT-------------A-------A--TGT-G--   1709
SIVMNE    -GT----GC--A-C--T--G--C--G-----AT-GGCT-------------A-------A--TGT-G--   1715
SIVSMMH4  -CG----GC--T-G--T--G--C--G-----GT-GGCT-------------A-------A--TGT-G--   1727
SIVSMMH9  -GT----GC--T-G--T--G--C--G-----GT-GGCT-------------A-------A--TGT-G--   1730
SIVSMMPBJ -CG----GC--T-G--T--G--C--G-----GT-GGCT-------------A-------A--TGT-G--   1739
SIVSTM    -GC----GC--A-G--T--G--C--G-----AT-GACT-------------A-------A--TGT-G--   1718
```

```
CONSENSUS cGTgGTCAAgAGACAACAaGAAtTGTTGCGacTGACCGTCTGGGGaaC?AA?AacCTCCAGaC?AGaGTC   1619
HIV2ROD   C--G-----G--------A---C-------AC-------------AA-G--A-AC------G-A--A---   1737
HIV2NIHZ  T--G-----G--------A---A-------AC-------------AA-A--A-AT------G-A--A---   1710
HIV2ISYR  C--G-----G--------A---A-------AC-------------AA-T--A-AC------G-A--A---   1713
HIV2ST    C--G-----G--------A---A-------AC-------------AA-A--A-AT------G-A--A---   1719
HIV2BEN   C--A-----G--------A---A-------AC-------------AA-G--A-AC------G-A--A---   1734
HIV2CAM2  C--G-----G--------A---T-------AC-------------AA-A--A-TT------G-A--A---   1740
HIV2D194  C--G-----G--------A---A-------AT-------------AA-G--A-AT------G-A--A---   1707
HIV2GH1   C--A-----G--------A---A-------AC-------------AA-G--A-AT------G-A--A---   1710
HIV2D205  C--G-----A--------G---C-------GC-------------GA-G--A-AC------G-A--A---   1743
HIV2UC1   C--G-----A--------G---C-------GC-------------AA-G--A-AC------A-A--A---   1746
SIVMM251  C--G-----G--------A---T-------AC-------------AA-A--G-AC------A-T--G---   1785
SIVMM32H  C--G-----G--------A---T-------AC-------------AA-A--G-AC------A-T--G---   1776
SIVMM1A11 C--G-----G--------A---T-------AC-------------AA-A--G-AC------A-T--G---   1776
SIVMM142  C--G-----G--------A---T-------AC-------------AA-A--G-AC------A-T--G---   1788
SIVMM239  C--G-----G--------A---T-------AC-------------AA-A--G-AC------A-T--G---   1779
SIVMNE    C--G-----G--------A---T-------AC-------------AA-A--G-AC------A-T--A---   1785
SIVSMMH4  T--G-----G--------A---T-------AC-------------AA-T--G-AC------A-T--A---   1797
SIVSMMH9  T--G-----G--------A---T-------AC-------------AA-T--G-AC------A-T--A---   1800
SIVSMMPBJ T--G-----G--------A---T-------AC-------------AG-T--G-AC------A-T--A---   1809
SIVSTM    C--G-----G--------A---T-------AC-------------AA-C--G-AC------A-T--A---   1788

CONSENSUS aCTGCtATcGAGAAgTACcTaaaggAcCAGGCgCagcTaAATtCaTGGGGaTGTGCgTTtAGaCAaGTcT   1689
HIV2ROD   A----T--A-----G---C-ACAGG-C-----G-GGC-A---T-A-----A-----G--T--A--A--C-   1807
HIV2NIHZ  A----T--A-----G---C-AAAGG-C-----G-AGC-A---T-A-----A-----G--T--A--A--C-   1780
HIV2ISYR  A----T--T-----G---C-AGCAG-C-----G-GAC-A---T-A-----A-----G--T--A--A--C-   1783
HIV2ST    A----T--C-----A---T-AAAGG-C-----G-AAC-A---T-A-----A-----G--T--A--A--C-   1789
HIV2BEN   A----T--C-----G---C-AAAGC-T-----A-AGC-A---T-A-----A-----G--T--A--G--C-   1804
HIV2CAM2  A----T--A-----G---C-AAAGG-T-----A-AGC-A---T-A-----A-----G--T--A--A--C-   1810
HIV2D194  A----T--C-----A---T-AAAGG-C-----A-AGC-A---T-A-----A-----G--T--G--G--C-   1777
HIV2GH1   A----T--C-----G---T-AAAGG-C-----A-AGT-A---T-A-----G-----G--T--G--G--C-   1780
HIV2D205  A----C--C-----A---C-AAAGG-T-----A-AAC-A---T-A-----A-----T--C--A--G--C-   1813
HIV2UC1   A----C--C-----A---C-AAAGG-C-----A-TAC-A---T-G-----A-----T--T--G--G--T-   1816
SIVMM251  A----C--C-----G---T-AAAGG-C-----G-AGC-A---G-T-----A-----G--T--A--A--C-   1855
SIVMM32H  A----C--C-----G---T-AAAGG-C-----G-AGC-G---G-T-----A-----G--T--A--A--C-   1846
SIVMM1A11 A----C--C-----A---T-AAAGG-C-----G-AGC-G---G-T-----A-----G--T--A--A--C-   1846
SIVMM142  T----C--C-----G---T-AAAGG-C-----G-AGC-A---G-T-----A-----G--T--A--A--C-   1858
SIVMM239  A----C--C-----G---T-AAAGG-C-----G-AGC-G---G-T-----A-----G--T--A--A--C-   1849
SIVMNE    A----C--C-----G---T-AAAGG-C-----G-AGC-A---G-T-----A-----A--T--A--A--C-   1855
SIVSMMH4  A----T--C-----G---C-GAAGG-T-----G-AGC-A---T-A-----A-----T--T--G--A--C-   1867
SIVSMMH9  A----T--C-----G---C-AAAGG-T-----G-CRN-A---T-A-----A-----T--T--G--G--C-   1870
SIVSMMPBJ A----T--C-----G---C-AAAGG-T-----G-AGC-A---T-A-----A-----T--T--G--G--C-   1879
SIVSTM    A----T--C-----A---C-AAAGG-T-----A-AGC-A---T-T-----A-----G--T--A--G--C-   1858
```


1.0
1.1
1.25
1.4
1.6
1.8
2.0
2.2
2.5
2.8
3.2
3.6
4.0
4.5
5.0
5.6

5 of 11

HIV2/SIV ENV

```
CONSENSUS GcCAcACtaCtGTACCatGGccaAATGa?acttTaacaCCtga?TGGaAcAAtatgAc?TGGCAagAgTG   1756
HIV2ROD   -C--C--TA-T-----AT--GTT----ATTCCT-AGCA--TGAC---G-C--TATG-CG-----GG-A--   1877
HIV2NIHZ  -C--C--TT-T-----AT--GTA----ATACCT-GACA--TGAT---A-C--TATG-CG-----GG-A--   1850
HIV2ISYR  -C--C--TA-T-----AT--GTA----ACACCT-AACA--TGAG---A-C--CATG-CA-----AG-A--   1853
HIV2ST    -C--C--TA-T-----AT--GTA----ACACCT-AACG--TGAT---A-C--CATG-CA-----GG-A--   1859
HIV2BEN   -C--C--TA-T-----GT--GTA----ACTCTT-ATCG--TGAC---A-A--TATG-CA-----GG-G--   1874
HIV2CAM2  -C--C--TA-T-----AT--GCA----AGTCTT-AACA--TGAT---A-C--TATG-CA-----GG-A--   1880
HIV2D194  -C--C--TA-T-----AT--GTA----ACTCCT-AACA--TGAC---A-C--TATG-CA-----GG-A--   1847
HIV2GH1   -C--C--TA-T-----AT--GTA----ATTCTT-ATCG--TGAC---A-C--TATG-CA-----GG-A--   1850
HIV2D205  -T--C--GA-T-----AT--CCA----AAACCC-CACA--AAAT---A-T--CATG-CA-----AC-G--   1883
HIV2UC1   -T--C--GA-T-----AT--CCA----AAACTC-CACA--AGAC---G-A--CATG-CA-----AC-G--   1886
SIVMM251  -C--C--TA-T-----AT--CCA----CAAGTC-AACA--AGAC---A-C--TGAT-CT-----AG-G--   1925
SIVMM32H  -C--C--TA-T-----AT--CCA----CAAGTC-AACA--AGAC---A-C--TGAT-CT-----AG-G--   1916
SIVMM1A11 -C--C--TA-T-----AT--CCA----CAAGTC-AACA--AAAG---A-C--TGAG-CT-----AG-G--   1916
SIVMM142  -T--C--TA-T-----AT--CCA----CAAGTC-AACA--AGAT---A-C--TGAG-CT-----AG-G--   1928
SIVMM239  -C--C--TA-T-----AT--CCA----CAAGTC-AACA--AAAG---A-C--TGAG-CT-----AG-G--   1919
SIVMNE    -C--T--TA-T-----AT--CCA----CAAATC-AACA--AAAT---A-C--TGAG-CT-----AG-G--   1925
SIVSMMH4  -T--C--TA-T-----AT--CCA----AAACAT-GGTG--TAAT---A-C--TATG-CT-----AG-G--   1937
SIVSMMH9  -C--C--TA-K-----AT--CCA----ACACAT-GACA--TARC---A-C--TATG-YT-----AG-G--   1940
SIVSMMPBJ -C--C--TA-T-----AA--CCA----ACACAT-GACA--TAAC---A-C--TATG-CT-----AG-G--   1949
SIVSTM    -C--C--CA-T-----AT--CCA----ATTCTT-GGTA--GGAT---A-C--TATG-CA-----GG-A--   1928

CONSENSUS GGAa?aa?aggTc?acttccTgGAgGcAAATATaActgaa?t?tTaGAagAgGCaCAaaTtCAaCAaGAa   1821
HIV2ROD   ---AAAACAAG-CCGCTACC-G--G-C------C-GTAAAAGTT-A--AC-G--A--AA-T--G--A--G   1947
HIV2NIHZ  ---ACAAAAAG-CCGCTACC-G--G-C------C-GTCAAAGTC-A--AC-A--A--AA-T--G--A--A   1920
HIV2ISYR  ---ACACAAAA-CCGCTTCC-A--G-C------C-GTGAGAGTT-A--AC-G--A--AA-C--G--A--A   1923
HIV2ST    ---GCAACGAA-CCGCAACC-A--G-C------C-GTGAAAGTT-A--AC-G--A--AA-C--G--A--A   1929
HIV2BEN   ---GAAACAAG-CCGCTACC-A--G-C------C-GTCAAAGTT-A--AG-A--C--AA-T--A--A--A   1944
HIV2CAM2  ---ACAAAAGG-CCGCTACC-G--G-C------C-GTCAAAGTT-A--AG-G--A--AC-T--G--A--A   1950
HIV2D194  ---AAAACGAG-CCACTACC-A--G-C------C-GTCAAAGTT-A--AC-G--A--AA-T--A--A--A   1917
HIV2GH1   ---AAAACAAG-CCGCTACC-A--G-C------C-GTCAAAGTT-A--AC-G--A--AA-T--A--A--A   1920
HIV2D205  ---AAAGCAAG-CCATTTCT-G--T-C------A-CGGCTCTGT-A--AG-G--T--GA-A--A--G--A   1953
HIV2UC1   ---AAAGCGAG-CAATTTCT-G--T-C------A-CAGCCCTGT-A--AG-G--T--GA-A--A--A--A   1956
SIVMM251  ---GCGAAAGG-TGACTTCT-G--G-A------A-CAGCCCTCC-A--AG-G--A--AA-T--A--A--G   1995
SIVMM32H  ---GCGAAAGG-TGACTTCT-G--G-A------A-CAGCCCTCC-A--AG-G--A--AA-T--A--A--G   1986
SIVMM1A11 ---GCGAAAGG-TGACTTCT-G--G-A------A-CAGCCCTCC-A--GG-G--A--AA-T--A--A--G   1986
SIVMM142  ---GCGGAAGG-TGACTTCT-G--G-C------A-CGGCCCTCC-A--AG-G--A--AA-T--A--A--G   1998
SIVMM239  ---GCGAAAGG-TGACTTCT-G--A-A------A-CAGCCCTCC-A--GG-G--A--AA-T--A--A--G   1989
SIVMNE    ---GCGAAAGG-TGACTTCT-G--G-A------A-CGGCCCTTT-A--AG-G--A--AA-T--A--A--A   1995
SIVSMMH4  ---AAGACAGG-TGACTTCC-A--G-C------A-CTCAATTAT-A--AG-A--A--AA-T--G--A--A   2007
SIVSMMH9  ---AAAACAGG-GAACTTCC-A--G-C------A-CTSAATYAT-G--AG-A--A--AA-T--G--A--A   2010
SIVSMMPBJ ---AAAACAGG-GAACTTCC-A--G-C------A-CTCAATCAT-G--AG-A--A--AA-T--G--A--A   2019
SIVSTM    ---GAGAAAGG-TGACTTTC-T--G-C------A-CACAACTGT-A--AG-A--T--AG-T--A--G--A   1998
```

```
CONSENSUS aagAAtAtGTATGAatTaCAaAAatTaAAtAgctGGGATgTttTtggcAAtTGGtTTGAccTtaCcTc?T  1890
HIV2ROD   AAA--T-T------AC-A--A--AT-A--T-GCT-----A-TT-TGGC--T---T----CT-AA-C-CC-  2017
HIV2NIHZ  AAG--T-T------GC-A--A--AT-A--T-GCT-----G-TT-TACC--T---C----CT-CA-C-CC-  1990
HIV2ISYR  AAG--T-T------GC-G--A--GC-A--T-GCT-----G-TT-TGGC--T---T----CT-AA-C-CC-  1993
HIV2ST    AAG--C-T------AC-A--A--AT-A--T-GCT-----G-TT-TGGC--C---T----TT-AA-C-CC-  1999
HIV2BEN   AAG--T-T------AT-A--A--AT-A--T-GCT-----A-TC-TGGC--C---T----CT-AA-C-CC-  2014
HIV2CAM2  AAG--T-T------AC-A--A--AT-A--C-ACT-----G-TT-TACC--C---T----CT-AA-C-CC-  2020
HIV2D194  AAG--T-T------AC-A--A--AC-A--T-GCT-----G-CT-TGGC--C---T----TT-GA-C-CC-  1987
HIV2GH1   AAG--T-T------AT-A--A--GC-A--T-GCT-----G-CT-TGGC--C---T----TT-AA-C-CC-  1990
HIV2D205  AAG--C-T------AT-A--G--AA-A--T-GCT-----G-TT-TGGT--T---T----CC-CA-C-CC-  2023
HIV2UC1   AGG--C-T------AT-A--G--AT-A--T-GCT-----G-TT-TGGT--T---T----CT-CA-C-CC-  2026
SIVMM251  AAG--C-T------AT-A--A--GT-G--T-GCT-----G-GT-TGGC--T---T----CC-TG-T-CT-  2065
SIVMM32H  AAG--C-T------AT-A--A--GT-G--T-GCT-----G-GT-TGGC--T---T----CC-TG-T-CT-  2056
SIVMM1A11 AAG--C-T------AT-A--A--GT-A--T-GCT-----G-GT-TGGC--T---T----CC-TG-T-CT-  2056
SIVMM142  AAG--C-T------AT-A--A--GT-G--T-GCT-----G-GT-TGGC--T---T----CC-TA-T-CT-  2068
SIVMM239  AAG--C-T------AT-A--A--GT-G--T-GCT-----G-GT-TGGC--T---T----CC-TG-T-CT-  2059
SIVMNE    AAG--C-T------AT-A--A--GT-G--T-GCT-----G-GT-TGGC--T---T----CC-TG-T-CT-  2065
SIVSMMH4  AAG--T-T------AT-G--A--AT-A--T-GCT-----A-CT-TGGC--T---T----CC-TA-T-CT-  2077
SIVSMMH9  MAG--T-T------AT-G--A--AT-A--T-GSK-----N-TT-YGGC--T---K----CC-TA-T-YT-  2080
SIVSMMPBJ AAG--T-C------AT-G--A--AT-A--T-GCT-----A-TT-TGGC--T---T----CC-TA-T-CT-  2089
SIVSTM    AAG--T-T------GT-G--A--AC-A--T-GCT-----G-AT-TGGC--T---T----CC-TA-C-CT-  2068

CONSENSUS GGaTaaagTAtATacaaTatGGagTttataTAgT?gtaGgagTaaTAgtgtTaAGAaTAGtaaTaTAt.  1959
HIV2ROD   --G-CAAG--T--TCAA-AT--AG-GCTTA--A-AGTA-CAG-AA--GCTT-A---A---TGA-A--TG-  2087
HIV2NIHZ  --G-CAGG--T--TCAA-AT--AG-TTATG--G-AGTA-GAA-AG--GCTT-A---A---TAA-A--TA-  2060
HIV2ISYR  --A-CAAG--T--TCAA-AT--AG-CATGA--G-AGTA-GAA-AG--GCTC-C---A---TAA-A--TG-  2063
HIV2ST    --A-CAAA--T--TCAG-AT--AG-TTATA--G-AGTA-GAA-AA--GTTT-A---A---TAA-A--TG-  2069
HIV2BEN   --G-CAAG--T--TCAA-AT--AG-GCATA--G-AGTG-GAA-AA--GCTT-A---A---CAA-C--TG-  2084
HIV2CAM2  --A-CAGC--T--TCAA-AT--AG-TTATA--G-AGTA-GAA-AA--GTTT-A---A---TAA-A--TG-  2090
HIV2D194  --A-CAAA--T--TCAA-AT--AG-TTATA--G-AGTA-GAA-AA--GGTT-A---A---CCA-A--TA-  2057
HIV2GH1   --A-CAAG--T--TCAA-AT--AG-TTATA--G-AGTA-GAG-GA--GTTT-A---A---CAA-A--TA-  2060
HIV2D205  --A-AAAA--T--CCAT-TA--AC-ATATA--G-AGCA-GGT-AG--GTGT-A---A---TAG-A--CA-  2093
HIV2UC1   --A-GGCA--C--CAGG-TA--AC-ATATG--G-AGCA-GAT-AA--GTGT-A---A---TAA-A--CA-  2096
SIVMM251  --A-AAAG--T--ACAA-AT--AA-TTATG--G-TGTA-GAG-AA--CTGT-A---A---TGA-C--TA-  2135
SIVMM32H  --A-AAAG--T--ACAA-AT--AG-TTATA--G-TGTA-GAG-AA--CTGT-A---A---TGA-C--TA-  2126
SIVMM1A11 --A-AAAG--T--ACAA-AT--AG-TTATA--G-TGTA-GAG-AA--CTGT-A---A---TAA-C--TA-  2126
SIVMM142  --A-AAAG--T--ACAA-AT--AA-TTATA--A-TGTA-GAG-AA--CTGT-A---A---TGA-C--TA-  2138
SIVMM239  --A-AAAG--T--ACAA-AT--AG-TTATA--G-TGTA-GAG-AA--CTGT-A---A---TGA-C--TA-  2129
SIVMNE    --A-AAGG--T--ACAA-AC--AG-TTATA--G-TGTA-GAG-AA--CTGT-A---A---TGA-C--TA-  2135
SIVSMMH4  --A-AAGA--T--ACAA-AT--TG-ACTTA--G-TCTA-GAG-AA--GGGT-A---A---TAA-A--TG-  2147
SIVSMMH9  --A-AAAA--T--ACAA-AT--TG-ACTGA--G-TCTA-GAG-AA--GGAT-A---A---TGA-A--TG-  2150
SIVSMMPBJ --A-AAAA--T--ACAA-AT--TG-ACTGA--G-TCTA-GAG-AA--GGAT-A---A---TGA-A--TG-  2159
SIVSTM    --G-AAGA--C--ACAA-AT--AG-ATATT--G-TATA-GAT-AG--ATGT-A---G---CAA-C--TA-  2138
```

HIV2/SIV ENV

```
CONSENSUS agTaCAaaTG?TAgctAgg?TtAGaaAgGGcTATaGGCCaGTgTTCTCtTCCcC?CCcgcTTat?tccA?   2024
HIV2ROD   AG-A--AA--T--AGT-GGC-T--AA-G--C---A----T--T-----T---C-C--CGG--ATATCC-A   2157
HIV2NIHZ  AG-A--GA--T--AGT-GAC-T--AA-G--C---A----T--T-----T---C-C--CGG--ACATCC-A   2130
HIV2ISYR  AG-A--AA--C--AGT-GAC-T--AA-G--C---A----T--T-----T---C-C--CGG--ATATTC-A   2133
HIV2ST    AG-A--AA--T--AGT-GAC-T--AA-G--C---A----T--T-----T---C-C--CGC--ACTTCC-A   2139
HIV2BEN   AG-G--AT--T--AGT-GAT-T--AA-G--C---A----T--T-----T---C-C--CGG--ATCTCC-A   2154
HIV2CAM2  AG-A--AA--C--AGT-GGC-T--AA-G--C---A----T--T-----C---T-C--CGG--ATATCC-A   2160
HIV2D194  AG-G--AT--T--AGT-GAC-T--AA-G--C---A----T--T-----C---C-C--CGG--ATCTCC-A   2127
HIV2GH1   AG-G--AT--T--AGT-GAC-T--AA-G--C---A----T--T-----T---C-T--CGG--ATCTCC-A   2130
HIV2D205  TG-G--GA--C--GCA-GAC-T--GA-G--C---A----A--A-----C---C-T--CTC--ATACTC-A   2163
HIV2UC1   TA-G--GA--C--GCA-GAC-T--GA-G--C---A----A--A-----C---C-T--CTC--ATACTC-A   2166
SIVMM251  AG-A--AA--C--GCT-AGT-A--GC-G--G---A----A--G-----T---C-A--CTC--ATTTCC-G   2205
SIVMM32H  AG-A--AA--C--GCT-AGT-A--AC-G--G---A----A--G-----T---C-A--CTC--ATTTCC-G   2196
SIVMM1A11 AG-A--AA--C--GCT-AGT-A--GC-G--G---A----A--G-----T---C-A--CTC--ATTTCC-G   2196
SIVMM142  AG-A--AA--C--GCT-GGT-A--AC-G--G---A----A--G-----T---C-A--CTC--ATTTCC-G   2208
SIVMM239  AG-A--AA--C--GCT-AGT-A--GC-G--G---A----A--G-----T---C-A--CTC--ATTTCC-G   2199
SIVMNE    AG-A--AA--C--GCT-AGT-A--GC-A--G---A----A--G-----T---C-A--TTC--ATTTCC-G   2205
SIVSMMH4  AG-G--AA--T--GCT-GGT-A--AC-G--T---A----A--G-----T---C-T--CGC--ATGTTC-G   2217
SIVSMMH9  AG-G--GA--T--GCT-GGT-A--AC-G--T---A----A--G-----T---C-T--CGC--RTGTTY-G   2220
SIVSMMPBJ AG-G--GA--T--GCT-GGT-A--AC-G--T---A----A--G-----T---C-T--CGC--ATGTTC-G   2229
SIVSTM    AA-G--AT--T--GCT-GGC-T--GA-A--T---C----T--G-----T---C-T--CTC--GTCGTC-G   2208

           <- premature stop in some SIVs
            \/3' sj              \/ 3'sj
CONSENSUS cAGAtcCaTAtCcacaaggacc?GG?aCaGCCA?cCAaaGAAGgaacAgAAgaaGacGgtgGagac?gcg   2090
HIV2ROD   C---TC-A--T-CACAAGGACCG--GA-A----GC--AC----AAAC-G--GAA-AC-GTG-AAGCAACG   2227
HIV2NIHZ  C---TC-A--T-CACAAGGACCA--AA-A----GC--GA----AAAC-G--GAA-AC-TTG-AAGCAACG   2200
HIV2ISYR  C---TC-A--T-CACAAGGACTG--AA-A----GA--GA----AAAC-G--GAA-AC-TTG-GAACGACG   2203
HIV2ST    C---TC-A--T-CACAAGGACCG--AA-A----GC--GA----AAAC-G--GAA-AC-TTG-AAACAGCG   2209
HIV2BEN   C---TC-A--T-CACAAGGACCG--GA-A----GC--AC----GAAC-G--GAA-AC-TCG-AGGCGACA   2224
HIV2CAM2  C---TC-A--T-CACAAGGACCC--AA-A----GC--GC----AAAC-G--GAA-AC-TTG-AGGCAACG   2230
HIV2D194  C---TC-A--T-CACACGGACAG--GA-A----GC--AC----AAAC-G--GAA-AC-CCG-AGACGACA   2197
HIV2GH1   C---TC-A--T-CACACGGACCG--GA-A----GC--AC----GAAC-G--GAA-AC-ACA-AGACGACG   2200
HIV2D205  C---TC-C--T-CGCAAGGACCG--GA-A----GC--AC----AAAC-G--GAA-GA-GTG-AAACGACG   2233
HIV2UC1   C---TC-C--T-CGCAAACACCG--GA-A----GC--AC----AAAC-G--GAC-AA-GTG-AAACGAAG   2236
SIVMM251  T---CT-A--C-CAACAGGACCC--CA-T----AC--GA----GCAA-G--GGA-AC-GTG-AGAAGGCG   2275
SIVMM32H  C---CC-A--T-CAACAGGACCC--CA-T----AC--GA----GCAA-G--GGA-AC-GTG-AGAAGGCG   2266
SIVMM1A11 T---CC-A--T-CAACAGGACCA--CA-T----AC--GA----GCAA-G--GGA-AC-GTG-AGAAGGCG   2266
SIVMM142  T---CC-A--C-CAACAGGATCC--CT-T----AC--AA----GCAA-A--GGA-AC-GTG-AGGCAGCG   2278
SIVMM239  C---CC-A--T-CAACAGGACCC--CA-T----AC--GA----GCAA-G--AGA-AC-GTG-AGAAGGCG   2269
SIVMNE    T---CC-A--T-CGACAGGACCA--CA-T----AC--AA----GAAC-G--GGA-AC-GTG-AGGCAGCG   2275
SIVSMMH4  C---TC-C--T-CACAAGGGCCA--AA-C----AC--AA----GAGA-G--GGA-AC-GTG-AGACAGAG   2287
SIVSMMH9  C---TC-C--T-YARACGGGCCA--AA-T----AC--AA----GAGA-G--GGA-AC-GTG-AGRCAGAG   2290
SIVSMMPBJ C---TC-C--T-CAGACGGGCCA--AA-T----AC--AA----GAGA-G--GGA-AC-GTG-AGGCAGAG   2299
SIVSTM    C---TC-C--T-CACAAGGGCCA--AA-A----AC--AA----GAAC-G--GAA-GA-GTG-AGACAGAG   2278
```

```
                                                <- tat
CONSENSUS gtGgcaaCagcTccTgGCCtTgGCagaTAgaaTAtattCAtTTcCTgaTcCgCCa?cTgatacgCCTCTT  2159
HIV2ROD   GT-GAGA-AGA-AC-G---C-G--CGA--GCA--TATA--T--C--GA-C-G--AGC-GATTCG------  2297
HIV2NIHZ  GT-GAGA-AGA-CT-G---T-G--CGA--GCA--TATA--T--C--GA-C-G--TGC-GATTCG------  2270
HIV2ISYR  TT-GAAG-AGA-CC-G---T-G--CGA--GAA--TATA--T--C--GA-C-G--TGC-GATCCG------  2273
HIV2ST    TT-GAGA-AAT-GG-G---C-G--CGA--AGA--TATA--T--C--GA-C-G--AGC-GATTCG------  2279
HIV2BEN   GT-GTTA-GAC-TG-G---T-G--CAA--AAC--TGTG--G--C--GA-C-A--TAC-GACTCG------  2294
HIV2CAM2  GT-GAGA-AGA-CC-G---T-G--AGA--GAA--TATA--T--C--GA-C-G--AGC-GATCCG------  2300
HIV2D194  GT-GTTT-GGC-TG-G---T-G--CAC--AAC--CATA--A--C--GA-C-A--TAC-GACTCG------  2267
HIV2GH1   AT-GTTA-GAC-TG-A---T-G--CGA--AAC--TATA--T--C--GA-C-A--TAC-GACTCG------  2270
HIV2D205  GG-ACTA-AGA-CC-G---C-G--AGA--GAA--CATT--T--T--AC-G-G--AGC-GAGGAA------  2303
HIV2UC1   GG-CTTA-AGA-CT-G---C-G--AGA--GAA--CGCT--C--T--GA-T-G--AAC-GAGGAA------  2306
SIVMM251  GT-GCAA-AGC-CC-G---T-G--AGA--GAA--TATT--T--C--GA-C-G--AAC-GATACG------  2345
SIVMM32H  GT-GCAA-AGC-CC-G---T-G--AGA--GAA--TATT--T--C--GA-C-G--AAC-GATACG------  2336
SIVMM1A11 GT-GCAA-AGC-CC-G---T-G--AGA--GAA--TATT--T--C--GA-C-G--AAC-GATACG------  2336
SIVMM142  GT-GCAA-AGC-CC-G---T-G--AGA--GAA--TATT--T--C--GA-C-G--AAC-GATACG------  2348
SIVMM239  GT-GCAA-AGC-CC-G---T-G--AGA--GAA--TATT--T--C--GA-C-G--AAC-GATACG------  2339
SIVMNE    GT-GCAA-AGC-CC-G---T-G--AGA--GAA--TATT--T--C--GA-C-G--AAC-AATACG------  2345
SIVSMMH4  GT-GCAG-AGA-CT-G---T-G--AGA--GAA--TATT--T--C--GA-C-G--AGT-GATACG------  2357
SIVSMMH9  GT-GCAA-AGA-CT-G---T-R--AGA--GAA--TATT--T--C--GA-C-G--AGC-GATACG------  2360
SIVSMMPBJ GT-GCAA-AGA-CT-G---T-G--AGA--GAA--TATT--T--C--GA-C-G--AGT-GATACG------  2369
SIVSTM    GT-GAAT-AAC-CC-G---T-G--AAA--GAA--TACT--T--C--GA-C-G--AGC-AGTACG------  2348

CONSENSUS gActtGgcTaTaCA?ca?cTgCAG?gacTtaCTaTcgAgga?ct?ccagatcCtCcaaCcaat?ctcc?a  2222
HIV2ROD   G-CCA-AC-A-A--GCATC-G---GGAC-TA--A-CC-GGAGCTTCCTGACC-T-CAA-TCAT.CTACCA  2366
HIV2NIHZ  G-CCG-GC-A-A--ACATC-G---GGAC-TA--A-CC-GGATCTCCCCGATC-T-CAA-CAAT.CTTCCA  2339
HIV2ISYR  G-CCA-AC-A-A--ACAGC-G---GGAC-TA--A-CC-GA............-T-TAC-TGAT.CCTCCA  2330
HIV2ST    G-ACA-AC-A-A--ACATC-G---GGAC-TA--A-CC-GGAGCTTCCAGACC-T-CAA-TAAT.CTCCCA  2348
HIV2BEN   G-TCG-GC-A-A--ACATC-G---AGAC-TA--A-CC-AGAACTCCCCGACC-G-CGA-TGAT.CTCCCA  2363
HIV2CAM2  G-CCG-AC-A-A--ACATC-G---GAAC-TA--A-CC-GGATCTTCCAGACC-T-CAA-CCAT.CCTCCA  2369
HIV2D194  G-CCG-GC-A-A--ACAGC-G---GGGC-TA--A-CC-AGAACTCCCCGACC-G-CGA-TGAT.CTCCCA  2336
HIV2GH1   G-CCG-GC-A-A--AGATC-G---AGAC-TA--A-CC-CGAACTCCCCGACC-A-CGA-TGAT.CTCCCA  2339
HIV2D205  A-TTT-GC-A-A--ACGGC-G---AACC-TA--G-TG-AGACCTTCCAAATC-T-CAC-AAAT.CTCAAC  2372
HIV2UC1   G-TTT-GC-G-A--ACGGC-G---GAAC-TA--G-TG-AGACCTCCCAAATC-T-CAA-CAGCACTC...  2373
SIVMM251  G-CTT-GC-A-T--GCAAC-G---AACC-TG--A-CG-GAGCATACCAGATC-T-CAA-CAATACTCC.A  2414
SIVMM32H  G-CTT-GC-A-T--GCAAC-G---AACC-TG--A-CG-GAGCATACCAGATC-T-CAA-CAATACTCC.A  2405
SIVMM1A11 G-CTT-GC-A-T--GCAAC-G---AACC-TG--A-CG-GAGTATACCAGATC-T-CAA-CAATACTCC.A  2405
SIVMM142  G-CTT-GC-A-T--GCAAC-G---AACC-TG--A-CG-GAGCATACCAGATC-T-CAA-CAATATTCC.A  2417
SIVMM239  G-CTT-GC-A-T--GCAAC-G---AACC-TG--A-CG-GAGTATACCAGATC-T-CAA-CAATACTCC.A  2408
SIVMNE    G-CTT-GT-A-T--GCAAC-G---AACC-TG--A-CG-GAGCATACCAGATC-T-CAA-CAATATTCC.A  2414
SIVSMMH4  G-CTT-GC-A-T--GCAGC-G---GGAT-GG--A-TG-GGAGCTACCAGATC-T-CAA-CAGTGCTCC.A  2426
SIVSMMH9  G-CTT-GC-A-T--GCAGT-G---GGAT-GG--A-TG-GGANCTGCCAAATC-T-CAG-CAGTGCTCC.A  2429
SIVSMMPBJ G-CTT-GC-A-T--GCAGT-G---AGAT-GG--A-TG-GGAACTGCCAAACC-T-CAG-CAGTGCTCC.A  2438
SIVSTM    G-CTT-GC-G-A--ACAAC-T---GGCT-GT--A-CC-GGATCTACCAGACC-T-CAC-CAACCTTCC.A  2417
```

HIV2/SIV ENV

```
                                                                    nef cds ->
CONSENSUS gag?ctctc???g?c?ct?c??agaat??gagAagtccTcAG?ctt?aa?tagCctaccTaCAaTATGGG   2278
HIV2ROD   GAATCTC.....................AGAG-CTGGC-G--ACTTAGAACAG-CTTCT-G--A------   2415
HIV2NIHZ  GAGTCTCCAGAGAGCACTAACAGCAATCAGAG-CTGGC-G--GCTTAAAGCAG-CTACC-G--G------   2409
HIV2ISYR  ACCACTC.....................AGAG-CTGGC-G--ACTCAAGGCAG-CTACC-G--G------   2379
HIV2ST    GAGTCTTCGGAGAGCATTGACAGCAGTCAGAG-CTGGC-G--ATTTAACACAG-CTACC-G--A------   2418
HIV2BEN   GAGTCTA.............ACAGCAATCAGGG-CTGGC-G--ACTTAAGGCGG-CCAAC-G--A------   2421
HIV2CAM2  GAATCTC.....................AGAG-CTGGC-G--GCCTAAAGTAG-CTTCC-G--A------   2418
HIV2D194  GAGTCTA.............ACAGCAATCAGGG-CTGGC-G--ACTTAAGGCGG-CTACC-G--A------   2394
HIV2GH1   GAATCTA.............ACAGCAATCAGGG-CTGGC-G--ACTTAAAGCGG-CTACC-G--A------   2397
HIV2D205  CAATCTC........................C-ACCAC-C--GCTCCCGGTTG-GTACC-C--G------   2418
HIV2UC1   ............................C-ACCGC-C--GCTTTCACTTG-ATACC-C--G------   2412
SIVMM251  GAGGCTCTCTGCGACCCTACGAAGGGTTCGAG-AGTCC-C--GACTGAACTGA-CTACC-A--A------   2484
SIVMM32H  GAGGCTCTCTGCGGCCCTACAGAGAATTCGAG-AGTCC-C--GACTGAACTGA-CTACC-A--A------   2475
SIVMM1A11 GAGGCTCTCTGCGACCCTACGAAGGATTCGAG-AGTCC-C--GACTGAACTGA-CTACC-A--A------   2475
SIVMM142  GAGGCTCTCTGCGACCCTACGGAGAATTCGAG-AGTCC-C--GCTTGAACTGA-CTACC-A--A------   2487
SIVMM239  GAGGCTCTCTGCGACCCTACAGAGGATTCGAG-AGTCC-C--GACTGAACTGA-CTACC-A--A------   2478
SIVMNE    GAGATTCTCCACGACCCTACAGAGAATCCGAG-AGTCC-C--GACTGAACTAA-CTACC-A--A------   2484
SIVSMMH4  GAGCCTCTCAACGACGTTGCAAAGAGTCCGTG-AGTCA-C--AATTGAAATAG-CTACC-A--A------   2496
SIVSMMH9  GAGCCTCTCAAGGACGCTGCAGAGAGCCCGTG-AGTCA-C--AGTTGAGATAA-CTACC-A--G------   2499
SIVSMMPBJ GAGCCTCTCAAGGACGCTGCAGAGAGCCCGTG-AGTCA-C--AGTTCAGATAG-CTACC-A--G------   2508
SIVSTM    AAGGATCTCCAGGATACTGCAGAGAATTAGAG-AGTCG-C--ACTAGGAGCAG-CTATT-A--G------   2487

CONSENSUS tgc?gcTgg?TCCAaGAaGCggtcCaagccg?c?cgAg??cTgcgagAGAgACTcTTgCgggcgCgtGga   2342
HIV2ROD   TGCGAG-GGA----A--A--ATTC-AGGCCGCCGCG-GGGC-ACAAG---G---C--G-GGGCG-GT-CA   2485
HIV2NIHZ  TGCGAG-GGA----A--A--GTTC-AAGCCCTTGCA-GGAC-ACAAG---G---C--G-AGGCG-GG-GA   2479
HIV2ISYR  TGCGAG-GGA----A--A--GTTC-AGGCCCTCGCG-GGGT-ACAAG---G---C--A-GAGCG-GG-GA   2449
HIV2ST    GGCGAG-GGA----A--A--GTTC-GAGCCTTCGCG-GGGC-ACGGG---G---C--A-AAACG-CT-GA   2488
HIV2BEN   TGCGAG-GGA----A--A--TTTC-AAGCATTCGCG-GGAC-ACGAG---G---C--G-GGGCG-GT-GG   2491
HIV2CAM2  TGCGAG-GGA----A--A--GTTC-AGGCCGCTGCA-GGGC-GCAAG---G---C--G-GGGCG-GT-CA   2488
HIV2D194  TGCGAG-GGA----A--A--GTTC-GAGCATTCGCA-GGAC-GCGAG---G---A--G-GGGCG-GT-GA   2464
HIV2GH1   GGCGAG-GGA----A--A--ATTC-AAGCATTCGCA-AGAC-ACGAG---G---C--G-GAGCG-AT-GG   2467
HIV2D205  ATCAGC-GGT----A--A--GCTC-GAGCGGCAGCA-GGGC-ACGGG---A---C--G-GAGTG-CG-AG   2488
HIV2UC1   ATCAGC-GGT----A--A--AATC-AAGCAGCAACG-GGGC-GCGAG---G---C--G-GAACA-AG-AA   2482
SIVMM251  TGGAGC-ATT----T--G--GGTC-AAGCCGGCTGG-GATC-GCGAC---A---C--G-GGGCG-GT-GA   2554
SIVMM32H  TGGAGC-ATT----G--G--GGTC-AAGTCGGCTGG-GATC-GCGAC---G---C--G-GGGCG-GT-GG   2545
SIVMM1A11 TGGAAC-ATT----T--G--GGTC-AGGTCGACTGG-GATC-GCGAC---G---C--G-GGGCG-GT-GG   2545
SIVMM142  TGGAGC-ATT----A--A--GGTC-AAGCCGCCCAG-GATC-GCGAC---G---C--G-GGGCG-GT-GG   2557
SIVMM239  TGGAGC-ATT----T--G--GGTC-AGGCCGTCTGG-GATC-GCGAC---G---C--G-GGGCG-GT-GG   2548
SIVMNE    TGGAGC-ACT----A--G--GGTC-AAGTCGCCTGG-GATC-GCGAC---G---C--G-GGGCG-GT-GG   2554
SIVSMMH4  TGGCGC-ATT----A--A--AGTA-AAGCGTGGTGG-AACT-GCGCG---G---C--G-AAGCG-GT-GG   2566
SIVSMMH9  TGGCGT-ACC----A--A--AGCG-ARRGCTGGTGG-AATT-GYRCG---G---C--G-AAGCG-GT-GA   2569
SIVSMMPBJ TGGCGT-ACC----A--A--AGCG-AGGCGTGGTGG-AATT-GTACG---G---C--G-AAGCG-GT-GA   2578
SIVSTM    TGCATC-GGA----A--A--AGCG-AAGCAGCATGG-GAGC-GCGGG---G---C--G-GAGCG-GG-GA   2557
```

```
CONSENSUS gagactTaTGggag?ctctg?gaagagttGgaag?gg?ATactcGCaaTcCCaaG?aGgATcAG?CAaGG   2406
HIV2ROD   GGGGCT-G--GAGGGTATTGGAACGAATC-GGAGGGGA--ACTC--GG-T--AA-AA-G--C--A--G--   2555
HIV2NIHZ  GAGACT-G--GAGGGCGCTGCAACGAATC-GGAGGGGG--ACTT--AG-C--AC-AA-G- C--G--G--   2549
HIV2ISYR  GGAGCT-G--GGGGGCTCTGGGACGAATC-GAAGGGGG--ACTC- AG-T--AC-AA-G--C--G--G--   2519
HIV2ST    GAGGCT-C--GGGGACACTGGGACAAATT-GGAGGGGA--ACTT--AG-C--AA-AA-G--C--G--G--   2558
HIV2BEN   GATGGT-A--GGAAGCAGCGCGACGCATC-GGAGGGGA--ACTC--AG-T--AA-AA-A--C--G--G--   2561
HIV2CAM2  GGGACG-G--GGGAATGTTACAACGCATT-GAAGGGGA--CCTT--GG-C--AA-AA-G--C--A--G--   2558
HIV2D194  GGGGGT-A--TGAAGCAGCGCAACGCATC-GGAGGGGA--CCTC--AG-C--AA-AA-G--C--G--G--   2534
HIV2GH1   GGGGGT-A--TGCAGCAGTGCAACGCGTC-GGAGGGGA--ACTC--AG-C--AA-AA-G--C--G--A--   2537
HIV2D205  AGACCT-A--GGAGGCTCTCAGGAGAGCG-CGAGAGCA--CATC--GA-C--CA-GA-A--C--A--A--   2558
HIV2UC1   GAGCCC-A--GAAAGCTCTCAGAAGGACA-CGGAAGCA--CATC--GA-C--CA-GA-G--C--A--A--   2552
SIVMM251  GAGACT-A--GGAGACTCTTAGGAGAGGT-GAAGATGG--CCTC--AA-C--TA-GA-G--T--G--A--   2624
SIVMM32H  GAGACT-A--GGAGACTCTTAGGAGAGGT-GAAGATGG--ACTC--AA-C--TA-GA-G--T--A--A--   2615
SIVMM1A11 GAGACT-A--AGAGGCTCTTAGGAGAGGT-GAAGATGG--CCTC--AA-C--TA-GA-A--T--A--A--   2615
SIVMM142  GAGAAT-A--GGAGGCTCTTCAAAGGGGT-GAAGATGG--CCTC--AA-C--TA-GA-G--T--A--A--   2627
SIVMM239  GAGACT-A--GGAGACTCTTAGGAGAGGT-GAAGATGG--ACTC--AA-C--CA-GA-G--T--A--A--   2618
SIVMNE    GAGACT-A--GGAGACTCTGGGAAGAGTT-GAAGATGG--ACTC--AA-C--TA-GA-G--C--A--A--   2624
SIVSMMH4  GAGACA-A--GGAGACTCTGGGAAGGGTT-GAAGAGGG--ACTC--AA-C--TA-GC-C--C--G--A--   2636
SIVSMMH9  GAGACT-A--GGAGACTCTGGGAAGGGTT-GAAGGGGA--ACTC--AA-C--MR-AC-C--C--G--A--   2639
SIVSMMPBJ GAGACT-A--GGAGACTCTGGGAAGGGTT-GAAGGGGA--ACTC--AA-C--AA-AC-C--C--G--A--   2648
SIVSTM    GAGACT-A--GGAAACTCTTGGAAGGGTT-GGAGAAGG--CGGG--CA-C--AA-GC-C--C--A--A--   2627

CONSENSUS gcttGAacTcaC?CTCtTG*   2424
HIV2ROD   AGCA--AA-CG-C---C---   2574
HIV2NIHZ  AGCA--AC-CG-C---C---   2568
HIV2ISYR  AGCA--AA-TG-C---C---   2538
HIV2ST    AGCA--AA-CG-C---C---   2577
HIV2BEN   AGCA--AC-CG-C---C---   2580
HIV2CAM2  AGCA--AC-CG-T---C---   2577
HIV2D194  AGCA--AA-CG-C---C---   2553
HIV2GH1   GGCA--AA-CG-C---C---   2556
HIV2D205  ACTT--AC-CA-C---T---   2577
HIV2UC1   ACTT--AC-CG-C---T---   2571
SIVMM251  GCTT--GC-CA-G---T---   2643
SIVMM32H  GCTT--GC-CA-T---T---   2634
SIVMM1A11 GCTT--GC-CA-T---T---   2634
SIVMM142  GCTT--GC-CA-T---T---   2646
SIVMM239  GCTT--GC-CA-T---T---   2637
SIVMNE    GCTC--GC-TA-T---T---   2643
SIVSMMH4  GCTT--GC-CA-T---T---   2655
SIVSMMH9  GCTT--GC-CA-T---T---   2658
SIVSMMPBJ GCTT--GC-CA-T---T---   2667
SIVSTM    GCTT--AC-CA-A---T---   2646
```

HIV2/SIV NEF

HIV2/SIV NEF

Two sequence subtypes are currently recognized among HIV-2 sequences, A and B. Subtype A includes the prototypical HIV-2s; UC-1 and D205 are representative of subtype B. Further classification is anticipated.

```
CONSENSUS ATGGGtgc?gcTgg?TCCAaGAaGCggtcCaagccg?c??gAga?cTgcgagAGAgACTcTTgCgggcgC     64
HIV2ROD   -----TGCGAG-GGA----A--A--ATTC-AGGCCGCCGCG-GGGC-ACAAG---G---C--G-GGGCG-     70
HIV2NIHZ  -----TGCGAG-GGA----A--A--GTTC-AAGCCCTTGCA-GGAC-ACAAG---G---C--G-AGGCG-     70
HIV2ISY   -----TGCGAG-GGA----A--A--GTTC-AGGCCCTCGCG-GGGT-ACAAG---G---C--A-GAGCG-     70
HIV2ST    -----GGCGAG-GGA----A--A--GTTC-GAGCCTTCGCG-GGGC-ACGGG---G---C--A-AAACG-     70
HIV2BEN   -----TGCGAG-GGA----A--A--TTTC-AAGCATTCGCG-GGAC-ACGAG---G---C--G-GGGCG-     70
HIV2CAM2  -----TGCGAG-GGA----A--A--GTTC-AGGCCGCTGCA-GGGC-GCAAG---G---C--G-GGGCG-     70
HIV2D194  -----TGCGAG-GGA----A--A--GTTC-GAGCATTCGCA-GGAC-GCGAG---G---A--G-GGGCG-     70
HIV2GH1   -----GGCGAG-GGA----A--A--ATTC-AAGCATTCGCA-AGAC-ACGAG---G---C--G-GAGCG-     70
HIV2D205  -----ATCAGC-GGT----A--A--GCTC-GAGCGGCAGCA-GGGC-ACGGG---A---C--G-GAGTG-     70
HIV2UC1   -----ATCAGC-GGT----A--A--AATC-AAGCAGCAACG-GGGC-GCGAG---G---C--G-GAACA-     70
SIVMM251  -----TGGAGC-ATT----T--G--GGTC-AAGCCGGCTGG-GATC-GCGAC---A---C--G-GGGCG-     70
SIVMMP11  -----TGGAGC-ATT----T--G--GGTC-AAGCCGACTGG-GATC-GCGAC---A---C--G-GGGCG-     70
SIVMM32H  -----TGGAGC-ATT----G--G--GGTC-AAGTCGGCTGG-GATC-GCGAC---G---C--G-GGGCG-     70
SIVMM1A11 -----TGGAAC-ATT----T--G--GGTC-AGGTCGACTGG-GATC-GCGAC---G---C--G-GGGCG-     70
SIVMM142  -----TGGAGC-ATT----A--A--GGTC-AAGCCGCCCAG-GATC-GCGAC---G---C--G-GGGCG-     70
SIVMM239  -----TGGAGC-ATT----T--G--GGTC-AGGCCGTCTGG-GATC-GCGAC---G---C--G-GGGCG-     70
SIVMNE    -----TGGAGC-ACT----A--G--GGTC-AAGTCGCCTGG-GATC-GCGAC---G---C--G-GGGCG-     70
SIVSMMH4  -----TGGCGC-ATT----A--A--AGTA-AAGCGTGGTGG-AACT-GCGCG---G---C--G-AAGCG-     70
SIVSMMH9  -----TGGCGT-ACC----A--A--AGCG-ARRGCTGGTGG-AATT-GYRCG---G---C--G-AAGCG-     70
SIVSMMPBJ -----TGGCGT-ACC----A--A--AGCG-AGGCGTGGTGG-AATT-GTACG---G---C--G-AAGCG-     70
SIVSTM    -----TGCATC-GGA----A--A--AGCG-AAGCAGCATGG-GAGC-GCGGG---G---C--G-GAGCG-     70

CONSENSUS gtGgagagactTaTGggagactctg?gaagagttGgaagagggATactcGCaaTcCC?aGgaGgATcAGg    132
HIV2ROD   GT-CAGGGGCT-G--GAGGGTATTGGAACGAATC-GGAGGGGA--ACTC--GG-T--AA-AA-G--C--A    140
HIV2NIHZ  GG-GAGAGACT-G--GAGGGCGCTGCAACGAATC-GGAGGGGG--ACTT--AG-C--AC-AA-G--C--G    140
HIV2ISY   GG-GAGGAGCT-G--GGGGGCTCTGGGACGAATC-GAAGGGGG--ACTC--AG-T--AC-AA-G--C--G    140
HIV2ST    CT-GAGAGGCT-C--GGGGACACTGGGACAAATT-GGAGGGGA--ACTT--AG-C--AA-AA-G--C--G    140
HIV2BEN   GT-GGGATGGT-A--GGAAGCAGCGCGACGCATC-GGAGGGGA--ACTC--AG-T--AA-AA-A--C--G    140
HIV2CAM2  GT-CAGGGACG-G--GGGAATGTTACAACGCATT-GAAGGGGA--CCTT--GG-C--AA-AA-G--C--A    140
HIV2D194  GT-GAGGGGGT-A--TGAAGCAGCGCAACGCATC-GGAGGGGA--CCTC--AG-C--AA-AA-G--C--G    140
HIV2GH1   AT-GGGGGGGT-A--TGCAGCAGTGCAACGCGTC-GGAGGGGA--ACTC--AG-C--AA-AA-G--C--G    140
HIV2D205  CG-AGAGACCT-A--GGAGGCTCTCAGGAGAGCG-CGAGAGCA--CATC--GA-C--CA-GA-A--C--A    140
HIV2UC1   AG-AAGAGCCC-A--GAAAGCTCTCAGAAGGACA-CGGAAGCA--CATC--GA-C--CA-GA-G--C--A    140
SIVMM251  GT-GAGAGACT-A--GGAGACTCTTAGGAGAGGT-GAAGATGG--CCTC--AA-C--TA-GA-G--T--G    140
SIVMMP11  GT-GGGAGACT-A--GGAGACTCTTAGGAGAGGT-GAAGATGG--CCTC--AA-C--TA-GA-G--T--G    140
SIVMM32H  GT-GGGAGACT-A--GGAGACTCTTAGGAGAGGT-GAAGATGG--ACTC--AA-C--TA-GA-G--T--A    140
SIVMM1A11 GT-GGGAGACT-A--AGAGGCTCTTAGGAGAGGT-GAAGATGG--CCTC--AA-C--TA-GA-A--T--A    140
SIVMM142  GT-GGGAGAAT-A--GGAGGCTCTTCAAAGGGGT-GAAGATGG--CCTC--AA-C--TA-GA-G--T--A    140
SIVMM239  GT-GGGAGACT-A--GGAGACTCTTAGGAGAGGT-GAAGATGG--ACTC--AA-C--CA-GA-G--T--A    140
SIVMNE    GT-GGGAGACT-A--GGAGACTCTGGGAAGAGTT-GAAGATGG--ACTC--AA-C--TA-GA-G--C--A    140
SIVSMMH4  GT-GGGAGACA-A--GGAGACTCTGGGAAGGGTT-GAAGAGGG--ACTC--AA-C--TA-GC-C--C--G    140
SIVSMMH9  GT-GAGAGACT-A--GGAGACTCTGGGAAGGGTT-GAAGGGGA--ACTC--AA-C--MR-AC-C--C--G    140
SIVSMMPBJ GT-GAGAGACT-A--GGAGACTCTGGGAAGGGTT-GAAGGGGA--ACTC--AA-C--AA-AC-C--C--G    140
SIVSTM    GG-GAGAGACT-A--GGAAACTCTTGGAAGGGTT-GGAGAAGG--CGGG--CA-C--AA-GC-C--C--A    140
```

```
                                        <- env cds
CONSENSUS CAaGGgcttGAacTcaC?CTCtTGTGAGggaCagaaatat?atcagGgagA?tttatgaataccccatgg    199
HIV2ROD   --G--AGCA--AA-CG-C---C------GGA-GGCAGTATCAGCAG-GAG-CTTTATGAATACTCCATGG    210
HIV2NIHZ  --G--AGCA--AC-CG-C---C------GGA-AGCGATATCAGCAG-GAG-TTTTGTAAATACCCCATGG    210
HIV2ISY   --G--AGCA--AA-TG-C---C------GGA-AGAGATATCAGCAA-GAG-CTTTATGAATACCCCATGG    210
HIV2ST    --G--GGCA--AA-CG-C---C------GGA-GGCGGTATCAACAG-GAG-TTTTATGAATACCCCATGG    210
HIV2BEN   --G--AGCA--AC-CG-C---C------GGA-AGCAGTATCAGCAG-GAG-GTACATGAACAGCCCATGG    210
HIV2CAM2  --G--AGCA--AC-CG-T---C------GGA-AGCGATATCAGCAG-GGG-CTTTATGAATACCCCATGG    210
HIV2D194  --G--AGCA--AA-CG-C---C------GGA-AGCAGTATCAGCAG-GAG-GTTCATGAACACCCCATGG    210
HIV2GH1   --A--GGCA--AA-CG-C---C------GGA-AGCAGTATCGGCAG-GAG-TTTCATGAACACCCCATGG    210
HIV2D205  --A--ACTT--AC-CA-C---T------GGA-AAAATGCCCGGGGG-CAG-A.................    192
HIV2UC1   --A--ACTT--AC-CG-C---T------GGA-GCAATGCCCCAAGA-CAG-A.................    192
SIVMM251  --A--GCTT--GC-CA-G---T------GGA-AGAAATACAATCAG-GGC-GTATATGAATACTCCATGG    210
SIVMMP11  --A--GCTT--GC-CA-G---T------GGA-AGAAATACAATCAG-GGC-GTATATGAATACTCCATGG    210
SIVMM32H  --A--GCTT--GC-CA-T---T------GGA-AGAAATACAATCAG-GGC-GTATATGAATACTCCATGG    210
SIVMM1A11 --A--GCTT--GC-CA-T---T------GGA-AGAAATACAATCAG-AAC-GTACATGAATACTCCATGG    210
SIVMM142  --A--GCTT--GC-CA-T---T------GGC-AAAAATACAATCAG-GAG-ATACATGAATACTCCATGG    210
SIVMM239  --A--GCTT--GC-CA-T---T------GGA-AGAAATACAATCAG-GAC-GTATATGAATACTCCATGG    210
SIVMNE    --A--GCTC--GC-TA-T---T------GGA-AGAAATACAATCAG-GAC-GTTTATGAATACTCCATGG    210
SIVSMMH4  --A--GCTT--GC-CA-T---T------CCT-AGAAATATAGTGAG-GAC-ATATATGAATACCCCCTGG    210
SIVSMMH9  --A--GCTT--GC-CA-T---T------CCT-AGAAATATTGTGAG-GTC-ATTCATGAATACCCCTTGG    210
SIVSMMPBJ --A--GCTT--GC-CA-T---T------CCT-AGAAATATTGTGAG-GTC-ATTTATGAATACCCCTTGG    210
SIVSTM    --A--GCTT--AC-CA-A---T------CCT-AGAGATATAATGAA-GTC-ATTTATGAATACCCCTTGG    210

CONSENSUS agaaacccagcag?agaaag?gaaaaa?tagcatacagacAaCAAaAtatgGATGAtgtaGAT???ga?g    262
HIV2ROD   AAGGACCCAGCAGCAGAAAGGGAGAAAAATTTGTACAGGC-A---A-TATG-----TGTA---TCAGATG    280
HIV2NIHZ  AGAACCCCAGCAGCAGAAAGGGAGAAAGAATTGTACAAAC-G---A-TATG-----TGTA---CTAGATG    280
HIV2ISY   AGAACCCCAGCAACAGAAAAGGAAAAAGAATCGTACAGGC-A---A-TATG-----TGTA---TCAGATG    280
HIV2ST    AGAGCCCCAGCA...GAAGGGGAGAAAGGCTCGTACAAGC-A---A-TATG-----TGTA---TCAGATG    277
HIV2BEN   AGAAACCCAGCAACAGAAAGACAGAAAGATTTGTATAGGC-G---A-TATG-----TGTA---TCTGATG    280
HIV2CAM2  AGAGCCCCAGCAGCAGAGGGGAAGAAAAATGCATACAGGC-G---A-TATG-----TATA---TCAGATG    280
HIV2D194  AGAACCCCAGCAGCAATAGGGCAGAAAAATTCATATAAGC-G---A-TATG-----TGTA---TCTGATG    280
HIV2GH1   AGAACCCCGGCAATAGAAGGACAGAAAAAGTTATACAAGC-G---A-TATG-----TATA---TCTAGTG    280
HIV2D205  ............................GGGGGAGGGC-A---G-TGCA-----AAGT---...GAGG    229
HIV2UC1   ............................GGGGGAGGGC-A---G-TACA-----TAGT---...GAGG    229
SIVMM251  AGAAACCCAGCTGAAGAAAAAGAAAAATTAGCATACAGAA-A---A-TATG-----TATA---GAGGAAG    280
SIVMMP11  AGAAACCCAGCTGAAGAAAAGGAAAAATTAGCATACAGAA-A---A-TATG-----TATA---GAGGAGG    280
SIVMM32H  AGAAACCCAGCTGAAGAGAGAGAAAAATTAGCATACAGAA-A---A-TATG-----TGTA---GAGGAAG    280
SIVMM1A11 AGAAACCCAGCTGAAGAGAGAGAAAAATTAGCATACAGAA-A---A-TATG-----TATA---GAGGAAG    280
SIVMM142  AGAAACCCAGCTGAAGAGAGGAAAAAATTACCATACAGAA-A---A-TATA-----TATA---GAGGAAG    280
SIVMM239  AGAAACCCAGCTGAAGAGAGAGAAAAATTAGCATACAGAA-A---A-TATG-----TATA---GAGTAAG    280
SIVMNE    AAAAACCCAGCTGGAGAGAGGGAAAAATTAGCATACAGAA-A---A-TATA-----TATA---GAAGAAG    280
SIVSMMH4  AGGAACCCAGCAACAGAAAGAGCAAAATTAGGTTATAGAC-A---A-CATG-----TGTG---GATGAAG    280
SIVSMMH9  AGGAACCCAGCAACAGAAGGAGCAAAATTAGGTTATAGAC-A---A-CATG-----TGTG---.....A    274
SIVSMMPBJ AGGAACCCAGCAACAGAAAGAGCAAAATTAGATTATAGAC-A---A-CATG-----TGTG---.....A    274
SIVSTM    AAAAACCCGGCAGCAGAAAGCGCTAAGCTAGAATATAGAC-G---A-CATG-----TGTA---GAGGAAG    280
```

HIV2/SIV NEF

```
CONSENSUS atgatgAc?tagtagg?gt?ccagtga??ccaagAGt?CC?ctaAGa?caATgAc?tacAaatTgGCAat   323
HIV2ROD   ATGATG-CCAAGTAAGAGTTTCTGTCACACCAAA--TA--ACTA--ACCA--G-CACAT-GAT-G---AT   350
HIV2NIHZ  ATGATG-CCAAGTAGGATTCCCTGTCACACCAAG--TA--ATTA--ACCA--G-CATTC-AAT-G---GT   350
HIV2ISY   ATGATG-CCTAGTAGGGGTCTCTGACACATCAAG--TA--ATTG--AGCA--G-CATAT-GAA-G---GT   350
HIV2ST    ATGATG-CCTAGTAGGGGTCCCTGTCACACCAAG--TA--ATTA--AGAA--G-CATAT-GGT-G---AG   347
HIV2BEN   ATGATG-CCTAATAGGAGTTCCTGTTACACCAAG--TA--ACGG--AGAA--G-CCTAT-AAT-G---AT   350
HIV2CAM2  ATGATG-CCTAGTGGGGGTTCCTGCCACACCAAG--TA--ACTA--AACA--G-CATAT-AAT-G---GT   350
HIV2D194  ATGATG-CCTAGTGGGAGTTCCTGTTATGCCAAG--TA--GCTG--AGAA--G-CCTAT-AAC-G---AT   350
HIV2GH1   ATGATG-CCTAGTGGGAGTTCCTGTTACACCAAG--TA--ACTA--AGCA--G-CCTAT-AAT-G---GT   350
HIV2D205  ACGATG-AGTGGGAGCCATATGTAAGACCCCAAT--TA--ACTG--ACCA--G-CATAC-AAC-A---GT   299
HIV2UC1   ATAATG-AGTGGG.GGTCTATGTAAGACCC.AAT--.G--ACTG--ATCA--G-CATAC-AGA-G---AT   296
SIVMM251  ATGATG-CTTGGTAGGGGTATCAGTGAGGCCAAA--TT--CCTA--AGCA--G-CTTAC-AAT-G---AT   350
SIVMMP11  ATGATG-CTTGGTAGGGGTATCAGTGAGGCCAAA--TT--CCTA--AGCA--G-CTTAC-AAT-G---AT   350
SIVMM32H  ATGATG-CTTGGTAGGGGTACCAGTGATGCCACG--TT--CCTA--AACA--G-GTTAC-AAT-G---GT   350
SIVMM1A11 ATGATG-TTTGGTAGGGGTATCAGTGAGGCCAAA--TT--CCTA--AACA--G-GTTAC-AAT-G---AT   350
SIVMM142  ATGATG-CTTGGTAGGGATACCAGTTGAGGCCAG--TT--CCTA--AACA--G-GTTAC-AAT-G---AT   350
SIVMM239  ATGATG-CTTGGTAGGGGTATCAGTGAGGCCAAA--TT--CCTA--AACA--G-GTTAC-AAT-G---AT   350
SIVMNE    ATAATG-CTTGGTAGGGGTACCAGTGAGGCCACG--TT--CTTA--AATA--A-GTTAC-AAT-G---GT   350
SIVSMMH4  ATGATG-CTTAATAGGTGTCTCAGTGCACCCAAG--TC--CTTA--GGCC--G-CATAC-AAT-G---AT   350
SIVSMMH9  ATGAAG-TTTAGTAGGTTGTCCAGTGAGCCCAAG--TC--CGTA--AATC--G-CATAC-AAT-G---AT   344
SIVSMMPBJ GTGCTG-CTTAGTAGGTTGTCCAGTGAGCCCAAG--TC--CGTA--AATC--G-CATAC-AAT-G---AT   344
SIVSTM    ATGATA-TCTAGTAGGAGTAGCAGTACATCCAAG--TC--ACTT--GGAA--G-CTTAC-AGT-G---AT   350

                                        3' LTR ->
CONSENSUS AGAtaTGTCtcATTTtATAAAagaaaagGggGGACTGgAaGGGaTtTatTAcAgTga?agaAGACatAgA   392
HIV2ROD   ---TA----AC----A-----AACAAGG-GG------G-A---A-G-TT--C-G-GAAAGA----AT-A-   420
HIV2NIHZ  ---TA----TC----T-----AGAAAAA-GG------G-A---C-G-TT--T-G-CAGAGA----AT-G-   420
HIV2ISY   ---CA----AG----A-----AGATAAG-GG------G-A---A-G-AT--C-G-GAGAGA----AT-G-   420
HIV2ST    ---TA----AC----G-----AGAAAAG-GG------G-A---C-G-AT--C-G-GATAGG----GT-G-   417
HIV2BEN   ---TA----AC----T-----AGAAAAA-GG------C-A---A-G-TT--C-G-AGGAGG----AT-G-   420
HIV2CAM2  ---CA----AC----T-----AGAAAAA-GG------G-A---C-G-TT--C-G-GAAAGA----AT-G-   420
HIV2D194  ---TA----AC----T-----AGAAAAA-GA------G-A---A-A-TT--C-G-AGGGAG----AT-G-   420
HIV2GH1   ---TA----AC----T------.GAAAAG-..------G-T---A-G-TT--C-G-AGGGAT----AT-G-   417
HIV2D205  ---CA----TC----T-----AGAACAG-GG------G-A---A-G-AT--T-G-GAGAGA----AC-G-   369
HIV2UC1   ---CA----TC----T-----AGAAAAG-GG------G-A---A-T-AC--T-G-GAGAGA----AT-G-   366
SIVMM251  ---TA----TC----T-----AGAAAAG-GG------G-A---A-T-AT--C-G-GCAAGA----AT-G-   420
SIVMMP11  ---TA----TC----T-----AGAAAAG-GG------G-A---A-T-AT--C-G-GCAAGA----AT-G-   420
SIVMM32H  ---TA----TC----T-----AGAAAAG-GG------G-A---A-T-AT--C-G-GCAAGA----AT-G-   420
SIVMM1A11 ---CA----TC----T-----AGAAAAG-GG------G-A---A-T-AT--T-G-GCAAGA----AT-G-   420
SIVMM142  ---TA----TC----T-----AGAAAAG-GG------G-A---A-T-AT--C-G-GCAAGA----AT-G-   420
SIVMM239  ---CA----TC----T-----AGAAAAG-GG------G-A---A-T-AT--C-G-GCAAGA----AT-G-   420
SIVMNE    ---TA----TC----T-----AGAAAAG-GG------G-A---A-T-AT--C-G-GAAAGA----AT-A-   420
SIVSMMH4  ---CA----TC----T-----AGAAAAG-GG------G-A---A-T-AT--C-A-GAGAGA----AT-G-   420
SIVSMMH9  ---CA----TC----T-----AGAAAAG-GG------G-A---G-T-AT--C-G-ATTAGA----AT-A-   414
SIVSMMPBJ ---CA----TC----T-----AGAAAAG-GG------G-A---A-T-AT--C-G-GATAGA----AT-A-   414
SIVSTM    ---CC----AC----T-----AAGCAAG-GG------G-A---A-T-AT--C-G-GAGAGA----AT-G-   420
```

```
CONSENSUS aTctTagAcataTactTaGAaaaggaagaagg?ataataccagattggcagaattaca?ctca?gggcca   459
HIV2ROD   A-CT-AA-TATA-ACT-A--AAAGGAAGAAGGGATAATTGCAGATTGGCAGAACTACA.CTCATGGGCCA   489
HIV2NIHZ  A-CT-AG-CTTA-ACT-A--CAAG.....                                           444
HIV2ISY   A-CC-AG-CATA-ACT-A--AAAGGAAGAAGGGATAATTCCAGATTGGCAGAACTATA.CTCATGGGCTA   489
HIV2ST    G-CC-AG-CATA-ACT-A--AAAGGAAGAGGGAATAATTGGAGACTGGCAGAACTATA.CTCATGGACCA   486
HIV2BEN   A-CC-AG-CATA-ACC-A--AAAAGAGGAAGGGATAATACCAGATTGGCAGAATTATA.CTCATGGGCCA   489
HIV2CAM2  A-CC-GG-TATA-ACT-A--AAAAGAAGAAGGGATAATTGCAGATTGGCAGAACTATA.CTAGTGGGCCA   489
HIV2D194  A-CC-AG-CTTG-TCC-A--AAAGGAGGAAGGGATAATACCAGATTGGCAGAATTATA.CTCATGGGCCA   489
HIV2GH1   A-CC-AG-CTTG-ACC-A--AAAGGAGGAAGGGATAATACCAGATTGGCAGAATTATA.CTCATGGGCCA   486
HIV2D205  A-AT-AG-CACA-ATT-T--GAATGAAGAAGGCATTGTGTCTGGCTGGCAAAACTATA.CTCATGGGCCA   438
HIV2UC1   A-AC-AG-CACA-ATC-A--GAATGAGGAAGGCATTGTATCTGGATGGCAAAACTATA.CATATGGGCCA   435
SIVMM251  A-CT-AG-CATG-ACT-A--AAAGGAAGAAGGCATCATACCAGATTGGCAGGATTACACCTCA.GGACCA   489
SIVMMP11  A-CT-AG-CATG-ACT-A--A.........GGCATCATACCAGATTGGCAGGATTACACCTCA.GGACCA   480
SIVMM32H  A-CT-AG-CATG-ACT-A--AAAGGAGGAAGGCATCATACCAGATTGGCAGGATTACACCTCA.GGACCA   489
SIVMM1A11 A-CT-AG-CATA-ACT-A--AAAGGAAGAAGGCATCATACCAGATTGGCAGGATTACACCTCA.GGACCA   489
SIVMM142  A-CT-AG-CATA-ACT-A--AAAGGAAGAAGGCATCATACCAGATTGGCAGA..TACA.CTCC.GGACCA   486
SIVMM239  A-CT-AG-CATA-ACT-A--AAAGGAAGAAGGCATCATACCAGATTGGCAGGATTACACCTCA.GGACCA   489
SIVMNE    A-CT-AG-CATG-ACT-A--AAAGGAAGAAGGCATCATGCCAGATTGGCAGAATTACACCTCG.GGACCA   489
SIVSMMH4  A-AT-AG-TATG-ACT-G--AAAGGAAGAAGGAATAATACCAGATTGGCAAAATTACACATCA.GGGCCA   489
SIVSMMH9  A-AT-AG-TCTR-ACT-A--AAARGAAGAAGGAATAATACCAGATTGGCAAAATTACACAGCA.GGGCCA   483
SIVSMMPBJ A-AT-AG-TCTG-ACT-A--AAAGGAAGAAGGAATAATACCAGATTGGCAAAATTACACAGCA.GGGCCA   483
SIVSTM    A-AT-GG-CATG-ACT-A--AAAAGAAGAAGGGATAGTTCCAGATTGGCAGAATTACACAGCA.GGACCA   489

CONSENSUS ggaat?agatacccaa?g??ctttgg?tggctatggaaa?tagt?ccagta?atgt?tcagatgaggcac   520
HIV2ROD   GGAGTAAGATACCCAATGTTCTTTGGGTGGCTATGGAAGCTAGTACCAGTAGATGTCCCACAAGAAGGGG   559
HIV2NIHZ  ..........                                                            444
HIV2ISY   GGAGTAAGGTACCCAATGTTCTTTGGGTGGCTATGGAAGCTAGTACCAGTAACTGTCCCACAAGAAGGGG   559
HIV2ST    GGAGTAAGGTATCCAAAGTTCTTTGGGTGGTTATGGAAGCTAGTACCAGTAGATGTCCCACAAGAGGGAG   556
HIV2BEN   GGAGTAAGGTACCCAATGTACTTCGGGTGGCTGTGGAAGCTAGTATCAGTAGAACTCTCACAAGAGGCAG   559
HIV2CAM2  GGAGTAAGATACCCAATGTTCTTTGGGTGGCTATGGAAGCTAGTACCAGTAGATACCTCACAAGAGGGAG   559
HIV2D194  GGAACAAGGTACCCAATGTACTTCGGGTGGCTGTGGAAACTAGTACCAGTAGACATCTCACAAGAGGCAG   559
HIV2GH1   GGAGTAAGGTACCCAATGTGTTTCGGGTGGCTATGGAAGCTAGTACCAGTAGATGTCTCACAAGAGGCAG   556
HIV2D205  GGGATAAGGTATCCCAAATACTTTGGTTGGCTGTGGAAGCTGGTACCAGTAGAGGTGCCAGCAGCGACCC   508
HIV2UC1   GGGATAAGGTATCCAAGGACCTTTGGGTGGCTGTGGAAGCTAGTGCCAGTAGATATACCAGAGGAGGAAA   505
SIVMM251  GGAATTAGATACCCAAAGACATTTGGCTGGCTATGGAAATTAGTCCCTGTAAATGTATCAGATGAGGCAC   559
SIVMMP11  AGAATTAGATACCCAAAGACATTTGGCTGGCTATGGAAATTAGTCCCTGTAAATGTATCAGATGAGGCAC   550
SIVMM32H  GGAATTAGATACCCAAAGACATTTGGCTGGCTATGGAAATTAGTCCCCGTAAATGTATCAGATGAGGCAC   559
SIVMM1A11 GGAATTAGATACCCAAAGACATTTGGCTGGCTATGGAAATTAGTCCCTGTAAATGTATCAGATGAGGCAC   559
SIVMM142  GGAATTAGATACCTAAAGATGTTTGGCTGGCTATGGAAATTAATCCCTGTAAATGTATCAGATGAGGCAC   556
SIVMM239  GGAATTAGATACCCAAAGACATTTGGCTGGCTATGGAAATTAGTCCCTGTAAATGTATCAGATGAGGCAC   559
SIVMNE    GGACCTAGATACCCAAAGACATTTGGCTGGCTATGGAAATTAGTCCCTGTAAATGTATCAGATGAGGCAC   559
SIVSMMH4  GGAATTAGATACCCTATGCACTATGGGTGGCTCTGGAAATTAGTCCCAGTAGATGTCTCAGATGAAGCTC   559
SIVSMMH9  GGAATCAGATACCCTATGTTCTTTGGATGGCTCTGGAAATTAGWCCCGGTAAATGTCTCAGATGAAGCTC   553
SIVSMMPBJ GGAATCAGATACCCTATGTTCTTTGGATGGCTCTGGAAATTAGTCCCGGTAAATGTCTCAGATGAAGCTC   553
SIVSTM    GGGATAAGATACCCAAAGCAGTTTGGATGGCTATGGAAACTAGTACCAGTAGATATGTCAAATGAGGCAC   559
```

HIV2/SIV NEF

```
CONSENSUS agga?gatgag???????????ac?catt?ctta?tgca?ccagcacaaac?tcc?agtgggatgaccc  571
HIV2ROD   AGGACACTGAG...........ACTCACTGCTTAGTACATCCAGCACAAACAAGCAAGTTTGATGACCC  617
HIV2NIHZ  ......................................................................  444
HIV2ISY   AGGACACTGAG...........ACTCTCTGCTTAATGCACTCAGCACAAGTAAGCAGATTTGATGACCC  617
HIV2ST    ATGACAGTGAG...........ACTCACTGCTTAGTGCATCCAGCACAAACAAGCAGGTTTGATGACCC  614
HIV2BEN   AGGAAGATGAG...........GCCAACTGCTTAGTACACCCAGCACAAACAAGCAGACATGATGATGA  617
HIV2CAM2  AGGACACTGAGACTGACACTGAGACTCACTGCTTATTACACCCAGCACAAACAAGCAGGCATGATGACAT  629
HIV2D194  AGGAAGTAGAG...........ACCAACTGCTTAGTACACCCAGCACAAACAAGCAGATATGATGACGA  617
HIV2GH1   AGGACGATGAG...........ACCAACTACTTAACACACCCAGCACAAACAAGCAGACATGATGACGA  614
HIV2D205  GAGAGGAGGAG.........GAAACCCATTGCCTAATGCACCCGGCACAGATCTCCTCATGGGATGACAT  569
HIV2UC1   GGGGAGCGGAA...........ACCAGTTGTCTGGTGCACCCAGCACAGATCTCTTCATGGGATGACAT  563
SIVMM251  AGGAGGATGAG...........AGGCATTATTTAATGCAGCCAGCTCAAACTTCCAAGTGGGATGACCC  617
SIVMMP11  AGGAGGATGAG...........AGGCATTATTTAATGCAGCCAGCTCAAACTTCCAAGTGGGATGACCC  608
SIVMM32H  AGGAGGATGAG...........AGGCATTATTTAATGCAGCCAGCTCAAACTTCCAAGTGGGATGACCC  617
SIVMM1A11 AGGAGGATGAG...........GAGCATTATTTAATGCATCCAGCTCAAACTTCCCAGTGGGATGACCC  617
SIVMM142  AGGAGGATGAG...........GAGCATTATTTAGTGCACCCAGCTCAAACTTCCCAGTGGGATGACCC  614
SIVMM239  AGGAGGATGAG...........GAGCATTATTTAATGCATCCAGCTCAAACTTCCCAGTGGGATGACCC  617
SIVMNE    AGGAGGGTGAG...........GAGAATTATTTACTGCATCCAGCTCAAACTTCCCAGTGGGATGACCC  617
SIVSMMH4  AGGAAGACGAG...........ACACATTGCCTGGTGCATCCGGCACAGACTTATCAGTGGGATGACCC  617
SIVSMMH9  AGGAAGACGAG...........ACACATTGCTTGATGCATCCAGCACAAACTTCTCAGTGGGATGACCC  611
SIVSMMPBJ AGGAAGACGAG...........ACACATTACTTGATGCATCCAGCACAAACTTCTCAGTGGGATGACCC  611
SIVSTM    AGGAGGATGAT.........GGGACACATTATCTGGTGCATCCAGCACAGACACATCAGTGGGATGACCC  620

CONSENSUS ?tggggagaggtactag??tggaagtttgatccaa??ct?gcctata?ttatgaggC?Tttattagatac  633
HIV2ROD   GCATGGGGAGACACTAGTCTGGGAGTTTGATCCCTTGCTGGCTTATAGTTACGAGG-T-TTATTCGGTAC  687
HIV2NIHZ  ..........................................................G-T-TTACTCTGTAC  459
HIV2ISY   GCATGGGGAGACACTAGTCTGGAAGTTTGACCCCATGCTGGCTCATGAGTACACGA-C-TTATTCTATAC  687
HIV2ST    GCATGGAGAAACATTAGTTTGGAGGTTTGACCCCACGCTAGCTTTTAGCTACGAGG-C-TTATTCGATAC  684
HIV2BEN   GCATGGGGAGACATTAGTGTGGCAGTTTGACTCCATGCTGGCCTATAACTACAAGG-C-TCACTCTGTAC  687
HIV2CAM2  GCATGGGGAGACACTGGTCTGGAAGTTTGACTCCATGCTGGCCCTTAAGTATGAGG-C-TTACTCGATAC  699
HIV2D194  GCATGGGGAGACACTAGTTTGGCGGTTTGACCCCATGCTGGCCTATAGTTACAAGG-C-TCATTCTGCAC  687
HIV2GH1   GCATGGAGAAACACTACTTTGGCGGTTTGACCCCACGCTGGCCTATGATTACAAGG-T-TCATTCTGCAT  684
HIV2D205  CCATGGGGAGACTCTTATCTGGCAGTTTGATTCCCTCCTGGCATATGATTATGTGG-T-TCAATAGGTTT  639
HIV2UC1   CCACGGGGAGACCCTTGCCTGGCGGTTTGACCCCCTCCTGGCACATGACTATGTAG-C-TCAACAGGTAC  633
SIVMM251  TTGGGGAGAGGTTCTAGCGTGGAAGTTTGATCCAACTCTAGCCTACACTTATGAGG-A-ATGCTAGATAC  687
SIVMMP11  TTGGGGAGAGGTTCTAGCGTGGAAGTTTGATCCAACTCTAGCCTACACTTATGAGG-A-ATGTTAGATAC  678
SIVMM32H  TTGGGGAGAGGTTCTAGCATGGAAGTTTGATCCAACTCTAGCCTACACTTATGAGG-A-ATGTTAGATAC  687
SIVMM1A11 TTGGGGAGAGGTTCCAGCATGGAAGTTTGACCCAACTCTGGCCTACACTTATGAGG-A-ATGTTAGATAC  687
SIVMM142  TTGGGGAGAGGTTCTAGCATGGAAGTTTGATCCAACTCTAGCCTACACTTATGAGG-A-ATATTAGATAC  684
SIVMM239  TTGGGGAGAGGTTCTAGCATGGAAGTTTGATCCAACTCTGGCCTACACTTATGAGG-A-ATGTTAGATAC  687
SIVMNE    TTGGGGAGAGGTTCTAGTATGGAAGTTTGATCCAACTCTAGCCTACACTTATGAGG-A-ATATTAGATAC  687
SIVSMMH4  CTGGGGAGAGGTACTGGCATGGAAGTTTGATCCAGAATTAGCTTATAGCTATAAGG-A-TTATTAAGTAC  687
SIVSMMH9  CTGGGGAGAGGTACTGGCATGGAAGTTTGATCCARAGTTAGCTTATRACTATAAGG-A-TTGTTGAGCAC  681
SIVSMMPBJ CTGGGGAGAGGTACTGGCATGGAAGTTTGATCCAAAGTTAGCTTATAACTATAAGG-A-TTGTTGAGCAC  681
SIVSTM    TTGGGGAGAAGTACTGGTTTGGAAATTTGATCCACTATTAGCCCATACTTATGAGG-C-TTGTTAGACAC  690
```

```
CONSENSUS CCAGAaGAgtTtGG???caAgTCAGGccTgccAgAggAaGAggtgaagagaAggCtaaccGCAAGaGGcc    700
HIV2ROD   -----G--AT-T--GCACA-G-----CC-GCC-G-GG-A--GTGGAAGGCG-GA-TGAAA-----A--AA    757
HIV2NIHZ  -----G--AT-T--GCATA-T-----AC-GCC-G-GA-A--GTGGAAGGCG-GA-TGAAA-----G--AA    529
HIV2ISY   -----G--AT-T--GCACA-G-----AA-GGA-G-AG-T--CTGGAAGGCA-AA-TGAAA-----A--GA    757
HIV2ST    -----G--GT-T--GTACA-G-----CC-GCC-G-GG-T--ATGGAAGGCA-GA-TGAAA-----A--GA    754
HIV2BEN   -----A--GT-T--GCACA-G-----AT-GCC-G-GA-A--ATGGAAGGCA-AA-TGAAA-----A--GA    757
HIV2CAM2  -----A--AT-T--GCACA-G-----CC-ACC-G-AG-T--GTGGAAGGCG-AA-TGAAA-----A--GA    769
HIV2D194  -----A--AT-T--GCACA-G-----AT-GCC-G-GA-A--GTGGAAGGCA-AA-TGAAA-----A--GA    757
HIV2GH1   -----A--GT-T--GCACA-G-----AT-GCC-G-GA-A--GTGGAAGGCA-AA-TGAAA-----A--GA    754
HIV2D205  -----A--GT-C--GTACC-G-----CC-ACC-G-GG-G--GTGGAAGGCT-GA-TAAAA-----A--GA    709
HIV2UC1   -----A--GT-T--GTATC-G-----AT-ACC-G-GA-G--G*                               675
SIVMM251  -----A--G.-T--AAGCA-G-----CC-GTC-G-GG-A--GGTTAGAAGA-GG-*                  741
SIVMMP11  -----A--GT-T--AAGCA-G-----CC-GTC-G-GG-A--GGTTAGAAGA-GG-TAACC-----A--CC    748
SIVMM32H  -----A--GT-T--AAGCA-G-----CC-GCC-G-GG-A--GGTTAGAAGA-GG-TAACC-----A--CC    757
SIVMM1A11 -----A--GT-T--AAGCA-G-----CC-GTC-G-GG-A--GGTTAGAAGA-GG-TAACC-----A--CC    757
SIVMM142  -----A--GT-T--AAGCA-G-----CC-GTC-G-GA-A--GGTTAAAAGA-GG-TAGCC-----A--CC    754
SIVMM239  -----A--GT-T--AAGCA-G-----CC-GTC-G-GG-A--GGTTAGAAGA-GG-TAACC-----A--CC    757
SIVMNE    -----A--GT-T--AAGCA-G-----CC-GTC-G-GG-A--GGTTAGAAGA-GG-TAACC-----A--CC    757
SIVSMMH4  -----A--GT-T--TAGTA-G-----CT-GTC-G-GG-A--GGTAAAGAGA-GG-TAACC-----A--CC    757
SIVSMMH9  -----A--GT-T--TAGTC-G-----CT-GTC-A-GG-A--GGTGCAGAGA-GG-TAACC-----A--CC    751
SIVSMMPBJ -----A--GT-T--TAGTC-G-----CT-GTC-A-GG-A--GGTGCAGAGA-GG-TAACC-----A--CC    751
SIVSTM    -----A--GT-T--TTCTA-G-----CT-GCC-A-GG-A--GGTTGAGAGA-GG-TAACC-----A--CC    760

CONSENSUS T?ctaaa?atggctgACAaGAaGgAAACtaGc?GAGACAGCAGGGACTTTCCACAAGGGGCTGTCATGGG>  868
HIV2ROD   -ACCATTTAGT*                                                             768
HIV2NIHZ  -ACCATTTAGT*                                                             540
HIV2ISY   -ACCATTTAGT*                                                             768
HIV2ST    -ACCGTTTAGC*                                                             765
HIV2BEN   -ACCATATAGTGAA*                                                          771
HIV2CAM2  -ACCATTTAGT*                                                             780
HIV2D194  -ACCATATAGTGAA*                                                          771
HIV2GH1   -ACCATATAGT*                                                             765
HIV2D205  -ACCTACAGAT*                                                             720
SIVMMP11  -TCTTAACATGGCTG---A--G-G----TC-C*                                        780
SIVMM32H  -TCTTAACATGGCTG---A--A-G----TC-C*                                        789
SIVMM1A11 -TCTTAACATGGCTG---A--A-G----TA-A*                                        789
SIVMM142  -TCTTGAAATGGCTG---G--A-G----TA-C*                                        786
SIVMM239  -TCTTAACATGGCTG---A--A-G----TC-C*                                        789
SIVMNE    -CTTAAAAATGGCTG---A--G-G----TA-C*                                        789
SIVSMMH4  -TTT.AAAATGGCTG---A--A-G----AA-CT-------------------------------------->  927
SIVSMMH9  -TTTAAAAATGGCTG---A--A-A----AA-C*                                        783
SIVSMMPBJ -TTTAAAAATGGCTG---A--A-A----AA-C*                                        783
SIVSTM    -TCTAAAGATGGCTG---A--A-G----AA-C*                                        792
```

HIV2UC1

```
LOCUS       HIV2UC1     10271 bp ds-DNA             VRL       29-APR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 2, isolate UC1, complete
            genome.
ACCESSION   L07625
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 2 (HIV-2), isolate UC1, infectious
            molecular clone uc1mc.
REFERENCE   1  (bases 1 to 10271)
  AUTHORS   Barnett,S.W., Quiroga,M., Werner,A., Dina,D. and Levy,J.A.
  TITLE     Distinguishing features of an infectious molecular clone of the
            highly divergent and noncytopathic human immunodeficiency virus
            type 2 UC1 strain.
  JOURNAL   J. Virol. 67, 1006-1014 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication in computer-readable form by
            Susan W. Barnett, UCSF, San Francisco, Sept. 1992.
            The authors state that UC1mc is unlike any other HIV-2 or SIVmac/sm
            strain in that it lacks a cysteine residue at the proposed signal
            peptide cleavage site in the envelope region.  This sequence is
            also interesting because the virus from which it was derived displays
            low cytopathic behavior, and therefore may prove useful in helping to
            determine the genetic sequences associated with HIV-2 cytopathicity.
            UC1 clusters with D205 and other HIV-2 subtype B sequences. A full-
            length infectious molecular clone is available.
BASE COUNT     3443 a   2141 c   2582 g   2105 t
ORIGIN      5' terminus of 5' LTR
        1 tggaagggat ttactatagt gagagaagac atagaatact agacacatat ctagagaatg
   5' LTR ->
       61 aggaaggcat tgtatctgga tggcaaaact atacatatgg gccagggata aggtatccaa
      121 ggacctttgg gtggctgtgg aagctagtgc cagtagatat accagaggag gaaaggggag
      181 cggaaaccag ttgtctggtg cacccagcac agatctcttc atgggatgac atccacgggg
      241 agacccttgc ctggcggttt gacccctcc tggcacatga ctatgtagcc ttcaacaggt
      301 acccagaaga gtttgggtat cagtcaggat taccagagaa ggagtgaaag gctagactaa
      361 aagcaagagg gatacctaca gactaggcaa gagacagcag cataaacagg aactagctga
      421 cactgcacaa gagggaaact agctgacacc gcagggactt tccaaaagag gctgtaacat
      481 gggagggaca tgggaggagt tggttgggaa cgcccattaa atctctgTAT AAAtgtaccc
                                                    signal ->
      541 gcttcttgca ttgtattcaG tcgctctgcg gagaggctgg cagatcgagc cctgggaggt
                  mRNA start ->
      601 tctctccagc actagcaggt agagcctggg tgttccctgc tagactctca ccagcacttg
      661 gccggtgctg ggcagacggc tccacgcttg cttgcttaaa accctcttAA TAAActgcca
                                                     signal ->
      721 attagaagca agttgagtgt gtgttcccat ctctcctagt cgccgcctgg tcattcaatg
                <- R rpt end
      781 ctctactaaa ataaagaccc tggtctgtta ggacccttтc tgctttggga aaccaaggca
      841 ggaaaatccc tagcagattg gcgcccgaac agggacatga agaagagtga gagtcttcgg
                     <- 5' LTR
                          ->  Lys-tRNA pbs <-
      901 agcacggctg agtgaaggca gtaagggcgg caggaatcaa ccacgacgga gagctcctgt
      961 aaaggcgcag gccggtacca ggcagcgtga ggagcgggag gaaaagaggc ctccgggagg
     1021 aaaggtgagt actccaaatt ctgaattgtc tgctctaaga aaggagtagg gcataagtgg
     1081 gagATGggcg cgagaagctc cgtcttgtca gggaagaaaa cagatgaatt agaaaaagtt
        gag ->
     1141 aggttacggc ccggcggaaa gaaaaggtat tgtctaaaac atataatatg ggcagtgaac
     1201 gaattggaca gatttggatt agcagagagc ctgttggaat caaaagaagg atgtcacaaa
     1261 attcttacgg tcttagctcc attagtacca acaggatcag aaaatttaaa aagccttttt
     1321 aatactgtct gcgtcattta ctgcttgcac gcagaagaga aagtgaaaga tactgaggaa
     1381 gcaaaaaaga tagcacagag acatctagcg gcggacacag agaaaatgcc agctacaagt
     1441 agaccaacag caccacctag cggcggaaat tacccagtgc agcagatagc tggcaactac
     1501 gtccacatgc cgctaagccc tcgaacctta aatgcctggg taaagttagt agaagaaaag
     1561 aagttcgggg cagaagtagt accaggattc caggcactat cagaaggatg cactccttat
     1621 gatataaatc agatgctaaa ttgtgtagga gaccatcagg cagccatgca aattattagg
     1681 gaaataatca atgaggaggc ggcagactgg gaccagcagc acccgatacc aggtccactg
     1741 ccagcaggac aacttaggga ccccagaggg tcagatatag caggaaccac cagcacagta
     1801 gaggaacaaa tacagtggat gtacagggca caaaatcctg ttccggtagg gaacatttac
     1861 agaagatgga ttcaaatagg gctgcagaaa tgtgtccgga tgtacaatcc taccaacata
```

```
1921 ttagacataa agcagggacc aaaagaacct ttccaaagct acgtagatag attctacaaa
1981 agcttacggg cagagcaaac agacccagca gtgaaaaatt ggatgacaca aacactgcta
2041 attcagaatg ctaacccaga ttgcaagtta gtacttaagg gcttaggaat gaatcccacc
2101 ttagaggaaa tgctgacggc ctgccaaggg ataggaggcc cagggcagaa ggcaaggcta
2161 atggctgagg ccttaaaaga ggccttaaca cctgcaccca taccgtttgc tgccgctcaa
2221 caaaaagcag gaaagagagg gacggtgaca tgctggaact gtggcaaggt aggacacaca
2281 gccaagcaat gcagggcccc TAGaagacag ggatgctgga aatgtggaaa acaaggacac
               pol cds start ->   (NH2-terminus uncertain)
2341 atcatgtcaa aatgcccaga aagacaggct ggttttttag ggttaggacc ctggggaaag
2401 aagcctcgca acttccccat gacccaagtg cctcagggag tgacaccatc tgcacccccg
2461 atggacccag cagagggcat gacacctcgg ggggcgacac catctgcgcc ccctgcagat
2521 ccagcagtgg agatgctgaa aagctacatg aagatgggga gacagcagag agagagccga
2581 gagagaccct acaaggaggt gacagaggat ttgctgcacc tcaattctct ctttggagaa
2641 gaccagTAGt cagagcatgt atcgagggtc agccagtgga agtattacta gacacaggag
         <- gag cds end
2701 ctgacgactc aatagtagca ggaatagaat taggtagcaa ttacacccca aaaatagtag
2761 gggggatagg agggttcata aataccaaag aatacaaaga tgtagaaata gaagtagtgg
2821 gaaaaagagt aagggcaact ataatgacag gagacacccc aataaacatt tttggcagaa
2881 atattttaaa tacattaggc atgactctaa atttcccagt agcaaagata gaaccagtaa
2941 aagtcaaact aaagcctggg aaagatggac caaaaatcag acaatggcct ctatccaaag
3001 aaaagatatt ggccctcaag gaaatctgtg aaaagatgga aaaggaggga cagctagaag
3061 aagcgccccc tactaatcca tacaacacac ccacctttgc ataaaaaaag agagataaaa
3121 acaaatggag aatgctaata gattttagag aattaaacaa ggtgacccaa gactttacag
3181 aagtccaact gggtattccc cacccggcag ggttggcaga aaaaaggaga ataacagtac
3241 tagatgtggg agatgcctac ttcagtatcc cactagatcc aaacttcaga cagtatacag
3301 cattcacctt gccatcaata aacaatgcag agccaggaaa gagatacatt tataaagttc
3361 taccacaagg atggaagggg tccccagcaa tttttcaata ctccatgagg aaggtattag
3421 atcctttcag aaaggccaac agcgatgtca ttataattca gtacatggat gacatcctta
3481 tagcaagtga cagaagtgat ctggagcatg acagggtagt gtcccaacta aaagagctat
3541 taaatgacat gggattctct accccagaag aaaagttcca aaaagaccct ccgttcaaat
3601 ggatgggtta tgagctctgg ccaaaaaggt ggaaactgca aaaaatacaa ctgccagaaa
3661 aggaagtttg gacagtgaat gacattcaaa aactagtggg agtattaaac tgggcagctc
3721 aactctttcc tggaattaag acaaggcaca tatgtaaact aattagggga aagatgaccc
3781 taacagaaga agtacaatgg acagaattag cagaggcaga gttacaggag aacaaaatca
3841 ttttagaaca ggaacaagaa ggatcctact acaaggaagg ggtaccacta gaagcaacag
3901 tacagaaaaa cctagcaaat cagtggacat acaaaattca tcagggaaat agaattttaa
3961 aagtaggaaa atatgcaaag gttaaaaaca cccacaccaa cggggtaaga ctactggcac
4021 atgtagttca gaaaatagga aaagaagccc tagtcatctg gggagagata ccagtattcc
4081 atctgccagt agaaagagag acatgggacc agtggtggac agattactgg caagtaactt
4141 ggatcccaga atgggatttt gtctcaaccc caccattagt aagactagcc tacaacctag
4201 tcaaagaccc cctagaaaag gtggaaacct actacacaga tggatcctgc aacagagcct
4261 caaaggaggg aaaggcagga tatgtcacag acaggggaaa agataaggtt aaagtgctag
4321 agcagacaac aaatcaacaa gcagaacttg aagcatttgc actagcacta caggattcag
4381 gaccacaagt caacatcata gtagactcac aatatgtcat gggaatagta gctggacagc
4441 caacagaaac ggagtcacca ctagtaaatc aaataattga agaaatgatc aaaaaagaag
4501 caatatatgt aggatgggtg ccagctcaca gaggactagg tggtaatcag gaagtagacc
4561 acctagtaag tcaaggaatt aggcaggttc tattcctaga aaagatagaa ccagcacaag
4621 aagaacatga aaagtaccat ggcaatgtaa aagaattagt tcataaattt ggactcccac
4681 agttagtggc aaaacaaata gtaaactcct gtgataaatg ccaacaaaaa ggggaagctg
4741 ttcatggaca ggtaaatgca gaactaggaa catggcagat ggactgtaca cacttagaag
4801 gaaaggtcat aatagtggca gtccatgtag ccagtggatt tatagaggca gaggtaatac
4861 cccaagaaac aggaagacaa acagctctct tcctgttaaa attggccagc agatggccta
4921 tcacacacct gcacacagac aacggcgcca acttcacctc acaagacgtg aagatggcgg
4981 cctggtggat agggatagaa caaaccttcg gggtacccta taacccacaa agtcagggag
5041 tagtagaagc aatgaaccat cacctaaaaa accaaataga tagaatcagg gaccaggcag
5101 tatcaataga gacagttgta ctaatggcag ctcactgcat gaattttaaa agaaggggag
5161 gaatagggga tatgacccct gcagagagac tagttaacat gataaccaca gaacaagaaa
5221 tacagttctt ccaagcaaaa aatttaaaat ttcaaaattt ccaggtctat tacagagaag
5281 gcagagatca actctggaaa ggacctggtg agctattgtg gaaaggggaa ggagcagtcc
5341 tcataaaggt agggacagag atcaaagtaa tacccagaag gaaagcaaag atcataaggc
5401 actATGgagg gggaaaagaa ttggattgtg gtaccgacat ggaggatacc aggcaggcta
    vif ->
5461 gagaaatggc acagtctggt caagtacctg aagcaTAGaa caaaagagtt gcaacaggtc
                                          <- pol cds end
```

```
 5521 tcttatgtcc ctcaccacaa ggtgggatgg gcctggtgga cttgcagtag agtaatattc
 5581 cccctaaaag aagaagcata cttagaggtc caagggtatt ggaatctgac cccggaaagg
 5641 ggattcttga gctcctatgc tgtaagacta acatggtata aaaggagctt ttatacagat
 5701 gtgacacctg acgtggcaga ccagctactg catgggtctt atttctcttg ctttacagcc
 5761 aatgaagtaa ggagagccat caggggagaa aagatattgt cctactgcaa ctatccatca
 5821 gctcacgaag ggcaggtacc aagcttacag tttctagccc taagggtcat acaggaagga
 5881 aaagATGgat cccagggaga gagtgccacc aggaaacagc gacgaagaaa caataggaga
      vpX ->
 5941 agcattcgat tggctagaaa gaacaataac agagctcaac agggtagcag tcaaccactt
 6001 gccccgagaa ctcattttcc aggtctggca gaggtgttgg gcatactggc gTGAggaaca
                                                              <- vif end
 6061 gggcatgtca agtagttata ccaaatatag atacttgttg ctaatgcaga aagcaatgtt
 6121 tgtgcactat acaaagggct gtagatgcct gcaggagggc catgggccag ggggatggag
 6181 atcaggacct cctcctcctc ctccccccagg cctagccTAA TGgcagaagc agccccagag
                                vpR cds start ->
                                                  <- vpX cds end
 6241 actcctccag agaatgaaag cccacagaga gagccatggg aagagtgggt agaggacgtc
 6301 atggaggaaa taaagcaaga agccttaagg cattttgatc cccgcttgct aactgcgctt
 6361 ggtaatttta tctacagtag gcATGgagat acccttgcag gagcaggaga gctcattaaa
              tat cds start ->
 6421 atcctccagc gagccctctt cctccacttc agagccggtt gtcaacactc aaggatcgga
 6481 caaccagggg gaggaaatcc tctctcagct ataccgccct ctTGAagcat gcgataataa
                                                     <- vpR cds end
 6541 atgctactgt aaaaaatgct gttaccattg ccagctttgt ttccttaaaa agggccttgg
 6601 gatatggtAT Gaccactcga gaaaaagatc ttcaaaaagg gctaaggtta ctgcatcttc
rev cds start ->
 6661 tgcatcagac gaGTgagtAT Ggcacacact agcaatcacc tgtttatttt gctcctactt
           5' sj /\  (tat, rev)
          env cds start ->
 6721 ataagtgtct atgggtttct gggtcataag aaaaactatg tcactgtctt ctatggcata
 6781 cctgcatgga ggaacgcaac ggttcctctc ttctgtgcaa ccacaaacag ggatacctgg
 6841 ggaactgtac agtgcctccc agacaatggg gattacaccg agatcagtgt aaatataaca
 6901 gaggcttttg atgcatggaa taatacagta acagaacagg cagtagatga tgtgtggagt
 6961 ctttttgaaa cctccataaa accatgtgtt aagctgacgc cgctgtgcgt ggcaatgaga
 7021 tgtaataaca caggaaccaa tactactact aaacctatta ctacacctat tactactact
 7081 aaaccatcag aaaacttact caacgacaca agtccatgta ttaaaaatga cacctgcccg
 7141 ggaataggac tagaaaacac agttgactgt tactttaaca tgacaggact aagaagagat
 7201 gagaaaaaac aatataagga cacctggtac gaaaaagatt tagagtgcaa cggcaacagc
 7261 accagcacca tatgttacat gagaacttgt aatacctcag tgatccaaga gtcatgtgat
 7321 aaacattact gggacagctt aagatttagg tactgtgctc ccccaggata tgctctgcta
 7381 agatgtaatg acaccaacta ttcaggcttt atgccaaaat gtagtaaagt agtagtgtcc
 7441 tcttgcacaa gaatgatgga gacacagacc tctacatggt ttggcttcaa tggtacgagg
 7501 acagaaaata ggacatatat gtattggcat agtaaagata ataggaccat cataagcttg
 7561 aataagtatt ataatctaac aatgcattgc agaaggccag ggaacaagac agtcatacca
 7621 ataacaatca tgtcaggact gaatttccat tcgcagcctc tcaataccag acccagacag
 7681 gcttggtgct ggtttaaggg aaactggata gaagccataa gggaggtaaa ggagaccatc
 7741 ataaaacatc ccaggtataa aggaacaaat aacaccgaga ggataagatt ggtagggccc
 7801 tcggcaggtt cagacccaga ggtgagacat atgtggacta actgtagggg agaattcttc
 7861 tattgtaata tgacctggtt tttaaactgg gtggagaaca gaacaggtac aactcagaag
 7921 aattatgtga cgtgccacat caaacagata gtcaacacgt ggcacaaggt tggaaaatac
 7981 gtatatttgc ctccaaggga gggtacgctc tcctgtaatt ccagtgtcac cagtcttata
 8041 gccaacattg acgtgtatta tgatggcaat gataccaaga ccaatattac catgagtgca
 8101 gaagtgggag aactgtacag attggaactg ggggactaca aattagtaga aataacaccg
 8161 attggctttg cacctacaga gataaaaaga tattcctcaa cgacaccgag gaataaaaga
 8221 ggtgtaatgg tgctagggtt cttgggactt cttgcaatgg caggttctgc aatgggcgca
 8281 acgtccttga cgctgtcagc tcagtcccgg actttactgg ctgggatagt gcagcagcag
 8341 caacagctgc tggacgtggt caaaagacaa caggaactgt tgcggctgac cgtctgggga
 8401 acgaaaaacc tccagacaag agtcactgcc atcgagaaat acctaaagga ccaggcacta
 8461 ctaaattcgt ggggatgtgc ttttaggcag gtttgtcaca cgactgtacc atggccaaat
 8521 gaaactctca caccagactg ggaaaacatg acatggcaac agtgggaaaa gcgagtcaat
 8581 ttcttggatg caaatataac agccctgtta gaagaggctc agatacaaca agaaaggaac
 8641 atgtatgaat tacagaaatt aaatagctgg gatgtttttg gtaattggtt tgacttcacc
 8701 tcctggatgg catacatcag gttaggacta tatgtagtag caggattaat agtgttaaga
 8761 atagtaatat acattatgca gatgctagca agacttagga agggctatag gccagtattc
```

```
 8821 tcctcccctc cctcttatac tcaacAGatc cctatccgca aacaccgggg acagccagcc
                                /\ 3' sj  (tat, rev)
 8881 aacgaagaaa cagaagacga aggtggaaac gaaggggctt acagatcttg gccctggcag
 8941 aTAGaatacg ctcactttct gattcgccaa ctgaggaacc tcttgatttg gctgtacaac
        <- tat cds end
 9001 ggctgcagga acttactgtt gaagacctcc caaatcctcc aaccagcact ccaaccgctc
 9061 aggctttcac ttgcatacct ccagtATGgg atcagctggt tccaagaagc aatccaagca
                  nef cds start ->
 9121 gcaacgaggg ctgcgagaga gactcttgcg aacacaggaa gagccctatg gaaagctctc
 9181 agaaggacag cggaagcaat catcgcgatc cccaggagga tcagacaagg actTGAactc
                                                              <- rev cds
 9241 gccctcttgT GAgggacgca atgccccaag agcagaaggg ggagggcaac aagatacaga
                <- env cds end
 9301 tgatagtgat gaggataatg aagtgggggt ctatgtaaga cccaataggc cactgagatc
 9361 aatgacatac aagatggcaa tagacatgtc tcattttata aaagaaaagg ggggactgga
                                                          3' LTR ->
 9421 agggatttac tatagtgaga gaagacatag aatactagac acatatctag agaatgagga
 9481 aggcattgta tctggatggc aaaactatac atatgggcca gggataaggt atccaaggac
 9541 ctttgggtgg ctgtggaagc tagtgccagt agatatacca gaggaggaaa ggggagcgga
 9601 aaccagttgt ctggtgcacc cagcacagat ctcttcatgg gatgacatcc acggggagac
 9661 ccttgcctgg cggtttgacc ccctcctggc acatgactat gtagccttca acaggtaccc
 9721 agaagagttt gggtatcagt caggattacc agagaaggag TGAaaggcta gactaaaagc
                                                 <- nef
 9781 aagagggata cctacagact aggcaagaga cagcagcata aacaggaact agctgacact
 9841 gcacaagagg gaaactagct gacaccgcag ggactttcca aaagaggctg taacatggga
 9901 gggacatggg aggagttggt tgggaacgcc cattaaatct ctgtataaat gtacccgctt
 9961 cttgcattgt attcagtcgc tctgcggaga ggctggcaga tcgagccctg ggaggttctc
10021 tccagcacta gcaggtagag cctgggtgtt ccctgctaga ctctcaccag cacttggccg
10081 gtgctgggca gacggctcca cgcttgcttg cttaaaaccc tcttaataaa ctgccaatta
10141 gaagcaagtt gagtgtgtgt tcccatctct cctagtcgcc gcctggtcat tcaatgctct
10201 actaaaataa agaccctggt ctgttaggac cctttctgct ttgggaaacc aaggcaggaa
10261 aatccctagc a
```

HIV21971P6

```
LOCUS       HIV21971P6    708 bp ds-DNA
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 2, isolate MVP-11971, partial
            pol coding sequence
ACCESSION   L16971
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 2 (HIV-2), isolate MVP-11971,
            proviral DNA (cocultivation of viral isolate on PBMCs).
REFERENCE   1  (bases 1 to 708)
  AUTHORS   Gao,F., Yue,L., Sharp,P.M. and Hahn,B.H.
  TITLE     Genetic typing of HIV-2 from a Senegalese/German heterosexual
            transmission
  JOURNAL   AIDS Res. Hum. Retroviruses 9, 703-704 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication in computer readable form
            by Beatrice Hahn, Departments of Medicine and Microbiology,
            University of Alabama at Birmingham, Birmingham, AL 35294.
            This viral sequence clusters with HIV-2 subtype A sequences.
            The woman infected with the virus died of AIDS. Isolates MVP-
            11971 and 15132 are available from the NIH/DAIDS AIDS Research
            and Reference Program. See <HIV25132P3>, accession number
            L16970, and related envelope coding sequences representing the
            MVP-15132 isolate, accession numbers L16963-L16969.
BASE COUNT      283 a    138 c    157 g    130 t
ORIGIN      2173 bp downstream from beginning of pol cds
        1 aatggggata gtagcaggcc aaccaacaga atcagaaagt aaaatagtaa accaaatcat
    pol ->
       61 tgaggacatg ataaagaagg aagcagtcta tgttgcatgg gtcccagccc ataaaggcat
      121 aggaggaaac caggaagtag accacttagt aagtcagggc atcagacaag tattattcct
      181 ggaaaagata gagcccgctc aagaggaaca tgaaaaatat catagcaata taaaagaact
      241 aacccataaa tttgcaatac cccaactagt ggcaagacag atagtaaaca catgtaccca
      301 atgccaacag aaaggagagg ccatacatgg gcaagtaaat gcagaaatgg gcgtttggca
      361 aatggactgc acacacttag aaggaaaaat cattatagta gcagtacatg ttgcaagtga
      421 gttcatagaa gcagaagtca tcccacagga atcaggaagg cagacagccc tcttcctatt
      481 aaaactggcc agtaggtggc caataacaca cctgcacaca gacaatggct ccaacttcac
      541 ttcacaggaa gtgaagatgg tggcatggtg gataggtata gagcaatcct ttggagtacc
      601 ttacaaccca caaagccagg gagtggtaga agcaatgaat caccacctaa aaaatcagat
      661 aagtaaaatt agagaacaag caaatacaat agaaacaata gtactaat
                                                          pol ->
```

```
LOCUS       HIV25132P1    708 bp ds-DNA
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 2, isolate MVP-15132, partial
            pol coding sequence
ACCESSION   L16970
SEGMENT     1 of 2
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 2 (HIV-2), isolate MVP-15132,
            proviral DNA (cocultivation of viral isolate on PBMCs).
REFERENCE   1  (bases 1 to 708)
  AUTHORS   Gao,F., Yue,L., Sharp,P.M. and Hahn,B.H.
  TITLE     Genetic typing of HIV-2 from a Senegalese/German heterosexual
            transmission
  JOURNAL   AIDS Res. Hum. Retroviruses 9, 703-704 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication in computer readable form
            by Beatrice Hahn, Departments of Medicine and Microbiology,
            University of Alabama at Birmingham, Birmingham, AL 35294.
            This sequence clusters with HIV-2 subtype A sequences. The
            woman infected by the virus died of AIDS. Isolates MVP-15132
            and MVP-11971 are available from the NIH/DAIDS AIDS Research
            and Reference Program. See <HIV21971P6>, accession number
            L16971, and MVP-15132 env sequences, accession numbers L16963-
            L16969.
BASE COUNT      284 a    137 c    155 g    132 t
ORIGIN      2173 bp downstream from beginning of pol cds
        1 aatggggata gtagcaggcc aaccaacaga atcagaaagt aaaatagtaa accaaatcat
     pol ->
       61 tgaggacatg ataaagaagg aagcagtcta tgttgcatgg gtcccagccc ataaaggcat
      121 aggaggaaac caggaaatag accatttagt gagtcagggc atcagacaag tattattctt
      181 ggaaaacata gagcccgctc aagaggaaca tgaaaaatat catagcaata taaaagaact
      241 aacccataaa tttgcaatac cccaactagt ggcaagacag atagtaaaca catgtaccaa
      301 atgccaacag aaaggagaag ccatacatgg gcaagtaaat gcagaactag gcgtctggca
      361 aatggactgc acacacttag gaggaaaaat cattatagta gcagtacatg ttgcaagtgg
      421 attcatagaa gcagaagtca tcccacagga atcaggaagg cagacagccc tcttcctatt
      481 aaaactggcc agtaggtggc caataacaca cttgcacaca gacaatggct ccaacttcac
      541 ttcacaggaa gtgaagatgg tggcatggtg gataggtata gagcaatcct ttggagtacc
      601 ttacaaccca cagagccagg gagtagtaga agcaatgaat caccacctaa aaaatcagat
      661 aagtaaaatt agagaacaag caaatacaat agaaacaata gtactaat
                                                          pol ->
```

HIV25132E2

```
LOCUS       HIV25132E2    453 bp ss-RNA            VRL       20-MAY-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 2, isolate 15132, partial
            env gp41 region.
ACCESSION   L16963
SEGMENT     2 of 2
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 2 (HIV-2), isolate MVP-15132,
            proviral DNA (cocultivation on PBMCs)
REFERENCE   1  (bases 1 to 453)
  AUTHORS   Gao,F., Yue,L., Sharp,P.M. and Hahn,B.H.
  TITLE     Genetic typing of HIV-2 from a Senegalese/German heterosexual
            transmission
  JOURNAL   AIDS Res. Hum. Retroviruses 9, 703-704 (1993)
COMMENT     Kindly provided prior to publication in computer readable form
            by Beatrice Hahn, Departments of Medicine and Microbiology,
            University of Alabama at Birmingham, Birmingham, AL 35294.
            This sequence is part of a set of seven clone sequences repre-
            senting viral isolate MVP-15132; see accession numbers L16964-
            L16969 and alignment below. These sequences cluster with HIV-2
            subtype A sequences. The woman infected with this virus died of
            AIDS. Isolates MVP-15132 and MVP-11971, available from the NIH/
            DAIDS AIDS Research and Reference Program, have also been sequenced
            in the pol coding region (see accession numbers L16970-L16971).
BASE COUNT      162 a     80 c    107 g    104 t
ORIGIN      1662 bp downstream from beginning of env cds
        1 gacgtagtca agagacaaca agaaatgttg cgactgaccg tctggggaac gaaaaatctc
     env ->
       61 caggcaagag tcactgctat cgagaagtac ttaaaggacc aggcacagct aaattcatgg
      121 ggatgtgcgt ttaggcaggt ctgccacact actgtaccat gggtaaatga ttccttaacg
      181 cctgactggg acaatatgac atggcaagaa tgggaggaac gagtccgcta cctagaggca
      241 aatatcagtc aaagtttaga acaggcacaa attcaacaag agaaaaatat gtatgaatta
      301 caaaaactaa atagctggga tgtctttggc aactggtttg acttaacctc ctggatcaaa
      361 tatattcaat atggagtcta tatagtagca ggagtaatag ctttaagaat agcaatatac
      421 atagtgcaaa tgctaagtag acttagaaag ggc
                                        env ->
```

```
----
CONSENSUS  GACGTAGTCAAGAGACAACAAGAAATGTTGCGACTGACCGTCTGGGGAACGAAAAATCTCCAGGCAAGAG    70
HIV25132E1 ------------------------------------------------------------------    70
HIV25132E3 ----------------------------------------------------A-------------    70
HIV25132E4 ------------------------------------------------------------------G-    70
HIV25132E5 ----------------------------------------------------------------G---    70
HIV25132E6 ------------------------------------------------------------------    70
HIV25132E7 ------------------------------------------------------------------    70
HIV25132E2 ---- ----------------------------------------------------------G----    70

CONSENSUS  TCACTGCTATCGAGAAGTACTTAAAGGACCAGGCACAGCTAAATTCATGGGGATGTGCGTTTAGGCAGGT   140
HIV25132E1 ------------------------------------------------------------------   140
HIV25132E3 ------------------------------------------------------------------   140
HIV25132E4 ------------------------------------------------------------------   140
HIV25132E5 ------------------------------------------------------------------   140
HIV25132E6 ------------------------------------------------------------------   140
HIV25132E7 ------------------------------------------------------------------   140
HIV25132E2 ------------------------------------------------------------------   140

CONSENSUS  CTGCCACACTACTGTACCATGGGTAAATGACTCCTTAACGCCTGACTGGGACAATATGACATGGCAGGAA   210
HIV25132E1 ----------------------------T-------------------------------A---   210
HIV25132E3 ------------------------------------------------------------------   210
HIV25132E4 ------------------------------------------------------------------   210
HIV25132E5 ------------------------------------------------------------------   210
HIV25132E6 ------------------------------------------------------------------   210
HIV25132E7 ------------------------------------------------------------------   210
HIV25132E2 ------------------------------------------------------------------   210
```

```
CONSENSUS  TGGGAGAAACGAGTCCGCTACCTAGAGGCAAATATCAGTCAAAGTTTAGAACAGGCACAAATTCAACAAG    280
HIV25132E1 ------ G----------------------------------------------------------    280
HIV25132E3 ----------------------------------------------------------------    280
HIV25132E4 ------------------------------------------C---------------------    280
HIV25132E5 ----------------------------------------------------------------    280
HIV25132E6 ----------------------------------------------------------------    280
HIV25132E7 ----------------------------------------------------------------    280
HIV25132E2 ----------------------------------------------------------------    280

CONSENSUS  AGAAAAATATGTATGAATTACAAAAACTAAATAGCTGGGATGTCTTTGGCAACTGGTTTGACTTAACCTC    350
HIV25132E1 ----------------------------------------------------------------    350
HIV25132E3 ----------------------------------------------------------------    350
HIV25132E4 ----------------------------------------------------------------    350
HIV25132E5 ----------------------------------------------------------------    350
HIV25132E6 ----------------------------------------------------------------    350
HIV25132E7 ----------------------------------------------------------------    350
HIV25132E2 ----------------------------------------------------------------    350

CONSENSUS  CTGGATCAAATATATTCAATATGGAGTCTATATAGTAGCAGGAGTAATAGCTTTAAGAATAGCAATATAC    420
HIV25132E1 ----------------------------------------------------------------    420
HIV25132E3 ---------------A----------------------------------------------------    420
HIV25132E4 ----------------------------------------------------------------    420
HIV25132E5 ----------------------------------------------------------------    420
HIV25132E6 ----------------------------------------------------------------    420
HIV25132E7 ----------------------------------------------------------------    420
HIV25132E2 ----------------------------------------------------------------    420

CONSENSUS  ATAGTGCAAATGCTAAGTAGACTTAGAAAGGGC          453
HIV25132E1 ---------------------------------          453
HIV25132E3 ---------------------------------          453
HIV25132E4 ---------------------------------          453
HIV25132E5 ---------------------------------          453
HIV25132E6 ---------------------------------          453
HIV25132E7 ---------------------------------          453
HIV25132E2 ---------------------------------          453
```

HIV2GB1221

```
LOCUS       HIV2GB1221    331 bp ds-DNA             VRL       19-FEB-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 2, sample GB122B from Guinea
            Bissau, partial env cds.
ACCESSION   L10638
SEGMENT     1 of 2
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 2 (HIV-2), sample GB122B.
REFERENCE   1  (bases 1 to 331)
  AUTHORS   Otten,R.A., Brown,B., Simon,M., Lupo,L.D., Parekh,B.,
            Lairmore,M.D., Schable,C.A., Schochetman,G. and Rayfield,M.A.
  TITLE     CD4 cell depletion in pigtail macaques (Macaca nemestrina) as a
            result of infection with a recent field isolate of HIV-2
  JOURNAL   Unpublished (1993)
COMMENT     This is one of two segments of this sequence.  The other segment
            from gp41 cds is <HIV2GB1222>
BASE COUNT      118 a     59 c     67 g     87 t
ORIGIN      705 bp downstream from the beginning of env cds
        1 tgtaatgata ccaattattc tggctttgag cccaattgtt ctaaagtagt agcttctaca
     env ->
       61 tgcaccagga tgatggaaac acaaacttct acatggtttg gctttaatgg cacaagagca
      121 gaaaatagga catatatcta ttggcatggc aaaagtgaca gaactatctt cagcttaaat
      181 aagtattata atctcactat acattgtaaa aggccaggaa ataaaacagt ggtaccaatg
      241 acacttatgt caggacaaag atatcatttc cggccagtaa tcaatgacaa acctaggcaa
      301 gcatggtgct ggttcagtgg caaatggaaa g
                                       env ->
```

```
LOCUS       HIV2GB1222   1044 bp ds-DNA             VRL       19-FEB-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 2, sample GB122A from Guinea
            Bissau, partial env cds, gp41 region.
ACCESSION   L10637
SEGMENT     2 of 2
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 2 (HIV-2), sample GB122A.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1044)
  AUTHORS   Otten,R.A., Brown,B., Simon,M., Lupo,L.D., Parekh,B.,
            Lairmore,M.D., Schable,C.A., Schochetman,G. and Rayfield,M.A.
  TITLE     CD4 cell depletion in pigtail macaques (Macaca nemestrina) as a
            result of infection with a recent field isolate of HIV-2
  JOURNAL   Unpublished (1993)
COMMENT     This is one of two segments of this sequence.  The other
            segment, from gp120, is <HIV2GB1221>.
BASE COUNT      305 a    232 c    274 g    233 t
ORIGIN      1534 bp downstream from the beginning of env cds (in gp41 cds)
        1 ggtgtgcttg tgctagggtt cttgggtttt ctcgcgacag caggttctgc aatgggcgcg
     env ->
       61 gcgtccttga ccgtgtcggc tcagtcccgg actttactgg ccgggatagt gcagcaacag
      121 caacagctgg tggacgtggt caagagacaa caagaaatgt tgcgactgac cgtctgggga
      181 acaaaaaatc tccagacaag agtcactgct atagagaagt acctaaagga ccaggcgcac
      241 gtaaattcat ggggatgtgc gtttagacaa gtctgccaca ctactgtacc atgggtaaat
      301 gattctttaa cacctgattg gaacaatatg acatggcaag aatgggaaca acaagtccgc
      361 tacctggaag caaatatcag tgaaagacta gaacaagcac aaattcagca ggaaaaaaat
      421 atgtatgagt tacaaaaatt aaatagctgg gatgtttttg gcaactggct tgacttaacc
      481 tcctgggtca aatatattca ctatggagtt gtcatagtag taggaatagt agttttaaga
      541 atagtaatat atgtagtaca aatgctaagt agacttagga agggctatag gcctgttttc
      601 tcttcccccc ccggttacat ccaacAGatc catatccaca aggaccagga acagccaacc
                                      /\ 3' sj
      661 agagaagaaa cagaagaaga cgttggaagc aacgttggag acagattctg gccctggccg
      721 aTAGcatata tacatttcct gatccgccta ctgagtcgcc tcttgatcgg actgtacaac
            <- tat end
      781 agctgcagga acttactatc caggatcttc ctgaccctcc agcccatctt ccagaatctc
      841 agagactggc cgagacttag aacagccttc ttgcaatATG ggtgcgagtg gatccaagaa
                                     nef cds start ->
      901 gcattccagg ccgccgcgag ggctacaaga gagactcttg cgggcgcgtg caggggcctg
      961 tgggggacat tgggaagaat tgggagggga atccttgcgg tcccaagaag aatcaggcag
     1021 ggggcagaaa tcaccctcct gTGA
                                  <- env
```

HIV2GH2P22

```
LOCUS       HIV2GH2P22    1386 bp ds-DNA             VRL       20-JUL-1992
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 2, isolate GH2, clone pGH-20,
            partial env cds (gp41).
ACCESSION   D10458
SEGMENT     2 of 2
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 2 (HIV-2), isolate GH-2 clone
            pGH-20.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1386)
  AUTHORS   Kawamura,M., Katahira,J., Fukasawa,M., Sakuragi,J., Ishikawa,K.,
            Nakai,M., Mingle,J.A., Osei-Kwasi,M., Netty,V.B., Akari,H.,
            Hishida,O., Tomonaga,K., Miura,T. and Hayami,M.
  TITLE     Isolation and characterization of a highly divergent HIV-2[GH-2]:
            Generation of an infectious molecular clone and functional analysis
            of its rev-responsive element in response to primate retrovirus
            transactivators (rev and rex)
  JOURNAL   Virology 188, 850-853 (1992)
COMMENT     The GH2 virus clusters with HIV-2 B subtype viruses such as
            D205 and UC-1. Its LTR sequence has previously been published
            as <HIV2GH2LTR>, accession number M69108 (see p. I-B-98 of
            SEP 92).
BASE COUNT      427 a    309 c    339 g    311 t
ORIGIN      1113 bp downstream from the beginning of env cds
        1 ttcttatatt gtaatatgaa ttggttctta aactgggtag agaacaaaac aaaagaaact
     env ->
       61 cggagaaatt atgtgccatg ccatatcaga cagataatta acacgtggca caaagttggg
      121 agaaatatat atttgcctcc aagagaaggt ctgctatcat gtaattccac tgtgactagc
      181 atcatagcca acatcaactc agcaaataat gccaccaata tttccgtgag tgcagaagtg
      241 tcagaactgt atagactgga acctggggac tataaactag tagaaataac accaattggc
      301 tttgcaccta cagaagtaaa aagatactcc tcagtgaatc ctagaaacaa aagaggtgta
      361 ctggtgctgg gattcttggg attccttgca atggcaggtt ctgcaatggg cgcaagctct
      421 ttgacgctgt cagctcagtc ccggacttta ctggctggga tagtgcagca gcagcaacag
      481 ctgctggacg tggtcaaaag acaacaggaa ctgtgtcggc tgaccgtctg ggggacaaag
      541 aacctccaga caagagtcac tgccatcgag aaatacctaa aggatcaggc acaactaaat
      601 tcgtggggat gtgctttcag acaggtctgt cacacgactg taccatggcc gaatgacact
      661 ctcaaaccag attggcagaa catgacatgg caacagtggg agaagcaagt caatttcttg
      721 gaagcaaata taacagctct attagaagaa gctcagatac aacaagaaaa gaacatgtat
      781 gaattgcaga aactaaatag ctgggatgtt tttggtaatt ggttcgacct cacctcctgg
      841 ataaaatata tccatttagg actatatgta gtagcagggc taatagtgct aagaatagta
      901 gtatacattg tgcagatgct agcaagactt aggaagggct ataggccagt attttcctcc
      961 cctccctctt atactcaacA Gatccctatc cgcaagggcc ggggacagcc agccaacgaa
                              /\ 3' sj   (tat, rev, nef)
     1021 gaaacagaag aaggaggtgg agaagacggg ggctacagat cttggccctg gcagaTAGaa
                                                                  <- tat
     1081 tacattcact ttctgctacg ccagccgagg aacctcttga tttggctata caacagctgc
     1141 agcaccttac tgttgaagac cttccgaacc ctccaaccaa tactccaacc gctcaggctc
     1201 ctggttgcgt acctccagtA TGggatcgac tggttccaag aggcgctccg agcagcagca
                  nef start ->
     1261 agggttacga gagagactct tgcgagtgcg ggagagacct tctgggagat cctcaggagg
     1321 atggcgggag cgatcgtcgc gatccccagg agaatcagac aaagactTGA actcgccctc
                                                        <- rev end
     1381 ttgTGA
             <- env end
```

```
LOCUS       HIV2S52907   1686 bp
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 2, sample S52907, pol RT region.
ACCESSION   S52907
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 2 (HIV-2), sample S52907.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1686)
  AUTHORS   Warren,T.C., Miglietta,J.J., Shrutkowski,A., Rose,J.M.,
            Rogers,S.L., Lubbe,K., Shih,C.K., Caviness,G.O., Ingraham,R.,
            Palladino,D.E. et al.
  TITLE     Comparative purification of recombinant HIV-1 and HIV-2 reverse
            transcriptase: preparation of heterodimeric enzyme devoid of
            unprocessed gene product.
  JOURNAL   Protein Expr. Purif. 3, 479-487 (1992)
COMMENT     This entry [NCBI gibbsq 123161] was created by the journal scanning
            component of NCBI/GenBank at the National Library of Medicine.
            The sequence shown below comes from Fig. 1.
BASE COUNT      677 a    311 c    371 g    327 t
ORIGIN      549 bp from beginning of pol orf
        1 atggcagtcg ccaaagtaga gccaataaaa ataatgctaa agccaggaaa agatggacca
     pol ->
       61 aaactgagac aatggccctt aacaaaagaa aaaatagaag cattaaaaga aatctgtgaa
      121 aaaatggaaa aagaaggcca gctagaggaa gcacctccaa ctaatcctta taatacccc
      181 acatttgcaa tcaagaaaaa ggacaaaaac aaatggagga tgctaataga tttcagagaa
      241 ctaaacaagg taactcaaga tttcacagaa attcagttag gaattccaca cccagcagga
      301 ttggccaaga agagaagaat tactgtacta gatgtagggg atgcttactt ttccatacca
      361 ctacatgagg actttagacc atatactgca tttactctac catcagtgaa caatgcagaa
      421 ccaggaaaaa gatacatata taaagtcttg ccacagggat ggaagggatc accagcaatt
      481 tttcaacaca caatgagaca ggtattagaa ccattcagaa aagcaaacaa ggatgtcatc
      541 atcattcagt acatggatga tatcttaata gctagtgaca ggacagattt agaacatgac
      601 agggtaatcc tgcaactcaa ggaacttcta aatggcctag gattttctac cccagatgag
      661 aagttccaaa aagacccgcc ataccactgg atgggttatg aactatggcc aactaaatgg
      721 aagttgcaga aaatacagtt gccccaaaaa gaaatatgga cagtcaatga catccagaag
      781 ctagtgggtg tcctaaattg ggcagcacaa ctctacccag ggataaagac caaacactta
      841 tgtaggttaa tcagaggaaa aatgacactc acagaagaag tacagtggac agaattagca
      901 gaagcagagc tagaagaaaa cagaattatc ctaagccagg aacaagaggg acactattac
      961 caagaagaaa aagagttaga agcaacagtc caaaaggatc aagacaatca gtggacatat
     1021 aaaatacacc aggaagacaa aattctaaaa gtaggaaagt atgcaaaggt aaaaaacacc
     1081 cataccaatg gaatcagatt gttagcacag gtagttcaaa aaataggaaa agaagcactg
     1141 gtcatttggg gacgaatacc gaaatttcac ctaccagtag agagggaaat ctgggagcaa
     1201 tggtgggata actactggca agtgacatgg atcccagact gggacttcgt gtctacccca
     1261 ccactggtca ggttagcgtt taacctggta ggggatccta taccaggtgc agagaccttc
     1321 tacacagatg gatcctgcaa taggcaatca aaagaaggaa aagcaggata tgtaacagat
     1381 agagggaaag acaaggtaaa gaaactagag caaactacca atcagcaagc agaattagaa
     1441 gcctttgcga tggcactaac agactcgggt ccaaaagtta atattatagt agactcacag
     1501 tatgtaatgg gaatagtagc aagccaacca acagagtcag aaagtaaaat agtgaaccag
     1561 atcatagaag aaatgataaa aaaggaagca atctatgttg catgggtccc agcccacaaa
     1621 ggcatagggg gaaaccagga agtagatcat ttagtgagtc agggtatcag acaagtgttg
     1681 taatag
           pol ->
```

HIV21888A

```
LOCUS       HIV21888A     297 bp ds-DNA             VRL       12-JAN-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 2, sample 1888A,  partial pol
            cds, protease gene.
ACCESSION   L08462
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 2 (HIV-2), sample 1888A.
REFERENCE   1  (bases 1 to 297)
  AUTHORS   Pieniazek,D., de Cock,K.M., Owen,S.M., Fridlung,C., Brattegaard,K.,
            Pieniazek,N.J., George,R.J., Schochetman,G. and Rayfield,M.A.
  TITLE     Phylogenetic relationships among Human Immunodeficiency Virus (HIV)
            isolates from single and mixed HIV-1/HIV-2 infections
  JOURNAL   Submitted (1993)
COMMENT     Kindly submitted prior to publication by Dr. D. Pieniazek, CDC,
            Atlanta GA., (404)-639-1000.
BASE COUNT      109 a     53 c     68 g     67 t
ORIGIN      565 bp downstream from beginning of pol orf
        1 cctcaattct ctctttggaa aagaccagta gtcacagcat acattgaggg tcagccagta
     pol ->
       61 gaagtcttgt tagacacggg ggctgacgac tcaatagtag caggaataga gttagggaac
      121 aattatagcc caaaaatagt agggggaata gggggattca taaataccaa ggaatataaa
      181 aatgtagaaa tagaagttct aaataagaga gtacgggcca ccataatgac aggcgacacc
      241 ccaatcaaca tttttggcag aaatattctg acagccttag gcatgtcatt aaatcta
                                                                    pol ->
```

```
----
CON50       CCTCAA?TC?CTCTTTGG?AA?GACC??TAGTCACAG?AAACATAG?GGG?CAGC?A?TAGAAG??CTAT      57
HIV1888A    ------T--T--------A--A----AG---------C-T----T-A---T----C-G------TCT-G-      70
HIV310060A  ------A--A--------C--C----CT---------T--GA----G---A----T-A------CC----      70
HIV310060B  ------T--T--------A--A----AG---------C-C----T-A---C----CCG------TTT--C      70
HIV310294A  ------A--A--------C--C----CC-C------AT---G----G---A--A-T-AAG----CT----      70
HIV310294B  ------T--T--------A--A----AG---------C-C----T-A---C----CCG------TTT--C      70
HIV77618A   ------T--T--------A--A----AG---------C-T----C-A---G----CGG------TC---C      70
HIV841029A  ------A--A--------C--C----CT---------T--GA----G---A----T-A------CC----      70
HIV841056A  ------A--A--------C--C----CT--A------T--GA----G---A----T-A------CC----      70
HIV855A     ------A--A--------C--C----CC-C------AT---G----G---G--A-T-AAG----CT----      70
HIV89867A   ------A--A--------C--C----CC-C------AT---G----G---G--A-T-AAG----CT----      70
HIV89867B   ------T--T--------A--A----AG---------C-T----C-A---G----CGG------TC----      70
HIV90011A   ------A--A--------C--C----CC-C-----  -AT---A----G--AG--A-T-AAG----CC----      70
HIV90011B   ------T--T--------A--A----AA---------C-T----C-A---A----CGG------TC----      70
HIVGB122A   ------T--T--------A--A----AG---------C-C----T-A---T----C-G------TTT-GC      70
HIVGB87A    ------T--T--------A--A----AG---------C-C----T-A---C----CCG------TTT--C      70
HIVUGXA     ------A--A--------C--C----CC-C------AT---G----G---A--A-T-AAG----CT----      70

CON50       TAGACACAGG?GC?GATGA??CA?TAGTAG?AGAAATAGA?TTA??AGG?AA?T?GAAACCAAAAAT??T     113
HIV1888A    -------G--G--T--C--CT--A------C--G------G---GGGAAC--T-AT-GC--------AG-     140
HIV310060A  ----------A--A-----TA--G--T---A--------A-T---CC---A--A-G----------GA-     140
HIV310060B  ----------G--T-----CT--A------C--G------G---GGGA-CG-T-AT--T--------AG-     140
HIV310294A  ----T-----A--A-----TA--G--T---A------GAGT--GCC---A--A-G----------GA-     140
HIV310294B  ----------G--T-----CT--A------C--G------G---GGGA-CG-T-AT--T--------AG-     140
HIV77618A   -G--------G--T-----CT--A------C---------G---GGG-AC--T-AC-CT------G-AG-     140
HIV841029A  ----------A--A-----TA--G--T---A-------A-T---CC---A--A-G----------GA-     140
HIV841056A  ----------A--A-----TA--G--T---A-------A-T---CC---A--A-G----------GA-     140
HIV855A     ----T-----A--A-----TA--G--A---A------GA-T--GCC---A--A-G----------GA-     140
HIV89867A   ----T-----A--A-----TA--G--T---A--G---GA-T--GCC---A-GA-G----------GA-     140
HIV89867B   -G--------G--T-----CT--A------C--G------G---GGG-AC--T-AC-CT------G-AG-     140
HIV90011A   ----T-----A--A-----TA--G--T---A---C--GC-T--GCC---A--A-G----------GA-     140
HIV90011B   -G--------G--T-----CT--A------C---------G---GGG-AC--T-AC-CT--------AG-     140
HIVGB122A   ----------G--T--C--CT--A------CG-G------GC--GG-T-CG-T-AT-GC--------AG-     140
HIVGB87A    ----------G--T-----CT--A------C--G------G---GGGA-CG-T-AT--T--------AG-     140
HIVUGXA     ----T-----A--A-----TA--G--T---A------GAGT--GCC---A--A-G----------GA-     140
```

```
CON50       AGGGGGAAT?GG?GG?TT?AT?AAA???AAA?AATAT?AACAT?TA?AAATAGAAAT???AGG?AAAAGA    167
HIV1888A    ---------A--G--A--C--A--TACC--GG-----A--A--G--G--------G-TCT-AAT--G---    210
HIV310060A  ---------T--A--T--T--C---GTA-G-C-----G-T--GA--CTT--------TTGT--A----AG    210
HIV310060B  ---------A--G--A--C--A--TACC---G-----A--A--G--A--------G-ACT-AAT-----G    210
HIV310294A  ---------T--A--T--T--C---GTA-G-C-G---G-T--AA--CTCG-------CTGT--AC-T-A-    210
HIV310294B  ---------A--G--A--C--A--TACC---G-----A--A--G--A--------G-ACT-AAT-----G    210
HIV77618A   G--------A--G--A--C--A--CACC---G-----A--A--G--G-----A--G-ACT-AAT------    210
HIV841029A  ---------T--A--T--T--C---GTA-G-C-----G-T--GA--CTT--------TTGT--A----AG    210
HIV841056A  ---------T--A--T--T--C---GTA-G-C-G---G-T--GA--GTTT-------TTGT--A-----G    210
HIV855A     ---------T--A--T--T--C---GTA-G-C-G---G-T--GA--CCC--------CTGT--AC-T-A-    210
HIV89867A   ---------T--A--T--T--C---GTA-G-C-G---G-T--GA--TCC--------CTGT--AC-G-A-    210
HIV89867B   G--------A--G--A--C--A--CACC---G-----A--A--G--G-----A--G-ACT-AAT------    210
HIV90011A   ---------T--A--T--T--C---GTA---C-G---G-G--GA--CCC--------CTGC--AC-T-A-    210
HIV90011B   G--------A--G--A--C--A--CACC---G-----A--A--G--G-----A--G-ACT-AAT------    210
HIVGB122A   ---A-----A--G--A--C--A--TACC---G-----A--G--G--G--------G-TCT---T-G---G    210
HIVGB87A    ---------A--G--A--C--A--TACC---G-----A--A--G--A--------C-ACT-AAT-----G    210
HIVUGXA     ---------T--A--T--T--C---GTA-G-C-G---G-T--AA--CTCG-------CTGT--AC-T-A-    210

CON50       G?AA?AG??AC??TA?TGGTAGGA??TAC?CC??TCAACAT??TTGGAAGAAATATT?TGACA????T?G    217
HIV1888A    -T-CGG-CC--CA--A--AC---CGAC--C--AA-------TT----C---------C-----GCCT-A-    280
HIV310060A  -CC-T--GT--CG--T-A------CC---A--TG-------AA-----C-------GT----TCAGA-T-    280
HIV310060B  AT--G--CC--TA--A-------TGA---C--AA----T--TT----C-----C---C-----GCCT-A-    280
HIV310294A  -CT-T--GT--AG--T-A------CC---A--TG-------AA----------C-GT----TCAGA-T-    280
HIV310294B  AT--G--CC--TA--A-------TGA---C--AA----T--TT----C-----C---C-----GCCT-A-    280
HIV77618A   -T--G--CC--CA--A--AC----GAC--C--AA-------TT----C---------C-----GCCT-A-    280
HIV841029A  -CC-T--GT--AG--T-A------CC---A--TG-------AA-----C-------GT----TCAGA-T-    280
HIV841056A  -CC-T--GT--AG--T-A------CC---A--TG-------AA-----C-------GT---TCCAGA-T-    280
HIV855A     -CT-T--GT--AG--T-A------CC---A--TG-------AA-----  -----C-GT----TCAGA-T-    280
HIV89867A   -CT-T--GT--AG--T--A-----CC---A--TG-------AA----------C-GT----TCAGA-T-    280
HIV89867B   -T--G--CC--CA--A--AC----GAC--C--AA-------TT----C---------C-----GCCT-A-    280
HIV90011A   -CT-T--GT--AG--T-A------CC---A--TG-------AA----------C-CT----TCAGA-T-    280
HIV90011B   -T--G--CC--CA--A--AC----GAC--C--AA-------TT----C---------C-----GCCT-A-    280
HIVGB122A   -T--GG-CC--CA--A--AC----GAC--C--AA-------TT----T-----CG--C-----GCCT-A-    280
HIVGB87A    AT--G--CC--TA--A-------TGA---C--AA----T--TT----C-----C---C-----GCCT-A-    280
HIVUGXA     -CT-T--GT--AG--T-A------CC---A--TG-------AA----------C-GT----TCAGA-T-    280

CON50       GC????C?TTAAAT?T?          227
HIV1888A    --ATGT-A------C-A          297
HIV310060A  --TGCA-T------T-T          297
HIV310060B  --ATGT-A------C-A          297
HIV310294A  --TGCA-T------T-T          297
HIV310294B  --ATGT-A------C-A          297
HIV77618A   --ATGT-A------C-A          297
HIV841029A  --TGCA-T------T-T          297
HIV841056A  --TGCA-T------T-T          297
HIV855A     --TGCA-T------T-T          297
HIV89867A   --TGCA-T------T-T          297
HIV89867B   --ATGT-A------C-A          297
HIV90011A   --TGCA-T------T-T          297
HIV90011B   --ATGT-A------C-A          297
HIVGB122A   --ATGT-A------C-A          297
HIVGB87A    --ATGT-A------C-A          297
HIVUGXA     --TGCA-T------T-T          297
```

SIVSMP209

```
LOCUS       SIVSMP209    2661 bp ss-RNA             VRL       24-JUN-1993
DEFINITION  Simian immunodeficiency virus, sample 209 clone 19, env region.
ACCESSION   L20008
SOURCE      Simian immunodeficiency virus (SIV), sooty mangabey sample 209,
            clone 19, taken from an infected macaque.
REFERENCE   1  (bases 1 to 2661)
  AUTHORS   Hynes,N.A., Adger-Johnson,D., Dapolito,G. and Hirsch,V.M.
  TITLE     Rapid screening for simian immunodeficiency virus variants using
            single strand conformation polymorphism of PCR-amplified DNA
            fragments (SSCP-PCR)
  JOURNAL   AIDS Res. Hum. Retroviruses 9, 803-807, 1993.
COMMENT     Kindly provided prior to publication by Dr. Noreen A. Hynes,
            Immunodeficiency Viruses Section, Laboratory of Infectious
            Diseases, National Institutes of Health, Twinbrook II Facility,
            12441 Parklawn Drive.  An alignment of this sequence with three
            other sequences from this group follows below (accession numbers
            L20008-L20009 and L20098-L20099).
BASE COUNT      862 a    481 c    663 g    655 t
ORIGIN      env cds start
        1 ATGggatgtc ttgggaatca gctgcttatc gcgctcttgc tagtaagtgc tttaaagatt
env start ->
       61 tattgtgttc aatatgtaac agtattctat ggtgtaccag catggaagaa tgcgacaatt
      121 cccctcttct gtgcaaccag gaatagggac acttggggaa caacacaatg cttgccagat
      181 aataatgatt actcagaatt ggcagtcaat atcacagagg cttttgatgc ttggaataat
      241 acagtcacag aacaagcaat agaggatgtg tggaacctct ttgaaacatc cattaagccc
      301 tgtgtaaaac tcaccccact atgtatagca atgagatgta ataaaactga gacagatagg
      361 tggggtttga caagaggcgc agagacaaca acagcaacaa caccagcagg aacaccaagt
      421 ggaaaagaaa aggttataaa tgaaggtgat ccttgcataa gaaataatag ttgtgcaggc
      481 ttggaacagg agcccatgat aggttgtaaa tttaacatga cagggttaaa aagggacaga
      541 aggaaagaat ataatgaaac atggtattca agagatttaa tctgtgagca gtcagcaaat
      601 aatagtgaga atgagagtaa atgttacatg cagcattgta acaccagtgt tattcaggaa
      661 tcctgtgaca agcattattg ggatgctatt agatttagat actgtgcacc gccaggttat
      721 gctttgctta ggtgtaatga ttcaaattat tcaggatttg ctcctaaatg ttctaaggta
      781 gtggtttctt catgcacaag aatgatggag acgcaaacct ctacttggtt tggcttcaat
      841 ggtactaggg cagaaaatag aacatacatt tattggcatg gcaaaagtaa tagaaccata
      901 attagcttaa ataagtatta taatctaaca atgaaatgta gaagaccagg aaataagaca
      961 gttttaccag tcaccattat gtcagggttg gtcttccatt cgcaacccat aaatgagaga
     1021 ccaaaacagg cctggtgccg gtttggaggg aactggagcg aggccatcca ggaagtgaag
     1081 gaaaccttgg tcaaacatcc caggtatacg ggaactaatg atactaagaa aattaatcta
     1141 acagctccag caggaggaga tccagaagtc acttttatgt ggacaaattg tagaggagaa
     1201 ttcctatatt gcaaaatgag ttggtttctt aattgggtag aggacagaga ccaaaatagt
     1261 aacagatgga aacaacaaaa gaagccagag caacagaaga gaaattatgt gccatgtcat
     1321 attagacaaa taatcaacac gtggcacaaa gtaggcaaaa atgtatattt gcctcctagg
     1381 gaaggagacc tgacatgtaa ttccactgta actagtctca tagcagagat agattggatc
     1441 aataacaatg agaccaatat caccatgagt gcagaggtgg cagaactgta tcgattggag
     1501 ttgggagatt acaaattagt agagattact ccaattggct tggcccccac agatgtaaga
     1561 aggtacacca caactggtgc ctcaagaaat aagagagggg tctttgtgct agggttcttg
     1621 ggttttctcg cgacagcagg ttctgcaatg ggcgcggcgt cgctgaccgt gtcggctcag
     1681 tcccggactt tgttggctgg gatagtgcag caacagcaac agctgttgga tgtggtcaag
     1741 agacaacaag aattgttgcg actgaccgtc tggggaacta agaacctcca gactagagtc
     1801 actgctatcg agaagtacct gaaggatcag gcgcagctaa attcatgggg atgtgctttt
     1861 aggcaagtct gtcacactac tgtaccatgg ccaaatgact cattggtgcc tatttgggac
     1921 aatatgactt ggcaacagtg ggaaagacag gttgactccc tagaggcaaa tataactcaa
     1981 ttattagaag aagcacaaat tcagcaagaa aagaatatgt ttgaattgca aaaactaaat
     2041 agctgggata tctttggcaa ttggtttgac cttacttctt ggataagata tatacaatat
     2101 ggtgtactaa tagttttagg agtagtaggg ttaagaatag taatatatgt agtgcagatg
     2161 ttagctaggt taagacaggg ttataggcca gtgttctctt cccctcccgc ttatgttcag
     2221 cAGatcccta tccacaaggg ccaggaaccg ccaaccaaag aaggagaaga aggagaaggt
            /\ 3' sj (tat, rev, nef)
     2281 ggagacagag gtggcagcag atcttggcct tggcagaTAG aatatattca tttcctaatt
                                                 <- tat cds end
     2341 cgccaactga tacgcctctt gacttggcta ttcagcagct gcagggattg gctattgagg
     2401 agctaccaga tcctccaacc agtgctccag agactctcaa cgacgctgca aagagttcgt
     2461 gaagtcatca gaattgaaat aacctaccta cagtATGggt ggagctattt ccaagaagca
```

```
                                nef cds start ->
     2521 gtgcaggcgt ggtggaaatt tgcgcgagag acacttgcga gcgcgtggag agacatatgg
     2581 gagactctgg gaagggttgg aagagggata ctcgcaatcc ctaggcgcgt caggcaaggg
     2641 ctTGAgctcg ctctcttgTG A
             <- rev            <- env


CONSENSUS  ATGGGATGTCTTGGGAATCAGCTGCTTATCGCGCTCTTGCTAGTAAGT...GCTTTAGGGATTTATTGTG     67
SIVP209C19 ----------------------------------------------...------AA-----------     67
SIVP209C15 ----------------------------------------------...-------------------     67
SIVP209C14 ----------------------------------------------AAGTGC----------------     70
SIVP209C13 ------A-----A----------------------------------...-------------------     67

CONSENSUS  TTCAATATGTAACAGTATTCTATGGTGTACCAGCATGGAAGAATGCGACAATTCCCCTCTTC.TGTGCAA    136
SIVP209C19 ------------------------------------------------------------.-------    136
SIVP209C15 -------------G.-----------------------------------------------TGC-----    136
SIVP209C14 ---------------------------C----------------------------------.-------    139
SIVP209C13 ----------------------------------RRR------------------------.-------    136

CONSENSUS  CCAGGAATAGGGACACTTGGGGAACAACACAATGCTTGCCAGATAATGATGATTACTCAGAATTGGCAGT    206
SIVP209C19 ----------------------------------------------A----------------------    206
SIVP209C15 ------------------------------------------------------------------------    206
SIVP209C14 ------------------------------------------------------------------------    209
SIVP209C13 ---------A--------------------------------------------------------------    206

CONSENSUS  CAATATCACAGAGGCTTTTGATGCTTGGAATAATACAGTCACAGAACAAGCAATAGAGGATGTGTGGAAC    276
SIVP209C19 ------------------------------------------------------------------------    276
SIVP209C15 ------------------------------------------------------------------------    276
SIVP209C14 ------------------------------------------------------------------------    279
SIVP209C13 ------------------------------------------------------------------------    276

CONSENSUS  CTCTTTGAAACATCCATTAAGCCCTGTGTAAAACTCACCCCACTATGTATAGCAATGAGATGTAATAAAA    346
SIVP209C19 ------------------------------------------------------------------------    346
SIVP209C15 ------------------------------------------------------------------------    346
SIVP209C14 ------------------------------------------------------------------------    349
SIVP209C13 ------------------------------------------------------------------------    346

CONSENSUS  CTGA?ACAGATAGGTGGGGTTTGACA?GA??????????CA???ACAAC?A?A?CAACAACA?CA?CA??    394
SIVP209C19 ----G---------------------A--GG......CG--GAG-----A-C-G--------C--G--GG    410
SIVP209C15 ----G---------------------A--GG......CG--GAG-----A-C-G--------C--G--GG    410
SIVP209C14 ----A---------------------G--ACAGCGACAC--ACA-----G-A-T--------T--A--AC    419
SIVP209C13 ----A---------------------G--ACAGCGACAC--ACA-----G-A-T--------T--A--AC    416

CONSENSUS  AACA?CAA??G?AA?A??AAAGGTTATAAATGAAGGTGATCCTTGCATAAGAAATAATAGTTGTGCAGGC    457
SIVP209C19 ----C---GT-G--A-GA-----------------------------------------------------    480
SIVP209C15 ----C---GT-G--A-GA-----------------------------------------------------    480
SIVP209C14 ----A---CA-T--C-CC-----------------------------------------------------    489
SIVP209C13 ----A---CA-T--C-CC-----------------------------------------------------    486

CONSENSUS  TTGGAACAGGAGCCCATGATAGGTTGTAAATTTAACATGACAGGGTTAAAAAGGGACAGAAGGAAAGAAT    527
SIVP209C19 ------------------------------------------------------------------------    550
SIVP209C15 ------------------------------------------------------------------------    550
SIVP209C14 ------------------------------------------------------------------------    559
SIVP209C13 ------------------C---------------------------------A-----------------    556

CONSENSUS  ATAATGAAACATGGTATTCAAGAGATTTAATCTGTGAGCAGTCAGCAAATAA?AGTGAGAATGAGAGTAA    596
SIVP209C19 ----------------------------------------------------T-----------------    620
SIVP209C15 ----------------------------------------------------T----CA-----------    620
SIVP209C14 ----------------------------------------------------A-----------------    629
SIVP209C13 -----------RRR-------------------------------------A-----------------    626
```

SIVSMP209

```
CONSENSUS  ATGTTACATGCAGCATTGTAACACCAGTGTTATTCAGGAATCCTGTGACAAGCATTATTGGGATGCTATT   666
SIVP209C19 ------------------------------------------------------------------------   690
SIVP209C15 --------------------------------G-------------------------------------   690
SIVP209C14 --------------------------------W-------------------------------------   699
SIVP209C13 ------------------------------------------------------------RRRW--------   696

CONSENSUS  AGATTTAGATACTGTGCACCGCCAGGTTATGCTTTGCTTAGGTGTAATGATTCAAATTATTCAGGCTTTG   736
SIVP209C19 ------------------------------------------------------------------A----   760
SIVP209C15 ------------------------------------------------------------------------   760
SIVP209C14 ------------------------------------------------------------------------   769
SIVP209C13 ------------------------------------------------------------------------   766

CONSENSUS  CTCCTAAATGTTCTAAGGTAGTGGTTTCTTCATGCACAAGAATGATGGAGACGCAAACCTCTACTTGGTT   806
SIVP209C19 ------------------------------------------------------------------------   830
SIVP209C15 ------------------------------------------------A-----------------------   830
SIVP209C14 ------------------------------------------------------------------------   839
SIVP209C13 --------------------------------G-------------------------------------   836

CONSENSUS  TGGCTTCAATGGTACTAGGGCAGAAAATAGAACATACATTTATTGGCATGGCAGAAGTAATAGAACCATA   876
SIVP209C19 ------------------------------------------------A-----------------------   900
SIVP209C15 -----------------A------------------------------------------------------   900
SIVP209C14 ------------------------------------------------------------G-----------   909
SIVP209C13 ---------------------------------T--------------------------------------   906

CONSENSUS  ATTAGCTTAAATAAGTATTATAATCTAACAATGAAATGTAGGAGACCAGGAAATAAGACAGTTTTACCAG   946
SIVP209C19 ----------------------------------------A-------------------------------   970
SIVP209C15 ------------------------------------------------------------------------   970
SIVP209C14 ------------------------------------------------------------------------   979
SIVP209C13 ------------------------------------------------------------------------   976

CONSENSUS  TCACCATTATGTCAGGGTTGGTCTTCCATTCGCAACCCATAAATGAGAGACCAAAGCAGGCCTGGTGCCG  1016
SIVP209C19 ------------------------------------------------A-----------------------  1040
SIVP209C15 ------------------------------------------------T-----------------------  1040
SIVP209C14 ------------------------------------------------------------------------  1049
SIVP209C13 ------------------------------------------------------------------------  1046

CONSENSUS  GTTTGGAGGAAACTGGAGCGAGGCCATCCAGGAAGTGAAGGAAACCTTGGTCAAACATCCCAGGTATACG  1086
SIVP209C19 ---------G--------------------------------------------------------------  1110
SIVP209C15 ------------------------------------------------------------------------  1110
SIVP209C14 ------------------------------------------------------------------------  1119
SIVP209C13 ------------------------------------------------------------------------  1116

CONSENSUS  GGGACTAATGATACTAAGAAAATTAATCTAACAGCTCCAGCAGGAGGAGATCCAGAAGTCACTTTTATGT  1156
SIVP209C19 --A---------------------------------------------------------------------  1180
SIVP209C15 ------------------------------------------------------------------------  1180
SIVP209C14 ------------------------------------------------------------------------  1189
SIVP209C13 ----------------------------------------------A-------------------------  1186

CONSENSUS  GGACAAATTGTCGAGGAGAATTCTTATACTGCAAAATGAATTGGTTTCTTAATTGGGTAGAG?ACAGAGA  1225
SIVP209C19 -----------A----------C----T----------G---------------------G-------  1250
SIVP209C15 --------------------C-------------------------------------G-------  1250
SIVP209C14 ------------------------------------------------------------A-------  1259
SIVP209C13 ----------------------------------------------------RRR------A-------  1256

CONSENSUS  CCAAAATAGTA?CAGATGGAAACAACAAAAGAAGCCAGAGCAACAGAAGAGAAATTATGTGCCATGTCAT  1295
SIVP209C19 ------------------------------------------------------------------------  1320
SIVP209C15 -----------G-------G-G-----------AGT---A---------------------------------  1320
SIVP209C14 ------------------------------------------------------------------------  1329
SIVP209C13 ---------------G------------------------------------------------------  1326
```

```
CONSENSUS  ATTAGACAAATAATCAACACGTGGCACAAAGTAGGCAAAAATGTATATTTGCCTCCTAGGGAAGGAGACC   1365
SIVP209C19 ------------------------------------------------------------------   1390
SIVP209C15 ------------------------------------------------------------------   1390
SIVP209C14 ------------------------------------------------------------------   1399
SIVP209C13 ----------------------------------------------------------A-----------   1396

CONSENSUS  TGACATGTAATTCCACTGTAACTAGTCTCATAGCAGA?ATAGATTGGACCAATAACAATGAGACCAATAT   1434
SIVP209C19 -------------------------------G----------T----------------------   1460
SIVP209C15 -----------------------------------G--------------------------------   1460
SIVP209C14 -----------------------------------A--------------------------------   1469
SIVP209C13 -----------------------------------A--------------------------------   1466

CONSENSUS  CACCATGAGTGCAGAGGTGGCAGAACTGTATCGATTGGAGTTGGGAGATTACAAATTAGTAGAGATTACT   1504
SIVP209C19 ------------------------------------------------------------------   1530
SIVP209C15 ------------------------------------------------------------------   1530
SIVP209C14 ------------------------------------------------------------------   1539
SIVP209C13 ----------------------------------------A-------------------------   1536

CONSENSUS  CCAATTGGCTTGGCCCCCAC?AGTGTAAGAAGGTACACCACAACTGGTGCCTCAAGAAATAAGAGAGGGG   1573
SIVP209C19 ------------------AGA-------------------------------------------   1600
SIVP209C15 --------------T-----A-------------------------------------------   1600
SIVP209C14 ------------------G---------------------------------------------   1609
SIVP209C13 ------------------G---------------------------------------------   1606

CONSENSUS  TCTTTGTGCTAGGGTTCTTGGGTTTTCTCGCGACAGCAGGTTCTGCAATGGGCGCGGCGTCGCTGACCGT   1643
SIVP209C19 ------------------------------------------------------------------   1670
SIVP209C15 ------------------------------------------------------------------   1670
SIVP209C14 ------------------------------------------------------------------   1679
SIVP209C13 -----------A------------------------CG-----------A-----------------   1676

CONSENSUS  GTCGGCTCAGTCCCGGACTTTGTTGGCTGGGATAGTGCAGCAACAGCAACAGCTGTTGGATGTGGTCAAG   1713
SIVP209C19 ------------------------------------------------------------------   1740
SIVP209C15 ---------------------------C--------------------------------------   1740
SIVP209C14 ------------------------------------------------------------------   1749
SIVP209C13 ----------------------------AA-------------------------A------------   1746

CONSENSUS  AGACAACATGAATTGTTGCGACTGACCGTCTGGGGAACTAAGAACCTCCAGACTAGAGTCACTGCTATCG   1783
SIVP209C19 --------A---------------------------------------------------------   1810
SIVP209C15 ----------------------------A---------------------------------------   1810
SIVP209C14 ------------------------------------------------C-------------------   1819
SIVP209C13 -------------------------------RRRA-----------------------------------   1816

CONSENSUS  AGAAGTACCTGAAGGATCAGGCGCAGCTAAATTCATGGGGATGTGCTTTTAGGCAAGTCTGTCACACTAC   1853
SIVP209C19 ------------------------------------------------------------------   1880
SIVP209C15 ------------------------------------------------------------------   1880
SIVP209C14 ------------------------------------------------------------------   1889
SIVP209C13 ------------------------------------------------------------------   1886

CONSENSUS  TGTACCATGGCCAAATGACTCATTGGTGCCTATTTGGGACAATATGACTTGGCAA?AGTGGGAA?GA?AG   1920
SIVP209C19 ----------------------------------------------------C--------A--C--   1950
SIVP209C15 ----------------------------------------------------C--------A--C--   1950
SIVP209C14 ----------------------------------------------------G--------G--A--   1959
SIVP209C13 --------------------------A-------RRR-----------------G--------G--A--   1956

CONSENSUS  GTTGACT?CCTAGAGGCAAATATAACTCA?TTATTAGAAGAAGCACAAATTCAGCAAGAAAAGAATATGT   1988
SIVP209C19 -------C--------------------A---------------------------------------   2020
SIVP209C15 -------C--------------------A---------------------------------------   2020
SIVP209C14 -------T--------------------G---------------------------------------   2029
SIVP209C13 -------T--------------------G---------------------------------------   2026
```

SIVSMP209

```
CONSENSUS  ?TGAATTGCAAAAACTAAATAGCTGGGATATCTTTGGCAATTGGTTTGACCTTACTTCTTGGATAAGATA  2057
SIVP209C19 T-------------------------------------------------------------------  2090
SIVP209C15 T-------------------------------------------------------------------  2090
SIVP209C14 A-------------------------------------------------------------------  2099
SIVP209C13 A----------------------RRR--------------RRR--------------RRR--------  2096

CONSENSUS  TATACAATATGGTGTACTAATAGTTTTAGGAGTAGTAGGGTTAAGAATAGTAATATATGTAGTGCA?ATG  2126
SIVP209C19 ----------------------------------------------------------------G---  2160
SIVP209C15 ----------------------------------------------------------------G---  2160
SIVP209C14 ----------------------------------------------------------------A---  2169
SIVP209C13 -----------------------------------A----------------------------A---  2166

CONSENSUS  TTAGCTAGGTTAAGACAGGGTTATAGGCCAGTGTTCTCTTCCCCTCCCG?TTATGTTCAGCAGATCCCTA  2195
SIVP209C19 ------------------------------------------------C-------------------  2230
SIVP209C15 ------------------------------------------------C-------------------G  2230
SIVP209C14 ------------------------------------------------T-------------------  2239
SIVP209C13 ------------------------------------------------T-------------------  2236

CONSENSUS  TCCACAAGGGCCAGGAACCGCCAACCAAAGAAGGAGAAGAAGGAGAAGGTGGAGACAGAGGTGGCAGCAG  2265
SIVP209C19 -------------------------------------------------------------------  2300
SIVP209C15 -------------------------------------------------------------------  2300
SIVP209C14 -------------------------------------------------------------------  2309
SIVP209C13 ----------------------------------------------A--------------------  2306

CONSENSUS  ATCTTGGCCTTGGCAGATAGAATATATTCATTTCCTAATCCGCCAACTGATACGCCTCTTGACTTGGCTA  2335
SIVP209C19 -----------------------------------T-------------------------------  2370
SIVP209C15 -------------------------------------------------------------------  2370
SIVP209C14 -------------------------------------------------------------------  2379
SIVP209C13 -------------------------------------------------------------------  2376

CONSENSUS  TTCAGCAGCTGCAGGGATTGGCTATTGAGGATCTACCAGATCCTCCAACCAGTGCTCCAGAGACTCTCAA  2405
SIVP209C19 ------------------------------G----------------------------------  2440
SIVP209C15 -------------------------------------------------------------------  2440
SIVP209C14 -------------------------------------------------------------------  2449
SIVP209C13 -------------------------------------------------------------------  2446

CONSENSUS  AGACGCTGCAAAGAGTTCGTGAAGTCATCAG?ATTGAAATAACCTACCTACA?TATGGGTGGAGCTATTT  2473
SIVP209C19 C------------------------------A-------------------G----------------  2510
SIVP209C15 G------------------------------A-------------------G----------------  2510
SIVP209C14 -------------------------------G-------------------A----------------  2519
SIVP209C13 ------------------------A------G-------------------A---AA------------  2516

CONSENSUS  CCAAGAAGCAGTGCAGGCGTGGTGGAAATTTGCGCGAGAGACTCTTGCGAGCGCGTGGAGAGACATATGG  2543
SIVP209C19 ----------------------------------------A--------------------------  2580
SIVP209C15 -------------------------------------------------------------------  2580
SIVP209C14 -------------------------------------------------------------------  2589
SIVP209C13 ----------------------------------------------------------------RRR  2586

CONSENSUS  GAGACTCTGGGAAGGGTTGGAAGAGGGATACTCGCAATCCCTAGGCGCGTCAGGCAAGGGCTTGAGCTCG  2613
SIVP209C19 -------------------------------------------------------------------  2650
SIVP209C15 ----------------------------------------------------------------A  2650
SIVP209C14 -------------------------------------------------------------------  2659
SIVP209C13 -------------A-----------------------------------------A------------  2656

CONSENSUS  CTCTCTTGTGA        2624
SIVP209C19 -----------        2661
SIVP209C15 -----------        2661
SIVP209C14 -----------        2670
SIVP209C13 ----------         2666
```

AGM LTR

The outlying Sykes' monkey sequence is not reflected in the consensus.

```
CONSENSUS TGGAtGGgaTtTATTACTCcGAtAGgaG?gataagATccT?AAtcTgTatGCc?T?AAtGA?TgGGGaAT   65
SIVAGM3   ----T--GA-T--------C--C--GA-GAATCAG--CC-A--CC-G-AC--CC-C--T--G-G---A--  70
SIVAGMTYO ----T--GA-T--------C--T--GA-AAATAAG--CC-G--TC-G-AT--TC-T--T--A-G---G--  70
SIVAGM155 ----T--GA-T--------C--T--GA-AAATAAG--CC-T--TC-G-AT--CC-C--T--A-G---A--  70
SIVAGTYAA                        -CC-TGAGAAG--AT-A--TA-A-AT--CT-A--T--G-A---A--  46
SIVAGTYAB ----T--GA-T--------T--T--AA-GGCTAAA--AC-C--TC-G-AT--CT-A--T--G-G---A--  70
SIVAGTYAC ----A--AG-A--------T--T--GA-AGAAAAG--CC-G--TC-G-.A--TG.............  53
SIVAGM691 ----T--GA-T--------C--A--AA-GGAAAAG--TT-G--CC-G-AT--AT-A--T--A-G---A--  70
SIVAGM90  ----T--GA-T--------C--A--GA-GAATAGA--CC-C--CC-A-AT--TC-T--T--A-G---A--  70
SIVAGM677 ----T--GA-T--------C--A--AA-AGAAAAG--CC-G--TT-G-AT--CT-G--C--G-G---A--  70
SIVSYK    --C-G--CA-GA----T-GT--A-AGA-AGATGAA--TC-TC-TC-C-ACCTACAG--T--GCAT--A--  70

CONSENSUS cAT?GATGAtTGG?A?GCtT?gtCaccaGGaCCaGGaAT?AGaTacCCaagatgcTTtGG?TTcTGcTTt  129
SIVAGM3   C--T-----T---A-T--T-GGT-AGAA--A--A--A--C--A-AC--AAGATGC--C--C--C--C--T  140
SIVAGMTYO A--T-----T---A-T--C-GGT-GAAG--A--A--A--A--A-TC--TAAATGC--T--G--C--C--T  140
SIVAGM155 C--T-----T---A-C--A-GGT-AAAA--A--T--G--A--A-AC--GAGGTGC--T--C--C--C--C  140
SIVAGTYAA C--A-----C---C-A--T-ATA-CCCG--A--A--A--C--A-AC--AAGGACT--T--G--C--T--T  116
SIVAGTYAB C--A-----C---C-G--A-ACA-TCCA--A--G--A--C--G-AC--AAAGTGT--T--G--C--T--C  140
SIVAGTYAC .....................................................................  53
SIVAGM691 C--A-----T---C-A--T-ATA-TCCA--T--A--C--C--A-AT--AAGATGC--T--G--C--T--T  140
SIVAGM90  C--T-----T---A-T--A-GGT-AGCA--A--A--C--A--A-AT--CCGCTGC--T--C--T--C--C  140
SIVAGM677 A--A-----T---C-A--T-ACT-ACCA--C--G--G--A--G-AC--GAGAGTC--T--C--C--C--T  140
SIVSYK    C--A--...CA--ATCAAT-ACA-CTCA--G--A--A-CCC-G-AC--GTTAATC--T--A-GG-TA-GG  137

CONSENSUS aAgtTaGTaCCaGT?GaccTgcaTGAgGAaGCa?aaac.aTGtG.A?AG.?CAtTGccTggTcCAtCCaG  192
SIVAGM3   A-AT-G--A--A--A-ACC-GCA---G--A--AGAGAC.T--T-.-G--.A--T--CC-GG-G--T--A-  207
SIVAGMTYO A-GC-A--G--A--G-ACT-ACA---G--A--ACAAAC.A--T-.-A--.A--T--CC-AG-C--T--A-  207
SIVAGM155 A-GC-A--A--G--T-CCC-GCA---G--A--AGAAAC.A--T-.-A--.G--T--CT-GG-A--C--A-  207
SIVAGTYAA A-GT-G--A--G--A-ACC-GCA---G--A--CCGCAA.T--C-.-G--.G--C--CA-AC-C--C--A-  183
SIVAGTYAB A-GT-G--A--A--T-TCC-CCA---G--G--AGAAAC.A--T-.-A--.G--T--CT-GG-C--C--A-  207
SIVAGTYAC .....................................................................,...  53
SIVAGM691 G-AT-A--G--A--G-ACC-TAG---G--A--GCAAGG.A--T-.-A--.G--C--TC-GG-C--T--T-  207
SIVAGM90  A-GT-A--A--G--A-AGA-GCA---A--G--AGAAAC.C--T-.-G--.A--T--CT-GG-G--T--T-  207
SIVAGM677 A-GC-A--C--A--G-ACC-GCA---G--G--ACGCAA.C--T-.-G--.A--C--TC-GA-G--T--A-  207
SIVSYK    G-AC-A--T--AAAT-AGA-AGAG-...-T--TTGGAGTA--A-G-G-ATA--C-.CC-CC-C--T--A-  204

CONSENSUS C.......aCAa?Tg?g.........gGAaGA?CCtGAtG..gta..t?aatCA.....TggaGAa?tc  231
SIVAGM3   -.......A--AG-GAG.........G--A--C--T--T-..GAA..TCAAC--......-GGA--AGTC  251
SIVAGMTYO -.......G--GA-GGG.........A--A--T--A--T-..GTA..TCAGC--......-GGA--GATC  251
SIVAGM155 -.......A--AC-GCA.........T--A--C--T--T-..GTA..TAAAT--......-GGA--AATA  251
SIVAGTYAA -.......C--GT-AGG.........A--G--C--A--C-..GAA..TAGAT--......-GGA--AGTC  227
SIVAGTYAB -.......T--AA-GAG.........G--A--T--T--T-..ATC..CAGAA--......-AAT--GGTG  251
SIVAGTYAC .....................................................................  53
SIVAGM691 -.......T--AT-ACA.........G--G--T--A--T-..GTA..TCTGG--......-GGA--AACA  251
SIVAGM90  -.......A--AG-AAA.........A--G--C--C--T-..GCA..TCAGT--......-GGA--GACC  251
SIVAGM677 -.......A--GA-GGG.........G--A--T--T--T-..GAA..TAGAT--......-GGA--AGTC  251
SIVSYK    -CTCTGGGA--GGGGAGTTCGAACATGG-GA--A--TC-T-TGGAACTTCAAC-CCCACC-GGCCTATAC  274
```

AGM LTR

```
CONSENSUS tTGGtcTGgaagTttgatCCc...?atgtt?gc.agt?ca?ta?g?ccc????agggagta?tTtac?GA  285
SIVAGM3   T---TC--GAAG-TTGAT--C....ATGTTAGC.AGTCCAATATGACCCTAACAGAAAATATC-CACT--  316
SIVAGMTYO T---TG--GAAG-TTGAT--T....ATGTTGGC.AATACAGTACGACCCCAATCGGGAGTACT-TACT--  316
SIVAGM155 T---CA--GAAG-TTGAT--A....ATGTTGGC.TGTTCAGTACGACCCCTCAAGGGAGTACT-TACA--  316
SIVAGTYAA T---TC--GAAG-TTGA.--G...GAAGCTGGC.AGTACAATACCGCCC......GGAGATGT-TACT--  286
SIVAGTYAB C---TA--GAAG-TTGAT--C....ATGCTAGC.C.TGTAA...GGCCTCGCCAGGG.GTA.T-CACA--  310
SIVAGTYAC .......--C.AG-ACCGC--G.................................GAGATGT-TACG--   81
SIVAGM691 T---TC--GAGA-TCAAT--C....ATGCTAGC.A.TGCAA...GGCCATGCCAGGA.GTG.T-CAAT--  310
SIVAGM90  T---TC--GAAG-TTGAC--C...TATGTTAGC.AGTGCAGTATGACCCAAACAGACAGTATT-AGAA--  317
SIVAGM677 T---TC--GAAG-TTGA.--C...GAAGTTGGC.GGTGGAGTACCGCCC......GGACATGT-TAAG--  310
SIVSYK    ACCAGGCTGGGAGATGGC--GCTTGCAGTTAGAGAGACAAACAGGAAAACCACAAGAGCTGCAGTCAGC-  344

CONSENSUS caTgcAtg?????ct?g?gaAgagg?ag?tagc??g?c?.gca??ctTGcGGTTa??c?c?t??cc??GG  331
SIVAGM3   CA-GC-TG...ATCTTGGCA-GAGGAAG.TAGCTA.ACC.GCAGGCT--T----AAGCACATCACCAT--  380
SIVAGMTYO CA-GC-TG...GGCTGGTGA-GAGGAAG.TAGCCAGACC.GCAAGCC--C----A.GAACATCACCAT--  380
SIVAGM155 CT-AT-TTCAACAGTTGG.T-CAGGAAACTAGCC.GACC.ACAGGCT--C----TC.CTGGTTGCCTA--  382
SIVAGTYAA CA-GC-CG...GCATGGCAA-GCG....CTAAC..G.CA.GCACT.T--T----..............--  330
SIVAGTYAB CA-GC-T......AATGTGA-GAAGTAGGATGTGGG.........TT--C----AGGCGCAT..CCG.--  362
SIVAGTYAC TA-GC-TG...CGCTGACGC-AC.....................ACT--T----..............--  113
SIVAGM691 CA-GC-T...........GC-ACAGTGGGGAAGTAG.........CT--C----AG.CGCGT..CCG.--  356
SIVAGM90  CA-GC-TG..CA.CTGGTGA-GAGGAAG.TAGCTA.ACC.GCAGGCT--T----AAGC.CGTTGCCGG--  380
SIVAGM677 CA-GC-CG...AACATGCAA-GCG....CTAGT..GTCA.GCACT.T--C----..............--  355
SIVSYK    CT-AGTAA.GAACATCTCCT-GGAGACTCCATGGTGACAAGCTCGGCCCA--GGAGGGACCTGGGCGG--  413

CONSENSUS a.........g?tgac?tTa??aac?gctg????GggActttcca..??g??ggGactt..tccagggc  374
SIVAGM3   T.........GATGACAT-AAGAACTGCTGAC..-GG-CTTTCCA..GC.AAGG-ACTT..TCCAGGGC  433
SIVAGMTYO A.........GATGACAT-AAAAACTGCTGAC..-GG-CTTTCCA..GCGAAGG-ACTT..TCCAAGGC  434
SIVAGM155 A.........GATGACAT-AAGAACTGCTGAC..-GG-CTTTCCA..GC.ACGG-ACTT..TCCAAGGC  435
SIVAGTYAA ..........GACTT-.....CCGCTG....-GG-TTTTCCA..TAGT.GG-CGGA..CTATGGGA  372
SIVAGTYAB A.........GCTG..TG-ACCAAC..CATCATA-CA-C........GGGTCGG-ACTT..TCCAGGCT  408
SIVAGTYAC G.........ACTTTCCG-TG.............-GG-CTTTCCA..CAGT.GG-AGGA..CCTGAGGT  155
SIVAGM691 A.........CCTG..TG-ACCAAC..CAGCATA-CA-C............CAT-.CTA..ATGAGCTA  397
SIVAGM90  A.........GATGACAT-TGAAACTGCTGACAA-GG-CTTTCCA......AGG-ACTT..TCCAGGGC  432
SIVAGM677 ..........GACTT-.....CCGCCA....-GG-CTTTCCA..CAGT.GG-TGGA..TCGGAGGC  397
SIVSYK    GAAGGCTCACCCTGCTGCA-AAAAGCCGATGCTCT-TAGCTATCCGCGGAGTTGCAACTAGCTCTCTCCA  483

CONSENSUS GGgacatgggcggtacgGG?GAGTGGcTTtaC..CCTCAGAgc....?TGcATAaAAGCAGATG.....  430
SIVAGM3   --GTCATGGGCGGTACG--.------C--TA-..-------GC.....--C---A----------.....  489
SIVAGMTYO --GACATGGGCGGTCCG--.------C--TA-..-------GC.....--C---A----------.....  490
SIVAGM155 --GACATGGGCGGTACG--.------C--TA-..-------GC.....--C---A----------.....  491
SIVAGTYAA --GGCTGGGGCGGTACT--.------C--TC-..-------GC.....--C---A----------.....  428
SIVAGTYAB --GAGGTC..CTAG...--.------T--TG-..-------AT.....--T---A----------.....  459
SIVAGTYAC --GGTTTGGGGCGGTAC--G---.--C--AC-..-------GC.....--C---A----------.....  212
SIVAGM691 --GACTTT..CCAGAAG--.------T--AA-..-------TA....T--T---T----------.....  452
SIVAGM90  --GCCATGGGCGGTACG--.------T--TA-..-------GC.....--C---A----------.....  488
SIVAGM677 --TACAGGGGCGGTACT--.------C--TC-..-------GC.....--C---A----------.....  453
SIVSYK    -CGGCCTGGGAGCCCTGA-A--C---TAGAG-GG--CGG--GCCCTTGCCAG--A-G--TAG--AGGTCC  553

CONSENSUS .........CTcgctGgCTT..GTAACTcA..Gt.?CT.......CTTACTAGGa...GaCCAGCTtGAG  475
SIVAGM3   .........--CGCT-G---..------C-..-T..--.....----------A...-A------T---  534
SIVAGMTYO .........--CGCT-G---..------C-..-T..--.....----------A...-A------T---  535
SIVAGM155 .........--CGCT-G---..------C-..-T..--.....----------A...-A------T---  536
SIVAGTYAA .........--CGCT-G---..------C-..-T..--.....----------A...-A------T---  473
SIVAGTYAB .........--CTTG-.---..------T-..-G.T--.....----------G...-A------T---  504
SIVAGTYAC .........--GGCT-G---..------C-..-T..--.....----------A...-A------T---  257
SIVAGM691 .........--CTTG-G---..------C-..-T.G--.....----------A...-.------A---  497
SIVAGM90  .........--CGCT-G---..------C-..-T..--.....----------A...-A------T---  533
SIVAGM677 .........--CGCT-G---..------C-..-T..--.....----------A...-A------A---  498
SIVSYK    GGGTTTGGC-GCCCG-T---CG-C-G--CTCC-TTG--TGCTTTG-----GCT-ATCA-C---AA-AA--  623
```

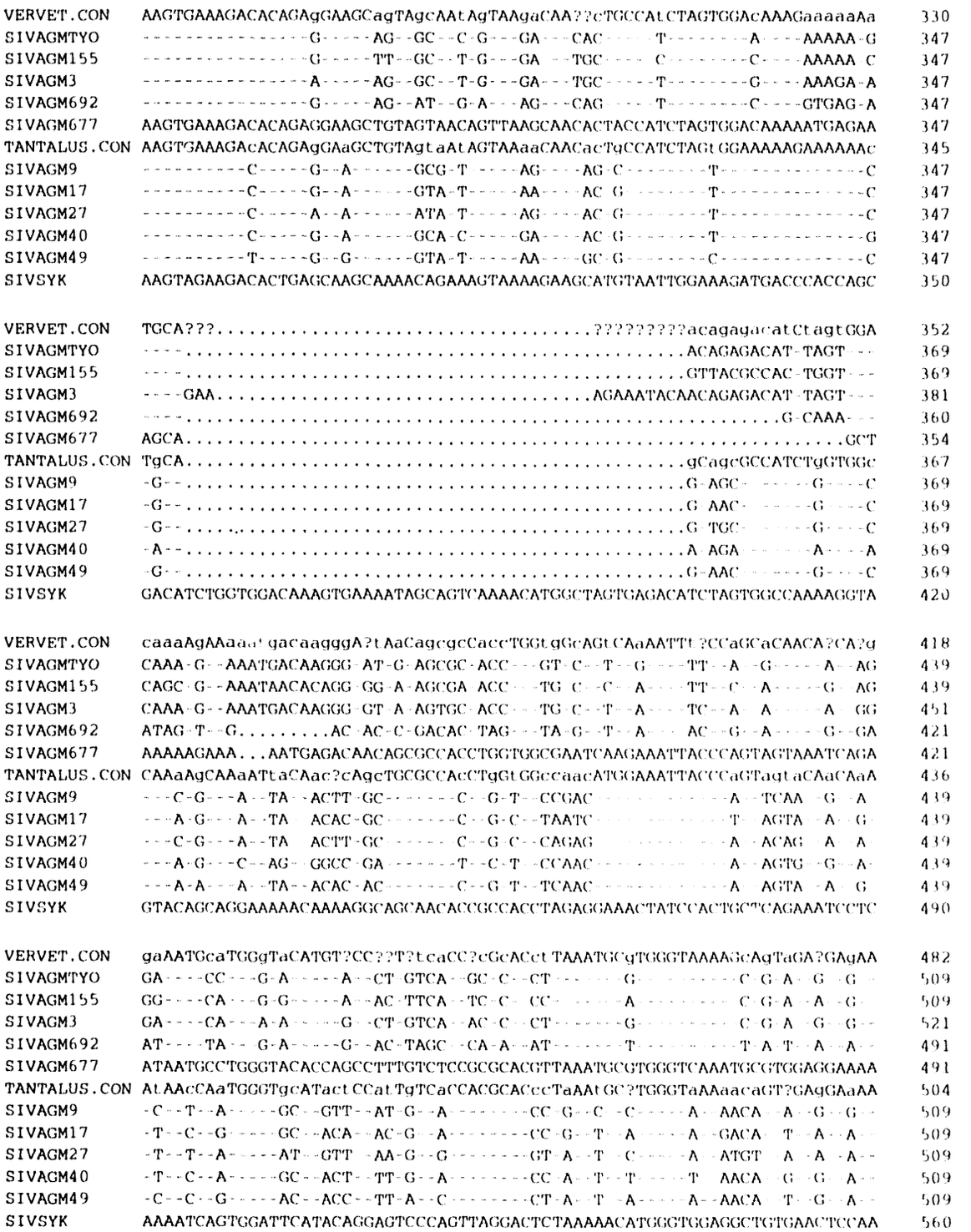
```
CONSENSUS CCTGGGTGTTCGCTGGTtA......gCCTAACctGg?....tTGGCCa?cC......agGGG.TAAG?Ga    525
SIVAGM3   ----------------T-......G------CT-G.....T-----A.C-......AG---.----.-A    584
SIVAGMTYO ----------------T-......G------CT-G.....T-----A.C-......AG---.----.-A    585
SIVAGM155 ----------------T-......G------CT-G.....T-----A.C-......AG---.----.-A    586
SIVAGTYAA ----------------T-......G------CC-G.....T-----A.C-......GG---.----.-A    523
SIVAGTYAB ----------------G-......A------TT-AC....T-----AGT-......AA---.----A-C    557
SIVAGTYAC ----------------T-......G------CC-G.....T-----A.C-......GG---.----.-A    307
SIVAGM691 ----------------.-......G------CT-GA....C-----CTC-......AG---.----A-C    549
SIVAGM90  ----------------T-......G------CT-G.....T-----A.C-......AG---.----.-A    583
SIVAGM677 ----------------T-......G------CC-G.....T-----A.C-......GG---.----.-A    548
SIVSYK    TG---.-AAA---AA--A-CGTCTGCT--C-TCT-TTCTGCTG--T-A.C-TCCCGAAG-T-C-C--G-A    691

CONSENSUS ...CTCCtt....GGCTt?a??ga?a?GCT??aATAAAccTtgcctGCa.TTAGa?Gctat.aTtcGAGT    578
SIVAGM3   ...----TT.....----T.A..GAAA.---..A-----TC-TCGCT--A.----A.-CT.T.C-CT----    637
SIVAGMTYO ...----TT.....----T.A..GAAA.---..A-----.C-TGCCT--A.----A.-CT.T.A-CT----    637
SIVAGM155 ...----TT.....----T.A..GAAA.---..A-----.C-TGCCT--A.----A.-CT.T.A-CT----    638
SIVAGTYAA ...----TT.....----TGA..TATA.---.CG-----CC-.GCTC--..----TC-CTAT.A-TC----    578
SIVAGTYAB ...----AC.....----TGAATGCTAT---TCA-----TT-TGCCT--T.----A.-C.A..C-TC----    615
SIVAGTYAC ...----TT.....----CGG..TATA.---.CA-----CC-.GCTC--..----TT-CTAT.A-TC----    362
SIVAGM691 ...----AC.....----TGAAT.....---T.A-----CC-TGCCT--A.----AA-.TA..C-TC----    602
SIVAGM90  ...----TT.....----T.G..GAAA.---..A-----CA-TGCCT--A.----A.-CT.T.A-CC----    636
SIVAGM677 ...----TT.....----TCA..TATA.---.CA-----CC-.GCTC--..----TC-CTAT.A-TG----    603
SIVSYK    GCG-G--TTCAGT---GCCGAACAGGGA--TGAC--GGCCAGGGACC-...G--AG-AGGTGACGCC---    758

CONSENSUS CaaGTGc?ctCAT..Tgcc....GcctC?a?tct????gaa?gGg??aa?.ct..tcctTACT.GGGtTc    627
SIVAGM3   -AA---CCCT---..-GAC....-CCT-.ACTCT...TGAACG-GTAAAA.CT..TCCT----.---T-C    693
SIVAGMTYO -AA---CCCT---..-GAC....-CCT-.ACTCT.CTTGAACG-G..AAT.CT..TCCT----.---T-C    693
SIVAGM155 -AA---CCCT---..-AAT....-CCT-.ACTCT...TGAACG-G.AGAA.GT..TCCT----.---T-C    693
SIVAGTYAA -AA----..CT---..-GCT....-CGC-GAAGCT.CACGA...-GTGAAC.CT..CTCT----.---T-C    632
SIVAGTYAB -GT---GTCC---..-ACC....-TCT-CGTGC....AGAAGG-...AAT.CC..TTCA----.---G-T    668
SIVAGTYAC -AA---C..T---..-GCT....-CGC-GAAGTTC....CAGA-GTGAAC.CT..CTCT----.---T-C    416
SIVAGM691 -GT---GTCC---..-GCC....-CCT-CGTTC....AC..GG-...AAT.CC..TCAA----.---T-C    653
SIVAGM90  -AA---CCCT---..-GAC....-CCT-.ACTCA...AGCAGG-G.AACC.GT..TCCT----.---T-C    691
SIVAGM677 -AA----..CT---..-GCT....-CGC-GAGCCT.CTAGA...-GTGAAC.CT..CTCT----.---T-C    657
SIVSYK    -AAAG-GAGT-CGGA-CCAAGAG-GAT-GGCTGTCCGTCCTAG-CCGACCGGTGCTGGTGG--C-T-G-G    828

CONSENSUS T.CtCT?t?aCCCAGG?gaGAgAAAC?TCcagcaGT1    658
SIVAGM3   -.-T--CA.A------CGA--G----.--CAGCA    724
SIVAGMTYO -.-T--CTGA------CGA--G----.--CAGCA    725
SIVAGM155 -.-T--CAAA------CGA--G----.--CAGCA    725
SIVAGTYAA -.-.--TTG.------GAG--G----.--GAGCA--    664
SIVAGTYAB -.-T--..GA------AGA--A----C--CAGCA--    701
SIVAGTYAC -.-.--TTA.------GAG--G----.--CAGCA--    448
SIVAGM691 -.-T--..TG------GGA--G----.--CAGCA    683
SIVAGM90  -.-T--CTGA------CGA--G----.--CAGCA    723
SIVAGM677 -.-.--GTA.------TGG--G----.--.....    682
SIVSYK    -A-A-ACGAGA-G---TAA-TG-....--CAGCG    858
```

AGM GAG

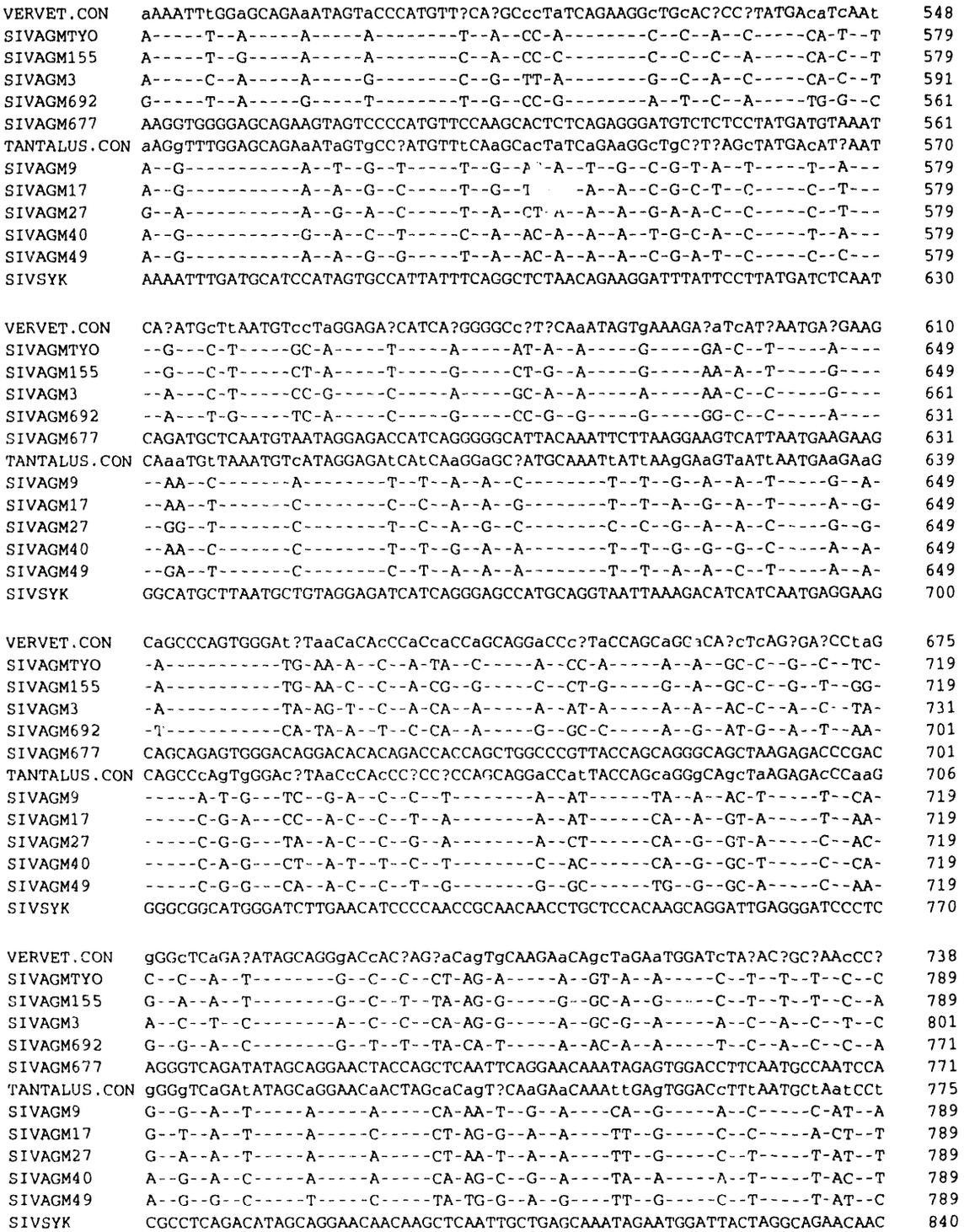
AGM GAG

Tantalus sequences were provided prior to publication by Dr. Vanessa Hirsch, NIAID, Twinbrook II, Rockville. No attempt has been made to align the SIVMND with the AGM and SYKES sequences. AGM677 is a grivet viral sequence.

```
VERVET.CON       ATGGGggCGGcTaCCTCAGCACT?aataGGAGAcAATTAGAccAATTTGAgcAtATACGaCTTCGCC     66
SIVAGMTYO        -----GG---C-A----------AAATA-----C-------CC-------GA-A-----A-------     67
SIVAGM155        -----GG---C-A----------GAATA-----C-------TG-------GC-T-----A-------     67
SIVAGM3          -----GG---C-A----------AAATA-----C-------CA-------GC-T-----A-------     67
SIVAGM692        -----TT---G-T----------GTCAG-----A-------CC-------AC-T-----T-------     67
SIVAGM677        ATGGGCGGGGGTCACTCAGCACTGTCAGGGAGAAGCCTCGACACGTTCGAGAAGATTAGGCTACGTC     67
TANTALUS.CON     ATGGGAgcgGGACACTCGgCACTGtCAgGgAGgAATTTgGAcaCATTtGAgAaAATaCGCTTACgCC     67
SIVAGM9          ------GTG----------G-----T--G-G--G-----A--TG----T--A-A---A-------G--     67
SIVAGM17         ------GCA----------G-----T--A-G--G-----G--CA----T--A-A---A-------G--     67
SIVAGM27         ------TCG----------A-----T--G-A--A-----G--CA----C--G-G---T-------G--     67
SIVAGM40         ------GCG----------G-----T--G-G--G-----G--CA----T--G-A---A-------C--     67
SIVAGM49         ------GCG----------G-----A--G-G--A-----G--CA----T--G-A---A-------G--     67
SIVSYK       ATGGGAGCAGCGGGGTCGGCAATATTAACAGGTAGAGAGCTAGACAGATATGAGAAAATTCGGCTCCGAC     70

VERVET.CON       CGAaCGGAAAGAAAAAGTAcCAAaTtAAACATTTAATATGGGCAGGCAAGgA?ATGGAgCGCTTcGGCCT    135
SIVAGMTYO        ---A---------------C---A-T-----------------------G-G-----G-----C-----    137
SIVAGM155        ---A---------------T---A-T-----------------------A-G-----C-----C-----    137
SIVAGM3          ---C---------------C---A-T-----------------------G-A-----G-----C-----    137
SIVAGM692        ---A---------------C---T-G-----------------------G-A-----G-----T-----    137
SIVAGM677        CGAACGGGAAAAAGAAGTACCAAATTAAACATTTAATATGGGCAGGAAAAGAAATGGAACGATTTGGGTT    137
TANTALUS.CON     CGAACGGAAaGAAAAAgTAtcAAtTaAAACATtTaATATgGGCAGGCAagGAaATGGAGCGcTTcGGCCT    137
SIVAGM9          ---------G------A--CA--T-G------C-A----G--------GA--A--------C--C-----    137
SIVAGM17         ---------A------G--TC--C-A------T-A----A--------AG--G--------C--T-----    137
SIVAGM27         ---------A------G--TC--T-A------T-A----G--------AG--A--------T--C-----    137
SIVAGM40         ---------A------G--TC--T-A------T-A----G--------AG--A--------C--C-----    137
SIVAGM49         ---------A------G--CC--T-A------T-G----G--------AA--A--------C--C-----    137
SIVSYK       CGAAAGGGAAGAAGCGCTACCTAGTTCGACATTTAGTTTGGGCAAAGAAGGAGTTGGACAGATTCGGCCT    140

VERVET.CON       CCATGAgA?gTT?tT?GA?aCAGA?GA?GGgTGTAAaAagATCATAGAAGTacTcta?CCccTAGAACCA    198
SIVAGMTYO        ------G-GG--GT-G--GA----G--G--G-----A-GA-----------CC-CTAC--CC--------    207
SIVAGM155        ------G-AG--AT-G--GA----G--A--T-----A-AG-----------TC-CTCT--CC--------    207
SIVAGM3          ------G-GA--AC-A--AT----A--A--A-----G-AG-----------AC-CTAC--GC--------    207
SIVAGM692        ------A-AG--GT-A--AA----A--G--G-----A-AG-----------AT-GCTT--CT--------    207
SIVAGM677        ACATGAGAAACTTTTAGAAACAAAAGAAGGCTGTCAAAAAATCATAGAAGTTTTAACCCCGTTGGAACCG    207
TANTALUS.CON     CCATGA?AaAcT?tTaGAAACAAAaGAaGGaTGTCAaAAaATcATAGAAGTatTagCCCCctTAGAAcCA    205
SIVAGM9          ------G-A-C-GT-A--------A--A--A-----A--G--C--------AT-GA----CC-----T--    207
SIVAGM17         ------G-A-C-TT-A--------A--G--A-----A--A--C--------AT-AG----TT-----C--    207
SIVAGM27         ------T-A-C-AT-A--------G--A--A-----G--A--C--------GT-AG----CT-----C--    207
SIVAGM40         ------T-A-T-GT-A--------A--A--C-----A--A--C--------AT-GG----CT-----C--    207
SIVAGM49         ------C-G-C-TC-G--------A--A--A-----A--A--T--------AC-AG----CC-----C--    207
SIVSYK       TTCGGACCAACTCATGGAGTCTAAAGAAGGCTGTGAAAAAATTCTCACAGTCCTACTTCCATTAGAAGCT    210

VERVET.CON       ACaGGgTCGGA?GGctTaAAAAGtCTGTt?AAtcT?gtgTGCGTatTgtttTGCgT?CAc?A?GAaaaGa    262
SIVAGMTYO        --A--A-----G--CT-A-----T----TC--TC-TGTG-----AC-ATAT---T-G--CA-G--ACA-A    277
SIVAGM155        --A--G-----A--AA-G-----T----AT--TC-GGTG-----AT-GCTT---G-C--CC-A--AAA-A    277
SIVAGM3          --A--G-----G--CT-A-----T----TT--CC-TGTG-----AT-GTTT---G-A--CA-A--TAA-G    277
SIVAGM692        --C--G-----A--TT-A-----C----TC--TT-GACC-----CA-TTGC---A-T--TC-G--AGC-A    277
SIVAGM677        ACAGGCTCCGAGGGGCTAAAAGCTCTGTTTAATTTGTGCTGCGTCATTTGGTGCATTCACGCAGAACAGA    277
TANTALUS.CON     ACAGGaTCgGAgGGctTaAAAAGtCTgTttAATTTgtgCTgCGTCATTTGGTGtaTTCACGCAGAACAGA    275
SIVAGM9          -----G--A--G--CT-A-----T--A-TT-----AGT--A------------TA---------------    277
SIVAGM17         -----A--G--A--CT-G-----T--G-TT-----GTG--G------------TA---------------    277
SIVAGM27         -----A--G--G--CT-A-----T--G-TT-----GTG--G------------CA---------------    277
SIVAGM40         -----A--A--G--GC-A-----C--A-TC-----AAC--G------------TG---------------    277
SIVAGM49         -----A--G--G--CT-A-----T--G-AC-----GTG--G------------CA---------------    277
SIVSYK       AATGGGTCAGAAAATTTAAAAAGCCTTTTTGGCATAATTTCGGTCGTATGGGCCGTTCATGCCAAAAAGG    280
```



AGM GAG


VERVET.CON aAAATTtGGaGCAGAaATAGTaCCCATGTT?CA?GCccTaTCAGAAGGcTGcAC?CC?TATGAcaTcAAt 548
SIVAGMTYO A-----T--A-----A-----A--------T--A--CC-A--------C--C--A--C-----CA-T--T 579
SIVAGM155 A-----T--G-----A-----A--------C--A--CC-C--------C--C--C--A-----CA-C--T 579
SIVAGM3 A-----C--A-----A-----G--------C--G--TT-A--------G--C--A--C-----CA-C--T 591
SIVAGM692 G-----T--A-----G-----T--------T--G--CC-G--------A--T--C--A-----TG-G--C 561
SIVAGM677 AAGGTGGGGAGCAGAAGTAGTCCCCATGTTCCAAGCACTCTCAGAGGGATGTCTCTCCTATGATGTAAAT 561
TANTALUS.CON aAGgTTTGGAGCAGAaATaGTgCC?ATGTTtCAaGCacTaTCaGAaGGcTgC?T?AGcTATGAcAT?AAT 570
SIVAGM9 A--G----------A--T--G--T-----T--G--A--A--T--G--C-G-T-A--T-----T--A--- 579
SIVAGM17 A--G----------A--A--G--C-----T--G--T -A--A--C-G-C-T--C-----C--T--- 579
SIVAGM27 G--A----------A--G--A--C-----T--A--CT A--A--A--G-A-A-C--C-----C--T--- 579
SIVAGM40 A--G----------G--A--C--T-----C--A--AC-A--A--A--T-G-C-A--C-----T--A--- 579
SIVAGM49 A--G----------A--A--G--G-----T--A--AC-A--A--A--C-G-A-T--C-----C--C--- 579
SIVSYK AAAATTTGATGCATCCATAGTGCCATTATTTCAGGCTCTAACAGAAGGATTTATTCCTTATGATCTCAAT 630
VERVET.CON CA?ATGcTtAATGTccTaGGAGA?CATCA?GGGGCc?T?CAaATAGTgAAAGA?aTcAT?AATGA?GAAG 610
SIVAGMTYO --G---C-T-----GC-A-----T-----A-----AT-A--A-----G-----GA-C--T-----A---- 649
SIVAGM155 --G---C-T-----CT-A-----T-----G-----CT-G--A-----G-----AA-A--T-----G---- 649
SIVAGM3 --A---C-T-----CC-G-----C-----A-----GC-A--A-----A-----AA-C--C-----G---- 661
SIVAGM692 --A---T-G-----TC-A-----C-----G-----CC-G--G-----G-----GG-C--C-----A---- 631
SIVAGM677 CAGATGCTCAATGTAATAGGAGACCATCAGGGGGCATTACAAATTCTTAAGGAAGTCATTAATGAAGAAG 631
TANTALUS.CON CAaaTGtTAAATGTcATAGGAGAtCAtCAaGGaGC?ATGCAAATTtATtAAgGAaGTaATtAATGAaGAaG 639
SIVAGM9 --AA--C-------A--------T--T--A--A--C---------T--T--G--A--A--T-----G--A- 649
SIVAGM17 --AA--T-------C---------C--C--A--A--G---------T--T--A--G--A--T-----A--G- 649
SIVAGM27 --GG--T-------C---------T--C--A--G--C---------C--C--G--A--A--C-----G--G- 649
SIVAGM40 --AA--C-------C---------T--T--G--A--A---------T--T--G--G--G--C-----A--A- 649
SIVAGM49 --GA--T-------C---------C--T--A--A--A---------T--T--A--A--C--T-----A--A- 649
SIVSYK GGCATGCTTAATGCTGTAGGAGATCATCAGGGAGCCATGCAGGTAATTAAAGACATCATCAATGAGGAAG 700
VERVET.CON CaGCCCAGTGGGAt?TaaCaCAcCCaCcaCCaGCAGGaCCc?TaCCAGCaGCaCA?cTcAG?GA?CCtaG 675
SIVAGMTYO -A----------TG-AA-A--C--A-TA--C-----A--CC-A-----A--A--GC-C--G--C--TC- 719
SIVAGM155 -A----------TG-AA-C--C--A-CG--G-----C--CT-G-----G--A--GC-C--G--T--GG- 719
SIVAGM3 -A----------TA-AG-T--C--A-CA--A-----A--AT-A-----A--A--AC-C--A--C--TA- 731
SIVAGM692 -T----------CA-TA-A--T--C-CA--A-----G--GC-C-----A--G--AT-G--A--T--AA- 701
SIVAGM677 CAGCAGAGTGGGACAGGACACACAGACCACCAGCTGGCCCGTTACCAGCAGGGCAGCTAAGAGACCCGAC 701
TANTALUS.CON CAGCCcAgTgGGAc?TAaCcCAcCC?CC?CCAGCAGGaCCatTACCAGcaGGgCAgcTaAGAGAcCCaaG 706
SIVAGM9 -----A-T-G---TC--G-A--C--C--T--------A--AT------TA--A--AC-T-----T--CA- 719
SIVAGM17 -----C-G-A---CC--A-C--C--T--A--------A--AT------CA--A--GT-A-----T--AA- 719
SIVAGM27 -----C-G-G---TA--A-C--C--G--A--------A--CT------CA--G--GT-A-----C--AC- 719
SIVAGM40 -----C-A-G---CT--A-T--T--C--T--------C--AC------CA--G--GC-T-----C--CA- 719
SIVAGM49 -----C-G-G---CA--A-C--C--T--G--------G--GC------TG--G--GC-A-----C--AA- 719
SIVSYK GGGCGGCATGGGATCTTGAACATCCCCAACCGCAACAACCTGCTCCACAAGCAGGATTGAGGGATCCCTC 770
VERVET.CON gGGcTCaGA?ATAGCAGGgACcAC?AG?aCagTgCAAGAaCAgcTaGAaTGGATcTA?AC?GC?AAcCC? 738
SIVAGMTYO C--C--A--T--------G--C--C--CT-AG-A-----A--GT-A--A-----C--T--T--T--C--C 789
SIVAGM155 G--A--A--T--------G--C--T--TA-AG-G-----G--GC-A--G-----C--T--T--T--C--A 789
SIVAGM3 A--C--T--C--------A--C--C--CA-AG-G-----A--GC-G--A-----A--C--A--C--T--C 801
SIVAGM692 G--G--A--C--------G--T--T--TA-CA-T-----A--AC-A--A-----T--C--A--C--C--A 771
SIVAGM677 AGGGTCAGATATAGCAGGAACTACCAGCTCAATTCAGGAACAAATAGAGTGGACCTTCAATGCCAATCCA 771
TANTALUS.CON gGGgTCaGAtATAGCaGGAACaACTAGcaCagT?CAaGAaCAAAttGAgTGGACcTTTtAATGCtAatCCt 775
SIVAGM9 G--G--A--T-----A-----A-----CA-AA-T--G--A----CA--G-----A--C-----C-AT--A 789
SIVAGM17 G--T--A--T-----A-----C-----CT-AG-G--A--A----TT--G-----C--C-----A-CT--T 789
SIVAGM27 G--A--A--T-----A-----A-----CT-AA-T--A--A----TT--G-----C--T-----T-AT--T 789
SIVAGM40 A--G--A--C-----A-----A-----CA-AG-C--G--A----TA--A-----A--T-----T-AC--T 789
SIVAGM49 A--G--G--C-----T-----C-----TA-TG-G--A--G----TT--G-----C--T-----T-AT--C 789
SIVSYK CGCCTCAGACATAGCAGGAACAACAAGCTCAATTGCTGAGCAAATAGAATGGATTACTAGGCAGAACAAC 840

```
VERVET.CON    aG?gTAGAtGT?GGtGCcATCTAt?G?AGaTGGaTtATcctaGGg?TgCAAAAaTGTGT?AaAATGTAcA   802
SIVAGMTYO     C-GG----T--A--T--C-----CC-G--A---A-T--TCTA--AC-T-----G-----C-A------C-   859
SIVAGM155     A-GG----T--A--G--C-----TC-A--A---A-C--CCTA--GT-A-----A-----A-A------C-   859
SIVAGM3       A-AG----T--G--T--C-----TA-A--G---A-T--CCTG--GT-G-----A-----A-A------C-   871
SIVAGM692     A-AA----C--G--A--T-----TA-G--A---G-A--AGCA--GC-G-----A-----C-G------T-   841
SIVAGM677     AGAATAGACGTAGGGGCACAATACAGAAAATGGGTTATTTTGGGCTTACAAAAGGTAGTGCAGATGTACA   841
TANTALUS.CON aaaGTAGATGTaGGacGcaTcTAccGagGaTgGGTtAT?tTagGgCTaCAAAAaTGTGTAAAaATGTAtA   844
SIVAGM9       CGA--------A--AC-CA-C--CA-AG-A-G---T--TT-AG-T--A-----A--------G-----T-   859
SIVAGM17      AAG--------T--AC-CA-T--CC-AG-A-A---T--CC-GA-G--C-----G--------A-----T-   859
SIVAGM27      AAA--------A--AA-AA-C--CA-GA-C-G---A--CT-AG-G--A-----A--------A-----C-   859
SIVAGM40      AGA--------A--GA-AC-C--TC-AG-A-G---T--TT-AG-T--A-----A--------A-----T-   859
SIVAGM49      AAG--------A--AC-CA-C--TC-AG-A-G---T--AC-AG-G--C-----A--------A-----C-   859
SIVSYK        CCAGTACAAGTAGGAGAAATATATAGAAGATGGATCATTCTAGGGCTGCAGAAGTGTGTGCAGGTCTACA   910

VERVET.CON    A?CCAgt?tctGT??TaGA?ATaAGaCA?GG?CCcAaAGAacCaTTcAaaGAtTAtGTaGA?AGaTTcTA   864
SIVAGMTYO     -C---GTATCA--CC-A--C--T--G--G--A--T-A---GC-C--C-AG--T--T--G--C--A--T--   929
SIVAGM155     -T---GTGTCT--TT-A--T--C--A--A--G--C-A---AC-A--C-AA--T--T--A--C--A--C--   929
SIVAGM3       -C---GTGTCT--CT-A--C--A--A--G--G--C-A---AG-A--C-AA--C--C--A--T--G--C--   941
SIVAGM692     -T---ACAGGG--TC-G--T--A--A--A--A--A-G---AT-T--T-GC--T--T--A--T--A--C--   911
SIVAGM677     ATCCCCAAAAGGTCCTAGACATTCGACAGGGACCTAAAGAACCCTTCCAGGACTATGTAGACAGATTCTA   911
TANTALUS.CON AcCC?gTcTCaGTttT?GAtATcAGaCAaGGAGCcAAaGaaCCaTTcAAaGAtTAtGTaGAcaG?TTcTA   911
SIVAGM9       -C--AG-C--A--CT-A--T--C--A--G-----A--A-AG--C--T--A--C--C--A--CC-T--T--   929
SIVAGM17      -C--TA-C--A--TT-A--T--C--A--A-----C--A-GA--A--C--A--C--T--A--TA-G--C--   929
SIVAGM27      -C--CG-A--G--TC-G--T--T--A--A-----C--A-AA--A--T--A--T--T--G--CA-A--C--   929
SIVAGM40      -T--CA-C--G--CC-T--T--T--A--A-----C--G-AG--A--C--G--T--T--A--TA-A--C--   929
SIVAGM49      -C--TG-C--A--TT-G--C--C--G--A-----C--G-AA--A--C--A--T--T--A--CA-G--T--   929
SIVSYK        ACCCTGTTTCTATCTTAGACATAAAACAGGGCCCAAAAGAAATTTTCAAAGACTATGTAGACAGATTCTA   980

VERVET.CON    cAA?GCaaTaAGAGCaGAaCAaGCcTCagg?GAaGT?AAacAaTGGATGACAGAatC?tT?cTcATTCA?   928
SIVAGMTYO     C--G--AA-T-----A--A--A--C--AGGG--A--G--AC-A----------AT-AT-AC-C-----A   999
SIVAGM155     T--A--AA-A-----A--A--A--T--AGGA--A--C--AC-A----------AT-TT-GC-C-----G   999
SIVAGM3       C--A--AA-A-----T--G--G--C--AGGA--A--A--AC-G----------AT-AT-AC-C-----G  1011
SIVAGM692     C--G--CC-G-----A--A--A--C--TCAG--T--T--GA-T----------CA-TC-GT-G-----A   981
SIVAGM677     TAAAGCCCTGAGAGCAGAACAAGCACCACAGGATGTTAAAAATTGGATGACACAAACTTTGCTTATCCAG   981
TANTALUS.CON tcaaGCCcTtAGggcaGAaCAAACaCCcCAaGAtGtgAAAAatTgGATGACagAaAC?CTgcTcATtcAa   980
SIVAGM9       TCAG---T-G--GGCA--A-----C--A--A--T-TG----AT-G------AG-G--C--CT-G--TC-A   999
SIVAGM17      TCAA---C-T--GCGC--A-----T--C--G--C-TA----AT-A------AG-A--T--GC-C--CC-G   999
SIVAGM27      TGCA---C-T--AGCA--A-----A--C--A--T-AG----AT-G------AG-A--C--CC-C--TG-A   999
SIVAGM40      TCAG---C-G--AGCA--A-----A--C--A--T-TA----AT-G------AG-A--T--GT-G--TC-A   999
SIVAGM49      CCAA---C-T--GGCC--G-----A--T--A--T-TG----CC-G------GC-A--G--GC-C--CC-G   999
SIVSYK        CCATTGCTTAAGAGCAGAGCAGGCGGACCCATCAGTCAAAGGGTGGCTAACTCAAACACTGTTGATTCAA  1050

VERVET.CON    AATGCtAA?CCAGAtTGtAA?GTcAT?cTgAAgGGcCTaGGaATGCAcCCcAC?cTtGAAGAAATG?TaA   993
SIVAGMTYO     -----T--T-----T--T--G--C--CC-G--G--C--A--A-----C--C--CC-T---------T-A-  1069
SIVAGM155     -----C--C-----T--C--A--A--TT-G--G--C--A--G-----C--C--TC-T---------C-G-  1069
SIVAGM3       -----T--T-----C--T--A--C--CC-A--G--C--G--A-----T--C--TC-A---------T-A-  1081
SIVAGM692     -----T--C-----G--T--G--C--TC-G--A--G--A--C-----C--T--CT-G---------C-T-  1051
SIVAGM677     AATGCCAATCCGGATTGTAAATTGATTCTGAAAGGATTGGGAATGAATCCAACCTTGGAGGAAATGCTAA  1051
TANTALUS.CON AATGCtAAcCCaGAttgcAAatTaGT?cTgAAAgG?tTAGGaATGcATCCaACcTTaGAaGAAaTGCTaA  1048
SIVAGM9       -----T--T--A--TTGC--AT-A--CC-A---G-CT----A---C----C--C--G--A---A----T-  1069
SIVAGM17      -----T--T--A--TCAC--AT-A--AT-G---A-AC----G---C----A--A--A--A---A----A-  1069
SIVAGM27      -----C--C--G--TTGT--GT-A--AC-G---G-GT----A---C----A--T--A--A---G----A-  1069
SIVAGM40      -----C--C--G--CTGT--GC-G--CC-A---G-AC----A---C----C--C--G--G---A----T-  1069
SIVAGM49      -----T--C--A--TTGC--AC-A--TT-G---G-GT----A---A----A--C--A--A---A----A-  1069
SIVSYK        AATGCCAACCCAGAATGCAGACAGATCCTCAAGGCAATG...GTCAAACCTACCTTGGAGGAAATGCTGC  1117
```

AGM GAG

```
VERVET.CON    CgGCcTGtCA?GG?GT?GGaGG?CCaagtTACAAAGC?AAAgTgATGGcAGAAATGATGcAgaacaTGCA  1058
SIVAGMTYO     -G--T--T--G--G--A--A--C--AAGC--------A---G-A----C----------C-GACCA----  1139
SIVAGM155     -A--C--T--A--G--G--A--C--AAGT--------C---G-C----C----------C-GAACC----  1139
SIVAGM3       -T--C--T--A--A--G--A--A--AAGT--------A---G-G----C----------C-AAATA----  1151
SIVAGM692     -G--A--C--G--A--A--G--A--CCAA--------C---T-G----T----------A-TCAAA----  1121
SIVAGM677     TAGCTTGCCAGGGAGTAGGAGGGCCACAACATAAGGCTAAGCTAATGGTAGAAATGATGAGTAATGGACA  1121
TANTALUS.CON CAGC?TGtCAAGGagTAGGaGGaCCAGGaCAtAAAGCcAAatTaATGGc?GAAGc?ATGCAaaAcATGCA  1115
SIVAGM9       ----C--T-----AG----A--A-----A--T-----C--GC-G----CT----CA-----AA-C-----  1139
SIVAGM17      ----A--T-----AA----G--A-----A--C-----C--GC-T----CG----CC-----AC-A-----  1139
SIVAGM27      ----T--C-----CA----A--G-----A--T-----T--AT-A----CA----CC-----GA-C-----  1139
SIVAGM40      ----C--T-----AG----A--A-----G--T-----C--AT-A----CT----CT-----AA-C-----  1139
SIVAGM49      ----T--T-----GG----A--A-----T--T-----T--AT-A----TG----TT-----GC-A-----  1139
SIVSYK        AAGCTTGTCAAGGAGTCGGAGGACCCTTACACAAGGCAAAACTCATGGCAGAGGCCATGGTAATGGCCCA  1187

VERVET.CON    ?agtcagAACATGgT?CAgCAgGgaGGtc?aagaggaAGAccaAGAccc???...CCa?taAa?TGtTAc  1117
SIVAGMTYO     AAATCAA------G-G--G--G-GA--TCCAAAA...---CAA---CCC......--ACTA-GA--T--T  1200
SIVAGM155     GAGTCAG------G-A--G--G-GA--TGGAAGGGGA---CCA---CCC......--GCCA-AG--T--C  1203
SIVAGM3       AAGCCAG------A-G--A--G-GC--TCAGAGAGGA---CCA---CCC......--AGTA-AG--T--C  1215
SIVAGM692     GGGGGTC------G-A--G--A-CA--AATAGGAGGT---GGG---GGAAGA...--AGTT-AA--C--C  1188
SIVAGM677     G......AATATGGTCCAAGTGGGACCTCAGAAAAAGGGCCCCCGAGGG......CCGCTAAAATGCTTT  1179
TANTALUS.CON aGGggTcAacATGgTacagggac?acCaAgagg?GGaAGaGGcAGagGaAGAGGaCCacc?CGcTGcTTt  1182
SIVAGM9       A--GA-C-CA---G-CGCTCAAGGAC-A-GA...--A--A--C--GG-A-----A--TACC--T--C--C  1206
SIVAGM17      A--AG-C-AC---A-ACAGGGCCACT-A-AGGGA--A--G--A--AG-A-----A--ACCT--C--T--T  1209
SIVAGM27      A--GG-A-AC---A-ACAGGGACCAC-A-GAGGG--C--A--C--AG-G-----T--GCCT--C--T--T  1209
SIVAGM40      A--GA-T-CT---G-AGCTCAAGGAC-A-GA...--A--A--C--AA-C-----A--AGTC--A--C--T  1206
SIVAGM49      G--CG-C-AC---G-ACAGGGACCAT-T-GAGGA--A--A--A--GG-A-----A--ACCA--C--C--T  1209
SIVSYK        G......CAGTCAGTAAATATGGTACAAGGGCCATCAAAAGGGAGATCA......ATGATTAAATGCTAC  1245

VERVET.CON    AAtTGTGGAAAATTTGGcCAtaTGCA?AgacAaTG?cCtgAaccAaG?aaaataaaATG?cTgAAaTGTG  1183
SIVAGMTYO     --T--------------C--TA----A-GAC-A--TC-GG-ACC-A-GAAAACAAA---TC-A--G----  1270
SIVAGM155     --C--------------C--CA----G-GGC-G--TC-TG-GCC-A-AAAAATAAA---TC-T--A----  1273
SIVAGM3       --T--------------C--TA----A-GAC-A--CC-TG-ACC-A-AAAGATGAG---CT-G--A----  1285
SIVAGM692     --A--------------G--TG----G-AAA-T--CA-TC-AAA-G-GCCAGTAGT---CC-G--A----  1258
SIVAGM677     AATTGTGGCAAATTTGGACATATGCAAAGGGAATGCAAGGCACCAAGACAGATCAAATGCTTTAAGTGCG  1249
TANTALUS.CON AaATGtGGaCAaATtGGaCAtaTtCAaAAAGAcTGcCc?aqaGgaGGaCCAAt?AAgTGtCTCAAaTGTG  1250
SIVAGM9       -A---T--A--A--A--C--CA-T--G-----T--C-CCAGG-GA--A----AC--G--T-----A----  1276
SIVAGM17      -A---C--A--G--T--A--TG-T--A-----T--T-CGCGA-GG--T----TT--G--C-----A----  1279
SIVAGM27      -A---T--C--G--T--A--TA-A--A-----C--T-AAAGA-CA--A----CG--G--C-----G----  1279
SIVAGM40      -G---T--A--A--T--C--TA-C--A-----C--C-CTAAA-GA--A----TA--A--T-----A----  1276
SIVAGM49      -A---T--G--A--A--A--TG-T--A-----C--C-CACGA-GA--T----TC--A--T-----A----  1279
SIVSYK        AATTGTGGGCAAATTGGGCACATGCAAAAAGACTGCAAAAAGCCACTTAAAGCTAAATGCTTTAATTGTG  1315

VERVET.CON    GaAAaccaGGgCA?tTaGCaaaAGA?TGCAG?.............................GGAcagGT  1220
SIVAGMTYO     -A--ATTG--A--CC-A--AAA---C-----G.................................---CAG--  1310
SIVAGM155     -A--GCCA--G--CT-A--AAA---C-----G.................................---CAG--  1313
SIVAGM3       -G--ACCA--G--TT-A--AAA---T-----A.................................---CAG--  1325
SIVAGM692     -A--ACCT--C--TT-T--TCG---T-----A.................................---GCA--  1298
SIVAGM677     GCAAAATTGGCCATATGGCAAAAGACTGCAAGAAT.........................GGACAGGC  1292
TANTALUS.CON GaAAaCCAgGaCACaTgGCAAaaGAcTGcAGaaga.........................GGgCAGGC  1293
SIVAGM9       -A--A---G-A---T-A----GG--C--C--GACA.............................--G-----  1319
SIVAGM17      -C--A---A-G---A-G----AA--C--T--AGGA.............................--A-----  1322
SIVAGM27      -G--A---G-G---A-G----AA--T--C--AAGT.............................--A-----  1322
SIVAGM40      -A--G---G-A---A-G----AA--C--C--GTCA.............................--G-----  1319
SIVAGM49      -A--A---G-A---A-G----AA--T--T--AAGT.............................--G-----  1322
SIVSYK        GAAAAACAGGACACCTAGCAAGGGCCTGTAGGCAACCCAAGAGAAATCAAGGCCCTCCAGTTGCACAGGC  1385
```

```
          pol orf ->
VERVET.CON    ?AATTTTTTAGGGTATGGc...cGGTGGATGGG?gCaAAACCaAgAAATTTTcccc.....gc?Gct   1275
SIVAGMTYO     G----------------A...C----------GG-A-----G-G-------CCC.....GCC-CT   1368
SIVAGM155     G----------------C...C----------GA-A-----A-G-------CCC.....GCA-CC   1371
SIVAGM3       A----------------C...C----------AG-G-----C-G-------CCC.....GCC-CT   1383
SIVAGM692     A----------------C...A----------AG-A-----A-A-------.....TTA-AA   1353
SIVAGM677     AAATTTTTTAGGGTATGGC...CATTGGGGAGGAGCGAAACCAAGAAATTTTGTGCAATACAGAGGAGAC   1359
TANTALUS.CON  ?AATTTTTTAgGgAGAATGcc?aCaCCaTggGGtTCcAAgCCGCGCAATTTT.....TTAGAG   1349
SIVAGM9       A---------G-A------...A-A--A-GG--A--G--G----------.....------   1374
SIVAGM17      C---------A-G------CCCG-A--C-AA--T--C--G----------.....------   1380
SIVAGM27      C---------G-G------CCAA-C--A-GG--T--C--A----------.....------   1380
SIVAGM40      A---------G-G------...A-A--A-GG--A--G--G----------.....------   1374
SIVAGM49      T---------G-A------CCAA-A--A-GG--T--C--G----------.....------   1380
SIVSYK        TAATTTTTTAGGGAAAGGATGGGGGGTCTCCAGGAGGCCCCCAGCCAACTTC.....   1437

VERVET.CON    actcttGg?GcgGaaCCaa?tGCgCC?CCtCCaCCGa?c.....   1310
SIVAGMTYO     ACTCTT-GA-CG-AA--GAGT--G--T--T--A---AGC.....   1407
SIVAGM155     ACTCTT-GG-CG-AA--AAGT--G--C--T--A---AAC.....   1410
SIVAGM3       ACTCTT-GG-TG-AG--AACT--G--C--T--A---AGT.....   1422
SIVAGM692     CACAGA-CA-CA-TC--CTCC--C--T--A--G---CAC.....   1392
SIVAGM677     ACAGTTGGTCTGGAACCAACAGCCCCCCCAATGGAAACA.....   1398
TANTALUS.CON  CAAGgcGGAgcCGTTCCGACGGCTccccc?aTgcC?gCGCAc.....GgattccCCacaG   1402
SIVAGM9       ----AC---GC----------CCCCCAT-GC-TG----C.....-AGACCT--GTC-   1429
SIVAGM17      ----GA---GC----------CCCCCGA-CG-CG----T.....-GATTCC--ACA-   1435
SIVAGM27      ----GC---CG----------AAAAAGA-GC-CG----C.....-TATTCC--ACA-   1435
SIVAGM40      ----GC---GC----------CCACCCA-GC-AA----C.....-GATTCC--ACC-   1429
SIVAGM49      ----GC---GC----------CCCCGAT-GC-AA----T.....-GGGTTC--ACA-   1435
SIVSYK        CCAGTGAGGAGCCAGCCATCTGCTCCCCCTCTGGAGGAC...ATCGAAGATGGGCCATGGCTCACATGGT   1504

VERVET.CON    .....aac?c?ac?cCaTACGACccaGCaAagaaGCTcCTGcAGcAaTATgCagAgaA?GGgaa   1365
SIVAGMTYO     .....GGCACCACCC-A------CCA--A-AGAA---C---C--C-A---G-AG-GA-A--GAA   1466
SIVAGM155     .....AACTCTACAC-T------CCA--A-AGAA---C---C--C-G---G-AG-GA-A--GAA   1469
SIVAGM3       .....C-A------CCT--A-AGAA---C---C--C-A---G-AG-CA-G--GAA   1472
SIVAGM692     .....AACCCAGGGG-G------GAA--C-CTCG---T---G--A-A---A-CC-AG-G--AGC   1451
SIVAGM677     .....GCTTACGATCCAGCAAAGAAGCTCCTCCAGCAGTATGCAGAGAAGGGACA   1448
TANTALUS.CON  GTCcgcCA???gc?c?gGGAGCcTACGAcCCAGCCAagaGacTccTgGaaCAgTAtgCaAAaAAgGggGA   1467
SIVAGM9       ---CCA--...GCACGG-----A-----C-------AAC-AC-GT-G-AG--G--TG-A--A--G-GG--   1496
SIVAGM17      ---CGC--...GTTGCA-----C-----T-------AGA-AC-CC-G-GG--G--TG-A--A--A-GA--   1502
SIVAGM27      ---TGC--...GCTGCG-----C-----C-------GGA-GC-CC-G-AA--A--TG-A--A--G-AG--   1502
SIVAGM40      ---CTC--...GCACAG-----A-----C-------AGA-AT-AT-G-AA--G--TG-G--G--G-GG--   1496
SIVAGM49      ---CGT--GACTGGCGG-----C-----C-------AGA-GC-CC-A-AA--G--CA-G--G--A-GG--   1505
SIVSYK        CAGCACAGATGAGCCAACAAGCACAAGCGAAGGCACAGAACTCTCCCTCGAAGAAACCCCCCACCAACAG   1574

VERVET.CON    aCAactgAGg?aacAaaaga??AA?ccaccagCaa?gaatccggattgGa??GAGGgaTATTCtTTGAAc   1428
SIVAGMTYO     A--ACTG--GGAGC-AAAGAGG--TCCACCGG-AATGAATCCGGATTG-ACC----GA-----T-----C   1536
SIVAGM155     A--AATG--AAATC-GAACAGA--CCCCCCAG-GAACAATCCAGATTG-AAC----GA-----T-----C   1539
SIVAGM3       G--GTTG--GGAAC-AAGGAAA--ACCACCAG-AGTGAATCCCGATTG-ACA----GA-----T-----C   1542
SIVAGM692     C--ACAA--GAGAA-AGTAGAG--G...AGCT-CCAAGCGGGGAGGGA-GAA----AT-----C-----A   1518
SIVAGM677     GCGCCTGAGAGAGGAGAGAGAACAGACAAGGAAACAGAAGGAGAAAGAAGTGGAGGATGTTTCCTTGAGC   1518
TANTALUS.CON  cCAacTaAggAagCAgAAgGAg.....AAgGAacTGGAGGAtTATTCcTTGAGT   1516
SIVAGM9       C--GC-G-GG-AG--G--G--G.....--G--AC-------T-----C------   1545
SIVAGM17      C--AC-A-GG-GG--A--A--G.....--G--AC-------T-----C------   1551
SIVAGM27      T--GT-A-AG-AG--G--G--A.....--A--GC-------C-----A------   1551
SIVAGM40      C--AC-G-GA-GA--G--A--G.....--G--AT-------T-----C------   1545
SIVAGM49      A--AC-A-GG-AA--G--G--G.....--G--AC-------T-----C------   1554
SIVSYK        GGAAGTGCTCTCGCCGAAGGAG...AGCAGTGGGAAGGAGGAGACCAAGAGTCTCTATCCCTCTCTCAGC   1641
```

AGM GAG

```
VERVET.CON    TCCCTCTTTGGAGAAGACCAA*        1449
SIVAGMTYO     ----------------------        1557
SIVAGM155     ----------------------        1560
SIVAGM3       ----------------------        1563
SIVAGM692     ----------------------        1539
SIVAGM677     TCCCTCTTTGGAGGAGACCAA*        1539
TANTALUS.CON  TCCcTCTTTGGAGAAGACCAA?AA*     1539
SIVAGM9       ---C-----------------*        1566
SIVAGM17      ---*                          1554
SIVAGM27      ---C-----------------T---     1575
SIVAGM40      ---C-----------------*        1566
SIVAGM49      ---C-----------------*        1575
SIVSYK        TCTCTCTTTGGAGAAGACCAA*        1662
```

AGM POL

Only one grivet sequence, AGM677, is currently available over this region. No attempt was made to align the MND sequenes with the AGM and SYKES sequences.

```
   gag cds ->
VERVET.CON    TTGTGGAAAATTTGGCCATATGCAAAGACAATGTCCGGAACCAAG?AA?A??A?ATG???T?AAaTGTGGa     62
SIVAGM3                                                  ------A--G-TG-G---CT-G--A-----G    31
SIVAGMTYO     ----------------------------------------------G--A-CA-A---TC-A--G-----A    70
SIVAGM155                                                                      A-----A     7
SIVAGM677     GTGCGGCAAAATTGGCCATATGGC.....................................................  24
TANTALUS.CON      GGaCAaATtGGaCAtaTtCAaAAAGAcTGcCc?agaGgaGGaCCAAt?AAgTGtCTCAAaTGTGGa     64
SIVAGM9           --A--A--A--C--CA-T--G-----T--C-CCAGG-GA--A----AC--G--T-----A-----A     66
SIVAGM17          --A--G--T--A--TG-T--A-----T--T-CGCGA-GG--T----TT--G--C-----A-----C     66
SIVAGM27          --C--G--T--A--TA-A--A-----C--T-AAAGA-CA--A----CG--G--C-----G-----G     66
SIVAGM40          --A--A--T--C--TA-C--A-----C--C-CTAAA-GA--A----TA--A--T-----A-----A     66
SIVAGM49          --G--A--A--A--TG-T--A-----C--C-CACGA-GA--T----TC--A--T-----A-----A     66
SABAEUS.CON                                                                            0
SIVAGM266                                                                              0
SIVAGM385                                                                              0
SIVAGM381                                                                              0
SIVAGM384                                                                              0
SIVAGM386                                                                              0
SIVAGM385A                                                                             0
SIVAGM385B                                                                             0
SIVAGM385C                                                                             0
SIVAGM385D                                                                             0
SIVSYK                                                                                 0

                                                        pol orf ->
VERVET.CON    AAaccaGGgCActTAGCAAAAGAcTGCAG...gGGACAGGTgAATTTTTTTAGGGTATGG...cCGGTGGA    126
SIVAGM3       --ACCA--G--TT----------T-----...A--------A----------------...C-------     95
SIVAGMTYO     --ATTG--A--CC----------C-----...G--------G----------------...A-------    134
SIVAGM155     --GCCA--G--CT----------C-----...G--------G----------------...C-------     71
SIVAGM677     ................AAAAGACTGCAAGAATGGACAGGCAAATTTTTTTAGGGTATGG...CCATTGGG     74
TANTALUS.CON AAaCCAgGaCACaTgGCAAaaGAcTGcAGaagaGGgCAGGC?AATTTTTTTAgGgAGAATGcc?aCaCCaT    132
SIVAGM9       --A---G-A---T-A----GG--C--C--GACA--G-----A--------G-A------...A-A--A-    133
SIVAGM17      --A---A-G---A-G----AA--C--T--AGGA--A-----C--------A-G------CCCG-A--C-    136
SIVAGM27      --A---G-G---A-G----AA--T--C--AAGT--A-----C--------G-G------CCAA-C--A-    136
SIVAGM40      --G---G-A---A-G----AA--C--C--GTCA--G-----A--------G-G------...A-A--A-    133
SIVAGM49      --A---G-A---A-G----AA--T--T--AAGT--G-----T--------G-A------CCAA-A--A-    136
SABAEUS.CON                                                                            0
SIVAGM266                                                                              0
SIVAGM385                                                                              0
SIVAGM381                                                                              0
SIVAGM384                                                                              0
SIVAGM386                                                                              0
SIVAGM385A                                                                             0
SIVAGM385B                                                                             0
SIVAGM385C                                                                             0
SIVAGM385D                                                                             0
SIVSYK                                                  TTTTTTAGGGAAAGGATGGGGGGTCT     26
```

AGM POL

```
VERVET.CON    TGGGggCaAAACC?AGAAATTT.............TCCCGCcGCtACTCTTGGgGcGGAaCCaAg...TGC    180
SIVAGM3       ----AG-G-----C--------.....------C--T--------G-T---G--A-C..---          150
SIVAGMTYO     ----GG-A-----G--------.....------C--T--------A-C---A--G-G..---          189
SIVAGM155     ----GA-A-----A--------.....------A--C--------G-C---A--A-G..---          126
SIVAGM677     GAGGAGCGAAACCAAGAAATTT...TGTGCAATACAGAGGAGACACAGTTGGTCTGGAACCAAC...AGC   138
TANTALUS.CON ggGGtTCcAAgCCGCGCAATTTTTTA...GAGCAAGgcGGAgcCGTTCCGACGGCTccccc?aTgcC?gC   197
SIVAGM9       GG--A--G--G---------------...-------AC---GC-------------CCCCCAT-GC-TG-  200
SIVAGM17      AA--T--C--G---------------...-------GA---GC-------------CCCCCGA-CG-CG-  203
SIVAGM27      GG--T--C--A---------------...-------GC---CG-------------AAAAAGA-GC-CG-  203
SIVAGM40      GG--A--G--G------ --------...-------GC---GC-------------CCACCCA-GC-AA-  200
SIVAGM49      GG--T--C--G---------------...-------GC---GC-------------CCCCGAT-GC-AA-  203
SABAEUS.CON                                                                            0
SIVAGM266                                                                              0
SIVAGM385                                                                              0
SIVAGM381                                                                              0
SIVAGM384                                                                              0
SIVAGM386                                                                              0
SIVAGM385A                                                                             0
SIVAGM385B                                                                             0
SIVAGM385C                                                                             0
SIVAGM385D                                                                             0
SIVSYK        CCAGGAGGCCCCCAGCCAACTTCCCAGTGAGGAGCGAGCCATCTGCTCCCCCTCTGGAGGACATCGAAGA    96

VERVET.CON    GCCcCCTCCACCGAgc??c?c?ac.....................................?CCa    203
SIVAGM3       ---C----------G.....................................................T--A  169
SIVAGMTYO     ---T----------GCGGCACCAC.....................................C--A      217
SIVAGM155     ---C----------ACAACTCTAC.....................................A--T      154
SIVAGM677     CCCCCCAATGGAAAC.....................................................AGCT  157
TANTALUS.CON GCAcGgattccCCacaGGTCcgcCA???gc?c?gGGAGCc.....................           232
SIVAGM9       ---C-AGACCT--GTC----CCA--...GCACGG-----A.....................           237
SIVAGM17      ---T-GATTCC--ACA----CGC--...GTTGCA-----C.....................           240
SIVAGM27      ---C-TATTCC--ACA----TGC--...GCTGCG-----C.....................           240
SIVAGM40      ---C-GATTCC--ACC----CTC--...GCACAG-----A.....................           237
SIVAGM49      ---T-GGGTTC--ACA----CGT--GACTGGCGG-----C.....................           243
SABAEUS.CON                                                                            0
SIVAGM266                                                                              0
SIVAGM385                                                                              0
SIVAGM381                                                                              0
SIVAGM384                                                                              0
SIVAGM386                                                                              0
SIVAGM385A                                                                             0
SIVAGM385B                                                                             0
SIVAGM385C                                                                             0
SIVAGM385D                                                                             0
SIVSYK        TGGGCCATGGCTCAC.............ATGGTCAGCACAGATGAGCCA.................A    133
```

```
VERVET.CON    TACGACCCaGCAAAGAAGCTCCTGCAGCAaTATGCAGAgAAaGGGAAaCAa?TGAGggA......?CAaA   265
SIVAGM3       --------T--------------------A--------C--G-----G--GT----GG-......A--A-   233
SIVAGMTYO     --------A--------------------A--------G--A-----A--AC----GG-......G--A-   281
SIVAGM155     --------A--------------------G--------G--A-----A--AA----AA-......T--G-   218
SIVAGM677     TACGATCCAGCAAAGAAGCTCCTCCAGCAGTATGCAGAGAAGGGACAGCGCCTGAGAGA......GGAGA   221
TANTALUS.CON  TACGAcCCAGCCAagaGacTccTgGaaCAgTAtgCaAAaAAgGgg.....................GAcC   281
SIVAGM9       -----C-------AAC-AC-GT-G-AG--G--TG-A--A--G-GG.....................--C-   286
SIVAGM17      -----T-------AGA-AC-CC-G-GG--G--TG-A--A--A-GA.....................--C-   289
SIVAGM27      -----C-------GGA-GC-CC-G-AA--A--TG-A--A--G-AG.....................--T-   289
SIVAGM40      -----C-------AGA-AT-AT-G-AA--G--TG-G--G--G-GG.....................--C-   286
SIVAGM49      -----C-------AGA-GC-CC-A-AA--G--CA-G--G--A-GG.....................--A-   292
SABAEUS.CON                                                                             0
SIVAGM266                                                                               0
SIVAGM385                                                                               0
SIVAGM381                                                                               0
SIVAGM384                                                                               0
SIVAGM386                                                                               0
SIVAGM385A                                                                              0
SIVAGM385B                                                                              0
SIVAGM385C                                                                              0
SIVAGM385D                                                                              0
SIVSYK        CAAGCACAAGCGAA...GGCACAGAACTCTCCCTCGAAGAAACCCCCCACCAACAGGGAAGTGCTCTCGC   200

VERVET.CON    agAgaAA?CCaCCaGCaatgAATCC?GATTGGAccGAGGGATA...TTCTTTGAACTCCCTCTTTGGAGA   330
SIVAGM3       GG-AA--A--A--A--AGTG-----C-------CA--------...-----------------------   300
SIVAGMTYO     AG-GG--T--A--G--AATG-----G-------CC--------...-----------------------   348
SIVAGM155     AC-GA--C--C--A--GAAC-----A-------AC--------...-----------------------   285
SIVAGM677     GAGAACAGACAAGGAAACAGAAGGAGAAAGAAGTGGAGGATGT...TTCCTTGAGCTCCCTCTTTGGAGG   288
TANTALUS.CON  AacTaAggAagCAgAAgGAgAAgGA.........acTGGAGGAtTATTCcTTGAGTTCCcTCTTTGGAGA   342
SIVAGM9       -GC-G-GG-AG--G--G--G--G--.........AC-------T-----C---------C----------   347
SIVAGM17      -AC-A-GG-GG--A--A--G--G--.........AC-------T-----C---------            339
SIVAGM27      -GT-A-AG-AG--G--G--A--A--.........GC-------C-----A---------C----------   350
SIVAGM40      -AC-G-GA-GA--G--A--G--G--.........AT-------T-----C---------C----------   347
SIVAGM49      -AC-A-GG-AA--G--G--G--G--.........AC-------T-----C---------C----------   353
SABAEUS.CON                                                                             0
SIVAGM266                                                                               0
SIVAGM385                                                                               0
SIVAGM381                                                                               0
SIVAGM384                                                                               0
SIVAGM386                                                                               0
SIVAGM385A                                                                              0
SIVAGM385B                                                                              0
SIVAGM385C                                                                              0
SIVAGM385D                                                                              0
SIVSYK        CGAAGGAGAGCAG...TGGGAAGGAGGAGACCAAGAGTCTCTATCCCTCTCTCAGCTCTCTCTTTGGAGA   267
```

AGM POL

```
VERVET.CON    AGACCAATAAagACagttta?ATAGaAGGggtccCCaTtAagGCAtTatTAGAtACaGGGGCAGATGAcA    399
SIVAGM3       ----------AA--AGTTTAC----A---GGTCC--A-C-GA---T-AT----T--G----------T-    370
SIVAGMTYO     ----------AG--AGTGTAT----A---GGTCC--A-T-AG---C-GC----C--A----------C-    418
SIVAGM155     ----------GG--CTGTATA----G---AACTG--G-T-AG---T-AT----T--A----------C-    355
SIVAGM677     AGACCAATGAAACGAGTCATCATAGAAGGAACGCCAGTGCAAGCCTTGTTAGATACAGGAGCAGATGACA    358
TANTALUS.CON AGACCAA?AA                                                              351
SIVAGM9       -------                                                                354
SIVAGM27      -------T--                                                             360
SIVAGM40      -------                                                                354
SIVAGM49      -------                                                                360
SABAEUS.CON                                                                          0
SIVAGM266                                                                            0
SIVAGM385                                                                            0
SIVAGM381                                                                            0
SIVAGM384                                                                            0
SIVAGM386                                                                            0
SIVAGM385A                                                                           0
SIVAGM385B                                                                           0
SIVAGM385C                                                                           0
SIVAGM385D                                                                           0
SIVSYK        AGACCAATGATAGAAGTAGATGTAGAAGGTGACCTGGTGCAAATGTTAGTAGATACAGGGGCAGATGATA    337

VERVET.CON    CcATaATaAAaGAaacaGATTTACAATTAtcaGGa......?CATGGAgACCaAAAATaaTAGGgGGcAT    462
SIVAGM3       -C--T--A--A--AGCA------------TCA--A......A------A---A-----AA----G--C--    434
SIVAGMTYO     -C--A--T--A--AAAT------------TCA--T......C------G---C-----TA----G--C--    482
SIVAGM155     -T--A--A--G--TACA------------AGG--A......T------G---A-----AG----A--A--    419
SIVAGM677     CTATAATTCAAGAAAAGGACTTGCACTTTCCCCCACATAAACCATGGCGTTCCAAGGTAGTAGGAGGTAT    428
SABAEUS.CON                                                                          0
SIVAGM266                                                                            0
SIVAGM385                                                                            0
SIVAGM381                                                                            0
SIVAGM384                                                                            0
SIVAGM386                                                                            0
SIVAGM385A                                                                           0
SIVAGM385B                                                                           0
SIVAGM385C                                                                           0
SIVAGM385D                                                                           0
SIVSYK        CTATAATTAGAGAAGAAGATATTCAATTA......CACCAACCATGGTCACCAAAAATAGTAGGAGGATT    401

VERVET.CON    tGGaGGaGG?cT?AAtGTAAAAGAaTATaatgAtaggGAA..............GTAaaAtTgGAAGAc    515
SIVAGM3       T--A--G--AC-C--T--------G---AGTG-TAGG---..............---AG-T-G-----C    489
SIVAGMTYO     A--A--A--CC-T--T--------A---AACG-CAGG---..............---AA-A-A-----T    537
SIVAGM155     T--G--A--GT-A--C--------A---GATA-TGTA---..............---CA-T-G-----C    474
SIVAGM677     AGGAGGAGGGATTCATGTCAAAGAATATCAGGGGGTACAA..............GTACAATTGGAGGAT    483
SABAEUS.CON                                                                          0
SIVAGM266                                                                            0
SIVAGM385                                                                            0
SIVAGM381                                                                            0
SIvAGM384                                                                            0
SIVAGM386                                                                            0
SIVAGM385A                                                                           0
SIVAGM385B                                                                           0
SIVAGM385C                                                                           0
SIVAGM385D                                                                           0
SIVSYK        AGGAGGAAACATTACAGTTAGGCAATATAGAAATATTAGATTCACTGTTGTTAAACCCTCAGGAAAAAGA    471
```

```
VERVET.CON      AAaATtTTgAGAGGaACaaTatTgaTAGGAgcaACTCCCAT?AAtATaATaGGaAGAAAttT?tTaGCcC  583
SIVAGM3         --A--T--G-----G--CA-AT-GA-----AGC--------A--C--A--T--A-----TA-AT-A--A-  559
SIVAGMTYO       --A--T--G-----A--AA-AT-GT-----GCA--------T--T--A--A--T-----TT-GC-G--C-  607
SIVAGM155       --G--A--A-----A--AG-CC-CA-----GCA--------C--T--C--A--A-----CT-TT-A--C-  544
SIVAGM677       AAAATCATCACCGGCTCAATTCTAATAGGAAGTACACCAATCAATATTATAGGAAGAAATATTTTAGCTC  553
SABAEUS.CON                                                                             0
SIVAGM266                                                                               0
SIVAGM385                                                                               0
SIVAGM381                                                                               0
SIVAGM384                                                                               0
SIVAGM386                                                                               0
SIVAGM385A                                                                              0
SIVAGM385B                                                                              0
SIVAGM385C                                                                              0
SIVAGM385D                                                                              0
SIVSYK          AAGCAAGTAGAGGGGACTCTTTTAGTGGGTCCTACGCCAGTAAATATATTAGGAAGGAATATACTTACCA  541

VERVET.CON      cgGCAGgagCCaaaTTAGTaATGGG?CAAtTgTCagAaaaAATtCC?aTcACcCCtGT?aaaTTaAAgGA  650
SIVAGM3         CA----GAG--AAA-----A-----T---C-G--AG-ACA---T--CA-T--C--T--GAAA--A--A--  629
SIVAGMTYO       CG----TGC--CGG-----A-----A---T-A--AG-AAA---T--TG-C--A--T--CAAA--G--G--  677
SIVAGM155       AG----GAG--AAA-----G-----G---T-G--GC-GAC---A--AA-C--C--G--ACGC--A--G--  614
SIVAGM677       AGGCAGGCATGAAATTAGTTATGGGAGTTCTATCTAGTCAGATTGAGGAAACAAAAGTACAACTAAAAGA  623
SABAEUS.CON                                                                             0
SIVAGM266                                                                               0
SIVAGM385                                                                               0
SIVAGM381                                                                               0
SIVAGM384                                                                               0
SIVAGM386                                                                               0
SIVAGM385A                                                                              0
SIVAGM385B                                                                              0
SIVAGM385C                                                                              0
SIVAGM385D                                                                              0
SIVSYK          AATTGGGAGTCAAATTAGTAATGGTTCAA......ACAGCATTAGAGCCAGTCAAAGTAAGTCTGAAACC  605

VERVET.CON      AGGGGCtaGaGGACC?tg?tTaAaaCAATGGCC?CTCTCtAAAGAaAAaATaaaAGCctTaCAgGAAATa  717
SIVAGM3         ------TA-A-----TTTCT-A-AA--------C-----C-----A--A--AAA---CT-A--G-----A  699
SIVAGMTYO       ------TC-G-----CTGTG-A-GA--------T-----T-----G--G--TGA---TT-A--G-----A  747
SIVAGM155       ------CA-A-----ACGAT-G-AG--------A-----T-----A--A--AAT---CC-G--A-----T  684
SIVAGM677       AGGGAAAGATGGACCTAAATTGAAACAATGGCCCTTATCAAGAGAAAAAATTGAAGCTTTAACAGAAATA  693
SABAEUS.CON                                                                             0
SIVAGM266                                                                               0
SIVAGM385                                                                               0
SIVAGM381                                                                               0
SIVAGM384                                                                               0
SIVAGM386                                                                               0
SIVAGM385A                                                                              0
SIVAGM385B                                                                              0
SIVAGM385C                                                                              0
SIVAGM385D                                                                              0
SIVSYK          AGACAAAGAATTGCCCCGGCTAAAACAATGGCCATTATCGGTAGAGAAATTAGAGGCCCTCAAGGCAATA  675
```

AGM POL

```
VERVET.CON    TGt?accaATTAGAG?AaGAAGGAAAAaT?AGcAgggTAGGaGGAGA?AATGCATACAAtAC?CCAgTaT    782
SIVAGM3       --TGACCA-------A-A---------A-T--C-AGA----A-----G-----------C--T---G-G-    769
SIVAGMTYO     --TTCCCA-------C-G---------A-C--T-GAG----A-----A-----------T- C---A-A-    817
SIVAGM155     --CAAAAC-------G-A---------T-A--C-GGG----G-----C-----------T--A---G-A-    754
SIVAGM677     TGCAAACAAATGGAAGAGGAGGGAAAATTATCTAGGATAGGAGGAGAAAATCCTTATAATACACCAGTGT    763
SABAEUS.CON                                                                           0
SIVAGM266                                                                             0
SIVAGM385                                                                             0
SIVAGM381                                                                             0
SIVAGM384                                                                             0
SIVAGM386                                                                             0
SIVAGM385A                                                                            0
SIVAGM385B                                                                            0
SIVAGM385C                                                                            0
SIVAGM385D                                                                            0
SIVSYK        GTAGAAGACATGCTCAAGGCAGGACAATTGGAGAAAGCTAGTCCTACCAATCCTTATAATACCCCAGTAT    745

VERVET.CON    TtTGcATAAaGAAaAAaGACAAaTCaCAgTGGAGaATGcTaGTAGAtTTtAGgGAacTaAAcAAaGCaAC    852
SIVAGM3       -T--C----A---A--A-----G--A--A-----A---T-A-----T--T--G--AC-A--C--A--A--    839
SIVAGMTYO     -T--C----A---G--G-----A--C--G-----G---C-A-----C--T--A--GT-A--T--G--A--    887
SIVAGM155     -C--T----G---A--A-----A--A--G-----A---C-G-----T--C--G--AC-C--C--A--T--    824
SIVAGM677     TTGCCATAAAGAAAAAGGATAAAACACAATGGAGAATGCTTGTAGATTTCAGGGAACTAAACAAAGCTAC    833
SABAEUS.CON                                                                           0
SIVAGM266                                                                             0
SIVAGM385                                                                             0
SIVAGM381                                                                             0
SIVAGM384                                                                             0
SIVAGM386                                                                             0
SIVAGM385A                                                                            0
SIVAGM385B                                                                            0
SIVAGM385C                                                                            0
SIVAGM385D                                                                            0
SIVSYK        TTGTAATTAGGAAAAAGGACAAAAAGAAATGGAGGATGCTCATTGATTTTAGAAAATTAAATGAGGCCAC    815

VERVET.CON    aCAAGAtTTcTTtGAAGT?CAaTTAGG?ATACCcCAtCCAgCAGGgTTaaaaAAgATGA?gcAaATAACa    919
SIVAGM3       A-----T--T--C-----A--G-----C-----T--T---T----G--CGAA--G----CGG-A-----A    909
SIVAGMTYO     C-----T--C--T-----G--A-----G-----C--C---G----A--AAGA--G----GAC-G-----A    957
SIVAGM155     A-----C--C--T-----C--A-----T-----C--T---G----G--AAAG--A----AGC-A-----C    894
SIVAGM677     TCAAGACTTTTTTGAGGTTCAGCTGGGAATTCCTCACCCAGCGGGCCTTCAGAAAAAGAAGCAAATCACA    903
SABAEUS.CON                                                                           0
SIVAGM266                                                                             0
SIVAGM385                                                                             0
SIVAGM381                                                                             0
SIVAGM384                                                                             0
SIVAGM386                                                                             0
SIVAGM385A                                                                            0
SIVAGM385B                                                                            0
SIVAGM385C                                                                            0
SIVAGM385D                                                                            0
SIVSYK        ACAAGATTTTTTCGAGGTACAATTGGGAATACCCCACCCAGGAGGACTA...AAACGGCAAAAACTAACA    882
```

```
VERVET.CON    gTttTAGAtgTaGGgGAtGCcTATTATtccATACCAtTgGAtCCagAgTTTAGaAAaTAtAC?GCTTTtA   988
SIVAGM3       G-AT----CA-A--G--T--C------TCA------T-A--C--AG-G-----A--G--T--C-----T-   979
SIVAGMTYO     G-TT----TG-A--A--C--C------TCC------T-G--T--AA-T-----G--A--T--T-----T-  1027
SIVAGM155     A-TA----TG-G--G--T--A------AGC------C-G--T--TG-G-----A--A--C--A-----C-   964
SIVAGM677     GTAATAGACATAGGGGATGCCTATTATTCAATACCATTATGCAAGGAATTCAGAAAATATACAGCATTTA   973
SABAEUS.CON                                                                           0
SIVAGM266                                                                             0
SIVAGM385                                                                             0
SIVAGM381                                                                             0
SIVAGM384                                                                             0
SIVAGM386                                                                             0
SIVAGM385A                                                                            0
SIVAGM385B                                                                            0
SIVAGM385C                                                                            0
SIVAGM385D                                                                            0
SIVSYK        ATTATAGATTTAAAAGATGCATATTACTCAGTCCCCCTGGACAAAGAGTTTAGGCCATACACGGCATTTA   952

VERVET.CON    CcATtCCtaCaGTaAAtAATcAgGGaCCaGG?AttAGaTATCAaTTcAAcTGtCT?CCgCAaGG?TGGAA  1055
SIVAGM3       -C--T--AT-A--A--T---C-A--G--A--T-CT--A-----G--C--C--T--T--A--A--A-----  1049
SIVAGMTYO     -T--T--TA-A--G--T---C-G--A--C--G-TT--G-----A--C--C--T--C--G--A--G-----  1097
SIVAGM155     -C--C--TA-G--A--C---G-G--A--A--C-TA--A-----A--T--T--C--A--G--G--C-----  1034
SIVAGM677     CCATCCCCTCAGTAAATAATACAGGGCCAGGGATAAGGTATCAGTTCAATTGTCTGCCTCAGGGATGGAA  1043
SABAEUS.CON                                                                           0
SIVAGM266                                                                             0
SIVAGM385                                                                             0
SIVAGM381                                                                             0
SIVAGM384                                                                             0
SIVAGM386                                                                             0
SIVAGM385A                                                                            0
SIVAGM385B                                                                            0
SIVAGM385C                                                                            0
SIVAGM385D                                                                            0
SIVSYK        CAGTGCCAAGCATAAATAATGCCTCCCCGGGAGAAAGATATCAATTTACAGTGTTACCACAGGGATGGAA  1022

VERVET.CON    gGGATCcCC?ACaATtTTcCAaAAcACAGCAgCatccATTcTaGAaGAaATAAAaAaagA?TTaaaAcc?  1122
SIVAGM3       G-----C--A--T--T--T--G--C------G-TTCC---C-A--A--A-----A-AGG-G--AAA-CCC  1119
SIVAGMTYO     A-----T--T--A--C--C--A--T------G-ATCC---T-G--G--G-----A-GAA-C--GCC-GCA  1167
SIVAGM155     G-----C--G--A--T--C--A--C------T-AAAA---C-A--A--A-----G-AAG-A--AAA-CAG  1104
SIVAGM677     AGGATCTCCTACAATTTTCCAGAATACGGCAGCAAACATTTTAGAGGAGATCAAAAGGCACACTCCTGGG  1113
SABAEUS.CON                                                                           0
SIVAGM266                                                                             0
SIVAGM385                                                                             0
SIVAGM381                                                                             0
SIVAGM384                                                                             0
SIVAGM386                                                                             0
SIVAGM385A                                                                            0
SIVAGM385B                                                                            0
SIVAGM385C                                                                            0
SIVAGM385D                                                                            0
SIVSYK        AGGATCTCCCACTATCTTCCAAAGCACAATAAATCAGATACTACAGCCATTTAGAAAGAAGTATTCAGAT  1092
```

AGM POL

```
VERVET.CON    CTaACcATTGT?CAaTACATGGATGAccTaTGGGTAGG?TCtCAaGAAgAtGaacacAcgCATGAtcagt   1190
SIVAGM3       --A--C-----G--A----------CC-A--------G--T--G---G-T-AATAC-CG-----TCGGT   1189
SIVAGMTYO     --A--C-----A--A----------TT-A--------T--T--A---A-T-AACAC-CC-----CAAAT   1237
SIVAGM155     --G--G-----C--G----------CC-C--------A--A--A---G-G-GTCCA-AG-----TCAGC   1174
SIVAGM677     TTAGAAATTGTCCAATACATGGACGATTTGTGGTTGGCGTCAGACCATGATGAGACTAGACATAATCAAC   1183
SABAEUS.CON                                                                          0
SIVAGM266                                                                            0
SIVAGM385                                                                            0
SIVAGM381                                                                            0
SIVAGM384                                                                            0
SIVAGM386                                                                            0
SIVAGM385A                                                                           0
SIVAGM385B                                                                           0
SIVAGM385C                                                                           0
SIVAGM385D                                                                           0
SIVSYK        CTCACTCTAATACAGTACATGGATGACTTATTGATTGGCACTGATAGATCAGAGAAGGCACATCAGGAGA   1162

VERVET.CON    TaGTAgAAcaacTaAGaA??AaATTacaaGccTGGGGaTTAGAAACaCCAGA?AAgAAggTgCAaAaAgA   1257
SIVAGM3       -G---G--CAAC-A--A-TG-A---AAGT-CC-----A--------A-----C--G--AG-A--G-A-A-   1259
SIVAGMTYO     -A---G--CAGT-A--A-CA-A---ACAA-CC-----C--------C-----A--G--GA-G--A-A-G-   1307
SIVAGM155     -A---C--ACAC-T--G-AT-G---GCAA-AA-----A--------A-----G--A--GG-G--A-G-G-   1244
SIVAGM677     AGGTAGACATAGTAAGAAAGATGCTGCTAGAAAAAGGTCTAGAAACCCCAGACAAGAAAGTCCAAAGAGA   1253
SABAEUS.CON                                                                          0
SIVAGM266                                                                            0
SIVAGM385                                                                            0
SIVAGM381                                                                            0
SIVAGM384                                                                            0
SIVAGM386                                                                            0
SIVAGM385A                                                                           0
SIVAGM385B                                                                           0
SIVAGM385C                                                                           0
SIVAGM385D                                                                           0
SIVSYK        TAGTACAACAAATAGTGACAGCACTATTAAAAGTGGGATTTAAGGTCCCAAAAGAAAAATGGCAGGACCA   1232

VERVET.CON    ACCaCCtTaTGAGTGGATGGGATAcAAAtT?TGGCCtCAcAAaTGG?Ag?TAagcAG?ATAgAAtTaGAg   1323
SIVAGM3       ---A--T-A---------------C---T-G-----A--C--G---C-GA--AGC--C---G--T-A--A   1329
SIVAGMTYO     ---A--T-A---------------C---C-T-----T--C--A---G-AC--AGC--A---C--C-G--G   1377
SIVAGM155     ---T--C-T---------------T---T-A-----T--T--A---A-GT--CAA--T---G--T-A--G   1314
SIVAGM677     ACCGCCATGGGAATGGATGGGGTATAAATTGCATCCGAATAAATGGACCATTAACAAAATAGAATTACCC   1323
SABAEUS.CON                                                                          0
SIVAGM266                                                                            0
SIVAGM385                                                                            0
SIVAGM381                                                                            0
SIVAGM384                                                                            0
SIVAGM386                                                                            0
SIVAGM385A                                                                           0
SIVAGM385B                                                                           0
SIVAGM385C                                                                           0
SIVAGM385D                                                                           0
SIVSYK        ATATCCAATGCAGTGGTTAGGTTACACTCTTCATCCAGACAAGTGGCAGTTGCAGAAAATAGAACTCCCT   1302
```

```
VERVET.CON    gA?...AAAGAagAATGGACtGT?AATGAtaT?CAgAaatTaGT?GGGAAAcTAAATTGGGCAGCACAat  1386
SIVAGM3       G-C...-----AG-------T--A-----TA-A--A-GAC-A--G------C----------------GC  1396
SIVAGMTYO     G-A...-----TG-------T--C-----CA-C--G-AGT-A--T------C----------------AT  1444
SIVAGM155     A-G...-----AC-------A--G-----TC-T--G-AAT-G--A------T----------------AT  1381
SIVAGM677     CCCTTAGAAGGAGAATGGACAGTAAACAAAATACAGAAGGTAGTAGGAGTTCTAAATTGGGCAAGTCAAA  1393
SABAEUS.CON                                                                          0
SIVAGM266                                                                            0
SIVAGM385                                                                            0
SIVAGM381                                                                            0
SIVAGM384                                                                            0
SIVAGM386                                                                            0
SIVAGM385A                                                                           0
SIVAGM385B                                                                           0
SIVAGM385C                                                                           0
SIVAGM385D                                                                           0
SIVSYK        AATATAGATGACGAAATCACAGTGAATCAGTTACAGAAATTGATAGGAGTACTTAATTGGGCAAGCCAGA  1372

VERVET.CON    T?TAtCCAGGacT?AgaACaAaAaa?aT?TGtAAgtTAaTtAgA???GGAAAgAAaAAttTatTAGA??t  1447
SIVAGM3       -T--C-----AC-C-GA--T-A-AACT-G--T--AT--A-C-G-...-----A--G--CT-AC----AAC  1463
SIVAGMTYO     -G--T-----TC-T-AG--A-G-...A-A--C--GT--A-T-C-GGA-----G--A--TC-GT----GCT  1511
SIVAGM155     -A--T-----AT-G-GA--A-A-AATA-C--T--GC--C-T-G-...-----G--A--TT-AT----CGT  1448
SIVAGM677     TTTATCCAGGAATTAAAACCAAACATACCTGTGCCATGTTGAGA...GGGAAAAAGAACCTCCTAGAAGA  1460
SABAEUS.CON                                                                          0
SIVAGM266                                                                            0
SIVAGM385                                                                            0
SIVAGM381                                                                            0
SIVAGM384                                                                            0
SIVAGM386                                                                            0
SIVAGM385A                                                                           0
SIVAGM385B                                                                           0
SIVAGM385C                                                                           0
SIVAGM385D                                                                           0
SIVSYK        TTTATTCAGGAATTAAGACAAAAGAGCTCTGTAAGTGTATCAGA...GGAACTAAACAATTAACAGAAGT  1439

VERVET.CON    aGTAgc?TGGACacc?GAgGCAGAAGCaGAaTAtGcAGAAAAcaaaGAGATccTaAAAACaGAaCAgGAA  1515
SIVAGM3       A---ACC-----AGAG--A--------A--A--T-C------CAAA-----CT-A-----G--A--G---  1533
SIVAGMTYO     A---GCT-----ACCT--G--------T--A--T-C------TGCA-----TC-T-----A--A--G---  1581
SIVAGM155     G---GAA-----CCCA--G--------A--G--C-A------CAAG-----CC-A-----A--G--A---  1518
SIVAGM677     AATAGTATGGACAGAAGAGGCAGAGGCAGAATATAAGAACAATCAAGGGATAGTGCAGGAAACACAAGAA  1530
SABAEUS.CON                                                                          0
SIVAGM266                                                                            0
SIVAGM385                                                                            0
SIVAGM381                                                                            0
SIVAGM384                                                                            0
SIVAGM386                                                                            0
SIVAGM385A                                                                           0
SIVAGM385B                                                                           0
SIVAGM385C                                                                           0
SIVAGM385D                                                                           0
SIVSYK        ACTCACACTTACAGAAGCAGCTGAGGCAGAATTAGAAGAGAATAGACAAATCTTAAAGGAAGAACAGGCA  1509
```

AGM POL

```
VERVET.CON    GG?ACcTAtTAcaaACCAGgAA?ACCcaTtAGgGCAGCAGTaCAgAAAtTaGaAGgaGG?CAaTGGagtT   1582
SIVAGM3       --G--C--C--CAA-----G--G---CA-C--A--------G--A---C-A-A--GA--T--A---AGT-   1603
SIVAGMTYO     --A--C--T--CAA-----G--T---TA-T--G--------A--G---T-G-A--GA--A--G---AGT-   1651
SIVAGM155     --T--T--T--TGC-----A--A---CC-T--G--------A--G---T-A-G--AT--G--A---TCA-   1588
SIVAGM677     GGAACATACTATGACCCTCTCAAAGAATTAATAGCAACAGTTCAAAAGCAAGGAGAAGGGCAATGGACAT   1600
SABAEUS.CON                                                                            0
SIVAGM266                                                                              0
SIVAGM385                                                                              0
SIVAGM381                                                                              0
SIVAGM384                                                                              0
SIVAGM386                                                                              0
SIVAGM385A                                                                             0
SIVAGM385B                                                                             0
SIVAGM385C                                                                             0
SIVAGM385D                                                                             0
SIVSYK        GGGTCTTATTATGACCCTAAAAAACCTTTAGAAGCACACATCACTAAACTAGGGTCCCAGCAATGGGGAT   1579

VERVET.CON    ACCAATTCAAgCAa......GAaGGAcAAgTcTTaAAaGTAGG?AAaTaCaCcAAg.........CAgAA   1636
SIVAGM3       ----------G--A.......-G---C--G-A--A--A-----T--A-A-A-A--G..........--G--   1658
SIVAGMTYO     ----------A--A.......-A---C--G-C--G--A-----A--A-A-A-C--G..........--A--   1706
SIVAGM155     ----------G--G.......-A---A--A-C--A--G-----G--G-T-G-C--A..........--G--   1643
SIVAGM677     ACCAATTCACCCAA......GAAGGGGCAGTATTAAAGGTGGGAAGATATGCCAAG.........CAAAG   1655
SABAEUS.CON                                                                            0
SIVAGM266                                                                              0
SIVAGM385                                                                              0
SIVAGM381                                                                              0
SIVAGM384                                                                              0
SIVAGM386                                                                              0
SIVAGM385A                                                                             0
SIVAGM385B                                                                             0
SIVAGM385C                                                                             0
SIVAGM385D                                                                             0
SIVSYK        ACATGATTAAGCAAGAGCAAAAAGGCCCACCCCTAATAACAGGAAAGACAGCAAAA.........ACCTT   1640

VERVET.CON    aaacACtCAtACcAATGAgtT?CGtgtAtTaGCaGGatTAGTaCAgAAaaTttG?AAAGAagCtcTAGTt   1704
SIVAGM3       AAAC--T--T--C-----GT-C--TGT-T-G--A--AT----A--A--AC-TT-T-----AT-TT----T   1728
SIVAGMTYO     GAAC--C--T--A-----AC-T--CAC-T-A--T--TT----G--G--GA-TT-C-----AG-TC----T   1776
SIVAGM155     AGCT--T--C--C-----GT-G--TGT-C-A--A--AG----A--G--AA-AG-G-----GG-CC----A   1713
SIVAGM677     AGAAACTCATACTAATGATCTAAGGACTCTAGCACACCTTGTCCAAAAAATCTGTAAGGAAGCACTTACC   1725
SABAEUS.CON                                                     AAGGAA??C?TAGTC        12
SIVAGM266                                                                              0
SIVAGM385                                                       ------GC-T-----       15
SIVAGM381                                                                              0
SIVAGM384                                                                              0
SIVAGM386                                                                              0
SIVAGM385A                                                                             0
SIVAGM385B                                                                             0
SIVAGM385C                                                                             0
SIVAGM385D                                                                             0
SIVSYK        TGCAGCACATAGTAATGACTATCAATCTCTTGCTCAATTGTTAAATAAAATAGGGATCCAATCACTATGG   1710
```

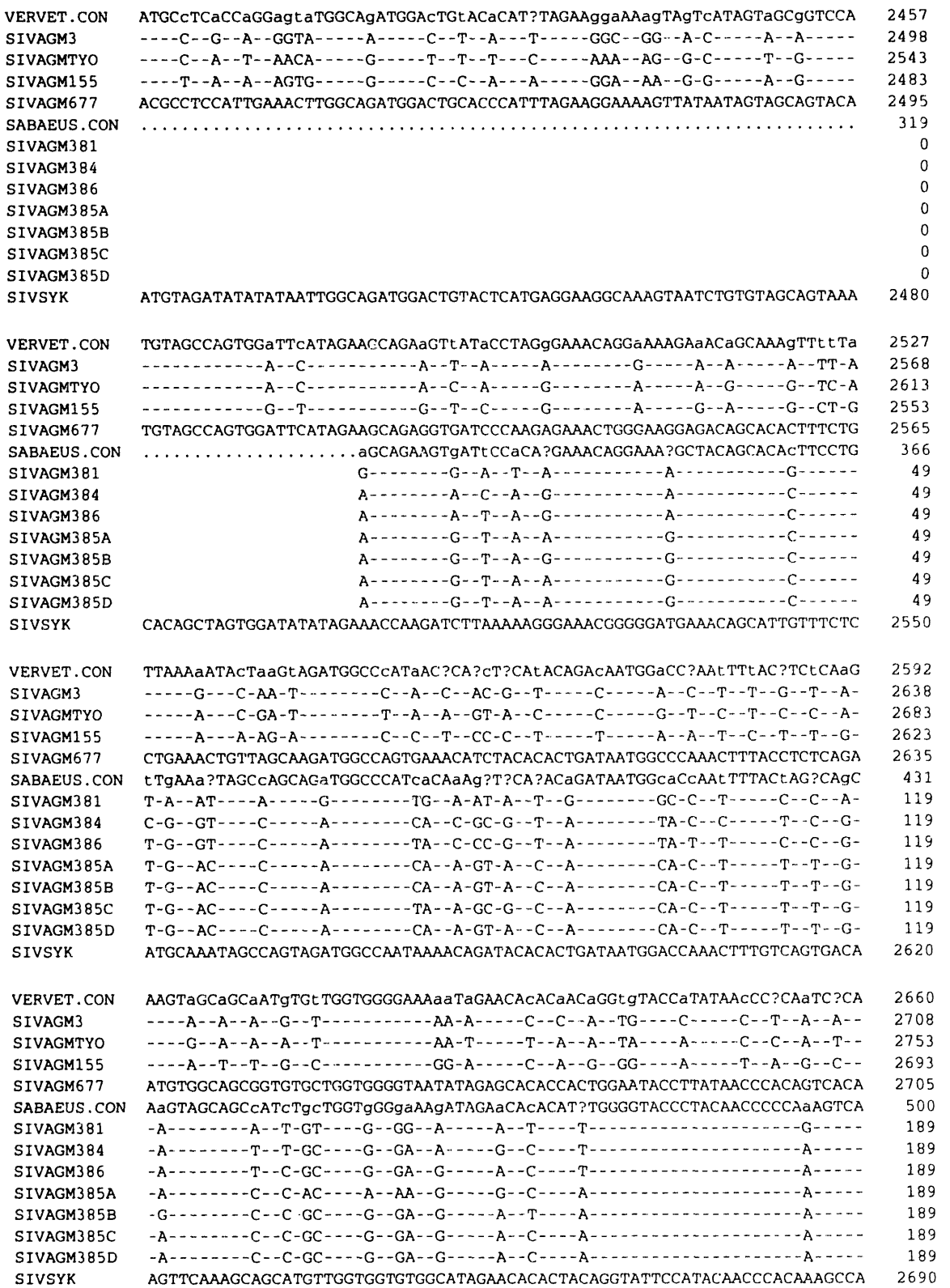
```
VERVET.CON    ATtTGGGGa?aaTTaCCagttcTtGAACTCCCaaTaGAgAGgGA?gtATGGGAaCAATGGTGGGC?GAtT   1771
SIVAGM3       --A-----AGAG--G--AGTCC-T--------AA-A--G--G--AGT------A----------T--T-   1798
SIVAGMTYO     --T-----GATA--A--AGTTC-A--------GA-A--A--A--GGT------G----------G--T-   1846
SIVAGM155     --T-----ACAA--A--CACTT-T--------AG-G--G--G--CAC------A----------A--C-   1783
SIVAGM677     ATTTGGGGAAGACTTCCACGAGTACAACTCCCAGTAGACAAGAAAACATGGGATATGTGGTGGCAGGACT   1795
SABAEUS.CON   AT?TGGGGA?A??TACC?A?T?T?GAACT?CC?GT?GAAAG?GA??T?TGGGA?CAATGGTGG?c?GACT     64
SIVAGM266                                                                -CAG----      8
SIVAGM385     --T------G-AT----A-C-C-T-----T--G--G-----G--AG-G-----G---------GCA----     85
SIVAGM381                                                                              0
SIVAGM384                                                                              0
SIVAGM386                                                                              0
SIVAGM385A                                                                             0
SIVAGM385B                                                                             0
SIVAGM385C                                                                             0
SIVAGM385D                                                                             0
SIVSYK        TATTGGGGAAAGGTACCAACATTCCATCTCCCAGTAAAAAGAGAGGAATGGGAAAAATGGTGGACAGACT   1780

VERVET.CON    AcTGGCAgGTaAGtTGGATtCCcGAaTGGGA?TTTGTCAGtaccCCaCCctTagTaAaatTaTGGTAtAC   1840
SIVAGM3       -C-----G--A--T-----T--A--C-----A--------TACC--A--CC-AG-A-AAT-A-----T--   1868
SIVAGMTYO     -C-----G--A--C-----T--C--A-----T--------CACC--A--TT-GC-C-AAC-A-----C--   1916
SIVAGM155     -T-----A--C--T-----A--C--A-----C--------TGTT--G--CT-AG-A-CTT-G-----T--   1853
SIVAGM677     ATTGGCAAGTATCCTGGATACCAGAATGGGAGTTTGTTAGCACACCACTCCTAGTAAAACTGTGGTATTC   1865
SABAEUS.CON   AcTGGCAgGtcAgtTGGATaCC?GA?TGGga?tTtGT?AGtac?CCaCc?ttG?T?A?ATTgTGGTACAc    125
SIVAGM266     -C-----G-.C-GT-----A--T--C---ACCT-T--A--CGTC--A-CTCT-G-A-C---G-------C     77
SIVAGM385     -C-----A-TT-GT-----A--A--G---GATT-T--T--TACA--A-CGTG-C-G-A---A-------C    155
SIVAGM381                                                                              0
SIVAGM384                                                                              0
SIVAGM386                                                                              0
SIVAGM385A                                                                             0
SIVAGM385B                                                                             0
SIVAGM385C                                                                             0
SIVAGM385D                                                                             0
SIVSYK        ATTGGCAAGCCACATGGGTACCAGAAGTCAAATTCATAAGTACCCCGCCATTGGTTAGGTGGTACTATAA   1850

VERVET.CON    acTgACaAAaGAACCCATaCC?aagGAgGAtGTcTACTATGTagatGGAGC?TGtAAtAGAaAtTCaAaa   1908
SIVAGM3       CC-G--A--A--------A--AAAG--A--T--C--------GGAT-----T--T--T---A-T--A-GG   1938
SIVAGMTYO     AT-A--A--A--------A--CAAG--G--C--T--------A...-----A--C--C---A-T--A-AA   1983
SIVAGM155     AC-G--T--G--------C--GGGA--G--T--C--------AGAT-----C--T--T---C-G--G-AA   1923
SIVAGM677     CTTAGTAAAAGAACCAATCAAAGGAGAAGATGTTTATTATGTGGATGGGGCAGCATCCAAAGTGACCAAA   1935
SABAEUS.CON   atTaacaAAaGAaCCCaTccCaggaGAAGatGT?TATTATGTAGATGGgGCttgtAAcAGaAAtTCaAgA    194
SIVAGM266     CT-AACA--G--A---A-CC-AGGA----AT--G--------------A--TTGC--C--G--C--A-G-   147
SIVAGM385     AC-GACT--A--A---T-AG-CAAG----AT--A--------------G--TTGT--C--A--T--A-G-   225
SIVAGM381                                                                              0
SIVAGM384                                                                              0
SIVAGM386                                                                              0
SIVAGM385A                                                                             0
SIVAGM385B                                                                             0
SIVAGM385C                                                                             0
SIVAGM385D                                                                             0
SIVSYK        CTTGGTACCAGAACCCATACCAGAAGCAGTAACCTTCTACGTAGATGGAGCAGCTAATAGAGACAGCAAG   1920
```

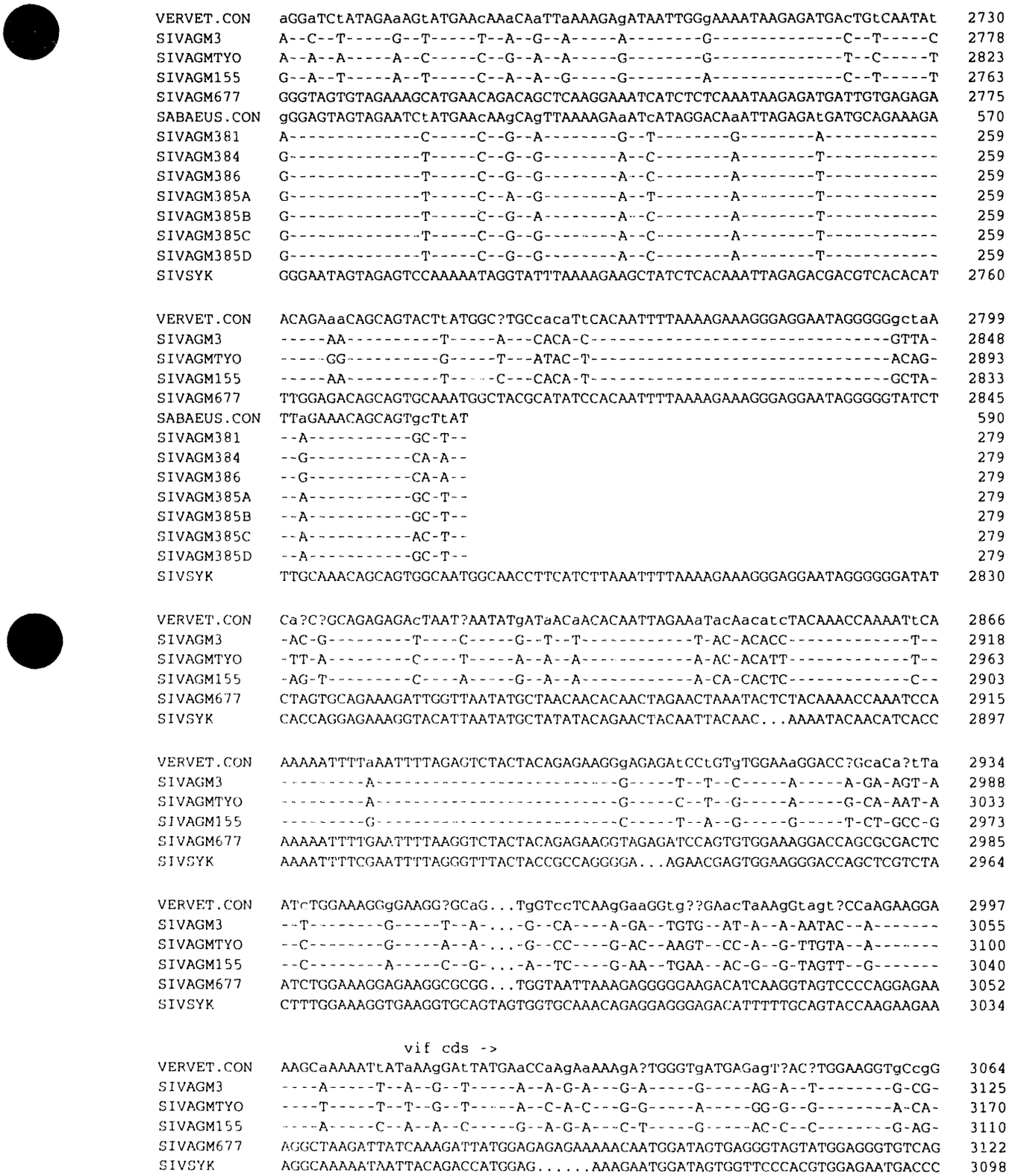
AGM POL

```
VERVET.CON    GAaGGAAAAGCAGGaTAcATcaCaCAAtA?GG?AAACAaAGaGTagAAaaatTAGAAAAcACaACaAAtC  1976
SIVAGM3       --A----------A--T--CA-A---T-T--G-----A--G--GG--AAAT-------T--A--A--C-  2008
SIVAGMTYO     --A----------A--C--CT-A---T-C--A-----G--A--AG--ACAT-------C--T--C--T-  2053
SIVAGM155     --G----------C--C--AA-C---C-A--C-----A--A--AC--CAGC-------C--A--A--T-  1993
SIVAGM677     TTAGGTAAGGCAGGATATCTGTCAGAGAGAGGAAAAAGTAGAATTAGGGAATTAGAAAACACCACTAACC  2005
SABAEUS.CON   GAAGGaAAAGCAGGaTAtaTaACacA??aaGGgaAaCAaAgaGTgGaaaagcTAGAaAATACtACcAAcC   262
SIVAGM266     -----A--------G--TA-A--TC-GCAA--GA-A--G-GA--G-AGAAGC----A-----C--A--T-  217
SIVAGM385     -----C--------A--TA-T--AC-ATAT--AA-A--A-GA--A-AAAAGC----A-----T--C-  :-  295
SIVAGM381                                                                              0
SIVAGM384                                                                              0
SIVAGM386                                                                              0
SIVAGM385A                                                                             0
SIVAGM385B                                                                             0
SIVAGM385C                                                                             0
SIVAGM385D                                                                             0
SIVSYK        ACAGGAAATGCAGGATATGTAGCAAGTGATGGGACACAGAGAGTACAGTATCTGGAGCAAACAACAAACC  1990

VERVET.CON    AgCAAGCagAAtTaAcaGCcATAAAAATGGC?tTgGAaGAtAGtGGgCCTAAtGT?AAcATAGTAACAGA  2044
SIVAGM3       -G-----AG--T-A-TG--C----------AC-A--A--T--T--G-----T--A--C----------  2078
SIVAGMTYO     -G-----AA--T-A-CA--T----------TT-G--A--C--T--G-----T--G--C----------  2123
SIVAGM155     -A-----TG--C-G-CA--C----------CT-G--G--T--C--C-----A--C--T----------  2063
SIVAGM677     AACAAGCAGAATTAACAGCAGTTAAGATGGCATTGGAGGACAGTGGAGAAAATGTAAATATAGTCACAGA  2075
SABAEUS.CON   AgcAAgCAGA?TTA???GC?AT?????T?GCCTTA??AGAC??TGG???CA??GTAAA?AT??T?ACAGA   308
SIVAGM266     -GC--G----A---ACA--T--AAAAA-G------GA----AG---TCC--GG-----C--TG-T-----  287
SIVAGM385     -AC--                                                                    300
SIVAGM381                                                                              0
SIVAGM384                                                                              0
SIVAGM386                                                                              0
SIVAGM385A                                                                             0
SIVAGM385B                                                                             0
SIVAGM385C                                                                             0
SIVAGM385D                                                                             0
SIVSYK        AACAGGCAGAATTAGAGGGCTTGCTCATGGCATTGCAGGACTCAAAAGACAAAGTAAATATAGTAGTAGA  2060

VERVET.CON    tTCaCAATATGCaATGGGaATaTTgACaGCaCAaCCCACACAgAGTGAcTCaCCatTAgTAGAaCAAATt  2114
SIVAGM3       T--A--------A-----A--A--A--T--C--A--------G-----C--A--CT--A----A-----T  2148
SIVAGMTYO     C--T--------A-----A--T--G--A--A--A--------A-----T--A--AT--G----G-----T  2193
SIVAGM155     T--A----  ----G-----C--A--G--A--A--G--------G-----C--C--AC--G----A-----A  2133
SIVAGM677     TTCTCAATATGTAATGAACATCTTGACAGCATGTCCACAGGAAAGTAACTCACCCTTAGTGGAACAGATA  2145
SABAEUS.CON   CTC?CAATATGC??.....................................................    319
SIVAGM266     ---T--------A                                                            300
SIVAGM381                                                                              0
SIVAGM384                                                                              0
SIVAGM386                                                                              0
SIVAGM385A                                                                             0
SIVAGM385B                                                                             0
SIVAGM385C                                                                             0
SIVAGM385D                                                                             0
SIVSYK        TTCACAATACTCTTATGGCATTCTTATGACATGCCCCACTAACACAGAACACCCAATAGTGGAGCAGATA  2130
```

```
VERVET.CON    ATAGCactaATGgTACAaAAacAaca?ATaTAttTGCAaTGGGTACCaGCacAtAAAGG?ATAGGaGGcA  2182
SIVAGM3       -----ACTA---G----A--AC-TCAG--A--CT----A--------A--AG-C-----G-----A--C-  2218
SIVAGMTYO     -----CTTA---A----A--GC-ACAA--A--TT----G--------A--AC-T-----A-----A--A-  2263
SIVAGM155     -----ACAG---G----G--AG-AGCC--C--TC----A--------T--TC-T-----T-----G--C-  2203
SIVAGM677     ATACAAGCCCTAATGAAAAAGAGGCAGGTCTACTTACAATGGGTACCAGCTCATAAGGGGATAGGAGGCA  2215
SABAEUS.CON   ........................................................................   319
SIVAGM381                                                                                0
SIVAGM384                                                                                0
SIVAGM386                                                                                0
SIVAGM385A                                                                               0
SIVAGM385B                                                                               0
SIVAGM385C                                                                               0
SIVAGM385D                                                                               0
SIVSYK        ATACAAGAGGCCATAAAAAAGGAAGCCATATATGTGACATGGGTCCCAGCCCATAAAGGAATAGGAGGAA  2200

VERVET.CON    ATGAaGAgATAGAtAAAtTAGTaAGtaAaGG?aTtAGaAgAaTtTTaTTctTaGaaAaaATAGAAGAAGC  2251
SIVAGM3       ----A--G-----T---C----A--TC-A--GA-G--G-A-A-T--A--TT-A-AA-AA-----------  2288
SIVAGMTYO     ----G--G-----T---T----G--TA-A--CA-T--A-G-G-T--A--CT-A-AA-AA-----------  2333
SIVAGM155     ----A--A-----C---T----A--CA-G--AG-T--A-G-A-A--G--CA-T-GC-GG-----------  2273
SIVAGM677     ATACAGAAATAGATAAATTAGTAAGCAAAGGAATAAGACAGATCCTCTTCTTAGATAGAATAGAAGAAGC  2285
SABAEUS.CON   ........................................................................   319
SIVAGM381                                                                                0
SIVAGM384                                                                                0
SIVAGM386                                                                                0
SIVAGM385A                                                                               0
SIVAGM385B                                                                               0
SIVAGM385C                                                                               0
SIVAGM385D                                                                               0
SIVSYK        ATGAAGCTGTTGATAAACTAGTCAGTAAAGGAATAAGAAAAATCCTATTCCTAGAAAGAATTCCCCAAGC  2270

VERVET.CON    ?CAaGAagAaCATGAaAGgTAtCAtAaTAAtTGGAgaAAccTAGCAGAcACaTaTGGgcT?CCACAAATa  2319
SIVAGM3       C--G--GG-A-----A--G--C--T-A---T----GG--CT-------C--T-A---GC-A--------T  2358
SIVAGMTYO     T--A--AA-G-----A--A--T--T-A---T----AA--CC-------T--A-A---GC-T--------A  2403
SIVAGM155     A--A--AG-A-----T--G--T--C-G---C----GA--TC-------C--A-T---AT-G--------A  2343
SIVAGM677     ACAAGATGACCATGCAAAGTACCATAACAATTGGAGAAGTATGGTACAGGAATTTGGATTACCTAATATA  2355
SABAEUS.CON   ........................................................................   319
SIVAGM381                                                                                0
SIVAGM384                                                                                0
SIVAGM386                                                                                0
SIVAGM385A                                                                               0
SIVAGM385B                                                                               0
SIVAGM385C                                                                               0
SIVAGM385D                                                                               0
SIVSYK        ACAGGAAGATCATGAAAGGTACCACTCAAATATGGAGTATCTTAGGCAGGAGTTTCATCTACCCCGACAG  2340

VERVET.CON    GTaGCaAAAGAaATaGTaGCcATGTGtCCAAAATGTCAaaTAAAaGGgGAACCAgT?CATGGaCAAGTaG  2388
SIVAGM3       --G--A-----A--A--A--C-----T-----------GA----A--G------G-C-----G-----A-  2428
SIVAGMTYO     --A--A-----G--A--G--C-----T-----------AA----G--A------G-G-----A-----G-  2473
SIVAGM155     --A--T-----A--T--A--A-----C-----------AG----A--G------A-A-----A-----A-  2413
SIVAGM677     GTAGCAAAAGAGATAGTAGCGGCATGTCCCAAATGCCAAATAAGAGGAGAACCTAAGCATGGACAGGTAG  2425
SABAEUS.CON   ........................................................................   319
SIVAGM381                                                                                0
SIVAGM384                                                                                0
SIVAGM386                                                                                0
SIVAGM385A                                                                               0
SIVAGM385B                                                                               0
SIVAGM385C                                                                               0
SIVAGM385D                                                                               0
SIVSYK        GTAGCAAAAGCAATTATACAACAATGTCCAAAATGTCAAAATAGAGGAGAACCAAAACATGGGCAAGTAG  2410
```

AGM POL


VERVET.CON ATGCcTCaCCaGGagtaTGGCAgATGGAcTGtACaCAT?TAGAAggaAAagTAgTcATAGTaGCgGTCCA 2457
SIVAGM3 ----C--G--A--GGTA-----A-----C--T--A---T-----GGC--GG--A-C-----A--A----- 2498
SIVAGMTYO ----C--A--T--AACA-----G-----T--T--T---C-----AAA--AG--G-C-----T--G----- 2543
SIVAGM155 ----T--A--A--AGTG-----G-----C--C--A---A-----GGA--AA--G-G-----A--G----- 2483
SIVAGM677 ACGCCTCCATTGAAACTTGGCAGATGGACTGCACCCATTTAGAAGGAAAAGTTATAATAGTAGCAGTACA 2495
SABAEUS.CON 319
SIVAGM381 0
SIVAGM384 0
SIVAGM386 0
SIVAGM385A 0
SIVAGM385B 0
SIVAGM385C 0
SIVAGM385D 0
SIVSYK ATGTAGATATATATAATTGGCAGATGGACTGTACTCATGAGGAAGGCAAAGTAATCTGTGTAGCAGTAAA 2480
VERVET.CON TGTAGCCAGTGGaTTcATAGAAGCAGAaGTtATaCCTAGgGAAACAGGaAAAGAaACaGCAAAgTTttTa 2527
SIVAGM3 ----------A--C----------A--T--A-----A--------G-----A--A-----A--TT-A 2568
SIVAGMTYO ----------A--C----------A--C--A-----G--------A-----A--G-----G--TC-A 2613
SIVAGM155 ----------G--T----------G--T--C-----G--------A-----G--A-----G--CT-G 2553
SIVAGM677 TGTAGCCAGTGGATTCATAGAAGCAGAGGTGATCCCAAGAGAAACTGGGAAGGAGACAGCACACTTTCTG 2565
SABAEUS.CON .....aGCAGAAGTgATtCCaCA?GAAACAGGAAA?GCTACAGCACAcTTCCTG 366
SIVAGM381 G--------G--A--T--A----------A----------G------ 49
SIVAGM384 A--------A--C--A--G----------A----------C------ 49
SIVAGM386 A--------A--T--A--G----------A----------C------ 49
SIVAGM385A A--------G--T--A--A----------G----------C------ 49
SIVAGM385B A--------G--T--A--G----------G----------C------ 49
SIVAGM385C A--------G--T--A--A----------G----------C------ 49
SIVAGM385D A--------G--T--A--A----------G----------C------ 49
SIVSYK CACAGCTAGTGGATATATAGAAACCAAGATCTTAAAAAGGGAAACGGGGGATGAAACAGCATTGTTTCTC 2550
VERVET.CON TTAAAaATAcTaaGtAGATGGCCcATaAC?CA?cT?CAtACAGAcAATGGaCC?AAtTTtAC?TCtCAaG 2592
SIVAGM3 -----G---C-AA-T--------C--A--C--AC-G--T-----C-----A--C--T--T--G--T--A- 2638
SIVAGMTYO -----A---C-GA-T--------T--A--A--GT-A--C-----C-----G--T--C--T--C--C--A- 2683
SIVAGM155 -----A---A-AG-A--------C--C--T--CC-C--T-----T-----A--A--T--C--T--T--G- 2623
SIVAGM677 CTGAAACTGTTAGCAAGATGGCCAGTGAAACATCTACACACTGATAATGGCCCAAACTTTACCTCTCAGA 2635
SABAEUS.CON tTgAAa?TAGCcAGCAGaTGGCCCATcaCAaAg?T?CA?ACaGATAATGGcaCcAAtTTTACtAG?CAgC 431
SIVAGM381 T-A--AT----A-----G--------TG--A-AT-A--T--G--------GC-C--T-----C--C--A- 119
SIVAGM384 C-G--GT----C-----A--------CA--C-GC-G--T--A--------TA-C--C-----T--C--G- 119
SIVAGM386 T-G--GT----C-----A--------TA--C-CC-G--T--A--------TA-T--T-----C--C--G- 119
SIVAGM385A T-G--AC----C-----A--------CA--A-GT-A--C--A--------CA-C--T-----T--T--G- 119
SIVAGM385B T-G--AC----C-----A--------CA--A-GT-A--C--A--------CA-C--T-----T--T--G- 119
SIVAGM385C T-G--AC----C-----A--------TA--A-GC-G--C--A--------CA-C--T-----T--T--G- 119
SIVAGM385D T-G--AC----C-----A--------CA--A-GT-A--C--A--------CA-C--T-----T--T--G- 119
SIVSYK ATGCAAATAGCCAGTAGATGGCCAATAAAACAGATACACACTGATAATGGACCAAACTTTGTCAGTGACA 2620
VERVET.CON AAGTaGCaGCaATgTGtTGGTGGGGAAAaaTaGAACAcACaACaGGtgTACCaTATAAcCC?CAaTC?CA 2660
SIVAGM3 ----A--A--A--G--T----------AA-A-----C--C--A--TG----C-----C--T--A--A-- 2708
SIVAGMTYO ----G--A--A--A--T----------AA-T-----T--A--A--TA----A-----C--C--A--T-- 2753
SIVAGM155 ----A--T--T--G--C----------GG-A-----C--A--G--GG----A-----T--A--G--C-- 2693
SIVAGM677 ATGTGGCAGCGGTGTGCTGGTGGGGTAATATAGAGCACACCACTGGAATACCTTATAACCCACAGTCACA 2705
SABAEUS.CON AaGTAGCAGCcATcTgcTGGTgGGgaAAgATAGAaCAcACAT?TGGGGTACCCTACAACCCCCAaAGTCA 500
SIVAGM381 -A--------A--T-GT----G--GG--A-----A--T----T--------------------G----- 189
SIVAGM384 -A--------T--T-GC----G--GA--A-----G--C----T--------------------A----- 189
SIVAGM386 -A--------T--C-GC----G--GA--G-----A--C----T--------------------A----- 189
SIVAGM385A -A--------C--C-AC----A--AA--G-----G--C----A--------------------A----- 189
SIVAGM385B -G--------C--C-GC----G--GA--G-----A--T----A--------------------A----- 189
SIVAGM385C -A--------C--C-GC----G--GA--G-----A--C----A--------------------A----- 189
SIVAGM385D -A--------C--C-GC----G--GA--G-----A--C----A--------------------A----- 189
SIVSYK AGTTCAAAGCAGCATGTTGGTGGTGTGGCATAGAACACACTACAGGTATTCCATACAACCCACAAAGCCA 2690



```
VERVET.CON    aGGaTCtATAGAaAGtATGAAcAAaCAaTTaAAAGAgATAATTGGgAAAATAAGAGATGAcTGtCAATAt   2730
SIVAGM3       A--C--T-----G--T-----T--A--G--A-----A--------G--------------C--T-----C   2778
SIVAGMTYO     A--A--A-----A--C-----C--G--A--A-----G--------G--------------T--C-----T   2823
SIVAGM155     G--A--T-----A--T-----C--A--A--G-----G--------A--------------C--T-----T   2763
SIVAGM677     GGGTAGTGTAGAAAGCATGAACAGACAGCTCAAGGAAATCATCTCTCAAATAAGAGATGATTGTGAGAGA   2775
SABAEUS.CON   gGGAGTAGTAGAATCtATGAAcAAgCAgTTAAAAGAaATcATAGGACAaATTAGAGAtGATGCAGAAAGA    570
SIVAGM381     A--------------C-----C--G--A--------G--T--------G--------A------------   259
SIVAGM384     G--------------T-----C--G--G--------A--C--------A--------T------------   259
SIVAGM386     G--------------T-----C--G--G--------A--C--------A--------T------------   259
SIVAGM385A    G--------------T-----C--A--G--------A--T--------A--------T------------   259
SIVAGM385B    G--------------T-----C--G--A--------A--C--------A--------T------------   259
SIVAGM385C    G--------------T-----C--G--G--------A--C--------A--------T------------   259
SIVAGM385D    G--------------T-----C--G--G--------A--C--------A--------T------------   259
SIVSYK        GGGAATAGTAGAGTCCAAAAATAGGTATTTAAAAGAAGCTATCTCACAAATTAGAGACGACGTCACACAT   2760

VERVET.CON    ACAGAaaCAGCAGTACTtATGGC?TGCcacaTtCACAATTTTAAAAGAAAGGGAGGAATAGGGGGgctaA   2799
SIVAGM3       -----AA----------T-----A---CACA-C-------------------------------GTTA-   2848
SIVAGMTYO     -----GG----------G-----T---ATAC-T-------------------------------ACAG-   2893
SIVAGM155     -----AA----------T-----C---CACA-T-------------------------------GCTA-   2833
SIVAGM677     TTGGAGACAGCAGTGCAAATGGCTACGCATATCCACAATTTTAAAAGAAAGGGAGGAATAGGGGGTATCT   2845
SABAEUS.CON   TTaGAAACAGCAGTgcTtAT                                                    590
SIVAGM381     --A----------GC-T--                                                     279
SIVAGM384     --G----------CA-A--                                                     279
SIVAGM386     --G----------CA-A--                                                     279
SIVAGM385A    --A----------GC-T--                                                     279
SIVAGM385B    --A----------GC-T--                                                     279
SIVAGM385C    --A----------AC-T--                                                     279
SIVAGM385D    --A----------GC-T--                                                     279
SIVSYK        TTGCAAACAGCAGTGGCAATGGCAACCTTCATCTTAAATTTTAAAAGAAAGGGAGGAATAGGGGGGATAT   2830

VERVET.CON    Ca?C?GCAGAGAGAcTAAT?AATATgATaACaACACAATTAGAAaTacAacatcTACAAACCAAAATTcA   2866
SIVAGM3       -AC-G---------T----C-----G--T--T----------T-AC-ACACC-------------T--   2918
SIVAGMTYO     -TT-A---------C----T-----A--A--A----------A-AC-ACATT-------------T--   2963
SIVAGM155     -AG-T---------C----A-----G--A--A----------A-CA-CACTC-------------C--   2903
SIVAGM677     CTAGTGCAGAAAGATTGGTTAATATGCTAACAACACAACTAGAACTAAATACTCTACAAAACCAAATCCA   2915
SIVSYK        CACCAGGAGAAAGGTACATTAATATGCTATATACAGAACTACAATTACAAC...AAAATACAACATCACC   2897

VERVET.CON    AAAAATTTTaAATTTTAGAGTCTACTACAGAGAAGGgAGAGAtCCtGTgTGGAAaGGACC?GcaCa?tTa   2934
SIVAGM3       ---------A-------------------------G-----T--T--C-----A-----A-GA-AGT-A   2988
SIVAGMTYO     ---------A-------------------------G-----C--T--G-----A-----G-CA-AAT-A   3033
SIVAGM155     ---------G-------------------------C-----T--A--G-----G-----T-CT-GCC-G   2973
SIVAGM677     AAAAATTTTGAATTTTAAGGTCTACTACAGAGAAGGTAGAGATCCAGTGTGGAAAGGACCAGCGCGACTC   2985
SIVSYK        AAAATTTTCGAATTTTAGGGTTTACTACCGCCAGGGGA...AGAACGAGTGGAAGGGACCAGCTCGTCTA   2964

VERVET.CON    ATcTGGAAAGGgGAAGG?GCaG...TgGTccTCAAgGaaGGtg??GAacTaAAgGtagt?CCaAGAAGGA   2997
SIVAGM3       --T--------G-----T--A-...-G--CA----A-GA--TGTG--AT-A--A-AATAC--A-------   3055
SIVAGMTYO     --C--------G-----A--A-...-G--CC----G-AC--AAGT--CC-A--G-TTGTA--A-------   3100
SIVAGM155     --C--------A-----C--G-...-A--TC----G-AA--TGAA--AC-G--G-TAGTT--G-------   3040
SIVAGM677     ATCTGGAAAGGAGAAGGCGCGG...TGGTAATTAAAGAGGGGGAAGACATCAAGGTAGTCCCCAGGAGAA   3052
SIVSYK        CTTTGGAAAGGTGAAGGTGCAGTAGTGGTGCAAACAGAGGAGGGAGACATTTTTGCAGTACCAAGAAGAA   3034

                        vif cds ->
VERVET.CON    AAGCaAAAATtATaAAgGAtTATGAaCCaAgAaAAAgA?TGGGTgATGAGagT?AC?TGGAAGGTgCcgG   3064
SIVAGM3       ----A-----T--A--G--T-----A--A-G-A---G-A-----G-----AG-A--T--------G-CG-   3125
SIVAGMTYO     ----T-----T--T--G--T-----A--C-A-C---G-G-----A-----GG-G--G--------A-CA-   3170
SIVAGM155     ----A-----C--A--A--C-----G--A-G-A---C-T-----G-----AC-C--C--------G-AG-   3110
SIVAGM677     AGGCTAAGATTATCAAAGATTATGGAGAGAGAAAAACAATGGATAGTGAGGGTAGTATGGAGGGTGTCAG   3122
SIVSYK        AGGCAAAAATAATTACAGACCATGGAG......AAAGAATGGATAGTGGTTCCCACGTGGAGAATGACCC   3098
```

AGM POL

```
VERVET.CON    aGGA?cTGATaAC?AAATGGCAGGGGATAGT                                  3093
SIVAGM3       A---GC----A--                                                    3138
SIVAGMTYO     G---TC----A--                                                    3183
SIVAGM155     A---AG----C--C-----------------                                  3141
SIVAGM677     AGAGGCAAATAAGCAGATGGAGGGGGATAGTGACTTACAAGATCAGGAA                3171
SIVSYK        CAAGACAGATTGA                                                    3111
```

AGM VIF

A single consensus sequence was used because several of the subspecies are represented by a single sequence. No tantalus or sabaeus sequences were available over this region. The outlying Sykes' monkey sequence is not reflected in the consensus.

```
CONSENSUS ATGaaccaAgAaAAA?AaTGGgT?aTGAG?gTaac?TGGAaGGTgcc?GaGgagctgATaAc?AaATGGc     64
SIVAGMTYO ---AACCC-A-C---G-G---G-AA----GG-GACG----A---ACCA-G-GATCTG--A-CT-A----C     70
SIVAGM155 ---AGCCA-G-A---C-T---G-GA----AC-CACC----A---GCAG-A-GAAGTG--C-CC-A----C     70
SIVAGM3   ---AACCA-G-A---G-A---G-GA----AG-AACT----A---GCCG-A-GAGCTG--A-CT-A----C     70
SIVAGM677 ---GAGAG-G-A---C-A---A-AG----GG-AGTA----G---GTCA-A-AGGCAA--A-GC-G----A     70
SIVSYK    ---.......G-G---G-A---A-AG--GTTCCCACG----GAA-GACCCCAAGACAG--TGAT-G--T-C     64

CONSENSUS agGGgATAGTgAgaTA?tgG...ATgAggaa?AgaaA?tTgaaa...TGG?AaTA?a?aatgCAtTacCA    122
SIVAGMTYO AG--A-----C-GA--TTG-...--G-GACAA-GAA-TT-GAAA...---A-C--TTATATG--T-AC--    134
SIVAGM155 AG--G-----T-GA--TTG-...--G-ATAAA-GGA-TC-GAAA...---G-A--CAAAATG--T-AT--    134
SIVAGM3   AA--G-----G-GG--CTG-...--G-GGACT-GAA-AT-AGAC...---A-A--TCGAATG--C-AC--    134
SIVAGM677 GG--G-----G-CT--CAA-...--C-GGAAT-AAC-AT-GCCT...---G-A--CAGACAT--T-GG--    134
SIVSYK    AGCAT---A-A-AAACACATAAGTAT-AAAGC-AAG-AT-GGAGAAAGCCACA--TAAACAT--C-AC--    134

CONSENSUS aaTtacaTGGgcaTggTacACcatgAG?agaTatgtaATaCCccTag?aaaAcaTGgagaaATacatGT?    189
SIVAGMTYO AA-TACA---GCT-GG-AC--CATG--TAGA-ATGTA--A--AA-AGGAAA-CA--GGGAA--ATGT--A    204
SIVAGM155 AA-CACT---GCA-GG-AC--TATG--CAGA-ATGTA--A--CC-CCCAGG-AG--GAGAA--CCAT--G    204
SIVAGM3   AA-TACA---GCA-GG-AC--AATG--TAGA-ATGAG--A--CC-AGGGCA-CA--GAAGT--ACAT--A    204
SIVAGM677 GG-GCAA---CAG-TT-GG--CTAC--CCAG-TCATT--C--CT-ATCAAA-GA--ATTAC--AGAA--G    204
SIVSYK    AA-AGAA---CAA-GG-AC--TTATT-CCAA-GGACA--A--AG-AGGAGAT...-GAACT--ATGGA-C    201

CONSENSUS gAt?TaTATtggcAt?TaaCaCCAgAa?aaGGATGGCT?TCaAc?tATGcaGtaGGgaTAcaaTATgtaa    254
SIVAGMTYO G-CC-A---TGGC-TT-AA-A---G-GCAA--------A--C-CAT---CA-TA--TA--CAA---GTAA    274
SIVAGM155 G-TA-C---TGGC-TT-AG-T---A-ACAA--------C--A-CTT---CA-TA--AA--CAA---GTTA    274
SIVAGM3   G-TC-A---TGGC-TC-GA-A---G-AAAG--------A--A-CAT---CT-AG--GA--CAG---CTAA    274
SIVAGM677 A-TA-T---CACA-CC-CA-C---G-AAGA--------C--A-GTC---GA-TA--GT--TCC---TACC    274
SIVSYK    ACGT-C---CACA-TT-GG-C---G-AAGA------T-ACAT-TGC-G-GAATTA-GA-TCAA--CCAAT    271

CONSENSUS gc?a?at?gat?cta?aTATAg?ACAGAAtTaGAtCCtgc?ACAGCAGA?agcaTgATACAt?gtcAtTA    315
SIVAGMTYO GCAATTTAGAATCTAAA----GA------T-A--C--TGCT--------TAGTA-A-----TGGTC-C--    344
SIVAGM155 GCCTAGTAAATGATAAA----GA------T-A--T--CAAT--------CTCCA-G-----TTGTC-T--    344
SIVAGM3   GCAATAGGGATCCTTGG----GG------T-G--T--TGCA--------TAGCC-G-----TACCC-T--    344
SIVAGM677 ATCAAAAG......GGA----AG------G-A--T--AGGA--------CAGAA-G-----CCTAT-T--    338
SIVSYK    GGAACCAG.........-GG-AC--T--CT-AACA--AGCAGT------CCGCC-T-----TAATTTT--    332

CONSENSUS TTTTA??TGTTTTAcAGA?AGaGCCATCcaacA?GCtcTaaggGGacA?AggTt?a?cTtcTGtca?TT?    376
SIVAGMTYO -----AT-------A---A--A------CAAC-A--TC-GAGG--CC-C-GA-TTGTC-TC--TCAG--T    414
SIVAGM155 -----CC-------C---T--A------CAAC-G--AC-AAGG--AA-C-GG-TCATC-TC--TCAA--T    414
SIVAGM3   -----CT-------C---A--G------AGGA-A--CC-ATTG--AC-G-GG-TCACC-TC--TCAG--C    414
SIVAGM677 -----AC-------C---T--A------CAAC-G--TA-CAGA--GG-G-AG-ATACG-GG--CACA--C    408
SIVSYK    ---CCCT--C----C--CA--A--GG--AACC-G--AG-CAGA--GG-ACTA-TG...ACA-CACAC-GC    399

CONSENSUS ccaGaaGGaCAtAAaa?aacaGG?CAGGTACc?TCttTGCAata?tTaGC?cTacTtGCacAtcaA...A    438
SIVAGMTYO CCA-AA--G--T--AAGCACA--A-------CA--TT----GTACC-A--TC-GC-C--AC-TCA-....-    481
SIVAGM155 CCA-GA--A--T--ACTAACA--T-------CC--CT----ATATT-A--AT-AC-A--CC-TCA-....-    481
SIVAGM3   CCC-AG--A--C--GAAAACA--A-------CC--TT----ATACT-A--TC-CC-T--AC-CCA-....-    481
SIVAGM677 AAG-AA--A--T--A.....--T-------AA--AC----ACTTT-G--AC-AG-T--AT-TAC-....-    469
SIVSYK    TGGACCCCA--T......ACT-AC-------CC--AC-T--GTATT-A--AT-ACAA-TGT-CCT-AAAG    463

CONSENSUS ATGGC.............cTCAGGaAGAGATCC?AGAGA?gcaagACCaGGag?acTaGAAATtTGGGATc    493
SIVAGMTYO -----.............C-----G--------A-----GGCAAG---A--AGAAG-A-----T------C    539
SIVAGM155 -----.............C-----A--------C-----GGAGAG---A--AGGAC-A-----T------C    539
SIVAGM3   -----.............C-----C--------C-----AGCAAG---G--GGAAC-A-----A------T    539
SIVAGM677 -----.............A-----A--------A-----ACCTTT---A--ATGGC-G-----C------C    527
SIVSYK    -----GGAGGCTTTCTTCAATCCCTCCC-G-ATGTGC-AGGAAC---AT-GTTCT-CATTCCAA-AA--G    533
```

AGM VIF

```
CONSENSUS TaagCAGGGAGCCgTGGGACgAATGGCTaagAGA?ATGcTagaaGAt?TcAAccAgGAaGCcA???tGCA   558
SIVAGMTYO -AAG---------G------A-------AAG---T---T-ACAA--TC-C--CC-G--G--G-GGCT---   609
SIVAGM155 -CAG---------G------G-------CAG---T---G-AGAA--AA-C--CA-C--A--C-AACT---   609
SIVAGM3   -GAG---------G------G-------AAG---C---C-AGAA--TA-C--TC-G--A--C-AGAT---   609
SIVAGM677 -AGA---------A------G-------ACA---C---C-CAGG--TC-A--CG-A--A--C-GAAG---   597
SIVSYK    -AGAGTT-ACC--AAAC-TGATCAATG-CACT-TA-A-GCAGAACTGG-AGTGACA--A--ATCCAA---   603

CONSENSUS tTTTGGg?gagAacTcCT?ttCCaAGTATGGAA?TA?TGTcagGAGGA?GGaga?AGacAtgG?ActCCC   621
SIVAGMTYO T-----GAGAG-AC-C--GTT--A---------C--C---CAG-----A--AGAA--AC-TG-T-CT---   679
SIVAGM155 T-----CCGAG-AC-C--ATA--A---------T--T---CAG-----A--GGAG--AC-GG-A-GA---   679
SIVAGM3   T-----GCGCG-GC-C--GTT--A---------C--T---CAG-----G--AGAA--GA-TC-C-CT---   679
SIVAGM677 C-----AATGA-CA-G--AAT--G---------T--C---GTA-----G--AAGG--AC-             657
SIVSYK    T---ACTCCTC-AGAAA-ATATGG---T-----TC-A-CCTTAA-C--A-AGGCAG-GACTGA          666

CONSENSUS ATg?tgGAAAGGGC?TA*    636
SIVAGMTYO --GATG--------C--     696
SIVAGM155 --AGCG--------A--     696
SIVAGM3   --GCTA--------T--     696
```

AGM VPR

A single consensus sequence was used because several of the subspecies are represented by a single sequence. No tantalus or sabaeus sequences were available over this region. The so-called "vpX" coding sequence of AGMs is better interpreted as a vpR sequence (see Hirsch et al., J. Virol. 67:1517-1528, 1993); by this interpretation, all HIVs and SIVs have the vpR cds, but only HIV-2s and related SIVs have the duplicated "vpR" that has been designated vpX. For the original insight in this regard, see Tristem et al., Nature 347:341-342,1990 and EMBO J 11:3405-3412,1992.

```
CONSENSUS ATGGCcTCAGGaAGAGATCC?AGAGA?gcaagACCaGGag?acTaGAAATtTGGGATcTaagCAGGGAGC     67
SIVAGMTYO -----C-----G--------A-----GGCAAG---A--AGAAG-A-----T------C-AAG--------     70
SIVAGM155 -----C-----A--------C-----GGAGAG---A--AGGAC-A-----T------C-CAG--------     70
SIVAGM3   -----C-----C--------C-----AGCAAG---G--GGAAC-A-----A------T-GAG--------     70
SIVAGM677 -----A-----A--------A-----ACCTTT---A--ATGGC-G-----C------C-AGA--------     70

CONSENSUS CgTGGGACgAATGGCTaagAGA?ATGcTagaaGAt?TcAAccAgGAaGCcA???tGCAtTTTGGg?gagA    131
SIVAGMTYO -G------A-------AAG---T---T-ACAA--TC-C--CC-G--G--G-GGCT---T-----GAGAG-    140
SIVAGM155 -G------G-------CAG---T---G-AGAA--AA-C--CA-C--A--C-AACT---T-----CCGAG-    140
SIVAGM3   -G------G-------AAG---C---C-AGAA--TA-C--TC-G--A--C-AGAT---T-----GCGCG-    140
SIVAGM677 -A------G-------ACA---C---C-CAGG--TC-A--CG-A--A--C-GAAG---C-----AATGA-    140

CONSENSUS acTcCT?ttCCaAGTATGGAA?TA?TGTcagGAGGA?GGaga?AGacAtggtActCCcatgatgGAaAgg    196
SIVAGMTYO AC-C--GTT--A---------C--C---CAG-----A--AGAA--AC-TGGT-CT--CATGATG--A-GG    210
SIVAGM155 AC-C--ATA--A---------T--T---CAG-----A--GGAG--AC-GGGA-GA--CATAGCG--A-GG    210
SIVAGM3   GC-C--GTT--A---------C--T---CAG-----G--AGAA--GA-TCGC-CT--CATGCTA--A-GG    210
SIVAGM677 CA-G--AAT--G---------T--C---GTA-----G--AAGG--AC-TAAT-CC--ATGGAAT--G-TA    210

CONSENSUS GccTA?AA?TAtTATagatTaGTtCAaAA?gCTcTcTTTGTgCATTTccG?TGTGGaTG??GcAG?AGac    259
SIVAGMTYO -CC--C--A--T---AGGC-A--A--A--GG--C-C-----G-----TC-A-----G--CA-G--A--GC    280
SIVAGM155 -CA--T--G--T---CGCT-A--T--G--AG--C-C-----G-----CC-G-----A--TC-C--G--AC    280
SIVAGM3   -CT--T--A--T---AAAT-G--G--A--AG--C-C-----G-----CC-G-----A--CC-C--A--AC    280
SIVAGM677 -GC--C--G--C---AGAA-T--T--A--GT--A-G-----A-----CA-A-----T--TA-A--G--AG    280

CONSENSUS aaCCcTTTgaaCCaTACGA?GAgAGGAGa?ATGGACAAGGgGGAGGaagagCaggaCg?gtcCCaCCAGG    326
SIVAGMTYO AG--C---GAA--A-----G--G-----AG----------G-----CAGAG-AAAT-GTGTC--A-----    350
SIVAGM155 AA--C---GAG--A-----G--G-----AA----------G-----AAGAC-AGGA-GTGTC--A-----    350
SIVAGM3   AA--C---GAA--A-----A--A-----GG----------G-----ACGAG-AGGG-GCGTA--A-----    350
SIVAGM677 GA--T---TCC--T-----A--G-----AA----------A-----A...G-CCCA-CCCCT--T-----    347

CONSENSUS ACTTgAt*     333
SIVAGMTYO ----G-G-     357
SIVAGM155 ----G-T-     357
SIVAGM3   ----G-T-     357
SIVAGM677 ----*        351
```

AGM TAT

AGM TAT

A single consensus sequence is shown because several of the subspecies are represented by only a single sequence. No tantalus or sabaeus sequences are currently available over this region. The outlying Sykes monkey sequence is not reflected in the consensus.

```
CONSENSUS                    ATGGACAAGGgGGAGGaagagCaggaCg?gtcCCaCCAGGACTTgattgaac    51
SIVAGMTYO                    ----------G-----CAGAG-AAAT-GTGTC--A---------GAGTGAAG    52
SIVAGM155                    ----------G-----AAGAC-AGGA-GTGTC--A---------GATTAAAC    52
SIVAGM3                      ----------G-----ACGAG-AGGG-GCGTA--A---------GATTGAAC    52
SIVAGM677                    ----------A-----A...G-CCCA-CCCCT--T---------.......     41
SIVSYK     ATGTCCTCAACGGACCAG--ATG-C--ACAC--AGGGTA-CCCCATCCTT-TTAG-A-GAACATTCCTA.    69

CONSENSUS aatac?agaa?CCccTgcAg?caTGTAcaAAtAAaTGcT?TTGcAAAaaaTGcTGTTAtCAcTGtcAgcT   117
SIVAGMTYO ACTATCAGAAG--TC-GC-GACT----AA--T--A--T-T---C---AAA--T-----C--C--TC-GC-   122
SIVAGM155 AATACAGGAAA--CC-TG-GACA----CA--T--A--C-T---C---AAA--C-----T--T--CC-AT-   122
SIVAGM3   AACTCAAAGCA--CC-GA-GCGG----CA--C--G--C-A---T---TGT--C-----T--C--TC-GC-   122
SIVAGM677 ....GCATAGG--AT-AC-ACCA----CT--T--A--C-A---C---AAA--C-----T--C--TG-GC-   107
SIVSYK    ..GAGAAAGGA--ACCAACACCA---....--T--A--C-T---C---AAC--T--C--T--T--CC-GC-   134

CONSENSUS tTGCTT??T?Ca?AA?GG??TAGGtgTtaccTATCATGcC?cTAGGAccAGA...AGAAAgAagAttgcT   176
SIVAGMTYO T-----TC-G-AA--A--CC----TG-TACC-------C-CC-----CC---...-----G-AG-TTCG-   189
SIVAGM155 C-----CT-A-GG--A--AC----TA-TACC-------C-TT-----CC---...-----G-AG-TTGC-   189
SIVAGM3   T-----TT-A-AA--G--AT----TG-TACC-------C-CC-----TC---...-----G-AG-TTGC-   189
SIVAGM677 T-----CC-G-AG--G--CT----AG-GCGT-------T-TC-----AA---...-----A-CA-GCAC-   174
SIVSYK    T--T--CC-T-AA--G--AT-G--AA-CACT---GCCAGACCA----AGC--GCAGCTCGC-GT-TTTC-   204

CONSENSUS ?cg?tT?ATcgcgttCCTgtACagcAgCAATCCATATCCAcccgt??????gg?agggaCagccagACaa   236
SIVAGMTYO TCGCT-A--TTGGCT---TT--AGC-C-------------CCAAGTGGGGAAGGGACGG-CAGACA--GC   259
SIVAGM155 TCGGC-G--CGCATT---GT--CGC-G-------------TCCGT......GGAAGGGA-AGCCAG--AA   253
SIVAGM3   CCGCT-G--CGCTTT---GA--AAA-A-------------CCCGT......GGAAGGGA-AGCCAG--AA   253
SIVAGM677 CAAGA-A--CAAGAC---AT--GGC-G-------------CAGTT......CAGCGGAA-GGCCAG--AA   238
SIVSYK    GAGGA-G--AGCGCA---AC-GGAACC-T-C---GGG--GGAAGG...ACCCAGGCAAA-CCGCAG--GA   271

CONSENSUS CGcaG?agggccAGaag?aGGtGga?acA???GcAa?Aaca??TC???GC?TT?GCAGAAAGAAT?TGG?   290
SIVAGMTYO --AC-AGCCAGG--AAGGT--A-ACAAC-GCA-G-TC-AAT*                               300
SIVAGM155 --CA-GAGAGCC--AAGAA--T-GAAGA-CAG-C-AA-GCAAA--TAC--A--A----------T---G   323
SIVAGM3   --CA-AAGGGCC--GAGAA--T-GAGAC-AGC-C-AG-ACAGC--CGA--C--G----------C---C   323
SIVAGM677 --GA-GAGGGCA--ACAGA--T-GAG*                                             264
SIVSYK    A-.........A--AAGGCA-T-GAGAC-GAGAAGGACTCAACGTCTCTACC-TCAGC-G-----C-T*   330

CONSENSUS ??A??AGA???GA?GA?CA??TGGTGCA?GC*                                       309
SIVAGM155 GG-CG---CAA--G--C--GT-------G---                                       354
SIVAGM3   AC-GC---GTG--A--G--AC-------A--*                                       354
```

AGM REV

A single consensus sequence is shown because several of the subspecies are represented by only a single sequence. No tantalus or sabaeus sequences are currently available over this region. The outlying Sykes' monkey sequence is not reflected in the consensus.

```
CONSENSUS    ATGcC?cTAGGAccAGAAGAA...AgAagAttgcT?cg?tT?ATcgcgttCCTgtACagcAgCAATC     60
SIVAGMTYO     ---C-CC-----CC--------...-G-AG-TTCG-TCGCT-A--TTGGCT---TT--AGC-C-----  64
SIVAGM155     ---C-TT-----CC--------...-G-AG-TTGC-TCGGC-G--CGCATT---GT--CGC-G-----  64
SIVAGM3       ---C-CC-----TC--------...-G-AG-TTGC-CCGCT-G--CGCTTT---GA--AAA-A-----  64
SIVAGM677     ---T-TC-----AA--------...-A-CA-GCAC-CAAGA-A--CAAGAC---AT--GGC-G-----  64
SIVSYK     ATGCCAGACCA----AGC--GC-GCTCGC-GT-TTTC-GAGGA-G--AGCGCA---A......CAGG-A-  64

CONSENSUS CATAT???CCAcccgtggaaGGgAC?GCCAGACAACGcaG?aG?GCcAG?agaAGGTGGAga?AacaGCA  122
SIVAGMTYO -----CCA--AGTGGGGAA--G--G----------CC-AC-A--C--GAGA-------GAC-ACA---  134
SIVAGM155 ----------TCCGTGGAA--G--A----------CA-GA-A--C--AAGA-------AGA-CAG---  131
SIVAGM3   ----------CCCGTGGAA--G--A----------CA-AA-G--C--GAGA-------GAC-AGC---  131
SIVAGM677 ----------CAGTTCAGC--A--G----------GA-GA-G--A--ACAG-------GAA-GCA---  131
SIVSYK    -C--C------GGGCCGGAA--AC-CAGGCA-ACC--CA-AC-AAGA--AAGGCA-----GAC-GAGAAG  131

CONSENSUS ?gAgCAaaT???agcctTgGcAGaAAGAaTctgg?acaccaga?a?GAgga?caactGGTGcatgcaaTT  184
SIVAGMTYO GG-T--AA-TAGAGTCT-G-T--A----C-C.............CAA--G......CA----TATGCAG--  186
SIVAGM155 AA-G--AA-CTACGCAT-A-C--A----A-TTGGGGGACGAGACAA--GGACCAGTT----CAGGCAA--  201
SIVAGM3   AG-A--GC-CCGAGCCT-G-C--A----A-CTGGCACAGCAGAGTG--AGAGCAACT----CAAGCGA--  201
SIVAGM677 GC-G--AA-TGATAAGA-T-C--G----G-CCTCAACACCTTCGAG--TCAACAACT----GCTCAAC--  201
SIVSYK    GACT--ACGTCTCTACC-TCAGCAG---A-CTTTGAGGCAATCTTT-GAAGCAGGACA-CAGCTTTGGAG  201

CONSENSUS gAccaa?TGgt?ct?GAga?tcAgcA??TGG?tatACAACAg?TGCCTGACCCTCCTcaTtcagcT*     242
SIVAGMTYO G-CCGCC--GCTGAC--GGCTC-AC-CT---CTAT------GT--------------CA-TCAGC--  252
SIVAGM155 G-CCAAT--GTTCTT--CACTC-GC-TC---TTAC------GC--------------TC-CAAGC--  267
SIVAGM3   G-CCAAT--GTGCTC--TCAGC-GC-TC---CTAT------GT--------------AG-TCATC--  267
SIVAGM677 C-AGAGC--CAGCTT--GAATA-GG-CT---TGTT------TC--------------CA-ATTCA--  267
SIVSYK    G-CAGTC--.............................G--GC-T-AGAT-T--GA-*             231
```

AGM ENV

AGM ENV

Only one grivet sequence, AGM677, is available over this region. The SIVMND does not easily align with the AGM and SYKES sequences.

```
VERVET.CON    ATGA?g?agacatTA?taa??tTaggaaTA?TAgtaATAGGgATAGGaaTAGtG?TaAgTacaAagca?C     62
SIVAGM3       ----AGCTGACAT--CTG...A-AGGGA--C--TTA-----G-----AG---T-C-T-A-ACA-GGCAA-     67
SIVAGMTYO     ----GGTATACAA--ATAACCT-AGGAA--A--GTG-----A-----GA---T-T-A-G....AG...-     64
SIVAGM155     ----CAAAGTTCT--GGAATTT-TATAG--T--GGA-----G-----AA---G-A-A-G-ACA-AACAG-     70
SIVAGM677     ATGGGGAGATTGCTTATAAAAATACTAATAATAGCAATAGGGATAAGTATAGGAATA......GGTAACC      64
TANTALUS.CON                                                                           0
SIVAGMB05                                                                              0
SIVAGMB30                                                                              0
SIVAGMB53                                                                              0
SIVAGMB14                                                                              0
SABAEUS.CON                                                                            0
SIVAGMD29                                                                              0
SIVAGMD30                                                                              0
SIVAGMD37                                                                              0
SIVAGMD45                                                                              0
SIVSYK        ATGGCAGCTTTTAGAACTTACATAGTTTGTCTTTTTAGCTTAATAAGTTTAGGATTTATGGAAAAACAAC     70

VERVET.CON    AaTGGaTaACAGT?TTtTATGGAgTACCAGTATGGAAAAACAGCTCaGT?CAgGCTTTcTGCATGACaCC    130
SIVAGM3       -A---G-C-----A--T-------G----------------------A--A--G-----C--------A--    137
SIVAGMTYO     -A---A-A-----C--T------A----------------------G--G--G-----C--------T--    134
SIVAGM155     -G---A-A-----G--C------G----------------------A--C--A-----T--------A--    140
SIVAGM677     TGTATGTGACAGTGTTTTATGGAATCCCAGTATGGAAAAATTCAACAGTTCAGGCATTTTGCATGACGCC    134
TANTALUS.CON                                                GCAAGCATTTTGTATGACGCC      21
SIVAGMB05                                                                              0
SIVAGMB30                                                                              0
SIVAGMB53                                                                              0
SIVAGMB14                                                   --------------------      21
SABAEUS.CON                                                                            0
SIVAGMD29                                                                              0
SIVAGMD30                                                                              0
SIVAGMD37                                                                              0
SIVAGMD45                                                                              0
SIVSYK        AATATGTAACAGTATTTTATGGGATACCACATTGGGAAGATGCATATGCACCTCTCTTTTGTACCACCTC    140

VERVET.CON    cACcAC?AG?tTaTGGGCaACTACTAAtTgcATACCAGATGATCATGACTAtACAGAaGTACCacTaAAt    198
SIVAGM3       C--C--C--AC-A-----A--------C-CG-------------------C-----G-----AT-A--C    207
SIVAGMTYO     C--C--A--CT-A-----T--------T-GC-------------------T-----A-----TC-A--T    204
SIVAGM155     T--T--T--GT-G-----A--------T-GC-------------------T-----A-----AC-G--T    210
SIVAGM677     CAATACCAATATGTGGGCAACCACCAACTGCATACCAGATGATCATGATAATACAGAGGTGCCTCTAAAC    204
TANTALUS.CON CAATACCAATTTATGGGCCACAACAAATTGTATACCAGATGATCATAATTACACAGAAGTGCAATTAAAT     91
SIVAGMB05                                                                              0
SIVAGMB30                                                                              0
SIVAGMB53                                                                              0
SIVAGMB14     ------------------------------------------------------------------------ 91
SABAEUS.CON                                                                            0
SIVAGMD29                                                                              0
SIVAGMD30                                                                              0
SIVAGMD37                                                                              0
SIVAGMD45                                                                              0
SIVSYK        CCATAAAGGAGGATGGGCTACTAAGAATTGTGTGCCG...TCAGCAGATCAAATAGAAGTAAGGGTCAAC    207
```

```
VERVET.CON    ATcACt...GAaCCATTTGAaGCATGGGctGAcAGAAAcCCcTTAgTAGCACAAGCAGgaAGTAAcAT?C   264
SIVAGM3       --C--T...--A--------A--------CT--C-----C--C---G------------GA-----T--A-   274
SIVAGMTYO     --C--T...--A--------G--------GT--T-----C--A---A------------CC-----C--C-   271
SIVAGM155     --A--A...--G--------A--------CA--C-----T--C---G------------GA-----C--T-   277
SIVAGM677     ATTACA...GAAGCTTTCGAGGCTTGG...GAT...AATCCGCTGGTAAAACAAGCAGAGAGTAATATAC   265
TANTALUS.CON GTCTCA...GAGAAATTTGAAGCGTGGAAAGACAGGAACCCTTTGGTGGCACAAGCAGAAAGCAATATAC   158
SIVAGMB05                                                                            0
SIVAGMB30                                                                            0
SIVAGMB53                                                                            0
SIVAGMB14     ------...----------------------------------------------------------   158
SABAEUS.CON                                                                          0
SIVAGMD29                                                                            0
SIVAGMD30                                                                            0
SIVAGMD37                                                                            0
SIVAGMD45                                                                            0
SIVSYK        ATTACAGGAGAATACTTTCCAGCATGGAATAGCAGTCACATGATAAGGCAGCAAATATTAGAGGACATGT   277

VERVET.CON    AccTgCT?TTTGAgCAgACt?TgAAgCC?TGTGTaAAgtTATCACCtcTaTGcATcAAaATGaatTGTGT   331
SIVAGM3       -CC-G--A-----G--G--TC-G--G--A-----A--AT-------TT-G--C--T--A---TCC-----   344
SIVAGMTYO     -TT-A--C-----G--A--TA-G--A--T-----G--GT-------AC-A--C--C--G---AAT-----   341
SIVAGM155     -CC-G--G-----A--G--AT-A--G--C-----A--GC-------TC-A--T--C--A---AAT-----   347
SIVAGM677     ATCTACTCTTTGAACAAACGATGAGGCCTTGTGTTAAGCTCTCCCCCATATGTATTAAAATGTCCTGTGT   335
TANTALUS.CON ATCTGCTTTTTGAAAGTACCTTGAAGCCTTGTGTCAAGTTAACACCAATGTGCATAAGAATGAATTGCAC   228
SIVAGMB05                                                                            0
SIVAGMB30                                                                            0
SIVAGMB53                                                                            0
SIVAGMB14     ----------------------------------------------------------------------   228
SABAEUS.CON                                                                          0
SIVAGMD29                                                                            0
SIVAGMD30                                                                            0
SIVAGMD37                                                                            0
SIVAGMD45                                                                            0
SIVSYK        CAGCTTTATTCTTGCAAGCCAATAGACCCTGTGTGAAGCTAGCACCCATGTGTATTAGGATGTTGTGTAC   347

VERVET.CON    AGAgTTaAA?tcCtC??????????????????????????gcaAcggC?aCaaCA?C?Ac?ac?AC??Cg   368
SIVAGM3       ---A--G--CTC-T-TGAGCCTACCACCACTCCTAAAAGTACC-CGG-CT-AA--A-C-ATATC--AG-C   414
SIVAGMTYO     ---G--A--TTC-A-AAGA.....................GAA-GGG-GA-AA--C-T-CAACG--GC-G   390
SIVAGM155     ---G--A--AGG-T-C.......................GCA-CCT-TA-CC--G-A-CCTCT--TA-G   393
SIVAGM677     AGAGCTGAATGGTACA.......................GCCACGACAAAGGCCACCACTACTGCAACT   381
TANTALUS.CON TAGGCTTCCCTCCCCTACT.....................CCCTCCTCCTCTAGTACAACAAGGACAACA   277
SIVAGMB05                                                                            0
SIVAGMB30                                                                            0
SIVAGMB53                                                                            0
SIVAGMB14     ------------------.....................----------------------------   277
SABAEUS.CON                                                                          0
SIVAGMD29                                                                            0
SIVAGMD30                                                                            0
SIVAGMD37                                                                            0
SIVAGMD45                                                                            0
SIVSYK        ATTGGACAACAGCCCT.............................GCTACAAGTACCCCTACTACAAGT   387
```

AGM ENV

```
VERVET.CON    ?cA?caACCa??cTaCCcTGTGT??g?aa?AagaCAggt?c?aa?cTAcAgTCaTGtAAtGaaAccATcA   427
SIVAGM3       TC-ACA---ACTT-G--G-----CCAGAAC-AGA--AGTACTGTGT--G-A--A--T--T-AA-CA--C-   484
SIVAGMTYO     AA-TCT---GGCC-A--C-----AGGCCCG-CGT--GGTGAAAATC--C-G--C--T--T-CA-GC--T-   460
SIVAGM155     GC-GGA---AAAC-A--C-----TAGAAAT-AAA--GACTCCAACC--C-G--A--C--C-AC-CC--C-   463
SIVAGM677     ACAACAATGACTACCCCCTGT.......................CAGAATTGCAGTACAGAGCAGA   424
TANTALUS.CON AGAAATCCCTGCCCAGGCACA.....................ACAAACGATGAGTGCAATAGCCACTTGG   326
SIVAGMB05                                                                          0
SIVAGMB30                                                                          0
SIVAGMB53                                                                          0
SIVAGMB14     ----------------------.....................----------------------------   326
SABAEUS.CON                                                                        0
SIVAGMD29                                                                          0
SIVAGMD30                                                                          0
SIVAGMD37                                                                          0
SIVAGMD45                                                                          0
SIVSYK        CCCCCTACTACACCTCCA.....................................AATGAAACG...T   415

VERVET.CON    TAGAAAaGGAgaTgaAtGA?GAGcC?GC?TCtAAtTGtACaTTtGCaATGGCtGGgTAtgTaAGaGAtCA   494
SIVAGM3       ------A---AT-AA-T--A---C-T--T--T--T--T--A--T--A-----A--G--TG-A--A--T--   554
SIVAGMTYO     ------G---GA-GG-G--T---C-C--C--T--T--T--A--C--A-----T--C--TG-A--A--T--   530
SIVAGM155     ------A---GA-GA-T--C---G-A--G--A--C--C--C--T--T-----T--G--CA-T--G--C--   533
SIVAGM677     TAGAAGGAGAAATGGCAGAGGAACCAGCATCCAACTGCACTTTTGCAATTGCAGGATATCAAAGAGATGT   494
TANTALUS.CON TGACAAATAGCATGGAATTTGAAAACAGTTCTATGTGCACCTTTGCAATGGCAGGGTACATGAGGGATCA   396
SIVAGMB05                                                                          0
SIVAGMB30                                                                          0
SIVAGMB53                                                                          0
SIVAGMB14     ----------------------------------------------------------------------   396
SABAEUS.CON                                                                        0
SIVAGMD29                                                                          0
SIVAGMD30                                                                          0
SIVAGMD37                                                                          0
SIVAGMD45                                                                          0
SIVSYK        GGTGGGGAGACAACAGTACAGAGCCAAGATTCAATTGCTCTTTTAACTTGACAGGGGGGTTCAAGGATAA   485

VERVET.CON    gAAgAAgAAt???TAtTCaGTgGTgTGGAATGATGCAGAAATCtttTGtAAg??????a?ta?????aAt   549
SIVAGM3       G--A--G--G...--T--A--G--G------------------ATG--T--G.........AAGGGTA-C   612
SIVAGMTYO     G--G--A--TTAT--T--T--G--G------------------TAT--C--AAATAAGACT......A-T   594
SIVAGM155     A--G--G--T...--C--A--A--A------------------TTT--T--G...CGTAGTACATCGC-T   597
SIVAGM677     AAAAAAGAAT...TATAGCATGACCTGGTATGATCAGGAGTTAGTCTGCAATAATAAAACAGGAAGTGAA   561
TANTALUS.CON GAAAAAGACA...TATAACAGCACATGGTATGATGCAGAACTCATGTGTGAACCGGAGAGCAAAAAG...   460
SIVAGMB05                                                                          0
SIVAGMB30                                                                          0
SIVAGMB53                                                                          0
SIVAGMB14     ----------...-------------------------------------------------...   460
SABAEUS.CON                                                                        0
SIVAGMD29                                                                          0
SIVAGMD30                                                                          0
SIVAGMD37                                                                          0
SIVAGMD45                                                                          0
SIVSYK        AAAACAGCAA...TATAGAGCTTTCTTCTATAAGGATGACTTGATGAAAGAG.............GAA   537
```

```
VERVET.CON    Aat?ctA?cAaAGAgTGtTAtATGATtCAtTGTAATGAtTCAGTTATAAAaGAAGC?TGTGAtAAaACAT  616
SIVAGM3       -ATTCT-AC-G---A--T--T-----T--T--------T-----------A-----C-----T--A----  682
SIVAGMTYO     -GCACT-GC-A---G--T--C-----T--T--------C-----------A-----A-----C--A----  664
SIVAGM155     -ATGGG-CA-A---G--C--T-----C--C--------T-----------G-----T-----T--G----  667
SIVAGM677     AAGGGAAGTAAGGATTGTTACATGATACATTGTAATGATTCAGTGATAAAAGAAGCTTGTGATAAAACAT  631
TANTALUS.CON AACTCA...AGGGGGTGTTACATGATCCATTGTAACGATTCAGTCATAAAGGAAGCTTGCGAAAAAACTT  527
SIVAGMB05                                                                            0
SIVAGMB30                                                                            0
SIVAGMB53                                                                            0
SIVAGMB14     ------...------------------------------------------------------------  527
SABAEUS.CON                                                                          0
SIVAGMD29                                                                            0
SIVAGMD30                                                                            0
SIVAGMD37                                                                            0
SIVAGMD45                                                                            0
SIVSYK        GGCAATAGTAGCTATTATTACCTGTTACATTGTAATACAAGTGTTATATCCGCAGCATGTGAGAAACAGA  607

VERVET.CON    ATTGGGATgAgTTaAGatTAAGgTAtTGTGCtCCaGCAGG?TatGCTTTgcTaAAATGtAAtGATta?GA  684
SIVAGM3       --------G-G--A--AT----G--C-----C--G-----G-TT-----AT-A-----C--C---TAT--  752
SIVAGMTYO     --------C-G--G--GT----G--T-----T--A-----T-AT-----GC-A-----T--T---GAA--  734
SIVAGM155     --------G-A--A--AC----A--T-----T--A-----A-AC-----GC-T-----T--T---TGG--  737
SIVAGM677     ATTGGGATACTTTAAGAGTAAGATACTGTGCACCAGCAGGGTATGCTTTGCTAAAATGTAATGATAAGGA  701
TANTALUS.CON ACTGGGATACCCTTAGGTTAAGATATTGTGCACCAGCTGCTGTTGCTATCTTGAAATGTAAAGATACTAA  597
SIVAGMB05                                                                            0
SIVAGMB30                                                                            0
SIVAGMB53                                                                            0
SIVAGMB14     ------------------------------------------------------------------------  597
SABAEUS.CON                                                                          0
SIVAGMD29                                                                            0
SIVAGMD30                                                                            0
SIVAGMD37                                                                            0
SIVAGMD45                                                                            0
SIVSYK        CCTTTCAACCCTTTCCGATTCAATACTGTGCTCCACCGGGTTACTCATTGTTGAAATGCAATGATACAAA  677

VERVET.CON    TTATgcaGGgTtTAAgccAaA?TGtTCtAATGTtTCAGTaGTGCATTGtACaa?cTTaATgAATACAACA  752
SIVAGM3       ----GCA--G-T---GAC-A-C--T--T-----T-----G--------T--TAAC--G--A---------  822
SIVAGMTYO     ----AAT--G-A---ACA-A-T--C--A-----A-----A--------T--AGGC--A--G---------  804
SIVAGM155     ----GCA--A-T---GCC-G-A--T--T-----T-----A--------C--AACT--A--G---------  807
SIVAGM677     TTATAGAGGCTTTGCTCCAAAGTGCAAGAATGTTTCAGTAGTGCATTGTACTAGATTAATCAATACTACT  771
TANTALUS.CON TTACACAGGCTTT...GGCACATGTAGAAATGTGTCAGTAGTAAGTTGCACAGGCTTAATGAATACTACA  664
SIVAGMB05                                                                            0
SIVAGMB30                                                                            0
SIVAGMB53                                                                            0
SIVAGMB14     ------------...------------------------------------------------------  664
SABAEUS.CON                                                                          0
SIVAGMD29                                                                            0
SIVAGMD30                                                                            0
SIVAGMD37                                                                            0
SIVAGMD45                                                                            0
SIVSYK        TTTTGAAGGAGAC...GATGTCTGTACAAATGTAACTGCAGTATCATGCACACAGGAATTCAATACATTG  744
```

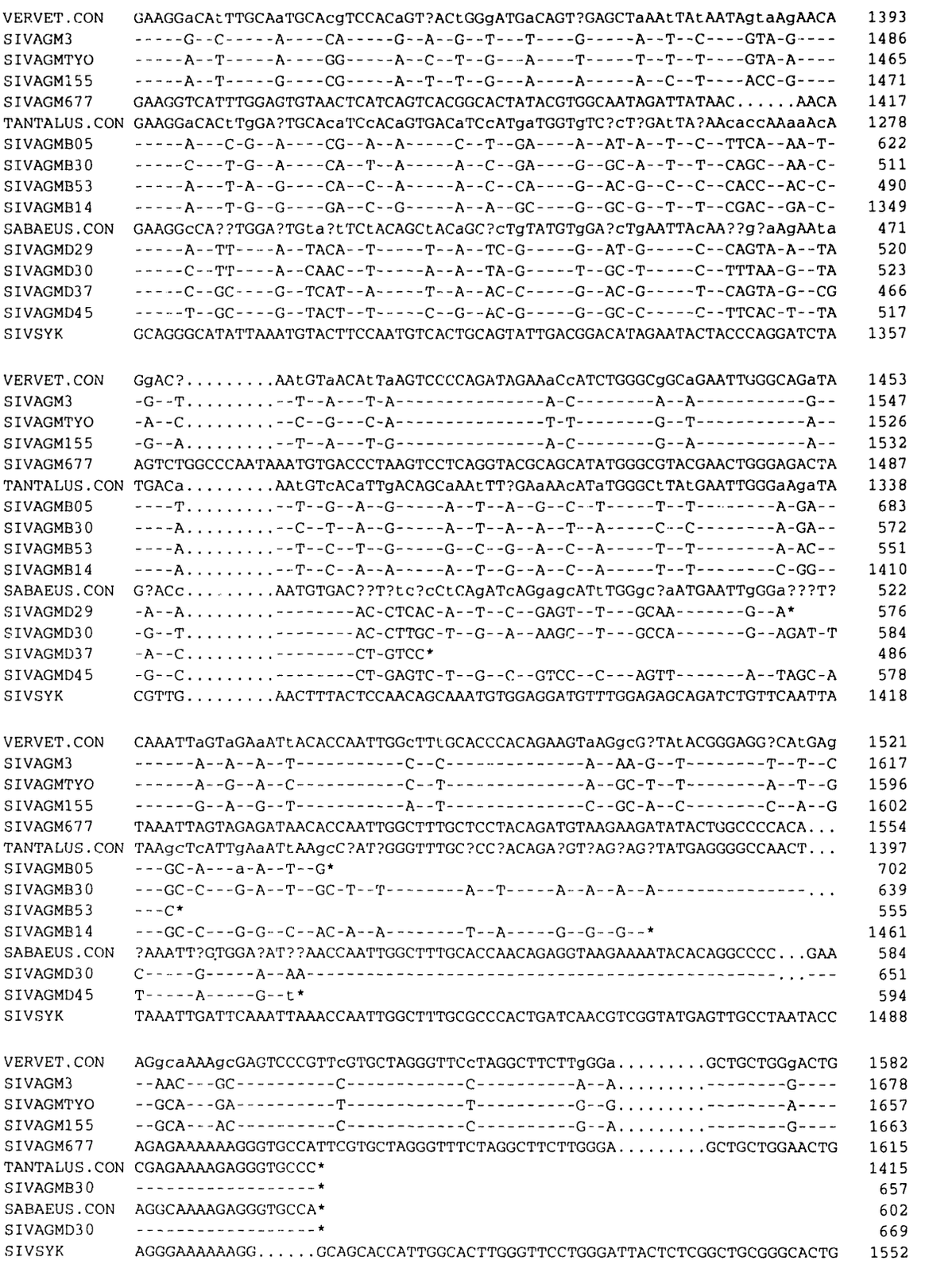
AGM ENV

```
VERVET.CON    GTgAC?ACtGG?cTGTTgtTGAATGGaAGCTAttcaGAgAATCGAACCCAGATaTGGCAgAAACATaGaG    820
SIVAGM3       --G--T--T--AC----GT-------G-----CTCA--G--------------A-----G------A-A-    892
SIVAGMTYO     --G--A--A--GT----GC-------A-----TCAT--G--------------A-----G------A-G-    874
SIVAGM155     --A--C--T--TC----AT-------A-----TTCA--A--------------C-----A------G-A-    877
SIVAGM677     ATAACTACAGGGATAGGATTAAATGGTAGTAGATCAGAAAATAGAACAGAGATATGGCAGAAAGGAGGAA    841
TANTALUS.CON GTAAGCTCAGCTTTTGGTCTAAATGGTAGTCAAGCAGAGAATAGAACAGAAATATGGCAAAA?CATGG?G    732
SIVAGMB05                                                                --G-----G-     10
SIVAGMB30                                                                               0
SIVAGMB53                                                                               0
SIVAGMB14     ------------------------------------------------------------A-----A-    734
SABAEUS.CON                                                                             0
SIVAGMD29                                                                               0
SIVAGMD30                                                                               0
SIVAGMD37                                                                               0
SIVAGMD45                                                                               0
SIVSYK        GCTAGCACATGGTTCCAACTGAATGGGACCTACAAAGCAAAAGATAAAGTTAGATTTATCAAACAAAAGG    814

VERVET.CON    TaAgcAATgACtCAGTgTTaaTcTTgtTcAAtAAgCAtTAtAAtCTaaCAGTtAC?TGcAaaAGaCCAGG    889
SIVAGM3       -A-GC---G--T----G--AG-G--AT-T--T--A--T--C--T--AA----T--T--C-AA--A-----    962
SIVAGMTYO     -A-AT---A--A----A--GA-C--GT-C--C--G--C--T--T--AT----C--C--T-GG--A-----    944
SIVAGM155     -G-GC---G--T----G--AA-C--GC-C--T--G--T--T--C--GA----T--A--C-AA--G-----    947
SIVAGM677     ATGATAATGATACAGTTATAATAAAGTTGAATAAGTTTTACAACTTGACAGTGAGATGCCGAAGACCTGG    911
TANTALUS.CON TAAG?AATGA?TC?GT?ATTAT?AAGCTTAA?AA?CATTAC?A??T?AC?ATA?TGTG?AG?AGACCAGG    787
SIVAGMB05     ----C-----T--G--A-----T--------C--A------C-AT-A--G---G----C--G--------     80
SIVAGMB30                                                                               0
SIVAGMB53                                                                               0
SIVAGMB14     ----T-----C--T--C-----A--------T--G------A-TC-G--A---T----T--A--------    804
SABAEUS.CON                                                          TGTAG?AgACCAGG     13
SIVAGMD29                                                            -----A-T------     14
SIVAGMD30                                                            -----G-G------     14
SIVAGMD37                                                                               0
SIVAGMD45                                                                   -G------     8
SIVSYK        ATAAAAATGAGTCAGTAATTATTTTAGTTCCAGAAGCACTTAGATTGCAGATTATATGTGAAAGACCAGG    884

VERVET.CON    aAAcAAgACAGTCtTaCCaGTAACgATaATGGCaGGa.....cTaGT?TTcCAcTCtCAgAag    946
SIVAGM3       A--C--A------T-A--A-----A--C-----A--G.....C-A--G--T--T--T--G-GG   1020
SIVAGMTYO     A--C--G------C-A--G-----G--A-----G--A.....C-G--T--C--C--T--A-AA   1002
SIVAGM155     G--T--G------T-G--A-----G--A-----A--A.....T-A--C--C--C--A--G-AG   1005
SIVAGM677     TAATAAAACAGTGTTGCCAGTAACAATCATGGCAGGG.....TTAGTATTTCACTCTCAGAAA    969
TANTALUS.CON AAA?AAAAC?GTC?TACCAGTAACCAT?ATGGCAGG?.....??????aTGGTGTTCCACTCtCAaaaa    840
SIVAGMB05     ---G-----G---C-------------G--------T.....C-------------T--GCAA    138
SIVAGMB30                                          ACAGGCA-------------T--AAAG     27
SIVAGMB53                                                          ATA      3
SIVAGMB14     ---C-----A---T-------------C--------A.....A-------------A--AAAA    862
SABAEUS.CON AAACAAGACAGTgtTaCCtGTgACcATcatGGCtGGC.....tTggTctt?CAcAGcCA?AAA     69
SIVAGMD29     ------------GT-A--T--G--C--TGC---T---.....T-GA-CTTT--C--C--A---     72
SIVAGMD30     ------------GT-A--T--G--C--CAT---T---.....T-GG-CTTC--C--C--G---     72
SIVAGMD37                                                      aaC--T--C--G---     15
SIVAGMD45     ------------AC-G--A--A--G--CAT---A---.....C-TG-GTTT--C--T--A---     66
SIVSYK        AAATGAGTCTATCAAAAATATTCAATTGGCTGCAGGCTATTTCCTCCCAGTAATACAAGGGAAATTGAAA    954
```

```
VERVET.CON    TAcAAtAcaAggCT?AGaCAgGCtTGGTGtCACTTCcAgGGCAAtTGGAgAGGaGCcTGGaagGAAGTAa  1015
SIVAGM3       --C--T-CA-GG--G--A--A--T-----T------C-G-----C----G---A--C---AAA------A  1090
SIVAGMTYO     --C--C-TG-AG--T--A--G--T-----T------G-A-----T----G---T--C---CGG------A  1072
SIVAGM155     --T--T-CA-GA--A--G--G--C-----C------C-G-----T----A---A--T---AAG------C  1075
SIVAGM677     TATAATACCAGGTTAAAACAAGCGTGGTGCCACTTCCAAGGAGATTGGAAAGGGGCATGGAAAGAAGTCA  1039
TANTALUS.CON tAcAAtAC?AA??TGAGACA?GCcTGGTGcCATTTc??AGGggAtTGGAAaGgaGCtTGGaAgGAaGTgA  904
SIVAGMB05     T-C--T--C--AT-------G--T-----T-----TCA---GG-T-----A-GA--C---A-G--A--G-  208
SIVAGMB30     T-T--T--C--GC-------A--C-----C-----CTC---AG-T-----A-GG--T---C-A--A--T-   97
SIVAGMB53     C-C--C--A--GC-------A--C-----C-----CTC---GA-G-----G-AA--T---G-G--A--A-   73
SIVAGMB14     T-C--T--A--AT-------G--A-----C-----CCA---GG-C-----A-GA--T---A-G--G--G-  932
SABAEUS.CON   TA?AA?AC?A?GtTaagaCAaGCtTGGTG?TGGTTTGGAGGaaatTGGAgA?g?GCcTGG?AaGAaGtaA  131
SIVAGMD29     --T--T--C-G-T-AGTA--G--T-----T----------AAAT----G-GGA--C---A-A--A-CA-  142
SIVAGMD30     --C--T--A-A-T-GAGA--A--C-----C----------AAAA----G-AGT--C---C-A--A-TA-  142
SIVAGMD37     --T--C--C-A-T-TAGA--A--T-----C----------G-------G-AAT--C---C-A--G-TC-   85
SIVAGMD45     --C--C--A-G-C-AAGG--A--A-----T----------CAAT----C-GGA--A---A-G--A-TT-  136
SIVSYK        ACCGGGAGGGACGCAAAACGTGCCTTCTGTCGAGTAACAGGAAATTGGACAGAATTTTTTAAGCAGGTAC  1024

VERVET.CON    AA?A?gAAATAGTAaAaTTACCAAAAGA?aGgTAccAAGGaACCAATgATACagAa?A?AT?TatcTGCA  1079
SIVAGM3       --A-TG--------A-A----------TA-A--CC----A------G----TG-AG-G--T-ATC----  1160
SIVAGMTYO     --C-AA    -----G-G----------CA-G--TA----A------A----AG-AC-C--A-ACC----  1142
SIVAGM155     --G-GG--------A-A----------AC-G--CC----C------G----AA-CA-A--C-TTT----  1145
SIVAGM677     GAGAAGAA...GTAAAGAAAGTGAAAAAT...CTT...ACAGAAGTAAGCATAGAAAATATACATCTGAG  1100
TANTALUS.CON g?gA?ACgAT?g??aagtTgCCaaaAgaaAAaTAtCAAGGgACtAA?aAtaCtAAgcAaATtTGGCTaAG  968
SIVAGMB05     GGG-G--T--TACAAAGT-A--AAA-GTC--A--C-----G--G--CA-TA-T--GC-A--T-----A--  278
SIVAGMB30     GGC-G--G--AGCAAAGC-C--CCC-GAA--A--T-----G--T--TA-CA-C--AC-G--T-----A--  167
SIVAGMB53     AAG-A--C--TGTTGCCT-G--AAA-GAA--G--T-----A--A--TC-TT-A--GC-A--T-----G--  143
SIVAGMB14     GAG-A--G--AGTTAAAT-G--AAA-CAT--A--T-----G--T--CG-TA-T--GA-A--A-----A--  1002
SABAEUS.CON   aAGA???AaTaGtaaaatTaCCAaaaga?AaaTAt?aaGGcACcAatgATAcaagt?AaattTTccTgCA  195
SIVAGMD29     A---AGA-C-A-TAAAAT-A---CCAGAG-AG--TCAA--C--A-ATG---CAAGTA-AATT--CC-G--  212
SIVAGMD30     A---GAC-A-A-TAAAGC-A---AAAGAT-GA--CAGT--C--C-ATG---CAAGTA-AATT--CC-A--  212
SIVAGMD37     A---GGA-A-T-TTAAAT-A---AAAGAA-AA--TCAA--C--C-ATC---CAGAGC-A-----CC-G--  155
SIVAGMD45     G---AAC-A-A-CAGCCA-G---AACTCC-CT--TACA--A--C-GAA---TCTCCC-GATA--TT-G--  206
SIVSYK        ATGAA.................CAGGCCACGAAAACCTGGAAAAATGTAACCAACACCACATGGAGGTC  1076

VERVET.CON    aAGACaATttGGAGAcCCAGAAGCAgCaAAttTaTGGTTtAAtTGTCAaGGgGAATTCTTcTAtTGTAAa  1149
SIVAGM3       G----T--TT-----T---------G-A--TT-A-----T--T-----G--G--------C--T-----A  1230
SIVAGMTYO     A----A--GG-----C---------T-C--CT-G-----T--T-----A--A--------T--T-----G  1212
SIVAGM155     A----A--TT-----C---------G-A--TC-A-----C--C-----A--G--------C--C-----A  1215
SIVAGM677     AAGGATATGGGGAGATCCAGAATCAGCGAATTTTTGGTTCAATTGTCAAGGTGAATTTTTCTATTGTAAG  1170
TANTALUS.CON gaGACA?TGGGGAGA?CCAGA?GCAGC?AacatATGGTTtAATTGCCaaGGAGAaTTcTT?TA?TG?ACA  1031
SIVAGMB05     GA----G--------T-----A-----C-ACAT------T-------AA-----G--C--T--C--T---  348
SIVAGMB30     AC----A--------C-----G-----A-ACAT------T-------AA-----A--C--C--T--C---  237
SIVAGMB53     GA----G--------T-----A-----T-AACA------C-------AA-----A--C--T--C--C---  213
SIVAGMB14     GA----A--------C-----G-----G-GCAT------T-------TG-----A--T--C--T--T---  1072
SABAEUS.CON   AAG?CA?TGGGGAGAtCCAGAa?CAGAattctTcTt?TT?AatTGtCAaGG?GAaTTcTT?TAtTGTAA?  257
SIVAGMD29     ---G--G--------T-----AG----GTTGT-C-GG--T-AT--C--A--G--A--T--C--C-----A  282
SIVAGMD30     ---A--A--------T-----AG----ATTCT-C-TT--C-GT--T--A--A--A--C--C--T-----A  282
SIVAGMD37     ---A--G--------T-----AT----ATTTA-C-TT--C-AC--T-----G--G--C--T--T-----G  225
SIVAGMD45     -- G--A--------C-----GT----AAACT-G-TG--T-AT--T--A--A--A--C--T--T-----G  276
SIVSYK        CCAGCCAGGGGGAGATCTAGAGGTACGAACACATTGGTTCCAATGTGGGGGAGAGTTCTTCTACTGT...  1143
```

AGM ENV

```
VERVET.CON    ATGGAtTGGTTTtTAAATTAccTgAATAAT??aACA.................gtgGATgC?gAcCATA  1198
SIVAGM3       -----T------C-------CC-G------CGT---.................GTA---C-GG-C----  1282
SIVAGMTYO     -----T------T-------CT-A------AAA---.................TGG---G-AT-C----  1264
SIVAGM155     -----C------T-------TC-G------TTA---.................GTG---G-TG-T----  1267
SIVAGM677     ATGGACTGGTTTATCAATTATCTAAACAATCGAACA.............GAAGATGCAGAAGGTACTAATA  1228
TANTALUS.CON  CC?GATTGGTTtgT?AAtTat?T?AAcAAtGAgTC?...gctgAtGGAacat?c?t?GAtGTaGAAGGaA  1090
SIVAGMB05     --A--------TG-G--T-ATC-A--T--T--G--T...GCAA-T---ACAAACCTT--T--G-----G-   415
SIVAGMB30     --T--------CG-T--C-GGC-A--C--T--C--T...GCTG-G---GCACAGAAA--T--A-----A-   304
SIVAGMB53     --A--------TG-C--T-ATT-G--C--C--G--C...GAGG-T---ACATTACTA--T--A-----A-   280
SIVAGMB14     --T--------TC-A--T-ATT-G--C--T--G--C...AGTG-A---AGCTTCACT--C--A-----C-  1139
SABAEUS.CON   ATGGATTGGTTtcTaAAtTaTTTGAA?AAtca??c?.................GTggatCCtGAtCA?A   304
SIVAGMD29     ----------CT-A--T-A------T--CCTAACA.................--GGAT--C--T--C-   334
SIVAGMD30     ----------TC-G--T-T------C--TCAGTCA.................--AGAC--T--T--C-   334
SIVAGMD37     ----------TC-T--T-A------T--TAAGTCT.................--GGGT--A--C--T-   277
SIVAGMD45     ----------TC-A--C-A------C--TCAAAGT.................--TAAT--T--T--T-   328
SIVSYK        ..............................................................AATG  1147

VERVET.CON    ATc?tTGT...aa?agcA?caaagggAAAGGtca?gcaCCA...GGaCCcTGTGtACAaAGaAC?TATGT  1257
SIVAGM3       --CCG---...AATGGT-CGAAGGGA-----TAAGGCA---...--A--C----C---A--A--A-----  1346
SIVAGMTYO     --TTT---......AGC-GCAAAAAG-----ACACGCA---...--A--A----T---A--G--G-----  1325
SIVAGM155     --CAT---...AAAAAC-ACGCAGGG-----TCGAAGT---...--T--C----T---G--A--T-----  1331
SIVAGM677     GGACCTGT.........GACAAAGGGAAG...CCAGGACCA...GGACCATGTGTTCAGAGAACTTATGT  1283
TANTALUS.CON  AtaaaTGTcC?aA?AcgACaacaggA???g?a??c?????t?CcaGaAA?TGtcTaAAaAGgaCcTAtGT  1145
SIVAGMB05     -CAAG---C-AG-C-GG--GTCAGG-...GGACTCACAGGTT-TC-C--A--CT-G--G--AA-C--T--   482
SIVAGMB30     -TGAC---C-CA-T-CG--AATGGG-...GGACTCACAGGGT-AA-A--A--TC-A--A--GA-G--T--   371
SIVAGMB53     -TAAA---G-CA-T-CC--TACACC-CCATTAACTGGGTCTA-CA-A--G--TC-A--A--GT-C--T--   350
SIVAGMB14     -TAGA---T-AA-C-TA--AAGTGG-GGACTGACAGGGTCCA-CA-A--G--TC-T--A--GA-C--C--  1209
SABAEUS.CON   Ac?aaTGt.....................Aa?Aa?aacaATgatAAaAaATG?TGGca?AG?A?tTAtGT   346
SIVAGMD29     -CAAA--T.....................-AT-AGGGGG--...--A-A---C---CAG--G-CT--T--   380
SIVAGMD30     -CAAC--T.....................-CA-AACAAA--GAT--A-A---C---CAA--G-CA--T--   383
SIVAGMD37     -CCCA--T.....................-GT-AGAACA--GAT--A-G---T---CAG--A-AT--C--   326
SIVAGMD45     -TCAG--C.....................-AA-CAAACA--GAT--G-A---T---GCA--A-AT--T--   377
SIVSYK        TATCTAAGCTCTTTGCTAACATTACGAATGGAAACGCAAGTAAGAATAATTATGCCAGTAACCTTCGTCT  1217

VERVET.CON    TGCtTgCCATATccGaTCTGTcATaAATGATTggTAtAC?cTATCAAaGAAAAC?TATGCtCCgCCAAGA  1325
SIVAGM3       ---T-G------AC-A-----C--T-------GG--C--AC------G------C-----A--G------  1416
SIVAGMTYO     ---T-A------CA-G-----A--A-------CC--T--CC------A------T-----T--G------  1395
SIVAGM155     ---C-G------CC-A-----C--A-------GG--T--TA------A------A-----T--A------  1401
SIVAGM677     TGCCTGCCATATACGACAAGTAGTAAATGATTGGTACACTGTCTCTAAAAAGGTATATGCTCCACCAAGG  1353
TANTALUS.CON  aGctTgtCAcAT??GGTCAgTTGTCAATGAcTGGTAtAC?cTaTcacagAAaAccTATGCaCCgCCAAGA  1212
SIVAGMB05     A-CT-GT--C--CC-----G----------T-----T--GT-G-CAAAG--G-CC-----A--A------   552
SIVAGMB30     A-CT-GC--C--CA-----G----------C-----T--CC-A-CACAG--A-CC-----A--G------   441
SIVAGMB53     A-CT-GT--C--AA-----A----------C-----C--TC-C-tt--T--A-CC-----A--G------   420
SIVAGMB14     T-GC-TG--T--AC-----G----------C-----T--AC-A-TGCAA--A-GA-----G--G------  1279
SABAEUS.CON   gCCTTGcCA?AT?AgaCA?GT?GTgAATGA?TGGTATACcCT?tCcAAaAAGACaTATGCtCCtCCcAGA   410
SIVAGMD29     T-----C--C--T-GA--G--A--G-----C--------C--GT-C--A-----T-----T--T--C---   450
SIVAGMD30     G-----C--T--T-TA--G--A--G-----T--------T--GT-C--A-----A-----T--T--C---   453
SIVAGMD37     C-----C--C--C-GG--A--G--A-----T--------C--TT-C--A-----C-----T--T--A---   396
SIVAGMD45     G-----T--T--C-GA--A--G--C-----C--------C--TG-A--G-----A-----C--A--C---   447
SIVSYK        GTCATGTGCCATTCGCCAAATAATTAATGATTGGAGATATGTAAGAAAATTGATATACCTGCCCCCTACG  1287
```


VERVET.CON GAAGGaCAtTTGCAaTGCAcgTCCACaGT?ACtGGgATGaCAGT?GAGCTaAAtTAtAATAgtaAgAACA 1393
SIVAGM3 -----G--C-----A----CA-----G--A--G--T---T----G-----A--T--C----GTA-G---- 1486
SIVAGMTYO -----A--T-----A----GG-----A--C--T--G---A----T-----T--T--T----GTA-A---- 1465
SIVAGM155 -----A--T-----G----CG-----A--T--T--G---A----A-----A--C--T----ACC-G---- 1471
SIVAGM677 GAAGGTCATTTGGAGTGTAACTCATCAGTCACGGCACTATACGTGGCAATAGATTATAAC.....AACA 1417
TANTALUS.CON GAAGGaCACtTgGA?TGCAcaTCcACaGTGACaTCcATgaTGGTgTC?cT?GAtTA?AAcaccAAaaAcA 1278
SIVAGMB05 -----A---C-G--A----CG--A--A-----C--T--GA----A--AT-A--T--C--TTCA--AA-T- 622
SIVAGMB30 -----C---T-G--A----CA--T--A-----A--C--GA----G--GC-A--T--T--CAGC--AA-C- 511
SIVAGMB53 -----A---T-A--G----CA--C--A-----A--C--CA----G--AC-G--C--C--CACC--AC-C- 490
SIVAGMB14 -----A---T-G--G----GA--C--G-----A--A--GC----G--GC-G--T--T--CGAC--GA-C- 1349
SABAEUS.CON GAAGGcCA??TGGA?TGta?tTCtACAGCtACaGC?cTgTATGTgGA?cTgAATTAcAA??g?aAgAAta 471
SIVAGMD29 -----A--TT----A--TACA--T-----T--A--TC-G-----G--AT-G-----C--CAGTA-A--TA 520
SIVAGMD30 -----C--TT----A--CAAC--T-----A--A--TA-G-----T--GC-T-----C--TTTAA-G--TA 523
SIVAGMD37 -----C--GC----G--TCAT--A-----T--A--AC-C-----G--AC-G-----T--CAGTA-G--CG 466
SIVAGMD45 -----T--GC----G--TACT--T-----C--G--AC-G-----G--GC-C-----C--TTCAC-T--TA 517
SIVSYK GCAGGGCATATTAAATGTACTTCCAATGTCACTGCAGTATTGACGGACATAGAATACTACCCAGGATCTA 1357
VERVET.CON GgAC?.....AAtGTaACAtTaAGTCCCCAGATAGAAaCcATCTGGGCgGCaGAATTGGGCAGaTA 1453
SIVAGM3 -G--T.....--T--A---T-A----------A-C--------A--A----------G-- 1547
SIVAGMTYO -A--C.....--C--G---C-A----------T-T--------G--T----------A-- 1526
SIVAGM155 -G--A.....--T--A---T-G----------A-C--------G--A----------A-- 1532
SIVAGM677 AGTCTGGCCCAATAAATGTGACCCTAAGTCCTCAGGTACGCAGCATATGGGCGTACGAACTGGGAGACTA 1487
TANTALUS.CON TGACa.....AAtGTcACaTTgACAGCaAAtTT?GAaAAcATaTGGGCtTAtGAATTGGGaAgaTA 1338
SIVAGMB05 ----T.....--T--G--A--G-----A--T--A--G--C--T-----T--T--------A-GA-- 683
SIVAGMB30 ----A.....--C--T--A--G-----A--T--A--A--T--A-----C--C--------A-GA-- 572
SIVAGMB53 ----A.....--T--C--T--G-----G--C--G--A--C--A-----T--T--------A-AC-- 551
SIVAGMB14 ----A.....--T--C--A--A-----A--T--G--A--C--A-----T--T--------C-GG-- 1410
SABAEUS.CON G?ACc.....AATGTGAC??T?tc?cCtCAgATcAGgagcATtTGGgc?aATGAATTgGGa???T? 522
SIVAGMD29 -A--A.....--------AC-CTCAC-A--T--C--GAGT--T---GCAA-------G--A* 576
SIVAGMD30 -G--T.....--------AC-CTTGC-T--G--A--AAGC--T---GCCA-------G--AGAT-T 584
SIVAGMD37 -A--C.....--------CT-GTCC* 486
SIVAGMD45 -G--C.....--------CT-GAGTC-T--G--C--GTCC--C---AGTT-------A--TAGC-A 578
SIVSYK CGTTG.....AACTTTACTCCAACAGCAAATGTGGAGGATGTTTGGAGAGCAGATCTGTTCAATTA 1418
VERVET.CON CAAATTaGTaGAaATtACACCAATTGGcTTtGCACCCACAGAAGTaAGgcG?TAtACGGGAGG?CAtGAg 1521
SIVAGM3 ------A--A--A--T----------C--C----------A--AA-G--T--------T--T--C 1617
SIVAGMTYO ------A--G--A--C----------C--T----------A--GC-T--T--------A--T--G 1596
SIVAGM155 ------G--A--G--T----------A--T----------C--GC-A--C--------C--A--G 1602
SIVAGM677 TAAATTAGTAGAGATAACACCAATTGGCTTTGCTCCTACAGATGTAAGAAGATATACTGGCCCCACA... 1554
TANTALUS.CON TAAgcTcATTgAaATtAAgcC?AT?GGGTTTGC?CC?ACAGA?GT?AG?AG?TATGAGGGGCCAACT... 1397
SIVAGMB05 ---GC-A---a-A--T--G* 702
SIVAGMB30 ---GC-C---G-A--T--GC-T--T--------A--T-----A--A--A----------... 639
SIVAGMB53 ---C* 555
SIVAGMB14 ---GC-C---G-G--C--AC-A--A--------T--A-----G--G--G--* 1461
SABAEUS.CON ?AAATT?GTGGA?AT??AACCAATTGGCTTTGCACCAACAGAGGTAAGAAAATACACAGGCCCC...GAA 584
SIVAGMD30 C-----G-----A--AA----------...--- 651
SIVAGMD45 T-----A-----G--t* 594
SIVSYK TAAATTGATTCAAATTAAACCAATTGGCTTTGCGCCCACTGATCAACGTCGGTATGAGTTGCCTAATACC 1488
VERVET.CON AGgcaAAAgcGAGTCCCGTTcGTGCTAGGGTTCcTAGGCTTCTTgGGa.....GCTGCTGGgACTG 1582
SIVAGM3 --AAC---GC----------C----------C----------A--A.....--------G---- 1678
SIVAGMTYO --GCA---GA----------T----------T----------G--G.....--------A---- 1657
SIVAGM155 --GCA---AC----------C----------C----------G--A.....--------G---- 1663
SIVAGM677 AGAGAAAAAAGGGTGCCATTCGTGCTAGGGTTTCTAGGCTTCTTGGGA.....GCTGCTGGAACTG 1615
TANTALUS.CON CGAGAAAAGAGGGTGCCC* 1415
SIVAGMB30 ----------* 657
SABAEUS.CON AGGCAAAAGAGGGTGCCA* 602
SIVAGMD30 ----------* 669
SIVSYK AGGGAAAAAAGG.....GCAGCACCATTGGCACTTGGGTTCCTGGGATTACTCTCGGCTGCGGGCACTG 1552

AGM ENV

```
VERVET.CON   CAATGGGAGCAGCGGCGAcagcCCTGACGGTCCAGTCtCaGCATTTaCTTGCTGGGATAcTGCAGCAGCA  1652
SIVAGM3      ------------------CAGC---------------T-A------A------------C----------  1748
SIVAGMTYO    ------------------GCAG---------------C-G------G------------C----------  1727
SIVAGM155    ------------------CAGC---------------T-A------A------------T----------  1733
SIVAGM677    CAATGGGCGCAGCGGCAACAACGCTGACAGTCCAGTCTCGGCATTTGCTTGCTGGGATATTGCAGCAGCA  1685
SIVSYK       CAATGGGGGGCGCTGCGACAGCGCTAACACTCCAGTCTCAGACTTTGTTGGCTGGGATAGTGCAGCAGCA  1622

VERVET.CON   GAAGAATCTGCTGGCGGCTGTGGagGCTCAACAGCAGATGTTGAAGCTGACCATTTGGGGTGTgAAAAAC  1722
SIVAGM3      ----------------------AG-------------------------------------G------  1818
SIVAGMTYO    ----------------------AG-------------------------------------T------  1797
SIVAGM155    ----------------------GA-------------------------------------G------  1803
SIVAGM677    GAAGAACTTGCTGGCGGCTGTGGAACAGCAACAACAGTTGTTGAAGCTGACCATTTGGGGTGTGAAAAAC  1755
SIVSYK       GCAAAAGTTGCTGGAGGCAGTTGAGGCACAGCAACACCTCTTAGGCTTAACTGTCTGGGGTGTCAAAAAC  1692

VERVET.CON   CTCAATGCCCGCGTCACAGCtCTTGAGAAGTACCTaGaGGAtCAGGCaCGgtTaAAcgCtTGGGGGTGCG  1792
SIVAGM3      --------------------T-------------A-A---C-----G--GT-G--TG-T----------  1888
SIVAGMTYO    --------------------C-------------A-A---T-----A--AC-A--CT-C----------  1867
SIVAGM155    --------------------T-------------G-C---T-----A--GT-A--CG-T----------  1873
SIVAGM677    CTCAATGCCCGCGTCACAGCTCTCGAGAAGTACCTAGAGGATCAGGCACGGCTAAATTCATGGGGATGTG  1825
SIVSYK       CTTAACGCCCGGCTCACAGCTTTAGAGACGTATCTCAGAGACCAGGCCATCTTGTCAAATTGGGGATGCG  1762

VERVET.CON   CaTGGAAaCAAGTaTGTCATACaACaGTaccgTGG.....................ccgTGGAatAAT?g  1840
SIVAGM3      -A-----G-----C--------A--C--ACCG---.....................CAG----AT---AG  1937
SIVAGMTYO    -A-----A-----A--------C--A--GGAG---.....................CCC----CA---CG  1916
SIVAGM155    -G-----A-----A--------A--A--ACCC---.....................ACG----AT---..  1920
SIVAGM677    CGTGGAAACAAGTATGTCACACCACAGTGCCATGG.....................AAGTATAATAAC..  1872
SIVSYK       CATTCAAGCAGATCTGCCATACAGCAGTGACGTGGGAGAAAGCATGTGGAAACAACTCCAACTTCTGTCC  1832

VERVET.CON   gAC?CC?GAtTGGaAtAATATGACttGGtTGGAgTGGGAAAgACAgATAgc?gatTTGGAagGcAACATa  1907
SIVAGM3      G--C--T--T---A-T--------T---C----A-------G---G---TCGTAT-----AG-T-----A  2007
SIVAGMTYO    G--T--G--T---C-A--------T---T----G-------G---A---GCTGAT-----AA-C-----T  1986
SIVAGM155    .--A--A--G---A-T--------C---T----G-------A---G---GAAGGA-----GG-C-----A  1989
SIVAGM677    .ACTCCTAAGTGGGACAATATGACTTGGTTGGAGTGGGAGAGACAAATTAATGCCTTGGAAGGCAACATA  1941
SIVSYK       CAAACCACAGTGGAAAAATATGACATGGCACAGATGGGAACAAGAGGTAGACAATTTGACTGACCATATT  1902

VERVET.CON   ACaa?ACAATTaGag?AgGC?AGaGaACAgGAGGAaAAGAATtTgGATGC?TAtCAaAAgTTaactagtT  1973
SIVAGM3      --AAC------A-AGG-A--C--A-C---G-----G------T-G-----A--C--A--A--AAGTAGT-  2077
SIVAGMTYO    --GGG------A-TGA-G--T--A-A---G-----A------C-A-----C--T--G--G--AACTAGT-  2056
SIVAGM155    --AAA------G-AAC-G--A--G-A---A-----A------T-G-----T--T--A--G--GTCAGAC-  2059
SIVAGM677    ACTCAACTATTGGAAGAAGCACAAAATCAGGAATCAAAGAATCTGGATCTGTACCAGAAATTGGATGATT  2011
SIVSYK       GATGGATTGCTCAGAGAAGCACAAGAACAACAGGAGAGAAATGTGCATGATCTAACAAAGTTACAGGAAT  1972

VERVET.CON   GGTCagaTTTcTGGTCTTGGTTCGATTTcTCAAAaTGGCTgAACATTtTAAAaATaGGaTTTTTgG?agT  2042
SIVAGM3      ----AGA---C-----------------C-----G-----G------C----A--A--A-----G-ATG-  2147
SIVAGMTYO    ----AGA---C-----------------C-----A-----T------T----A--G--A-----A-TAA-  2126
SIVAGM155    ----GAG---T-----------------T-----A-----G------T----G--A--C-----G-CAG-  2129
SIVAGM677    GGTCAGGGTTCTGGTCATGGTTCTCACTGTCAACTTGGTTAGGCTATGTTAAAATAGGATTTTTAGTGAT  2081
SIVSYK       GGGACTCGTTGTGGAGCTGGTTTGACTTGTCGAAATGGTTCTTTTATCTAAAGATAGGATTTTATGTAAT  2042

VERVET.CON   A?TAGG?aTtATAGGgTTAAGATTgCTTTAcACAgTATAT?ctTGcATAGctAGGGTTAGGCAGGGtTAc  2109
SIVAGM3      -C----TA-T-----A--------G-----T---G-----TCT--C----CT--------------T--C  2217
SIVAGMTYO    -G----AA-A-----G--------A-----C---G-----GGA--T----TG--------------A--T  2196
SIVAGM155    -A----CG-T-----G--------G-----C---T-----ACT--C----CT--------------T--C  2199
SIVAGM677    AGTGATTATTCTAGGATTAAGATTTGCATGGGTATTATGGGGATGTATCAGAAATATTAGGCAGGGATAT  2151
SIVSYK       AGGAGCTTTAGTGCTTTTAAGGCTAGTTAGTTTTAGTGTAGGAATCATAAAGAATTTGTTGGGAGGCTAT  2112
```

```
VERVET.CON   tcTCCTcTaTCTCCaCAGATCCATATCCAcCcgtgG???AAGGGACaGCCAGACAACGCaGaaGaGCCAG  2176
SIVAGM3      TC----C-T-----A-------------C-CGTG-...-------A------------A-AA-G-----  2284
SIVAGMTYO    GT----C-A-----A-------------C-AAGT-GGG-------G------------C-AC-A-----  2266
SIVAGM155    TC----T-A-----T-------------T-CGTG-...-------A------------A-GA-A-----  2266
SIVAGM677    AATCCTCTC...CCCCAGATCCATATCCACAGT...TCAGCGGAACGGCCAGACAACGGAGGAGGGCAAG  2215
SIVSYK       GTTCCTATT...TTGCAGAACCCTACCCAGGGC......CGGAAGGACCCAGGCAAACCCGCAGACGAAG  2173

VERVET.CON   gAGAAGGTGGAgacAa??GCAagA?CAaaTc?gaGccTtGG?AGAAAGA?TC?????????????????  2222
SIVAGM3      G----------GAC-AGC---AG-A--GC-CCGA-CC-T--C-------A--TGGCACAGCAGAGTGGAA  2354
SIVAGMTYO    G----------GAC-ACA---GG-T--AA-TAGA-TC-T--T-------C--C.................  2319
SIVAGM155    A----------AGA-CAG---AA-G--AA-CTAC-CA-*                                2304
SIVAGM677    ACAGAGGTGGAGAAAGCAGCAGCAGCAAATTGATAAGATTGCAGGAAGAGTCCTCAACACCTTCGAGGAT  2285
SIVSYK       AAGAAGGCAGTGGAGACAGAGAAGGACTCAACGTCTCTACCTTCAGCAGAGAATCTTTGAGGCAATCTTT  2243

VERVET.CON   ?A??A?C?GGTG?A?GC??TTGACC???TGG????CGA????CA?CA??TGGCTATACAACAGTTGCCTG  2269
SIVAGM3      G-GC-A-T----C-A--GA------AAT---TGCT---TCAG--G--TC--------------------  2424
SIVAGMTYO    .-AG-G-A----T-T--AG------GCC---CTGA---GGCT--A--CT--------------------  2388
SIVAGM677    CAACAACTGGTGGCTCAACTTCAAGAGCTGCAGCTTGAGAATAAGGACTTGGTGTTACAACATCTGCCTG  2355
SIVSYK       GGAAGCAGGACAGCAGCTTTGGAGGACAGTCTGCAGCAGCTTC.....................AGA  2289

VERVET.CON   ACCCTCCT??TTCA?CTTAGGA??GCTTT?CA?TAC?T?CAATATGGGCT?G??GAACTCAAA?CCG??G  2324
SIVAGM3      --------AG----T-------GC-----C--G---A-A-----------T-GG---------G---CA-  2494
SIVAGMTYO    --------CA----G-------AA-----T--A---C-G-----------C-CA---------A---GC-  2458
SIVAGM677    ACCCTCCTCATATTCATCAGGACAGCAGTGGGATACCTGCAGTATGGGCTCCAGCAACTCCAAGAGGCAG  2425
SIVSYK       TCTCTGATTAGACAGCTTACTATCACCTGGGGATTCATCAGCTATGGGTTCAACGAGCTCAAAATCGCAG  2359

VERVET.CON   CACAAGAA??A?T?????CT?TGGCA?GC?TTGCACAAAACGC??G??ACCAGATATGGCTTGCTTGCAG  2379
SIVAGM3      --------GC-G-TGTCG--T-----C--C----------GG-CT----------------------  2564
SIVAGMTYO    --------AT-C-CCAAA--C-----G--G----------AT-TC----------------------  2528
SIVAGM677    CAACAGGGCTTGCTCAAGCTCTGGCGAGGGCTGCGAGGGAAGCCTGGGGCAGACTGGGTGCTATTGTCCG  2495
SIVSYK       CAGCTTCGCTCGGAAGGGAAATACGCGATTGGGTGGCGGCTATTTGGCAAGCAATATACGCCGCTACCAG  2429

VERVET.CON   ATCCGCTTATAGG???ATC?TCAAC??TCCAAGAAGAGTGCGACAAGGCCTTGA?G?AATCCTT?AT*    2437
SIVAGM3      ----------GCA---A-----TC--------------------------A-G-------A---    2631
SIVAGMTYO    ----------AAC---G-----AG--------------------------G-A-------*       2592
SIVAGM677    ATCCGCTTATCGGGCAGTCATCAACAGTCCAAGAAGAGTGCGGCAAGGCCTTGAAAAAGTCCTGGGG-  2562
SIVSYK       ACGAGTTGTCGAGGCCGTTGCAGCCTTGCCGCGGAGGCTTCGACAAGGCTTGGAGATCTACCTTAAC-  2496
```

AGM NEF

AGM NEF

A single consensus sequence was used because several of the subspecies are represented by only a single sequence. No tantalus or sabaeus sequences were available over this region. The outlying Sykes' monkey sequence is not reflected in the consensus.

```
AGMNEF     ATGGGCT?ggggAaCTCaAAgccGcaGCAcaAGaag?agttca?gcTcTGGC?aGcgtTGCac?aaAcGC     65
SIVAGMTYO -------CGCAG-A---A--ACC-GC---CA--AAATACTCCAAAC-C----AG-CGT---ACAAA-C--     70
SIVAGM155 -------TGGGG-G---A--GCC-CA---CA--AAGCAGTTAACCA-C----GA-CTT---ACGCA-C--     70
SIVAGM3   -------TGGGG-A---A--GCC-CA---CA--AAGCAGTTGTCGC-T----AC-CCT---ACAAA-C--     70
SIVAGM677 -------CCAGC-A---C--GAG-CA---AC--GGCTTGCTCAAGC-C----GA-GGC---GAGGG-A--     70
SIVSYK    -----T-CAACG-G---A--ATC-CA---GCTTCGCTCGGAAGGGAAA-ACGCGATTGG-TGGCGGCTAT     70

AGMNEF     g?g?caCcagaTatGgctTgcTtgCaGATCCGCTTAT?GGgcaaTCaTCAAC??TCCAAGAAGAGTGCGa    130
SIVAGMTYO ATGTCA-CAGA-AT-GCT-GC-TG-A----------A--AACA--G-----AG--------------A    140
SIVAGM155 GGCACA-CAGA-AT-GCT-GC-TG-A----------C--GCAA--A-----TC--------------A    140
SIVAGM3   GGGCTA-CAGA-AT-GCT-GC-TG-A----------A--GCAA--A-----TC--------------A    140
SIVAGM677 CTGGGG-AGAC-GG-TGC-AT-GT-C----------C--GCAG--A-----AG--------------G    140
SIVSYK    TTGGCAAGCAA-ATACGCCGC-AC-A--CGA-T-GTCGA-GCCG-TGCAGC-TTG--GC-G--GC-T--A    140

AGMNEF     CAAGGcCTTGA?gaA?TCCTtaattaGgAA?agaaatGG?AA?ATGACtccAGAaGgaaGa?g?cTaCAa    193
SIVAGMTYO -----C-----GGA-A----TAATTA-G--ACAAAAT--C--C-----GGA---G-AAA-GAGGC-T--A    210
SIVAGM155 -----G-----GGA-G----TAATTA-G--GAGAAAT--C--C-----TCC---A-GAA-ACGTC-A--G    210
SIVAGM3   -----C-----AGG-A----TAATTA-G--GAGAAAT--T--A-----TCC---A-GAA-AAAAT-A--A    210
SIVAGM677 -----C-----AAA-G----GG...G-T--A.....--T--A-----TCC---C-GCC-CCGCC-G--A    201
SIVSYK    -----CT-G--GATCTA---TAACTGAGCCCATTGACCCAC-CGG-C-GGACAGA-ACT-GGGACATTCG    210

AGMNEF     GAaGGaGAca??TggGAtGA?TGGtctGATGA?GAaGA?GAA..............GT?GGaTTtCCaG    242
SIVAGMTYO --A--A--CACC-GG--A--G---TCG-----T--G--A---..............--G--A--T--A-    265
SIVAGM155 --C--G--CCAA-GG--T--A---TCA-----A--A--T---..............--G--A--T--A-    265
SIVAGM3   --A--A--TAAA-GG--T--A---TCT-----A--A--T---..............--A--A--T--A-    265
SIVAGM677 --A--A--CACC-TT--T--G---GAT-----T--A--A---..............--A--C--C--T-    256
SIVSYK    -GA--AC-AAAA-TCTCACCTG-AGATATA-TGC-G--T---GGAGACACAGGTCTC--A--T--C--T-    280

AGMNEF     T?agACCaaGAGTgCCc?TAAGaCAaATgACcTAtAAA?T?GCaGTgGA?TTTTCgCACTTTTTAAAAga    307
SIVAGMTYO -GAG---AA----A--CT----G--A--G--T--T---C-T--A--G--T-----G----------GA    335
SIVAGM155 -AAG---AA----G--AC----A--A--A--A--C---C-T--A--A--T-----G----------GA    335
SIVAGM3   -AAG---AA----G--GC----A--A--G--C--T---T-A--G--G--C-----G----------GA    335
SIVAGM677 -GCA---TC----C--CT----A--G--G--C--T---T-A--A--G--C-----C----------TC    326
SIVSYK    -GTGT--TCA-ACA--AC-C--AACAT-A--C--C---T-G--AA-A--CC-C--T--T---A-----AA    350

AGMNEF     AAAGGG?GGACTGGATGGGATtTATTACTCcGAtAGgAGaaAtaAGATCCTgAAtcTGTAtGCccTcAAt    376
SIVAGMTYO ------A----------T--------C--T--G--AA-TA-------G--TC----T--TC-T--T    405
SIVAGM155 ------A----------T--------C--T--G--AA-TA-------T--TC----T--CC-C--T    405
SIVAGM3   ------G----------T--------C--C--G--GA-TC-------A--CC----C--CC-C--T    405
SIVAGM677 ------G----------A--------T--A--A--AG-AA-------G--TT----T--CT-G--C    396
SIVSYK    C-----A------C-G--C--GA----T-GT--A-AG--AG-TG-A--T--TC-TC-C--CCTACAG--T    420

AGMNEF     GA?TGGGGaAT?ATtGATGATTGGaAtGCtTggTCaaaaGGaCCaGG?ATaAGaTaCCCgAgatgCTTtG    443
SIVAGMTYO --A-----G--A--T---------A-T--C-GG--GAAG--A--A--A--A--A-T---T-AATG---T-    475
SIVAGM155 --A-----A--C--T---------A-C--A-GG--AAAA--A--T--G--A--A-A---G-GGTG---T-    475
SIVAGM3   --G-----A--C--T---------A-T--T-GG--AGAA--A--A--A--C--A-A---A-GATG---C-    475
SIVAGM677 --G-----A--A--A---------C-A--T-AC--ACCA--C--G--G--A--G-A---G-GAGT---T-    466
SIVSYK    --GCAT--A--C--A...--CA--ATCAAT-ACA-CTCA--G--A--A-CCC-G-A---GTTAAT---T-    487

AGMNEF     GcTTCTGCTTtAAgcTaGTaCCaGTgGaCcTgCATGAGGAaGCA?aaAcaTGTGA?AGaCAtTGccTggT    511
SIVAGMTYO -G--------T--GC-A--G--A--G-A-T-A--------A---CAA-CA-----A--A--T--CC-AG-    545
SIVAGM155 -C--------C--GC-A--A--G--T-C-C-G--------A---GAA-CA-----A--G--T--CT-GG-    545
SIVAGM3   -C--------T--AT-G--A--A--A-A-C-G--------A---GAG-CT-----G--A--T--CC-GG-    545
SIVAGM677 -C--------T--GC-A--C--A--G-A-C-G--------G---CGC-AC-----G--A--C--TC-GA-    536
SIVSYK    -A-GG-TA-GGG-AC-A--T--AAAT-AGA-AG-G-GATGCTTGGAGTATGAG--GCATACACTCC-CC-    557
```

```
AGMNEF     gCAtCCAGCa......CA?.........aTGgggGAAGA?CCtGAT.........GG?AT?aa?CATGGA     552
SIVAGMTYO  C--T-----G.......--G.........A--GGA-----T--A---.........--T--CAGC------     591
SIVAGM155  A--C-----A.......--A.........C--CAT-----C--T---.........--T--AAAT------     591
SIVAGM3    G--T-----A.......--A.........G--AGG-----C--T---.........--A--CAAC------     591
SIVAGM677  G--T-----A.......--G.........A--GGG-----T--T---.........--A--AGAT------     582
SIVSYK     C--T-----CTCTGGA--GGGGAGTTCGAGCATG-G---A--TC--GTGGAACTTCAACCCCCA-C---C     627

AGMNEF     GAa?TcTTGGtcTGGAAGTTTGAtCC?AtGTTgGCagT?cAgTAcgaCCCcaacagggagtactTtActG     619
SIVAGMTYO  --GA-C----TG----------T--T-T---G--AA-AC-G--CGA---CAATCGGGAGTACT-T-CT-     661
SIVAGM155  --AA-A----CA----------T--A-T---G--TG-TC-G--CGA---CTCAAGGGAGTACT-T-CA-     661
SIVAGM3    --AG-C----TC----------T--C-T---A--AG-CC-A--TGA---TAACAGAAAATATC-C-CT-     661
SIVAGM677  --AG-C----TC----------C--G-A---G--GG-GG-G--CCG---GGACATG......T-T-AG-     646
SIVSYK     T-TACACCA-GT---G--A-G-CC-GCTT-CAGTTAGAGAGAC-AACAGGAAAACCACAAGAGC-G...C     694

AGMNEF     ACaTgcAt???gatcttGg?AagaGgaag*                                           644
SIVAGMTYO  --A-GC-T...GGGCTG-TG-AGA-GAAG                                           687
SIVAGM155  --T-AT-TTCAACAGTT-GT-CAG-AAAC                                           690
SIVAGM3    --A-GC-T...GATCTT-GC-AGA-GAAG                                           687
SIVAGM677  --A-GC-CGAACAT...-CA-AGC-C...                                           669
SIVSYK     -GTCAGCACTTAGTAAGAAC-TCTCCTAG                                           723
```

SIVAGMT17

```
LOCUS       SIVAGMT17    1696 bp ds-DNA             VRL       09-JUN-1993
DEFINITION  Simian immunodeficiency virus, isolate TAN-17, complete gag cds.
ACCESSION   L19250
SOURCE      Simian immunodeficiency virus proviral DNA, isolate TAN-9 from a
            Ugandan tantalus monkey (Cecopithecus tantalus).
REFERENCE   1  (bases 1 to 1696)
  AUTHORS   Hirsch,V.M., McGann,C., Dapolito,G., Goldstein,S., Ogen-Odoi,A.,
            Biryawaho,B., Lakwo,T. and Johnson,P.R.
  TITLE     Identification of a new subgroup of SIVagm in tantalus monkeys
  JOURNAL   Virology (1993) In press
COMMENT     Kindly submitted prior to publication by Dr. Vanessa Hirsch,
            Immunodeficiency Viruses Section, NIAID/NIH, Twinbrook II,
            Rockville MD 20852. SIVagm-tan strains cluster with other
            previously characterized agm viral strains taken from vervets
            and grivets. See related tantalus viral isolate sequences 27,
            40, 49, and 9 (accession numbers L19251-L19254).
BASE COUNT      581 a    362 c    432 g    321 t
ORIGIN      142 nt upstream from the gag cds start.
        1 catcaccagt cgagttcccc cggacgcggt aagtcgggac gcggagaggc gaagaggatc
       61 cgccaggaaa atagtgctgc cagggaggca gaggaggtgc aggtagatct acgtaggtga
      121 cagatcagca cctgggtgag caATGggagc aggacactcg gcactgtcaa ggaggaattt
                  gag cds start ->
      181 ggacacattt gaaaaaatac gcttacgccc gaacggaaag aaaaagtatc aactaaaaca
      241 tttaataTAG gcaggcaagg agatggagcg ctttggcctc catgagaaac ttttagaaac
             <- end gag cds (premature termination)
      301 aaaagaggga tgtcaaaaaa tcatagaagt attagcccct ttagaaccaa caggatcgga
      361 aggcttgaaa agtctgttta atttgtgctg cgtcatttgg tgtattcacg cagaacagaa
      421 agtgaaagac acagaggaag ctgtagtaat agtaaaacaa cactgccatc tagtggaaaa
      481 agaaaaaact gcagcaacgc catctggtgg ccaaaagcaa aattacaaca cagctgcgcc
      541 acctggcggt aatcatggaa attaccctgt agtacaacag aataaccagt gggtgcatac
      601 accactgtca ccacgcaccc tgaatgcatg ggtaaagaca gttgaagaaa aaaggtttgg
      661 agcagaaata gtgcccatgt ttcaggctct ctcagaaggc tgccttagct atgacattaa
      721 tcaaatgtta aatgtcatag gagaccacca aggagcgatg caaattatta aagaggtaat
      781 taatgaagag gcagcccagt aggacctaac ccaccctcca ccagcaggac cattaccagc
      841 aggacagtta agagatccaa ggggttcaga tatagcagga accactagct cagtgcaaga
      901 acaaattgag tggaccttca atgcaactcc taaggtagat gttggacgca tttaccgagg
      961 ataggttatc ctgaggctcc aaaagtgtgt aaaaatgtat aaccctatct cagttttaga
     1021 tatcagacaa ggagccaaag gaccattcaa agactatgta gataggttct atcaagccct
     1081 taggcgcgaa caaactcccc aggacgtaaa aaattagatg acagaaactc tgctcatcca
     1141 gaatgctaat ccagatcaca aattagtatt gaaaagacta gggatgcatc caacattaga
     1201 agaaatgcta acagcatgtc aaggaatagg gggaccagga cacaaagcca agcttatggc
     1261 ggaagccatg caacaaatgc aaggagtcaa catgatacag ggccactcaa agggaggaag
     1321 gggaagagga agaggaccac ctcgctgttt taaatgcgga cagattggac atgttcaaaa
     1381 agattgtccg cgagggggtc caattaagtg cctcaaatgt ggcaaaccaa ggcacatggc
     1441 aaaagactgt agaggaggac aggccaattt tttaaggaga atgcccgcac cctaaggttc
     1501 caagccgcgc aatttttag agcaaggagg agccgttccg acggctcccc cgatcgccgc
     1561 gcatggattc cccacaggtc cgccagttgc aggagcctac gatccagcca agagactcct
     1621 ggggcagtat gcaaaaaaag gagaccaact aaggaggcaa aaagagaagg aactggagga
     1681 ttattccttg agttcc
```

```
LOCUS       SIVAGMT27    1712 bp ds-DNA             VRL       09-JUN-1993
DEFINITION  Simian immunodeficiency virus, isolate TAN-27, complete gag cds.
ACCESSION   L19251
SOURCE      Simian immunodeficiency virus proviral DNA, isolate TAN-27 from a
            Ugandan tantalus monkey (Cecopithecus tantalus).
REFERENCE   1  (bases 1 to 1712)
  AUTHORS   Hirsch,V.M., McGann,C., Dapolito,G., Goldstein,S., Ogen-Odoi,A.,
            Biryawaho,B., Lakwo,T. and Johnson,P.R.
  TITLE     Identification of a new subgroup of SIVagm in tantalus monkeys
  JOURNAL   Virology (1993) In press
COMMENT     Kindly submitted prior to publication by Dr. Vanessa Hirsch,
            Imunodeficiency Viruses Section, NIAID/NIH, Twinbrook II,
            Rockville MD 20852. SIVagm-tan strains cluster with other
            previously characterized agm viral strains taken from vervets
            and grivets. See related tantalus viral isolate sequences 17,
            40, 49, and 9 (accession numbers L19250, L19253-L19254).
BASE COUNT      588 a    350 c    451 g    323 t
ORIGIN      137 nt upstream from gag cds start.
        1 catcaccagt cgagttcccc ggacgcggta agtcgggacg cgggaggcga agaggatccg
       61 ccaggaaaaa gtactgccag ggaggcaggg gtggtgcagg aagatctcag tgggcgagag
      121 atcgacctgg gtgagcaATG ggatcgggac actcgacact gtcaggaaga aatttggaca
                gag cds start ->
      181 cattcgagag aattcgctta cgcccgaacg gaaagaaaaa gtatcaatta aaacatttaa
      241 tatgggcagg caaggaaatg gagcgtttcg gcctccatga taaactatta gaaacaaagg
      301 aaggatgtca gaaaatcata gaagtgttag cccccttaga accaacagga tcggagggct
      361 taaaaagtct gtttaatttg tgctgcgtca tttggtgcat tcacgcagaa cagaaagtga
      421 aagacacaga agaagctgta ataatagtaa agcaacactg ccatctagtg gaaaaagaaa
      481 aaactgcagc tgcgccatct ggtggccaac agcaaaatta caacttagct gcgccacctg
      541 gcggcagaga tggaaattac ccagtacagc aacaaaataa tcaatgggta tatgttccaa
      601 tgtcgccacg cacgttaaat gcctgggtaa aatgtgtaga agaaaagaga tttggagcag
      661 aaatggtacc catgtttcaa gccttatcag aagggtacat cagctatgac attaatcagg
      721 tgttaaatgt cataggagat caccaagggg ccatgcaaat catcaaggaa gtaatcaatg
      781 aggaggcagc ccagtgggat ataacccacc cgccaccagc aggacccttа ccagcagggc
      841 agttaagaga cccacgggga tcagatatag caggaacaac tagctcaatt caagaacaaa
      901 ttgagtggac ctttaatgct aatcctaaag tagatgtagg aagaatctac aggagctggg
      961 taatcttagg gctacaaaaa tgtgtaaaaa tgtacaaccc cgtatcggtt ctggatatta
     1021 gacaaggagc caaagaacca tttaaagatt atgtggacag attctatgca gcccttagag
     1081 cagaacaaac accccaagat gagaaaaatt ggatgacaga aaccctcctc attgaaaatg
     1141 ccaacccgga ttgtaagtta gtactgaaag ggttaggaat gcatccaact ttagaagaag
     1201 tgctaacagc ttgccaaggc ataggagggc caggacataa agctaaatta atggcagaag
     1261 ccatgcagaa catgcaaggg gtaaacatga tacagggacc accaagaggg ggcagaggca
     1321 gagggagagg tccgcctcgc tgttttaaat gtggccagat tggacatata caaaaagact
     1381 gtcaaagagc aggaccaacg aagtgcctca agtgtgggaa accagggcac atggcaaaag
     1441 attgcagaag tggacaggcc aatttttag ggagaatgcc aaccccatgg ggttccaaac
     1501 cgcgcaattt tttagagcaa ggcggacgcg ttccgacggc taaaaagatg cccgcgcacg
     1561 tattccccac aggtctgcca gctgcgggag cctacgaccc agccaggagg ctcctggaac
     1621 aatatgcaaa aaaggaggat cagttaaaga agcagaagga aaaagagctg gaggactatt
     1681 cattgagttc cctctttgga gaagaccaaT AA
                                        <- end gag cds
```

SIVAGMT40

```
LOCUS       SIVAGMT40     1763 bp ds-DNA             VRL       09-JUN-1993
DEFINITION  Simian immunodeficiency virus, isolate TAN-40, complete gag cds.
ACCESSION   L19252
SOURCE      Simian immunodeficiency virus proviral DNA, isolate TAN-40 from a
            Ugandan tantalus monkey (Cecopithecus tantalus).
REFERENCE   1  (bases 1 to 1763)
  AUTHORS   Hirsch,V.M., McGann,C., Dapolito,G., Goldstein,S., Ogen-Odoi,A.,
            Biryawaho,B., Lakwo,T. and Johnson,P.R.
  TITLE     Identification of a new subgroup of SIVagm in tantalus monkeys
  JOURNAL   Virology (1993) In press
COMMENT     Kindly submitted prior to publication by Dr. Vanessa Hirsch,
            Immunodeficiency Viruses Section, NIAID/NIH, Twinbrook II,
            Rockville MD 20852. SIVagm-tan strains cluster with other
            previously characterized agm viral strains taken from vervets
            and grivets. See related tantalus viral isolate sequences 17,
            27, 49 and 9 (accession numbers L19250-L19251, L19253-L19254).
BASE COUNT      600 a    370 c    467 g    326 t
ORIGIN      192 nt upstream from the gag cds start.
        1 ggcgcccgaa cagggacttg agtcagggag actccactga aggggaggaa aggcatcacc
       61 ggtcgagttc cccggacgcg gtaagtcggg acgcggggag gcgaaaggga ttcgccagga
      121 aacaggactg ccaaggaggc aggggtggtg caagtagatc taggtgggcg acagatcgca
      181 cctgggtgag caATGggagc gggacactcg gcactgtcag ggaggaattt ggacacattt
          gag cds start ->
      241 gagaaaatac gcttaccccc gaacggaaag aaaaagtatc aattaaaaca tttaatatgg
      301 gcaggcaagg aaatggagcg cttcggcctc catgataaat tgttagaaac aaaagaaggc
      361 tgtcaaaaaa tcatagaagt attggccccc ttagaaccaa caggatcaga ggggctaaaa
      421 agcctattca atttaacctg cgtcatttgg tgtgttcacg cagaacagaa agtgaaagac
      481 acagaggaag ctgtagcaac agtaagacaa cactgccatc tagtggaaaa agaaaaaagt
      541 acaacagagc catctagtgg acaaaagcaa catagcaggc cagatgcgcc atctcgtggc
      601 caacatggaa attacccagt agtgcagcaa aataaccaat gggtgcatac tcctttgtca
      661 ccacgcaccc taaatgcttg ggttaaaaca gtggaggaaa aaaggtttgg agcagagata
      721 gtccctatgt tccaagcact atcagaaggt tgcctaagct atgatataaa tcaaatgcta
      781 aatgtcatag gagatcatca gggagcaatg caaattatta aggaggtgat caatgaagaa
      841 gcagcccaat gggacttaac tcatcccccc ccagcaggcc cactaccagc agggcagctt
      901 agagacccca gagggtcaga catagcagga acaactagca cagtccagga acaaatagaa
      961 tggacattta atgctaaccc tagagtagat gtagggagac tctatcgagg atgggttatt
     1021 ttaggtctac aaaaatgtgt aaaaatgtat aatcccatct cggtccttga tattagacaa
     1081 ggagccaagg agccattcaa ggattatgta gatagattct atcaggccct gagagcagaa
     1141 caaacacccc aagatgtaaa aaattggatg acagaaactc tgttgattca aaatgccaac
     1201 ccggactgta agctggtcct aaaaggacta ggaatgcatc ccaccttgga ggaaatgctt
     1261 acagcctgtc aaggagtagg aggaccaggg cataaagcca aattaatggc tgaagctatg
     1321 caaaacatgc aagggattac tatggtagct caaggaccaa gaggaagagg cagaagcaga
     1381 ggaccagtcc gatgctttag atgtggacaa attggccata tccaaaaaga ctgccctaaa
     1441 ggaggaccaa taaaatgtct caaatgtgga aagccaggac acatggcaaa agactgcagg
     1501 tcagggcagg caaatttttt agggagaatg acaccatggg gatcgaagcc gcgcaatttt
     1561 ttagagcaag gcggagccgt tccgacggct ccacccatgc caacgcacgg attccccacc
     1621 ggtcctccag cacagggagc atacgaccca gccaagagat tattggaaca gtatgcgaag
     1681 aaggggggacc aactgagaag acagaaagag aaggaattgg aggattattc cttgagttcc
     1741 ctctttggag aagaccaaTA Agc
                              <- gag cds end
```

LOCUS SIVAGMT49 1773 bp ds-DNA VRL 09-JUN-1993
DEFINITION Simian immunodeficiency virus, isolate TAN-49, complete gag cds.
ACCESSION L19253
SOURCE Simian immunodeficiency virus proviral DNA, isolate TAN-49 from a Ugandan tantalus monkey (Cecopithecus tantalus).
REFERENCE 1 (bases 1 to 1773)
AUTHORS Hirsch,V.M., McGann,C., Dapolito,G., Goldstein,S., Ogen-Odoi,A., Biryawaho,B., Lakwo,T. and Johnson,P.R.
TITLE Identification of a new subgroup of SIVagm in tantalus monkeys
JOURNAL Virology (1993) In press
COMMENT Kindly submitted prior to publication by Dr. Vanessa Hirsch, Immunodeficiency Viruses Section, NIAID/NIH, Twinbrook II, Rockville MD 20852. SIVagm-tan strains cluster with other previously characterized agm strains taken from vervets and grivets. See related tantalus isolate sequences 17, 27, 40, and 9 (accession numbers L19250-L19252, L19254).
BASE COUNT 594 a 375 c 480 g 324 t
ORIGIN 193 nt upstream from the gag cds start.

```
   1 ggcgcccgaa cagggacttg agtcagggag actccactga gaggggagga aggcatcacc
  61 agtcgagttc cccggacgcg gtaagtcggg acgcggggag gcgaagagga tccgccagga
 121 aaaaagtact gccagggagg caggggtggt gcagatagat ctaggtgggc gacagatcgc
 181 acctgggtga gcaATGggag cgggacactc ggcactgaca gggagaaatt tggacacatt
     gag cds start ->
 241 tgagaaaata cgcttacgcc cgaacggaaa gaaaaagtac caattaaaac atttgatatg
 301 ggcaggcaaa gaaatggagc gcttcggcct ccatgacaga cttctggaaa caaaagaagg
 361 atgtcaaaaa attatagaag tactagcccc cctagaacca acaggatcgg agggcttaaa
 421 aagtctgtac aatttgtgct gcgtcatttg gtgcattcac gcagaacaga aagtgaaaga
 481 tacagaggag gctgtagtaa tagtaaaaca acgctgccat ctagcggaaa aagaaaaaac
 541 tgcagcaacg ccatctggtg gccaaaaaca aaattacaac acaactgcgc cacctggtgg
 601 tcaacatgga aattacccag tagtacaaca gaacaaccag tgggtacata ccccttatc
 661 cccacgcacc ttaaatgcat gggtaaaaac agttgaggaa aaaaggtttg gagcagaaat
 721 agtgccgatg tttcaagcac tatcagaagg ctgcattagc tatgacatca atcagatgtt
 781 aaatgtcata ggagaccatc aaggagcaat gcaaattatt aaagaagtca ttaatgaaga
 841 agcagcccag tgggacataa cccaccctcc gccagcaggg ccgctaccag tggggcagct
 901 aagagaccca agagggtcgg acatagctgg aaccactagt actgtgcaag agcaaattga
 961 gtggaccttt aatgctaatc ccaaggtaga tgtaggacgc atctatcgag gatgggttat
1021 actagggctc caaaaatgtg taaaaatgta caaccctgtc tcagttttgg acatcaggca
1081 aggagccaag gaaccattca aagattatgt agacaggttt taccaagccc ttagggccga
1141 gcaaacacct caagatgtga aaacctggat gacgcaaacg ctgctcatcc agaatgctaa
1201 cccagattgc aaactagttt tgaaagggtt aggaatgaat ccaaccttag aagaaatgct
1261 aacagcttgt caaggggtag gaggaccagg tcataaagct aaattaatgg tggaagttat
1321 gcagcaaatg cagggcgtca acatggtaca gggaccatct agaggaggaa gaggaagggg
1381 aagaggacca ccacgctgct ttaaatgtgg gcaaatagga catgttcaaa aagactgccc
1441 acgaggaggt ccaatcaaat gtctcaaatg tggaaaacca ggacacatgg caaaagattg
1501 tagaagtggg caggctaatt ttttaggaag aatgccaaca ccatggggtt ccaagccgcg
1561 caatttttta gagcaaggcg gagccgttcc gacggctccc cgattgccaa cgcatggggt
1621 tcccacaggt ccgtcagact ggcggggagc ctacgaccca gccaagaggc tcctagaaca
1681 gtacacgaag aaaggggaac aactaaggaa acagaaggag aaggaactgg aggattattc
1741 cttgagttcc ctctttggag aagaccaaTA Agc
                                    <- gag cds end
```

SIVAGMT9

```
LOCUS       SIVAGMT9     1765 bp ds-DNA             VRL       09-JUN-1993
DEFINITION  Simian immunodeficiency virus, isolate TAN-9, complete gag cds.
ACCESSION   L19254
SOURCE      Simian immunodeficiency virus proviral DNA, isolate TAN-9 from a
            Ugandan tantalus monkey (Cecopithecus tantalus).
REFERENCE   1  (bases 1 to 1765)
  AUTHORS   Hirsch,V.M., McGann,C., Dapolito,G., Goldstein,S., Ogen-Odoi,A.,
            Biryawaho,B., Lakwo,T. and Johnson,P.R.
  TITLE     Identification of a new subgroup of SIVagm in tantalus monkeys
  JOURNAL   Virology (1993) In press
COMMENT     Kindly submitted prior to publication by Dr. Vanessa Hirsch,
            Immunodeficiency Viruses Section, NIAID/NIH, Twinbrook II,
            Rockville MD 20852. SIVagm-tan strains cluster with other
            previously characterized agm strains taken from vervets and
            grivets. See related tantalus isolate sequences 17, 27, 40 and
            49 (accession numbers L19250-L19253)
BASE COUNT      591 a    369 c    474 g    331 t
ORIGIN      194 nt upstream from gag cds start.
        1 ggcgcccgaa cagggacttg agtcaggaag acttcactga aggggaggaa gggcatcacc
       61 agtcgagttc cccggacgac ggtaagtcgg gacgcgggga ggcgagaggg acttcgccag
      121 gaaaaagtgc tgccagggag gcagaggtgg tgcagataga tctacttggg cgagagatcg
      181 cacctgggtg agcaATGgga gtgggacact cggcactgtc agggaggaat ttagatgcat
            gag cd start ->
      241 ttgaaaaaat acgcttacgc ccgaacggaa ggaaaaaata caaattgaaa catctaatat
      301 gggcaggcag agaaatggag cgcttcggcc tccatgagaa actgttagaa acaaaagaag
      361 gatgtcaaaa gatcatagaa gtattgaccc ccctagaatc aacagggtca gagggcttaa
      421 aaagtctatt taatttagtc tacgtcattt ggtgtattca cgcagaacag aaagtgaaag
      481 acacagagga agctgtagcg atagtaaagc aacagtccca tctagtggaa aaagaaaaaa
      541 ctgcagcagc gccatctggt ggccaacagc aaaattacaa cttagctgcg ccacctggtg
      601 gccgacatgg aaattaccca gttcaacagc aaaacaatca atgggtgcat gttccattgt
      661 caccacgcac cctgaacgcc tgggtaaaaa cagtagagga gaaaaggttt ggagcagaaa
      721 ttgtgcctat gtttcaggca ctatctgagg gctgcttaag ttatgatata aatcaaatgc
      781 taaatgtaat aggagatcat caaggagcca tgcaaattat taaggaagta attaatgagg
      841 aagcagccaa ttgggatcta gcacaccccc ctccagcagg accattacca gtaggacaac
      901 ttagagatcc cagggggtca gatatagcag gaacaactag cacaattcag gaacaaacag
      961 agtggacatt caatgccaat ccacgagtag atgtaggacg catctacaga ggatgggtta
     1021 ttttaggtct acaaaaatgt gtaaagatgt ataacccagt ctcagtctta gatatcagac
     1081 agggagcaaa agagcccttt aaagactacg tagaccgttt ttatcaggcc ttgagggcag
     1141 aacaaacccc acaagatgtg aaaaattgga tgacagagac cctcttgatt caaaatgcta
     1201 atccagattg caaattagtc ctaaaaggct taggaatgca tcccaccttg gaagaaatgc
     1261 ttacagcctg tcaaggagta ggaggaccag gacataaagc caagctgatg gctgaagcaa
     1321 tgcaaaacat gcaagggatc acaatggtcg ctcaaggacc aagaggaaga ggcaggggaa
     1381 gaggacctac ccgttgcttc aaatgtggac aaataggcca cattcagaaa gattgcccca
     1441 ggggaggacc aaacaagtgt ctcaaatgtg gaaaaccagg acacttagca agggactgca
     1501 ggacagggca ggcaaatttt ttaggaagaa tgacaccatg gggatcgaag ccgcgcaatt
     1561 ttttagagca agacggagcc gttccgacgg ctcccccatt gcctgcgcac gagacctccg
     1621 tcggtcccac agcacgggga gcatacgacc cagccaaacg actgttggag cagtatgcaa
     1681 aaaaggggga ccagctgagg aagcagaagg agaaggaact ggaggattat tccttgagtt
     1741 ccctctttgg agaagaccaa TAAgc
                               <- gag cds end
```

```
LOCUS       SIVAGMTBO5    703 bp ss-RNA            VRL       14-APR-1993
DEFINITION  Simian immunodeficiency virus from an African green monkey;
            isolate AGMBO5 from a tantalus monkey caught in the Central
            African Republic, partial env cds.
ACCESSION   M81070
SOURCE      Simian immunodeficiency virus from an African green monkey,
            CAR tantalus isolate AGMBO5.
REFERENCE   1  (bases 1 to 703)
  AUTHORS   Mueller,M.C., Saksena,N.K., Nerrienet,E., Chappey,C., Herve,
            V.M.A., Durand,J., Legal-Campodonico,P., Lang,M., Digoutte,J.,
            Georges,A.J., Georges-Courbot,M., Sonigo,P. and Barre-Sinoussi,F.
  TITLE     Simian immunodeficiency viruses from Central and Western Africa:
            Evidence for a new species-specific lentivirus in tantalus monkeys.
  JOURNAL   J. Virol. 67, 1227-35 (1993)
COMMENT     This isolate was one of four isolates taken from tantalus monkeys
            caught in the Central African Republic.  Genetic distances indicate
            that these tantalus isolates are the most divergent among feral
            AGM's in Africa[1]. Related tantalus and sabaeus isolate sequences
            have accession numbers M80208, M81071-M81076.
BASE COUNT      248 a    120 c    167 g    168 t
ORIGIN      922 base pairs downstream from 5' end of env
        1 aagcatgggg taagcaatga ttcggtaatt attaagctta acaaacatta ccaattaacg
 env cds ->
       61 atagtgtgca ggagaccagg aaagaaaacg gtcctaccag taaccatgat ggcaggtctg
      121 gtgttccact ctcagcaata caataccaaa ttgagacagg cttggtgtca ttttcaaggg
      181 gattggaaag gagcctggaa ggaagtgagg gagactatta caaagttacc aaaagtcaaa
      241 taccaaggga cgaacaatac taagcaaatt tggctaagga gacagtgggg agatccagaa
      301 gcagccaaca tatggtttaa ttgccaagga gagttctttt actgtacacc agattggttt
      361 gtgaattatc taaataatga gtctgcaaat ggaacaaacc ttgatgtgga agggaacaag
      421 tgtccagaca ggacgtcagg aggactcaca ggttctcgca aatgcttgaa gagaacctat
      481 gtagcttgtc acatccggtc agttgtcaat gattggtata cgttgtcaaa gaagacctat
      541 gcaccaccaa gagaaggaca cctggaatgc acgtcaacag tgacctctat gatggtatca
      601 ttagattaca attcaaaaaa tatgactaat gtgacattga cagcaaattt agagaacatt
      661 tgggcttatg aattgggaag atataagcta attaaaatta agc
                                                  env cds ->
```

SIVAGMTB14

```
LOCUS       SIVAGMTB14    1461 bp ds-DNA             VRL       09-APR-1993
DEFINITION  Simian immunodeficiency virus from an African green monkey;
            isolate AGMB14 from a tantalus monkey caught in the Central
            African Republic, partial env cds.
ACCESSION   M80208
SOURCE      Simian immunodeficiency virus DNA from an African green monkey,
            CAR tantalus viral isolate AGMB14.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1461)
  AUTHORS   Mueller,M.C., Saksena,N.K., Nerrienet,E., Chappey,C., Herve,
            V.M.A., Durand,J., Legal-Campodonico,P., Lang,M., Digoutte,J.,
            Georges,A.J., Georges-Courbot,M., Sonigo,P. and Barre-Sinoussi,F.
  TITLE     Simian immunodeficiency viruses from central and western Africa:
            Evidence for a new species-specific lentivirus in tantalus monkeys
  JOURNAL   J. Virol. 67, 1227-1235 (1993)
COMMENT     This isolate was one of four isolates taken from tantalus monkeys
            caught in the Central African Republic.  Genetic distances indicate
            that these tantalus isolates are the most divergent among feral
            AGM's in Africa [1]. Related tantalus and sabaeus viral isolate
            sequences have accession numbers M81070-M81076.
BASE COUNT      517 a    265 c    333 g    346 t
ORIGIN      downstream of start of env cds
        1 gcaagcattt tgtatgacgc ccaataccaa tttatgggcc acaacaaatt gtataccaga
 env cds ->
       61 tgatcataat tacacagaag tgcaattaaa tgtctcagag aaatttgaag cgtggaaaga
      121 caggaaccct ttggtggcac aagcagaaag caatatacat ctgctttttg aaagtacctt
      181 gaagccttgt gtcaagttaa caccaatgtg cataagaatg aattgcacta ggcttccctc
      241 ccctactccc tcctcctcta gtacaacaag gacaacaaga aatccctgcc caggcacaac
      301 aaacgatgag tgcaatagcc acttggtgac aaatagcatg gaatttgaaa acagttctat
      361 gtgcaccttt gcaatggcag ggtacatgag ggatcagaaa aagacatata acagcacatg
      421 gtatgatgca gaactcatgt gtgaaccgga gagcaaaaag aactcaaggg ggtgttacat
      481 gatccattgt aacgattcag tcataaagga agcttgcgaa aaaacttact gggataccct
      541 taggttaaga tattgtgcac cagctgctgt tgctatcttg aaatgtaaag atactaatta
      601 cacaggcttt ggcacatgta gaaatgtgtc agtagtaagt tgcacaggct taatgaatac
      661 tacagtaagc tcagcttttg gtctaaatgg tagtcaagca gagaatagaa cagaaatatg
      721 gcaaaaacat ggagtaagta atgactctgt cattataaag cttaataagc attacaatct
      781 gacaatattg tgtagaagac caggaaacaa aacagtctta ccagtaacca tcatggcagg
      841 aatggtgttc cactcacaaa aatacaatac aaaattgaga caggcatggt gccatttcca
      901 aggggactgg aaaggagctt ggaaggaggt gagagaaacg atagttaaat tgccaaaaca
      961 taaatatcaa gggactaacg atactaagaa aatatggcta aggagacaat ggggagaccc
     1021 agaggcagcg agcatatggt ttaattgcct gggagaattt ttctattgta cacctgattg
     1081 gtttctaaat tatttgaaca atgagtccag tgaaggaagc ttcactgacg tagaaggcaa
     1141 tagatgttca aacataacaa gtggaggact gacagggtcc accagaaagt gtcttaaaag
     1201 gacctacgtt ggcttgcata tacggtcagt tgtcaatgac tggtatacac tattgcaaaa
     1261 aagatatgcg ccgccaagag aaggacactt ggagtgcaga tccacggtga catcaatgct
     1321 ggtgtcgctg gattataacg acaagaacat gacaaatgtc acattaacag caaatttgga
     1381 aaacatatgg gcttatgaat tgggcaggta taagctcatt gagatcaaac caatagggtt
     1441 tgctccaaca gaggtgagga g
                        env cds ->
```

```
LOCUS       SIVAGMTB30    657 bp ss-RNA             VRL       14-APR-1993
DEFINITION  Simian immunodeficiency virus from an African green monkey,
            isolate AGMB30 from a tantalus monkey caught in the Central
            African Republic, partial env cds.
ACCESSION   M81071
SOURCE      Simian immunodeficiency virus from an African green monkey,
            isolate AGMB05.
REFERENCE   1  (bases 1 to 657)
  AUTHORS   Mueller,M.C., Saksena,N.K., Nerrienet,E., Chappey,C., Herve,
            V.M.A., Durand,J., Legal-Campodonico,P., Lang,M., Digoutte,J.,
            Georges,A.J., Georges-Courbot,M., Sonigo,P. and Barre-Sinoussi,F.
  TITLE     Simian immunodeficiency viruses from Central and Western Africa:
            Evidence for a new species-specific lentivirus in tantalus monkeys.
  JOURNAL   J. Virol. 67, 1227-35 (1993)
COMMENT     This isolate was one of four isolates taken from tantalus monkeys
            caught in the Central African Republic.  Genetic distances indicate
            that these tantalus isolates are the most divergent among feral
            AGMs in Africa[1]. Related tantalus and sabaeus viral isolate
            sequences have accession numbers M80208, M81072-M81076).
BASE COUNT      231 a    131 c    157 g    138 t
ORIGIN      1033 base pairs downstream from 5' end of env
        1 acaggcatgg tgttccactc tcaaaagtat aataccaagc tgagacaagc ctggtgccat
 env cds ->
       61 ttctcaggag attggaaagg ggcttggcaa gaagttaggc agacgatagc aaagctcccc
      121 ccagaaaaat atcaagggac taataacacc aaacagattt ggctaagacg acaatgggga
      181 gacccagagg cagcaaacat atggtttaat tgccaaggag aattcttcta ttgcacacct
      241 gattggttcg ttaactggct aaacaatgac tctgctgagg gagcacagaa agatgtagaa
      301 ggaaatgact gtcccaatac gacaatggga ggactcacag ggtcaagaaa atgtctaaaa
      361 aggacgtatg tagcttgcca catcaggtca gttgtcaatg actggtatac cctatcacag
      421 aaaacctatg caccgccaag agaaggccac ttggaatgca catctacagt gacatccatg
      481 atggtgtccc tagattataa cagcaaaaac atgacaaacg ttacattgac agcaaattta
      541 gaaaatatat gggcctacga attggg     ataagctca ttgaaattaa gcctattggg
      601 tttgcaccta cagaagtaag aaga'         ccaactc gagaaaagag ggtgccc
                                                              env cds ->
```

SIVAGMTB53

```
LOCUS       SIVAGMTB53    555 bp ss-RNA            VRL       14-APR-1993
DEFINITION  Simian immunodeficiency virus from an African green monkey,
            isolate AGMB53 from a tantalus monkey caught in the Central
            African Republic, partial env cds.
ACCESSION   M81072
SOURCE      Simian (AGM) immunodeficiency virus from an African green monkey,
            CAR tantalus isolate AGMB53.
REFERENCE   1  (bases 1 to 555)
  AUTHORS   Mueller,M.C., Saksena,N.K., Nerrienet,E., Chappey,C., Herve,
            V.M.A., Durand,J., Legal-Campodonico,P., Lang,M., Digoutte,J.,
            Georges,A.J., Georges-Courbot,M., Sonigo,P. and Barre-Sinoussi,F.
  TITLE     Simian immunodeficiency viruses from Central and Western Africa:
            Evidence for a new species-specific lentivirus in tantalus monkeys.
  JOURNAL   J. Virol. 67, 1227-35 (1993)
COMMENT     This isolate was one of four isolates taken from tantalus monkeys
            caught in the Central African Republic.  Genetic distances indicate
            that these tantalus isolates are the most divergent among SIVagm in
            feral AGMs in Africa[1]. Related tantalus and sabaeus sequences
            have accession numbers M80208, M81071, M81073-M81076.
BASE COUNT      199 a    112 c    119 g    125 t
ORIGIN      1069 base pairs downstream from 5' end of env
        1 atacacaaca caaagctgag acaagcctgg tgccatttct cagggaagtg gaaggaagct
 env cds ->
       61 tgggaggaag taaaagaaac cattgttgcc ttgccaaaag aaaagtatca aggaacaaat
      121 cattcaaagc aaatttggct gaggagacag tggggagatc cagaagcagc taaacaatgg
      181 ttcaattgcc aaggagaatt cttttactgc acaccagatt ggtttgtcaa ttatttgaac
      241 aacgagtccg aggatggaac attactagat gtagaaggaa ataaatgtgc caataccact
      301 acaccaccat taactgggtc taccagaaag tgtctaaaaa ggtcctatgt agcttgtcac
      361 ataaggtcaa ttgtcaatga ctggtacact ctctttcata aaacctatgc accgccaaga
      421 gaaggacact tagagtgcac atccacagtg acatccatca tggtgtcact ggactacaac
      481 accaaacaca tgacaaatgt cactttgaca gcgaacttgg aaaacatatg ggcttatgaa
      541 ttgggaaact ataac
                  env cds ->
```

```
LOCUS       SIVAGMSD29    577 bp ss-RNA            VRL       14-APR-1993
DEFINITION  Simian immunodeficiency virus from an African green monkey;
            Senegalese isolate AGMD29, partial env cds.
ACCESSION   M81073
SOURCE      Simian immunodeficiency virus from an African green monkey,
            Senegalese sabaeus isolate AGMD29.
REFERENCE   1  (bases 1 to 577)
  AUTHORS   Mueller,M.C., Saksena,N.K., Nerrienet,E., Chappey,C., Herve,
            V.M.A., Durand,J., Legal-Campodonico,P., Lang,M., Digoutte,J.,
            Georges,A.J., Georges-Courbot,M., Sonigo,P. and Barre-Sinoussi,F.
  TITLE     Simian immunodeficiency viruses from Central and Western Africa:
            Evidence for a new species-specific lentivirus in tantalus monkeys.
  JOURNAL   J. Virol. 67, 1227-35 (1993)
COMMENT     This isolate was one of four isolates taken from feral sabaeus
            monkeys caught in Senegal. Related sabaeus and tantalus sequences
            have accession numbers M80208, M81071-M81072, M81074-M81076.
BASE COUNT      202 a     96 c    134 g    145 t
ORIGIN      988 base pairs downstream from 5' end of env
        1 tgtagaatac caggaaacaa gacagtgtta cctgtgacca ttgcggctgg cttgatcttt
 env cds ->
       61 cacagccaaa aatataatac caggttagta caggcttggt gttggtttgg aggaaattgg
      121 agaggagcct ggaaagaagc aaaagaagaa ctagtaaaat taccaccaga gaagtatcaa
      181 ggcacaaatg atacaagtaa aattttcctg caaaggcagt ggggagatcc agaagcagag
      241 ttgttctggt ttaattgcca aggggaattt ttctactgta aaatggattg gttcttaaat
      301 tatttgaata acctaacagt ggatcccgat cacaacaaat gtaataaggg ggataaaaaa
      361 tgctggcaga ggacttatgt tccttgccac attagacagg tagtgaatga ctggtatacc
      421 ctgtccaaaa agacttatgc tcctcccaga gaaggacatt tggaatgtac atctacagct
      481 acagctctgt atgtggaatt gaattacaac agtaaaaata gaacaaatgt gacactctca
      541 ccacatatca ggagtatttg ggcaaatgaa ttgggaa
                                          env cds ->
```

SIVAGMSD30

```
LOCUS       SIVAGMSD30    669 bp ss-RNA            VRL       14-APR-1993
DEFINITION  Simian immunodeficiency virus from an African green monkey,
            Senegalese isolate AGMD30, partial env cds.
ACCESSION   M81074
SOURCE      Simian immunodeficiency virus from an African green monkey,
            Senegalese sabaeus isolate AGMD30.
REFERENCE   1  (bases 1 to 669)
  AUTHORS   Mueller,M.C., Saksena,N.K., Nerrienet,E., Chappey,C., Herve,
            V.M.A., Durand,J., Legal-Campodonico,P., Lang,M., Digoutte,J.,
            Georges,A.J., Georges-Courbot,M., Sonigo,P. and Barre-Sinoussi,F.
  TITLE     Simian immunodeficiency viruses from Central and Western Africa:
            Evidence for a new species-specific lentivirus in tantalus monkeys.
  JOURNAL   J. Virol. 67, 1227-35 (1993)
COMMENT     This isolate was one of four isolates taken from feral sabaeus
            monkeys in Senegal. Related tantalus and sabaeus sequences have
            accession numbers M80208, M81071-M81073, M81075-M81076.
BASE COUNT      242 a    118 c    148 g    161 t
ORIGIN      988 base pairs downstream from 5' end of env
        1 tgtaggagac caggaaacaa gacagtgtta cctgtgacca tcatggctgg cttggtcttc
 env cds ->
       61 cacagccaga aatacaatac aaagttgaga caagcctggt gctggtttgg aggaaaatgg
      121 agaagtgcct ggcaagaagt aaaagagaca atagtaaagc taccaaaaga tagatacagt
      181 ggcaccaatg atacaagtaa aattttccta caaagacaat ggggagatcc agaagcagaa
      241 ttcttctttt tcagttgtca aggagaattc ttctattgta aaatggattg gtttctgaat
      301 tttttgaaca atcagtcagt agaccctgat cacaacaact gtacaaaaca aaatgataaa
      361 aaatgctggc aaaggacata tgtgccttgc catattatac aggtagtgaa tgattggtat
      421 actctgtcca aaaagacata tgctcctccc agagaaggcc atttggaatg caactctaca
      481 gcaacagcta tgtatgttga gcttaattac aatttaaaga ataggactaa tgtgacactc
      541 ttgcctcaga taagaagcat ttgggccaat gaattgggag atttcaaatt ggtggaaata
      601 aaaccaattg gctttgcacc aacagaggta agaaaataca caggccccga aaggcaaaag
      661 agggtgcca
           env cds ->
```

```
LOCUS       SIVAGMSD37    486 bp ss-RNA            VRL       14-APR-1993
DEFINITION  Simian immunodeficiency virus from an African green monkey,
            Senegalese sabaeus isolate AGMD37, partial env cds.
ACCESSION   M81075
SOURCE      Simian immunodeficiency virus from an African green monkey,
            Senegalese sabaeus isolate AGMD37.
REFERENCE   1  (bases 1 to 486)
  AUTHORS   Mueller,M.C., Saksena,N.K., Nerrienet,E., Chappey,C., Herve,
            V.M.A., Durand,J., Legal-Campodonico,P., Lang,M., Digoutte,J.,
            Georges,A.J., Georges-Courbot,M., Sonigo,P. and Barre-Sinoussi,F.
  TITLE     Simian immunodeficiency viruses from Central and Western Africa:
            Evidence for a new species-specific lentivirus in tantalus monkeys.
  JOURNAL   J. Virol. 67, 1227-35 (1993)
COMMENT     This isolate was one of four isolates taken from feral sabaeus
            monkeys in Senegal. Related tantalus and sabaeus viral sequences
            have accession numbers M80208, M81071-M81074, M81076.
BASE COUNT      169 a     87 c    106 g    124 t
ORIGIN      1057 base pairs downstream from 5' end of env
        1 aaccatagcc agaaatataa caccaagttt agacaagctt ggtgctggtt tggagggaat
 env cds ->
       61 tggagaaatg cctggcaaga ggtcaaagag gaaattgtta aattaccaaa agaaaaatat
      121 caaggcacca atcatacaga gcaaattttc ctgcaaagac agtggggaga tccagaatca
      181 gaatttatct ttttcaactg tcaaggggag ttcttttatt gtaagatgga ttggtttctt
      241 aattatttga ataataagtc tgtgggtcca gaccataacc catgtagtaa gaacaatgat
      301 aaaagatgtt ggcagagaaa ttacgtccct tgccacatca ggcaagtggt aaatgattgg
      361 tatacccttt ccaaaaagac ctatgctcct ccaagagaag gccagctgga gtgtcattca
      421 acagctacag cactctatgt ggaactgaat tataacagta agaacggaac caatgtgacc
      481 ttgtcc
        env cds ->
```

SIVAGMSD45

```
LOCUS       SIVAGMSD45    595 bp ss-RNA             VRL       14-APR-1993
DEFINITION  Simian immunodeficiency virus from an African green monkey,
            Senegalese sabaeus isolate AGMD45, partial env cds.
ACCESSION   M81076
SOURCE      Simian immunodeficiency virus from an African green monkey,
            Senegalese sabaeus isolate AGMD45.
REFERENCE   1  (bases 1 to 595)
  AUTHORS   Mueller,M.C., Saksena,N.K., Nerrienet,E., Chappey,C., Herve,
            V.M.A., Durand,J., Legal-Campodonico,P., Lang,M., Digoutte,J.,
            Georges,A.J., Georges-Courbot,M., Sonigo,P. and Barre-Sinoussi,F.
  TITLE     Simian immunodeficiency viruses from Central and Western Africa:
            Evidence for a new species-specific lentivirus in tantalus monkeys.
  JOURNAL   J. Virol. 67, 1227-35 (1993)
COMMENT     This isolate was one of four isolates taken from feral sabaeus
            monkeys captured in Senegal. Related tantalus and sabaeus viral
            sequences have accession numbers M80208, M81071-M81075.
BASE COUNT      204 a    108 c    135 g    148 t
ORIGIN      994 base pairs downstream from 5' end of env
        1 agaccaggaa acaagacagt actgccagta acgatcatgg caggccttgt gtttcacagt
 env cds ->
       61 caaaaataca acacaaggct aaggcaagca tggtgttggt ttggaggcaa ttggacagga
      121 gcatggaagg aagttagaga aacaatagca gccatgccaa actccactta tacaggaacc
      181 agaaatatct cccagatatt tttgcaaagg caatggggag acccagagtc agaaaacttg
      241 ttgtttaatt gtcaaggaga attcttttat tgtaagatgg attggtttct aaactatttg
      301 aacaatcaaa gtgttaatcc tgatcataat cagtgcaaaa caaacaatga taagaaatgt
      361 tgggcaagaa attatgtgcc ttgtcatatc agacaagtgg tcaatgactg gtataccctt
      421 gcaaagaaga catatgcccc acccagagaa ggtcagctgg agtgtactac tacagccacg
      481 gcactgtatg tggagctcaa ttacaattca cataatagga ccaatgtgac cttgagtcct
      541 cagatcaggt ccatctggag ttatgaatta ggtagctata aattagtgga gatta
                                                              env cds ->
```

```
LOCUS       SIVSYK       9597 bp ss-DNA             UNA       22-NOV-1991
DEFINITION  Simian immunodeficiency virus isolated from a Syke's monkey,
            isolate SIVsyk, complete genome.
ACCESSION   L06042
SOURCE      Simian immunodeficiency virus isolated from a Syke's monkey.
REFERENCE   1  (bases 1 to 9597)
  AUTHORS   Hirsch,V., Dapolito,G.A., Goldstein,S., McClure,H., Emau,P.,
            Fultz,P.N., Isahakia,M., Lenroot,R., Myers,G. and Johnson,P.
  TITLE     A distinct african lentivirus from sykes' monkeys
  JOURNAL   J. Virol. 67:1517 (1993)
COMMENT     SIVSYK represents a new primate lentivirus group, genetically
            equidistant from the four groups previously recognized
            (HIV-1/CIV, HIV-2/SIV, SIVagm and SIVmnd).  SIVsyk, like SIVmnd,
            has a vpR gene but no vpX gene [1].  Macaques infected
            with SIVsyk become persistently infected but remain clinically
            healthy.  The NF-kB motif, conserved in all previously
            characterized SIV and HIV LTRs, is absent from the SIVsyk LTR.
BASE COUNT     3175 a   2006 c   2307 g   2109 t
ORIGIN      5' terminus of 5' LTR
        1 aggaacccgg tacccgttaa tctttggatg gttatgggaa ctagttccaa atgagataga
   5' LTR ->
       61 gggatgcttg gagtatgagg agaatacact cctcctccat ccagcctctg ggacagggga
      121 gttcgaacat ggggagaacc tcatgtggaa cttcaacccc cacctggcct atacaccagg
      181 ctgggagatg gcccgcttgc agttagagag acaaacagga aaaccacaag agctgcagtc
      241 agcacttagt aagaacatct cctaggagac tccatggtga caagctcggc ccaggggagg
      301 gacctgggcg ggggaaggct caccctgctg cATAAAAgcc gatgctctgt agctatccgc
                                    signal ->                  U3 end <-
                                                               R start  ->
      361 ggagttgcaa ctagctctct ccagcggcct gggagccctg agagactggt agagcggccc
      421 gggagccctt gccagtaaag gctagtgagg tccgggtttg gccgcccggt cttcggcagc
      481 tctccgttgc ttgctttgct tacgctgatc agcccaAATA AAgtgtggta aacgcaagta
                    mRNA polyadenylation signal ->                    <- R rpt
                                                              U5 start ->
      541 acgtctgctc tcatctgttc tgctgggtca cctcccgaag gtgctcaggg agcgcgcctt
      601 cagtggcgcc gaacagggac ttgactaggc cagggacccg agaggaggtg acgccagtca
   U5 end <-                      <- 5' LTR end
      661 aagggagtcc ggatccaaga gggatcggct gtccgtccta ggccgaccgg tgctggtggc
      721 tcgtggtgta cacacgagac gaggtaagtg atccagcgcc agactgccca cagcagtcgg
      781 ggaaataggg gaccATGgga gcagcggggt cggcaatatt aacaggtaga gagctagaca
              gag start ->
      841 gatatgagaa aattcggctc cgaccgaaag ggaagaagcg ctacctagtt cgacatttag
      901 tttgggcaaa gaaggagttg gacagattcg gccttttcgga ccaactcatg gagtctaaag
      961 aaggctgtga aaaaattctc acagtcctac ttccattaga agctaatggg tcagaaaatt
     1021 taaaaagcct ttttggcata atttcggtcg tatgggccgt tcatgccaaa aaggaagtag
     1081 aagacactga gcaagcaaaa cagaaagtaa aagaagcatg taattggaaa gatgacccac
     1141 cagcgacatc tggtggacaa agtgaaaata gcagtcaaaa catggctagt gagacatcta
     1201 gtggccaaaa ggtagtacag caggaaaaac aaaaggcagc aacaccgcca cctagaggaa
     1261 actatccact gctcagaaat cctcaaaatc agtggattca tacaggagtc ccagttagga
     1321 ctctaaaaac atgggtggag gctgtgaact ccaaaaaatt tgatgcatcc atagtgccat
     1381 tatttcaggc tctaacagaa ggatttattc cttatgatct caatggcatg cttaatgctg
     1441 taggagatca tcagggagcc atgcaggtaa ttaaagacat catcaatgag gaaggggcgg
     1501 catgggatct tgaacatccc caaccgcaac aacctgctcc acaagcagga ttgagggatc
     1561 cctccgcctc agacatagca ggaacaacaa gctcaattgc tgagcaaata gaatggatta
     1621 ctaggcagaa caacccagta caagtaggag aaatatatag aagatggatc attctagggc
     1681 tgcagaagtg tgtgcaggtc tacaaccctg tttctatctt agacataaaa cagggcccaa
     1741 aagaaatttt caaagactat gtagacagat tctaccattg cttaagagca gagcaggcgg
     1801 acccatcagt caaagggtgg ctaactcaaa cactgttgat tcaaaatgcc aacccagaat
     1861 gcagacagat cctcaaggca atggtcaaac ctaccttgga ggaaatgctg caagcttgtc
     1921 aaggagtcgg aggacccttа cacaaggcaa aactcatggc agaggccatg gtaatggccc
     1981 agcagtcagt aaatatggta caagggccat caaaagggag atcaatgatt aaatgctaca
     2041 attgtgggca aattgggcac atgcaaaaag actgcaaaaa gccacttaaa gctaaatgct
     2101 ttaattgtgg aaaaacagga cacctagcaa gggcctgtag gcaacccaag agaaatcaag
     2161 gccctccagt tgcacaggcT AAttttttag ggaaaggatg gggggtctcc aggaggcccc
                          pol orf -> (NH2-terminus uncertain)
```

SIVSYK

```
2221 cagccaactt cccagtgagg agcgagccat ctgctccccc tctggaggac atcgaagatg
2281 ggccatggct cacatggtca gcacagatga gccaacaagc acaagcgaag gcacagaact
2341 ctccctcgaa gaaacccccc accaacaggg aagtgctctc gccgaaggag agcagtggga
2401 aggaggagac caagagtctc tatccctctc tcagctctct ctttggagaa gaccaaTGAt
                                                                  <- gag
2461 agaagtagat gtagaaggtg acctggtgca aatgttagta gatacagggg cagatgatac
2521 tataattaga gaagaagata ttcaattaca ccaaccatgg tcaccaaaaa tagtaggagg
2581 attaggagga aacattacag ttaggcaata tagaaatatt agattcactg ttgttaaacc
2641 ctcaggaaaa agaaagcaag tagaggggac tcttttagtg ggtcctacgc cagtaaatat
2701 attaggaagg aatatactta ccaaattggg agtcaaatta gtaatggttc aaacagcatt
2761 agagccagtc aaagtaagtc tgaaaccaga caaagaattg ccccggctaa aacaatggcc
2821 attatcggta gagaaattag aggccctcaa ggcaatagta gaagacatgc tcaaggcagg
2881 acaattggag aaagctagtc ctaccaatcc ttataatacc ccagtatttg taattaggaa
2941 aaaggacaaa aagaaatgga ggatgctcat tgattttaga aaattaaatg aggccacaca
3001 agatttttc gaggtacaat tgggaatacc ccacccagga ggactaaaac ggcaaaaact
3061 aacaattata gatttaaaag atgcatatta ctcagtcccc ctggacaaag agtttaggcc
3121 atacacggca tttacagtgc caagcataaa taatgcctcc ccgggagaaa gatatcaatt
3181 tacagtgtta ccacagggat ggaaaggatc tcccactatc ttccaaagca caataaatca
3241 gatactacag ccatttagaa agaagtattc agatctcact ctaatacagt acatggatga
3301 cttattgatt ggcactgata gatcagagaa ggcacatcag gagatagtac aacaaatagt
3361 gacagcacta ttaaaagtgg gatttaaggt cccaaaagaa aaatggcagg accaatatcc
3421 aatgcagtgg ttaggttaca ctcttcatcc agacaagtgg cagttgcaga aaatagaact
3481 ccctaatata gatgacgaaa tcacagtgaa tcagttacag aaattgatag gagtacttaa
3541 ttgggcaagc cagatttatt caggaattaa gacaaaagag ctctgtaagt gtatcagagg
3601 aactaaacaa ttaacagaag tactcacact tacagaagca gctgaggcag aattagaaga
3661 gaatagacaa atcttaaagg aagaacaggc agggtcttat tatgacccta aaaaaccttt
3721 agaagcacac atcactaaac tagggtccca gcaatgggga tacatgatta agcaagagca
3781 aaaaggccca cccctaataa caggaaagac agcaaaaacc tttgcagcac atagtaatga
3841 ctatcaatct cttgctcaat tgttaaataa aatagggatc caatcactat ggtattgggg
3901 aaaggtacca acattccatc tcccagtaaa aagagaggaa tgggaaaaat ggtggacaga
3961 ctattggcaa gccacatggg taccagaagt caaattcata agtaccccgc cattggttag
4021 gtggtactat aacttggtac cagaacccat accagaagca gtaaccttct acgtagatgg
4081 agcagctaat agagacagca agacaggaaa tgcaggatat gtagcaagtg atgggacaca
4141 gagagtacag tatctggagc aaacaacaaa ccaacaggca gaattagagg gcttgctcat
4201 ggcattgcag gactcaaaag acaaagtaaa tatagtagta gattcacaat actcttatgg
4261 cattcttatg acatgcccca ctaacacaga acacccaata gtggagcaga taatacaaga
4321 ggccataaaa aaggaagcca tatatgtgac atgggtccca gcccataaag gaataggagg
4381 aaatgaagct gttgataaac tagtcagtaa aggaataaga aaaatcctat tcctagaaag
4441 aattccccaa gcacaggaag atcatgaaag gtaccactca aatatggagt atcttaggca
4501 ggagtttcat ctaccccgac aggtagcaaa agcaattata caacaatgtc caaaatgtca
4561 aaatagagga gaaccaaaac atgggcaagt agatgtagat atatataatt ggcagatgga
4621 ctgtactcat gaggaaggca aagtaatctg tgtagcagta aacacagcta gtggatatat
4681 agaaaccaag atcttaaaaa gggaaacggg ggatgaaaca gcattgtttc tcatgcaaat
4741 agccagtaga tggccaataa aacagataca cactgataat ggaccaaact ttgtcagtga
4801 caagttcaaa gcagcatgtt ggtggtgtgg catagaacac actacaggta ttccatacaa
4861 cccacaaagc cagggaatag tagagtccaa aaataggtat ttaaaagaag ctatctcaca
4921 aattagagac gacgtcacac atttgcaaac agcagtggca atggcaacct tcatcttaaa
4981 ttttaaaaga aagggaggaa taggggggat atcaccagga gaaaggtaca ttaatatgct
5041 atatacagaa ctacaattac aacaaaatac aacatcacca aaattttcga attttagggt
5101 ttactaccgc caggggaaga acgagtggaa gggaccagct cgtctacttt ggaaaggtga
5161 aggtgcagta gtggtgcaaa cagaggaggg agacattttt gcagtaccaa gaagaaaggc
5221 aaaaataatt acagaccATG gagaaagaat ggatagtggt tcccacgtgg agaatgaccc
                    vif ->
5281 caagacagat TGAtagattg cagcatataa taaaaacaca taagtataaa agcaaagaat
                  <- pol
5341 tggagaaagc cacatataaa catcactacc aaatagaatg gcaatggtac acttattgcc
5401 aatggacaat accagtagga gatggaacta tatggatcac gttctatcac aatttggccc
5461 cagaaagagg atggttacat atgcagggaa ttaggattca ataccaatgg aaccagtgga
5521 acactgactt aacaccagca gtagcagacc gccttataca taatttttat ttcccttgct
5581 ttacagcaag agcggtcaac caggcagtca gaggggaact attgacatca cactgctgga
5641 ccccacatac tgaccaggta ccctcacttc agtatttagc attacaagtg tacctaaaag
5701 ATGgcggagg ctttcttcaa tccctcccag catgtgcaag gaacaccatg gttcttcatt
 vpR ->
5761 ccaagaaatg tagagttgac cccaaacgtg a' caatgtca ctgtaaaggc agaactggta
```

```
5821 gtgacagaag catccaagca ttttactcct caagaaatat atggagtttg gaatcaatcc
5881 ttaaacgaag aggcagggac TGAttccccg acaatggctt gggaaagaac catgttggac
                          <- vif
5941 atggtaagag cactcaatct tatgctcttt gaacattttg ctgcaggATG tcctcaacgg
                                                   tat ->
6001 accagatatg ccagacacag agggtacccc catccttctT AGaaggaaca ttcctagaga
                                                <- vpR end
6061 aaggaccacc aacaccatgt aataaatgct tttgcaaaaa ctgttgctat cattgccagc
6121 tttgtttcct tcaaaaggga ttgggaatca cttATGccag accaaggaag cgagcagctc
                              rev start ->
6181 gcagtatttc tgaggatgat agcgcaccta caggGTaagt aaaaATGgca gcttttagaa
                                    5' sj /\      env ->
6241 cttacatagt ttgtcttttt agcttaataa gtttaggatt tatggaaaaa caacaatatg
6301 taacagtatt ttatgggata ccacattggg aagatgcata tgcacctctc ttttgtacca
6361 cctcccataa aggaggatgg gctactaaga attgtgtgcc gtcagcagat caaatagaag
6421 taagggtcaa cattacagga gaatactttc cagcatggaa tagcagtcac atgataaggc
6481 agcaaatatt agaggacatg tcagctttat tcttgcaagc caatagaccc tgtgtgaagc
6541 tagcacccat gtgtattagg atgttgtgta cattggacaa cagccctgct acaagtaccc
6601 ctactacaag tccccctact acacctccaa atgaaacgtg gtggggagac aacagtacag
6661 agccaagatt caattgctct tttaacttga caggggggtt caaggataaa aaacagcaat
6721 atagagcttt cttctataag gatgacttga tgaaagagga aggcaatagt agctattatt
6781 acctgttaca ttgtaataca agtgttatat ccgcagcatg tgagaaacag acctttcaac
6841 cctttccgat tcaatactgt gctccaccgg gttactcatt gttgaaatgc aatgatacaa
6901 attttgaagg agacgatgtc tgtacaaatg taactgcagt atcatgcaca caggaattca
6961 atacattggc tagcacatgg ttccaactga atgggaccta caaagcaaaa gataaagtta
7021 gatttatcaa acaaaaggat aaaaatgagt cagtaattat tttagttcca gaagcactta
7081 gattgcagat tatatgtgaa agaccaggaa atgagtctat caaaaatatt caattggctg
7141 caggctattt cctcccagta atacaaggga aattgaaaac cgggagggac gcaaaacgtg
7201 ccttctgtcg agtaacagga aattggacag aatttttaa gcaggtacat gaacaggcca
7261 cgaaaacctg gaaaaatgta accaacacca catggaggtc ccagccaggg ggagatctag
7321 aggtacgaac acattggttc caatgtgggg gagagttctt ctactgtaat gtatctaagc
7381 tctttgctaa cattacgaat ggaaacgcaa gtaagaataa ttatgccagt aaccttcgtc
7441 tgtcatgtgc cattcgccaa ataattaatg attggagata tgtaagaaaa ttgatatacc
7501 tgccccctac ggcagggcat attaaatgta cttccaatgt cactgcagta ttgacggaca
7561 tagaatacta cccaggatct acgttgaact ttactccaac agcaaatgtg gaggatgttt
7621 ggagagcaga tctgttcaat tataaattga ttcaaattaa accaattggc tttgcgccca
7681 ctgatcaacg tcggtatgag ttgcctaata ccagggaaaa aagggcagca ccattggcac
7741 ttgggttcct gggattactc tcggctgcgg gcactgcaat ggggggcgct gcgacagcgc
7801 taacactcca gtctcagact ttgttggctg ggatagtgca gcagcagcaa aagttgctgg
7861 aggcagttga ggcacagcaa cacctcttag gcttaactgt ctggggtgtc aaaaaccttа
7921 acgcccggct cacagcttta gagacgtatc tcagagacca ggccatcttg tcaaattggg
7981 gatgcgcatt caagcagatc tgccatacag cagtgacgtg ggagaaagca tgtggaaaca
8041 actccaactt ctgtcccaaa ccacagtgga aaaatatgac atggcacaga tgggaacaag
8101 aggtagacaa tttgactgac catattgatg gattgctcag agaagcacaa gaacaacagg
8161 agagaaatgt gcatgatcta acaaagttac aggaatggga ctcgttgtgg agctggtttg
8221 acttgtcgaa atggttcttt tatctaaaga taggatttta tgtaatagga gctttagtgc
8281 ttttaaggct agttagtttt agtgtaggaa tcataaagaa tttgttggga ggctatgttc
8341 ctattttgcA Gaaccctacc cagggccgga aggacccagg caaacccgca gacgaagaag
              /\ 3' sj
8401 aaggcagtgg agacagagaa ggactcaacg tctctacctt cagcagagaa tcttTGAggc
                                                              <- tat
8461 aatctttgga agcaggacag cagctttgga ggacagtctg cagcagcttc agatctctga
8521 tTAGacagct tactatcacc tggggattca tcagctATGg gttcaacgag ctcaaaatcg
       <- rev                            nef ->
8581 cagcagcttc gctcggaagg gaaatacgcg attgggtggc ggctatttgg caagcaatat
8641 acgccgctac cagacgagtt gtcgaggccg ttgcagcctt gccgcggagg cttcgacaag
8701 gcttggagat ctaccttaac TGAgcccatt gacccacacg ggccggacag agactgggga
                          <- env end
8761 cattcgggag gacaaaaatt ctcacctgga gatatagtgc aggatgaagg agacacaggt
8821 ctcgtaggtt tccctgtgtg tcctcaaaca ccactcagaa cattaaccta caaattggca
8881 atagacctct ctcattttat AAAAAACAAG GGAGGACtgc agggcatgaa ttattgtgaa
                           polypurine  tract
                                          U3 ->
8941 aagagagatg aaattcttca tctctaccta cagaatgagc atggaatcat agacaggatc
```

SIVSYK

```
9001 aattacacct cagggccagg aacccggtac ccgttaatct ttggatggtt atgggaacta
9061 gttccaaatg agatagaggg atgcttggag tatgaggagc atacactcct cctccatcca
9121 gcctctggac aggggagttc gagcatggga gaacctcatg tggaacttca acccccacct
9181 ggctatacac caggttggga gatggcccgc ttgcagttag agagacaaac aggaaaacca
9241 caagagctgc agtcagcact tagtaagaac atctccTAGg agactccatg gtgacaagct
                                          <- nef end
9301 cggcccaggg gaggagcctg ggcgggggaa ggctcaccct actgcataaa agccgatgct
9361 ctgtagctat cCGcggagtt gcaactagct ctctccagcg gcctgggagc cctgagagac
       R rpt start ->
                <- U3
9421 tggtagagcg gcccgggagc ccttgccagt aaaggctagt gaggtccggg tttggccgcc
9481 cggtcttcgg cagctctccg ttgcttgctt tgcttacgct gatcagccca aataaagtgt
9541 ggtaaacgca agtaacgtct gctctcatct gttctgctgg gtcacctccc gaaggtg
              <- R rpt end                                        <- 3' LTR
             U5 ->                                                <- U5
```

II

AMINO ACID SEQUENCES

The amino acid sequence alignments that follow were generated by the PIMA program ("pattern induced multiple alignment"; R.F.Smith and T.F.Smith, *PNAS* **87**:118, 1990 and *Protein Engineering* **5**:35, 1992). The alignments were also subject to some hand-editing performed with MASE (D.V. Faulkner and J. Jurka, *TIBS* **13**:321, 1988). For information concerning both these UNIX tools, contact Dr. Randal Smith, Institute of Molecular Genetics, Baylor College of Medicine, Houston, Texas, 713-798-4735.

With few exceptions (most notably with HIV-1 *env*), only full-length protein sequences have been included in this compilation. Sequences not ready for publication at this time, but which are reflected in the consensus sequences and patterns will usually be identified. Four or five sequence subtypes have been identified for HIV-1s (see Part I and Part III). At least two sequence subtypes exist for HIV-2s, however we will await further sequences before pursuing that classification. Sequence subtypes have been defined by "cladistic" criteria applied to nucleotide sequences; it remains to be seen whether the amino acid sequence subtypes inferred from that classification are valid, or whether a "phenetic" classification would be preferable.

The reference sequences for the alignments are mixed case consensus sequences in which upper case letters refer to amino acid residues which are conserved 100% and lower case letters represent amino acid residues conserved in at least 50% of the sequences. Again, for type 1 viral sequences, consensus sequences have been generated for the four or five well-defined subtypes (see Parts I and III). The user should keep in mind that these subtypes have been "cladistically' defined, not "phenetically" defined (the number of phenotypes remains to be discovered).

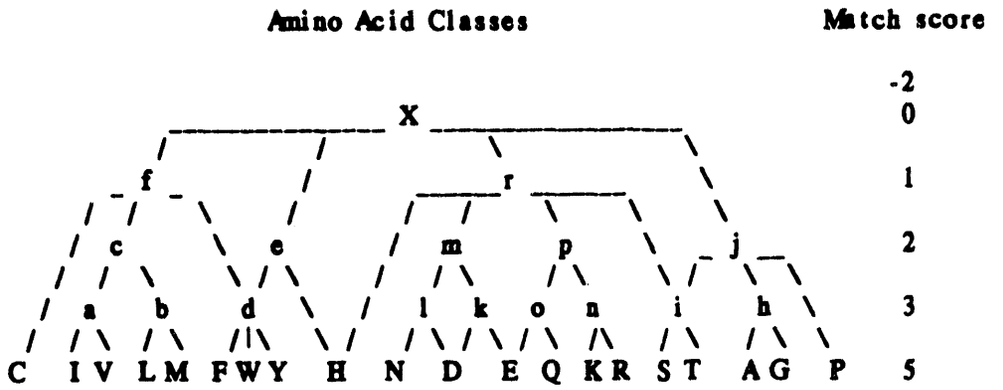
Within the sequences, "-"'s are used to indicate residues conserved with respect to the reference sequence and "."'s represent actual gaps. Blank spaces within the alignment indicate lack of sequence information over that region. Annotation of the *env* amino acid sequences utilizes "*" (or sometimes "#") for conserved cysteine residues and "^^^" for potential N-linked glycosylation sites. A summary of *env* cysteine and N-linked glycosylation sites is found in Part III.

Following each alignment, the consensus sequence for that alignment is shown with the corresponding AACC ("amino acid class covering") pattern. The AACC patterns are described in the above-mentioned references of Smith and Smith and the amino acid hierarchy used to construct the patterns is shown in the diagram below. Each position in a pattern represents the minimum inclusive amino acid class that covers the range of residues observed or anticipated at that position for the entire set of sequences in alignment. Ordinary consensus sequences have the disadvantage of being "averages," thus they reduce the information represented in the variation; however, they are relatively insensitive to sequence errors and defective viral sequences. The AACC patterns, sometimes called "consensus-like" patterns retain more of the information but they are highly subject to outliers and spurious variants. By presenting both kinds of consensus sequences, we cover the information from both directions.

In the AACC patterns, upper case letters indicate identities, i.e., 100% conservation of a particular amino acid at that position, with exception of the wild-card "X." Gaps are represented by "."s. Positions at which all the observed and anticipated amino acid residues belong to a particular amino acid class are indicated by "^"s, with all the members of that class listed vertically below that position. This listing does not imply that all such substitutions have occurred at that site, nor does it preclude the possibility of a non-conserved replacement at that site.

The AACC analysis utility calculates the information content, or the number of amino acid equivalents, contained in each pattern: totally variable sites (wild-card X) have 0 information and

totally invariant sites (a specific amino acid) have information of one. All other sites, more or less variable, take on values between 0 and 1.0 amino acid equivalents. For this calculation, all 20 amino acids are assumed to have equal informational content, and regions separated by gaps are assumed to be statistically independent of one another. An additional calculation derives a length-normalized information content, or information density, from each pattern.



PART II Amino Acid Sequences and their Variation

Introduction II-A-1

Contents(1993) II-A-3

A. HIV-1 Alignments and Consensus Sequences

GAG I-A-5

POL 24

VIF 32

VPR 34

TAT 35

REV 37

VPU 39

ENV 41

NEF 56

HIV-1 Patterns . . . . . .

B. HIV-2/SIV Alignments and Consensus Sequences

GAG I-B-1

POL 4

VIF 10

VPX 12

VPR 13

TAT 14

REV 15

ENV 17

NEF 22

HIV-2/SIV Patterns . . . . . .

C. SIVAGM and SIVSYK Alignments and Consensus Sequences

GAG I-C-1

POL 3

VIF 8

VPR 9

TAT 10

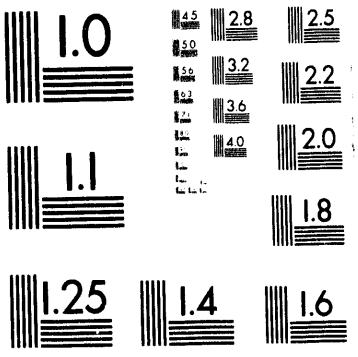
REV 11

ENV 12

NEF 15

SIVAGM (and SYKES and MND) Patterns . . . . . .

Contents


1.0
1.1
1.25
1.4
1.6
1.8
2.0
2.2
2.5
2.8
3.2
3.6
4.0
4.5
5.0
5.6
6.3
7.1

6 of 11

HIV-1 GAG

In the 1992 database compendium four distinct sequence subtypes for gag were defined. Recent work by the Henry M. Jackson Foundation and Walter Reed (Louwagie et al., AIDS 7: 769-780, 1993) has recognized an additional three gag sequence subtypes (E, F, G). Because their (E) subtype has no special relationship to the previously defined env E subtype, it is placed in parentheses herein. For similar reasons, their (F) and (G) sequences, apparently minor species, have been aligned with outlying sequences under Consensus.O. The highly divergent Cameroonian isolate sequences, ANT70 and MVP5180, define the subtype O; those sequences were provided prior to publication by Drs. Saman and vanden Haesevelde, Innogenetics, Belgium, and by Dr. Lutz Gurtler and colleagues at the Max v. Pettenkofer Institute, Munich. Peptides 'p2' and 'p1' are named by analogy with peptides characterized in SIVs, thus their names do not imply a certain molecular weight. Protein processing sites have been determined for select isolates -- MN, BH10, etc. -- and may not hold for other isolates (we thank Dr. Lou Henderson at NCI-Frederick for advising the database in these regards).

HIV-1 GAG

```
CONSENSUS.A   mGARaSvLsggkLDawekIrLRPgGkKkYrlKHlvwAsreLerFaLnPslLeT?egcqqimeQlqsalkT   69
HIVU455       M---A-V-SGKK--SWEK-R---G-N-K-RL--LVW-SRE-EK-T-N-GL-E-AEGCQQILG-LQPALQ-   70
HIVUG266      M---V-V-SEGK--A EK-R---E-K-K-KL--LV -SRE-EK-A-N-SL-E-TEGCQRILE-LQPALQ-   68
HIVMAL        M---A-V-SGGK--AWEK-R---G-K-K-RL--LVW-SRE-ER-A-N-GL-E-GEGCQQIME-LQSTLK-   70
HIVVI32       M---A-V-SGGK--AWEK-R---G-K-K-RM--LVW-SRE-DR-A-N-SL-E-KEGCQQIME-LESALK-   70
HIVVI57       M---A-V-SGGK--AWEK-R---G-K-K-RL--LVW-SRE-ER-A-N-SL-E-TEGCQQILE-LQPALK-   70
HIVVI59       I---A-V-SEGK--AXEK-R---G-K-Q-RL--LVX-SKE-ER-A-N-SL-E-TEGCQQIIE-LQPALK-   70
HIVVI310      M---A-V-SGGK--KWEK-R---G-K-Q-RL--LVW-SRE-ER-A-N-SL-E-TEGCQQIIE-LQPALK-   70
HIVVI354      M---A-I-SGGK--AWKR-R---G-K-K-QI--IVW-SRK-EK-A-N-GL-K-AEGCQQIME-LQSALK-   70
HIVVI415      M---A-V-SGGK--AWEK-R---G-R-K-RM--LVW-SRE-DR-A-N-GL-E-AEGCQQILE-LQPALK-   70
HIVK7         I---A-V-SGGQ--RXEK-R---G-K-K-RL--LVW-SRE-ER-A-N-SL-E-TERCQQIME-LQSALK-   70
HIVK29        M---A-V-SGGK--AWEK-R---G-K-K-RM--LVW-SRE-ER-A-N-SL-E-TEGCQQIIE-LQPALK-   70
HIVK88        M---A-V-SGGK--AWEK-R---G-K-K-RM--LVW-SRE-DR-A-N-SL-E-AEGCQQIME-LQSALK-   70
HIVK89        M---A-V-SGGK--TWEK-R---G-K-K-KL--LVW-SRE-ER-A-N-SL-E-TEGCQQIME-LQPALK-   70
HIVK98        M---T-V-SGGK--AWEK-R---G-N-R-KL--IVW-SRE-ER-A-N-GL-E-TEGCQQIMK-LQSALQ-   70
HIVK112       M---A-V-SGGK--AWEK-R---G-K-K-RI--LVW-SRE-EK-A-N-SL-E-TEGCQQIME-LQSALK-   70
HIVK124       M---A-V-SGGK--AWEK-R---G-K-K-RL--LVW-SRE-ER-A-N-SL-E-TEGCQQIME-LQSSLK-   70
HIVCI4        M---A-V-SGGK--AWEK-R---G-K-K-RM--LIW-GRE-ER-A-N-SL-E-TEGCQQIMA-LQSALK-   70
HIVCI20       M---A-V-SGGK--AWEK-R---G-K-K-RL--LVW-SRE-ER-A-N-SL-E-AGGCQQLME-LQAHLR-   70
HIVCI32       M---A-V-SGGR--AWEK-R---G-K-K-KL--LVW-SRE-ER-A-N-SL-E-SEGCQQLIE-FQSTLG-   70
HIVCI51       M---A-I-SGGK--SWEK-R---G-R-Q-RL--LVW-SRE-ER-A-N-SL-E-AEGCQQIIE-LQSALK-   70
HIVCI59       M---A-V-SGGK--AWEK-R---G-K-K-RL--LVW-SRE-ER-A-N-GL-E-ADGCQQLME-LQSALR-   70
HIVG141       M---A-V-SGGK--DWEK-Q---G-T-R-KL--IVW-SRE-ER-A-D-SL-E-SEGCKQILG-LQPALK-   70
HIVTN238      M---A-V-TGGK--AWEK-R---G-R-K-KI--LVW-SRE-ER-A-N-GL-E-VEGCQQIIE-LQSTLK-   70
HIVTN243      M---A-V-SGGK--AWEK-R---G-R-K-RM--LVW-SRE-ER-A-N-GL-E-AEGCQQIIE-LQSTLK-   70
HIVTN240      M---A-V-SGGK--AWEK-R---G-R-K-RL--LVW-SRE-ER-A-N-SF-E-AEGCQQIIE-LQSTLK-   70
HIVTN245      M---A-V-SGGK--AWEK-R---G-R-K-KM--LVW-SRE-ER-A-N-GL-E-AEGRQQIIR-LQSTLK-   70
HIVLBV105     M---A-V-SGGK--TWEK-R---G-K-K-RM--LVW-SRE-ER-A-N-GL-E-AEGCQQILE-LQPSVK-   70
HIVLBV23      M---A-V-SGGK--AWER-R---G-K-K-RM--LVW-SRE-ER-A-N-GL-E-AEGCQQIMG-LQTALQ-   70
HIVLBV2310    M---A-V-SGGK--SWEK-R---G-K-K-RL--LVW-SRE-ER-A-N-GL-E-AEGCQQLME-LQSALR-   70
HIVIC144      M---A-V-SGGK--AWEK-R---G-K-K-RL--LVW-SRE-ER-A-N-GF-E-AEGCQQLME-LQSTLK-   70
HIVDJ258      M---A-V-SGGK--SWEK-R---G-K-K-RL--LVW-SRE-ER-A-N-GL-E-AEGCQQLME-LQSALG-   70
CONSENSUS.B   MGARASVLSgGeLDrWekIRLRPgGKKkYkLKHiVWASReLERFAvnPgLLEtseGCRqIlgQLqPsLqT   70
HIVSF2        ---------G-E--K-EK-----G---K-K---I-----E-----VN-G---TSE---Q-LG--Q-S-Q-   70
HIVBZ167      ---------G-E--R-EK-----G---K-R---V-----E-----VN-G---TAA---Q-LG--Q-S-Q-   70
HIVBZ190      ---------G-K--K-EK-----G---R-Q---I-----E-----VN-G---TAE---Q-LG--Q-S-Q-   70
HIVBZ200      ---------G-E--K-EK-----G---A-K---I-----E-----VN-G---TSE---K-IG--Q-S-Q-   70
HIVPH136      ---------G-E--R-ER-----G---K-K---I-----E-----VN-G---TSG---Q-LE--Q-A-Q-   70
HIVPH153      ---------G-K--R-EK-----G---K-Q---I-----E-----VN-G---TSE---Q-LG--H-A-Q-   70
HIVTB132      ---------G-Q--R-KK-----G---K-R---I-----E-----VN-G---TSE---Q-LG--Q-S-Q-   70
HIVLAI        ---------G-E--R-EK-----G---K-K---I-----E-----VN-G---TSE---Q-LG--Q-S-Q-   70
HIVHXB2R      ---------G-E--R-EK-----G---K-K---I-----E-----VN-G---TSE---Q-LG--Q-S-Q-   70
HIVBH102      ---------G-E--R-EK-----G---K-K---I-----E-----VN-G---TSE---Q-LG--Q-S-Q-   70
HIVPV22       ---------G-E--R-EK-----G---K-K---I-----E-----VN-G---TSE---Q-LG--Q-S-Q-   70
HIVMN         ---------G-E--R-EN-----G---K-K---V-----E-----VN-G---TSE---Q-LG--Q-S-Q-   70
HIVJH3        ---------G-E--R-EK-----G---K-K---I-----E-----VN-S---TSE---Q-LG--Q-S-Q-   70
HIVJRCSF      ---------G-E--R-EK-----G---K-R---I-----E-----VN-G---SSE---Q-LG--Q-S-K-   70
HIVOYI        ---------G-E--K-EK-----G---K-Q---I-----E-----IN-G---TSE---Q-LG--Q-S-K-   70
HIVNY5CG      ---------G-E--K-EK-----G---Q-R---I-----E-----VN-G---TSE---Q-LR--Q-S-Q-   70
HIVNL43       ---------G-E--K-EK-----G---Q-K---I-----E-----VN-G---TSE---Q-LG--Q-S-Q-   70
HIVCDC4       ---------G-E--R-EK-----G---Q-R---I-----K-----VN-G---TSK---Q-LG--Q-S-Q-   70
HIVHAN        ---------G-E--K-EK-----G---K-Q---I-----E-----VN-G---TSE---Q-MG--Q-S-Q-   70
HIVCAM1       ---------G-E--K-EK-----G---K-K---I-----E-----VN-G---TSE---Q-LG--Q-S-Q-   70
HIVRF         ---------G-K--K-EK-----R---R-K---I-----E-----VN-S---TAE---Q-LG--Q-A-Q-   70
HIVD31        ---------G-E--R-EK-----G---K-R---I-----E-----VN-G---TSE---Q-LG--Q-S-Q-   70
HIVJRFL       ---------G-K--K-EK-----G---K-R---I-----E-----VN-G---SSE---Q-LG--L-A-K-   70
HIVUG280      ---------G-E--R-EK-----G---K-K---I-----E-----VN-G---TSE---Q-LG--Q-A-Q-   70
HIVYU2        ---------A-E--K-EK-----G---Q-R---I-----E-----VD-G---TSE---Q-LG--Q-S-Q-   70
CONSENSUS.C   MGARASiLrGgKLD?WEkIrLrPGGkKhYMiKHLVWASRELerFALnpgLLETseGCkqIikqLqPalQT   69
HIVUG268      ------V-R-G---T--K-K-R---K-C--M----------GR---NSG----SE--KQ-MKQ-Q-AL--   70
HIVSM145      ------I-R-G---A--R-R-R---K-H--I----------ER---NPG----SE--KQ-MKQ-Q-AL--   70
HIVZAM18      ------I-K-G---T--K-R-R---K-H--I----------ER---NPG----SE--KQ-IKQ-Q-SI--   70
HIVZAM19      ------I-X-G---A--K-R-R---K-H--I----------ER---NPG----SE--KQ-IKQ-Q-AL--   70
HIVZAM20      ------I-R-G---K--K-R-R---K-H--I----------ER---NPG----AD--KQ-IRQ-H-AL--   70
HIVDJ259      ------I-R-E---A--K-K-R---R-R--L----------EK---NPS----SE--KQ-IRQ-Q-AL--   70
HIVVI313      ------I-R-G---T--R-K-K---K-H--M----------ER---DPG----SQ--RE-IKK-Q-AL--   70
```

```
CONSENSUS.D   MGARASVLsGGkLD?WEkIrLRPGgkKKY?LKHivWASRELeRfalNPGLLETseGCkQIigQLqPaiqt   68
HIVELI        --------S--K--K-R----GK---R---IV------E-YAL-------SE--K--IG--Q-AIQT   70
HIVNDK        --------S--K--T--R-R----GK---A---LI------E-FTL-------SE--K--IG--Q-SIQT   70
HIVZ2Z6       ---------S--K--A--K-R----GK---R---LV------E-FAL-------SD--K--IG--Q-AIRT   70
HIVVI203      --------T--K--S--K-R----GK---R---IV------E-FAL-------SE--K--IE--Q-SIQT   70
HIVVI205      --------S--K--Q--K-R----KS---R---IV------K-FAL-------SE--R--IE--Q-AIQT   70
HIVG109       --------S--Q--A--R-R----GK---Q---IV------E-FAL-------AE--K--IE--H-NLQS   70
HIVK31        --------S--K--E--K-Q----GH---K---IV------E-FAI-------PE--K--MG--H-AIQT   70
HIVUG274      --------S--K--E--K-R----GN---K---IV------E-FAI-------SE--K--MG--Q-ALKT   70
HIVUG270      --------S--K--E--K-R----GN---K---LV------E-FAL-------SE--K--MG--Q-SIQT   70
HIVSE365      --------S--Q--R--K-R----GK---K---IV------E-FAL-------SE--R--IG--Q-AIQT   70
CONSENSUS(E)  MGARASVLSGGKLDAWEKIrLRPGGkKKYrmKHLvWASRELERFAidPGLLETsEGCrKIIGQLQpSLQT   70
HIVVI174      -------------------Q-----K---RM---V----------ID------P---R-------T----   70
HIVVI69       --------------------R-----R---KM---I----------LD------S---R-------P----   70
HIVBZ162      -------------------R-----K---RL---V----------IN------S---Q-------P----   70
CONSENSUS.O   MGArASVLsGgkLDaWEkiRLrPGgkKkYrlKHLVWAsrELerfAlnpgLlet?EGc?q???QLqPalkt   65
HIVVI191(F)   ---R----S-GK--A--KI--R--GK-Q-RI------SR--EKF-LNPG-LETT--CQQIMR--Q-ALQT   70
HIVLBV217(F)  ---R----S-GK--E--KI--R--GK-K-RM------SR--ERF-LNPG-LETT--CQQILQ--Q-SLQT   70
HIVVI525(G)   ---R----S-GR--A--KI--R--GK-Q-RL------SR--ERF-LNPG-LETS--CLQIIE--Q-ALKT   70
HIVVI557(G)   ---R----S-GK--A--KI--R--GK-K-RL------SR--ERF-LNPD-LDTA--CLQLIE--Q-ALKT   70
HIVVI325      ---R----S-GK--T--KI--R--GS-K-RL------SR--ERF-LNPS-LETT--CRQIIR--Q-SLQT   70
HIVANT70      ---S----T-SK--A--QI--K--SK-K-RL------SR--ERF-CNPE-LETA--NEKLLQ--E-ALKT   70
HIVMVP51      ---R----T-SK--A--RI--R--SK-A-RL------SR--ERY-CNPG-LETA--TEQLLQ--E-ALKT   70
CPZGAB        ---R----T-GK--R--KV--R--GR-R-MM------SR--ERF-CDPG-MESK--CTKLLQ--E-ALKT   70
```

```
CONSENSUS.A   g?eElkSLfNtvatLyCvHqrIdvkDtKeA..ldkiEei.qnkskqk..tqq...aaA???????.....  118
HIVU455       GTE-LR--Y-TVAV-Y-V-QR-DVK-T-E-..LNKI-EM.QNKNKQR..TQQ...AA-N..........  121
HIVUG266      GAE-LR--Y-TVAV-Y-V-QR-EIK-T-E-..LDKI-EM.QNKSKQK..TQQ...AA-N..........  119
HIVMAL        GSE-IK--Y-TVAT-Y-V-QR-DVK-T-E-..LDKI-EI.QNKSRQK..TQQ...AA-AQQAAAA.....  127
HIVVI32       GTE-IK--Y-TVAV-F-V-QR-DVK-T-E-..LDKI-EI.KNKSKQK..AQQ...AA-D..........  121
HIVVI57       GTE-LK--F-TVAV-Y-V-QR-EVK-T-D-..LDKI-EI.QKKSKQK..TQQ...AA-D..........  121
HIVVI59       GTE-LR--F-AVAV-Y-V-QR-DIK-T-E-..LDKI-EM.QNKSKQK..TQQ...AA-N..........  121
HIVVI310      GTE-LR--F-TIAV-Y-V-QR-EVK-T-E-..LDKI-EI.QNKSKQK..KQQ...AE-D..........  121
HIVVI354      GSE-LK--F-TVAT-Y-V-QK-NVK-T-E-..LDKI-EI.QNKSKQK..TQQ...AA-A..........  121
HIVVI415      GTE-IK--Y-TVAT-Y-V-QR-DVK-T-E-..LDKI-EI.KNKNKQK..TQQ...AA-G..........  121
HIVK7         GTE-LR--Y-TVAT-Y-V-RQ-EVK-T-E-..LDKI-EI.QNKSKQK..TQQ...AA-D..........  121
HIVK29        GTE-LR--F-TVAT-Y-V-QR-EVK-A-E-..LDKI-EL.QNKSKQK..TQQ...AA-A..........  121
HIVK88        GTE-LR--F-TVAT-Y-V-QR-DVK-T-E-..LDKI-EI.QNKSKQK..TQQ...AA-D..........  121
HIVK89        GTE-LR--F-TVAT-W-V-QQ-NVK-T-E-..LDKI-EI.QNKNKQK..TQQ...AA-D..........  121
HIVK98        GTE-LR--Y-TVAT-Y-V-QR-DVK-T-E-..LDKI-EI.QNKSKQK..EQQ...AA-D..........  121
HIVK112       GTE-LR--F-TVAT-Y-V-QR-DVK-T-E-..LDKI-EI.QNKSKQK..TQQ...AA-D..........  121
HIVK124       GTE-IR--F-AVAV-Y-V-QR-EVK-T-E-..LDKI-EM.QNKSKQK..TQQ...AA-D..........  121
HIVCI4        GTE-LR--Y-TVAT-Y-V-QR-DVK-T-E-..LDKI-EI.QNKSKQ....QQ...AA-D..........  119
HIVCI20       GSE-LK--F-TIAT-W-V-QR-DIK-T-E-..LDKI-VI.QNKSK.........TA-A..........  116
HIVCI32       GSE-LR--Y-TIAT-W-V-RR-EIK-T-E-..LDKI-EI.QNKSKQK..TQQ...AA-AQAAAA.....  126
HIVCI51       GSE-LR--F-TVAT-W-V-QR-DIK-T-E-..LDKI-EI.Q..SKQK..KQQ...AA-A..........  119
HIVCI59       GSE-LK--F-AIAV-W-V-QR-DIK-T-E-..LDKL-EV.QNKSKQK..TQQ...AA-A..........  121
HIVG141       GSE-LK--Y-TVAT-Y-V-AR-EIK-T-E-..LDKI-EI.QNKSKQ.........AA-A..........  117
HIVTN238      GSE-LK--F-TVAT-W-V-QR-EVK-T-E-..LDKI-EV.QNKSQQK..TQQ...AA-G..........  121
HIVTN243      GSE-LK--F-TVAT-W-V-QR-EVK-T-E-..LDKI-EV.QNKSQQK..TQQ...AA-G..........  121
HIVTN240      GSE-LK--F-TVAT-W-V-QR-EVK-T-E-..LDKI-EV.QNKSQQK..TQQ...AA-G..........  121
HIVTN245      GSE-LK--F-TVVT-W-V-QR-EVK-T-E-..LDKI-EV.QNKSQQK..TQQ...AA-G..........  121
HIVLBV105     GSE-LR--F-TVVT-L-V-QR-EVR-T-E-..IDKI-EI.QNKSKQK..TQQ...AA-D..........  121
HIVLBV23      GTE-LK--H-TVAV-Y-V-QR-DVK-T-E-..LDRI-EI.QKKSKHQ..TQQ...AA-D..........  121
HIVLBV2310    GSE-LK--F-TIAT-W-V-QR-DVK-T-E-..LDKL-EI.QNKSKQK..TQQ...AA-A..........  121
HIVIC144      GSE-VK--F-TIAT-Y-I-QR-DIR-T-E-..LDKI-EI.QNKSKQK..TQQ...AA-V..........  121
HIVDJ258      ESK-LK--Y-TIAV-W-V-QR-DIK-T-E-..LDKI-AV.QNKSKQK..TQQ...AA-A..........  121
CONSENSUS.B   GsEElrSLyNtvAtLYCvHQrIevkDTKEA..LdKiEEE.QnkSkkK..aqq.??aAad..........  121
HIVSF2        -S--LR--Y-TV-T---V--R-DVK------..-E-I---.-NK-KK-..AQQ.AAA-AG..........  123
HIVBZ167      -S--LR--Y-TV-T---V--K-DVR------..-E-V---.-NK-KE-..AQQ..AA-AD..........  122
HIVBZ190      -S--LK--F-AV-V---V--Q-EVK------..-D-I---.-NI-KK-..TQQ...A-AD..........  121
HIVBZ200      -S--LR--Y-TV-V---A--K-DVK------..-D-I---.-DK-KK-..AQQ...A-AD..........  121
HIVPH136      -S--LK--H-TV-T---V--K-DVK------..-E-I---.-NK-KK-..AQQ...A-AD..........  121
HIVPH153      -T--LR--Y-TV-T---V--N-EVK------..-E-I---.-NK-NK-..AQQ...A-AD..........  121
HIVTB132      -S--LR--Y-TI-V---V--K-EVK------..-E-I---.-NK-KK-..AQQ...A-AN..........  121
HIVLAI        -S--LR--Y-TV-T---V--R-EIK------..-D-I---.-NK-KK-..AQQ...A-AD..........  121
HIVHXB2R      -S--LR--Y-TV-T---V--R-EIK------..-D-I---.-NK-KK-..AQQ...A-AD..........  121
HIVBH102      -S--LR--Y-TV-T---V--R-EIK------..-D-I---.-NK-KK-..AQQ...A-AD..........  121
HIVPV22       -S--LR--Y-TV-T---V--R-EIK------..-D-I---.-NK-KK-..AQQ...A-AD..........  121
HIVMN         -S--LK--Y-TV-T---V--K-EIK------..-E-I---.-NK-KK-..AQQ...A-AD..........  121
HIVJH3        -S--LK--F-TV-T---V--R-EVK------..-E-I---.-NK-KK-..AQQ...A-AD..........  121
HIVJRCSF      -S--LT--Y-TV-T---V--R-EIK------..-E-I---.-TK-MK-..AQQ...A-AD..........  121
HIVOYI        -S--IR--Y-TV-T---V--K-EVK------..-D-I---.-NK-KK-..AQQ...T-AD..........  121
HIVNY5CG      -S--RR--F-TV-V---V--R-DVK------..-D-I---.-NK-KK-..AQQ...A-AD..........  121
HIVNL43       -S--LR--Y-TI-V---V--R-DVK------..-D-I---.-NK-KK-..AQQ...A-AD..........  121
HIVCDC4       -S--LR--Y-TV-T---V--R-EVR------..-D-I---.-NK-KK-..AQQ...A-AD..........  121
HIVHAN        -S--LR--Y-TV-T---V--K-EVK------..-D-V---.-NN-KK-..AQQ...E-AD..........  121
HIVCAM1       -S--LR--Y-TV-T---V--K-DVK------..-E-I---.-NK-KK-..AQQ...A-AG..........  121
HIVRF         -S--LK--Y-AV-T---V--N-EVR------..-D-I---.-NK-KK-..AQQ...A-AD..........  121
HIVD31        -S--LR--F-TV-T---V--R-EVK------..-D-I---.-NK-KK-..AQP...A-RD..........  121
HIVJRFL       -S--LR--Y-TV-T---V--R-EVK------..-E-I---.-AK-KK-....E...A-AD..........  119
HIVUG280      -S--LR--F-TV-T---V--R-DVK------..-D-I---.-NK-KK-..EQQ...A-AG..........  121
HIVYU2        -S--LR--Y-TV-T---V--K-EVK------..-E-I---.-NK-KK-..AQQ...A-AD..........  121
CONSENSUS.C   GTeELrSL?NtVatLyCVH??IevrDTKEA..LDkieEE.QNK?QQK??Tqq..ak?ad..........  116
HIVUG268      --D--R--Y-T-AT-Y---KG-EVR------..--KIE--.---I---..-ET...ADKG..........  121
HIVSM145      --E--R--F-T-AT-Y---EK-EVR------..--KIE--.---S---..-QQ..AKAAD..........  122
HIVZAM18      --E--K--F-T-VT-W---ED-TVR------..--RLE--.---S---TK-QQ..AKAAD..........  124
HIVZAM19      --E--K--H-A-AV-Y---KX-TVR------..--RIE--.---C---..-QQ..AKEAD..........  122
HIVZAM20      --E--R--Y-T-AT-Y---AG-EVR------..--EIE--.---C---..-QQ..AKTAD..........  122
HIVDJ259      --E--R--Y-T-AT-Y---AR-EIQ------..--KIE--.---C---..-QK..AETAD..........  122
HIVVI313      --K--1--H-T-AT-Y---EK-EIR------..--KIK--.---S---..-QQ..AAAAD..........  122
```

```
CONSENSUS.D   GseelkSL?NTvATLYCVHerIeVkdTKEA..leKmEEE.qnKSKkK.?aQQ???atAD.....  118
HIVELI        -TEELR--Y--V-------KG-D-KD----..LE-M---.QN---K-..A--...AA--.....  121
HIVNDK        -SEEIR--Y--V--------ER-E-KD----..VE-M---.QN---K-..T--...AA--.....  121
HIVZ2Z6       -SEELR--F--V-------ER-E-KD----..LE-M---.QN---N-.KA--...AA--.....  122
HIVVI203      -TEELK--F--V-------QR-E-KD----..LD-L---.QN---K-..A--...AT--.....  121
HIVVI205      -SKEIK--F--V-------KR-E-KD----..LE-L---.QN---K-.RA--...AA--.....  122
HIVG109       -SEDLK--Y--V-------NR-E-KD----..LE-M---.QN---K-..A--AQQAT--.....  124
HIVK31        -SEEIK--Y--V-------AG-K-TN----..LD-I---.QT---K-..A--...ET--.....  121
HIVUG274      -SEEIK--F--V-------ER-K-TD----..LD-I---.QT---K-..A--...AT--.....  121
HIVUG270      -SEEVK--F--V-------ER-K-AD----..LD-I---.QT---K-..A--...AT--.....  121
HIVSE365      -SEELR--Y--I-------EK-E-KD----..VE-M---.RN---K-..V--...AT--.....  121
CONSENSUS(E)  GSEELRSLyNTvaVLYfVHQrVEvKDTKEA..LeKLEEE.QNKSQQK..tqQ...?AAD.....  120
HIVVI174      --------F--IV---Y---R--I------..-E-----.--------..TQ-....---.....  120
HIVVI69       --------Y--VA---F---K--V------..-E-----.--------..KQ-...V---.....  121
HIVBZ162      --------Y--VA---F---R--V------..-D-----.--------..TK-...A---.....  121
CONSENSUS.O   gseel?SLfN??avLwCvHqri?ikDTkeA??l?kl?e??q??sqqk..?qq..??t????????????  103
HIVVI191(F)   GTEEIK--Y-TIAT-Y-V-QRIEIK--QE-..LQEVEKA.QKKSQQK..TQT......E.....  118
HIVLBV217(F)  GTEELK--F-AVAV-W-I-QRIGVK--KE-..LEEVEKR.QKNSQQK..IQQ...A..D.....  119
HIVVI525(G)   GTEELQ--F-LLAV-Y-V-QRIDIK--KE-..LSKIEEV.QNNRQQK..TQQ...ATAD.....  121
HIVVI557(G)   GTEELQ--F-LLAT-Y-V-QRIDVK--KE-..LEKLKEA.QNKSQNR..TQQ...ATGD.....  121
HIVVI325      GSEELK--F-TVVT-Y-V-QRIEIR--KE-..LDKLEEE.QNKSKQK..AQQ...ETAN.....  121
HIVANT70      GSDSLQ--W-AIVV-W-V-NRYKIG--QQ-..IQKLKEVM.GSRKSA..DAA....KED.....  120
HIVMVP51      GSEDLK--W-AIAV-W-V-NRFDIR--QQ-..IQKLKEVM.ASRKSA..EAA....KEE.....  120
CPZGAB        GSEGLR--F-TLAV-W-I-SDITVE--QK-..LEQLKR..HHG......EQQ..SKTESNSG.....  120
```

HIV-1 GAG

```
                                  p17 \/ p24
CONSENSUS.A     ....Tgnss?????....kvSqNYPIVQNaQgQm?hQ?lSPrTLnAwVKviEekaFspEVIPmFsaLSEG   173
HIVU455         ....-GS.............-Q-------A-G-PVH-AL--R--N-W--VV-DKA-SP---M-SA----   174
HIVUG266        ....-GNSN.........KV-Q-------T-R-MTY-AL--R--N-- --VV-EKA-SP----M-SA----   175
HIVMAL          ....-KNSS.........SV-Q-------A-G-MIH-AI--R--N-W--VI-EKA-SP----M-SA----   184
HIVVI32         ....-GNSG.........KV-Q-------A-G-MIH-SL--R--N-W--VI-EKA-SP----T-SA----   178
HIVVI57         ....-GNSS.........KV-Q-------A-G-MIH-AV--R--N-W--VI-EKA-SP----M-SA----   178
HIVVI59         ....-GNSN.........KV-Q-------A-G-IVH-AL--K--N-X--VV-EKA-SP----M-SE----   178
HIVVI310        ....-.NSS.........KV-H-------A-G-MVH-SL--R--N-W--VI-ERA-SP----M-SA----   177
HIVVI354        ....-ENSS.........KV-Q-------A-G-MVH-AM--R--N-W--VI-EKG-SP----M-SA----   178
HIVVI415        ....-GNSS.........NV-Q-------A-G-MIH-AI--R--N-W--VI-EKA-SP----M-SA----   178
HIVK7           ....-GNSS.........KV-Q-------A-R-MIH-NL--R--N-X--VI-EKA-SL----M-SA----   178
HIVK29          ....-GNSS.........KV-Q-------A-G-MTH-SL--R--N-W--VI-EKA-SP----M-SA----   178
HIVK88          ....-GNSS.........KV-Q-------A-G-MIH-TL--R--N-W--VI-EKA-SP----M-SA----   178
HIVK89          ....-GNNS.........KV-Q-------A-G-MIL-TL--R--N-W--VI-EKA-SP----M-SA----   178
HIVK98          ....-GNSS.........KV-Q-------A-G-MIH-NL--R--N-W--VI-EKA-SP----M-SA----   178
HIVK112         ....-ESSS.........KV-Q-------A-G-MIH-NL--R--N-W--VI-EKA-SP----M-SA----   178
HIVK124         ....-GNSS.........KV-Q-------A-G-MIH-SL--R--N-W--VI-EKA-SP----M-SA----   178
HIVCI4          ....-GNSR.........QV-Q-------A-G-MVH-SI--R--N-W--VI-EKA-SP----M-SA----   176
HIVCI20         ....-G.SS.........-Q-------A-G-MTH-SM--R--N-W--VI-EKA-SP----M-TA----   170
HIVCI32         ....-G.SN.........-Q-------L-G-MVH-AL--R--N-W--VI-EKA-SP----M-TA----   180
HIVCI51         ....-G.SS.........-Q-------A-G-MTH-SI--R--N-W--AI-ERA-SP----M-SA----   173
HIVCI59         ....-G.SG.........-Q-------A-G-MTH-PM--R--N-W--VI-EKA-SP----M-TA----   175
HIVG141         ....-GSRS.........ST-Q-------A-G-MVH-AI--R--N-W--VI-EKA-SP----M-SA----   174
HIVTN238        ....-GSSS.........KV-Q-------A-G-MVH-PL--R--N-W--VV-KKG-NP----M-SA----   178
HIVTN243        ....-GSSS.........KV-Q-------A-G-MVH-PL--R--N-W--VV-EKG-NP----M-SA----   178
HIVTN240        ....-GSSS.........KV-Q-------A-G-MAH-PL--R--N-W--VV-EKG-NP----M-SA----   178
HIVTN245        ....-GSSS.........KV-Q-------A-G-MAH-PL--R--N-W--VV-EKG-NP----M-SA----   178
HIVLBV105       ....-G.SSNKGSQ....NV-Q-------V-G-MVH-PV--R--D-W--VI-EKG-NP----M-SA----   182
HIVLBV23        ....-GNGS.........KV-Q-------A-G-MIH-AL--R--N-W--AI-EKA-SP----M-TA----   178
HIVLBV2310      ....-G.SS.........-Q-------A-G-MTH-PM--R--N-W--VI-EKA-SP----M-SA----   175
HIVIC144        ....-G.SS.........-Q-------A-G-MTH-PI--R--N-W--VI-EKA-SP----M-SA----   175
HIVDJ258        ....-G.SS.........-Q-------A-G-MVH-PM--R--N-W--VI-EKA-SP----M-TA----   175
CONSENSUS.B     .???tgnss.........qVSQNYPIVQnlqGQMVHQaiSPRTLNAWVKVvEEKAFSPEVIPMFsALsEG   178
HIVSF2          ....TGNSS.........Q---------NLQ------AI----------V----------S--S--   180
HIVBZ167        ....AGTSS.........Q---------NMQ------AI----------I----------S--S--   179
HIVBZ190        ....TGNNS.........Q---------NLQ------AI----------V----------S--A--   178
HIVBZ200        ....TGNSS.........K---------NLQ------AI----------V----------S--S--   178
HIVPH136        ....TGNKS.........Q---------KLQ------AL----------V----------S--S--   178
HIVPH153        ....TGSCS.........Q---------NIQ------AI----------V----------S--S--   178
HIVTB132        ....TENSS.........Q---------NMQ------AI----------V----------S--S--   178
HIVLAI          ....TGHSS.........Q---------NIQ------AI----------V----------S--S--   178
HIVHXB2R        ....TGHSN.........Q---------NIQ------AI----------V----------S--S--   178
HIVBH102        ....TGHSS.........Q---------NIQ------AI----------V----------S--S--   178
HIVPV22         ....TGHSS.........Q---------NIQ------AI----------V----------S--S--   178
HIVMN           .TGNRGNSS.........Q---------NIE------AI----------V----------S--S--   181
HIVJH3          ....TGNSS.........K---------NIQ------AI----------V----------S--S--   178
HIVJRCSF        ....TGNSS.........Q---------NLQ------AI----------I----------S--S--   178
HIVOYI          ....TGNSS.........Q---------NLQ------PI----------V----------S--A--   178
HIVNY5CG        ....TGNSS.........Q---------NLQ------AI----------V----------S--S--   178
HIVNL43         ....TGNNS.........Q---------NLQ------AI----------V----------S--S--   178
HIVCDC4         ....TGNSS.........Q---------NLQ------AI----------I----------A--S--   178
HIVHAN          ....AGNRN.........Q---------NLQ------AI----------V----------S--S--   178
HIVCAM1         ....TGNSS.........Q---------NLQ------AI----------V----------S--S--   178
HIVRF           ....TGNGS.........Q---------NLQ------AI----------V----------S--S--   178
HIVD31          ....AGNNS.........Q---------NLQ------PI----------V----------S--S--   178
HIVJRFL         ....TGNSS.........Q---------NMQ------AI----------V----------S--S--   176
HIVUG280        ....TGNSS.........Q---------NIQ------AI----------V----------S--S--   178
HIVYU2          ....TGNSS.........Q---------NLQ------AI----------V----------S--S--   178
CONSENSUS.C     ....?g............kVSQNyPIVQNLQGQMvHQaiSPRTLNAWVKVIEeKAfSpe?ipmftalseg   168
HIVUG268        .................K----Y----------V--AL----------E--F-PEVIPMFTALSEG   173
HIVSM145        .....G............K----Y----------V--AI----------E--F-PEIIPMFTALSEG   175
HIVZAM18        .....G............Q----Y----------I--AI----------G--F-PEIIPMFTALSEG   177
HIVZAM19        .....G............K----Y----------V--AI----------X--F-P.............   163
HIVZAM20        .....G............K----F----------V--AI----------E--L-QRIIPMFTALSEG   175
HIVDJ259        ....KG............K----F----------V--PL----------E--F-PEVIPMFTALSEG   176
HIVVI313        ....NG............K----Y----------V--PM----------E--F-PEVIPMFTALSEG   176
```

```
CONSENSUS.D     ....trnss.........QVSQNYPIVQNLQGQMVHQaiSPRTLNAWVkVIEEKaFsPEViPMFsALSEG    175
HIVELI          ....TGNNS.........------------------AI---------K-----A-S---I---S-----    178
HIVNDK          .......SS.........------------------AI---------K-----A-S---I---S-----    175
HIVZ2Z6         ....AGNNS.........------------------AI---------K-----A-S---I---S-----    179
HIVVI203        ....TRNSS.........------------------AL---------K-----A-N---I---S-----    178
HIVVI205        ....TKNSS.........------------------AI---------E-----A-S---T---S-----    179
HIVG109         ....TRNSN.........------------------AL---------K-----A-N---I---A-----    181
HIVK31          ....TRNSS.........------------------VM---------K-----A-S---I---S-----    178
HIVUG274        ....TRNSS.........------------------AI---------K-----A-S---I---T-----    178
HIVUG270        ....TRNSS.........------------------AI---------K-----A-S---I---S-----    178
HIVSE365        ....SGNNS.........------------------AL---------K-----D-S---I---T-----    178
CONSENSUS(E)    ....KG............VSQNYPIVQNLQGQMVHQaISPRTLNAWVKVIEEKAFSPEVIPMFSALSEG    173
HIVVI174        ....--............------------------A-------------------------------    173
HIVVI69         ....--............------------------A-------------------------------    174
HIVBZ162        ....--............------------------S-------------------------------    174
CONSENSUS.O     ????kg???????????qvsqNYPivqnaqGqmvHQaisPRTLNAWVKvvEEKaFsPEvIPMFsALseG    157
HIVVI191(F)     ....EGNSS.........QVSQ---IVQNAQ-QMV--PLT---------VI---N-S--V----S--SE-    175
HIVLBV217(F)    ....KGDNS.........QVSQ---IVQNAQ-QMV--PIS---------VV---A-S--V----S--SE-    176
HIVVI525(G)     ....KEKDK.........KVSQ---IVQNAQ-QMV--AIS---------VV---A-S--V----S--SE-    178
HIVVI557(G)     ....KGNGN.........KISQ---IVQNAQ-QPV--AIS---------VV---A-S--V----S--SE-    178
HIVVI325        ....KG............VSQ---IVQNMQ-QMV--PLS---------VI---A-S--V----S--AD-    174
HIVANT70        ....TS.AR.........QAGQ---IVSNAQ-QMV--AIS---------AV---A-N--I----M--SE-    176
HIVMVP51        ....TS.PR.........QTSQ---IVTNAQ-QMV--AIS---------AV---A-N--I----M--SE-    176
CPZGAB          ....SREGGASQGASASAGISG---LVQNAQ-QMV--AIS---------VV---A-S--V----S--SE-    186
```

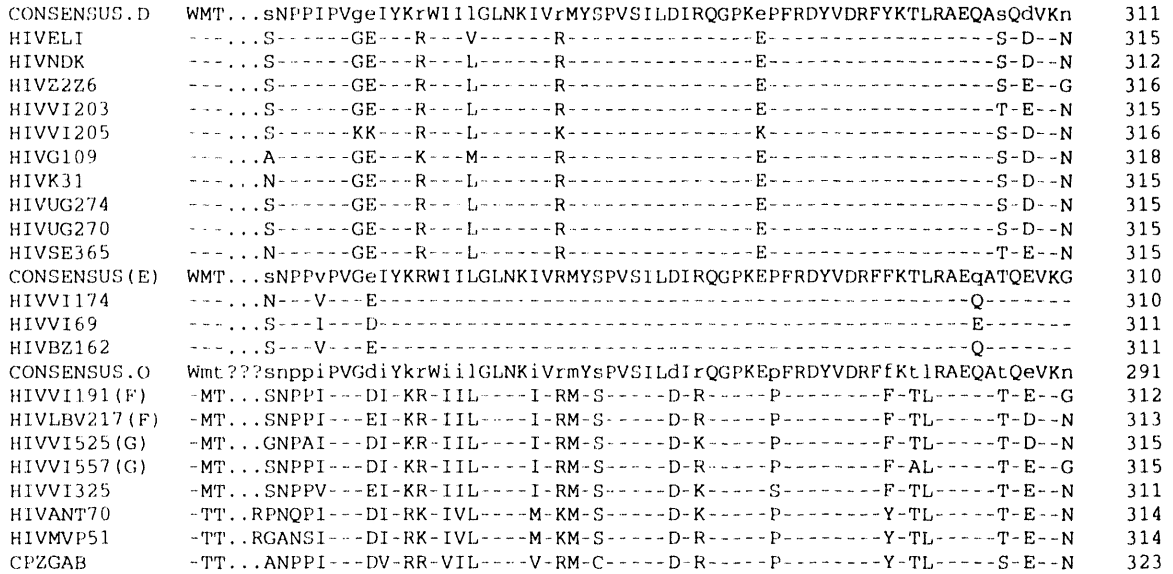
HIV-1 GAG

```
CONSENSUS.A   ATpQdLNmMLNiVgGHQAAMQMLKdtINeEAAewDR?HPVhAgPippgQmREPrGSDIAGtTStlqEqig  242
HIVU455       --P-D--M---V-G----------DT--E---EW--L---H-G-IPPG-M---R------T--TVQ-QIG  244
HIVUG266      --S-D--M---V-E----------DT--E---E --L---Q-R-IPPG-M---R------T--TVQ-QVR  244
HIVMAL        --P-D--M---I-G----------DT--E---DW--V---H-G-IPPG-M---R------T--TLQ-QIG  254
HIVVI32       --P-D--M---I-G----------DA--E---GW--L---H-G-IPPG-M---R------T--TPQ-QIG  248
HIVVI57       --P-D--M---I-G----------DT--E---EW--L---H-G-IPPG-M---R------T--TPQ-QIG  248
HIVVI59       --P-D--M---V-G----------DT--E---EX--L---H-R-IPPG-M---K------T--TLQ-QIR  248
HIVVI310      --P-D--M---I-G----------DT--E---EW--V---Q-G-VPPG-M---R------T--TLQ-QIG  247
HIVVI354      --P-N--I---I-K----------DT--E---EW--I---Q-G-IPPS-I---R------T--TTQ-QIG  248
HIVVI415      --P-D--M---I-G----------DT--E---EW--L---H-G-IPPG-M---R------T--TTQ-QIA  248
HIVK7         --P-D--V---I-G----------DT--E---EX--L---H-G-IPPG-M---R------T--TPQ-QLQ  248
HIVK29        --P-D--M---I-G----------DT--E---EW--L---H-G-IPPG-M---R------T--TPQ-QIG  248
HIVK88        --P-D--M---I-G----------DT--E---EW--L---H-G-IPPG-M---R------T--TPQ-QIG  248
HIVK89        --P-D--M---I-G----------DT--E---EW--L---H-G-IPPG-M---R------T--TPQ-QLG  248
HIVK98        --P-D--V---I-G----------DT--E---EW--L---H-G-IPPG-M---R------T--TPQ-QLQ  248
HIVK112       --P-D--M---I-G----------DT--E---EW--L---H-G-IPPG-M---R------T--TPQ-QIG  248
HIVK124       --P-D--M---I-G----------NT--E---EW--L---H-G-IPPG-M---R------T--TPQ-QIG  248
HIVCI4        --P-D--M---I-G----------DT--G---EW--V---H-G-IPLG-M---R------T--TLQ-QIG  246
HIVCI20       --P-D--M---I-G----------DT--E---EW--V---H-G-IPPG-M---R------T--TLQ-QIG  240
HIVCI32       --P-D--T---T-G----------DT--E---EW--V---H-G-IAPG-M---R------T--TLQ-QIA  250
HIVCI51       --P-D--M---I-G----------DT--E---EW--T---H-G-IPPG-M---R------V--TLQ-QIG  243
HIVCI59       --P-D--M---I-G----------DT--E---EW--V---Q-G-IPPG-M---R------T--NLQ-QIG  245
HIVG141       --P-D--M---I-G----------DT--E---DW--T---H-G-APPG-M---R------T--TLQ-QIG  244
HIVTN238      --P-D--M---I-G----------ET--E---EW--V---H-G-IPPG-M---R------T--TLQ-QIG  248
HIVTN243      --P-D--M---I-G----------ET--E---EW--V---H-G-IPPG-M---R------T--TLQ-QIG  248
HIVTN240      --P-D--M---I-G----------ET--E---EW--V---H-G-IPPG-M---R------T--TLQ-QIG  248
HIVTN245      --P-D--M---I-G----------ET--E---EW--V---H-G-IPPG-M---R------T--TLQ-QIG  248
HIVLBV105     --P-D--M---I-G----------DT--E---EW--T---R-G-IPPG-M---R------T--TLQ-QIG  252
HIVLBV23      --P-D--M---I-G----------DT--E---EW--V---Q-G-YPPG-L---R------T--TLA-QIQ  248
HIVLBV2310    --P-D--M---I-G----------DT--E---EW--V---H-G-IPPG-M---R------T--NLQ-QIG  245
HIVIC144      --P-D--M---I-G----------DT--E---EW--V---H-G-IPPG-M---R------T--NLQ-$IG  244
HIVDJ258      --P-D--M---I-G----------DT--E---EW--V---H-G-IPPG-M---R------T--TLQ-QIG  245
CONSENSUS.B   ATPQDLNTMLNTVGGHQAAMQMLKeTINEEAAEwDRlHPvhAGPiaPGQMREPRGSDIAGTTSTLQEQIG  248
HIVSF2        ------------------------E--------W--V--VH---IA------------------------  250
HIVBZ167      ------------------------D--------W--L--VH---IA------------------------  249
HIVBZ190      ------------------------E--------W--L--VH---IA------------------------  248
HIVBZ200      ------------------------E--------X--L--VH---IA------------------------  248
HIVPH136      ------------------------E--------W--L--VH---VA------------------------  248
HIVPH153      ------------------------E--------W--L--VH---IA------------------------  248
HIVTB132      ------------------------E--------W--L--VH---IA------------------------  248
HIVLAI        ------------------------E--------W--V--VH---IA------------------------  248
HIVHXB2R      ------------------------E--------W--V--VH---IA------------------------  248
HIVBH102      ------------------------E--------W--V--VH---IA------------------------  248
HIVPV22       ------------------------E--------W--V--VH---IA------------------------  248
HIVMN         ------------------------E--------W--L--VH---IT------------------------  251
HIVJH3        ------------------------E--------W--L--AQ---IA------------------------  248
HIVJRCSF      ------------------------E--------W--L--VH---IA------------------------  248
HIVOYI        ------------------------E--------W--L--VH---IA------------------------  248
HIVNY5CG      ------------------------E--------W--L--VH---IA------------------------  248
HIVNL43       ------------------------E--------W--L--VH---IA------------------------  248
HIVCDC4       ------------------------E--------W--L--VH---IA------------------------  248
HIVHAN        ------------------------E--------W--L--VH---IA------------------------  248
HIVCAM1       ------------------------E--------W--L--VH---IA------------------------  248
HIVRF         ------------------------E--------W--L--VH---IA------------------------  248
HIVD31        ------------------------E--------W--L--VH---IA------------------------  248
HIVJRFL       ------------------------E--------W--L--VH---IA------------------------  246
HIVUG280      ------------------------E--------W--L--VH---IA------------------------  248
HIVYU2        ------------------------E--------W--L--VH---IA------------------------  248
CONSENSUS.C   atpqdlntmlntvgghqaamqmlkdtineeaaewdrlhpvhagpvapgqmRePRGSDIAGTTStLQEQIa  238
HIVUG268      ATPQDLNTMLNTVGGHQAAMQMLKDTINEEAAEWDRLHPVHAGPVAPGQM-E----------T-----N  243
HIVSM145      ATPQDLNTMLNTVGGHQAAMQMLKDTINEEAAEWDRLHPVQAGPVAPGQM-D----------T-----A  245
HIVZAM18      ATPQDLNTMLNTVGGHQAAMQMLKDTINEEAAEWDRLHPVHAGPNAPGQL-E----------T-----A  247
HIVZAM19      ..........................................M-E----------T-----A  184
HIVZAM20      ATPQDLNTMLNTVGGHQAAMQMLKDTINEEAAEWDRIHPVHAGPVAPGQM-E----------T-----A  245
HIVDJ259      ATPQDLNTMLNTVGGHQAAMQMLKDTINEEAAEWDRLHPVHAGPIAPGQM-E----------N-----A  246
HIVVI313      ATPQDLNTMLNTVGGHQAAMQMLKDTINEEAAEWDRLHPVQAGPVAPGQI-E----------T-----A  246
```

```
CONSENSUS.D   ATPQDLNtMLNTvGGHqAAMQMLKETIneEAAEWDRlHPvHAGPiAPGQMREPRGSDIAGTTStLQEQi?  244
HIVELI        -------T----V---Q----------NE-------L--V----I----------------T----IA  248
HIVNDK        -------T----V---Q----------ND-------L--V----V----------------T----IA  245
HIVZ2Z6       -------T----V---Q----------NE-------L--V----I----------------T----IA  249
HIVVI203      -------T----V---Q----------NE-------L--V----I----------------T----IG  248
HIVVI205      -------T----V---H----------IE-------L--V----I----------------T----IA  249
HIVG109       -------T----A---Q----------NE-------L--V----I----------------T----IA  251
HIVK31        -------T----V---Q----------NE-------L--A----I----------------T----IG  248
HIVUG274      -------T----V---Q----------NE-------V--V----I----------------T----IG  248
HIVUG270      -------A----V---Q----------NE-------L--V----I----------------I----VG  248
HIVSE365      -------T----V---Q----------NE-------L--V----I----------------T----IG  248
CONSENSUS(E)  ATPQDLNTMLNTVGGHQAAMQMLKDTINEEAAEWDRLHPvqAGPiPPGQiREPRGSDIAGTTSTLQEQIQ  243
HIVVI174      ----------------------------------------VQ---I----I--------------------  243
HIVVI69       ----------------------------------------VH---N----M--------------------  244
HIVBZ162      ----------------------------------------AQ---I----I--------------------  244
CONSENSUS.O   AtpqDlNtMlNtvGgHQaAmQmlKdtINEEAaEWDR?HP?haGPippGQiRePrGSDIAGTTSTlQEQi?  224
HIVVI191(F)   -TPQ-L-T-L-TV-G--A-M-ML-DT-----A----I--PQA--IPP--I-E-R----------L---IR  245
HIVLBV217(F)  -TPQ-L-T-L-TV-G--A-M-ML-DT-----A----I--QQA--IPP--I-D-R----------L---IR  246
HIVVI525(G)   -TPQ-L-A-L-TV-G--A-M-IL-DT-----A----L--VHA--IPP--M-E-R----------L---IA  248
HIVVI557(G)   -TPQ-L-A-L-IV-G--A-M-ML-DT-----A----V--VHA--IPP--M-E-R----------L---IA  248
HIVVI325      -TPQ-L-T-L-TV-G--A-M-ML-DT-----A----L--VHA--IPP--M-E-R----------L---IT  244
HIVANT70      -ISY-I-T-L-AI-G--G-L-VL-EV-----V----T--PPV--LPP--I-E-T----------Q---IH  246
HIVMVP51      -VPY-I-T-L-AI-G--G-L-VL-EV-----A----T--PAM--LPP--I-E-T----------Q---II  246
CPZGAB        -LPQ-V-T-L-AV-G--G-M-VL-EV-----A----L--THA--IAP--L-E-R----------L---IG  256
```

HIV-1 GAG

```
CONSENSUS.A   wmT...sNPPiPVGdIYkrwIiLGLNKIVRMYSPvSILDirQgPKEPFrdYVdrFfKtLRAeqAtQeVKn   309
HIVU455       WM-...G---I---D--RRW-I-----------V----IR-G-----RD--DR-F-T---EQ-T-D--N   311
HIVUG266       M-...S---I---E--RR -I-----------V----IR-E-----KE--DK-F-T---EQ-T-D--N   309
HIVMAL        WM-...S---I---D--KRW-I-----------V----IR-G-----RD--DR-F-T---EQ-T-E--N   321
HIVVI32       WM-...S---I---D--KRW-I-----------V----IK-G-----RD--DR-F-T---EQ-T-E--G   315
HIVVI57       WM-...S---I---D--KRW-I-----------V----IK-G-----RD--DR-F-V---EQ-S-D--N   315
HIVVI59       XM-...G---I---D--RRW-I-----------V----VR-R-----KD--DR-F-I---EQ-T-E--N   315
HIVVI310      WM-...S---V---E--KRW-I-----------V----IR-G-----RD--DR-F-T---EQ-T-A--N   314
HIVVI354      WM-...G---I---K--KK$-I-----------V----IR-G-----RE--NR-F-T---KQ-T-E--N   314
HIVVI415      WM-...G---N---D--KRW-I-----------T----VK-G-----RD--DR-F-I---EQ-T-E--G   315
HIVK7         WM-...S---I---D--KRW-I-----------V----IR-R-----RD--DR-F-A---EQ-S-D--G   315
HIVK29        WM-...G---I---D--KRW-I-----------V----IK-G-----RD--DR-F-T---EQ-T-E--G   315
HIVK88        WM-...S---I---D--KRW-I-----------V----VK-G-----RD--DR-F-T---EQ-T-E--G   315
HIVK89        WM-...S---I---D--KRW-I-----------V----IK-G-----RD--DR-F-T---EQ-T-D--N   315
HIVK98        WM-...S---I---D--KRW-I-----------V----IK-G-----RD--DR-F-A---EQ-T-E--G   315
HIVK112       WM-...S---I---D--KRW-I-----------V----IK-G-----RD--DR-F-T---EQ-T-E--G   315
HIVK124       WM-...S---I---D--KRW-I-----------V----IK-G-----RD--DR-F-T---EQ-T-E--G   315
HIVCI4        WM-...S---V---E--RRW-I-----------V----IR-G-----RD--DR-F-C---EQ-T-E--N   313
HIVCI20       WM-...S---V---E--KRW-V-----------V----IR-G-----RD--DR-F-T---EQ-T-E--N   307
HIVCI32       WM-...N---I---E--KRW-I-----------V----IR-G-----RD--DR-Y-T---EQ-S-E--N   317
HIVCI51       WM-...S---T---E--KKW-I-----------V----IR-G-----RD--DR-F-T---EQ-T-E--N   310
HIVCI59       WM-...S---I---E--KRW-V-----------V----IR-G-----RD--DR-F-T---EX-T-E--N   312
HIVG141       WM-...S---I---E--KRW-I-----------V----IR-G-----RD--DR-F-T---EQ-T-E--N   311
HIVTN238      WM-...N---I---D--KRW-I-----------I----IR-G-----RD--DR-Y-T---EQ-T-E--N   315
HIVTN243      WM-...N---I---D--KRW-I-----------I----IR-G-----RD--DR-Y-T---EQ-T-E--N   315
HIVTN240      WM-...N---I---D--KRW-I-----------V----IR-G-----RD--DR-Y-T---EQ-T-E--N   315
HIVTN245      WM-...N---I---D--KRW-I-----------V----IR-G-----RD--DR-Y-T---EQ-T-E--N   315
HIVLBV105     WI-...S---V---D--KRW-I-----------V----IK-G-----RD--DR-F-T---EQ-T-D--N   319
HIVLBV23      WM-...S---I---D--RKW-I-----------V----IR-G-----RD--DR-F-T---EQ-T-D--N   315
HIVLPV2310    WM-...S---I---E--KRW-V-----------V----IR-G-----RD--DR-F-V---EQ-T-E--N   312
HIVIC144      WM-...S---I---E--KRW-V-----------V----IR-G-----RD--DR-F-T---EQ-S-E--N   311
HIVDJ258      WM-...S---I---D--KRW-I-----------V----IR-G-----RD--DR-F-T---EQ-T-E--N   312
CONSENSUS.B   WmT...nNPPiPVGeIYKRwIIlGLNKIVRMYSPtSILDIrQGPKEPFRDYvDRFYKTLRAEQAsQeVKN   315
HIVSF2        -M-...N---I---E----W--L-----------T-----R----------V-----------S-D---   317
HIVBZ167      -M-...N---I---K----W--L-----------I-----R----------V-----------S-D---   316
HIVBZ190      -M-...N---I---E----W--M-----------T-----K----------V-----------S-E---   315
HIVBZ200      -M-...N---I---E----X--L-----------T-----R----------V-----------S-E---   315
HIVPH136      -M-...N---I---E----W--M-----------T-----K----------V-----------S-E---   315
HIVPH153      -M-...N---I---E----W--L-----------T-----R----------V-----------S-D---   315
HIVTB132      -I-...H---I---E----W--L-----------T-----R----------V-----------S-E---   315
HIVLAI        -M-...N---I---E----W--L-----------T-----R----------V-----------S-E---   315
HIVHXB2R      -M-...N---I---E----W--L-----------T-----R----------V-----------S-E---   315
HIVBH102      -M-...N---I---E----W--L-----------T-----R----------V-----------S-E---   315
HIVPV22       -M-...N---I---E----W--L-----------T-----R----------L-----------S-E---   315
HIVMN         -M-...N---I---E----W--L-----------S-----R----------V-----------S-E---   318
HIVJH3        -M-...S---I---E----W--L-----------S-----R----------V-----------S-E---   315
HIVJRCSF      -M-...N---I---E----W--L-----------V-----R----------V-----------T-E---   315
HIVOYI        -M-...N---I---E----W--L-----------T-----R----------V-----------S-D---   315
HIVNY5CG      -M-...H---I---E----W--L-----------T-----R----------V-----------S-E---   315
HIVNL43       -M-...H---I---E----W--L-----------T-----R----------V-----------S-E---   315
HIVCDC4       -M-...N---T---E----W--L-----------I-----R----------V-----------S-E---   315
HIVHAN        -M-...N---I---E----W--L-----------T-----K----------V-----------T-E---   315
HIVCAM1       -M-...N---I---E----W--L-----------T-----R----------V-----------S-E---   315
HIVRF         -M-...N---I---E----W--L-----------I-----R----------V-----------S-D---   315
HIVD31        -M-...N---I---E----W--L-----------T-----R----------V-----------T-E---   315
HIVJRFL       -M-...N---I---E----W--L-----------T-----R----------V-----------S-E---   313
HIVUG280      -M-...N---I---E----W--L-----------T-----K----------V-----------S-E---   315
HIVYU2        -M-...N---I---E----W--L-----------T-----R----------V-----------S-E---   315
CONSENSUS.C   WMT...?NPPiPVGdIYKRWIILGLNKIVRMYSPVSILDIkQGPKEPFRDYVDRFFKTLRAEQAtQDVKN   304
HIVUG268      ---...S---I---E----------------------K----------------------T-----   310
HIVSM145      ---...S---I---D----------------------K----------------------T-----   312
HIVZAM18      ---...N---V---D----------------------K----------------------T-----   314
HIVZAM19      ---...N---V---D----------------------R----------------------T-----   251
HIVZAM20      ---...A---V---E----------------------R----------------------T-----   312
HIVDJ259      ---...S---I---D----------------------R----------------------S-----   313
HIVVI313      ---...N---I---D----------------------K----------------------T-----   313
```



```
CONSENSUS.D   WMT...sNPPIPVgeIYKrWIIlGLNKIVrMYSPVSILDIRQGPKePFRDYVDRFYKTLRAEQAsQdVKn  311
HIVELI        ---...S------GE---R---V------R--------------E----------------S-D--N  315
HIVNDK        ---...S------GE---R---L------R--------------E----------------S-D--N  312
HIVZ2Z6       ---...S------GE---R---L------R--------------E----------------S-E--G  316
HIVVI203      ---...S------GE---R---L------R--------------E----------------T-E--N  315
HIVVI205      ---...S------KK---R---L------K--------------K----------------S-D--N  316
HIVG109       ---...A------GE---K---M------R--------------E----------------S-D--N  318
HIVK31        ---...N------GE---R---L------R--------------E----------------S-D--N  315
HIVUG274      ---...S------GE---R---L------R--------------E----------------S-D--N  315
HIVUG270      ---...S------GE---R---L------R--------------E----------------S-D--N  315
HIVSE365      ---...N------GE---R---L------R--------------E----------------T-E--N  315
CONSENSUS(E)  WMT...sNPPvPVGeIYKRWIILGLNKIVRMYSPVSILDIRQGPKEPFRDYVDRFFKTLRAEqATQEVKG  310
HIVVI174      ---...N---V---E-------------------------------------------------Q-------  310
HIVVI69       ---...S---I---D-------------------------------------------------E-------  311
HIVBZ162      ---...S---V---E-------------------------------------------------Q-------  311
CONSENSUS.O   Wmt???snppiPVGdiYkrWiilGLNKiVrmYsPVSILdIrQGPKEpFRDYVDRFfKtlRAEQAtQeVKn  291
HIVVI191(F)   -MT...SNPPI---DI-KR-IIL----I-RM-S-----D-R-----P--------F-TL-----T-E--G  312
HIVLBV217(F)  -MT...SNPPI---EI-KR-IIL----I-RM-S-----D-R-----P--------F-TL-----T-D--N  313
HIVVI525(G)   -MT...GNPAI---DI-KR-IIL----I-RM-S-----D-K-----P--------F-TL-----T-D--N  315
HIVVI557(G)   -MT...SNPPI---DI-KR-IIL----I-RM-S-----D-R-----P--------F-AL-----T-E--G  315
HIVVI325      -MT...SNPPV---EI-KR-IIL----I-RM-S-----D-K-----S--------F-TL-----T-E--N  311
HIVANT70      -TT..RPNQPI---DI-RK-IVL----M-KM-S-----D-K-----P--------Y-TL-----T-E--N  314
HIVMVP51      -TT..RGANSI---DI-RK-IVL----M-KM-S-----D-R-----P--------Y-TL-----T-E--N  314
CPZGAB        -TT...ANPPI---DV-RR-VIL----V-RM-C-----D-R-----P--------Y-TL-----S-E--N  323
```

HIV-1 GAG

```
                                                                  p24 \/  \/  'p2'        \/ p7
CONSENSUS.A   wMTeTLLvQNANPDCKsILraLg?gAtLeEMMTacQgVggPgHKArvLAEAmSqvq??n...???iMmQr    370
HIVU455       W--E---V--------S--RA-GPG-T-E----AC-G-GG-G---RV----M-QVQQTS......I-M-R    375
HIVUG266       --E---V--------S--RA-RPK-T-E----AC-R-RG-S---QV----M-QVQQTS......I-M-R    372
HIVMAL        W--E---V--------T--KA-GPG-T-E----AC-G-GG-S---RV----M-QATNST....AAI-M-R    387
HIVVI32       W--E---V--------S--RA-GPG-T-E----AC-G-GG-G---RV----M-HVQQAN......I-M-R    379
HIVVI57       W--E---V--------S--RA-GTG-T-E----AC-G-GG-S---RV----M-QVQQPN......I-M-R    379
HIVVI59       W--E---V--------S--KR-RVR-T-E----AC-G-GG-G---KV----I-QVQQTS......I-M-R    379
HIVVI310      W--E---V--------S--KA-GTG-T-E----AC-G-GG-S---RI----M-QAQHTN......I-I-R    378
HIVVI354      $--E---V--------T--RG-GAG-T-K----AC-E-GE-G---RV----M-QVHNTS......I-M-R    377
HIVVI415      W--E---V--------T--RA-GTG-T-E----AC-G-GG-G---RV----M-QVQHTN......I-M-R    379
HIVK7         X--E---V--------S--KA-GTG-T-E----AC-G-GG-S---KV----M-QAQQTN......I-M-R    379
HIVK29        W--E---I--------S--RA-GAG-T-E----AS-G-GG-G---RV----M-QVQHTN......I-M-R    379
HIVK88        W--E---V--------S--RA-GTG-T-E----AC-G-GG-G---RV----M-QVQHTN......I-M-R    379
HIVK89        W--E---V--------S--RA-GTG-T-E----AC-G-GG-G---RV----M-QVQHTN......I-M-R    379
HIVK98        W--E---V--------S--KA-GTG-T-E----AC-G-GG-G---RV----M-QVQQAN......I-M-R    379
HIVK112       W--E---V--------S--RG-GTG-T-E----AC-G-GG-G---RI----M-QVQHTN......I-M-R    379
HIVK124       W--E---V--------S--RA-GAG-T-E----AC-G-GG-S---RV----M-QATNNI...NAAV-M-R    382
HIVCI4        W--E---I--------S--RA-GTG-T-E----AC-G-GG-G---RV----M-QVQHTN......I-M-K    377
HIVCI20       W--E---V--------S--RA-GPG-T-E----AC-G-GG-G---RV----M-QVQQSN......I-M-R    371
HIVCI32       W--E---V--------S--KA-GPG-T-E----AC-G-GG-G---RV----M-QVQQSN......I-M-R    381
HIVCI51       W--E---V--------S--RA-GPG-T-E----SC-G-GG-G---RV----M-QVQQSN......I-M-R    374
HIVCI59       W--E---V--------S--RA-GPG-T-E----AC-G-GG-G---RV----M-QVQQSN......I-M-R    376
HIVG141       W--E---V--------T--RA-GPG-T-E----AC-G-GG-G---RV----M-QVQNAN......I-M-K    375
HIVTN238      W--E---V--------S--KA-GTG-T-E----AC-G-GG-S---RV----M-HAQQAS......I-M-R    379
HIVTN243      W--E---V--------S--KA-GTG-T-E----AC-G-GG-S---RV----M-HAQHAN......I-M-R    379
HIVTN240      W--E---V--------S--KA-GTG-T-E----AC-G-GG-S---RV----M-HAQHAT......I-M-R    379
HIVTN245      W--E---V--------S--KA-GSG-T-E----AC-G-GG-S---RV----M-HAQHAN......I-M-R    379
HIVLBV105     W--D---V--------T--RA-GPG-S-E----AC-G-GG-G---RV----M-QVQHPN......I-M-R    383
HIVLBV23      W--E---V--------T--RA-GAG-T-E----AC-G-GG-G---RV----M-QVQHTN......V-M-R    379
HIVLBV2310    W--E---V--------S--RA-GPA-T-E----AC-G-GG-G---RV----M-QVQQTN......I-M-R    376
HIVIC144      W--E---V--------T--RA-GPG-T-E----AC-G-GG-G---RV----M-QVQQSN......I-M-R    375
HIVDJ258      W--E---V--------S--RA-GPG-T-E----SC-G-GG-G---RV----M-QVQQSN......I-M-R    376
CONSENSUS.B   wmTETlLVqNaNPDCKTILKALGPaATLEEMMtACQGVGGPgHKARvLAEAMSqv..tn..?satiMmQr    380
HIVSF2        WM---L--Q-A-------------A--------T---------G----V------QV..TN...PANI-M-R    382
HIVBZ167      WM---L--Q-A-------------A--------T---------G----V------QV..PN..SSATI-M-K    382
HIVBZ190      WM---L--Q-S-------------A--------T---------G----V------QV..TN...SATI-M-R    380
HIVBZ200      WM---L--Q-A-------------A--------S---------G----V------XV..TN...SAAI-M-R    380
HIVPH136      WM---L--Q-A-------------A--------T---------S----V------QV..TN...SATA-M-R    380
HIVPH153      WM---L--Q-A-------------A--------T---------G----V------QA..TN...SATM-L-R    380
HIVTB132      WM---L--P-A-------------A--------T---------G----V------QV..TN...SATI-M-K    380
HIVLAI        WM---L--Q-A-------------A--------T---------G----V------QV..TN...SATI-M-R    380
HIVHXB2R      WM---L--Q-A-------------A--------T---------G----V------QV..TN...SATI-M-R    380
HIVBH102      WM---L--Q-A-------------A--------T---------G----V------QV..TN...TATI-M-R    380
HIVPV22       WM---L--Q-A-------------A--------T---------G----V------QV..TN...TATI-M-R    380
HIVMN         RT---L--Q-A-------------A--------T---------G----V------QV..TN...SATI-M-R    383
HIVJH3        WM---L--Q-A-------------A--------T---------G----V------QV..TN...STTI-M-R    380
HIVJRCSF      WM---L--Q-A-------------A--------T---------G----V------QV..TN...PATI-M-R    380
HIVOYI        WM---L--Q-A-------------A--------T---------G----V------QV...N...SVTV-M-K    379
HIVNY5CG      WM---L--Q-A-------------A--------T---------G----V------QV..TN...PATI-I-R    380
HIVNL43       WM---L--Q-A-------------G--------T---------G----V------QV..TN...PATI-I-K    380
HIVCDC4       WM---L--Q-A-------------A--------T---------G----V------QV..TN...SATI-M-R    380
HIVHAN        WM---L--Q-A-------------A--------T---------G----V------QV..TG...SAAI-M-R    380
HIVCAM1       WM---L--Q-A-------------A--------T---------G----V------QV..TN...SATI-M-R    380
HIVRF         WM---F--Q-A-------------A--------T---------S----I------QV..TN...SATI-L-K    380
HIVD31        WM---L--Q-A-------------A--------T---------G----V------QV..TN...SATV-M-R    380
HIVJRFL       WM---L--Q-A-------------A--------T---------G----V------QV..TN...PATI-M-R    378
HIVUG280      WM---L--Q-S-------------A--------T---------G----V------QV..TN...PVNI-M-N    380
HIVYU2        WM---L--Q-A-------------A--------T---------G----V------QV..TN...SATI-M-R    380
CONSENSUS.C   WMTdTLLVQNANPDCKTILRALGPgAsLEEMMTACQGVGGPsHKARVLAEAMSQann?n......imMQr    367
HIVUG268      ---D-------------------G-S-------------G-----------ANNIN......IM--R    374
HIVSM145      ---D-------------------G-S-------------A-----------ANNIN......IL--R    376
HIVZAM18      ---E-------------------A-T-------------S-----------ANNTN......IL--R    378
HIVZAM19      ---E-------------------A-T-------------S-----------ANSTT......XM--R    315
HIVZAM20      ---D-------------------G-T-------------S-----------TNSAN......VM--R    376
HIVDJ259      ---D-------------------G-S-------------S-----------ATNTN......IM--K    377
HIVVI313      ---D-------------------G-S-------------G-----------ANNIN......IM--K    377
```

```
CONSENSUS.D   WMTETLLVQNANPDCktILKALGP?ATLeEMMTACQgVGgPsHKARVLAEAMSQa?.tn..s?taimMQr   375
HIVELI        ---------------KT-------Q---E-------G--G-S------------A..TN..SVTTAM--R   381
HIVNDK        ---------------KT-------Q---E-------G--G-G------------V..TG..SATAVM--R   378
HIVZ2Z6       ---------------KT-------Q---E-------G--G-S------------A..TN..SAAAVM--R   382
HIVVI203      ---------------KT-------G---E-------G--G-S------------A..TN..TNVAIM--R   381
HIVVI205      ---------------KT-------Q---K-------E--G-S------------A..TS..SATAVI--R   382
HIVG109       ---------------KT-------A---E-------G--G-S------------A..TS..SNAAIM--K   384
HIVK31        ---------------KT-------G---E-------G--G-G------------AN.GN....TAIM--R   380
HIVUG274      ---------------RT-------G---E-------G--G-S------------A..TN..ANTAIM--R   381
HIVUG270      ---------------KT-------A---E-------G--G-S------------A..SN..ANAAIM--R   381
HIVSE365      ---------------KN-------G---E-------G--E-S------------A..TS..SAAAIM--R   381
CONSENSUS(E)  WMTDTLLvQNANPDCKTILKAlGPGATLEEMMTACQGVGGPGHKARVLAEaMSQA..TN..??AaImMQK   374
HIVVI174      -------V-------------L---------------------------A----..--..TA-A-M---   376
HIVVI69       -------I-------------M---------------------------T----..--....-A-M---   375
HIVBZ162      -------V-------------L---------------------------A----..--....-T-L---   375
CONSENSUS.O   WMTdTLLvQNaNPDCK?ILkaLGpgAtlEEMmtACQGVGGP?HKArvLAEAMsqa????????ta?mmQk   350
HIVVI191(F)   ---D---V--A-----T--RA--PG-TL---MT--------G---RV-----SQA..SG..VAAAMMM-K   378
HIVLBV217(F)  ---D---V--A-----T--KA--PG-TL---MT--------S---RV-----SQA..SG..TATAIMM-K   379
HIVVI525(G)   ---D---V--A-----N--KA--TG-SI---MT--------S---RV-----SQV..TN..THAAIMM-K   381
HIVVI557(G)   ---D---V--A-----T--RA--QG-SI---MT--------G---KV-----SQV.NTN....AVMMM-K   380
HIVVI325      ---D---V--A-----T--KA--PG-SL---MT--------G---RI-----SQV..TN....TTIMM-R   375
HIVANT70      ---E---V--A-----Q--KS--PG-TL---MV--------T---RV-----ATAQQDLKGGYTAVFM-R   384
HIVMVP51      ---E---V--S-----Q--KA--PE-TL---MV--------T---KI-----ASAQQDLKGGYTAVFM-R   384
CPZGAB        ---D---V--A-----Q--KA--PG-TL---MT--------S---RV-----SMVQ.NQ..GRADVFF-K   390
```

HIV-1 GAG

```
                                                                pol cds ->
                                                                    p7 \/          'p1'
CONSENSUS.A   Gnf.?Gqkr?iKCFNCGkEGHlArNCrAPrKkGCwKCgkEGHQmKdCT.?e.rQANFlgkiwpSsKG.RP    433
HIVU455       -NF.R-PRR.I------K---L-K--R--R-K--W--GK----M-D--..E.R----LGKIWP-N--.--    439
HIVUG266      -NF.K-QKR.I------K---L-R--R--K-K--  --KK----I-D--..E.R----LKKIWP-S--.--    435
HIVMAL        -NF.K-QKR.I------K---L-R--R--R-K--W--GK----M-D--..E.R----LGKIWP-H--.--    451
HIVVI32       -NI.R-GXKRI------K---L-R--R--R-K--W--GK----M-D--.NE.R----LGKIWP-N--.--    445
HIVVI57       -NF.R-QRG.I------K---L-R--R--R-K--W--GK----M-D--..E.R----LGKIWP-S--.--    443
HIVVI59       -NF.K-QKR.I------K---L-R--R--R-K--X--RK----M-D--..E.R----LGKIWP-S--.--    443
HIVVI310      -NF.K-QKR.I------K---L-R--R--R-K--W--GN----M-D--..E.R----LGKIWP-T--.--    442
HIVVI354      -NF.K-QKK.I------K---L-R--K--R-K--W--GK----I-N--..K.R----LGKIWP-N--.--    441
HIVVI415      -NF.K-QRR.I------K---L-R--R--R-K--W--GK----M-D--..E.R----LGKIWS-S--.--    443
HIVK7         -NF.K-QKT.I------K---L-R--R--R-K--X--RK----L-D--..E.R----LRRIXP-S--.--    443
HIVK29        -NF.R-QKR.I------K---L-R--R--R-K--W--GK----M-D--..D.R----LGKLWP-S--.--    443
HIVK88        -NF.R-QKR.I------K---L-R--R--R-K--W--GK----M-D--..E.G----LGKIWP-S--.--    443
HIVK89        -NF.R-QKR.I------K---L-R--R--R-K--W--GK----M-E--..E.R----LGRIWP-S--.--    443
HIVK98        -NF.R-QKR.I------K---L-R--R--R-K--W--GK----M-D--..E.R----LGRIWP-S--.--    443
HIVK112       -NF.R-QKR.I------K---L-R--R--R-R--W--GK----M-D--..E.R----LGKIWP-S--.--    443
HIVK124       -NF.K-PKKII------K---I-K--R--R-R--W--GR----M-D--..E.R----LGKIWP-H--.--    447
HIVCI4        -NF.R-QKR.I------K---L-R--R--R-K--W--GK----M-D--..E.R----LGKIWP-S--.--    441
HIVCI20       -NF.R-QRT.I------K---L-R--K--R-R--W--GK----M-D--..E.R----LGKIWP-S--.--    435
HIVCI32       -NF.K-QRKFV------K---I-K--R--R-K--W--GK----M-D--..E.R----IGKIWP-S--.--    446
HIVCI51       -NF.R-QRT.I------K---L-R--K--R-K--W--GR----M-D--..E.R----LGKIWP-S--.--    438
HIVCI59       -NF.G-QRT.I------K---L-R--K--R-R--W--GK----M-D--..E.R----LGKIWP-S--.--    440
HIVG141       -NF.K-QKR.I------K---L-R--R--R-K--W--GK----M-D--..E.R----LGKIWP-N--.--    439
HIVTN238      -NF.K-QKG.I------R---L-R--R--R-K--W--GK----M-D--..E.R----LGKIWP-N--.--    443
HIVTN243      -NF.K-QKR.I------K---L-R--R--R-K--W--GR----M-D--..E.R----LGKIWP-N--.--    443
HIVTN240      -NF.K-QKR.I------R---L-R--R--R-K--W--GK----M-D--..E.R----LGKIWP-N--.--    443
HIVTN245      -NF.K-QKR.I------R---L-R--R--R-K--W--GK----M-D--..E.R----LGKIWP-N--.--    443
HIVLBV105     -NF.K-QKRII------K---L-R--R--R-K--W--GK----M-D--..E.R----LGKIWP-S--.--    448
HIVLBV23      -NF.R-QKR.I------K---L-R--R--R-K--W--GK----M-D--..E.R----LGKIWP-S--.--    443
HIVLBV2310    -NF.R-QRT.I------K---L-R--K--R-R--W--GK----M-D--..E.R----LGKIWP-S--.--    440
HIVIC144      -NF.R-QRT.I------K---L-R--K--R-K--W--GK----M-D--..E.R----LGKIWP-S--.--    439
HIVDJ258      -DF.R-QRT.I------K---L-R--K--R-K--W--GK----M-D--..E.R----LGKIWP-T--.--    440
CONSENSUS.B   GnF.rnqrK?vKCFNCGKeGHiAkNCrAPRkkGCWkCGkEGHQMKdCt.?E?RQANFLGKIWPS?KG.Rp    445
HIVSF2        -N-.RNQR-TV-------E--I-K--R---KK---R--R------D-T..-.------------Y--.-P    447
HIVBZ167      -N-.RNQR-IV-------E--I-K--R---KK---K--K------D-S..-.------------Y--.-P    447
HIVBZ190      -N-.RNQR-TV-------E--I-K--R---KK---K--K------D-S..-.------------H--.-P    445
HIVBZ200      -N-.RNQR-TV-------E--I-K--R---KK---K--R------D-T..-.------------N--.-P    445
HIVPH136      -N-.RNQR-IV-------E--I-K--R---KK---K--R------D-T..-.------------H--.-P    445
HIVPH153      -N-.RNTR-TV-------E--I-R--K---KK---K--R------D-T..-.------------H--.-P    445
HIVTB132      -K-.RNQR-IV-------E--I-K--R---KK---R--K------D-T..-.------------H--.-P    445
HIVLAI        -N-.RNQR-IV-------E--I-R--R---KK---K--K------D-T..-.------------Y--.-P    445
HIVHXB2R      -N-.RNQR-IV-------E--T-R--R---KK---K--K------D-T..-.------------Y--.-P    445
HIVBH102      -N-.RNQR-MV-------E--T-R--R---KK---K--K------D-T..-.------------Y--.-P    445
HIVPV22       -N-.RNQR-MV-------E--T-R--R---KK---K--K------D-T..-.------------Y--.-P    445
HIVMN         -N-.RNQR-II-------E--I-K--R---KR---K--K------D-T..-.------------C--.-.    447
HIVJH3        -N-.RNQR-II-------E--L-R--R---KK---K--K------D-N..-.------------S--.-P    445
HIVJRCSF      -N-.RNQR-NV-------E--I-R--R---KK---K--K------E-T..-.------------Y--.-P    445
HIVOYI        -N-.KNQR-TV-------E--I-K--R---KK---K--R------D-T..-.------------H--.-P    444
HIVNY5CG      -N-.RNQK-TV-------E--I-K--R---KK---K--K------D-T..-.------------H--.-P    445
HIVNL43       -N-.RNQR-TV-------E--I-K--R---KK---K--K------D-T..-.------------H--.-P    445
HIVCDC4       -N-.RRQG-TV-------E--I-R--K---KK---K--R------D-T..-.------------H--.-P    445
HIVHAN        -N-.RNQR-TV-------E--I-R--R---KK---K--K------D-T..-.------------H--.-P    445
HIVCAM1       -N-.RNQR-TV-------V--I-K--R---KK---K--K------D-N..-.------------H--.-P    445
HIVRF         -N-.RDQR-IV-------V--I-K--R---KK---K--K------D-T.N-G------------H--.-P    447
HIVD31        -N-.RNQR-TV-------E--I-K--R---RK---K--K------D-T..-.------------Y--.-P    445
HIVJRFL       -N-.RNQR-IV-------E--I-R--R---KK---K--K------D-T..-.------------Y--.-P    443
HIVUG280      -N-.RNQR-IV-------V--I-K--R---KK---K--K------D-N.N-.------------Y--.-P    446
HIVYU2        -N-.RNQR-TV-------E--I-K--R---KK---K--K------D-T..-.------------H--.-P    445
CONSENSUS.C   sNF.KGpkrivKCFNCGKEGHiArnCRAPRKKGCWKCG?EGHQMKDCT..E.RQANFLGKIWPs?KG.RP    430
HIVUG268      S--.--PKRII----------L-RN-------------R---------..-.-----------PN--.--    439
HIVSM145      G--.--SKRIV----------I-RN-------------K---------..-.-----------SH--.--    441
HIVZAM18      S--.--PKRSV----------I-KN-------------K---------..-.-----------SH--.--    443
HIVZAM19      S--.--PRXIV----------I-KI-------------X---------..-.-----------SH--.--    380
HIVZAM20      G--.--PKRTV----------I-RN-------------R---------..-.-----------SQ--.--    441
HIVDJ259      S--.--PRKTI----------L-RN-------------R---------..-.-----------SN--.--    442
HIVVI313      S--.--PKRII----------L-RN-------------K---------..-.-----------SY--.--    442
```

```
CONSENSUS.D   gNF.KGprkiiKCFNCGkEGHiAkNCrAPrkkGCWkCGkEGHQmKdCT..e.RQANFLGkiWPShKG.rP  440
HIVELI        G--.--PRKII------K---I-K--R--RKK---R--K----L-D--..E.-------RI---H--.R-  446
HIVNDK        G--.--PRKSI------K---T-K--R--RKK---K--R----M-D--..E.-------KI---H--.R-  443
HIVZ2Z6       G--.--PRKTI------K---1-K--R--RRK---K--K----L-D--..E.-------KI---H--.R-  447
HIVVI203      G--.--PKRII------K---L-K--R--RKK---K--K----M-D--..E.-------KI---H--.R-  446
HIVVI205      G--.--PKKII------K---I-K--R--KKK---K--R----I-D--..E.-------KI---L--.R-  447
HIVG109       G--.--PRKVV------R---I-K--R--RKR---K--K----M-D--..E.-------KI---N--.R-  449
HIVK31        G--.--QRKII------K---L-K--R--RKK---K--R----M-D--..E.-------RL---R--.G-  445
HIVUG274      G--.--PRKII------K---I-K--R--RKK---K--K----M-E--..E.-------KI---H--.R-  446
HIVUG270      A--.--PKRNI------K---L-K--R--RKK-- K--R----I-D--..E.-------KI---H--.R-  445
HIVSE365      G--.--QRKIV------K---I-R--K--RKK---K--Q----M-D--..G.-------KI---S--.R-  446
CONSENSUS(E)  SNF.KGQRRiVKCFNCGKeGHiAkNCRAPRKKGCWKCGREGHQMKDCT..E.rQANFLGKIWPSnKG.RP  439
HIVVI174      ---.-----I--------E--I-R-----------------------..-.R----------N--.--  441
HIVV169       ---.-----T--------E--V-K-----------------------..-.R----------N--.--  440
HIVBZ162      ---.-----I--------T--I-K-----------------------..-.G----------H--.--  440
CONSENSUS.O   gnf?kg?kr?iKCFnCGkEGH?ArnCrAPRkkGCWkCG?EGHQmKdCt??e?rqaNFLGkiwps?kg?rP  410
HIVVI191(F)   SGF.KGPKRTI---N--K---L-RN-R---KK---K--R----M-D-T..E.RQA----RIWPSHKG.R-  443
HIVLBV217(F)  GNF.KGPRKNI---D--K---L-RN-R---KR---K--K----M-D-T..E.RQA----KIWPSHKG.R-  444
HIVVI525(G)   GNF.KGQRRIV---N--K---I-RN-R---KK---K--R----M-D-T..E.RQA----KIWPSSKG.R-  446
HIVVI557(G)   GNF.KGQRRII---N--K---L-RN-R---KK---K--K----L-D-T..E.RQA----KIWSPNKG.R-  445
HIVVI325      GNF.KGQRKII---N--R---I-KH-R---KK---K--K----M-D-T..E.RQA----KIWPSNKG.K-  440
HIVANT70      GQN.PIRKGTI---N--K---I-RN-R---KK---K--Q----M-D-R..NGKQA----KYWPPGGT.R-  450
HIVMVP51      GQN.PNRKGPI---N--K---I-KN-R---KR---K--Q----M-D-K..NGRQA----KYWPPGGT.R-  450
CPZGAB        GQG.AGPKRKI---N--K---L-RN-K---RK---R--Q----M-D-T..G.RQV----KGWPSRSG.R-  455
```

HIV-1 GAG

```
                \/ p6                                \/ (minor)                \/ (minor)
CONSENSUS.A     gNFpQsRp.............EPtAPpAE?f?gmgeeit.s?...?pkqeqkd..??ke??ppl?SlKS    474
HIVU455         G--P-S-P.............--T--P--IF.GMGEKMT.SP....AKQELKD....REQT.PLV-L--    484
HIVUG266        R--P-S-P.............--T--P--IL.RMKEEMT.SP....PKQKQKD....KE.QTPLI-L--    480
HIVMAL          G--L-S-P.............--T--P--SF.GFGEEIK.PS....QKQEQKD....KELY.PLA-L--    496
HIVVI32         G--P-S-P.............--S--P--IF.GMGEEIA.SP....PKQEQKD....REQSQPLV-L--    491
HIVVI57         G--P-S-P.............--T--P--LF.GMGEEIA.SP....PKQEQKD....RGQGPPLV-L--    489
HIVVI59         G--P-S-P.............--T--P--IL.RIRKEMT.SP....PKQEQT.........PSI-L--    483
HIVVI310        G--P-N-L.............--T--P--SF.GMGEDIT.SS....QKQEQKD....REHPPPLV-L--    488
HIVVI354        G--L-N-P.............--T--P--SF.GFGEEIA.PS....PRPEPRE....KERY.PLT-L--    486
HIVVI415        G--P-S-P.............--T--P--IV.GMGGEI..SP....PKQEQ......REQAPPLV-L--    486
HIVK7           G--P-S-P.............--T--P--IF.RIEEEIA.S....PPKQEQKD....KEQP.PSV-L--    488
HIVK29          G--P-N-L.............--T--P--IF.GMGEEIT.SP....PKQEQKD....REQAPPLT-L--    489
HIVK88          G--P-N-L.............--T--P--IC.GMGEEIA.SP....PKQEQRD....REQTPPLV-L--    489
HIVK89          G--P-N-L.............--T--P--IC.GMGEEIA.SP....SKQEQKD....REQ..ASI-L--    487
HIVK98          G--P-S-P.............--T--P--IF.GMGEEIT.SP....PKQEQKD....REQP.PLV-L--    488
HIVK112         G--P-N-L.............--T--P--IF.GMGEEMA.SP....PKQEQKD....REQTPPSI-L--    489
HIVK124         G--L-S-P.............--T--P--SF.GFGEEIT.PS....QKQEPKD....KELY.PLA-V--    492
HIVCI4          G--P-S-P.............--T--P--LL.GMGEEIT.SS....PKQEQ......REQP.PSI-L--    484
HIVCI20         G--P-S-P.............--T--P--SF.GMREEIT.SS....PKQEPRD....KGLYPPLA-L--    481
HIVCI32         G--P-S-P.............--T--P--SF.GMEEEIA.SS....PKQEPGD....KGLYPPLA-L--    492
HIVCI51         G--P-S-P.............--T--P--SF.GLGEEIT.SS....LQQEPRD....KGLYPPLA-L--    484
HIVCI59         G--P-G-P.............--T--P--NF.GMEEQIT.SS....PKQEPRD....KGLYPPLT-L--    486
HIVG141         G--P-S-P.............--S--P--SF.GFGEEIT.PS....QKQEQKD..KDKELY.PLA-L--    486
HIVTN238        G--P-S-P.............--T--P--NW.GMGEEIT.SL....LKQEQKD....KEHPPPLV-L--    489
HIVTN243        G--P-S-P.............--T--P--DW.GRGEETT.SL....LKQEQKD....KEDPPPLV-L--    489
HIVTN240        G--P-S-P.............--T--P--NW.GMGEEIT.SL....PKQEQKD....KEHPPPLV-L--    489
HIVTN245        G--P-S-P.............--T--P--NW.GMGEEIT.SL....LKQEQKD....KEHPPPLV-L--    489
HIVLBV105       G--L-S-T.............--S--P--SF.GFGEEVT.PS....PKQEQKD....KELYPPLT-L--    494
HIVLBV23        G--P-S-P.............--T--P--MIFGMGEEIT.SP....PKKEQKD....REQPLPSV-L--    490
HIVLBV2310      G--P-S-P.............--T--P--SF.GMGEEIT.SS....PKQEPRD....KGLYPPLT-L--    486
HIVIC144        R--P-S-T.............--T--P--SF.GM.EEKT.TS...SPQQEPRD....KELYPPLT-L--    485
HIVDJ258        G--P-S-P.............--T--L--SF.GMGEEIT.SP....PKQEPRE....QGLYPPLT-L--    486
CONSENSUS.B     gNFlQsRp??????????..???EPTAPpeesf.rfgeetttPs????qKQEpiD....kelY?plasLrs    491
HIVSF2          G--L-S-P.............-----PEESF.RFGEEKTT-S....Q---PI-....KEL-.PLTS-RS    493
HIVBZ167        G--L-S-P.............-----PEEIF.RFGEETTT-S....Q---TK-....KEL-.PLAS-KS    493
HIVBZ190        G--L-S-P.............-----PEESF.RFGEETTT-S....Q---PV-....QEK-.PLAA-RS    491
HIVBZ200        G--L-N-P.............-----PAESF.GFGEEM.T-S....P---QK-....EGL-PPLAS-RS    491
HIVPH136        G--L-S-P.............-----PEESF.RFGEETTT-S....Q---PI-....KEL-.PLAS-KS    491
HIVPH153        G--L-S-P.............-----PEESF.RFREETTT-P....Q---PI-....KEL-.PSAS-KL    491
HIVTB132        G--L-S-P.............-----PAESF.RFGEETTT-S....Q---TI-....KEL-.PLTA-KS    491
HIVLAI          G--L-S-PEPTAPPFLQ..SRP-----PEESF.RSGVETTT-S....Q---PI-....KEL-.PLTS-RS    503
HIVHXB2R        G--L-S-P.............-----PEESF.RSGVETTT-P....Q---PI-....KEL-.PLTS-RS    491
HIVBH102        G--L-S-PEPTAPPFLQ..SRP-----PEESF.RSGVETTT-P....Q---PI-....KEL-.PLTS-RS    503
HIVPV22         G--L-S-PEPTAPPFLQ..SRP-----PEESF.RSGVETTT-P....Q---PI-....KEL-.PLTS-RS    503
HIVMN           R--P-S-T.............-----PEESF.RFGEETTT-YQKQEK---TI-....KDL-.PLAS-KS    497
HIVJH3          G--L-S-P.............-----PEESF.RFGEETTT-S....Q---PR-....KEL-.PLAS-RS    491
HIVJRCSF        G--L-S-P.............-----PEESF.RFGEETAT-SQKQEQ---PI-....KEL-.PLTS-RS    495
HIVOYI          G--L-N-P.............-----PAESF.GFGEETTT-P....Q---PI-....KGL-.PLTS-RS    490
HIVNY5CG        G--L-S-P.............-----PEESF.RFGEETTT-S....Q---PI-....KEL-.PLAS-RS    491
HIVNL43         G--L-S-P.............-----PEESF.RFGEETTT-S....Q---PI-....KEL-.PLAS-RS    491
HIVCDC4         G--L-S-P.............-----PEESF.RFGDETTT-S....Q---PR-....KEL-.PLAS-RS    491
HIVHAN          G--L-S-P.............-----PEESF.RFGE.ATA-S....Q---PI-....KEL-.PLAS-KS    490
HIVCAM1         G--L-S-P.............-----PEESF.RFGEEKTT-S....Q---PI-....KEL-.PLAS-RS    491
HIVRF           G--L-S-P.............-----PEESF.RFGEE.TT-S....Q---KI-....KEL-.PLAS-KS    492
HIVD31          G--L-R-P.............-----PEESF.RFGEETAT-F....Q---PI-....KEL-.PLAS-RS    491
HIVJRFL         G--L-S-P.............-----PEKSF.RFGEETAT-S....Q---PI-....KEM-.PLTS-RS    489
HIVUG280        G--L-S-P.............-----PEESF.RFVEETTT-S....Q---LI-....KEL-.SSAS-RS    492
HIVYU2          G--L-S-P.............-----SEESV.RFGEETTT-S....Q---PI-....KEL-.PLAS-RS    491
CONSENSUS.C     GNFLQsRPeptap?????????ePtAppAESF.rf?EetT.Pa....pkQEpkd?????e???PLtsLkS    476
HIVUG268        -----S--EPTAPPA.......E-T-PP----..RF-GT-.-P....PK--PKD.......RE--IS-K-    488
HIVSM145        -----N--EPTAPPAESFRVRPE-T-PP----.RF.-ET-.-A....PK--LKE.........--TS-K-    495
HIVZAM18        -----S--EPTAP.......RPE-T-PP----.RF.-ET-.-A....PN--PKD....RE...--TS-K-    492
HIVZAM19        -----S--.............X-X-XX----.RF.-ET-.-A....PN--PKD....RE...--TS-K-    422
HIVZAM20        -----N--EPTAPPAENFR....-T-PP----.RF.-ET-.-A....PK--PRD....SPTGE--TA-K-    496
HIVDJ259        -----S--.............E-T-PP----.GF.-EP-.-P....QK--LKDKEPYKE...--TA-R-    488
HIVVI313        -----N--.............E-T-PP----.RF.-ET-.-S....PK--PKD....KE...--TS-K-    484
```

```
CONSENSUS.D   GNFlQSRp.............EPTAPPAeSF.GFGEeit.Ps....qKQEqKd????kEly.PlasLkS   485
HIVELI        ---L---P.............-------E--.----EIT.-S....Q---Q-D....K-LY.-LTS-K-   491
HIVNDK        ---L---P.............-------E--.----EIT.-S....Q---Q-D....K-LY.-LAS-K-   488
HIVZ2Z6       ---L---P.............-------E--.----EIT.-S....Q---Q-D....K-LY.-STA-K-   492
HIVVI203      ---L---P.............-------E--.----EKA.-S....A---P-E.....-LY.-VAS-K-   490
HIVVI205      ---L---P.............-------K--.----EIT.-S....Q---Q-D....K-LN.-LTS-K-   492
HIVG109       ---L---P.............-------E--.----EMT.-P....Q---Q-DKEKDK-LY.-LTS-R-   498
HIVK31        ---L---P.............-------E--.----EIT.-S....Q---Q-D....K-MY.-LAS-K-   490
HIVUG274      ---L---L.............-------E--.----KIT.-S....Q---Q-D....K-PC.-LAS-K-   491
HIVUG270      ---L---P.............-------E--.----EIT.-S....Q---Q-D....K-LY.-SAA-K-   490
HIVSE365      ---P---P.............-------E--.----ETT.-S....Q---Q-D....K-LY.-LAS-K-   491
CONSENSUS(E)  GNFLQsRP.............EPtAPPAESF.GFrEEIt.PS....PKQEQK?....EGLyPPLASLKS   484
HIVVI174      -----S--.............--T-------.--G---T.--.....------G.....---Y--------   487
HIVVI69       -----S--.............--S-------.--R---T.--.....------D.....---S--------   486
HIVBZ162      -----N--.............--T-------.--R---N.--.....------E.....---Y--------   486
CONSENSUS.O   GNflQ?r??.....?ePtAPPaE??.g??Ee??.??....pkqe?k?..???ely?Pl?SLKS   441
HIVVI191(F)   --FL-IRT.............E-T---A-.......-EIT.SS....PKQEPRD....KELYP-LV----   484
HIVLBV217(F)  --FL-NRP.............E-S---A-SL.GFG-EIA.PS....PKQEP......KELY.-LT----   487
HIVVI525(G)   --FL-SRP.............E-T---A-SF.GFG-EMT.PS....PKQEPRD....KE..P-LA----   490
HIVVI557(G)   --FL-SRP.............E-T---A-SF.GFG-EMT.PP....PKQERKD....AE..S-LT----   489
HIVVI325      --FL-SRP.............E-T---A-NF.GFG-EIT.PS....PRQETKD....KEQGS-LT----   486
HIVANT70      --YV-RPA.............H-S---M-.......-EVK.GQ....ENQEQKG..GPNELY.-FA----   492
HIVMVP51      --YV-KQV.............S-S---M-.......-AVK.EQ....ENQSQKG..DQEELY.-FA----   492
CPZGAB        --FV-NRT.............E-T---I-SY.GYQ-EEK.SQ....EKKEG.....ESSLY.-PT----   499
```

HIV-1 GAG

		/ p6 terminus (80%)
CONSENSUS.A	lFGNDpLSQ	483
HIVU455	L----P---	493
HIVUG266		480
HIVMAL	L----Q---	505
HIVVI32		491
HIVVI57		489
HIVVI59		483
HIVVI310		488
HIVVI354		486
HIVVI415		486
HIVK7		488
HIVK29		489
HIVK88		489
HIVK89		487
HIVK98		488
HIVK112		489
HIVK124		492
HIVCI4		484
HIVCI20		481
HIVCI32		492
HIVCI51		484
HIVCI59		486
HIVG141		486
HIVTN238		489
HIVTN243	L----P	495
HIVTN240		489
HIVTN245		489
HIVLBV105		494
HIVLBV23		490
HIVLBV2310		486
HIVIC144		485
HIVDJ258		486
CONSENSUS.B	LFGnDPsSq	500
HIVSF2	---N--S-Q	502
HIVBZ167		493
HIVBZ190		491
HIVBZ200		491
HIVPH136		491
HIVPH153		491
HIVTB132	---N--	497
HIVLAI	---N--S-Q	512
HIVHXB2R	---N--S-Q	500
HIVBH102	---N--S-Q	512
HIVPV22	---N--S-Q	512
HIVMN	---N--L-Q	506
HIVJH3	---N--S-P	500
HIVJRCSF	---N--S-Q	504
HIVOYI	---N--S-Q	499
HIVNY5CG	---S--S-Q	500
HIVNL43	---S--S-Q	500
HIVCDC4	---N--S-Q	500
HIVHAN	---S--S-Q	499
HIVCAM1	---N--S-Q	500
HIVRF	---N--S-Q	501
HIVD31	---N--S-Q	500
HIVJRFL	---N--S-Q	498
HIVUG280		492
HIVYU2	---S--S-Q	500
CONSENSUS.C	LFGNDP	482
HIVUG268		488
HIVSM145		495
HIVZAM18		492
HIVZAM19	------	428
HIVZAM20		496
HIVDJ259		488
HIVVI313		484

CONSENSUS.D	LFGNDPlsQ	493
HIVELI	------LS-	500
HIVNDK	------SS-	497
HIVZ2Z6	------LL-	501
HIVVI203		490
HIVVI205		492
HIVG109		498
HIVK31		490
HIVUG274		491
HIVUG270		490
HIVSE365		491
CONSENSUS(E)		484
HIVVI174		487
HIVVI69		486
HIVBZ162		486
CONSENSUS.O	?FGtDqSSQ	449
HIVVI191(F)		484
HIVLBV217(F)		487
HIVVI525(G)		490
HIVVI557(G)		489
HIVVI325		486
HIVANT70	L--T-Q	498
HIVMVP51	L--T-Q	498
CPZGAB	L--S-P---	508

HIV-1 POL

Sequence subtypes C and E are not currently represented in POL. The highly divergent Cameroonian isolate sequences ANT70 and MVP5180 were kindly provided prior to publication by Drs. Saman and vanden Haesevelde, Innogenetics, Belgium, and by Dr. Lutz Gurtler and colleagues at the Max v. Pettenkofer Institute, Munich.

```
CONSENSUS.A FFRE.NLAFQQGEAREF.....SSE..QTRANSPTSRNLWDGGKDD..LP...CETGAER..Q     48
HIVU455     ----.----------.....---..------------------..--.........-..-     48
CONSENSUS.B FFRE.dLAF?QGkAref???????????sSe..QtRANSPtrrElqVWgrdnnSlS????EAGaDR..Q     48
HIVLAI      ----.D---L--K-REFSSEQTRANSPTIS-E..-T-----TRR-LQ--GRDNN-L-.....---A--..-     61
HIVHXB2R    ----.D---L--K-REF..... .....S-E..-T-----TRR-LQ--GRDNN-P-.....---A--..-     49
HIVMN       ----.D---L--K-.EF.....S-E..-N-----TRR-LQ--GRDNN-L-EAGE---D--..-     52
HIVJRCSF    ----.D---L--K-REF.....P-E..-T-----TRR-LQ--GRDSN-L-EAGA---A--..-     53
HIVJRFL     ----.D---L--K-REF.....S-E..-T-----TRK-LQ--GRDSN-L-.....---A--..-     49
HIVOYI      ----.D---P--K-REF.....S-E..-T-----TSR-LR--GRDNN-P-.....---A--..-     49
HIVSF2      ----.D---L--K-REF.....S-E..-T-----TRR-LQ--GGENN-L-.....---A--..-     49
HIVNY5CG    ----.D---P--K-REF.....S-E..-T-----TRR-LQ--GRDNN-L-.....---A--..-     49
HIVNL43     ----.D---P--K-REF.....S-E..-T-----TRR-LQ--GRDNN-L-.....---A--..-     49
HIVCAM1     ----.N---P--E-REF.....S-E..-T-----TRR-LQ--GRENN-L-.....---A--..-     49
HIVHAN      ----.D---P--E-RKF.....S-E..-T-----TRR-LQ--GS.NS-L-.....---A--..-     48
HIVD31      ----.D---L--K-REF.....S-A..-T-----TRR-LQ--GRDSN-L-.....---A--..-     49
HIVRF       ----.N---P--K-REL.....S-E..-T-----TRR-LQ--GRD.N-L-.....---E--..-     48
HIVYU2      ----.D---P--K-RKF.....S-E..-T-----IRR-RQ--RRDNN-L-.....---A--..-     49
CONSENSUS.D FFRE.dLAFPQGKAGEl.....Sse..QTRANSPTSRELRVWGrD.NPLS....eTGAER..Q     48
HIVELI      ----.N----------L.....-PK..----------R-.----....K-----..-     48
HIVZ2Z6     ----.D----------L.....-SE..----------R-.----....E-----..-     48
HIVNDK      ----.D----------F.....-SE..----------G-.----....E-----..-     48
CONSENSUS.O FFRe??la??g?eaRql.....caE???s??nspT?r?l???GG?????seg??e?g?erg??     32
HIVMAL      ---E.NLAFPQGKA-EF.....PS-..QTRANSP-SRELRVW--DK.TLS....ETGAER..Q     48
HIVANT70    ---Q.ILASGGHEA-QL.....CA-..TSTPISP-D.....G--.....SEGTGESGTERGPE     45
HIVMVP5180  ---E.VLASGGHEA-QL.....CA-..TSVPISP-N.....G--.....SEGTRESESEGGSG     45
CPZGAB      ---E.RLAFPQREA-QL.....CA-..QNRTNGP-DRELWVP--RE........EPGEERGRE     47

                    \/ protease  <- gag cds end
CONSENSUS.A G...TDSFSFPQITLWQRPLVTVKIGGQLIEALLDTGADDTVLEDINLPGKWKPKIIGGIGGFIKVRQYD    115
HIVU455     -...-------------------------------------------------------------    115
CONSENSUS.B G...tVSfsfPQiTLWQRPlVTikIGGQLKEALLDTGADDTVleeMnLPgrWKPKMIGGIGGFIKVrQYD    115
HIVLAI      -...T--FNF--I------L--IK-----------------LEE-S--GR--------------R---    128
HIVHXB2R    -...T--FNF--V------L--IK-----------------LEE-S--GR--------------R---    116
HIVMN       -...P--FSF--I------I--IK-----------------LGE-N--RR--------------R---    119
HIVJRCSF    -...I--FNF--I------L--IK-----------------LED-D--GR--------------R---    120
HIVJRFL     -...N--FNF--I------L--IK-----------------LED-D--GR--------------R---    116
HIVOYI      -...T--FNL--I------I--IK-----------------LEE-N--GR--------------R---    116
HIVSF2      -...T--FNF--I------L--IR-----------------LEE-N--GK--------------R---    116
HIVNY5CG    -...T--FSF--I------L--IK-----------------LEE-N--GR--------------R---    116
HIVNL43     -...T--FSF--I------L--IK-----------------LEE-N--GR--------------G---    116
HIVCAM1     -...T--FSF--I------L--IK-----------------LEE-N--GR--------------R---    116
HIVHAN      -...T--LSL--I------L--IK-----------------VEE-S--GR--------------R---    115
HIVD31      -...T--FSF--I------L--IK-----------------LEE-S--GR--------------R---    116
HIVRF       -...T--FSF--I------I--VK-----------------LEE-N--GK--------------R---    115
HIVYU2      -...T--FSF--I------L--IK-----------------LEE-N--GR--------------R---    116
CONSENSUS.D G...TVSFnfPQITLWQRPLVtIKIGGQLKEALLDTGADDTVLEEmNLPGKWKPKMIGGIGGFIKVRQYD    115
HIVELI      -...----NF----------A----------------------M----------------------    115
HIVZ2Z6     -...----NC----------T----------------------M----------------------    115
HIVNDK      -...----SF----------T--------------------I-----------------------    115
CONSENSUS.O ??????s??lPqIpLWqRP?vtv?vgGqlceaLLDTGADDTVle?IqL?G?WkPKmIGGIGGFIkVkqyd     89
HIVMAL      G...IVSFSF-Q-T--Q--VVTVRVG-QLKEA----------LEE-N-P-K-K--M--------K-RQYD    115
HIVANT70    R...ALSVCL-Q-P--D--IVTARVG-HLCEV----------LNN-Q-E-K-K--M--------K-KEYD    112
HIVMVP5180  R...AVPICL-Q-P--D--IVTAKVG-HLCEA----------LNN-Q-E-R-T--M--------K-KEYN    112
CPZGAB      Q...SISTNL-Q-T--Q--LIPVKVE-QLCEA----------IER-Q-Q-L-K--M--------K-KQFD    114
```

```
                                                protease \/ p66, p51
CONSENSUS.A QILIEICGKKTIGTVLVGPTPVNIIGRNMLTQIGCTLNFPISPIETVPVKLKPEMDGPKVKQWPLTEEKI    185
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------    185
CONSENSUS.B QIlieICGHKAiGTVLVGPTPVNIIGRNLLTQiGCTLNFPISPIETVPVKLKPGMDGPKVKQWPLTEEKI    185
HIVLAI      --LIE------I--------------------I-----------------------------------    198
HIVHXB2R    --LIE------I--------------------I-----------------------------------    186
HIVMN       --TIG------I--------------------L-----------------------------------    189
HIVJRCSF    --PID------V--------------------I-----------------------------------    190
HIVJRFL     --LIE------I--------------------I-----------------------------------    186
HIVOYI      --LIE------I--------------------L-----------------------------------    186
HIVSF2      --PVE------I--------------------I-----------------------------------    186
HIVNY5CG    --LIE------I--------------------I-----------------------------------    186
HIVNL43     --LIE------I--------------------I-----------------------------------    186
HIVCAM1     --PIE------I--------------------I-----------------------------------    186
HIVHAN      --LVE------I--------------------I-----------------------------------    185
HIVD31      --LIE------I--------------------I-----------------------------------    186
HIVRF       --LIE------I--------------------I-----------------------------------    185
HIVYU2      --PIE------I--------------------I-----------------------------------    186
CONSENSUS.D QIlIEICG?KAiGTVLVGPTPVNIIGRNLLTQIGCTLNFPISPIETVPVKLKPGMDGPKVKQWPLTEEKI    184
HIVELI      --P-----Q--I------------------------------------------------------    185
HIVZ2Z6     --L-----H--I------------------------------------------------------    185
HIVNDK      --L-----Y--M------------------------------------------------------    185
CONSENSUS.O nv?iei?gr?v?gTvLvGPtPVNIiGRNiLt?lGCTLnFPISpietVPVKLKpGMDGPkVKQWPLs?EKI    153
HIVMAL      QILIEICGKKAIG-I-V--T----I---M-TQI----N----PIET------P-----R------TE---    185
HIVANT70    NVTVEIEGREVQG-V-V--T----I---I-TGL----N----PIAP------P-----K------SK---    182
HIVMVP5180  NVTVEVQGKEVQG-V-V--T----L---I-TGL----N----PIAP------P-----K------SR---    182
CPZGAB      NVHIEIEGRKVVG-V-V--T----I---I-TQL----V----SIET------P-----K------SA---    184

CONSENSUS.A KALTEICNEMEKEGKISKIGPENPYNTPVFAIKKKDSTKWRKLVDFRELNKRTQDFWEVQLGIPHTAGLK    255
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------    255
CONSENSUS.B KaLvEICTEMEKEGKISKiGPENPYNTPVFAIKKKDSTKWRKLVDFRELNkrTQDFWEVQLGIPHPAGLK    255
HIVLAI      -A-V--------------I-------------------------------KR------------------    268
HIVHXB2R    -A-V--------------I-------------------------------KR------------------    256
HIVMN       -A-I--------------I-------------------------------KK------------------    259
HIVJRCSF    -A-V--------------I-------------------------------RR------------------    260
HIVJRFL     -A-V--------------I-------------------------------KK------------------    256
HIVOYI      -V-I--------------V-------------------------------KR------------------    256
HIVSF2      -A-V--------------I-------------------------------KR------------------    256
HIVNY5CG    -A-V--------------I-------------------------------KR------------------    256
HIVNL43     -A-V--------------I-------------------------------KR------------------    256
HIVCAM1     -A-V--------------I-------------------------------KR------------------    256
HIVHAN      -A-I--------------I-------------------------------KR------------------    255
HIVD31      -A-V--------------I-------------------------------KR------------------    256
HIVRF       -A-V--------------I-------------------------------KR------------------    255
HIVYU2      -A-V--------------I-------------------------------KR------------------    256
CONSENSUS.D KALTEICTeMEKEGKISRiGPENPYNTPIFAIKKKDSTKWRKLVDFRELNKRTQDFWEVQLGIPHPAGLK    254
HIVELI      --------D---------I-----------------------------------------------------    255
HIVZ2Z6     --------E---------V-----------------------------------------------------    255
HIVNDK      --------E---------I-----------------------------------------------------    255
CONSENSUS.O eALteICqemE?EgKIsrIGPeNPYNTPiFAIKKKDstKWRKLVdFRELNKRTQdFWEvQLGIPHPaGLK    222
HIVMAL      K--TE--KDM-K-G--LK---E------V-------ST------N---------D---V-------A---    255
HIVANT70    E--TA--QEM-Q-G--SR---E------I-------GT------D---------E---V-------G---    252
HIVMVP5180  E--TA--QEM-Q-G--SR---E------I-------ST------D---------D---V-------G---    252
CPZGAB      K--TE--QEM-K-G--SK---E------I-------ST------D---------D---V-------A---    254
```

```
CONSENSUS.A KKKSVTVLDVGDAYFSVPLDESFRKYTAFTIPSINNETPGVRYQYNVLPQGWKGSPSIFQSSMTKILEPF  325
HIVU455    ------------------------------------------------------------------------  325
CONSENSUS.B kkKSVTVLDVGDAYFSVPLdkdFRKYTAFTIPSiNNETPgiRYQYNVLPQGWKGSPAIFQsSMTkILEPF  325
HIVLAI     KK----------------DED----------I-----GI------------------S---K-----  338
HIVHXB2R   KK----------------DED----------I-----GI------------------S---K-----  326
HIVMN      KK----------------DKD----------I-----GI------------------S---K-----  329
HIVJRCSF   KK----------------DKD----------I-----GI------------------S---K-----  330
HIVJRFL    KR----------------DKD----------I-----GI------------------S---K-----  326
HIVOYI     KK----------------DKD----------I-----GI------------------S---K-----  326
HIVSF2     KK----------------DKD----------I-----GI------------------S---K-----  326
HIVNY5CG   QK----------------DKD----------I-----GI------------------C---K-----  326
HIVNL43    QK----------------DKD----------I-----GI------------------C---K-----  326
HIVCAM1    KK----------------DKD----------T-----GI------------------S---K-----  326
HIVHAN     KK----------------DKD----------I-----GI------------------S---K-----  325
HIVD31     KK----------------DED----------I-----GV------------------S---K-----  326
HIVRF      KK----------------DKE----------I-----RI------------------S---K-----  325
HIVYU2     KK----------------HED----------I-----GT------------------S---T-----  326
CONSENSUS.D KKKSVTVLDVGDAYFSVPLDeDFRKYTAFTIpSINNETPGIRYQYNVLPQGWKGSPAIFQSSMTKILEPF  324
HIVELI     --------------------E----------S--------------------------------------  325
HIVZ2Z6    --------------------K----------P--------------------------------------  325
HIVNDK     --------------------E----------P--------------------------------------  325
CONSENSUS.O qkkSVTVLDVGDAYFScPLD?DFRKYTAFTIPSvNNETPGiRYqYNVLPQGWKGSPaIFQsSMTKIL?PF  290
HIVMAL     KKK-------------V---E-----------I------I--Q-----------A---S------E--  325
HIVANT70   QKQ-------------C---P-----------V------I--Q-----------A---S------D--  322
HIVMVP5180 QRQ-------------C---P-----------V------V--Q-----------A---S------D--  322
CPZGAB     KKK-------------C---K-----------I------V--Q-----------S---S------E--  324

CONSENSUS.A RSQHPDIVIYQYMDDLYVGSDLEIGQHRAKIEELRAHLLSWGFITPDKKHQKEPPFLWMGYELHPDKWTV  395
HIVU455    ------------------------------------------------------------------------  395
CONSENSUS.B rKQNPdivIYQYMDDLYVGSDLEIgQHRtKIEELRqHLLrWGfTTPDKKHQKEPPFLWMGYELHPDKWTV  395
HIVLAI     R----DIV----------------G---T------Q---R--L---------------------------  408
HIVHXB2R   R----DIV----------------G---T------Q---R--L---------------------------  396
HIVMN      R----DIV----------------G---A------R---R--F---------------------------  399
HIVJRCSF   R----DII----------------G---T------Q---K--F---------------------------  400
HIVJRFL    R----DII----------------G---A------Q---R--F---------------------------  396
HIVOYI     R----DIV----------------G---T------Q---R--F---------------------------  396
HIVSF2     R----DIV----------------G---T------Q---R--F---------------------------  396
HIVNY5CG   R----DIV----------------G---T------Q---R--F---------------------------  396
HIVNL43    R----DIV----------------G---T------Q---R--F---------------------------  396
HIVCAM1    R----DIV----------------G---T------Q---R--L---------------------------  396
HIVHAN     R----DIV----------------E---T------Q---K--F---------------------------  395
HIVD31     R----DIV----------------G---T------Q---R--F---------------------------  396
HIVRF      K----EIV----------------G---I------E---K--F---------------------------  395
HIVYU2     R----DLV----------------G---T------Q---R--F---------------------------  396
CONSENSUS.D RKQNPEiVIYQYMDDLYVGSDLEIGQHRTKIEeLREHLLRWGFTtPDKKHQKEPPFLWMGYELHPDKWTV  394
HIVELI     ------M-----------------------K----------R---------------------------  395
HIVZ2Z6    ------I-----------------------E----------T---------------------------  395
HIVNDK     ------I-----------------------E----------T---------------------------  395
CONSENSUS.O R?knPe?elyQYmDDLYVGSDlei??HRk?iE?LReHL??WGftTPDKKHQKEPPFlWMGYELHPDKWTV  352
HIVMAL     -TKN-EIV-Y--M--------LEIGQ--TKI-E--E--LK--FT----------L-------------  395
HIVANT70   -RDN-ELE-C--M--------LPLTE--KRI-L--E--YQ--FT----------L-------------  392
HIVMVP5180 -KSN-EVE-Y--I--------LPLAE--KRV-L--E--YQ--FT----------L-------------  392
CPZGAB     -EKN-DIT-Y--M--------LEIDQ--KKV-E--Q--LK--FT----------L-------------  394
```

```
CONSENSUS.A QPIQLPEKDSWTVNDIQKLVGKLNWASQIYAGIKVKQLCKLLRGAKALTDIVTLTEEAELELAENREI..  463
HIVU455    ------------------------------------------------------------------..  463
CONSENSUS.B QPIvLPEKDSWTVNDIQKLVGKLNWASQIYaGIKVkqLCKLLRGtKALTEVipLTeEAELELAENREI..  463
HIVLAI     ---V-------------------------P----RQ-------T------IP--E------------..  476
HIVHXB2R   ---V-------------------------P----RQ-------T------IP--E------------..  464
HIVMN      ---V-------------------------A----KQ-------T------IP--E------------..  467
HIVJRCSF   ---V-------------------------A----KQ-------T------IP--K------------..  468
HIVJRFL    ---V-------------------------A----KQ-------T------IP--E------------..  464
HIVOYI     ---M-------------------------A----KN-------T------IP--E------------..  464
HIVSF2     ---M-------------------------A----KQ-------T------IP--E------------..  464
HIVNY5CG   ---V-------------------------A----RQ-------I------VP--E------------..  464
HIVNL43    ---V-------------------------A----RQ-------T------VP--E------------..  464
HIVCAM1    ---M-------------------------A----KQ-------T------VP--E------------..  464
HIVHAN     ---V-------------------------A----KQ-------P------IP--K------------..  463
HIVD31     ---T-------------------------A----RQ-------A------IP--K------------..  464
HIVRF      ---V-------------------------A----KQ-------T------VQ--K------------..  463
HIVYU2     ---V-------------------------A----RQ-------T------IP--E------------..  464
CONSENSUS.D QsIkLPEKESWTVNDIQkLVgkLNWASQIYpGIKVrQLCKLLRGTKALTEViPLTEEAELELAENREI..  462
HIVELI     -S-K-------------N--ER--------P----R---------------I----------------..  463
HIVZ2Z6    -S-K-------------K--GK--------P----R---------------I----------------..  463
HIVNDK     -P-N-------------K--GK--------A----K---------------V----------------..  463
CONSENSUS.O QpIqLP?kevWTVNDIQKLvGKLNWASQIYpGIkvkqLCkLiRGtKsLTdvVplt?EAELELeENrei??  418
HIVMAL     -P-Q--DKES---------V----------P--KVKQ--K-L--A-A--DI-PLTA------A--REI..  463
HIVANT70   -S-Q--NKDV---------I----------Q--RVRE--K-I--T-S--EV-PLSR------E--RER..  460
HIVMVP5180 -P-Q--DKEV---------V----------Q--RVKE--K-I--T-S--EV-PLSK------E--REK..  460
CPZGAB     -P-Q--EKEV---------I----------P--KIKQ--K-I--T-K--DV-PLTP------A--REI..  462

CONSENSUS.A .LKDPVHGVYYDPSKDLVAEIQKQGQDQWTYQIYQEPFKNLKTGKYARKRSAHTNDVKQLTEVVQKVSTE  532
HIVU455    .------------------------------------------------------------------  532
CONSENSUS.B .LKEPVHgVYyDPSKDLiaEiQKQGqGQWTYQIyQEPFKnLKTGKYArmrGaHTNDvKQLTEAVQKiatE  532
HIVLAI     .------G--Y------IA-I----Q-------Y-----N-------RTR-A----V---------ITT-  545
HIVHXB2R   .------G--Y------IA-I----Q-------Y-----N-------RMR-A----V---------ITT-  533
HIVMN      .------G--Y------IA-V----Q-------Y-----N-------RMR-A----V---------IAT-  536
HIVJRCSF   .------G--Y------IV-I----Q-------F-----N-------RTR-A----V---------IAN-  537
HIVJRFL    .------G--Y------IA-L----Q-------Y-----I-------RTR-A----V---------IAN-  533
HIVOYI     .------G--Y------VA-L----Q-------Y-----N-------RMR-A----V---------ITQ-  533
HIVSF2     .------E--Y------VA-I----Q-------Y-----N-------RMR-A----V---------VST-  533
HIVNY5CG   .------G--Y------IA-I----Q-------Y-----N-------RMK-A----V---------IAT-  533
HIVNL43    .------G--Y------IA-I----Q-------Y-----N-------RMK-A----V---------IAT-  533
HIVCAM1    .------G--Y------IA-L----Q-------Y-----N-------KMR-T----V---------IAT-  533
HIVHAN     .------G--C------VA-I----E-------Y-----N-------RMR-A----I---------IAT-  532
HIVD31     .------G--Y------IA-I----Q-------Y-----N-------RMR-A----V---------ITT-  533
HIVRF      .------G--Y------IA-I----Q-------Y-----N-------RMR-A----V---------VAT-  532
HIVYU2     .------G--Y------IA-I----Q-------Y-----N-------RTR-A----V---------IAT-  533
CONSENSUS.D .LKEPVHGVYYDPSKDLIAEiQKQGhGQWTYQIYQEPFKNLKTGKYARmRGAHTNDVKQLaEaVQkIsTE  531
HIVELI     .--------------------I----H----------------------M-----------A-A--R-S--  532
HIVZ2Z6    .--------------------I----H----------------------M-----------A-V--K-S--  532
HIVNDK     .--------------------L----D----------------------T-----------T-A--K-A--  532
CONSENSUS.O ?lk?pvhGvYYqPdkdL?a?IQKqG?gQWTYQiyQeehKnLKtGKYaRqk??HTNdirQLaevvQKi?qE  480
HIVMAL     .LKEPVH-V--D-SKD-IAE---Q-QG-----IY-EQY-N--T---A-IKSA---DVK--TEAV--IAQ-  532
HIVANT70   .LKQPVH-V--Q-DKD-WVN---Q-GE-----IY-EEH-N--T---T-QKAS---DIR--AEVI--VSQ-  529
HIVMVP5180 .LKEPVH-V--Q-DKD-WVS---H-EG-----VY-DEH-N--T---A-QKAS---DIR--AEVV--VSQ-  529
CPZGAB     .VSTPVH-V--D-DKE-IAE---Q-NC-----IF-EPH-N--T---A-QRSA---DIR--AEAV--IAT-  531
```

HIV-1 POL

```
                                                                p51 \/
CONSENSUS.A SIVIWGKIPKFRLPIQKETWEAWWMEYWQATWIPEWEFVNTPPLVKLWYQLEKDPIAGAETFYVDGAANR  602
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------  602
CONSENSUS.B sIVIWGKtPKFkLPIQKETWeaWWteYwqATWIPEWEfVNTPPLVKLWYQLEkePIvGAETFYVDGAAnR  602
HIVLAI      S------T---K--------ET--TE-WQ--------F-------------KE--V-----------S-  615
HIVHXB2R    S------T---K--------ET--TE-WQ--------F-------------KE--V-----------N-  603
HIVMN       S------T---R--------ET--TE-TX--------V-------------KE--V-----------N-  606
HIVJRCSF    S------I---K--------ET--TE-WQ--------F-------------KE--V-----------N-  607
HIVJRFL     S------I---K--------ET--TE-WQ--------F-------------KE--V-----------N-  603
HIVOYI      S------T---K--------EA--TE-WQ--------F-------------KD--V-----------N-  603
HIVSF2      S------I---K--------EA--ME-WQ--------F-------------KE--V-----------N-  603
HIVNY5CG    S------T---K--------EA--TE-WQ--------F-------------KE--I-----------N-  603
HIVNL43     S------T---K--------EA--TE-WQ--------F-------------KE--I-----------N-  603
HIVCAM1     S------T---K--------DA--ID-WQ--------F-------------KE--V-----------N-  603
HIVHAN      G------T---R--------EA--TE-WQ--------F-------------KE--V-----------N-  602
HIVD31      S------T---K--------EA--TE-WQ--------F-------------TE--V-----------N-  603
HIVRF       S------T---K--------EA--TE-WQ--------F-------------KE--I-----------N-  602
HIVYU2      S------T---K--------ET--TE-WQ--------F-------------KE--I-----------N-  603
CONSENSUS.D SIVIWGkTPKFrLPIQKETWETWW?EYWQATWIPEWEFVNTPPLVKLWYQLEKEPIIGAETFYVDGAANR  600
HIVELI      ------R----R------------A-----------------------------------------------  602
HIVZ2Z6     ------K----R------------V-----------------------------------------------  602
HIVNDK      ------K----K------------I-----------------------------------------------  602
CONSENSUS.O sIvIWGk?PKFrLPvtrEtWeaWWaeYWQATWIPEWEFvnTPPLikLWY?LetePI?gaeTfYVDGAANR  547
HIVMAL      S-V---KT---R--IQK-T-EA--TE------------VN----VK---Q-ETE--VGAE-F--------  602
HIVANT70    S-I---KL---K--VTR-T-ET--AD------------VS----IK---R-ESE--MGAE-Y--------  599
HIVMVP5180  A-V---KL---R--VTR-T-ET--AE------------VS----IK---Q-ETE--VGAE-F--------  599
CPZGAB      S-V---KT---R--VQK-S-EA--AE------------IN----VK---S-ETE--PTTD-Y--------  601

CONSENSUS.A ETKLGKAGYVTDRGRQKVVSLTETTNQKTELHAIHLALQDSGSEVNIVTDSQYALGIIQAQPDRSESEIV  672
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------  672
CONSENSUS.B ETklGKAGYVTdrGRQKVVsltDTTNQKTELQAIhLALQDSGLEVNIVtDSQYAlGIIQAQPDkSESELV  672
HIVLAI      --KL-------NR------TLT-----------H-------------T-----L--------K-------  685
HIVHXB2R    --KL-------NR------TLT-----------Y-------------T-----L--------Q-------  673
HIVMN       --KK-------NR------SLT-----------H-------------T-----L--------K-------  676
HIVJRCSF    --KL-------SR------SLT-----------H-------------T-----L--------K-------  677
HIVJRFL     --KL-------NR------SLT-----------H-------------T-----L--------K-------  673
HIVOYI      --KL-------DR------SLT-----------H-------------T-----L--------K-------  673
HIVSF2      --KL-------DR------SIA-----------H-------------T-----L--------K-------  673
HIVNY5CG    --KL-------DR------PLT-----------H-------------T-----L--------K-------  673
HIVNL43     --KL-------DR------PLT-----------H-------------T-----L--------K-------  673
HIVCAM1     --RL-------DR------PLT-----------Y-------------T-----L--------K-------  673
HIVHAN      --KL-------DR------SLN-----------H-------------T-----L--------K-------  672
HIVD31      --KL-------DR------SLT-----------H-------------S-----I--------K-------  673
HIVRF       --KL-------DR------SLT-----------H-------------T-----L--------K-------  672
HIVYU2      --KL-------NK------SLT-----------Y-------------T-----L--------R-------  673
CONSENSUS.D ETKLGKAGYVTDRGRQKVVPfTDTTNQKTELQAINLALQDSGLEVNIVTDSQYALGIIQAQPDKSESELV  670
HIVELI      --------------------L-----------------------------------------------  672
HIVZ2Z6     --------------------F-----------------------------------------------  672
HIVNDK      --------------------F-----------------------------------------------  672
CONSENSUS.O etklGKAGYVTd?Gkqkii?L?eTTNQkaEL?AillALqDS???VNIVTDSQYaLGiiqsqPdqSeSpiV  610
HIVMAL      ETKK-------DR-RQKVVS-TE----KT--Q-IHL--Q--GSE---------A--IIQAQ-DK-E-EI-  672
HIVANT70    ETKL-------EQ-KQKIIK-DE----KA--M-ILL--Q--KET---------A--VISSQ-TQ-E-PI-  669
HIVMVP5180  NTKL-------EQ-KQNIIK-EE----KA--M-VLI--Q--KEQ---------V--IISSQ-TQ-D-PI-  669
CPZGAB      ETKT-------DK-KQKIIS-EN----QA--K-LLL--Q--DQQ---------V--IIQSQ-DH-E-EL-  671
```

```
CONSENSUS.A NQIIEKLIEKEKVYLSWVPAHKGIGGNEQVDKLVSSGIRKVLFLDGIDKAQEDHEKYHCNWRAMASDFNL   742
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------   742
CONSENSUS.B sQiIEqLIKKEKVYLaWVPAHKGIGGNEQVDkLVSaGIRKVLFLdGIDKAQeeHEKYHSNWrAMAsDFNL   742
HIVLAI      N----Q---------A---------------K---A--------D------DE--------R---S----   755
HIVHXB2R    N----Q---------A---------------K---A--------D------DE--------R---S----   743
HIVMN       S----Q---------A---------------K---A--------D------ED--------R---S----   746
HIVJRCSF    S----Q---------A---------------K---A--------D------ED--------R---S----   747
HIVJRFL     S----Q---------A---------------K---A--------D------ED--------K---S----   743
HIVOYI      S----Q---------A---------------K---A--------D------EE--------R---S----   743
HIVSF2      S----Q---------A---------------K---A--------N------EE--------R---S----   743
HIVNY5CG    S----Q---------A---------------K---A--------D------EE--------R---S----   743
HIVNL43     S----Q---------A---------------G---A--------D------EE--------R---S----   743
HIVCAM1     S----E---------A---------------K---A--------D------EE--------R---S----   743
HIVHAN      S----Q---------A---------------K---A--------D------ED--------R---N----   742
HIVD31      S----Q---------T---------------K---A--------D------DE--------R---S----   743
HIVRF       S----Q---------A---------------R---T--------D------DE--------R---S----   742
HIVYU2      S----Q---------A---------------K---A--------D------EE--------R---S----   743
CONSENSUS.D sQIIEQLIKKEKVYLAWVPAHKGIGGNEQVDKLVSQGIRKVLFLDGIDKAQEEHEKYHNNWRAMASDFNL   740
HIVELI      N------------------------------------------------------------------------   742
HIVZ2Z6     S------------------------------------------------------------------------   742
HIVNDK      S------------------------------------------------------------------------   742
CONSENSUS.O ?qIIeeLikke?vYLsWVPAHKGIGGNEqvDKLVS?gIR?VLFLeGID?AQEdHekYHSNWralAsdfnL   675
HIVMAL      NQ--EQ-IQKDKV--S----------QV-----SG--K----D---K---E-EK-----RAM-SDFN-   742
HIVANT70    QQ--EE-TKKEQV--T----------KI-----KD--R----E---Q---D-EK-----KAL-SEFG-   739
HIVMVP5180  QQ--EE-TKKERV--T----------KI-----KD--R----E---Q---D-EK-----RAL-SDFG-   739
CPZGAB      NQ--EE-IKKEKI--S----------QV-----AG--K----D---R---E-ER-----KAM-SDFN-   741

CONSENSUS.A PPVVAKEIVASCNKCQLKGEAMHGQVDCSPGIWQLDCTHLEGKVILVAVHVASGYIEAEVIPAETGQETA   812
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------   812
CONSENSUS.B PPvVAKEIVASCDKCQLKGEAMHGQVDCSPGIWQLDCTHLEGKvILVAVHVASGYIEAEVIPaETGQETA   812
HIVLAI      --V-------------------------------------V-----------------A-------       825
HIVHXB2R    --V-------------------------------------V-----------------A-------       813
HIVMN       --I-------------------------------------V-----------------A-------       816
HIVJRCSF    --I-------------------------------------I-----------------A-------       817
HIVJRFL     --V-------------------------------------I-----------------A-------       813
HIVOYI      --V-------------------------------------I-----------------A-------       813
HIVSF2      --V-------------------------------------I-----------------A-------       813
HIVNY5CG    --V-----------------  --------------------V-----------------A-------       813
HIVNL43     --V-------------------------------------V-----------------A-------       813
HIVCAM1     --V-------------------------------------V-----------------A-------       813
HIVHAN      --V-------------------------------------I-----------------V-------       812
HIVD31      --V-------------------------------------V-----------------A-------       813
HIVRF       --V-------------------------------------I-----------------A-------       812
HIVYU2      --V-------------------------------------V-----------------A-------       813
CONSENSUS.D PPVVAKEIVASCDKCQLKGEAMHGQVDCSPGIWQLDCTHLEGKVILVAVHVASGYIEAEVIPAETGQETA   810
HIVELI      ------------------------------------------------------------------------   812
HIVZ2Z6     ------------------------------------------------------------------------   812
HIVNDK      ------------------------------------------------------------------------   812
CONSENSUS.O PPiVAKEIiAsCdKCh?KGEA?HGQVDcSPgiWQ?DCTHlEGKiIIVAVHVaSgfIEAEVipaETGqeTA   742
HIVMAL      --I-----V-S-D--QL----M-----C--GI--L----L---I-------A-GY-----IPA---QE--   812
HIVANT70    --V-----I-S-P--HI----I-----C--EV--I----M---I-------A-GF-----IPA---QE--   809
HIVMVP5180  --I-----I-S-P--HI----T-----Y--EI--M----L---I-------A-DF-----IPA---QE--   809
CPZGAB      --I-----V-H-D--QV----M-----C--GI--V----L---V-------A-GY-----IPA---QE--   811
```

HIV-1 POL

```
CONSENSUS.A YFILKLAGRWPVKVIHTDNGSNFTSAAVKAVCWWANIQQEFGIPYNPQSQGVVESMNKELKKIIGQVREQ  882
HIVU455     ------------------------------------------------------------------  882
CONSENSUS.B YFlLKLAGRWPVktiHTDNGsNFtstTVkAACWWaGiKQEFGIPYNPQSQGVvESMNkeLKkIIGQVRDQ  882
HIVLAI      --L---------KTI-----S--TST--K-----A-I--------------V----KE--K--------  895
HIVHXB2R    --L---------KTI-----S--TGA--R-----A-I--------------V----KE--K--------  883
HIVMN       --L---------KTI-----P--TST--K-----T-I--------------I----KE--K--------  886
HIVJRCSF    --L---------TTI-----S--TST--K-----A-I--------------V----KE--K--------  887
HIVJRFL     --L---------KTI-----S--TST--K-----A-I--------------V----KE--K--------  883
HIVOYI      --I---------KTI-----S--TST--K-----A-I--------------V----NE--K--------  883
HIVSF2      --L---------KTI-----S--TST--K-----A-I--------------V----NE--K--------  883
HIVNY5CG    --L---------KTV-----S--TST--K-----A-I--------------I----KE--K--------  883
HIVNL43     --L---------KTV-----S--TST--K-----A-I--------------I----KE--K--------  883
HIVCAM1     --L---------KTI-----G--IST--K-----A-I--------------V----NE--K--------  883
HIVHAN      --L---------KTV-----P--TST--K-----A-I--------------V----KE--K--------  882
HIVD31      --I---------KTI-----S--TST--K-----A-V--------------V----KE--K--------  883
HIVRF       --I---------KVI-----S--TST--K-----A-I--------------V----KQ--Q--------  882
HIVYU2      --L---------TTI-----S--TSA--K-----A-I--------------V----KE--K--------  883
CONSENSUS.D YFlLKLAGRWPVKvVHTDNGSNFTSAaVKAACWWAGIKQEFGIPYNPQSQGVVESMNKELKKIIGQVRDQ  880
HIVELI      --L----------V-----------A-------------------------------------------  882
HIVZ2Z6     --I----------I-----------A-------------------------------------------  882
HIVNDK      --L----------V-----------T-------------------------------------------  882
CONSENSUS.O YFlLKLA?RWPVKviHTDNGpNFTSaavKAACWWanIqqEFGIPYNPQSQGVVEsmNKeLK?IIgQvRdQ  810
HIVMAL      --I----G-----VV-----S----AAV------AN-KQ--------------SM--E--K--G-V-E-  882
HIVANT70    --L----A-----VI-----P----TTM------AN-QH--------------AM--E--S--Q-V-D-  879
HIVMVP5180  --L----A-----VI-----P----AAM------TG-QH--------------AM--E--S--Q-V-D-  879
CPZGAB      --L----G-----TI-----P----AAV------AD-KQ--------------SL--E--K--G-V-D-  881

CONSENSUS.A AEHLKTAVQMAVFIHNFKRKGGIGGYSAGERIIDIIATDIQTKELQKQISKIQNFRVYYRDSRDPIWKGP  952
HIVU455     ------------------------------------------------------------------  952
CONSENSUS.B AEHLKtAVQMAVFIHNFKRKGGIGGYSAGERIvdIIATDIQtKELQKQITKIQNFRVYYRDsrdPlWKGp  952
HIVLAI      -----T-------------------------VD-------T-------------------SRD-L---P  965
HIVHXB2R    -----T-------------------------VD-------T---------  ---------SRN-L---P  953
HIVMN       -----R-------------------------VG-------T-------------------SRD-L---P  956
HIVJRCSF    -----T-------------------------ID-------T-------------------NRD-I---P  957
HIVJRFL     -----T-------------------------VD-------T-------------------SRE-L---P  953
HIVOYI      -----T-------------------------VD-------T-------------------SRE-L---P  953
HIVSF2      -----T-------------------------VD-------T-------------------NKD-L---P  953
HIVNY5CG    -----T-------------------------VD-------I-------------------SRD-V---P  953
HIVNL43     -----T-------------------------VD-------T-------------------SRD-V---P  953
HIVCAM1     -----T-------------------------ID-------T-------------------SRD-L---P  953
HIVHAN      -----T-------------------------VD-------T-------------------SRE-F---P  952
HIVD31      -----T-------------------------VD-------T-------------------SRD-L---P  953
HIVRF       -----T-------------------------VD-------T-------------------SRD-L---H  952
HIVYU2      -----T-------------------------VD-------T-------------------SRD-L---P  953
CONSENSUS.D AEHLKTAVQMAVFIHNFKRkgGIGGYSAGERIIDIIATDIQTkELQKQIiKIQNFRVYYRDSRDPIWKGP  950
HIVELI      ------------------RR--------------------K------I-------------------  952
HIVZ2Z6     ------------------KG--------------------K------T-------------------  952
HIVNDK      ------------------KG--------------------R------I-------------------  952
CONSENSUS.O AEhLkTAVqMAVfiHNFKRKGGIGGYtaGeRiiDilAtdIQTteLQkQIlKiq?FRVyYRDsRDPiWKGP  879
HIVMAL      --H-K---Q---FI-----------SA-E-II-MI-TD---KE--K--T-IQN---Y---N---I----  952
HIVANT70    --H-R---Q---FV-----------TA-E-II-IL-SQ---TE--K--L-XHK---Y---S---I----  949
HIVMVP5180  --H-K---Q---FV-----------TA-E-LI-IL-SQ---TE--K--L-INN---Y---S---I----  949
CPZGAB      --H-K---Q---FI-----------TA-E-II-II-TD---SE--K--L-VQK---Y---S---I----  951
```

```
                                    vif cds ->
CONSENSUS.A AKLLWKGEGAVVIQDNSDIKVVPRRKAKIIRDYGKQMAGDDCMAGRQDED                1002
HIVU455     --------------------------------------------------                1002
CONSENSUS.B AKLLWKGEGAVVIQDNsdIKVVPRRKaKiIRDYGKQmagDDCVAsRQDED                1002
HIVLAI      ----------------SD--------A-I-------MAG-----S-----                1015
HIVHXB2R    ----------------SD--------A-I-------MAG-----S-----                1003
HIVMN       ----------------ND--------A-V-------TAG-----S-----                1006
HIVJRCSF    ----------------SD--------V-I-------MAG-----S-----                1007
HIVJRFL     ----------------SD--------V-I-------MAG-----S-----                1003
HIVOYI      ----------------SD--------A-I-------MAG-----S-----                1003
HIVSF2      ----------------SD--------A-I-------MAG-----S-----                1003
HIVNY5CG    ----------------SD--------A-I-------MAG-----S-----                1003
HIVNL43     ----------------SD--------A-I-------MAG-----S-----                1003
HIVCAM1     ----------------SD--------A-I-------MAG-----S-----                1003
HIVHAN      ----------------SD--------A-I-------MGS-----S-----                1002
HIVD31      ----------------SE--------A-I-------MAG-----G-----                1003
HIVRF       ----------------SD--------A-I-------MAG-----S-----                1002
HIVYU2      ----------------SD--------A-I-------MAG-----G-----                1003
CONSENSUS.D AKLLWKGEGAVVIQDnSDIKVVPRRKVKIIRDYGKQMAGDDCVASRQDED                1000
HIVELI      ---------------K----------------------------------                1002
HIVZ2Z6     ---------------N----------------------------------                1002
HIVNDK      ---------------N----------------------------------                1002
CONSENSUS.O AqLLWKGEGAVVIQDkgdiKVVPRRKAKIIRdYGKQMAG?D??As?QtE??S?EQP?EIP       931
HIVMAL      -K-------------NSDI------------D-------D-CV-GG-D-D                1002
HIVANT70    -Q-------------KGDI------------E-------T-SM-SG-T-SE-V---S---      1009
HIVMVP5180  -Q-------------KGDI------------D-------T-SM-NR-T-SE-M---G---      1009
CPZGAB      -T-------------QGEL------------D-------D-CV-SR-N-D                1001
```

HIV-1 VIF

Sequence subtypes C and E are not currently represented in VIF. The highly divergent Cameroonian isolate sequences ANT70 and MVP5180 were kindly provided prior to publication by Drs. Saman and vanden Haesevelde, Innogenetics, Belgium, and by Dr. Lutz Gurtler and colleagues at the Max v. Pettenkofer Institute, Munich.

```
                          <-  pol cds
CONSENSUS.A MENRWQVMIVWQVDRMKIRTWNSLVKHHMYVSKKAQGWFYRHHYESRHSRVSSEVHIPLGE..ARLVVRT     68
HIVU455     ------------------------------------------------------------..-------     68
CONSENSUS.B MENRwqVMiVWQvDRMRIrtWksLVKHHmYiS?KAkgwfYrHHYEStHPriSSEVhIPlGd..arLViTT     67
HIVLAI      ----WQ--I---V-----RT-KS-----M-V-G--RGWF-R-----PH-RI----H--L-D..AR--I--     68
HIVHXB2R    ----WQ--I---V-----RT-KS-----M-V-G--RGWF-R-----PH-RI----H--L-D..AR--I--     68
HIVMN       ----RQ--I---A-----RT-KS-----M-I-K--KGRF-R-----TH-RI----H--L-D..AR--I--     68
HIVJRCSF    ----WQ--I---V-----RT-NS-----M-I-G--KGWI-K-----TN-RV----Q--L-D..AR--I--     68
HIVJRFL     ----WQ--I---V-----RT-KS-----M-T-G--KGWI-R-----TH-RI----H--L-D..AR--I--     68
HIVNH52     ----WQ--V---V-----RA-KS-----M-I-R--KGWF-R-----TH-RI----H--L-D..AK--I--     68
HIVOYI      ----WQ--I---V-----RT-KS-----M-V-K--KGWF-R-----TH-RI----H--L-D..AT--V--     68
HIVSF2      ----WQ--I---V-----RT-KS-----M-I-K--KGWF-R-----TH-RV----H--L-D..AK--I--     68
HIVNY5CG    ----WQ--I---V-----NT-KR-----M-I-R--KDWF-R-----TN-KI----H--L-D..AK--I--     68
HIVNL43     ----WQ--I---V-----NT-KR-----M-I-R--KDWF-R-----TN-KI----H--L-D..AK--I--     68
HIVCAM1     ----WQ--I---V-----RT-KS-----M-I-G--KKWS-R-----TH-RI----H--L-E..AR--V--     68
HIVHAN      ----WA--I---V-----RT-NS-----I-C-R--KNWV-R-----TN-RV----H--L-E..AK--I--     68
HIVD31      ----WQ--I---V-----RT-KS-----M-V-G--EKWF-K-----TN-RI----H--L-D..AR--I--     68
HIVRF       ----WQ--I---V-----RT-KS-----M-I-R--KGWF-R-----TH-RI----H--P-D..ER--I--     68
HIVYU2      ----WQ--I---V-----RA-KS-----M-I-G--RGWF-R-----PH-RI----H--L-D..AK--I--     68
CONSENSUS.D MENRWQVMIVWQVDRMRI?TWKSLVKhHMYVSKKAnRWFYRHHYdSpHPKISSEVHIPLGE..ArLVvkT     67
HIVELI      ------------------K-------H--------N--------E-P--------------..-R--IK-     68
HIVZ2Z6     ------------------R-------H--------S--------D-P--------------..-M--VK-     68
HIVNDK      ------------------N-------Y--------N--------D-H--------------..-R--VT-     68
CONSENSUS.O MenrwqV?iVWQvDRmrik?WnSLVKyH?y?skka?nW?YRHHYesrnPkvssevhIP?????a?lvVtt     58
HIVANT70    -ENRWQ-LI---V--QKVKA-N----Y-KYRSRKTEN-W-----ESRN-RVSSSVY--VGV..AHVV-TT     68
HIVMVP5180  -ENRWQ-LI---I--QKVKA-N----Y-KYMSKKAAN-R-----ESRN-KVSSAVY--VAE..ADIV-TT     68
CPZGAB      -ENRWQ-MI---V--MRIKT-N----Y-IYRSKKARG-F-----DHPN-KVASEIH--FRDY.SKLI-TT     69
HIVMAL      -ENRWQ-MI---V--MRIRT-H----H-MYVSKKAKN-F-----ESRH-KVSSEVH--LGD..ARLV-RT     68

CONSENSUS.A YWGLHTGEKDWHLGHGVSIEWRLKRYSTQVDPDLADHLIHLHYFDCFSESAIRRAILGQIVRPRCEYQAG    138
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------    138
CONSENSUS.B YWGLHTgeRdWhLGqGvsiEWrkkrYsTQVDPdLADqLIHlyYFDCFSeSAIrnailG?ivSPrCEyqAG    136
HIVLAI      ------GE-D-H--Q-VSI--RKKR-S-----E---Q---LY------D---RKALL-HIV--R--YQ--    138
HIVHXB2R    ------GE-D-H--Q-VSI--RKKR-S-----E---Q---LY------D---RKALL-HIV--R--YQ--    138
HIVMN       ------GE-D-H--Q-VSI--RKKR-S-----D---H---LH------D---RKAIL-HRV--I--FQ--    138
HIVJRCSF    ------GE-D-H--Q-VSM--RTRR-S-----D---Q---LY------E---RNAIL-HIV--R--YQ--    138
HIVJRFL     ------GE-D-H--Q-VSV--RKKR-N-----D---Q---LY------E---RNAIL-HIV--R--YQ--    138
HIVNH52     ------$K-D-H--Q-VSV--KKRR-S-----N---Q---LH------E---RNAIL-RIV--R--YQ--    137
HIVOYI      ------GE-E-H--Q-ASI--RKKR-S-----G---Q---TY------E---RNAIL-NIV--R--YP--    138
HIVSF2      ------GE-E-H--Q-VAI--RKKK-S-----G---Q---LH------E---KNAIL-YRV--R--YQ--    138
HIVNY5CG    ------GE-D-H--Q-VSI--RKKR-S-----D---Q---LH------E---RNTIL-RIV--R--YQ--    138
HIVNL43     ------GE-D-H--Q-VSI--RKKR-S-----D---Q---LH------E---RNTIL-RIV--R--YQ--    138
HIVCAM1     ------GE-D-H--Q-VSI--RTKG-N-----D---Q---LY------E---RKAIV-RLV--R--YQ--    138
HIVHAN      ------GE-D-H--Q-ASI--RKRR-S-----N---Q---LY------E---RNAIL-RIV--R--YQ--    138
HIVD31      ------GE-D-Q--H-VSI--RKKR-S-----G---Q---LY------E---RNAIL-RIG--S--YR--    138
HIVRF       ------GE-D-H--Q-VSI--RKRR-S-----D---Q---LY------E---RKPSL-HIV--R--YQ--    138
HIVYU2      ------GE-D-H--Q-VSI--RKKR-S-----D---Q---LY------E---RKAIL-YRV--R--YQ--    138
CONSENSUS.D YWGLHTGEreWHLGQGVSIEWRKRRYSTQVDPGLADQLIHMYYFDCFsEsAIRKAILGhIVSprCEYQAG    137
HIVELI      --------RE------------------------------------S-S--------D---PR------    138
HIVZ2Z6     --------RD------------------------------------S-A--------H---HR------    138
HIVNDK      --------KE------------------------------------A-S--------H---PS------    138
CONSENSUS.O yWgL?pGEr?wHLGHGVSIeWr?k?Y?TQ?DPetADrmIHl?YF?CF?esAiR?AILGqrvlt?CeY??G    115
HIVANT70    Y-G-MP--RDE--------E-RYKK-K--I--ET--RM--LH--T--TAS-V-K----QRVLTK-E-PT-    138
HIVMVP5180  Y-G-MP--REE--------E-QYKE-K--I--ET--RM--LH--T--TES-I-K----QRVLTK-E-LA-    138
CPZGAB      Y-A-SP--RAW--------Q-RLGS-V--V--FT--RL--SQ--D--AET-I-R----QLVAPR-E-KE-    139
HIVMAL      Y-G-QT--KDW--------E-RQKR-S--L--DL--QL--LY--D--SES-I-Q----HIVSPR-D-QA-    138
```

```
                                                vpR cds ->
CONSENSUS.A HNKVGSLQYLAL.KAL...VTPTRAKPPLPSVKKLTEDRWNKPQKTRGHRGSRTLNRH     192
HIVU455     ------------.---...------------------------------------     192
CONSENSUS.B HnKvGsLQYLAL.aAL...itpKkiKPPLPsV?KLTEDRWNKPqKTKGHrGShTmnGH     189
HIVLAI      -N-V-S------.A--...ITP-KI-----S-T----------Q-----R--H-MN--     192
HIVHXB2R    -N-V-S------.A--...ITP-KI-----S-T----------Q-----R--H-MN--     192
HIVMN       -N-V-P------.T--...ITP-KI-----S-K----------Q-----R--H-IN--     192
HIVJRCSF    -S-V-S------.T--...IKP-KI-----S-K----------Q-----R--H-MN--     192
HIVJRFL     -N-V-S------.T--...IKS-KI-----S-K----------Q-----R--H-MN--     192
HIVNH52     -N-I-S------.A--...ITP-KI-----S-T----------R-----K--H-MN--     191
HIVOYI      -N-V-S------.A--...IKP-KI-----S-T----------Q-----R--H-MN--     192
HIVSF2      -N-V-S------.A--...ITP-KT-----S-K----------Q-----R--H-MN--     192
HIVNY5CG    -N-V-S------.A--...IKP-QI-----S-R----------Q-----R--H-MN--     192
HIVNL43     -N-V-S------.A--...IKP-QI-----S-R----------Q-----R--H-MN--     192
HIVCAM1     -N-V-S------.T--...IAP-KI-----S-R----------Q-----R--H-MN--     192
HIVHAN      -S-V-S------.A--...TTP-KI-----I-T----------Q-----R--H-MH--     192
HIVD31      -N-V-S------.A--...ITP-KI-----S-A----------R-----R--H-MN--     192
HIVRF       -N-V-S------.A--...TTP-KI-----S-K----------Q-----R--H-MN--     192
HIVYU2      -N-V-S------.T--...ITP-KT-----S-K----------Q-----R--R-MN--     192
CONSENSUS.D HnKVGSLQYLAL.tAL...iAPKkIKPPLPSVRKLTEDRWNKPQkTkGhrGSHTMNGH     191
HIVELI      -N----------.T--...I---Q--------------------Q-R-HR--------     192
HIVZ2Z6     -S----------.T--...V---K--------------------K-K-HK--------     192
HIVNDK      -N----------.A--...I---K--------------------K-K-RR--------     192
CONSENSUS.O HsqVGtLQ?LAl?kal??????k??rpplPSv?kLTEDRWNKp?r?r?h??s??mNGH     155
HIVANT70    -SQ--T--L--L.RAV...VKARSRKPPL--VQK--------HLRIRDQLKSPSM---     192
HIVMVP5180  -SQ--T--F--L.KAV...VKVKRNKPPL--VQR--------PWKIRDQLGSHSM---     192
CPZGAB      -RQ--S--F--L.KAL...ISERRHRPPL--VAK--------HQRTKVHQENLTR---     193
HIVMAL      -NK--S--Y--L.TAL...IAPKKTRPPL--VRK--------PQQTKGHRGSHTM---     192
```

HIV-1 VPR

Sequence subtypes C and E are not currently represented in VPR. The highly divergent Cameroonian isolate sequences ANT70 and MVP5180 were kindly provided prior to publication by Drs. Saman and vanden Haesevelde, Innogenetics, Belgium, and by Dr. Lutz Gurtler and colleagues at the Max v. Pettenkofer Institute, Munich.

```
                                <- vif cds
CONSENSUS.A MEQAPEDQGPQREPYAEXALELLEELKHEDVRHFPRQWLHGLGQHIYNTYGDTWEGVEAIIRILQQLLFI   70
HIVU455     ------------------------------------------------------------------------   70
CONSENSUS.B MEQaPEDQGPQRePyNeWtLELLeeLKsEAVRHFPRiWLhsLgQhIYETYGDTWaGVEAiIRiLQQLLFI   70
HIVLAI      ---A--------E-H-E-T----EE--N--------I--HG-G-H---------A----I--I-------   70
HIVHXB2R    ---A--------E-H-E-T----EE--N--------I--HG-G-H---------A----I--I-------   70
HIVMN       ---A--------E-Y-Q-A----EE--N--------I--HG-G-H---------A----I--I-------   70
HIVSC       ---A--------E-Y-E-T----RK--S--------I--HG-G-H---------A----I--I-------   70
HIVJRCSF    ---A--------E-Y-E-T----EE--N--------I--HS-G-Y---------A----I--I-------   70
HIVJRFL     ---A--------E-Y-E-T----EE--N--------V--HS-G-Y---------A----I--I-------   70
HIVNH52     ---A--------E-Y-E-T----EE--N--------I--HS-G-Y---------T----I--I-------   70
HIVOYI      ---A--------E-Y-E-T----EE--S--------I--HS-E-Y---------E----I--I-------   70
HIVSF2      ---A--------E-Y-E-T----EE--R--------P--HS-G-Y---------A----I--I-------   70
HIVNY5CG    ---A--------E-Y-E-T----EE--S--------I--HN-G-H---------A----I--I-------   70
HIVNL43     ---A--------E-Y-E-T----EE--S--------I--HN-G-H---------A----I--I-------   70
HIVCAM1     ---T--------Q-Y-E-T----EE--S--------P--LA-G-H---------P----L--S-------   70
HIVHAN      ---A--------E-Y-A-T----EE--S--------I--HS-G-Y---------A----I--I-------   70
HIVD31      ---A--------E-Y-E-T----EE--S--------I--HS-G-H---------T----L--M-------   70
HIVRF       ---A--------E-Y-E-T----EE--S--------L--HS-G-H---------A----I--I-------   70
HIVYU2      ---A--------E-H-E-T----EE--R--------P--HG-G-H---------A----I--I-------   70
CONSENSUS.D MEQAPeDQGPQREPYNEWtLELLEELKSEAVRHFPRIWLHSLGQhIYETYGDTWaGVEAiIRILQQLLFI   70
HIVELI      -----A----------A-------------------------H---------V----I----------   70
HIVZ2Z6     -----E----------T-------------------------Y---------A----L----------   70
HIVNDK      -----E----------T-------------------------H---------A----I----------   70
CONSENSUS.O MEQApedqGP?rEP?nEW?LElLEElK?EAVRHFPrpwLh?lgQ?iyetYgdtw?gv?aiirilQqllfi   62
HIVANT70    ----PENQ--AK--FN--A--L---L-A-------RPW-HALG-YIYET-GDTWVGVMAIIRIL-QLLFT   70
HIVMVP51    ----LENQ--AR--FN--T--L---L-E-------RPW-QACG-YIYET-GDTWEGVMAIIRIL-QLLFT   70
CPZGAB      ----PEDQ--PR--YQ--A--T---L-N-------RPW-HQLG-FIYDT-GDTWVGVEAIIRIL-HLLFI   70
HIVMAL      ----PADQ--QR--HN--T--L---L-Q-------RIW-HSLG-HIYET-GDTWEGVEAIIRSL-QLLFI   70

                          tat cds ->
CONSENSUS.A HFRIGCQHSRIGIIP...GRRG.RNGASRS                                          96
HIVU455     ---------------...----.-------                                           96
CONSENSUS.B HFrigcqhSRiGitr...qRRa?RNGaSRS                                           96
HIVLAI      --RIGCRH--I-VTQ...Q--A.---A---                                           96
HIVHXB2R    --QNWVST                                                                 78
HIVMN       --RIGCRH--I-IIR...Q--A.---A---                                           96
HIVSC       --RIGCRH--I-IIQ...Q--S.---S---                                           96
HIVJRCSF    --RIGCRH--I-ITR...Q--A.---A---                                           96
HIVJRFL     --RIGCQH--I-ITR...Q--A.---A---                                           96
HIVNH52     --RIGCQH--M-ITQ...R--T.---A---                                           96
HIVOYI      --RIGCQH--I-ITR...Q--A.---A---                                           96
HIVSF2      --RIGCQH--I-IIQ...Q--AR---A---                                           97
HIVNY5CG    --RIGCQH--I-IIR...Q--A.---A---                                           96
HIVNL43     --RIGCRH--I-VTR...Q--A.---A---                                           96
HIVCAM1     --RIGCRH--I-IIQ...Q--S.---A---                                           96
HIVHAN      --RIGCRH--I-ITP...Q--A.---A---                                           96
HIVD31      --RIGCQH--I-ITR...Q--A.---A---                                           96
HIVRF       --RIGCQH--I-ITR...Q--A.---A---                                           96
HIVYU2      --RIGCQH--I-IIQ...Q--AR---A---                                           97
CONSENSUS.D HFRIGCQHSRIgItR...QRRA.RNGSSRS                                           96
HIVELI      -----------G-I-...----.-------                                           96
HIVZ2Z6     -----------G-T-...----.-------                                           96
HIVNDK      -----------S-T-...----.-------                                           96
CONSENSUS.O H?rigCqhSRIGIlp?????Rg?rNGSsRS                                           85
HIVANT70    -YRIG-QH-----NP...RG-GRR---S--                                           97
HIVMVP51    -YRIG-QH-----LPSNTRG-GRR---S--                                          100
CPZGAB      -FRLG-QH-----LP...QR-R.S---N--                                           96
HIVMAL      -FRIG-QH-----TR...QR-A.R---S--                                           96
```

HIV-1 TAT

Sequence subtypes C and E are not currently represented in TAT. The highly divergent Cameroonian isolate sequences ANT70 and MVP5180 were kindly provided prior to publication by Drs. Saman and vanden Haesevelde, Innogenetics, Belgium, and by Dr. Lutz Gurtler and colleagues at the Max v. Pettenkofer Institute, Munich.

```
                                                    \/3'sj \/3'sj
                                                  rev cds ->
CONSENSUS.A M?PVDPNLEPW?HPGSQPTT?CS?CYCKVCC?HC??CFL?KGLGISYG?KKR..??RRG?PQ.??KDHQ?     52
HIVU455     -E---------K--------A--N-------W--QL---K--------K---..KP---P--.GS----T     67
HIVSF170    -D---------N--------P--K-------Y--PA---R--------R---..RQ---T--.SN----N     67
CONSENSUS.B MePVDPrLEPWkHPGSQPktactnCYCKkCCfHCqvCFttKgLgISYGRKKR..RQRrrapq.dSqtHQv     67
HIVLAI      -E----R----K------KTACTT----K--F--QV--TT-A-G--------..---RRPPQ.G-QT--V     67
HIVHXB2R    -E----R----K------KTACTN----K--F--QV--IT-A-G--------..---RRAHQ.N-QT--A     67
HIVNL43     -E----R----K------KTACTN----K--F--QV--MT-A-G--------..---RRAHQ.N-QT--A     67
HIVMN       -E----R----K------KTACTT----K--F--QV--TK-A-G--------..---RRAPE.D-QT--V     67
HIVSC       -D----R----K------KAACTS----K--F--QV--TT-G-G--------..---RRAPQ.D-QT--V     67
HIVBAL1     -E----K----K------KTACTT----K--F--QV--IT-G-G--------..---RRAPQ.D-ET--V     67
HIVJRCSF    -E----S----K------KTACTN----K--L--QV--TT-G-G--------..---RRPPQ.D-QT--V     67
HIVJRFL     -E----S----K------KTACTT----K--L--QV--IT-G-G--------..---RRAPQ.D-QT--A     67
HIVNH5      -E----R----K------KTPCTT----K--L--QV--TT-G-G--------..---RRAPQ.D-QT--V     67
HIVOYI      -E----R----K------KTASNN----R--L--QV--TK-G-G--------..---RRAPQ.D-KT--V     67
HIVSF2      -E----N----K------RTACNN----K--F--YA--TR-G-G--------..---RRAPQ.D-QT--A     67
HIVNY5CG    -E----R----K------KTACTN----R--F--QV--TT-A-G--------..---RRAPQ.D-ET--V     67
HIVSF162    -E----R----K------KTACTN----K--F--QV--IT-G-G--------..---RRAPP.D-EV--V     67
HIVCAM1     -E----R----K------RTACTN----Q--F--QV--IT-G-G--------..---RRTPQ.S-KT--A     67
HIVCDC4     -E----R----K------KTACTN----K--F--QV--TK-A-G--------..---RRAHQ.D-QN--A     67
HIVSF33     -E----N----K------RTACTN----K--F--QV--IT-G-G--------..---QRAPD.S-QN--D     67
HIVRJS      -E----R----K------KTECTN----K--F--QV--TT-G-G--------..---RRAHQ.N-QN--I     67
HIVHAN      -E----R----K------RTPCTN----K--L--QV--TR-G-S--------..---RRAPQ.D-QT--V     67
HIVD31      -E----R----E------KTACTN----K--F--QV--TK-G-G--------..---RRAPE.D-QT--V     67
HIVRF       -E----R----K------KTACNN----K--Y--QV--LT-G-G--------..---RGPPQ.G-QT--V     67
HIVYU2      -E----N----K------RTACNN----K--F--QV--TK-G-G--------..---RRPPQ.D-QT--S     67
CONSENSUS.D MDPVDPNlEpWNHPGSQPrT?CNkChCKKCCYHCqvCFitKGLGISYGRKKR..RQRRrPpQ.GgQaHQ?     65
HIVELI      -------L-P--------R-P--K-H--------PV--LN------------..----G-P-.-G-A--V     67
HIVZ2Z6     -------I-P--------K-A--R-H--------QV--IT------------..----R-S-.-G-T--D     67
HIVNDK      -------L-S--------R-A--K-H--------QV--IT------------..----K-P-.-D-A--V     67
HIVMAL      -------L-P--------R-P--K-Y--------QM--IT------------..----R-P-.-N-A--D     67
CONSENSUS.O MDPvDpe?pPWhHPgsqPqtpCNNCYCKrCCYHCyvCFtkKGLGISyGRKkR????rR?aaa?ssp?n?D     61
HIVANT70    ---V-PEVP--H--GSQ-Q1P-------R-----YV--VR------Y---K-....G-PAAA.SHPDHK-     65
HIVMVP5180  ---V-PEMP--H--GSK-QTP-------R-----YV--TK------H---K-....R-PAAAASYPDNK-     66
CPZGAB      ---I-PDLE--K--GSQ-RTV-------A-----IY--TK------Y---K-T.TRR-TAPA.GSKNNQ-     68
```

HIV-1 TAT

```
            exon\/exon
CONSENSUS.A ?IPKQ??PQ?Q?V.??G??ESKKKVESKA?TDRF?                                  75
HIVU455     L----PL--S-R-.SA-QE----------K----A                                  101
HIVSF170    P----SI--T-G-.PT-PK----------E----D                                  101
CONSENSUS.B sLsKQP?sqprGD.PtgPkesKkkVErEtEtdP?d?                                 99
HIVLAI      S-S---TSQPR--.-TG-KE                                                 86
HIVHXB2R    S-S---TSQPR--.-TG-KE                                                 86
HIVNL43     S-S---TSQSR--.-TG-KE                                                 86
HIVMN       S-P---APQFR--.-TG-KES-KK--R-T-TH-VD                                  101
HIVSC       S-P---ASQAR--.-TG-KES-KK--R-T-TD-VD                                  101
HIVBAL1     S-S---TSHPR--.-TG-EES-KK--R-T-TD-VH                                  101
HIVJRCSF    S-P---SSQQR--.-TG-KES-KK--R-T-TD-DN                                  101
HIVJRFL     S-S---SSQPR--.-TG-KES-KK--R-T-TD-DD                                  101
HIVNH5      S-S---SSQPR--.-DS-KES-KK--R-T-TD-VH                                  101
HIVOYI      S-S---ASQPR--.-TG-KES-KK--R-T-TD-ED                                  101
HIVSF2      S-S---ASQSR--.-TG-TES-KK--R-T-TD-FD                                  101
HIVNY5CG    S-S---ASQPR--.-TG-KES-KK--R-T-TD-DH                                  101
HIVSF162    S-P---ASQPQ--.-TG-KES-KK--R-T-TD-VH                                  101
HIVCAM1     S-S---ASQFQ--.-TG-KES-KK--G-T-TH-GD                                  101
HIVCDC4     S-S---SSQTR--.-TG-KEP-KE--R-A-TD-LD                                  101
HIVSF33     S-S---SSQPR--.-TG-KES-KE--R-T-TD-LD                                  101
HIVRJS      P-P---ASQPR--.-TG-KES-KK--R-T-TD-VH                                  101
HIVHAN      S-P---SSQQR--.-DS-KKS-KK--R-T-AD-FD                                  101
HIVD31      S-S---ASQPR--.-TG-KES-KK--T-T-TD-ID                                  101
HIVRF       S-S---TSQPR--.-TG-KES-EK--R-T-TD-AVQ                                 102
HIVYU2      S-S---TSQLR--.-TG-TES-KK--R-T-TD-VH                                  101
CONSENSUS.D PiP?QPSSQpRGD?PTGPKe?KKKVESEAETDP                                    95
HIVELI      -I-K-----P---.----:--EQ------------                                  99
HIVZ2Z6     -I-K-----P---.-----E                                                 86
HIVNDK      -I-E-----S---.-----K                                                 86
HIVMAL      -L-E-----H---H-----E                                                 87
CONSENSUS.O pvpkqs???????.?????kt?rkq?rqeEqe??VEK??GP?G?P????SC??CTR?S?Q        92
HIVANT70    PVPKQS..........PTITKRKQERQE-QEEE---KA--G-Y-RRKG--HC---T-E-         114
HIVMVP5180  PVPEQS..........LSHTGRKQKRQE-QEKK---ET--S-Q-CHQD--NS---I-G-         115
CPZGAB      SIPKQPLSQSRGN.KEGSEKSTKEVASKT-ADQ                                    100
```

HIV-1 REV

Sequence subtypes C and E are not currently represented in REV. The highly divergent Cameroonian isolate sequences ANT70 and MVP5180 were kindly provided prior to publication by Drs. Saman and vanden Haesevelde, Innogenetics, Belgium, and by Dr. Lutz Gurtler and colleagues at the Max v. Pettenkofer Institute, Munich.

```
                \/ 3' sj              exon\/exon
CONSENSUS.A MA?RSG??DE.?LLKA?RIIK?LYQSNP?P?P?G.SRQARKNRRRRWRARQRQIDS?SERILS?CLGRPA     57
HIVU455     --R---NP--.D----V----L------C-N-R-.--------------------L------D------     68
HIVSF170    --G---DS--.E----I----I------Y-K-K-.--------------------I------T------     68
CONSENSUS.B MAGrsgdsde.ellktVRlIKfLYQSNPpPspeG.TrqARRNRRRRWReRQRqIrsiSewilstyLgRsa     68
HIVLAI      ---RSGDSDE.DLLKA--L--F------P-NPE-.-RQ----------E---Q-HSI-ERILSTY-G-SA     68
HIVHXB2R    ---RSGDSDE.ELIRT--L--L------P-NPE-.-RQ----------E---Q-HSI-ERILGTY-G-SA     68
HIVNL43     ---RSGDSDE.ELIRT--L--L------P-NPE-.-RQ----------E---Q-HSI-ERILSTY-G-SA     68
HIVMN       ---RSGDSDE.ELLKT--L--F------P-SSE-.-RQ----------E---H-RSI-AWILSNY-G-PA     68
HIVBRVA             ELLKT--V--F------P-RPE-.-RQ----------A---Q-QSL-GWILSTF-G-SA     58
HIVSC       ---RSGDSEE.ELLKT--L--F------P-KPE-.-RQ----------E---Q-RSI-GWILSNY-G-LA     68
HIVJH3        KKRRQRR.RAAQA--L--F------P-SPE-.-RQ----------Q---Q-RSI-GWIISNY-G-PA     65
HIVBAL1     ---RSGDSDE.ELLKT--L--F------P-ILE-.-RQ----------E---Q-RSI-ERILGAY-G-SA     68
HIVJRCSF    ---RSGDSDE.DLLKT--L--F------P-SNE-.-RQ----------E---Q-RTI-ERILSTY-G-PA     68
HIVJRFL     ---RSGDSDE.ELLKT--L--L------P-SPE-.-RQ----------E---Q-RTI-ERILSTY-G-PA     68
HIVNH5      ---RSGDSDE.ELLKT--L--F------P-SPE-.-PT----------E---R-RSI-EWILRNY-D-PA     68
HIVOYI      ---RSGDSDE.ELLKT--L--F------P-NPE-.-RQ----------E---Q-RKI-GWILSTY-G-SA     68
HIVSF2      ---RSGDSDE.ELLRT--L--L------P-SPE-.-RQ----------E---Q-RSI-GWILSTY-G-SA     68
HIVNY5CG    ---RSGDSDE.ELLKT--L--F------P-SPE-.-RQ----------E---Q-RTI-EWILSTH-G-SA     68
HIVSF162    ---RSGDSDE.ELLQT--F--F------L-SPK-.-RQ----------E---Q-QSI-AWIISTH-G-ST     68
HIVCAM1     ---RSGDSDE.ELLKA--L--L------L-SSK-.-RQ----------E---H-RAI-NWILSTH-G-PA     68
HIVCDC4     ---RSGDSDE.ELIKT--I--H------P-KPE-.-RQ----------E---R-HSI-AWLLSTC-G-SA     68
HIVSF33     ---RSGGSDR.ELLTA--I--I------H-SPE-.-RQ----------E---Q-HSI-ERILSTV-G-SS     68
HIVRJS      ---RSGDSDE.ELIKT--I--F------P-NPE-.-RQ----------E---Q-RSI-DWILSTH-G-PT     68
HIVHAN      ---RSGDSDE.ELLKT--L--F------P-SNE-.-PT----------E---Q-RSI-ERILSTF-G-PA     68
HIVD31      ---RSGDSDE.ELLKT--L--F------P-SPE-.-RQ----------Q---Q-QSI-ERILSTY-G-PE     68
HIVRF       ---RRGDSDE.DLLKA--L--S------P-SPE-.-RQ----------E---Q-RRC-EWILDTY-G-SV     68
HIVYU2      ---RSGDSDE.DLLRT--L--V------P-SSE-.-RQ----------E---Q-RSI-GWLLSNY-G-PT     68
CONSENSUS.D MAGRSGDsDE.dLLkA?RLIK?LYQSNPPPspEG?TRQARRNRRRRWRARQRQIhsIgERIlsTyLGRpe     66
HIVELI      -------S--.D--K-V----F--------SP--.------------------RE-A---LG-Y---PA     68
HIVZ2Z6     -------R--.D--K-V----I--------SP--.------------------HS-G---LS-Y---SE     68
HIVNDK      -------S--.N--K-I----F--------SP--.------------------HS-G---IC-F---PE     68
HIVMAL      -------S--.D--R-I----I--------NT--T------------------NS-G---LS-Y---PE     69
CONSENSUS.O MAGRSE??D??qLLQAiqIIKILYQSNP?PsP?G.sRnARkNRRRRWRrRQaQvd?la?RvLATvvhgpq     61
HIVANT70    ------D.-..Q----IQ----------Q-S-R-.S-N--K-------R--A-VDTLAA-V---VVHGPQ     66
HIVMVP5180  ------E.-Q.Q----IQ----------C-T-A-.S-N--K-------R--A-VDSLAT-I---VVHGSQ     67
CPZGAB      ------PQ-DAR----VK----------Y-S-E-.T-K--R-------A--K-ISEISG-V---YLGRPP     69
```

HIV-1 REV

```
CONSENSUS.A EPVPLQLPP?ERL?LDCSE??GTS?TQQ?QG?ETGVG?PQ??VESSA?LGSGTK?   100
HIVU455     ---------I---R-----SC---G---P--T-----G--IS-----V------N   123
HIVSF170    ---------L---H-----DR---E---S--A-----R--VP-----I------K   123
CONSENSUS.B ePVplqLPPleRLtLDcseDCGtSGtq......?GVGsPqiLvESPavLesGtKE   116
HIVLAI      E--PLQ---LE--T--CNE---T--TQ..........S-QI-V---TV-ES-T--   116
HIVHXB2R    E--PLQ---LE--T--CNE---T--TQ..........S-QI-V---TV-ES-T--   116
HIVNL43     E--PLQ---LE--T--CNE---T--TQ..........S-QI-V---TV-ES-T--   116
HIVMN       E--PLQ---.Q--T--CSE---T--TQ..........S-QI-V---TV-ES-T--   115
HIVBRVA     E--PLQ---LE--T--CNE---T--TQ..........S-QI-V---TV-ES-T--   106
HIVSC       E--PLQ---LE--T--CNE---T--TQ..........S-QI-V---TV-ES-T--   116
HIVJH3      E--PLQ---LE--T--CNE---T--TQ..........S-QI-V---TI-ES-T--   113
HIVBAL1     E--PLQ---LE--T--CDE---T--TS......R---S-QI-V---TV-ES-T--   117
HIVJRCSF    E--PLQ---LE--T--CNE---T--TQ..........N-EI-V---TV-ES-T--   116
HIVJRFL     E--PLQ---LE--T--CNE---T--TQ..........S-EI-V---TV-ES-T--   116
HIVNH5      E--PLQ---LE--T--CNE---T--TQ..........S-QI-V---AV-ES-T--   116
HIVOYI      E--PLQ---LE--N--CSE---T--TQ..........S-EI-V---AV-EP-T--   116
HIVSF2      E--PLQ---LE--T--CSE---N--AQ..........S-QI-V---AV-DS-T--   116
HIVNY5CG    E--PLQ---LE--T--CSE---T--TQ..........S-QI-L---AV-GS-T--   116
HIVSF162    E--PLQ---LE--N--CSE---T--TQ..........S-QV-G---AV-DS-T--   116
HIVCAM1     E--PLQ---LE--T--CSK---T--TQ..........S-QI-V---AV-ES-T--   116
HIVCDC4     E--PLQ---LE--T--CSE---T--TQ..........S-QI-V---AV-ES-T--   116
HIVSF33     E--PLQ---LD--T--CSE---T--TQ..........S-QI-V---AV-ES-T--   116
HIVRJS      E--PLQ---LE--T--CSE---T--TQ..........S-QV-V---AV-D        111
HIVHAN      E--PLQ---LE--T--CSE---N--TQ..........S-QV-V---AV-EP-T--   116
HIVD31      Q--PLP---LE--T--CSE---T--TQ..........S-QI-V---AV-ES-T--   116
HIVRF       D--QLQ---LE--T--SSE---T--TQ..........S-QV-V---AV-ES-A--   116
HIVYU2      E--PFQ---LE--T--CNE---T--TQ..........S-QI-V---PV-DS-T--   116
CONSENSUS.D EPVPLQLPPLERLnLNCsEDCgtSGTQ.......GVGsPQIsVEsP?vLeSGTEE?C   114
HIVELI      ------------N---S---RT----..........H---S--S-TV-E-----Q-   118
HIVZ2Z6     ------------N---S---GA----..........S---S--S-TV-E-----Q-   118
HIVNDK      ------------N---S---GT----..........S---P--P-AV-E-----     116
HIVMAL      ------------T---N---GT----..........S---S--S-AI-G-----     117
CONSENSUS.O ?nn?vdLPpLeqLsirdpE?dql?gt??????????????????????til??g?k??    88
HIVANT70    NNNIVD--P-EQ-SIRDP-GDQLSEAWTVDPRAEDN$CLQNLCSCNTILATRIAE   120
HIVMVP5180  DNNLVD--P-EQ-NIRDP-ADRLPGTG..................TV.DPGTKDN   103
CPZGAB      KPGDLE--E-DK-SLQCV-TTQDVGTSNTSQPQTATGETVPAGGNYSILGKGAKN   124
```

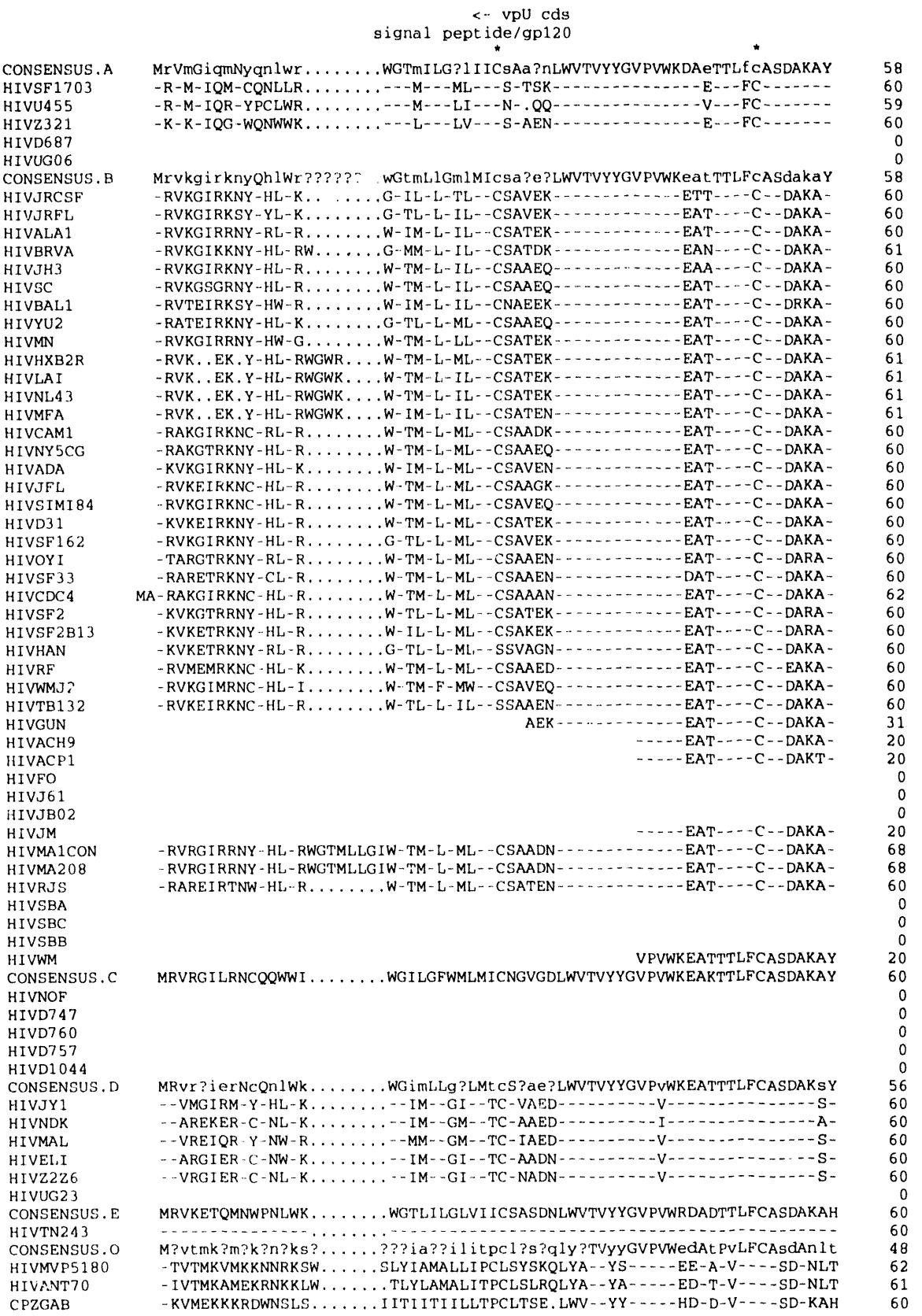
HIV-1 VPU

Sequences of the C and E subtypes are not currently available for the VPU. The U455 vpU sequence, which we would expect to cluster with A subtype sequences, is not shown due to the many internal stops. The highly divergent Cameroonian isolate sequences ANT70 and MVP5180 are assigned to subtype O; these sequences were kindly provided prior to publication by Drs. Saman and vanden Haesevelde, of Innogenetics, Belgium, and by Dr. Lutz Gurtler and colleagues of the Max v. Pettenkofer Institute, Munich.

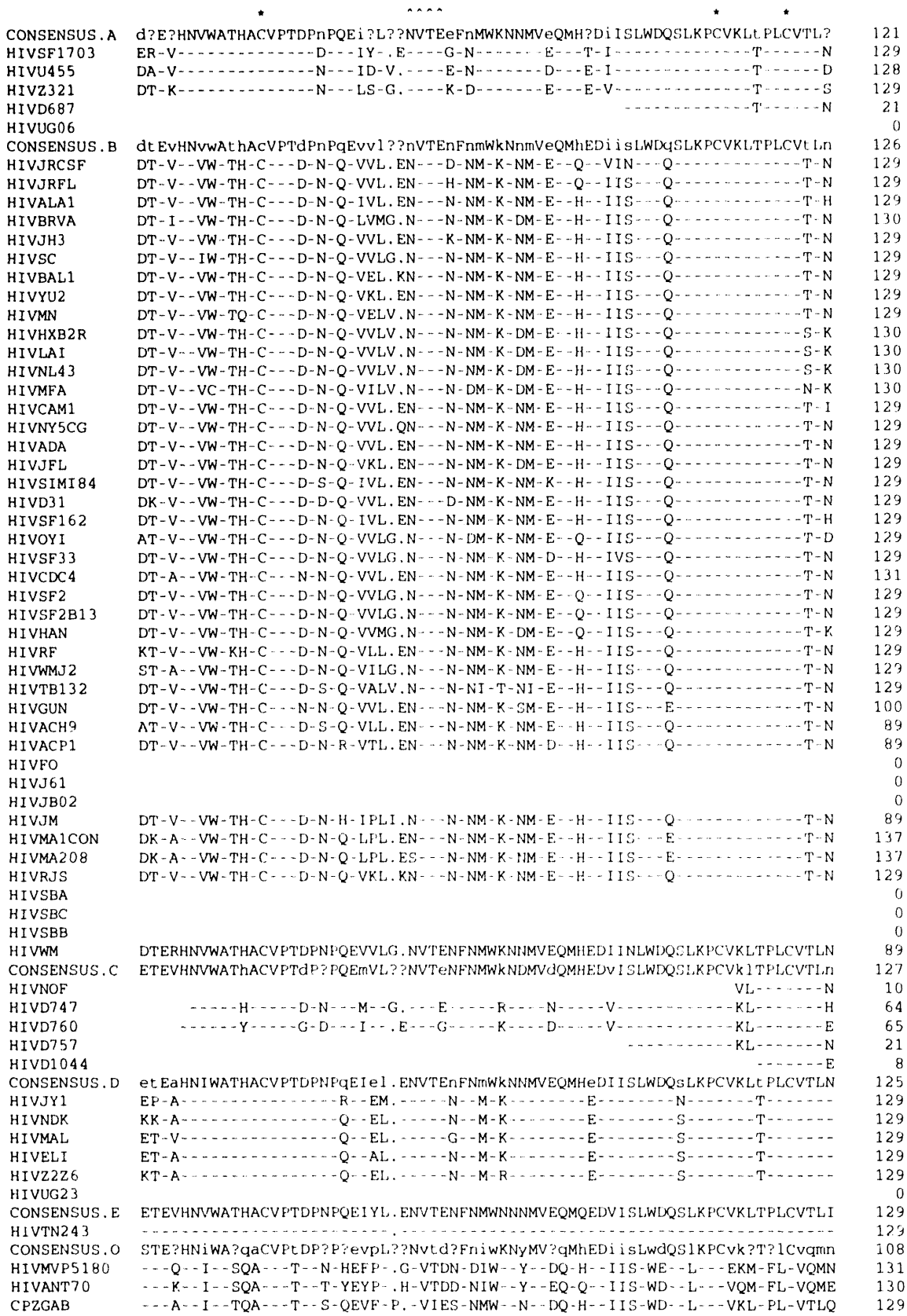
```
CONSENSUS.B mqslqi?aivalvvaaiiaIvvWt.Iv?ieyRKilRQr......?kidRl?iDrirEraeDsGNeSeGdq     59
HIVLAI      MQPIQI.AIAALVVAIIIA-VV-S.-VIIEY--IL--R.......KID-L.I-RLI-RAE-S--E-E-..     58
HIVMN       MQPLVIAAIVALVVAGIIA-VV S.-VFIEY--IR--R.......KID-L.I-RIS-RAE-S--E-E-DQ     60
HIVSC       MQPLQILSIVALVVAAIIA-VV-S.-VFIXY--IL--R.......KID-L.I-RIR-RAX-S--E-E-IR     61
HIVBRVA     MQPLQISAIVALVVAAIIA-VV-S.-ALLEY--LL--R.......KID-L.I-RIR-RAE-S--E-E-DQ     61
HIVJH3      MQSL IAAIVALVVAIIA-VV-S.-VFIEY--IL--R.......KID-L.I-RIR-RAE-S--E-E-DQ     60
HIVBAL1     MQALQISAIVGLVVAAIIA-VV-T.-VFIEY--IL--R.......KID-L.I-RIT-RAE-S--E-D-DQ     61
HIVCDC4     MQSLEIVAIVELVVAAIIA-VV-T.-VFIEY--IL--R.......KID-VNX-RIR-REE-N--E-E-DQ     62
HIVOYI      IYSLQILAIVALVVVTIIA-VV-T.-VLLEY--IL--R.......KID-L.I-RIR-RAE-S--D-E-DQ     61
HIVSF33     M SLTILAIVAIVVVTIIA-VI-T.-VLIKY--IL--R.......KID-L.I-RIR-RAE-S--E-E-DQ     60
HIVSF2      MQSLQILAIVSLVVVAIIA-VV-T.-VLIEY--IL--R.......XID-L.I-RIR-KAE-S--E-E-DQ     61
HIVNY5      MLSX.............X-VV-T.-VFIEY--VL--R.......KVD-I.I-RIR-RAE-S--E-E-DQ     47
HIVNL43     MQPIIV.AIVALVVAIIIA-VV-S.-VIIEY--IL--R.......KID-L.I-RLI-RAE-S--E-E-E.     59
HIVCAM1     MLPLQIXAIVALVVVAIIA-VV-T.-VFIEY--IR--K.......QVD-L.I-RII-RAE-S--E-E-DQ     61
HIVJRCSF    MQPLQILAIVALVVAGIIA-IV-S.-VLIEY--IL--R.......KID-L.I-KIR-RAE-S--E-E-DQ     61
HIVJRFL     MQSLYILAIVALVVAIIIA-VV-S.-VLIEY--IL--R.......KID-L.I-RIR-RAE-S--E-E-DQ     61
HIVSF162    MQPLQILAIVALVVAAIIA-VV-T.-VYIEY--IL--R.......KID-L.I-RIT-RAE-S--E-E-DQ     61
HIVHAN      MLSLQIAAIVALVVAAIIV-VV-T.-VVIEY--LL--R.......KIN-L.I-RLT-RAE-S--E-E-DQ     61
HIVD31      MQSLQVAAIVALVVVAIIA-VV-T.-VFIEY--IL--R.......KID-L.I-RII-RAE-S--E-E-DQ     61
HIVRF       MQSLEILAIVALVVAAILA-VV-T.-VGIEI--TL--K.......XKID-L.I-RIR-RAE-S--E-D-DE     62
CONSENSUS.D MQPl?IIAIAALVVAiIiAIVVWT.IVfIEYRRIKrQR.......kIDCl.iDRIrERAEDSGNESEGdR     60
HIVELI      ---LG----------I-L-------.--F-------K--.......R---L.L---T-----------D-     61
HIVZ2Z6     ---SQ----------A-I-------.--F-------R--.......K---I.I---R-----------D-     61
HIVNDK      ---LV----------I-I-------.--Y-------R--.......K---L.I---R-----------E-     61
CONSENSUS.O m?????la??als?ll?ini?iw??i?????r?y??qr?????e?ei?r?.?rrire???ds??eSngee     35
HIVMAL      IQPLVILAIVALVVTLIIAIVVWT.IVFIEIRKIPRQR.......KIDRL.IDRIRERAEDSGNE-EGDT     61
HIVANT70    MHHRDLLAIIIISALLFINVILWGFI....LRKYLEQKEQDRKEREILER.LRRIREIRDDSDYE-NGEE     65
HIVMVP5180  MHQENLLALIALSALCLINVLIWLFN....LRIYLVQRKQDRREQEILER.LRRIKEIRDDSDYE-NEEE     65
CPZGAB      MTLLVGL.VLILVGLIAWNICIWGYIIKWGYRRYKRHR....LETEIERL.NLILRERAEDSGNE-NGEE     64

CONSENSUS.B ee.lSaL????vem?GH?APwdvdDl?1      78
HIVLAI      .E.I-A-VEMGVEM.--H--WDID-L1      81
HIVMN       EE.L-A-....VGM.--D--WVIN-Lx      81
HIVSC       KE.L-A-....VEM.--D--GDID-Lx      82
HIVBRVA     EE.L-A-....VEMG--D--WDID-L1      82
HIVJH3      EE.L-A-....VEM.--D--WDID-L1      80
HIVBAL1     EE.L-A-....VEM.--H--WDIN-L1      81
HIVCDC4     EE.L-A-....VEM.--H--WNVD-L1      82
HIVOYI      EE.L-A-....VEM.--H--WDVD-M1      81
HIVSF33     EE.L-V-....VEM.--D--WDVN-L1      80
HIVSF2      EE.L-A-....VEM.--L--WDVD-Lx      82
HIVNY5      EE.L-A-....VEM.--D--WDVN-Lx      68
HIVNL43     ...V-A-VEMGVEM.--H--WDID-L1      81
HIVCAM1     EE.L-A-....MEM.--N--WDVN-L1      81
HIVJRCSF    EE.L-A-....VER.--L--WDIN-L1      81
HIVJRFL     EE.L-V-....VER.--L--WDIN-L1      81
HIVSF162    EE.L-A-....VER.--L--WDVD-L1      81
HIVHAN      EE.L-A-....VER.--L--WDVN-Q1      81
HIVD31      EE.L-A-....VEM.--H--WDVD-L1      81
HIVRF       EE.L-A-....VEM.--H--WDVD-Lx      83
CONSENSUS.D Ee.LSKL....VEM.GHHAPWDiDDL1      80
HIVELI      -K.----.....---.-------I---1     81
HIVZ2Z6     -E.----.....---.-------I---1     81
HIVNDK      -E.----.....---.-------V---1     81
CONSENSUS.O eee???l????????gfanPm?f??l?E1      48
HIVMAL      EE.LSKL....VEM.GHDA-WDVDDL1      81
HIVANT70    EQEVMDL....VLSHGFDN-M.FE.P1      85
HIVMVP5180  QQEVMEL....IHSHGFAN-M.FE.L1      85
CPZGAB      EERLEQLIHNYNHNNHFAN-M.FD.L1      88
```

HIV-1 ENV

Five subtypes, A through E, are currently recognized among HIV-1 env sequences. A sixth, found in Brazil and Romania, is under investigation and a seventh, subtype O, has now been defined based upon the highly divergent Cameroonian ANT70 and MVP5180 sequences (kindly provided prior to publication by Drs. Eric Saman and Marleen vanden Haesevelde, Innogenetics, Belgium, and by Dr. Lutz Gurtler and colleagues at the Max v. Pettenkofer Institute, Munich). Four unpublished gp120 sequences (Hahn and colleagues, University of Alabama), representing WHO/GPA samples from Rwanda, Thailand, Brazil and Uganda have been included in consensus sequence determinations; we thank Dr. Saladin Osmanov and the WHO/GPA for allowing these sequences to be employed in this way. An unpublished Zambian isolate sequence was kindly provided by Dr. Francine McCutchan, Henry M. Jackson Foundation, and South African isolate sequences were kindly provided by Dr. Michael Becker, University of Stellenbosch; these Zambian and South African sequences contribute to the C subtype consensus. Cysteine residues are marked by * and potential N-linked glycosylation sites by ^^^; the latter may not be present in every sequence at the position indicated.

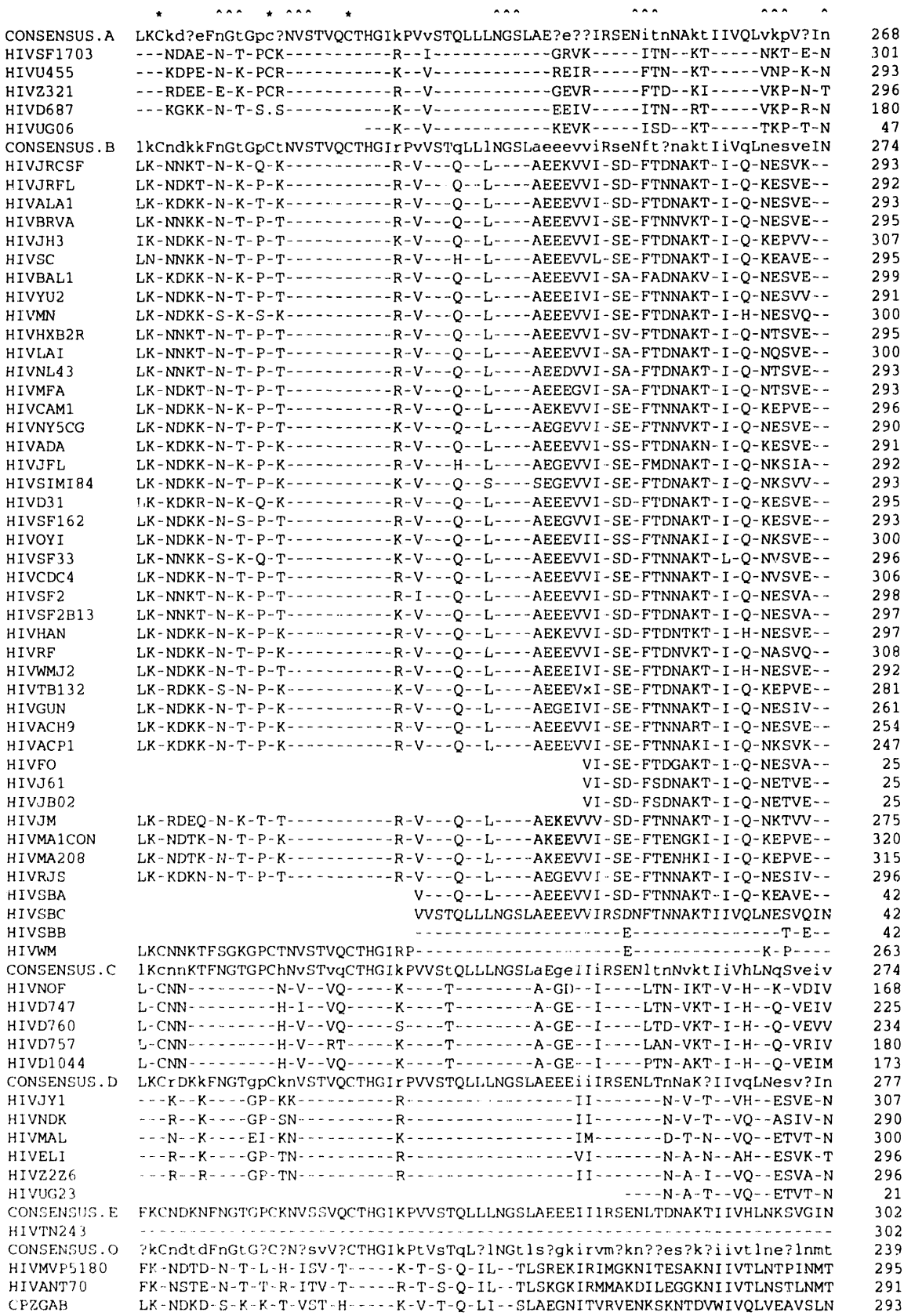



```
                                        <- vpU cds
                                signal peptide/gp120
                                        *                                *
CONSENSUS.A     MrVmGiqmNyqnlwr.......WGTmILG?lIICsAa?nLWVTVYYGVPVWKDAeTTLfcASDAKAY     58
HIVSF1703       -R-M-IQM-CQNLLR.......---M---ML---S-TSK--------------E---FC-------     60
HIVU455         -R-M-IQR-YPCLWR.......---M---LI---N-.QQ--------------V---FC-------     59
HIVZ321         -K-K-IQG-WQNWWK.......---L---LV---S-AEN--------------E---FC-------     60
HIVD687                                                                                 0
HIVUG06                                                                                 0
CONSENSUS.B     MrvkgirknyQhlWr??????  wGtmLlGmlMIcsa?e?LWVTVYYGVPVWKeatTTLFcASdakaY     58
HIVJRCSF        -RVKGIRKNY-HL-K.. .....G-IL-L-TL--CSAVEK------------ETT----C--DAKA-     60
HIVJRFL         -RVKGIRKSY-YL-K.......G-TL-L-IL--CSAVEK------------EAT----C--DAKA-     60
HIVALA1         -RVKGIRRNY-RL-R.......W-IM-L-IL--CSATEK------------EAT----C--DAKA-     60
HIVBRVA         -RVKGIKKNY-HL-RW......G-MM-L-IL--CSATDK------------EAN----C--DAKA-     61
HIVJH3          -RVKGIRKNY-HL-R.......W-TM-L-IL--CSAAEQ------------EAA----C--DAKA-     60
HIVSC           -RVKGSGRNY-HL-R.......W-TM-L-IL--CSAAEQ------------EAT----C--DAKA-     60
HIVBAL1         -RVTEIRKSY-HW-R.......W-IM-L-IL--CNAEEK------------EAT----C--DRKA-     60
HIVYU2          -RATEIRKNY-HL-K.......G-TL-L-ML--CSAAEQ------------EAT----C--DAKA-     60
HIVMN           -RVKGIRRNY-HW-G.......W-TM-L-LL--CSATEK------------EAT----C--DAKA-     60
HIVHXB2R        -RVK..EK.Y-HL-RWGWR....W-TM-L-ML--CSATEK------------EAT----C--DAKA-     61
HIVLAI          -RVK..EK.Y-HL-RWGWK....W-TM-L-IL--CSATEK------------EAT----C--DAKA-     61
HIVNL43         -RVK..EK.Y-HL-RWGWK....W-TM-L-IL--CSATEK------------EAT----C--DAKA-     61
HIVMFA          -RVK..EK.Y-HL-RWGWK....W-IM-L-IL--CSATEN------------EAT----C--DAKA-     61
HIVCAM1         -RAKGIRKNC-RL-R.......W-TM-L-ML--CSAADK------------EAT----C--DAKA-     60
HIVNY5CG        -RAKGTRKNY-HL-R.......W-TM-L-ML--CSAAEQ------------EAT----C--DAKA-     60
HIVADA          -KVKGIRKNY-HL-K.......W-IM-L-ML--CSAVEN------------EAT----C--DAKA-     60
HIVJFL          -RVKEIRKNC-HL-R.......W-TM-L-ML--CSAAGK------------EAT----C--DAKA-     60
HIVSIMI84       -RVKGIRKNC-HL-R.......W-TM-L-ML--CSAVEQ------------EAT----C--DAKA-     60
HIVD31          -KVKEIRKNY-HL-R.......W-TM-L-ML--CSATEK------------EAT----C--DAKA-     60
HIVSF162        -RVKGIRKNY-HL-R.......G-TL-L-ML--CSAVEK------------EAT----C--DAKA-     60
HIVOYI          -TARGTRKNY-RL-R.......W-TM-L-ML--CSAAEN------------EAT----C--DARA-     60
HIVSF33         -RARETRKNY-CL-R.......W-TM-L-ML--CSAAEN------------DAT----C--DAKA-     60
HIVCDC4      MA-RAKGIRKNC-HL-R.......W-TM-L-ML--CSAAAN------------EAT----C--DAKA-     62
HIVSF2          -KVKGTRRNY-HL-R.......W-TL-L-ML--CSATEK------------EAT----C--DARA-     60
HIVSF2B13       -KVKETRKNY-HL-R.......W-IL-L-ML--CSAKEK------------EAT----C--DARA-     60
HIVHAN          -KVKETRKNY-RL-R.......G-TL-L-ML--SSVAGN------------EAT----C--DAKA-     60
HIVRF           -RVMEMRKNC-HL-K.......W-TM-L-ML--CSAAED------------EAT----C--EAKA-     60
HIVWMJ?         -RVKGIMRNC-HL-I.......W-TM-F-MW--CSAVEQ------------EAT----C--DAKA-     60
HIVTB132        -RVKEIRKNC-HL-R.......W-TL-L-IL--SSAAEN------------EAT----C--DAKA-     60
HIVGUN                                          AEK--------------EAT----C--DAKA-     31
HIVACH9                                                 -----EAT----C--DAKA-     20
HIVACP1                                                 -----EAT----C--DAKT-     20
HIVFO                                                                           0
HIVJ61                                                                          0
HIVJB02                                                                         0
HIVJM                                                   -----EAT----C--DAKA-     20
HIVMA1CON       -RVRGIRRNY-HL-RWGTMLLGIW-TM-L-ML--CSAADN------------EAT----C--DAKA-     68
HIVMA208        -RVRGIRRNY-HL-RWGTMLLGIW-TM-L-ML--CSAADN------------EAT----C--DAKA-     68
HIVRJS          -RAREIRTNW-HL-R.......W-TM-L-ML--CSATEN------------EAT----C--DAKA-     60
HIVSBA                                                                          0
HIVSBC                                                                          0
HIVSBB                                                                          0
HIVWM                                                   VPVWKEATTTLFCASDAKAY     20
CONSENSUS.C     MRVRGILRNCQQWWI.......WGILGFWMLMICNGVGDLWVTVYYGVPVWKEAKTTLFCASDAKAY     60
HIVNOF                                                                          0
HIVD747                                                                         0
HIVD760                                                                         0
HIVD757                                                                         0
HIVD1044                                                                        0
CONSENSUS.D     MRvr?ierNcQnlWk.......WGimLLg?LMtcS?ae?LWVTVYYGVPvWKEATTTLFCASDAKsY     56
HIVJY1          --VMGIRM-Y-HL-K.......--IM--GI--TC-VAED----------V---------------S-     60
HIVNDK          --AREKER-C-NL-K.......--IM--GM--TC-AAED----------I---------------A-     60
HIVMAL          --VREIQR-Y-NW-R.......--MM--GM--TC-IAED----------V---------------S-     60
HIVELI          --ARGIER-C-NW-K.......--IM--GI--TC-AADN----------V---------------S-     60
HIVZ2Z6         --VRGIER-C-NL-K.......--IM--GI--TC-NADN----------V---------------S-     60
HIVUG23                                                                         0
CONSENSUS.E     MRVKETQMNWPNLWK.......WGTLILGLVIICSASDNLWVTVYYGVPVWRDADTTLFCASDAKAH     60
HIVTN243        ---------------.......-------------------------------------------------     60
CONSENSUS.O     M?vtmk?m?k?n?ks?......???ia??ilitpcl?s?qly?TVyyGVPVWedAtPvLFCAsdAnlt     48
HIVMVP5180      -TVTMKVMKKNNRKSW......SLYIAMALLIPCLSYSKQLYA--YS-----EE-A-V----SD-NLT     62
HIVANT70        -IVTMKAMEKRNKKLW.......TLYLAMALITPCLSLRQLYA--YA-----ED-T-V----SD-NLT     61
CPZGAB          -KVMEKKKRDWNSLS.......IITIITIILLTPCLTSE.LWV--YY-----HD-D-V----SD-KAH     60
```

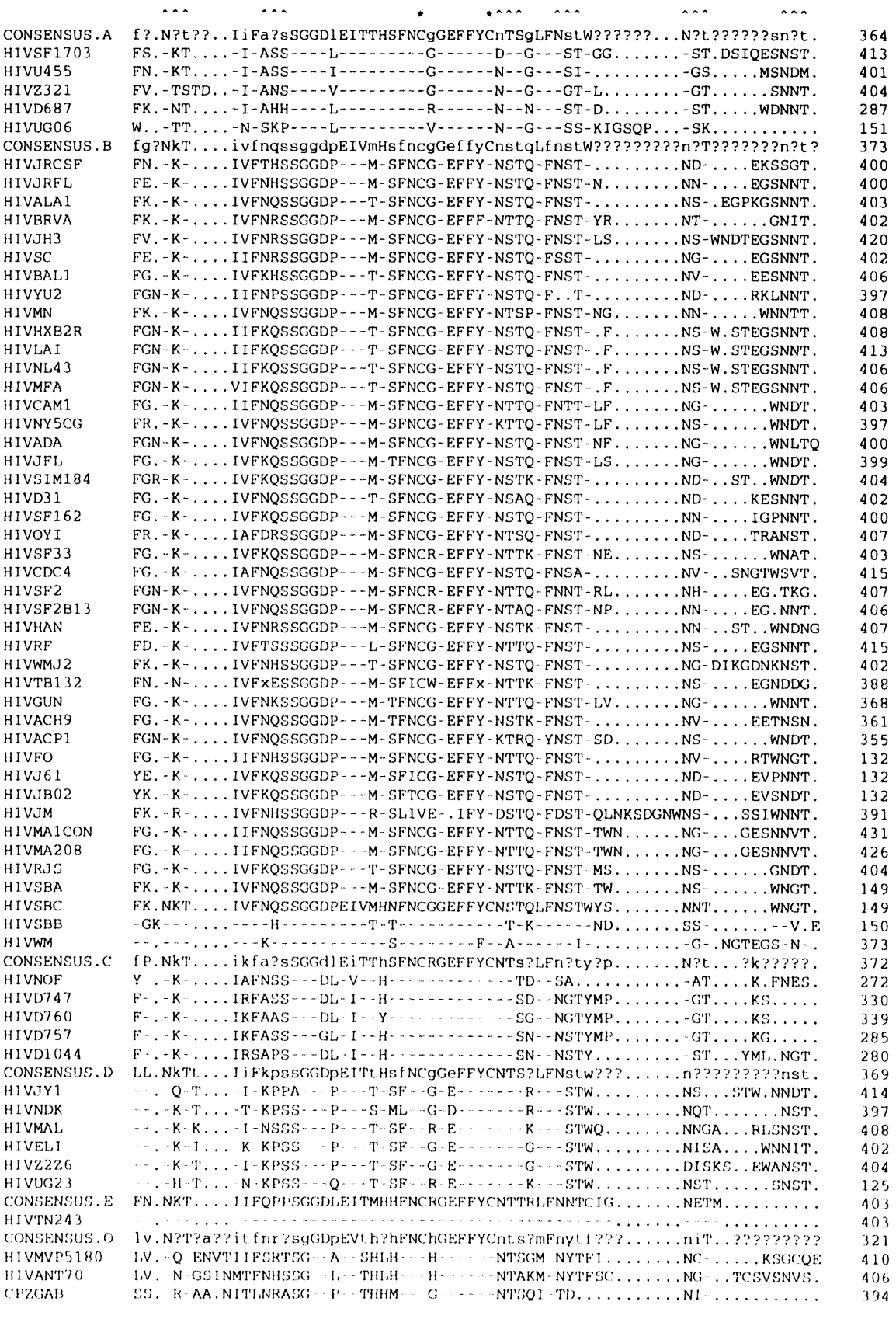


```
                          ^^^       ^^^                                 ^*^ ^^^
CONSENSUS.A  C?h??....nit??.....NnT????...N?t???.....???mk.gEiKNCSfNMTTELRDKkqkvysl   157
HIVSF1703    -SH......NITTH.....-I-TNNP...-IT........KYME..G-I----Y---------KQKVYSL   175
HIVU455      -.H......NITI.......-N-N.......-NTNIT......DGVR.E-M----F---------KQKVYSL   172
HIVZ321      -.H................-I-IKD....-NTNVD......TEMK.E-I----Y---------QRKIYSL   171
HIVD687      -SDVT..............-N-FS.....-VS.........YDMK.G-I----F---------KRKIFT.    61
HIVUG06                                                                               0
CONSENSUS.B  Ctd????..??????????n?t???....n???????????mek?geikNCSFnittsirdkvqkeyAl   159
HIVJRCSF     -KDV..............NAT.......NTTSSS....EGMMER.GEIK----NITKSIRDKVQKEY-L   172
HIVJRFL      -KDV..............NAT.......NTTNDS....EGTMER.GEIK----NITTSIRDEVQKEY-L   172
HIVALA1      -IDYL.............NAT.......NTTSSN....GTKMER.GEIK----NITTSIRDKMQKES-L   173
HIVBRVA      -HDF..............NAT.......NATSNS....GKMMEG.GEMK----NITTSIRDKMQKEY-L   173
HIVJH3       -IDWG....NDTSP.....NAT.......NTTSSG....GEKMEK.GEMK----NITTSIRDKVQKEH-L   178
HIVSC        -TNLR....NDTST.....NAT.......NTTSSN....RGKMEG.GEMT----NITTSIRSKVQKEY-L   178
HIVBAL1      -TDLR....NATNG.....NDT.......NTTSSS....RGMVGG.GEMK----NITTNIRGKVQKEY-L   178
HIVYU2       -TDLR.............NAT.......NTTSSS....WETMEK.GEIK----NITTSIRDKVQKEY-L   173
HIVMN        -TDLR....NTTNTN....NSTAN.....NNSNS.....EGTIKG.GEMK----NITTSIRDKMQKEY-L   180
HIVHXB2R     -TDLK..............NDTNT.....NSSSG.....RMIMEK.GEIK----NISTSIRGKVQKEY-F   175
HIVLAI       -TDLG....NATNT.....NSSNT.....NSSSG.....EMMMEK.GEIK----NISTSIRGKVQKEY-F   180
HIVNL43      -TDLK..............NDTNT.....NSSSG.....RMIMEK.GEIK----NISTSIRDKVQKEY-F   175
HIVMFA       -TDLK..............NDTNT.....NSSNG.....RMIMEK.GEIK----NISTSIRNKVQKEY-F   175
HIVCAM1      -TNV...............NNTRT.....NSSDWDRR..EGEKMK.GEIK----NVTTSIRNKVRKEY-L   176
HIVNY5CG     -TDLT..............NATYA.....NGSS.........EER.GEIR----NVTTIIRNKIQKEY-L   170
HIVADA       -TDLR..............NVTNI.....NNSS......EG.M.R.GEIK----NITTSIRDKVKKDY-L   171
HIVJFL       -INLK..............NVTNI.....NNS.......WGKMEE.GEIK----NTTTSIKNKMQREY-L   172
HIVSIMI84    -TNWKSA............NSTSNT....NSS.........LEEK.GEIK----NVTTSIKNKVQTEY-L   173
HIVD31       -TDLK..............NATNTN....NSSWTM....TGEM.K.GEIK----NITTSIRDKVQKEY-H   175
HIVSF162     -TNLK..............NAT.......NTKSSN....WKEMDR.GEIK----KVTTSIRNKMQKEY-L   173
HIVOYI       -TDV.....NTTSSSLR..NAT.......NTTSSS....WETMEK.GELK----NTTTSIRDKMQEQY-L   180
HIVSF33      -TDYLG.............NATNT.....NNSSGG......TVEK.EEIK----NITTGIRDKVQKAY-Y   174
HIVCDC4      -TDLNTN............NTT.......NTTELSIIVVWEQRGK.GEMR----NITTSIRDKVQREY-L   181
HIVSF2       -TDLG..............KATNT.....NSSNWK......EEIK.GEIK----NITTSIRDKIQKEN-L   173
HIVSF2B13    -TDLG..............KATT......NSNNWK......EEIK.GEIK----YITTSIRDKIQKEN-L   172
HIVHAN       -TDYN..............NAT.......NSSWGR.......MEK.GEIQ----KVTTNIRDKVQKES-L   170
HIVRF        -TDANL.............NGT.......NVTSSSG...GTMMEN.GEIK----QVTTSRRDKTQKKY-L   175
HIVWMJ2      -IDK...............NITDWK....NTTI.........IGG.GEVK----NITTSRRDKVHKEY-L   170
HIVTB132     -TNLR..............NDT.......................SEMK----KITTSIRDKLQKEY-L   161
HIVGUN       -TNLV..............NATYS.....NSS.......WEKMDR.GEIQ----NITTRKRNKVQKQY-L   143
HIVACH9      -TDNL..............NSTNLG....NNTD..........IK.GEIK----NITTSRGGKMQKEY-L   130
HIVACP1      -TDDLR.............ND.................WEQMEK.GEIK----YITTNIRNKMQKQY-L   127
HIVFO                                                                                 0
HIVJ61                                                                                0
HIVJB02                                                                               0
HIVJM        -NDASR...NVTKRNDTNENATDSN....NGTATSGN..KTMMEKYAEIK----NITTNMGGKMKKEY-L   150
HIVMA1CON    -TDATIR..NATIR..TNTNTT.......NTSSS.....GEVMER.EEIK----NITTNIKDRMQKVY-T   190
HIVMA208     -TDATIR.........TNTNTTNT.....NSS.......GEVKER.EEIK----NITTNIKDRMQKAY-T   185
HIVRJS       -TNWK..............NDTDT.....NTTNSSS...GEKMEE.GEIK----NITTSIRNKLQKGY-L   176
HIVSBA                                                                                0
HIVSBC                                                                                0
HIVSBB                                                                                0
HIVWM        CTDCVTS............NCTNLR....NVTNTKSSS.KEIMEK.GEIKNCSFYITTSIRNKRQKEYAT   141
CONSENSUS.C  Ct????...n?t????...N?t???????n?T????...??????.eEikNCsFn?TTeirDkkqkv?AL   157
HIVNOF       -TDVKV.............-ATSNSN...NM-.............G-IK--S-YT--EIG-KKQKVY--    50
HIVD747      -T.......NATYS.....-STY......NS-YN............E-IK--S-NT--ELR-KKQKVQ--   104
HIVD760      -GNV.....NAT.......-ITNNGEN..NP-NIT.......NNR.E-IK--P-NA--EIR-RQQKVY--   113
HIVD757      -TNA...............-VTYDNG...NY-.............E-IK--S-NT--ELR-QKQKVA--    59
HIVD1044     -RQA.....NFT.......-ATNAN....NA-.............E-IR--T-NA--EIR-RKQKVH--    48
CONSENSUS.D  Ctde???..?????.....N?t????...N?t???....????Ee.??mKNCSFnittv?rDKkkQvyAl   156
HIVJY1       -TNAGG.............-KTTNGN...-TTNQE....EQMM-K.GEM-----NITTVIS--KK-VH-L   178
HIVNDK       -TDELR.............-SKG......-GKV.........E-E.EKR-----NV....R--RE-VY-L   166
HIVMAL       -TNV.....NGTAV.....-GTNAGS...-RTNA.....ELKM-I.GEV-----NITPVGS--R.-EY-T   179
HIVELI       -SDELRN............-GTMGN....-VT..........T-E.KGM-----NVTTVLK--KQ-VY-L   172
HIVZ2Z6      -IDEVME............-VTMKNN...-VT..........-E.IRM-----NITTVVR--TK-VH-L   172
HIVUG23                                                                               0
CONSENSUS.E  CTNAKLTNANLTNVNNIT.NVSNIIG...NIT.............DEVRNCSFNMTTELRDKKQKVHAL   181
HIVTN243     ------------------.---------.---.-------------------------------------   181
CONSENSUS.O  Ct??????????.......?lt???????n?t??????.??????.?emknCsFNvtTvlkDKKe?kqal   136
HIVMVP5180   -VDLQT...NKT.......GLL.......NETIN.............EMRN-S--VT-VLT---EQKQAL   171
HIVANT70     -TNIA...............GTT.....................NE.NLMKK-E--VT-VIK---EKKQAL   164
CPZGAB       -SKANFSQAK.........NLT.......NQTSS.........PP.LEMKN-S--VT-ELR---KQVYSL   173
```

```
                          peptide T region
                             ^^^                          *^^^     *          *
CONSENSUS.A  FYrLDiVqI????..???.......Nss??????YRLINCNTSaITQACPKVSFEPIPIhYCAPAGFAI  204
HIVSF1703    --K--V-P-DK....NNG.......-NN..IRTQ---------A----------H---------  231
HIVU455      --R--I-Q-NKTD..........-NS.....---------T----------H---------  223
HIVZ321      --R--I-P-GG............-SSNGDSSK---------A----------H---------  226
HIVD687      --R--V-Q-D.............-SS....SE---------A----------H---------  111
HIVUG06                                                                       0
CONSENSUS.B  fyklDvvpid????.???????????n?s..????yrLi?CntSvITQaCPKvsFePIPiHyCapagFai  205
HIVJRCSF     FYKL-VVPIDNK...........NNT.....KYR-IS-NT-V---A---VS-E---I-Y-APAG-AI  223
HIVJRFL      FYKL-VVPIDN............NNT.....SYR-IS-DT-V---A---IS-E---I-Y-APAG-AI  222
HIVALA1      FHKL-VVPIDN............NNT.....SYI-IS-NT-V---A---VS-Q---I-Y-APAG-AI  223
HIVBRVA      FYKL-IVPIDNDKT.........NT......RYR-IS-NT-V---A---VT-E---I-Y-APAG-AI  225
HIVJH3       FYKH-VVPIN.....NSTKDNIKND.NST.....RYR-IS-NT-V---A---IS-E---I-Y-APAG-AI  237
HIVSC        FYKL-VVPID.............NTS......YT-IN-NT-V---A---VS-E---I-Y-A.RW-AI  225
HIVI AL1     FYKL-IAPID.............NNS...NNRYR-IS-NT-V---A---VS-E---I-Y-APAG-AI  229
HIVY 12      FYNL-VVPID.............NAS......YR-IS-NT-V---A---VS-E---I-Y-APAG-AI  221
HIVMN        LYKL-IVSID.............NDS....TSYR-IS-NT-V---A---IS-E---I-Y-APAG-AI  230
HIVHXB2R     FYKL-IIPID.............NDT....TSYK-TS-NT-V---A---VS-E---I-Y-APAG-AI  225
HIVLAI       FYKL-IIPID.............NDT....TSYT-TS-NT-V---A---VS-E---I-Y-APAG-AI  230
HIVNL43      FYKL-IVPID.............NTS......YR-IS-NT-V---A---VS-E---I-Y-APAG-AI  223
HIVMFA       FYKL-IRPID.............NTT......YR-IS-NT-V---A---VS-E---I-Y-APAG-AI  223
HIVCAM1      FYKL-VVPIDKA...........NTS......YT-IH-NT-V---A---VS-E---I-Y-TPAG-AI  226
HIVNY5CG     FYRL-IVPIDKD...........NTS......YT-IN-DT-V---A---VS-E---I-Y-APAG-AI  220
HIVADA       FYRL-VVPIDND...........NTS......YR-IN-NT-T---A---VS-E---I-Y-TPAG-AI  221
HIVJFL       FYKL-VVPIDKD...........NTS......YT-IN-NT-T---A---VS-E---I-Y-TPAG-AI  222
HIVSIMI84    FYKL-VMPIEDD...........NTS......YT-IN-NT-V---A---VS-E---I-Y-TPAG-AI  223
HIVD31       FYKL-VVPIDND...........NTS......YR-IS-NT-V---A---VS-E---I-Y-TPAG-AM  225
HIVSF162     FYKL-VVPIDND...........NTS......YK-IN-NT-V---A---VS-E---I-Y-APAG-AI  223
HIVOYI       FYKL-VLPIDKN...........DTK......FR-IH-NT-T---A---IS-E---M-Y-TPAG-AI  230
HIVSF33      FYKL-VVPIDDD...NT.....NTS......YR-IH-NS-V---T---VS-E---I-Y-APAG-AI  226
HIVCDC4      FYKL-VEPIDDNK..NTT.....NNT.....KYR-IN-NT-V---A---VS-E---I-Y-TPTG-AL  236
HIVSF2       FRNL-VVPID.....NASTTT.....NYT.....NYR-IH-NR-V---A---VS-E---I-Y-TPAG-AI  228
HIVSF2B13    FRNL-VVPID.....NASTTT.....NYT.....NYR-IH-NR-V---A---VS-E---I-Y-APAG-AI  227
HIVHAN       FYKT-VVPIDN....NKTSNRD....NTT.....SYM-IH-NR-V---A---VS-E---I-Y-APAG-AI  227
HIVRF        FYKL-VVPIEKG...NISPK.NNTS.NNT..SYGNYT-IH-NS-V---A---VS-E---I-Y-TPAG-AI  238
HIVWMJ2      FYKL-VVPIKGD...N.......NSS.....RYR-IN-NT-V---A---VS-E---I-Y-APAG-AI  222
HIVTB132     FYKL-IVPINND............NTS......YR-IS-NT-I---A---VS-E---I-Y-APAG-AI  211
HIVGUN       LNRL-IVPID.............KTS......YT-IT-NT-V---A---VS-E---I-Y-TPAG-AL  191
HIVACH9      LYKL-VIPID.....NSTSN.....NYT.....SYR-IS-NT-V---A---VS-E---I-Y-APAG-AI  184
HIVACP1      FDRL-VVPTDDD...........NTS......YK-IN-NT-V---A---VS-E---I-Y-APAG-AI  177
HIVFO                                                                         0
HIVJ61                                                                        0
HIVJB02                                                                       0
HIVJM        FNTL-VVPVDNSN..NNSN.....NDS......YI-TS-NT-V---A---IS-E---I-Y-APAG-AI  205
HIVMA1CON    FYKL-IVPIG.....NDSTSNNNTSNNYT.....SYR-IS-DT-V---A---VS-E---I-Y-TPAG-AL  250
HIVMA208     FYKL-IVPIG.....NDSTSNNNTSNNYT.....SYR-IS-DT-V---A---VS-E---I-Y-TPAG-AL  245
HIVRJS       FYKL-VVPIDND............NTS......YT-IN-NT-V---A---VS-E---I-Y-APAG-VI  226
HIVSBA                                                                        0
HIVSBC                                                                        0
HIVSBB                                                                        0
HIVWM        FYKLDIVPID.....NDKD.....NTS......YRLISCNTSVITQACPKVSFEPIPIHFCAPAGFAI  193
CONSENSUS.C  FY?lDiVPL?????.N????......nss..????YrLInCnTSaiTQACPKVsFdPipihycapagyai  204
HIVNOF       --KP-V---.....-E.............RN-I--H-N--TI-------S-D-IPIHYCAPAGYAI   98
HIVD747      --KL-V---.....-TTD.....NSS.....-R--N-N--AI-------S-D-IPIHYCAGAGYAI  155
HIVD760      --RL-I---D.....-NN.....NST.....-R--N-N--AI-------T-D-IPIHYCAPAGYAI  164
HIVD757      --KL-V---DG....-D.....NSS.....-R--N-N--AI-------S-D-IPIHYCAPAGYAI  110
HIVD1044     --KL-I---D.....-ESK.....NDS...SRN-R--N-N--AI-------T-D-IPIHYCTPAGYAI  103
CONSENSUS.D  FYrLDiVpiddd???n?t??.....Nst.....nYRLINCntSaITQACPKvsFePIPIHyCAPAGFAI  209
HIVJY1       --R--V-PIDDDNSANTSNT.....-YT.....N------NT-A-------VT-E-----Y--------  237
HIVNDK       --K--I-PIDNN...NRT.....-ST.....N------DT-T-------IS-E-----F--------  220
HIVMAL       --N--L-QIDDSD..........-SS.....------NT-V-------VT-D-----Y--------  230
HIVELI       --R--I-PID.....NDSST.....-ST.....N------NT-A-------VS-E-----Y--------  226
HIVZ226      --R--I-PIDND...NST.....-ST.....N------NT-A-------VS-E-----Y--------  226
HIVUG23                                                                       0
CONSENSUS.E  FYKLDIVQIGDK..........NSS.....EYRLINCNTSVIKQACPKISFDPIPIHYCTPAGYAI  232
HIVTN243     ----------.....---.....----------------------------------  232
CONSENSUS.O  FYvsDlmkl??....Ne????.....N?T..????Y?ltnCN?TtItQaCpKvsFEPIPIHYCAPaGyAI  182
HIVMVP5180   --VS-LSKV.....-DSNAV.....-G-.....T-MLTN--S-I-K-A-P-VS----------T-Y--  225
HIVANT70     --VS-LMEL.....-ETSST.....-K-..NSKM-TLTN--S-T-T-A-P-VS---------A-Y--  221
CPZGAB       --VE-VVNLG.....-E.....-N-.....-RIIN--T-A-T-A-P-TS----------A-F--  223
```



```
                <-        V3 neutralization loop        ->
                *^    ^^^                          *^^^    ^^^
CONSENSUS.A     CtRP.nnntrks?hi???GpGqaFya.tgdi...iGDIRqA?CnVsr??WNrTlqqV....aeqLrk..y    320
HIVSF1703       -T--.NNNTRKSVRI...-P-QA-YA.TGDI...I----Q-Y-N-SRAD--K-LQG-....ANQ-KS..Y    357
HIVU455         -S--.YN.TRKNIRRYSI-S-QA-YV.TGKI...I----Q-H-N-SRRD--R-IQQ-....AEQ-KK..K    351
HIVZ321         -M--.NNNTRKSISI...-P-RA-FA.TGDI...I----Q-H-N-SRTE--D-LSK-....AAQ-RK..H    352
HIVD687         -T--.GNNTNKNVHI...-P-QA-YA.RGRI...I----K-H-N-SRAE--R-LQQ-....AEH-RK..Y    236
HIVUG06         -T--.YKKVRRRIHI...-P-RS-YT..SN....L----Q-Y-N-SGSQ--K-LQQ-....VTK-RE..Y    101
CONSENSUS.B     CtRp?nnntrksi?i??.gpgrafyt.tg?I???igdirqahCnisrakWnnTLkqi....v?kLre??q    327
HIVJRCSF        -T-P.SNNTRKSIHI...GPGRAFYT.TGE-...IGDIRQAH-NISRAQ-NN--KQI....VEK-RE..Q    349
HIVJRFL         -T-P.NNNTRKSIHI...GPGRAFYT.TGE-...IGDIRQAH-NISRAK-ND--KQI....VIK-RE..Q    348
HIVALA1         -T-P.NIYRKGRIHI...GPGRAFHT.TRQ-...IENIRQAH-NISRAK-ED--KQI....VEK-RE..Q    349
HIVBRVA         -T-P.NNNTRKRITM...GPGRVYYT.TGQ-...IGDIRRAH-NLSRSK-EN--KQI....VTK-RV..Q    351
HIVJH3          -T-P.SKTTRRRIHI...GPGRAFYT.TKQ-...AGDLRQAH-NINRAR-NA--KQI....VGK-RK..Q    363
HIVSC           -T-P.NNNTTRSIHI...GPGRAFYA.TGD-...IGDIRQAH-NISRAK-NN--KQI....VIK-RD..Q    351
HIVBAL1         -T-P.NNNTRKSIHI...GPGRAFYT.TGE-...IGDIRQAH-NLSRAK-ND--NKI....VIK-RE..Q    355
HIVYU2          -T-P.NNNTRKSINI...GPGRALYT.TGE-...IGDIRQAH-NLSKTQ-EN--EQI....AIK-KE..Q    347
HIVMN           -T-P.NYNKRKRIHI...GPGRAFYT.TKN-...IGTIRQAH-NISRAK-ND--RQI....VSK-KE..Q    356
HIVHXB2R        -T-P.NNNTRKRIRIQR.GPGRAFVT.IGK-....GNMRQAH-NISRAK-NN--KQI....ASK-RE..Q    352
HIVLAI          -T-P.NNNTRKSIRIQR.GPGRAFVT.IGK-....GNMRQAH-NISRAK-NA--KQI....ASK-RE..Q    357
HIVNL43         -T-P.NNNTRKSIRIQR.GPGRAFVT.IGK-....GNMRQAH-NISRAK-NA--KQI....ASK-RE..Q    350
HIVMFA          -T-P.NNNTRKSIRIQR.GPGRAFVT.IGK-....GNMRQAH-NISRAK-MS--KQI....ASK-RE..Q    350
HIVCAM1         -T-L.NNNTRKSIAI...GPGRTVYA.TDR-...IGDIRQAH-NLSSTK-NN--KQI....VTK-KE..Q    352
HIVNY5CG        -T-P.NNNTRKGIAI...GPGRTLYA.REK-...IGDIRQAH-NLSRAK-ND--KQI....VTK-KE..Q    346
HIVADA          -T-P.NNNTRKSIHI...GPGRAFYT.TGE-...IGDIRQAH-NISRTK-NN--NQI....ATK-KE..Q    347
HIVJFL          -T-P.NNNTRKSITL...GPGRAFYT.TGD-...IGDIRQAH-NLSRVQ-NN--KQI....VIK-RE..Q    348
HIVSIMI84       -T-P.NNSKRKTLHM...GPKRAFYA.TGD-GGYTGYIRQAH-NISRAK-ND--KQI....VKK-KE..Q    352
HIVD31          -T-P.NNYTSKRIRI...GARRAFYT.KGK-...IGDIRQAH-NISGAK-DS--RQI....VKK-RE..R    351
HIVSF162        -T-P.NNNTRKSITI...GPGRAFYA.TGD-...IGDIRQAH-NISGEK-NN--KQI....VTK-QA..Q    349
HIVOYI          -T-P.NNNTRNRISI...GPGRAFHT.TKQ-...IGDIRQAH-NLSRAT-EK--EQI....ATK-RK..Q    356
HIVSF33         -T-P.NNNRRRRITS...GPGKVLYT.TGE-...IGDIRKAY-NISRAK-NK--EQV....ATK-RE..Q    352
HIVCDC4         -T-P.NNHTRKRVTL...GPGRVWYT.TGE-...LGNIRQAH-NISRAQ-NN--QQI....ATT-RE..Q    362
HIVSF2          -T-P.NNNTRKSIYI...GPGRAFHT.TGR-...IGDIRKAH-NISRAQ-NN--EQI....VKK-RE..Q    354
HIVSF2B13       -T-P.NNNTRKGIHI...GPGRAVYT.TGR-...IGDIRKAH-NVSRTQ-NN--EQI....VKK-RE..Q    353
HIVHAN          -T-P.NNNTRKGIHI...GPGRAVYT.TGR-...VGDIRLAH-NISRAR-NK--NQI....FRK-REIRQ    355
HIVRF           -T-P.NNNTRKSITK...GPGRVIYA.TGQ-...IGDIRKAH-NLSRAQ-NN--KQV....VTK-RE..Q    364
HIVWMJ2         -T-P.YNNVRRSLSI...GPGRAF.R.TRE-...IGIIRQAH-NISRAK-NN--KQI....VEK-RE..Q    347
HIVTB132        -T-P.NNYTRKxIxM...GPGRxxYT.TGE-...IGDIRRAH-NISSTK-NN--GQI....VKK-KE..Q    337
HIVGUN          -T-P.NNNTRKSITI...GSGRAFHA.IEK-...IGNIRQAH-NISKEN-NN--KQI....VTK-RE..Q    317
HIVACH9         -T-P.NNNTRKSIPI...GPGRAFYT.TGD-...IGDIRQAH-NLSRAA-NN--KQI....VTK-RE..Q    310
HIVACP1         -I-P.NNNTRKGIGI...GPGRTVYT.AEK-...IGDIRQAH-NISRTE-NV--QQI....VKK-RD..Q    303
HIVFO           -T-P.NNNTRRSIHF...GPGRAFYT.TGQ-...IGNIRQAH-NISRKD-NT--ERI....VVK-RE..Q     81
HIVJ61          -T-P.NNNTRKSIHI...GPGRAFYA.TGE-...IGDIRQAH-NISRAK-NN--KQI....VRK-RE..Q     81
HIVJB02         -T-P.NNNTRKSIHI...GPGRAFYA.TGE-...IGDIRQAH-NISRAK-NN--KQI....VRK-KE..Q     81
HIVJM           -T-P.NNNTRKSIHI...APGRAFYT.TGD-...IGDIRKAH-NISKEN-YN--KQV....AEK-GE..Q    331
HIVMA1CON       -T-P.GNNTRKSIPM...GPGRAFFA.TGD-...IGDIRKAH-NISRAK-NN--EQV....VKK-RE..Q    376
HIVMA208        -T-P.GHNTRKSIPM...GPGRAFFA.TGD-...IGDIRKAH-NISRAK-NN--EQV....VKK-RE..Q    371
HIVRJS          -T-P..YNTKKIRHIHI.GPGRAFYV.TGG-...MGDIRQAH-NLSRAE-ES--KQV....ATK-RE..Q    353
HIVSBA          -T-P.NNNTRRSINI...GPGRAFYT.TGD-...IGDIRQAH-NLSRTK-NN--KQR....GEK-RE..Q     98
HIVSBC          CIRP.NNNTRKSISI...GPGRAFYT.TGEI...IGDIRQAHCNLSRANWANTLKKI....VEKLRE..Q     98
HIVSBB          -T--.----S-R---...------VA.AR--...-----K----I-ITK-N---RL-....-S--Q-..-     98
HIVWM           ----.------G-H-...---K----.----...--N-------I--VT-N----QV....-K----..-    319
CONSENSUS.C     ctRP.nNNTRKsiRi...GPGQtfyA.TgdI...IGDIRQAhCNISk?kWnetLqrV....gkKLae..h    329
HIVNOF          CT--.N-----RI-V...----TVY-.-NA-...-------H----KKL-NET-EQ-....KK--AE..H    224
HIVD747         YT--.N-----GV-I...----TFY-.-GD-...-------H----KHK-NET-QR-....GK--AE..H    281
HIVD760         CT--.N-----SI-I...----TFY-.-GD-...-------H----EDK-NET-QR-....GK--AE..H    290
HIVD757         CT--.N-----SI-I...----TFY-.-GD-...-------H----EGK-NET-QR-....GK--AE..Y    236
HIVD1044        CT--.N-----SI-I...----TFY-.-GD-...-------Y----KDK-NET-QM-....GK--AE..H    229
CONSENSUS.D     CtRP?y?ntrqrtpi...Glgqalyt?t??i.???g?IgqAyCnIs??eWnKtLQqV....A?KLg?...    323
HIVJY1          -T--DNKITRQSTPI...-LGQALYT.T.RI...KGD-RQ-Y-N-SAAA-N-T--Q-....-K--GD...    362
HIVNDK          -T--.YKYTRQRTSI...-LRQSLYTITGKK.KKTGY-GQ-H-K-SRAE-N-A--Q-....-T--GN...    348
HIVMAL          -T--.GNNTRRGIHF...-PGQALYT.TG.I...VGD-RR-Y-T-NETE-D-T--Q-....-V--GS...    354
HIVELI          -A--.YQNTRQRTPI...-LGQSLYT.TRS....RSI-GQ-H-N-SRAQ-S-T--Q-....-R--GT...    350
HIVZ2Z6         -T--.YRNIRQRTSI...-LGQALYT.TKT....RSI-GQ-Y-N-SKNE-N-T--Q-....-I--GN...    350
HIVUG23         -T--.YENVRHRTPI...-LGQALIT.N.RI...KAK-GQ-Y-N-SKTE-D-T--R-....-T--RD...     75
CONSENSUS.E     CTRP.SNNTP.SIT....GPGQVFYR.TGDI...IGDIR.AYCEINGTKWNRVLKQV....TEKLKE..H    355
HIVTN243        ----.-----.--....--------.----...-----.----------------....-------..-    355
CONSENSUS.O     CiRp?gi??r?e?qi...GP?mtfyn??ei?????gd?R?AyC?yNkT?We?al?qt????aeryl?...    279
HIVMVP5180      -I-E.GIAEVQDIYT...--MRWRSMTLKRSNNTSPRS-V-Y-TY-K-V-ENALQQT....AIRYLN...    354
HIVANT70        -E-P.QIDIQ.EMRI...--M.AWYS.MGIGGTAGNSS-A-Y-KY-A-D-GKILKQT....AERYLE...    347
CPZGAB          -H-P.GNNTRGEVQI...--GMTFYN.IENV...VGDT-S-Y-KI-G-T-NRTVEEV....KKALAT...    348
```



```
                  ^^^       ^^^             *       *^^^   ^^^          ^^^       ^^^
CONSENSUS.A   f?.N?t??..IiFa?sSGGDlEITTHSFNCgGEFFYCnTSgLFNstW??????...N?t?????sn?t.   364
HIVSF1703     FS.-KT....-I-ASS----L---------G------D--G---ST-GG........-ST.DSIQESNST.   413
HIVU455       FN.-KT....-I-ASS----I---------G------N--G---SI-..........-GS.....MSNDM.   401
HIVZ321       FV.-TSTD..-I-ANS----V---------G------N--G---GT-L.........-GT......SNNT.   404
HIVD687       FK.-NT....-I-AHH----L---------R------N--N---ST-D.........-ST.....WDNNT.   287
HIVUG06       W..-TT....-N-SKP----L---------V------N--G---SS-KIGSQP...-SK...........   151
CONSENSUS.B   fg?NkT....ivfnqssggdpEIVmHsfncgGeffyCnstqLfnstW?????????n?T???????n?t?   373
HIVJRCSF      FN.-K-....IVFTHSSGGDP---M-SFNCG-EFFY-NSTQ-FNST-.........ND-....EKSSGT.   400
HIVJRFL       FE.-K-....IVFNHSSGGDP---M-SFNCG-EFFY-NSTQ-FNST-N........NN-....EGSNNT.   400
HIVALA1       FK.-K-....IVFNQSSGGDP---T-SFNCG-EFFY-NSTQ-FNST-..........NS-.EGPKGSNNT.   403
HIVBRVA       FK.-K-....IVFNRSSGGDP---M-SFNCG-EFFF-NTTQ-FNST-YR.......NT-......GNIT.   402
HIVJH3        FV.-K-....IVFNRSSGGDP---M-SFNCG-EFFY-NSTQ-FNST-LS.......NS-WNDTEGSNNT.   420
HIVSC         FE.-K-....IIFNRSSGGDP---M-SFNCG-EFFY-NSTQ-FSST-.........NG-....EGSNNT.   402
HIVBAL1       FG.-K-....IVFKHSSGGDP---T-SFNCG-EFFY-NSTQ-FNST-.........NV-....EESNNT.   406
HIVYU2        FGN-K-....IIFNPSSGGDP---T-SFNCG-EFFY-NSTQ-F..T-.........ND-....RKLNNT.   397
HIVMN         FK.-K-....IVFNQSSGGDP---M-SFNCG-EFFY-NTSP-FNST-NG.......NN-.....WNNTT.   408
HIVHXB2R      FGN-K-....IIFKQSSGGDP---T-SFNCG-EFFY-NSTQ-FNST-.F.......NS-W.STEGSNNT.   408
HIVLAI        FGN-K-....IIFKQSSGGDP---T-SFNCG-EFFY-NSTQ-FNST-.F.......NS-W.STEGSNNT.   413
HIVNL43       FGN-K-....IIFKQSSGGDP---T-SFNCG-EFFY-NSTQ-FNST-.F.......NS-W.STEGSNNT.   406
HIVMFA        FGN-K-....VIFKQSSGGDP---T-SFNCG-EFFY-NSTQ-FNST-.F.......NS-W.STEGSNNT.   406
HIVCAM1       FG.-K-....IIFNQSSGGDP---M-SFNCG-EFFY-NTTQ-FNTT-LF.......NG-......WNDT.   403
HIVNY5CG      FR.-K-....IVFNQSSGGDP---M-SFNCG-EFFY-KTTQ-FNST-LF.......NS-......WNDT.   397
HIVADA        FGN-K-....IVFNQSSGGDP---M-SFNCG-EFFY-NSTQ-FNST-NF.......NG-......WNLTQ   400
HIVJFL        FG.-K-....IVFKQSSGGDP---M-TFNCG-EFFY-NSTQ-FNST-LS.......NG-......WNDT.   399
HIVSIMI84     FGR-K-....IVFKQSSGGDP---M-SFNCG-EFFY-NSTK-FNST-.........ND-..ST..WNDT.   404
HIVD31        FG.-K-....IVFNQSSGGDP---T-SFNCG-EFFY-NSAQ-FNST-.........ND-....KESNNT.   402
HIVSF162      FG.-K-....IVFKQSSGGDP---M-SFNCG-EFFY-NSTQ-FNST-.........NN-....IGPNNT.   400
HIVOYI        FR.-K-....IAFDRSSGGDP---M-SFNCG-EFFY-NTSQ-FNST-.........ND-....TRANST.   407
HIVSF33       FG.-K-....IVFKQSSGGDP---M-SFNCR-EFFY-NTTK-FNST-NE.......NS-......WNAT.   403
HIVCDC4       FG.-K-....IAFNQSSGGDP---M-SFNCG-EFFY-NSTQ-FNSA-.........NV-..SNGTWSVT.   415
HIVSF2        FGN-K-....IVFNQSSGGDP---M-SFNCR-EFFY-NTTQ-FNNT-RL.......NH-....EG.TKG.   407
HIVSF2B13     FGN-K-....IVFNQSSGGDP---M-SFNCR-EFFY-NTAQ-FNST-NP.......NN-....EG.NNT.   406
HIVHAN        FE.-K-....IVFNRSSGGDP---M-SFNCG-EFFY-NSTK-FNST-.........NN-..ST..WNDNG   407
HIVRF         FD.-K-....IVFTSSSGGDP---L-SFNCG-EFFY-NTTQ-FNST-.........NS-....EGSNNT.   415
HIVWMJ2       FK.-K-....IVFNHSSGGDP---T-SFNCG-EFFY-NSTQ-FNST-.........NG-DIKGDNKNST.   402
HIVTB132      FN.-N-....IVFxESSGGDP---M-SFICW-EFFx-NTTK-FNST-.........NS-....EGNDDG.   388
HIVGUN        FG.-K-....IVFNKSSGGDP---M-TFNCG-EFFY-NTTQ-FNST-LV.......NG-......WNNT.   368
HIVACH9       FG.-K-....IVFNQSSGGDP---M-TFNCG-EFFY-NSTK-FNST-.........NV-....EETNSN.   361
HIVACP1       FGN-K-....IVFNQSSGGDP---M-SFNCG-EFFY-KTRQ-YNST-SD.......NS-......WNDT.   355
HIVFO         FG.-K-....IIFNHSSGGDP---M-SFNCG-EFFY-NTTQ-FNST-.........NV-....RTWNGT.   132
HIVJ61        YE.-K-....IVFKQSSGGDP---M-SFICG-EFFY-NSTQ-FNST-.........ND-....EVPNNT.   132
HIVJB02       YK.-K-....IVFKQSSGGDP---M-SFTCG-EFFY-NSTQ-FNST-.........ND-....EVSNDT.   132
HIVJM         FK.-R-....IVFNHSSGGDP---R-SLIVE-.IFY-DSTQ-FDST-QLNKSDGNWNS-...SSIWNNT.   391
HIVMA1CON     FG.-K-....IIFNQSSGGDP---M-SFNCG-EFFY-NTTQ-FNST-TWN......NG-...GESNNVT.   431
HIVMA208      FG.-K-....IIFNQSSGGDP---M-SFNCG-EFFY-NTTQ-FNST-TWN......NG-...GESNNVT.   426
HIVRJS        FG.-K-....IVFKQSSGGDP---T-SFNCG-EFFY-NSTQ-FNST-MS.......NS-......GNDT.   404
HIVSBA        FK.-K-....IVFNQSSGGDP---M-SFNCG-EFFY-NTTK-FNST-TW.......NS-......WNGT.   149
HIVSBC        FK.NKT....IVFNQSSGGDPEIVMHNFNCGGEFFYCNSTQLFNSTWYS.......NNT......WNGT.   149
HIVSBB        -GK---....----H---------T-T----------T-K------ND.......SS--------V.E   150
HIVWM         --.---....---K-----------S--------F--A------I.........-G-.NGTEGS-N-.   373
CONSENSUS.C   fP.NkT....ikfa?sSGGdlEiTThSFNCRGEFFYCNTs?LFn?ty?p.......N?t...?k?????.   372
HIVNOF        Y-.-K-....IAFNSS---DL-V--H----------TD--SA...........-AT....K.FNES.   272
HIVD747       F-.-K-....IRFASS---DL-I--H----------SD--NGTYMP.......-GT....KS.....   330
HIVD760       F-.-K-....IKFAAS---DL-I--Y----------SG--NGTYMP.......-GT....KS.....   339
HIVD757       F-.-K-....IKFASS---GL-I--H----------SN--NSTYMP.......-GT....KG.....   285
HIVD1044      F-.-K-....IRSAPS---DL-I--H----------SN--NSTY.........-ST...YML.NGT.   280
CONSENSUS.D   LL.NkTt...IiFkpssGGDpEITtHsfNCgGeFFYCNTS?LFNstw???.....n?????????nst.   369
HIVJY1        --.-Q-T...-I-KPPA---P---T-SF--G-E-------R---STW.........NS...STW.NNDT.   414
HIVNDK        --.-K-T...-T-KPSS---P---S-ML--G-D-------R---STW.........NQT.......NST.   397
HIVMAL        --.-K-K...-I-NSSS---P---T-SF--R-E-------K---STWQ........NNGA...RLSNST.   408
HIVELI        --.-K-I...-K-KPSS---P---T-SF--G-E-------G---STW.........NISA....WNNIT.   402
HIVZ2Z6       --.-K-T...-I-KPSS---P---T-SF--G-E-------G---STW.........DISKS..EWANST.   404
HIVUG23       --.-H-T...-N-KPSS---Q---T-SF--R-E-------K---STW.........NST......SNST.   125
CONSENSUS.E   FN.NKT....IIFQPPSGGDLEITMHHFNCRGEFFYCNTTRLFNNTCIG.......NETM..........   403
HIVTN243      --.-.-....-------------------------------------------------------------   403
CONSENSUS.O   lv.N?T?a??itfnr?sgGDpEVth?hFNChGEFFYCnts?mFnytf???......niT..?????????   321
HIVMVP5180    LV.-Q ENVTIIFSRTSG---A---SHLH---H------NTSGM-NYTFI........NC-.....KSGCQE   410
HIVANT70      LV. N-GSINMTFNHSSG---L---THLH---H------NTAKM-NYTFSC.......NG-..TCSVSNVS.   406
CPZGAB        SS. R-AA.NITLNRASG---P---THHM---G------NTSQI-TD..........NI-..........   394
```

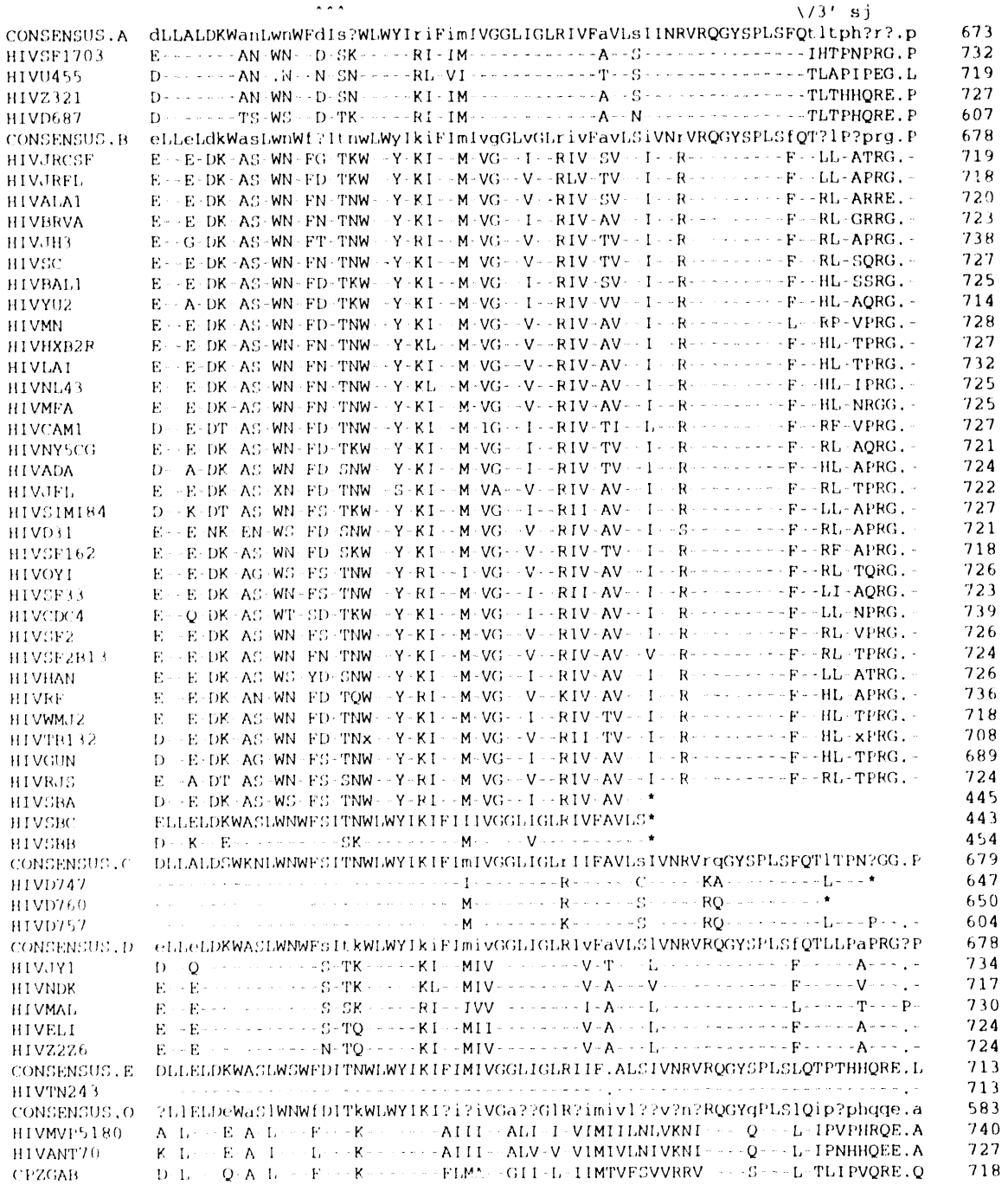
```
                                        CD4
                                      -binding-
                    ^^^     *                       *  ^^^                  ^^^
CONSENSUS.A  .????e?NdtItlpCRIkQIinmwQrvGQ.AmYAPPIqGvirceSNITGlLLTRDGg??.....Nnt???   417
HIVSF1703    .....ES-DT-ILP---K--INMW-RV--.-M-----Q-VIKCI-----L------GD......-NS...   468
HIVU455      .....GP-GT-TLQ---K--INMW-RV--.-M-----Q-VIRCE-----L------GT......-NT...   456
HIVZ321      .WKIDTV-DT-ILP---K--VNMW-RV--.-M-----K-VIKCV-----I------VG......-NT...   463
HIVD687      ......A-DN-THQ---K--VNMW-KV--.-M-----E-ELRCE-----L------G.......-TSNTN   343
HIVUG06      .....ES-GN-TLP---R--IRIW-RT--.-T-----Q-VIRFE-----L------GV......-ST...   206
CONSENSUS.B  ???????n?titLpCrIKqiiNmWQeVgk.AmYapPI?GqirCsSnITGLlLTrDgG??????.n?t???   422
HIVJRCSF     .....EGNDTII-P-R--QII-M--E-GK.-M-AP--K-QIR-S-N----L--R-G-K......NES...   455
HIVJRFL      .....EGN.TIT-P-R--QII-M--E-GK.-M-AP--R-QIR-S-N----L--R-G-INE....NGT...   456
HIVALA1      .....EE..NIT-P-R--QIV-M--E-GK.-M-AP--E-QIR-S-N----L--R-G-.......NSS..N   456
HIVBRVA      .....EGNSPIT-P-R--QII-M--E-GK.-M-AP--R-QIK-S-N----L--R-G-NN.....NET..T   459
HIVJH3       .....GGNDTIT-P-R--QII-M--E-GK.-M-AP--E-QIR-S-N----L--R-G-DNQ....NET...   477
HIVSC        .....GGNDTIT-P-R--EII-M--E-GK.-M-AP--K-QVK-S-N----L--R-G-NSK....NGSKNE   462
HIVBAL1      .....VENNTIT-P-R--QII-M--E-GR.-M-AP--R-QIR-S-N----L--R-G-PED....NKT...   463
HIVYU2       .....GR..NIT-P-R--QII-M--E-GK.-M-AP--R-QIR-S-N----L--R-G-KDT....NGT...   452
HIVMN        .....GSNNNIT-Q-K--QII-M--E-GK.-M-AP--E-QIR-S-N----L--R-G-KDT.DT.NDT...   467
HIVHXB2R     .....EGSDTIT-P-R--QII-M--K-GK.-M-AP--S-QIR-S-N----L--R-G-NSN....NES...   465
HIVLAI       .....EGSDTIT-P-R--QFI-M--E-GK.-M-AP--S-QIR-S-N----L--R-G-NNN....NGS...   470
HIVNL43      .....EGSDTIT-P-R--QFI-M--E-GK.-M-AP--S-QIR-S-N----L--R-G-NNN....NGS...   463
HIVMFA       .....EGSDTIT-P-R--QFI-M--E-GK.-M-AP--S-QIR-S-N----L--R-G-KNT....NES...   463
HIVCAM1      .EGLNNTERNIT-P-R--QII-R--E-GK.-M-AP--T-TIS-S-N----L--R-G-RGE....NET...   464
HIVNY5CG     .ERS.DNNETII-P-R--QII-R--E-GK.-M-AP--S-QIR-S-N----L--R-G-DKE....NST...   457
HIVADA       SNGT.EGNDTIT-P-R--QII-M--E-GK.-M-AP--R-QIR-S-N----I--R-G-T......NSS...   459
HIVJFL       .EESKDTREPII-P-R--QII-R--E-GK.-M-AP--N-QIR-S-N----L--R-G-KE.....NG....   458
HIVSIMI84    ...TGSNKGNIT-L-R--QII-R--E-GK.-M-AP--E-HIR-S-N----L--R-G-K......NES..E   462
HIVD31       .......NGTIT-P-R--QII-M--E-GK.-M-AP--S-QIR-S-N----L--R-G-KNKD...NET...   458
HIVSF162     .......NGTIT-P-R--QII-R--E-GK.-M-AP--R-QIR-S-N----L--R-G-KEIS...NTT...   456
HIVOYI       .......EVTIT-P-R--QIV-M--E-GK.-M-AP--S-QIR-S-K----L--R-G-K......NTT..N   461
HIVSF33      ......GNDTIT-P-R--QII-M--E-GK.-M-AP--E-QIR-S-N----L--R-G-GDK....NST...   459
HIVCDC4      .RKQKDTGDIIT-P-R--QII-R--V-GK.-M-AL--K-LIR-S-N----L--R-G-GE.....NQT...   475
HIVSF2       .......NDTII-P-R--QII-M--E-GK.-M-AP--G-QIS-S-N----L--R-G-T......NVT..N   461
HIVSF2B13    ........DPII-P-R--QII-M--E-GK.-M-AP--G-QIS-S-N----L--R-G-I......NGT..N   459
HIVHAN       .......NDTII-P-R--QII-M--E-GK.-M-AP--G-LIR-S-N----I--R-G-ND.....NSS...   461
HIVRF        .....GGNDTIT-P-R--QIV-M--E-GK.-M-AP--S-QIK-I-N----L--R-G-EDTT...NTT...   473
HIVWMJ2      .........LIT-P-R--QII-M--G-GK.-M-AP--Q-QIR-S-N----L--R-G-.......NSS..S   453
HIVTB132     ......EERNIT-P-R--QIV-M--E-xK.-L-DP--G-QIR-T-N----L--R-G-NQ.....NGT..N   444
HIVGUN       ....KRSNDTIT-Q-R--QII-S--E-GK.-M-AP--Q-QIR-S-N----L--R-G-.......NGS..E   424
HIVACH9      EGDSTIGNDTIV-P-R--QII-M--E-GK.-M-AP--R-QIN-S-K----L--R-G-N......NET..T   422
HIVACP1      ......GGDNIT-P-R--QII-M--E-GK.-M-AP--N-QIR-S-N----L--R-G-DEN....EIT...   411
HIVFO        ......GSDNIT-P-R--QFI-M--G-GK.-M-AP--S-QIR-S-N----L--S-S-.......NRT..N   186
HIVJ61       .....NENDTII-P-R--QII-M--E-GK.-M-AP--R-QIR-S-N----L--R-G-NNKNNP.NNT...   192
HIVJB02      .....KENDTII-P-R--QII-M--E-GK.-M-AP--R-QIR-S-N----L--R-G-NNKNNT.NNT...   192
HIVJM        ...EGNITGDIT-Q-R--QIV-M--E-GK.-M-AP--R-QIR-S-N----L--R-G-NSNS...NDT..N   452
HIVMA1CON    ...GTEGNSTIT-Q-R--QFI-L--K-GK.-M-AP--Q-NIS-S-N----L--R-G-IN.....NAS..K   490
HIVMA208     ...GTEGNSTIT-Q-R--QFI-L--K-GK.-M-AP--Q-NIS-S-N----L--R-G-IN.....NAS..K   485
HIVRJS       ......TGLNIT-P-R--QII-R--E-GK.-M-AP--E-QIR-S-N----L--R-G-I......NCT..N   459
HIVSBA       ....EGNNTNIT-P-R--QIV-M--E-GK.-M-AP--R-QIR-S-N----I--R-G-...KNT.NET...   207
HIVSBC       ......GGENITLPCRIKQIINMWQEVGK.AMYAPPIRGQIRCSSNITGLILTRDGG...NNT.NVT...   205
HIVSBB       RSSKAEENDIL--Q------V---------.----------L----------L------....-N.-N-.NN   214
HIVWM        .......-DS-------------------.-------A-----------L------IN.....-N-.NN   429
CONSENSUS.C  .????n?n?tITipCRIKQIiNmWQeVGR?aMYAPPiegNITC?SNITGlLL?RDGG???....N?T???   421
HIVNOF       .....DPNAT--LP------I-M--E---TS-----IEG----N-----L--T----NA.....-T-.NN   331
HIVD747      .....NSSST--IP------I-M--E---.A-----IAG----K-----I--V----IEL....-D-...   387
HIVD760      .....NLNST--IP------V-L--E---.A-----FAR----K-----L--V----EDT....-D-...   396
HIVD757      .....NSNST--IQ------I-M--E---.A-----IEG----E-----L--V----TES....-N-...   342
HIVD1044     ...TSNSTLN--IP------I-M--E---.A-----IEG----T-----L--E----PD.....-N-...   338
CONSENSUS.D  .???????gtitLpCRIKQIinmwqgvgK.AmYaPPieg?I?CsSnITGLlLTRDGG?n.....Nss???   419
HIVJY1       ....LNSEGTIK-P------INMWQGVG-.-M-A---EGL-K-T-N----L------VN.....-ST...   471
HIVNDK       ....GFNNGTVT-P------VNLWQRVG-.-M-A---EGL-K-S-N----L------AN.....-SS...   454
HIVMAL       .....ESTGSIT-P------INMWQKTG-.-M-A---AGV-N-L-N----I------.......-SSDNS   465
HIVELI       .ESNNSTNTNIT-Q------IKMVAG.R-.-I-A---ERN-L-S-N----L------IN.....-ST...   461
HIVZ2Z6      .ESDDK...PIT-Q------INMWQGVG-.-M-A---EGQ-N-S-N----L------TN.....-SS...   461
HIVUG23      .GIADK...TIR-P------INMWQRVG-.-M-A---QGK-T-V-N----L------.......-TS...   180
CONSENSUS.E  ....NGCNGTITLPCKIKQIINMWQGAGQ.AMYAPPISGKINCVSNITGILLTRDGGA.....NTT...   459
HIVTN243     ....----------------------.----------------------------.....---...   459
```

```
CONSENSUS.O  ???????Ng??ilpC??rQiVrsWmr??s.giYapPirGNltC?SnITGmiLq?d?pw????..Ns?..?    364
HIVMVP5180   IKGSNET-KNGTIP-KLR-L-RS-MKGES.RI-AP-IP--LT-H-N---MI-QLDQPW.......-ST...    470
HIVANT70     ....QGN-GT..LP-KLR-V-RS-IRGQS.GL-AP-IK--LT-M-N---MI-QMDNTW.......-SS..N    461
CPZGAB       ........-GIIILP-RIR-I-SS-MRVGR.GI-AP-IR--IT-N-N---LL-TSDTPVT......-NS...    448
```

```
                                                                gp120/gp41
CONSENSUS.A  ?nETFRPgGGdMRDNWrSELYKYKvVKIEPLGVAPtrAKRRVV.....eREKRAvg?lGAvFlGFLgAAG  480
HIVSF1703    AN-----T--N-----R-------V----------TP------.....Q-----VG.I--V-I---G---  532
HIVU455      KN-----G--D-----K-------V----------TR------.....E-----VG.L--I-L---G---  520
HIVZ321      SN-----G--D-----R-------V----------TK------.....A-----IG.M--F-L---G---  527
HIVD687      ET-----G--D-----R-------D----------TR------.....E-----VG.L--V-L---G---  407
HIVUG06      .E-----G--D-----R-------V----------SR------.....W-----VVEI--V-L---*     266
CONSENSUS.B  ??EiFRpgGGdMrDNWRseLYKYKVvkIEplGvAPTkAkRRvv.....QRekRavg?iGa?flGFLGaAG  483
HIVJRCSF     EI-I--PG--D-R----SE------VK--PL-V---K-K--VV.....--EK-AVG.I-ALFL----A--  519
HIVJRFL      ..-I--PG--D-R----SE------VK--PL-V---K-K--VV.....--EK-AVG.I-AVFL----A--  518
HIVALA1      NT-I--PG--D-R----SE------VK--PL-V---R-K--VV.....--EK-AVG.L-ALFL----A--  520
HIVBRVA      DT-I--PG--N-R----SE------VK--PL-V---K-K--VV.....--EK-AVG.L-ALFL----A--  523
HIVJH3       ..-T--PG--N-R----SE------VK--LL-V---K-K--VV.....--EK-AVG.I-AVFL----A--  539
HIVSC        NT-I--PG--D-R----SE------VK--PL-V---K-K--VV.....--EK-AVGTI-AMFL----A--  527
HIVBAL1      ..-V--PG--D-R----SE------VK--PL-V---K-K--VV.....--EK-AVG.I-AVFL----A--  525
HIVYU2       ..-I--PG--D-R----SE------VK--PL-V---K-K--VV.....--EK-AVG.L-ALFL----A--  514
HIVMN        ..-I--PG--D-R----SE------VT--PL-V---K-K--VV.....--EK-AA..I-ALFL----A--  528
HIVHXB2R     ..-I--PG--D-R----SE------VK--PL-V---K-K--VV.....--EK-AVG.I-ALFL----A--  527
HIVLAI       ..-I--PG--D-R----SE------VK--PL-V---K-K--VV.....--EK-AVG.I-ALFL----A--  532
HIVNL43      ..-I--PG--D-R----SE------VK--PL-V---K-K--VV.....--EK-AVG.I-ALFL----A--  525
HIVMFA       ..-V--PG--D-R----SE------VK--TL-V---K-K--VV.....--EK-AVG.I-ALFL----A--  525
HIVCAM1      ..-T--PG--D-R----SE------VK--PL-V---K-K--VV.....--EK-AVGAI-ALFL----A--  527
HIVNY5CG     .T-I--PG--D-R----SE------VK--PL-V---K-K--VV.....--EK-AVGAL-ALFL----A--  521
HIVADA       GS-I--PG--D-R----SE------VK--PL-V---K-K--VV.....--EK-AVGTI-AMFL----A-   524
HIVJFL       .A-I--PG--N-R----SK------VK--PL-V---K-K--VV.....--KK-AVGTI-AMFL----A--  522
HIVSIMI84    TT-T--PG--D-R----SE------VK--PL-V---K-K--VV.....--EK-AVGLI-ALFL----A--  527
HIVD31       ..-T--PG--N-R----SE------VK--PL-V---K-K--VV.....--EK-AVGLL-AVFL----A--  521
HIVSF162     ..-I--PG--D-R----SE------VK--PL-V---K-K--VV.....--EK-AV.TL-AMFL----A--  518
HIVOYI       GI-I--PA--D-R----SE------VK--PL-V---K-R--VV.....--EK-AVGML-AMFL----A--  526
HIVSF33      .T-I--PA--N-K----SE------VK--PL-V---K-K--VV.....--EK-AVGVI-AMFL----A--  523
HIVCDC4      .T-I--PG--D-R----SE------VK--PL-V---K-K--VV.....--EK-AVGML-AMFL----A--  539
HIVSF2       DT-V--PG--D-R----SE------IK--PL-I---K-K--VV.....--EK-AVGIV-AMFL----A--  526
HIVSF2B13    DT-V--PG--D-R----SE------VK--PL-I---K-K--VV.....--EK-AVGII-AMFL----A--  524
HIVHAN       TT-I--PG--N-R----NE------VK--PL-V---K-K--VV.....--EK-AVGML-AMFL----A--  526
HIVRF        ..-I--LG--N-R----SE------VR--PL-V---R-K--VV.....--EK-AVGTI-AMFL----A--  536
HIVWMJ2      RE-I--PG--N-R----SE------VR--PL-V---K-K--VV.....--EK-AVGTI-AMFL----A--  518
HIVTB132     ET-I--PG--N-R----SE------VK--PL-V---x-K--VV.....--EK-AVG.I-AASP----A--  508
HIVGUN       NT-I--PG--D-R----SE------VK--PI-V---K-K--VV.....--EK-AVGTI-VMFL----A--  489
HIVACH9      DT-T--PG--D-R----SE------VK--PL-V---R-K--VV.....--EK-AVGTI-AMFL----*    484
HIVACP1      NI-T--PG--N-R----SE------VK--PL-V---R-K--VV.....--EK-AIGTI-ALFL----*    473
HIVFO        ET-T--P*                                                               193
HIVJ61       ..-I--PG--N-R----SE------VK--PL-V---R-K--VV.....--EK-AVG.I-AVFL----A--  254
HIVJB02      ..-I--PG--N-R----SE------VK--PL-V---R-K--VV.....--EK-AVG.I-AVFL----A--  254
HIVJM        KT-T--PG--N-K----SE------VK--PL-V---R-K--VV.....--EK-AV.TM-ALFL----*    513
HIVMA1CON    DN-T--PG--D-R----SE------VK--PL-V---T-K--*                             531
HIVMA208     DN-T--PG--D-R----SE------VK--PL-V---T-K--VM.....--EK-*                 533
HIVRJS       DT-T--PG--D-R----SE------VK--PL-V---K-K--VV.....--EK-AVGVI-AMFL----A--  524
HIVSBA       ..-I--PG--D-R----SE------VR--PL-I---K-K--VV.....--EK-AVG.I-AMFL----A--  269
HIVSBC       ..EIFRPGGGDMRDNWRSELYKYKVVKIEPLGVAPTKAKRRVV.....QREKRAVG.IGAVFLGFLGAAG  267
HIVSBB       NT-----A----------------IQ----------------.....--------.----LF-------  278
HIVWM        DT----------------------------------R------.....--------.L--M------*    490
CONSENSUS.C  ??EiFrPGGGdMrdNWRsELYKYKVVEIKPLGvAPTtaKRRVV.....erEKRAVG?iGAVfLGFLGaAG  483
HIVNOF       TT-I-R----N-KD---N--------------I---GS------.....ER------.I---L-----A--  395
HIVD747      KT-T-R----E-RD---S--------------V---TA------.....ER------.I---F-----A--  451
HIVD760      ..-I-S----D-RD---S--------------V---TA------.....ER------.L---F-----A--  458
HIVD757      ..-T-R----D-RN---S--------------V---TA------.....ER------.I---F-----A--  404
HIVD1044     ..-I-R----D-RN---S--------------V---TP------.....ER------.I---F-----A--  400
CONSENSUS.D  ?nETfRPGGGDMrDNwrsELYKYKVV?IEPlGvAPTkakRRVV.....EREkRAIG.LGAmFLGFLgAAG  481
HIVJY1       .N--F-------K--WRN--------R---L-I---RAK----.....---K----.---V-----G---  534
HIVNDK       .H--I-------R--WRS--------K---I-V---KAR----.....---K----.---V-----G---  517
HIVMAL       DN--L-------R--WIS--------R---L-V---KAK----.....---K----.---M-----G---  529
HIVELI       .N--F-------R--WRS--------Q---L-V---RAK----.....---K----.---M-----G---  524
HIVZ2Z6      .N--F-------R--WRS--------K---L-V---RAK----.....---K----.---M-----G---  524
HIVUG23      NN--F-------R--RRS--------K---L-V---KTK----.....---E----.---M-----*     240
CONSENSUS.E  TNETFRPGGGNIKDNWRSELYKYKVVQIEPLGIAPTRAKRRVV.....EREKRAVG.IGAMIFGFLGAAG  523
HIVTN243     ----------------------------------------.....---------.----------      523
CONSENSUS.O  gnvtfrP?ggdmkDiWRteLynYkVVrikP?SVAPTk??Rp?i?????hR?KRavg?lGmlFLGvLsAAG  422
HIVMVP5180   GENTLR-VGGDMK-I--TK-YN-K--QIK-F-----KMS-PIINIHTPH-E--AVG.L-ML---V-S---  539
HIVANT70     NNVTFR-IGGDMK-I--TE-FN-K--RVK-F-----RIA-PVI.STRTH-E--AVG.L-ML---V-S---  529
CPZGAB       GNLTFR-TGGNMK-I--SE-YK-K--RIE-L-----KAR-HTV.ARQKD-Q--AAFGL-AL---F-G---  517
```

```
CONSENSUS.A  STMGAASITLTVQARqLLSGIVQQQsNLLrAIEAQQHLLKLTVWGIKQLQARvLAvERYLkDQQLLGIWG  550
HIVSF1703    ---------------Q---------S---R----------------------V--V----K---------  602
HIVU455      ---------------Q---------S---R----------------------V--V----Q---------  590
HIVZ321      ---------------R---------N---R----------------------I--V----K---------  597
HIVD687      ---------------Q---------S---M----------------------V--L----K---------  477
CONSENSUS.B  STMgaasmtLtVQaRqLlSgIVQQQnNLLrAIeaQQhlLqLTVWGIKQLQARvLAvERyLkDQQLlgiWG  553
HIVJRCSF     ---GARSMT-T--A-Q-L-G-----N---R--EA--HM-Q------------V--V--Y-K----MGI--  589
HIVJRFL      ---GAASMT-T--A-L-L-G-----N---R--EA--RM-Q------------V--V--Y-G----LGI--  588
HIVALA1      ---GARSMT-T--A-Q-L-G-----N---R--EA--HL-Q------------V--V--Y-R----LEI--  590
HIVBRVA      ---GAASLT-T--A-L-L-G-----N---M--EA--HM-E------------V--V--Y-K----LGI--  593
HIVJH3       ---GA.SMT-T--A-L-L-G-----N---R--EG--HL-Q------------I--V--Y-K----LGI--  608
HIVSC        ---GATSMT-T--A-L-L-G-----N---R--EA--HL-Q------------V--V--Y-R----LGI--  597
HIVBAL1      ---GAAAMT-T--A-L-L-G-----N---R--EA--HL-Q------------V--V--Y-R----LGI--  595
HIVYU2       ---GAASIT-T--A-Q-L-G-----N---R--EA--HL-Q------------V--V--Y-R----LGI--  584
HIVMN        ---GAASVT-T--A-L-L-G-----N---R--EA--HM-Q------------V--V--Y-K----LGF--  598
HIVHXB2R     ---GAASMT-T--A-Q-L-G-----N---R--EA--HL-Q------------I--V--Y-K----LGI--  597
HIVLAI       ---GARSMT-T--A-Q-L-G-----N---R--EA--HL-Q------------I--V--Y-K----LGI--  602
HIVNL43      ---GCTSMT-T--A-Q-L-D-----N---R--EA--HL-Q------------I--V--Y-K----LGI--  595
HIVMFA       ---GAASMT-T--A-Q-L-G-----N---R--EA--HL-Q------------I--V--Y-K----LGI--  595
HIVCAM1      ---GAVALT-T--T-Q-L-G-----N---R--EA--HL-Q------------V--V--Y-K----LGI--  597
HIVNY5CG     ---GAASMA-T--T-Q-M-G-----N---K--EA--HL-Q------------V--V--Y-K----LRI--  591
HIVADA       ---GAASIT-T--A-L-L-G-----N---R--EA--HL-Q------------V--L--Y-R----LGI--  594
HIVJFL       ---GAASMT-T--A-L-L-G-----N---R--EA--HL-Q------------V--V--Y-Q----LGI--  592
HIVSIMI84    ---GAASMT-T--A-Q-L-G-----S---R--EA--HL-Q------------V--V--Y-K----LGI--  597
HIVD31       ---GARSMA-T--A-Q-L-G-----N---R--EA--HL-Q------------V--V--Y-R----LGI--  591
HIVSF162     ---GARSLT-T--A-Q-L-G-----N---R--EA--HL-Q------------V--V--Y-K----LGI--  588
HIVOYI       ---GARSMT-T--A-Q-L-G-----N---R--EA--HL-Q------------V--V--Y-K----LGI--  596
HIVSF33      ---GAASIT-T--A-K-L-G-----N---R--EA--HL-Q------------V--V--Y-R----LGI--  593
HIVCDC4      ---GATSMA-T--A-Q-L-G-----N---R--KA--HL-Q------------I--V--Y-K----LGF--  609
HIVSF2       ---GAVSLT-T--A-Q-L-G-----N---R--EA--HL-Q------------V--V--Y-R----LGI--  596
HIVSF2B13    ---GARSMT-T--A-K-L-G-----N---R--EA--HL-Q------------V--V--Y-R----LGI--  594
HIVHAN       ---GARSLT-T--A-Q-L-G-----N---R--EA--HL-Q------------V--V--Y-R----LGI--  596
HIVRF        ---GAGSIT-T--A-H-L-G-----N---R--EA--HL-Q------------V--V--Y-R----LGI--  606
HIVWMJ2      ---GAGSLT-T--A-Q-L-G-----N---R--DA--HL-Q------------V--V--Y-R----LGI--  588
HIVTB132     ---xAAPTT-T--P-Q-L-G-----N---R--EA--HL-Q------------V--V--Y-K----LGI--  578
HIVGUN       ---GAASIT-T--A-Q-L-G-----N---R--KA--HL-Q------------V--I--F-R----LGI--  559
HIVJ61       ---GARSMT-T--A-L-L-G-----N---R--EA--*                                  290
HIVJB02      ---GARSMT-T--A-L-L-G-----N---R--EA--H*                                 291
HIVRJS       ---GAASMA-T--A-Q-L-G-----N---R--EA--HL-Q------------V--V--Y-K----LGI--  594
HIVSBA       ---GAASIT-T--A-L-L-G-----N---R--EA--HL-Q------------V--V--Y-R----LGI--  339
HIVSBC       STMGAASITLTVQARLLLSGIVQQQNNLLRAIEAQQHLLQLTVWGIKQLQARVLAVERYLRDQQLLGIWG  337
HIVSBB       -------L-------Q-------------------------------------L----K---------  348
CONSENSUS.C  STmgAASitlTvqaRqlLSGIVQqqSNLLRAIEAQQH?LQLTvWGIKQLQtRVLAIERYLKdQqlLGiWG  552
HIVNOF       --MA---ITL-VQA-QL------QQ-----------M----V--------T----------D-Q*       459
HIVD747      --MG---MTV-VQA-QL------QQ-----------L----I--------A----------E-QL--I--  521
HIVD760      --MG---ITL-VQA-QL------QQ-----------L----V--------T----------D-QL--M--  528
HIVD757      --MG---MTL-VQA-QL------QQ-----------L----V--------T----------D-QL--I--  474
HIVD1044     --MG---ITL-VPL-*                                                       415
CONSENSUS.D  STMGAaS?tLTvQARQLlSGIVqQQNNLLRAIEAQQHlLQLTVWGIKQLQARvLAVErYLkDQqLLGiWG  550
HIVJY1       -----V-VA--G-----L----Q-------------M--------------V----S--K--Q---I--  604
HIVNDK       -----A-VT--V-----M----H-------------L--------------V----R--R--Q---I--  587
HIVMAL       -----A-LT--V-----L----Q-------------L--------------V----R--Q--R---M--  599
HIVELI       -----R-VT--V-----M----Q-------------L--------------I----R--K--Q---I--  594
HIVZ2Z6      -----R-LT--V-----L----Q-------------L--------------I----R--K--Q---I--  594
CONSENSUS.E  STMGAASITLTVQARQLLSGIV.QQSNLLRA.EAQQHLLQLTVWG..QLQARV.AVERYLKDQKL..GLW  586
HIVTN243     ----------------------.--------.-------------..-------.-----------..---  586
CONSENSUS.O  STMGAAat?Ltvqt??llkGIVQQQdNLLrAI?aQQhLL?LSvWG??QL?ARllA?Et?lq?QQlLsLWG  481
HIVMVP5180   ------ATA-TVRTHSVLK------D---R--QA--H--R--V--IR--R--LQ-L-TLIQN--R-N---  609
HIVANT70     ------ATT-AVQTHTLLK------D---R--QA--Q--R--X--IR--R--LL-L-TLLQN--L-S---  599
CPZGAB       ------AVT-TVQARQLLS------N---K--EA--H--Q--I--VK--Q--LL-V-RYLQD--I-G---  587
```

```
                 *     *       ^^^             ^^^       ^^^          ^^^
CONSENSUS.A      CSGKlICtT?VPWNSSW.........SNk?qsdIW?nMTWLqWdKEiSnYT?iIYnLIEESqnQQEkNEq    607
HIVSF1703        ----L--T-N-------.........--RTQSE--NN----Q-D--I-N--DI--N-----QI---K--Q    663
HIVU455          ----L--T-T-------.........--KSQED--NN----Q-E--I-S--GI--Q-----QN---K--L    651
HIVZ321          ----I--P-N-------.........--KSQSD--DK----E-D--V-N--QV--N-----QT---I--R    658
HIVD687          ----L--T-T-------.........--KTYSD--DN----Q-D--I-N--KI--A-----AN---K--Q    538
CONSENSUS.B      CSGKLiCTTaVPWNaSW.........SNKsl??iwnnmTWmeWerEIdnYTslIytLieesQnQQekNeq    612
HIVJRCSF         -----I---A----T--.........---SLDSIWNNM--ME-EK--EN--NT-YT-IEES-I--EK-EQ    650
HIVJRFL          -----I---A----A--.........---SLDRIWNNM--ME-ER--DN--SE-YT-IEES-N--EK-EQ    649
HIVALA1          -----I---T----A--.........---SLNQIWDNM--ME-ER--DN--SL-YT-IEES-N--EK-EQ    651
HIVBRVA          -----I---A----A--.........---SLSDIWDNM--ME-ER--DN--NL-YS-IEDS-I--EK-EK    654
HIVJH3           -----I---A----A--.........---SLEEIWDNM--ME-ER--DN--SL-YT-IEES-N--EK-EQ    669
HIVSC            -----I---T----T--.........---SLDKIWGNM--ME-ER--DN--SL-YT-IEES-N--EK-EQ    658
HIVBAL1          -----I---A----A--.........---SLNKIWDNM--IE-DR--NN--SI-YS-IEES-N--EK-EQ    656
HIVYU2           -----I---T----T--.........---SLNEIWDNM--MK-ER--DN--HI-YS-IEQS-N--EK-EQ    645
HIVMN            -----I---T----A--.........---SLDDIWNNM--MQ-ER--DN--SL-YS-LEKS-T--EK-EQ    659
HIVHXB2R         -----I---A----A--.........---SLEQIWNHT--ME-DR--NN--SL-HS-IEES-N--EK-EQ    658
HIVLAI           -----I---A----A--.........---SLEQIWNNM--ME-DR--NN--SL-HS-IEES-N--EK-EQ    663
HIVNL43          -----I---A----A--.........---SLEQIWNNM--ME-DR--NN--SL-HS-IEES-N--EK-EQ    656
HIVMFA           -----I---A----A--.........---SLEQFWNNM--ME-DR--NN--SL-HS-IDES-N--EK-EQ    656
HIVCAM1          -----I---A----A--.........---SLDKIWNNM--ME-ER--DN--NL-YT-IEES-N--EK-EK    658
HIVNY5CG         -----I---T----A--.........---SLDKIWDNM--ME-ER--DN--GL-YT-IEES-I--EK-EQ    652
HIVADA           -----I---A----A--.........---TLDMIWDNM--ME-ER--EN--GL-YT-IEES-N--EK-EQ    655
HIVJFL           -----I---T----A--.........---SLDEIXNNM--MQ-ER--SN--SL-YT-IEES-N--EK-EL    653
HIVSIMI84        -----V---T----A--.........---SLNQIWDNM--ME-ER--DN--GL-YR-IEES-N--EQ-EQ    658
HIVD31           -----I---A----A--.........---SMDMIWNNM--ME-ER--DN--SL-YT-IEES-N--EK-EQ    652
HIVSF162         -----I---A----A--.........---SLDQIWNNM--ME-ER--DN--NL-YT-IEES-N--EK-EQ    649
HIVOYI           -----I---T----A--.........---SLNEIWDNM--MQ-ER--DN--HL-YT-IEES-N--EK-EQ    657
HIVSF33          -----I---T----T--.........---SLDKIWNNM--ME-ER--DN--SL-YT-LEES-N--EK-EQ    654
HIVCDC4          -----I---A----A--.........---TLDQIWNNM--ME-DR--DN--HL-YT-IEES-N--EK-QQ    670
HIVSF2           -----I---A----A--.........---SLEDIWDNM--MQ-ER--DN--NT-YT-LEES-N--EK-EQ    657
HIVSF2B13        -----I---A----T--.........---SMEDIWDNM--MQ-EK--DN--NT-YT-LEES-N--EK-EQ    655
HIVHAN           -----I---T----A--.........---TLDQIWNNM--ME-ER--DN--SL-YT-IEQS-N--EK-EQ    657
HIVRF            -----I---T----A--.........---SLNMIWNNM--MQ-ER--DN--GI-YN-LEES-N--EK-EQ    667
HIVWMJ2          -----I---T----A--.........---SMNQIWDNL--ME-ER--DN--SI-YS-IEES-N--GK-EQ    649
HIVTB132         -----I---T----A--.........---SLDEIWNNM--ME-ER--NN--GL-YT-IEES-x--EK-EL    639
HIVGUN           -----I---T----T--.........---SLKQIWDNL--ME-ER--DN--GI-FN-IEEA-N--EK-EQ    620
HIVRJS           -----I---A----T--.........---SLEEIWDNM--ME-ER--NN--GL-YT-IEQS-N--EK-EQ    655
HIVSBA           -----I---A----A--.........---SLDQIWDNM--MQ-ER--EN--SL-YN-IEES-N--EK-EQ    400
HIVSBC           CSGKLICTTAVPWNSSW.........SNKSLDQIWNNMTWMQWEREIENYTSLIYNLIEESQNQQEKNEQ    398
HIVSBB           --------------A--.........-----ND--D-------D---NK--DS--Q--------------    409
CONSENSUS.C      cSGKLICTT?VPWNSSW.........SNRSQTDIWDNMTWMQWDREISNYT?TIYRLLEDSQNQQERNEK    611
HIVD747          C--------T-------.....------------------------E------------------    582
HIVD760          C--------A-------.....------------------------N------------------    589
HIVD757          R--------N-------.....------------------------D------------------    535
CONSENSUS.D      CSGkhICTT?VPWNSSW.........SNrSL?eIWqNMTWmeWErEIdNYTGlIYsLIEeSQiQQEKNEk    609
HIVJY1           ---KH----T-------.........--K--EE--N----IE--R--D----V--S---N--I------Q    665
HIVNDK           ---RH----N-------.........--R--DE--Q----ME--R--D----L--S---E--I------K    648
HIVMAL           ---KH----F-------.........--R--DD--N----MQ--K--S----I--N---E--I------K    660
HIVELI           ---KH----N-------.........--R--NE--Q----ME--R--D----L--S---E--T------K    655
HIVZ2Z6          ---KL----T-------.........--R--ND--Q----ME--R--D----L--R---E--T------Q    655
CONSENSUS.E      CSGKIICTTAVPWNSTW.........SNRSFEEI.WNNMWIEW.REISNYTNQIYEILTESQNQQDRNEK    645
HIVTN243         ----------------.....--------.--------.------------------------------    645
CONSENSUS.O      CkgKlvCyT?V?WNnsW????????????????dsIWdnlTWQ?WDrl?sN????Iy?e?q?Aq?QQEkNek    525
HIVMVP5180       -KG-LI-Y-S-K--TS-S.........GRYNDDS--DNL---Q--QHIN-VSSI-YDEIQA-QD---K-VK    671
HIVANT70         -KG-LV-Y-S-K--RT-I.........GNES--DTL---E--RQIS-ISST-YEEIQK-QV---Q-EK    658
CPZGAB           -SG-AV-Y-T-P--NS-P.......GSN.STDD--GNL---Q--KLVS-YTGK-FGLLEE-QS---K-ER    649
```



```
                <- tat cds                    *
CONSENSUS.A  dRP?RIEE?GGEQ?rDRSiRLVSGFLalAWDDLR?LCLFsyHRLRDfaLIaAR?VElL?rssl?glRlGW  736
HIVSF1703    D--E----E----GR---I-------AL------S----SY-----FI--A--T--L-KRSSLRGL-L--  802
HIVU455      G--G----E----GK---I-------AI------N----SY-----FA--V--A--L-GRSSLKGL-L--  789
HIVZ321      D--E----G----DR---I-------PL------S----CY-----CA--A--I--T-.......I-R--  790
HIVD687      D--G----G----DR---V-------AL------N----S*                              647
CONSENSUS.B  drPegieeeGGeRdRdrSgrlV?GfLaliWdDlrsLclFsYhrlrDLlLiv?riVElL......g?rrGW  739
HIVJRCSF     DR-EGIEEE--E-D-DR-GQL-N-F-ALI-V-LRS-FL-S-HRLR--L-TVTRI--L-......G.RR--  782
HIVJRFL      DR-EGIEEE--E-D-DR-GRL-N-F-ALI-V-LRS-CL-S-HRLR--L-TVTRI--L-......G.RR--  781
HIVALA1      DR-EGIEEE--E-D-DR-GRL-D-L-ALI-V-LRS-CL-S-HRLR--L-IVTRI--L-......G.RR--  783
HIVBRVA      DR-EGIEEE--E-D-DR-SPL-D-F-ALF-V-LRS-FL-S-HRLR--L-IVTRI--L-......G.RR--  786
HIVJH3       DR-EGIEEE--D-D-DR-GQL-D-L-AII-V-LRS-CL-S-HRLR--L-IVTRI--L-......G.RR--  801
HIVSC        DR-EGIEEE--E-D-DR-GRL-D-F-AII-V-.RS-CL-S-HRLR--L-IVTRI--L-......G.RR--  789
HIVBAL1      DR-GGiEEE--E-D-DR-GPL-N-F-ALI-V-LRS-FL-S-HRLR--L-IVMRI--L-......GLAG--  789
HIVYU2       DR-DGIEEE--E-D-DR-GPL-D-F-AII-V-LRS-CL-S-HRLR--L-IVTRI--L-......G.RR--  777
HIVMN        DR-EGIEEE--E-D-DT-GRL-H-F-AII-V-LRS-FL-S-HH.R--L-IAARI--L-......G.RR--  790
HIVHXB2R     DR-EGIEEE--E-D-DR-IRL-N-S-ALI-D-LRS-CL-S-HRLR--L-IVTRI--L-......G.RR--  790
HIVLAI       DR-EGIEEE--E-D-DR-IRL-N-S-ALI-D-LRS-CL-S-HRLR--L-IVTRI--L-......G.RR--  795
HIVNL43      DR-EGIEEE--E-D-DR-IRL-N-S-ALI-D-LRS-CL-S-HRLR--L-IVTRI--L-......G.RR--  788
HIVMFA       DR-EGIEEE--E-D-DR-VRL-N-S-ALI-D-LRS-CL-S-HRLR--L-IVTRI--L-......G.RR--  788
HIVCAM1      DR-EGIEEE--G-D-DT-GRL-T-F-ALI-D-LRS-CL-S-HRLR--L-IVARI--L-......G.RR--  790
HIVNY5CG     DR-EGIEEE--E-D-DR-GPL-N-F-ALI-V-LRS-CL-S-HRLR--L-IVARI--L-......G.RR--  784
HIVADA       DR-EGIEEE--D-D-DR-VRL-D-F-ALF-D-LRS-CL-S-HRLR--L-IVARI--L-......G.RR--  787
HIVJFL       DR-GGIEEE--E-D-DR-GYL-T-F-ALI-E-LWS-CL-S-HRLR--L-IVTRI--L-......G.RR--  785
HIVSIMI84    DR-EGIEEE--E-D-DR-GQL-T-F-PII-G-LRS-FL-S-HRLR--L-IVARI--L-......G.RR--  790
HIVD31       DR-EGIEEE--D-D-DR-NRL-K-F-ALI-D-LSS-CL-L-HRLR--L-IAARI--L-......G.RR--  784
HIVSF162     DR-EGIEEE--E-D-DR-SPL-H-L-ALI-D-LRS-CL-S-HRLR--I-IAARI--L-......G.RR--  781
HIVOYI       DR-EGIEEE--E-D-DR-GRL-D-F-ALI-D-LRS-CL-S-HRLR--I-IVARI--L-......G.RR--  789
HIVSF33      DR-EGIEEG--E-D-DR-TRL-N-F-ALF-D-LRS-CL-S-HRLT--L-IVARI--L-......G.RR--  786
HIVCDC4      DR-EGTEEG--E-G-DG-TRL-H-F-ALV-D-LRS-CL-S-HRLR--L-IVARI--L-......G.RR--  802
HIVSF2       DR-DGIEEE--E-D-DR-VRL-D-F-ALI-E-LRS-CL-S-RRLR--L-IAART--I-......G.HR--  789
HIVSF2B13    DR-DGIEEE--E-D-DR-VRL-D-F-ALI-E-LRS-CL-S-RRLR--L-IAVRT--I-......G.HR--  787
HIVHAN       RQ-EEIEEE--E-D-GR-VRL-S-F-ALF-D-LRS-CL-S-RRLR--L-IVAKI--T-......G.RR--  789
HIVRF        DR-EGIEGE--E-D-DR-GGA-N-F-TLI-D-LWT-CS-S-HRLR--L-IVVRI--L-......G.RR--  799
HIVWMJ2      DR-EGIEEE--E-D-DR-VRL-H-F-ALI-D-LRS-CL-S-HRLR--L-IVKRI--L-......G.RR--  781
HIVTB132     DR-GGIEEE--E-D-DT-GRL-D-F-AIF-V-LRN-CL-S-HRLR--L-VVTRI--L-......x.RR--  771
HIVGUN       DR-EGTGEE--E-D-DR-GRL-H-F-ALI-D-LRS-FL-S-HRLR--L-IVARI--L-......G.RR--  752
HIVRJS       DR-EGIEEE--E-D-DR-GPL-T-F-ALI-D-LRS-CL-S-HRLR--L-IVARI--L-......G.RR--  787
CONSENSUS.C  DRLERIEGGGGEQDKDRSIRLVNGFLALAWDDCGACASS*                               718
HIVD757      ------------------------------------                                   643
CONSENSUS.D  DRPEgiEEEGGErGRdRSiRLvNGfsALiWDDLRnLCLFSYHRLRDliLIA?RIVELL......G.RRGW  740
HIVJY1       ----GI------Q--D--I--V--FS--F-----N----------LI---T------.....-.----  797
HIVNDK       ----EI------R--D--I--V--LF--F-----N----------SI---A------.....-.----  780
HIVMAL       ----GI------Q--G--I--V--FS--I-----N----------LL---T------.....-.----  793
HIVELI       ----GT------R--D--V--L--FS--I-----S----------LI---V------.....-.----  787
HIVZ2Z6      ----GI------R--D--I--V--FS--I-----N----------LI---A------.....-.----  787
CONSENSUS.E  DRPERIEEGGGEQGRERSVRLVSGFLALAWDDLRSLCLFSYHRLRDFISIAARAVELLGHSSLKGLRRGW  783
HIVTN243     ------------------------------------------------------------------  783
CONSENSUS.O  ?tpg??ge?GGe?dRprw?alp?GflpllytDLRtiilWtYhlLsnLasgi?r?i?yLglglwilgqk?i  642
HIVMVP5180   ETPGRTGEE--EGD-PKWTALPP-FLQQLYT---TIIL-T-HL-SN-ISGIRRLIDY-GLGLWILGQKTI  810
HIVANT70     GTPGRTGGG--EEG-PRWIPSPQ-FLPLLYT---TIIL-T-HL-SN-ASGIQKVISY-RLGLWILGQKII  797
CPZGAB       GRLGEIDEG--EQD-SRSVRLVE-CLPLIWD---NLGI-S-QS-TS-ACNVWRQLKT-GHLILHSLRLLR  788
```

```
                                        <- rev cds
                                           ^^^
CONSENSUS.A  EgLKYLwNLl....lYWGrELKnSAInLLDtvAiAVAgWtDRVIEigQ?igRAiLNIPRRIRQGlERALL   801
HIVSF1703    -G----W--L....L---R---N---N---TI-I---G-T-----IG-AIC--I----------F-----   868
HIVU455      -G----W--L....L---R---I---T---AV-V---G-I-----IG-TIG--I----------L-----   855
HIVZ321      -T----G--V....I---Q---N---N---TV-I---D-T-----VV-RAG--F----------L-----   856
CONSENSUS.B  e?LKYwwnLL....qyWsqELknSavsllnatAiaVaEgTDRvievvQra?RailhIprRiRQGlerall   803
HIVJRCSF     EI---WWN--....QY-SQ--KN-AVSLLNAT-IA-A-G---IIEVV-RVY-AILH-PT-I---LERALL   848
HIVJRFL      EV---WWN--....QY-SQ--KN-AVSLLNAT-IA-A-G---IIEAL-RTY-AILH-PT-I---LERALL   847
HIVALA1      EV---WWN--....QY-SQ--KN-AVSLLNAT-IA-A-G---VIEVL-RAF-AILH-PR-I---FERALL   849
HIVBRVA      EV---WWN--....QY-SQ--KN-AVSLLNAT-IA-G-R---AIEVV-RAF-AILH-PR-I---LERALQ   852
HIVJH3       EA---WWN--....QY-SQ--KN-AVSLFNAI-IA-A-G---VLKIL-RAF-AILH-PT-I---LERALL   867
HIVSC        EA---WWN--....QY-SQ--RN-AVSFVNAT-IA-A-G---VIELL-RAF-AILH-PT-I---LERALQ   855
HIVBAL1      EV---WWN--....QY-SQ--KN-AVSLLNAT-VA-A-G---VIEVL-RAV-AILH-PR-I---LERALL   855
HIVYU2       GV---WWN--....QY-IQ--KN-AVSLLNAT-IA-A-G---VIEIL-RAF-AVLH-PV-I---LERALL   843
HIVMN        EV---WWN--....QY-SQ--KS-AVSLLNAT-IA-A-G---VIEVL-RAG-AILH-PT-I---LERALL   856
HIVHXB2R     EA---WWN--....QY-SQ--KN-AVSLLNAT-IA-A-G---VIEVV-GAC-AIRH-PR-I---LERILL   856
HIVLAI       EA---WWN--....QY-SQ--KN-AVSLLNAT-IA-A-G---VIEVV-GAC-AIRH-PR-I---LERILL   861
HIVNL43      EA---WWN--....QY-SQ--KN-AVNLLNAT-IA-A-G---VIEVL-AAY-AIRH-PR-I---LERILL   854
HIVMFA       EA---WWN--....QY-SQ--KN-AVSLLNAT-IA-A-G---VIEVV-GAY-AIRH-PR-I---LERILL   854
HIVCAM1      EA---WWN--....QY-SQ--RN-AVSLFDTI-IA-A-G---VIEVV-RAC-AILH-PR-I---LERLLL   856
HIVNY5CG     EA---CWN--....QY-GQ--KN-AISLLNAT-VA-A-G---VIEVA-RIC-GILH-PR-I---LERLLL   850
HIVADA       EV---WWN--....QY-SQ--RN-AVSLLNAT-IA-A-G---VIEVV-RIY-AILH-PT-I---LERLLL   853
HIVJFL       EA---WWN--....QY-SQ--KN-AVSLLNAT-IA-A-G---IIEVV-RIG-AILH-PV-I---LERALL   851
HIVSIMI84    EI---WWN--....QY-SQ--KN-AVSLLNTT-IV-A-G---VIEVV-RIG-AVLH-PR-I---FERALL   856
HIVD31       EV---WWN--....QY-SQ--KN-AVSLLNAT-IA-A-G---VIEVV-RAW-AILH-PV-I---LERALL   850
HIVSF162     EA---WGN--....QY-IQ--KN-AVSLFDAI-IA-A-G---IIEVA-RIG-AFLH-PR-I---FERALL   847
HIVOYI       EV---WWN--....QY-SQ--KN-VISLLNAT-IA-A-G---VIEIV-RAY-AFLN-PR-I---LERALL   855
HIVSF33      EV---WWN--....LY-SQ--KN-AVSLLNAT-IA-A-G---VIEVV-RVG-AILH-PT-I---FERALL   852
HIVCDC4      EV---WWN--....QY-SQ--KN-AVSLVNVT-IA-A-G---VIEVV-RIY-AFLH-PR-I- --FERALL   868
HIVSF2       EA---WWS--....QY-IQ--KN-AVSWLNAT-IA-T-G---VIEVA-RAY-AILH-HR-I---LFRLLL   855
HIVSF2B13    EV---GWS--....QY-IQ--RN-AVSLLNAT-IA-A-G---VIEVV-RAY-AILH-PR-I---LERLLL   853
HIVHAN       EV---WWN--....QY-SQ--KN-AVSLFNTI-IA-A-G---VIEVV-RAC-AILH-PR-V---LERALL   855
HIVRF        EA---WWN--....QY-SQ--KN-AVSLLNTT-IA-A-G---IIEVA-RIL-AFLH-PR-I---LERALL   865
HIVWMJ2      EA---WWN--....QY-SK--KN-AVGLLNAI-IA-A-G---VIEVV-RIC-AIIH-PR-I---LERALL   847
HIVTB132     EA---WWN--....QY-SQ--KN-AVSLLNAT-IA-A-G---VIEVL-RVY-AILN-PT-I---LKGR     835
HIVGUN       EV---LWN--....Q                                                          763
HIVRJS       EA---WWN--....QY-I                                                       801
CONSENSUS.D  ealKYLWnLL....QYWsqELkNSasSLldtiAIAVAEgTDRvIEi?qRacRAvLhiPrRiRQGlER?LL   804
HIVJY1       EAI----S--.......---TQ--K--FI--LNAT------G---I--LIR-AF--V-HI-R-V---L--A--   863
HIVNDK       EAL----N--.......---SQ--R--AS--LDTI------R---V--VVQ-AC--I-NV-R-I---L--L--   846
HIVMAL       EAL----N--.......---GQ--K--AI--LNTT------C---V--IGQ-FG--I-HI-R-I---F--A--   859
HIVELI       DIL----N--.......---SQ--R--AS--FDAI------G---V--IIQ-AC--V-NI-R-I---L--S--   853
HIVZ2Z6      EAL----N--.......---SR--K--AS--LDTI------G---V--IVR-AC--V-HI-T-I---L--L--   853
CONSENSUS.E  EGLKYLGNLL....LYWGQELKISAISLLNATAIAVAGWTDKVIEVAQGAWRAILHIPRRIRQGFERS      847
HIVTN243     ----------...  ----------------------------------------------------      847
CONSENSUS.O  e?cr?c?av?????QYWlqELknSAtsLLDt?AvaVAnwTDgII?g?Qrig?girnIPRRIRQGlER?Ll   699
HIVMVP5180   EACRLCGAVM.....---LQ--KN--TN---TI-VS--NW--G--LGL-RIGQGFLH--------A--I-V   876
HIVANT70     NVCRICAAVT.....---LQ--QN--TS---TL-VA--NW--G--AGI-RIGTGIRN--------L--S-L   863
CPZGAB       ERL....CLLGGII---GK--KI--IS---AT-IA--EG--R--EAF-VTLRIIRN--------L--A-L   854
```

HIV-1 NEF

Sequences for the subtypes C and E are not currently available in NEF. The highly divergent Cameroonian isolate sequences ANT70 and MVP5180 are assigned to the subtype O; these sequences were kindly provided prior to publication by Drs. Saman and vanden Haesevelde of Innogenetics, Belgium, and by Dr. Lutz Gurtler and colleagues of the Max v. Pettenkofer Institute, Munich. The MAL and Z321 sequences, clustering with A subtype sequences in many instances, could not be easily placed into any group of NEF sequences, therefore they are placed under Consensus.O.

```
CONSENSUS.A MGGKWSKKSRVEWPEVRKRMRET.............PAAAKGVGAVSQD.....LDKYGAVTSSNTSST     51
HIVU455     ------------------------.....------------------.....--------------     51
CONSENSUS.B MGGKwSk?s??gWptvReRMrra????????????EpaAdgVGAvSRD.....LekHGaiTssNTaat     48
HIVLAI      ----W-KSSVVG-PTV-E--RRA.............-PA-DG---A---.....-EK--AI-SS--AAT     51
HIVNL43     ----W-KSSVIG-PAV-E--RRA.............-PA-DG---V---.....-EK--AI-SS--AAN     51
HIVGLNEF3   ----W-KR.MGG-PAV-D--QRA.............-PA-AG---V---.....-EK--AI-SS--AAT     50
HIVGLNEF5   ----W-K..LGG-PTV-E--RRA.............-PA-DG---V---.....-EK--AI-SS--AAT     49
HIVGLNEF6   ----W-K..LGG-PTV-E--RRT.............-PA-DR---A---.....-EK--AI-SS--AAT     49
HIVBRVA     ----W-K..MAG-STV-E--RRAEPARERMRRAEPRA-PA-DG---V---.....-EK--AI-SS--AAT     63
HIVMN       ----W-KR.VTG-PTV-E--RRAEPA...........-LA-DG---A---.....-EK--AL-SS--AAT     53
HIVSC       ----W-KRSVVG-PTV-E--RKT..............-PA-DG---A---.....-EK--AI-SS--PAN     51
HIVBAL1     ----W-KSSIVV-PAV-K--RRT.............-PA-DG---V---.....-EK--AI-SS--AAN     51
HIVJRCSF    ----W-KHSVPG-STV-E--RRAEPATDRVR....QT-PA-VG---V---.....-EK--AI-SS--AAT     61
HIVJRFL     ----W-KRSVPG-STV-E--RRAEPAADRVR....RT-PA-VG---V---.....-EK--AI-SS--AAT     61
HIVNH53     ----R-KRSVTG-FTV-E--RRA.............-PA-DG---V---.....-EK--AI-SS--AAN     51
HIVOYI      ----W-KCSMKG-PTI-E--KRAEL.........QPP-PA-EG---A---.....-EK--AI-SS--AAT     56
HIVSF2      ----W-KRSMGG-SAI-E--RRAEP.........RA-PA-DG---V---.....-EK--AI-SS--AAT     55
HIVSF162    ----W-KR.MSG-SAV-E--KRAEPA..........-PA-DG---V---.....-EK--AI-SS--AAN     53
HIVCAM1     ----W-KRSLGG-SAV-E--QRAEP.........RA-PA-EG---V---.....-EK--AI-SS--AAT     55
HIVHEI20BL  ----W-KCT..G-SAV-E--QRAEPA.........A-PA-xG---V---.....xEK--AI-SS--AAT     53
HIVHEI28BL  ----W-KSSIVG-PNV-E--RRA.............-PT-AG---V---.....xER--AI-SN--AAT     51
HIVHEI39BL  ----W-KRSRDD-TTV-E--RQAEPA.........A-PA-AG---V---.....-ER--AI-SS--AAT     55
HIVHEI3BL   ----W-.xxMAG-xxV-DxxIxT.............-PA-EG---A---.....xEK--AI-SS--AAT     50
HIVHEI4BL   ----W-KSSMIG-PAI-D--RRA.............-PA-VG---A---.....-DK--AI-NS--AAN     51
HIVSF33     ----W-KSKM.G-PAV-E--KRA.............-PA-DG---A---.....-EK--AL-SS--AAT     50
HIVSWB84    ----W-KSSMSG-PAI-E--KQA.............-PA-DG---V---.....-EK--AI-SS--AAT     51
HIVHAN      ----W-KCS..G-PTV-E--KQAEP...........-PA-DG---A---.....-KK--AI-SS--ATN     51
HIVD31      ----W-KSSVVG-PAI-E--KRA.............-PA-EG---V---.....-EK--AI-SS--PAT     51
HIVRF       ----W-KSKMGG-PAV-E--QKA.............-PA-DG---A---.....-EK--TI-SS--AAN     51
HIVYU2      ----W-KRSMAG-PTV-E--RRAEPAAERMRRA....-PA-DG---V---.....-ER--AI-SS--AAT     61
CONSENSUS.D MGGkWSKSSiVGWPAIRERIRrT???.........??dPAADGVGAvSRD.....LEKHGAITSSNTasT     51
HIVELI      ---K-----I----------R-.............N-------V---.....-----------AS-     51
HIVNDK      ---K-----L----------K-.............D-------V---.....-----------AS-     51
HIVZ6       ---R-----I----------R-DPR.........RTD-------A---.....-----------RD-     56
CONSENSUS.O MGnkwsKs???GWp?vReRiRrt???.....??????pp?a?GVGavS?d?????La??Gai?Ss?tp?n     39
HIVMAL      --GKWS-SSIV--PKI-E-I-RT.............PPTET---AV-QDAVSQD-DKC-AAA-SSPAAN     56
HIVZ321     --NKWS-.....--PAV-E-I-QTPPA..........PPAAE---AA-QD.....-AKH-AIS-SNTATN     50
HIVANT70    --NALR-GKFE--AAV-E-M-RT........RTFPESEPCAP---QI-RE.....-AAR-GIP-SHTPQN     57
HIVMVP5180  --NAWS-SKFA--SEV-D-M-RS.........SSDPQQPCAP---AV-RE.....-ATR-GIS-SHTPQN     56
CPZGAB      --TKWS-SSLV--PEV-R-I-EA.............PTAAE---EV-KD.....-ERH-AIT-RNTPET     51
```

```
CONSENSUS.A NASCAWLEAQ..EEGDVGFPVRPQVPLRPMTYKAAFDLSFFLKEKGGLDGLIHSQKRQEILDLWVYHTQG  119
HIVU455     ----------..------------------------------------------------------------  119
CONSENSUS.B NAdcaWLEAq??EeEevGFPVrPQVPLRPMTykaA?DlSHF1kekGGLeGli?SqkRQdILDLWvyhTQG  114
HIVLAI      --ACA----Q..-E-EV----T---------YKA-V-L---LKEK---E-LIH-QR--D-----IYH---  119
HIVNL43     --ACA----Q..-E-EV----T---------YKA-V-L---LKEK---E-LIH-QR--D-----IYH---  119
HIVGLNEF3   --DCA----Q..-E-EV----R---------YKA-V-L---LKEK---E-LVH-QK--D-----VYH---  118
HIVGLNEF5   --ACA----Q..-E-EV----T---------YKA-V-L---LKEK---E-LTY-QK--D-----IYH---  117
HIVGLNEF6   --ACA----Q..-E-EV----T---------YKA-V-L---LKEK---E-LIH-QK--D-----IYH---  117
HIVBRVA     --DCA----Q..-D-EV----K---------YKA-V-L---LKEK---E-LIH-QQ--D-----VYH---  131
HIVMN       --DCA----Q..-E-EV----K---------YKA-L-L---LKEK---D-LIY-QK--D-----VYH---  121
HIVSC       --DCA----Q..-E-EV----R---------YKA-V-L---LKEQ---E-LITPREDKIS-ICGSTTHKA  119
HIVBAL1     --DCA----Q..-D-EV----R---------RSA-I-L---FKKK---E-LIH-QK--D-----VYH---  119
HIVJRCSF    --DCA----Y..-D-EV----R---------YKA-I-L---LKEK---E-LIY-QK--D-----IYH---  129
HIVJRFL     --DCA----Q..-D-EV----R---------YKG-V-L---LKEK---E-LIH-QK--D-----VYH---  129
HIVNH53     --DVA----Q..-E-EV----R---------YKA-V-L---LKET---E-LIF-QK--E-----IYH---  119
HIVOYI      --DCA----Q..-D-EV----R---------YKG-L-L---LKEK---E-LIY-QK--D-----VYH---  124
HIVSF2      --DCA----Q..-E-EV----R---------YKA-L-I---LKEK---E-LIW-QR--E-----IYH---  123
HIVSF162    --DCA----Q..-D-DV----R---------YKA-L-L---LKEK---E-LIY-QK--D-----IHH---  121
HIVCAM1     --DCA----Q..-E-EV----R---------YKA-L-I---LKEK---E-IIY-QR--D-----IYH---  123
HIVHEI20BL  --DCA----Q..-D-EV----R---x-----YKG-L-L---LKEN---E-LVY-QR--E-----VYH---  121
HIVHEI28BL  --DCA----QE.-G-EV----x---------xYKG-x-L---LREK---E-LVY-Qx--D-----VYN---  120
HIVHEI39BL  --DCA----Q..-D-EV----R---------SRA-R-L---LKEK---D-MIY-QK--E-----VYH---  123
HIVHEI3BL   --DCA----Q..-x-xV----R---------YKG-L-L---LKEK---E-IIY-QK--D-----VYH---  118
HIVHEI4BL   --DCA----Q..-G-EV----R---------YKA-V-L---LKEK---E-LIW-QK--D-----VYH---  119
HIVSF33     --DCA----Q..-D-EV----K---------YKA-L-L---LKEK---E-LVY-QK--D-----IYH---  118
HIVSWB84    --DCA----Q..-E-EV----R---------RRA-I-L---LREK---E-LVH-QK--E-----VYH---  119
HIVHAN      --ACA----Q..-E-EE----R---------YKG-L-L---LKEK---E-LIY-PK--E-----VYH---  119
HIVD31      --ACA----Q..-E-EV----K---------YKA-V-L---LKEK---E-LVH-QK--D-----VYH---  119
HIVRF       --ACT----QED-D-EV----R---------FKA-V-L---LKEK---D-LVF-QK--D-----VYH---  121
HIVYU2      --DCA----Q..-E-EV----R---------HKA-M-L---LKEK---E-LIH-QQ--D-----VYH---  129
CONSENSUS.D NadCAWLEAQE.ESeEVGFPVRPQVPLRPMTYKeAvDLSHFLKEKGGLEGLIWSKKRQEILDLWVYNTQG  120
HIVELI      -AD--------.--D-----------------E-L-----------------------------------  120
HIVNDK      -DT--------.--E-----------------E-V-----------------------------------  120
HIVZ6       -AD--------.--E-----------------L-V-----------------------------------  125
CONSENSUS.O Na?la?le???.??EeVGFPVrPQVPlRPMTyKgAFDLSfFLKEKGGLdGLiyS?kRqEILDLWvYhTQG  100
HIVMAL      -ASC...EPPE.EE-E-----R----L----Y-G-----H--------D--VW-PK-Q------V-H---  122
HIVZ321     -PDCAWLEAQE.ES-E-----R----L----F-G-----F--------D--IY-KK-Q------V-H---  119
HIVANT70    -AALAFLESH..QE-E-----A----L----Y-G-----F--------E--IY-HK-A------V-N---  125
HIVMVP5180  -AALAFLDSH..KD-D-----R----L----F-A-----F--------D--IY-HK-A------I-H---  124
CPZGAB      -QTLAWLEEM..DN-E-----R----T----Y-A-----H--------E--VY-RR-Q------V-H---  119
```

```
CONSENSUS.A FFPDWQNYTPGPGIRYPLTFGWCYKLVPVDPAEVE.EATGGENNSLLHPICQHGVDDEEKEVLMWKFDST   188
HIVU455     ------------------------------------.------------------------------   188
CONSENSUS.B YFPDWQnyTpGpG?RyPLtfGWCfKLVPvepekvE.eanegennsLlHPmslHGmdDpE?evL?W?FDsr   179
HIVLAI      ------NY-P-P-V-Y--TF---Y----VEPDKV-.EANKGENTS-L--VSL--MD-P-REV-E-R--SR   188
HIVNL43     ------NY-P-P-V-Y--TF---Y----VEPDKV-.EANKGENTS-L--VSL--MD-P-REV-E-R--SR   188
HIVGLNEF3   ------NY-S-P-V-F--TF---F----VEPDKV-.EANKGENTS-L--VSL--MD-P-RGV-E-R--SR   187
HIVGLNEF5   ------KD-P-P-V-Y--TF---F----VEPEKI-.EANKGENNS-L--MSL--ME-A-GEV-E-K--SR   186
HIVGLNEF6   ----$-NY-P-P-V-Y--TF---Y----VEPDKV-.EANKGENTS-L--VSL--MD-P-REV-E-R--SR   185
HIVBRVA     ------NY-P-P-V-Y--TF---F----VEPEKI-.EANEGENNS-L--MSQ--MD-P-REV-Q-R--SR   200
HIVMN       ------HY-P-P-I-Y--TF---F----VEPEKI-.EANKGENNC-L--MSQ--WMTRREKC1    182
HIVSC       TSLIGRVTHQ-Q-SDI--CF---F----VKPEKI-.EANEGENNS-L--MSL--ME-P-REV-E-R--NR   188
HIVBAL1     ------NY-P-P-T-F--TF---F----VEPEKV-.EANEGENNC-S--MSL--MD-P-KEV-A-K--SS   188
HIVJRCSF    ------NY-A-P-V-F--TF---F----VDPEKV-.EANEGENNC-L--MSQ--MD-P-KEV-V-K--SK   198
HIVJRFL     ------NY-P-P-I-F--TF---F----VEPEKV-.EANEGENNC-L--MSQ--IE-P-KEV-E-R--SK   198
HIVNH53     ------NY-P-P-I-Y--TF---F----VGPDEV-.......NSS-L--ASL--TE-T-REV-K-R--SH   182
HIVOYI      ------NY-P-P-I-Y--CF---F----MDPDQV-.EANEGENNS-L--ISL--MD-P-KEV-V-K--SR   193
HIVSF2      ------NY-P-P-I-Y--TF---F----VEPEKV-.EANEGENNS-L--MSL--ME-A-KEV-V-R--SK   192
HIVSF162    ------NY-P-P-I-Y--TF---F----VDPDYV-.EANAGENNS-L--MSQ--MD-P-KEV-V-R--SR   190
HIVCAM1     ------NY-P-P-I-Y--TF---F----VEPEQV-.EANKRENAS-L--MSQ--MD-P-KEV-M-K--SR   192
HIVHEI20BL  ------NY-P-P-I-Y--TF---F----VDPEQV-.KANEGENNC-L--MSQ--Mx-P-KEx-M-K--SR   190
HIVHEI28BL  ------NY-P-P-V-W--TF---F----VEAEKV-.EANEGENNK-L--MSL--xD-P-REV-V-K--SR   189
HIVHEI39BL  ------NY-P-P-T-Y--TF---F----VDPDKV-.EDNKGENNC-L--MSQ--MD-P-KEV-Q-K--SQ   192
HIVHEI3BL   ------NY-P-P-V-Y--TF---F----VEPxEV-.KANEGERNC-L--xSL--ME-T-GEV-R-K--Sx   187
HIVHEI4BL   ------NY-P-P-V-F--TF---F----VxPEKx-.EANEGENxS-L--ISL--ME-P-NEV-E-R--SR   188
HIVSF33     ------NY-P-P-V-F--TF---F----VEPEKV-.EANEGENNS-L--MSL--ME-P-KEV-V-K--SH   187
HIVSWB84    ------NY-P-P-T-W--TP---F----VEPEKV-.EANEGENNS-L--MSL--ME-P-KEV-V-K--SS   188
HIVHAN      ------NY-P-P-V-Y--TF---F----VEPD..-.E....ENSS-L--ASL--TE-T-REV-K-K--SH   182
HIVD31      ------NY-P-P-T-F--TF---F----VKPEQV-.EANEGENNS-L--MSL--MD-P-REV-V-R--SR   188
HIVRF       ------NY-P-P-T-Y--TF---F----VEPDKV-.EATEGENNS-L--ICL--MD-P-KEV-V-K--SR   190
HIVYU2      ------NY-P-.-T-W--TF---F----VEPEKI-.EANAGENNC-L--MSQ--MD-P-REG-E-R--SR   197
CONSENSUS.D IFPDWQNYTPGPGIRYPLTFGWCfeLVPVDPqEVE.EaTEgEtNcLLHP?CQhGMEDpERqVLkWRFNSR   188
HIVELI      ----------------------YE------Q---.-D--G-T-S----I--H----P--Q--K------   189
HIVNDK      ----------------------FQ------Q---.-A--R-D-C----M--Q----P--Q--M------   189
HIVZ6       ----------------------FE------R---.-A--G-T-C----V--H----T--E--K------   194
CONSENSUS.O fFPDWqnYTpGPGtRfPLtFGWcFKLVPvs?eevE??aNtgennclLHP?cqHGmeD???EvL?WkFDss   162
HIVMAL      Y----QN--P---I-F--T---C-----MSPEEV-.EA-EGENNC----ISQ--ME-AER-V-K-K--SS   191
HIVZ321     F----HN--P---T-Y--C---C-----VDPREV-.EA-TGENNC----MSQ--MD-DER-V-M-K--SS   188
HIVANT70    F----QN--P---T-F--T---L-----VSEEEA-RLG-TCERAN----ACA--FE-THK-I-M-K--RS   195
HIVMVP5180  F----QC--P---P-F--T---L-----VSAEEA-RLG-TNEDAS----ACN--AE-AHG-I-K-Q--RS   194
CPZGAB      F----QN--T---T-F--C---C-----LTEEQV-.QA-EGDNNC----ICQ--ME-EDK-V-V-R--SR   188
```

```
CONSENSUS.A LALKHRAYELHPEFY.KD1    205
HIVU455     ---------------.--1    205
CONSENSUS.B LAfhHmARelHPEyy.Kdc?TSMCLQGTFRWGISREARLGGTGEWRALRCCI1    229
HIVLAI      --FH-V--EL---YF.-NC1    206
HIVNL43     --FH-V--EL---YF.-NC1    206
HIVGLNEF3   --FH-V--EL---YF.-NC1    205
HIVGLNEF5   --FH-M--EK---YF.-NC1    204
HIVGLNEF6   --FH-V--EL---YF.-NC1    203
HIVBRVA     --FH-M--EL---YY.-NC1    218
HIVMN
HIVSC       --FH-M--DL---YY.-DCL--------------------------------1    239
HIVBAL1     --FH-V--E1    197
HIVJRCSF    --LH-V--EL---YY.-DC1    216
HIVJRFL     --FH-V--EL---YY.-DC1    216
HIVNH53     --FH-M--EL---YY.-DC1    200
HIVOYI      --FR-M--EV---YY.-DC1    211
HIVSF2      --FH-M--EL---YY.-DC1    210
HIVSF162    --FH-M--EL---YY.-DC1    208
HIVCAM1     --FH-M--EK---FY.-DC1    210
HIVHEI20BL  x-xx-M--Ex---FY.-DC1    208
HIVHEI28BL  --YH-M--EL-x-YY.-DC1    207
HIVHEI39BL  --FH-V--EL---YY.-DC1    210
HIVHEI3BL   --FH-V--EL---YY.-x1    204
HIVHEI4BL   --FH-M--EL---YY.-DC1    206
HIVSF33     --FR-M--EL---YY.-DC1    205
HIVSWB84    --FH-K--EL---YY.-DC1    206
HIVHAN      --FH-K--EL---YY.-DC1    200
HIVD31      --FK-M--EL---YY.-N1    205
HIVRF       --FH-V--EK---YY.-DC1    208
HIVYU2      --FH-V--EL---YY.-N    214
CONSENSUS.D LAfEHKAREmHPEFY.Kdc1    206
HIVELI      --F------M-----.-N1    206
HIVNDK      --L------L-----.-DC1    207
HIVZ6       --F------M-----.-DC1    212
CONSENSUS.O Lal?H?Are?HPE?y?Kd?1    175
HIVMAL      -ALR-R-REQ---YY.-DC1    209
HIVZ321     -ARK-L-REM---FY.-D1    205
HIVANT70    -GNT-V-MIT---LFQ-D1    213
HIVMVP5180  -GLT-I-LQK---LFP-1    211
CPZGAB      -ALR-I-REQ---YY.-D1    205
```

HIV-2/SIV GAG

Two sequence subtypes, A and B, can be identified among HIV-2 sequences currently available: A sequences are the prototypical HIV-2s; UC-1 and D205 are representative of B sequences. Further classification is anticipated. Annotation of protein processing sites is based upon Henderson et al., J. Virol. 62:2587, 1988. The p28 cleavage site determined for SIVmac and SIVmne is presumed to hold for HIV-2s. We thank Dr. Lou Henderson, NCI-Frederick, for assisting us in the annotation of this alignment.

```
CONSENSUS MGarnSVLsGKkaDELEkiRLRPgGKKkYmLKH?vWAaNeLDrFGLaESLLesKEGCqkIlsVLaPlVPT     69
HIV2ROD   --ARN---R--KA----RI----G---K-R---IV--A-K--R---A----ES----QK-LT--D-M---     70
HIV2NIHZ  --ARN---R--KA----KI----G---K-K---IV--A-E--R---A----ES----QK-LT--D-L---     70
HIV2ISY   --AKN---R--KA----KI----G---K-R---IV--A-E--R---T----ES----QK-IS--E-L---     70
HIV2ST    --ARN---R--KA----KI----G---K-R---IV--A-E--R---A----ES----QK-LT--D-L---     70
HIV2BEN   --ARN---R--KA----KV----G---K-R---IV--A-E--K---A----ES----QK-LR--D-L---     70
HIV2CAM2  --ARN---R--KA----KV----G---K-K---IV--A-E--R---A----ES----QR-LK--D-L---     70
HIV2D194  --ARN---R--KA----KV----N---R-R---VV--A-E--R---A----ES----QK-LK--E-L---     70
HIV2GH1   --ARN---R--KA----KI----S---K-R---IV--A-E--K---A----ES----QK-LT--D-L---     70
HIV2D205  --ARG---S--KT----KV----G---K-M---VV--V-E--R---A----ES----QK-LK--A-L---     70
HIV2UC1   --ARS---S--KT----KV----G---R-C---II--V-E--R---A----ES----HK-LT--A-L---     70
SIVMM251  --ARN---S--KA----KI----G---K-M---VV--A-E--R---A----EN----QK-LS--A-L---     70
SIVMM32H  --ARN---S--KA----KI----G---K-M---VV--A-E--R---A----EN----QK-LS--A-L---     70
SIVMM1A11 --ARN---S--KA----KI----N---K-M---VV--A-E--R---A----EN----QK-LS--A-L---     70
SIVMM142  --ARN---S--KA----KI----G---K-M---VV--A-E--R---A----EN----QK-LS--A-L---     70
SIVMM239  --VRN---S--KA----KI----N---K-M---VV--A-E--R---A----EN----QK-LS--A-L---     70
SIVMNE    --ARN---S--KA----KI----G---K-M---VV--A-E--R---A----EN----QK-LS--A-L---     70
SIVSMMH4  --ARN---S--EA----KV----N---K-M---VV--A-E--R---A----DN----QK-LS--A-L---     70
SIVSMMH9  --VRN---S--KA----KI----G---K-M---IV--A-E--R---A----EN----QK-LS--A-L---     70
SIVSMMPBJ --ARN---S--KA----KI----G---R-Q---IV--A-E--R---A----EN----QK-LS--A-L---     70
SIVSTM    --ARS---S--KA----KV----G---K-M---VV--A-E--R---A----ES----QK-IT--E-L---     70

                                                                      p16 \/ p28
CONSENSUS GSENLKSL?NtvcViwCiHAEEKvK?TEeAKqivqRHLvaeTgtaekMP?tsrPTAPpSgrggNyPVQq?    135
HIV2ROD   --------F-TVC-IW-I-----V-D--G--QIVR---VAE-GTAEK--STSR----S-EKGG-Y---H.    139
HIV2NIHZ  --------F-TVC-IW-I-----V-D--G--QIVQ---VAE-GTAEK--NTSR----P-GK..-F---Q.    137
HIV2ISY   --------Y-TTC-IW-L-----V-D--E--RIVG---VAE-ETAEK--NISR----P-GKGG-F---Q.    139
HIV2ST    --------F-TVC-IW-I-----A-D--E--QKVQ---VAE-KTTEK--STSR----P-GNGG-F---Q.    139
HIV2BEN   --------F-TVC-IW-L-----V-D--E--KLAQ---VAE-GTAEK--NTSR----P-GKRG-Y---Q.    139
HIV2CAM2  --------F-TVC-IW-I-----V-D--E--RIAL---AAE-GTAEK--DTSR----P-GKGG-Y---S.    139
HIV2D194  --------F-TVC-IW-L-----V-D--E--KLAQ---VAE-GTAEK--NISR----P-GKGG-F---Q.    139
HIV2GH1   --------F-TVC-IW-L-----V-D--E--KLVQ---GAE-GTAEK--STSR----P-GRGR-F---QT   140
HIV2D205  --------F-IVC-IF-L-----V-D--E--KIAQ---AAD-...EK--ATNK----P-G..G-Y---Q.    134
HIV2UC1   --------F-TVC-IY-L-----V-D--E--KIAQ---AAD-...EK--ATSR----P-G..G-Y---Q.    134
SIVMM251  --------Y-TVC-IW-I-----V-H--E--QIVQ---VVE-GTAET--KTSR----S-GRGG-Y---Q.    139
SIVMM32H  --------Y-TVC-IW-I-----V-H--E--QIVQ---VVE-GTAET--KTSR----S-GRGG-Y---Q.    139
SIVMM1A11 --------Y-TVC-IW-I-----V-H--E--QIVQ---VVE-GTAEI--KTSR----S-GRGG-Y---Q.    139
SIVMM142  --------Y-TVC-IW-I-----V-H--E--QIVQ---VME-GTAET--KTSR----F-GRGG-Y---Q.    139
SIVMM239  --------Y-TVC-IW-I-----V-H--E--QIVQ---VVE-GTTET--KTSR----S-GRGG-Y---Q.    139
SIVMNE    --------Y-TVC-IW-I-----V-H--E--QIVQ---VVE-GTAET--KTSR----S-GRGG-Y---Q.    139
SIVSMMH4  --------Y-TVC-IW-I-----V-H--E--QIVQ---VVE-GTADR--ATSR----P-GRGG-Y---Q.    139
SIVSMMH9  --------Y-TVR-LW-I-----V-H--E--QIVQ---VVE-GTADK--ATSR----P-GRGG-Y---Q.    139
SIVSMMPBJ --------Y-TVC-LW-I-----V-H--E--QIVQ---VVE-GTADK--ATSR----P-GKGG-Y---Q.    139
SIVSTM    --------F-TVC-IW-I-----V-H--E--QVVK---VVE-GTANK--ATSR----P-GRGG-Y---Q.    139
```

HIV-2 GAG

```
CONSENSUS ?gGNYvHlPLSPrTLNAWVKLvEeKKFGAEVVpGFQALSEGCtPyDINQmLNCVGdHQAAMQIIreIINe  204
HIV2ROD   VG---T-I----R--------V-E--------P---------T-Y----M-----D--------RE---E  209
HIV2NIHZ  VA---T-I----G--------V-E--------P---------T-Y----M-----D--------RE---E  207
HIV2ISY   IG---V-L----R--------V-E--------P---------T-Y----M-----D--------RE---E  209
HIV2ST    VA---T-V----R--------V-E--------P---------T-Y----M-----D--------RE---E  209
HIV2BEN   AG---V-V----R--------V-E--------P---------T-Y----M-----D--------RE---E  209
HIV2CAM2  IG---T-V----R--------V-E--------P---------T-Y----M-----D--------RE---E  209
HIV2D194  AG---I-V----R--------V-E--------P---------T-Y----M-----D--------RE---E  209
HIV2GH1   GG---I-V----R--------V-D--------P---------T-Y----M-----D--------RE---D  210
HIV2D205  LA---V-L----R--------V-E--------P---------T-Y----M-----E--------RE---E  204
HIV2UC1   IA---V-M----R--------V-E--------P---------T-Y----M-----D--------RE---E  204
SIVMM251  IG---V-L----R--------I-E--------P---------T-Y----M-----D--------RD---E  209
SIVMM32H  IG---V-L----R--------I-E--------P---------T-Y----M-----D--------RD---E  209
SIVMM1A11 IG---V-L----R--------I-E--------P---------T-Y----M-----D--------RD---E  209
SIVMM142  IG---T-L----R--------I-E--------S---------L-Y----M-----D--------RD---E  209
SIVMM239  IG---V-L----R--------I-E--------P---------T-Y----M-----D--------RD---E  209
SIVMNE    VG---T-L----R--------I-E--------P---------T-Y----M-----E--------RE---E  209
SIVSMMH4  VG---V-L----R--------V-E--------P---------T-Y----M-----E--------RE---E  209
SIVSMMH9  VG---T-L----R--------V-E--------P---------T-x----M-----E--------RE---E  209
SIVSMMPBJ IG---T-L----R--------I-E--------P---------T-Y----M-----E--------RE---E  209
SIVSTM    VG---V-L----R--------V-E--------P---------T-Y----L-----E--------KE---E  209

CONSENSUS EAAdWD?qHpqp?gPlpaGQLRePrGSDIAGTTStv?EQIqWMyRqqNP?PVGnIYrRWIQlGLQKCVRm  270
HIV2ROD   ---E--VQ-PIP.G-LPA----E-R---------TVE---Q--F-PQ--V---N--R----I-------M  278
HIV2NIHZ  ---D--VA-PIP.G-LPA----E-R---------TVE---Q--F-PQ--V---N--R----I-------M  276
HIV2ISY   ---D--VQ-PIP.G-LPA----D-R---------TVE---E--Y-QE--V---N--R----I-------M  278
HIV2ST    ---D--AQ-PIP.G-LPA----E-R---------TVE---Q--F-PQ--V---S--R----I-------M  278
HIV2BEN   ---D--SQ-PIP.G-LPA----D-R---------TVD---Q--Y-PQ--V---N--R----I-------K  278
HIV2CAM2  ---D--AN-PIP.G-LPA----D-R---------TVE---Q--F-AQ--V---N--R----I-------M  278
HIV2D194  ---D--AQ-PIP.G-LPA----D-R---------TVD---Q--Y-QP--V---N--R----I-------M  278
HIV2GH1   ---D--AQ-PIP.G-LPA----D-R---------TVE---Q--Y-PQ--V---N--R----I-------M  279
HIV2D205  ---D--QQ-PSP.G-MPA----D-R---------TVE---Q--Y-AQ--V---N--R----L-------M  273
HIV2UC1   ---D--QQ-PIP.G-LPA----D-R---------TVE---Q--Y-AQ--V---N--R----I-------M  273
SIVMM251  ---D--LQ-PQP.A-QQ.----E-S---------SVD---Q--Y-QQ--I---N--R----L-------M  277
SIVMM32H  ---D--LQ-PQP.A-QQ.----E-S---------SVD---Q--Y-QQ--I---N--R----L-------M  277
SIVMM1A11 ---D--LQ-PQP.A-QQ.----E-S---------SVD---Q--Y-QQ--I---N--R----L-------M  277
SIVMM142  ---D--LQ-PQQ.A-QQ.----E-S---------TVE---Q--Y-QQ--I---N--R----L-------M  277
SIVMM239  ---D--LQ-PQP.A-QQ.----E-S---------SVD---Q--Y-QQ--I---N--R----L-------M  277
SIVMNE    ---D--LQ-PQQ.A-QQ.----E-S---------TVD---Q--Y-QQ--I---N--R----L-------M  277
SIVSMMH4  ---D--LQ-PQP.G-LPA----E-R---------TVD---Q--Y-QQ--I---N--R----L-------M  278
SIVSMMH9  ---D--LQ-xQP.G-IPA----E-x---------TxD---Q--x-QQ--I---N--x----L-------M  278
SIVSMMPBJ ---D--LQ-PQP.G-IPP----E-R---------TVD---Q--Y-QQ--I---N--R----L-------M  278
SIVSTM    ---D--MQ-PQPPG-LPA----E-S---------SPE---Q--Y-QQ--I---N--R----L-------M  279

CONSENSUS YNPtnILDvkQGPKEpFQSYVDRFYKSLRAEQtDpavKNWMTqTLLiQnaNPDCKLVLKGLgmNPTLEEM  340
HIV2ROD   ---TN---IK-----P----------------T-PAV-----Q---V-NA-----------GM-------  348
HIV2NIHZ  ---TN---IN-----P----------------T-PAV-----Q---I-NA-----------GM-------  346
HIV2ISY   ---TN---IK-----S----------------T-AAV-----Q---V-.S-----------GM-------  347
HIV2ST    ---TN---IK-----P----------------T-PAV-----Q---V-NA-----------GI-------  348
HIV2BEN   ---TN---IK-----P----------------T-PAV-----Q---I-NA-----------GM-------  348
HIV2CAM2  ---TN---IK-----S----------------T-PAV-----Q---V-NA-----------GM-------  348
HIV2D194  ---TN---VK-----S----------------T-PAV-----Q---I-NA-----------GM-------  348
HIV2GH1   ---TN---VK-----P----------------T-PAV-----Q---I-NA-----------GM-------  349
HIV2D205  ---TN---IK-----P----------------T-PAV-----Q---I-NA-----------GM-------  343
HIV2UC1   ---TN---IK-----P----------------T-PAV-----Q---I-NA-----------GM-------  343
SIVMM251  ---TN---VK-----P----------------T-AAV-----Q---I-NA-----------GV-------  347
SIVMM32H  ---TN---VK-----P----------------T-AAV-----Q---I-NA-----------GV-------  347
SIVMM1A11 ---TN---VK-----P----------------T-AAV-----Q---I-NA-----------GV-------  347
SIVMM142  ---TN---VK-----P----------------T-PAV-----Q---I-NA-----------GT-------  347
SIVMM239  ---TN---VK-----P----------------T-AAV-----Q---I-NA-----------GV-------  347
SIVMNE    ---TS---VK-----P----------------T-PAV-----Q---I-NA-----------GM-------  347
SIVSMMH4  ---TN---VK-----P----------------T-PAV-----Q---I-NA-----------GM-------  348
SIVSMMH9  ---TN---VK-----S----------------T-PAx-----Q---I-NA-----------xI-------  348
SIVSMMPBJ ---TN---VK-----P----------------T-PAV-----Q---I-NA-----------GI-------  348
SIVSTM    ---VN---VK-----T----------------A-PSV-----R---I-NA-----------GM-------  349
```

```
                    p28 \/       p2       \/ p8
CONSENSUS LTaCQGvgGPgQKaRLMAEALKeal?p?piPFaAaQq?g??rk?ikcwNCgKeGHsArQcraPRRqGCWK  404
HIV2ROD   --A---VG--G--A--------EVIGPAPI--A-A-Q....RKAFKCW--G-E--S-R-CRA---Q----  414
HIV2NIHZ  --T---VG--G--A--------EVMAPAPI--A-A-Q....RKTFKCW--G-E--S-R-WSA---Q----  412
HIV2ISY   --A---IG--G--A--------EAMRPAPI--A-A-Q....KRAIKCW--G-E--S-R-CRA---Q----  413
HIV2ST    --A---VG--G--A--------EAMAPAPI--A-A-Q....RRTIKCW--G-E--S-R-CRA---Q----  414
HIV2BEN   --A---VG--G--A--------EAMGPSPI--A-A-Q....RKAIRYW--G-E--S-R-CRA---Q----  414
HIV2CAM2  --A---VG--G--A--------EAMGPPPI--A-A-Q....RRTIKCW--G-E--S-R-CRA---Q----  414
HIV2D194  --A---VG--S--A--------EALTPAPI--A-A-Q....RRAIRCW--G-E--S-K-CRA---Q----  414
HIV2GH1   --A---VG--G--A--------EALTPPPI--A-A-Q....RKVIRCW--G-E--S-R-CRA---Q----  415
HIV2D205  --A---IG--G--A--------EALTPAPI--A-V-QKAGKRGTVTCW--G-Q--T-R-CRA---Q----  413
HIV2UC1   --A---IG--G--A--------EALTPAPI--A-A-QKAGKRGTVTCW--G-V--T-K-CRA---Q----  413
SIVMM251  --A---VG--G--A--------EALAPVPI--A-A-KRGP.RKPIKCW--G-E--S-R-CRA---Q----  416
SIVMM32H  --A---VG--G--A--------EALAPVPI--A-A-QRGP.RKPIKCW--G-E--S-R-CRA---Q----  416
SIVMM1A11 --A---VG--G--A--------EALAPVPI--A-A-QRGP.RKPIKCW--G-E--S-R-CRA---Q----  416
SIVMM142  --A---VG--G--A--------EALAPAPI--A-A-QKGP.RKPIKCW--G-E--S-R-CRA---Q----  416
SIVMM239  --A---VG--G--A--------EALAPVPI--A-A-QRGP.RKPIKCW--G-E--S-R-CRA---Q----  416
SIVMNE    --A---VG--G--A--------EALAPGPL--A-A-QKGP.RKPIKCW--G-E--S-R-CRT---Q----  416
SIVSMMH4  --A---VG--G--A--------EALRPDQL--A-V-QKG.QRKTIKCW--G-E--S-K-CRA---Q----  417
SIVSMMH9  --A---Vx--G--x--------DALTQGPL--x-V-QKG.QxKIIxCx--x-E--S-R-FRA---x----  417
SIVSMMPBJ --A---VG--G--A--------DALTQGPL--A-V-QKG.QRKIIKCW--G-E--S-R-CRA---Q----  417
SIVSTM    --A---VG--G--A--------EVFQPDPL--A-A-QQG..RRTVKCW--G-A--T-K-CKG---Q----  417

            pol cds ->
                    p8 \/     p1     \/ p6
CONSENSUS CGk?gHvMakCPeRQaGFLGlGpwGKkprNFPmaqvpqGl??????????????????tPtApPedPavd  455
HIV2ROD   --KPG-I-TN--D--A----L-PW--KPR---VAQVPQ-L.............T-T-P-VD-AVD  466
HIV2NIHZ  --KSG-V-AN--D--A----I-HW--KAR---AAQVPQ-L.............T-T-P-LD-AVD  464
HIV2ISY   --KSG-I-AN--D--A----L-PW--KPR---VVPSSQ-L.............T-T-P-MD-AVD  465
HIV2ST    --KAG-I-AK--E--A----L-PW--KPR---VAQIPQ-L.............T-T-P-ID-VED  466
HIV2BEN   --KPG-I-AN--E--A----L-PR--KPR---VTQAPQ-L.............I-T-P-AD-AAE  466
HIV2CAM2  --KPG-I-TN--D--A----I-PW--KPR---VAQVPQ-L.............T-T-P-LD-AVD  466
HIV2D194  --KSG-I-AN--E--A----M-PR--QPR---AAQAPQ-L.............I-T-P-ID-AVD  466
HIV2GH1   --KTG-V-AK--E--A----M-PW--KPR---VAQAPP-L.............I-T-P-AD-AVD  467
HIV2D205  --KTG-I-SK--E--A----L-PW--KPR---MTQVPQ-VTPSAPPMNPAEGMTPRGAT-S-P-AD-AVE  483
HIV2UC1   --KQG-I-SK--E--A----L-PW--KPR---MTQVPQ-VTPSAPPMDPAEGMTPRGAT-S-P-AD-AVE  483
SIVMM251  --KMD-V-AK--D--A----L-PW--KPR---MAQVHQ-L.............T-T-P-ED-AVD  468
SIVMM32H  --KMD-V-AK--D--A----L-PW--KPR---MAQVHQ-L.............T-T-P-ED-AVD  468
SIVMM1A11 --KMD-V-AK--D--A----L-PW--KPR---MAQVHQ-L.............T-T-P-ED-AVD  468
SIVMM142  --KMD-V-AK--N--A----L-PW--KPR---MAQVHQ-L.............T-T-P-EE-AVD  468
SIVMM239  --KMD-V-AK--D--A----L-PW--KPR---MAQVHQ-L.............M-T-P-ED-AVD  468
SIVMNE    --QMG-V-AK--D--A----F-PW--KPR---MAQMHQ-L.............T-T-P-ED-AVD  468
SIVSMMH4  --KTG-V-AK--E--A----L-PW--KPR---MAQMPQ-L.............I-T-P-ED-AVD  469
SIVSMMH9  --KAG-V-AK--E--A----L-PW--KPR---MAQMPQ-L.............T-T-x-ED-AVD  469
SIVSMMPBJ --KAG-V-AK--E--A----L-PW--KPR---MAQMPQ-L.............T-T-P-ED-AVD  469
SIVSTM    --QQG-Q-AK--E--V----F-PW--KPH---MAQIPQ-L.............T-T-P-ED-AAD  469

          \/ HIV-2s only                    \/ HIV-2s only          /p6
CONSENSUS lLk?YMq?Gk?QRE?q???rerPYKEv??????????????????TEDLLHLNSLFG?DQ*    489
HIV2ROD   L-EK--QQ-KR---.Q...RER----VTEDLLHLEQGETPYREPP----------K---    522
HIV2NIHZ  L-EK--QQ-KR---.Q...RER----VTEDLLRFEQAETPCRE.T----------K---    519
HIV2ISY   L-EK--QQ-RK---.Q...RQR----VTEDLLHLEQGETPHRE.T----------N---    520
HIV2ST    L-EK--QQ-KR---.Q...RER----VTEDFLQLEKQETPCRE.T----------K---    521
HIV2BEN   L-ER--QQ-RK---.Q...RER----VTEDLLHLEQRETPHRE.E----------K---    521
HIV2CAM2  L-EK--QQ-KR---.Q...RQR----VTEDLLHLEQGEAPCRE.T----------K---    521
HIV2D194  L-EK--QQ-RK---.Q...RER----VTEDLLHLEQGETPHRG.A----------K---    521
HIV2GH1   L-ER--QQ-RE---.Q...RER----VTEDLLHLEQGKAPHRE.A----------K---    522
HIV2D205  M-KS--QM-RQ---....SRER----V..........----------E---    521
HIV2UC1   M-KS--KM-RQ---....SRER----V..........----------E---    521
SIVMM251  L-KN--QL-KQ---....SREK----V..........----------G---    506
SIVMM32H  L-KN--QL-KQ---KQRESREK----V..........----------G---    510
SIVMM1A11 L-KN--QL-KQ---KQRESREK----M..........----------G---    510
SIVMM142  L-KN--HL-KQ---....SRGK----V..........----------G---    506
SIVMM239  L-KN--QL-KQ---KQRESREK----V..........----------G---    510
SIVMNE    L-KN--QL-KQ---....SKRK----V..........----------E---    506
SIVSMMH4  L-KN--KM-RK---....NRER----V..........----------E---    507
SIVSMMH9  L-KN--KV-RR---....NRER----V..........----------E---    507
SIVSMMPBJ L-KN--KM-RR---....NRER----V..........----------E---    507
SIVSTM    L-RS--QL-KK---....SRKT----V..........----------E---    507
```

HIV-2 POL

HIV2/SIV POL

Two sequence subtypes, A and B, are currently recognizable among HIV-2 sequences: A sequences are the prototypical HIV-2s; UC-1 and D205 are representative of the B sequences. Further classification is anticipated.

```
CONSENSUS VLELWe?gTLckamqspkKTg?LEmWkn???hg?mPrkTggFFR?wpmGKeapQfPhgpsasGadtnctp     63
HIV2ROD                                              -GR---TGPL--EAP-L-RGPSSA-ADTNSTP     32
HIV2NIHZ                                             -GW---DWPL--EGP-L-RGPSPA-ANTNSTP     32
HIV2ISY                                              -GW---AWTM--EAP-L-RGPKFA-ANTNSTP     32
HIV2ST                          --RL--M-QGRTHHGKM-RK-GG---VGPM--EAP-F-CGPNPA-ADTNSTP     52
HIV2BEN                         --GL--V-QARTHHGKL-GK-GR---VGPT--EAS-L-RDPSPS-ADTNSTS     52
HIV2CAM2                                             -GG---DWPL--EAP-F-RGPSST-ANTNSTP     32
HIV2D194  -----KGG--GETVPSTQ--GL--V-QVRTHHGKL-GK-GR---DGPT--AAP-L-RGPSSS-ADTNSTP     70
HIV2GH1                         --GL--M-QDRTRHGKM-RK-GR---DGSM--EAP-L-RGPSSS-ADTNSTP     52
HIV2D205                        --GM--M-KNRTHHVKM-RK-GG---VRTL--EAS-L-HDPSAS-SDTICTP     52
HIV2UC1                         --GM--M-KTRTHHVKM-RK-GW---VRTL--EAS-L-HDPSAS-SDTICTP     52
SIVMM251  -----EGG--CKAMQSPK--GM--M-KNGPCYGQM-RQ-GG---PWSM--EAP-F-HGSSAS-ADANCSP     70
SIVMM142  -----EGR--CKAMQSPK--GM--M-KNGPCYGQM-KQ-GG---PWPL--EAP-F-HGSSAS-ADANCSP     70
SIVMM239  -----ERG--CKAMQSPK--GM--M-KNGPCYGQM-RQ-GG---PWSM--EAP-F-HGSSAS-ADANCSP     70
SIVMM32H  -----ERR--CKAMQSPK--GM--M-KNGPCYGQM-RQ-GG---PWSM--EAP-F-HGSSAS-ADANCSP     70
SIVMNE    -----ERG--CKAMQNPK--GL--M-TNGPCYGQM-RQ-GR---LWPM--EAP-F-HGPNAS-ADANCSP     70
SIVSMMH4                                          K-GG---AWPM--EAP-F-HGPDAS-ADTNCSP     33
SIVSMMH9                                       M-RK-GG---AWPM--EAP-F-HGPDAS-ADTNCSx     36
SIVSMMPBJ                                      M-RK-SG---AWPM--EAP-F-HGPDAS-ADTNCSP     36
SIVSTM                    RPE--RL--M-TTGPSDGQM-RK-GG---LWPM--EAP-L-HGPNTS-ADANCPS     55

                                                                                <- gag cds
CONSENSUS ?gsS?Gs??e?haag?k????aer??ret?qgg????????r??????q???drGfAaPQFSLWrRPvVt    103
HIV2ROD   SGS-S-STGEIYAAREK....TERAERETIQGSDRGLTAP.RAGGDTIQGATNR-L-A------K--V-T     97
HIV2NIHZ  IGS-S-PTGEIYAARKK....AKGAERETVQGSDRGLTAF.RAGRDTMQG.DDR-L-A------K--V-T     96
HIV2ISY   NGS-S-PTGEVHAAREK....TERAETKT1QRSDRGLAAS.RARRDTTQR.DDR-L-A------K--V-T     96
HIV2ST    DRP-R-PTREVHAAREK....AERAEREAIQRSDRGLPAA.RETRDTMQR.DDR-L-A------K--V-T    116
HIV2BEN   GRS-S-TVGEIYAAREK....AEGAEGETIQRGDGGLAAP.RAERDTSQR.GDR-L-A------K--V-T    116
HIV2CAM2  IGS-S-STGEIYAAREK....AEGAETETIQRGDRGLTAP.RTRRGPMQG.DNR-L-A------K--V-T     96
HIV2D194  NRS-S-PVGEIYAAREK....AERAEGETIQGGDGGLTAP.RAGRDAPQR.GDR-L-T------K--V-T    134
HIV2GH1   SRS-S-SIGKIYAAGER....AEGAEGETIQRGDGRLTAP.RAGKSTSQR.GDR-L-A------K--V-T    116
HIV2D205  DEP-R-HDTSGGDTICA....PCRSSSGDAEKLHADGETTEREPRETLQG.GDR-F-A------R--V-K    117
HIV2UC1   DGP-R-HDTSGGDTICA....PCRSSSGDAEKLHEDGETAEREPRETLQG.GDR-F-A------R--V-R    117
SIVMM251  RGP-C-SAKELHAVGQA....AERKQREALQGG..................DR-F-A------R--V-T    117
SIVMM142  RRT-C-SAKELHALGQA....AERKQREALQGG..................DR-F-A------R--V-T    117
SIVMM239  RGP-C-SAKELHAVGQAAERKAERKQREALQGG..................DR-F-A------R--V-T    121
SIVMM32H  RGP-C-SAKELHAAGQAAERKAERKQREALQGG..................DR-F-A------R--V-T    121
SIVMNE    RGP-C-SAKKLHAVGQT....AERKQKEALQGG..................DR-F-A------R--V-T    117
SIVSMMH4  RGS-C-STEELHEDGQK....AEGEQRETLQGG..................DR-F-A------R--V-T     80
SIVSMMH9  RGS-C-STEELHEGGQK....AEGEQRETLQGG..................NG-F-A------R--V-T     83
SIVSMMPBJ RGS-C-STEELHEDGQK....AEGEQRETLQGG..................NG-F-A------R--I-T     83
SIVSTM    RRP-C-SAEKLHAAGQE....AEREQEDTLQGG..................DR-F-A------R--V-T    102
```

```
CONSENSUS A?iEgQpvEVLLDTgadDSIVaGieLG?nYtPKiVGGIGGFINTKEyKnveIeVlgKrvkaTIMTGDTPI  171
HIV2ROD   -YI-G-PV------GAD----A-IE--NN-S--I-----------Y-NVE-E-LN-KVRA---------  167
HIV2NIHZ  -HI-G-PV------RAN----A-IE--SN-S--I-----------Y-NVE-E-LG-RVKA---------  166
HIV2ISY   -YI-D-PV------GAD----A-IE--SN-S--I-----------Y-DVE-R-LN-KVRA---------  166
HIV2ST    -HV-G-PV------GAD----A-VE--SN-S--I-----------Y-NVE-R-LN-RVRA---------  186
HIV2BEN   -YI-D-PV------GAD----A-IE--DN-T--I-----------Y-NVE-K-LN-RVRA---------  186
HIV2CAM2  -HI-G-PV------GAD----A-IE--SN-S--I-----------Y-NVE-E-LG-RVRA---------  166
HIV2D194  -FI-D-PV------GAD----A-IE--DN-T--I-----------Y-NVE-K-LN-RVRA---------  204
HIV2GH1   -YI-V-PV------GAD----A-IQ--DN-V--I-----------I-NIE-K-LN-RVRA---------  186
HIV2D205  -CI-G-SV------GVD----A-IE--SN-T--I-----------Y-DVE-E-VG-RVRA---------  187
HIV2UC1   -CI-G-PV------GAD----A-IE--SN-T--I-----------Y-DVE-E-VG-RVRA---------  187
SIVMM251  -HI-G-PV------GAD----T-IE--PH-T--I-----------Y-NVK-E-LG-RIKG---------  187
SIVMM142  -HI-G-PV------GAD----T-IE--PH-T--I-----------Y-NVE-E-LG-RIKG---------  187
SIVMM239  -HI-G-PV------GAD----T-IE--PH-T--I-----------Y-NVE-E-LG-RIKG---------  191
SIVMM32H  -HI-G-PV------GAD----T-IE--LH-T--I-----------Y-NVE-E-LG-RIKG---------  191
SIVMNE    -HI-G-PA------GAD----A-IE--PH-T--I-----------Y-NVK-E-LG-RIKG---------  187
SIVSMMH4  -YI-E-PV------GAD----A-IE--PN-T--I-----------Y-DVK-K-LG-VIKG---------  150
SIVSMMH9  -YI-E-PI------GAD----A-IE--PN-T--I-----------Y-DVK-K-LG-VIKG---------  153
SIVSMMPBJ -YI-E-PV------GAD----A-IE--PN-T--I-----------Y-DVK-K-LG-VIKG---------  153
SIVSTM    -HI-G-PV------GAD----A-IE--LQ-T--V-----------F-NVN-E-LG-KIKG---------  172

CONSENSUS NIFGRN?LtalgMsLNlPvAKvePiKvtLKPGKdGPklrQWPLskEKI?ALrEICEKMEkeGQLEeAPPT  239
HIV2ROD   ------I-TALG-S--L-V--VE-I-IM-----D--KLR----TK---E--K-------KE----E----  237
HIV2NIHZ  ------V-TALG-S--L-V--IE-I-IM-----D--RLK----TK---E--K-------KE----E----  236
HIV2ISY   ------I-TALG-S--L-V--IE-V-VT-----D--KQR----TR---E--R-------RE----E----  236
HIV2ST    ------I-TALG-S--L-V--IE-I-IM-----D--KLR----TK---E--K-------RE----E----  256
HIV2BEN   ------I-TALG-S--L-V--IE-I-VT-----D--RLK----TK---E--K-------KE----E----  256
HIV2CAM2  ------I-TALG-S--L-V--IE-I-IM-----D--RLR----TK---E--K-------KE----E----  236
HIV2D194  ------I-ATLG-S--L-V--LD-I-VT-----D--RLK----TK---E--K-------RE----E----  274
HIV2GH1   ------I-TALG-S--L-I--IE-I-VT-----D--RLR----TK---E--R-------KE----E----  256
HIV2D205  ------I-NTLG-T--F-V--VE-V-VE-----D--KIR----SR---L--K-------KE----E----  257
HIV2UC1   ------I-NTLG-T--F-V--IE-V-VK-----D--KIR----SK---L--K-------KE----E----  257
SIVMM251  ------L-TALG-S--L-I--VE-V-VT-----V--KLK----SK---V--R-------KD----E----  257
SIVMM142  ------L-TALG-S--L-I--VE-V-SP-----D--KLK----SK---V--R-------KD----E----  257
SIVMM239  ------L-TALG-S--F-I--VE-V-VA-----D--KLK----SK---V--R-------KD----E----  261
SIVMM32H  ------L-TALG-S--L-I--VE-V-VA-----D--KLK----SK---V--R-------KD----E----  261
SIVMNE    ------L-TALE-S--F-I--VE-V-VT-----D--KLR----SK---V--R-------KD----E----  257
SIVSMMH4  ------L-TAMG-S--L-I--VE-I-VT-----E--KLR----SK---I--R-------KD----E----  220
SIVSMMH9  ------L-TAMG-S--L-I--Vx-I-VT-----D--KLR----SK---I--R-------KD----x----  223
SIVSMMPBJ ------L-TAMG-S--L-I--VE-I-VT-----D--KLR----SK---I--R-------KD----E----  223
SIVSTM    ------L-TALG-S--F-V--VE-V-VT-----D--KIK----SK---E--K-------KD----E----  242

CONSENSUS NPYNTPTFAIkkkDkNKWRmLIDFRELNkVTQDFTEvqlgiPhpaglAkkrRItvlDvGDAYFSIPLde?  308
HIV2ROD   ----------KKK-K----M--------K-------IQLGI-HPAGL-KKR--TVL-V---------HED  307
HIV2NIHZ  ----------KKK-K----M--------K-------IQLGI-HPAGL-KKR--TVL-V---------HED  306
HIV2ISY   ----------KKK-K----M--------K-------VQLGI-HPAGL-KKR--TVL-V---------YED  306
HIV2ST    ----------KKK-K----M--------K-------IQLGI-HPAGL-KKK--TVL-V---------HED  326
HIV2BEN   ----------KKK-K----M--------K-------IQLGI-HPAGL-KKK--SIL-V---------HED  326
HIV2CAM2  ----------RKK-K----M--------K-------IQLGI-HPAGL-KKR--TVL-V---------HED  306
HIV2D194  ----------KKK-K----M--------R-------IQLGI-HPAGL-KKK--TVL-V---------HED  344
HIV2GH1   ----------KKK-K----M--------R-------IQLGI-HPAGL-KKK--TVL-V---------HED  326
HIV2D205  ----------KKK-K----M--------K-------VNWVF-.TRQV-EKR--TVI-V---------DPN  326
HIV2UC1   ----------KKR-K----M--------K-------VQLGI-HPAGL-EKR--TVL-V---------DPN  327
SIVMM251  ----------KKK-K----M--------R-------VQLGI-HPAGL-KRK--TVL-I---------DEE  327
SIVMM142  ----------KKK-K----M--------R-------VQLGI-HPAGL-KRK--TVL-I---------DEE  327
SIVMM239  ----------KKK-K----M--------R-------VQLGI-HPAGL-KRK--TVL-I---------DEE  331
SIVMM32H  ----------KKK-K----M--------R-------VQLGI-HPAGL-KRK--TVL-I---------DEE  331
SIVMNE    ----------KKK-K----I--------K-------VQLGI-HPAGL-KRK--TVL-V---------DEE  327
SIVSMMH4  ----------KKK-K----M--------K-------VQLGI-HPAGL-KRR--TVL-V---------DEE  290
SIVSMMH9  ----------Kxx-G----M--------K-------VQLGI-HPxGL-KRR--TVL-V---------DEE  293
SIVSMMPBJ ----------KKK-K----M--------K-------VQLGI-HPAGL-KRR--TVL-V---------DEE  293
SIVSTM    ----------KKK-K----M--------K-------IQLGI-HPAGL-KRR--TVL-V---------DEG  312
```

HIV-2 POL

```
CONSENSUS FRqYTAFTLPsvNNaEPgKRYiYKVlPQGWKGSpaIfqytmR?vLePFRkANpDviliQYMDDILiASDR  377
HIV2ROD   --P-------SV--A--G---I---L-------PA-FQHTM-QV-E---K--K-VIII-------I----  377
HIV2NIHZ  --Q-------SV--A--G---I---L-------PA-FQYTM-QI-E---K--E-VIII-------I----  376
HIV2ISY   --Q-------SV--A--G---I---L-------PA-FQYTM-QV-E---K--P-VIIV-------I----  376
HIV2ST    --Q-------SI--A--G---I---S-------PA-FQYTM-QV-E---K--P-IILI-------I----  396
HIV2BEN   --Q-------AV--M--G---I---L-------PA-FQYTM-QV-E---K--P-VILI-------I----  396
HIV2CAM2  --Q-------SV--A--G---I---L-------PA-FQYTM-QV-E---K--S-VIII-------I----  376
HIV2D194  --Q-------SV--A--E---V---L-------PA-FQFMM-QI-E---K--P-VILI-------I----  414
HIV2GH1   --Q-------SV--A--G---I---L-------PA-FQHTM-QV-E---K--P-VILI-------I----  396
HIV2D205  --Q-------SV--A--G---I---L-------QS-CQYSM-KV-D---K--S-VIII-------I----  396
HIV2UC1   --Q-------SI--A--G---I---L-------PA-FQYSM-KV-D---K--S-VIII-------I----  397
SIVMM251  --Q-------SV--A--G---I---L-------PA-FQYTM-HV-E---K--P-VTLV-------I----  397
SIVMM142  --Q-------SV--A--G---I---L-------PA-FQYTM-HV-E---K--P-VTLV-------I----  397
SIVMM239  --Q-------SV--A--G---I---L-------PA-FQYTM-HV-E---K--P-VTLV-------I----  401
SIVMM32H  --Q-------SV--A--G---I---L-------PA-FQYTM-HV-E---K--P-VTLV-------I----  401
SIVMNE    --Q-------SV--A--G---I---L-------PA-FQHTM-NV-E---K--P-VTLV-----  --V----  397
SIVSMMH4  --Q-------SV--A--G---I---L-------PA-FQYTM-NV-E---K--P-VTLI-------I----  360
SIVSMMH9  --Q-------SV--A--G---I---L-------PA-FxHTx-NV-E---K--P-VTLI-------I----  363
SIVSMMPBJ --Q-------SV--A--G---I---L-------PA-FQHTM-NV-E---K--P-VTLI-------I----  363
SIVSTM    --Q-------SV--A--G---I---L-------PA-FQYTM-NI-E---R--P-VTLI-------I----  382

CONSENSUS tdLEHDrVVlQlKELLN??GFStPeEKFQKDPPfqWMGyELWPtkWKLQkiqLPqke?WTVNdIQKLVGV  444
HIV2ROD   TD----R--L-L-----GL---T-D--------YH---Y----TK----KIQ--QKEI----D-------  447
HIV2NIHZ  TD----K--L-L-----GL---T-D--------YR---Y----TK----KIQ--QKEV----D-------  446
HIV2ISY   TD----K--L-L-----GL---T-D--------YQ---Y----TK----KIQ--QKEV----D-------  446
HIV2ST    TD----R--L-L-----GL---T-D--------YQ---Y----TK----RIQ--QKEV----D-------  466
HIV2BEN   TG----K--L-L-----GL---T-D--------FQ---C----TK----KLQ--QKDI----D-------  466
HIV2CAM2  TD----K--L-L-----NL---T-D--------YR---Y----TK----KIQ--QKEV----D-------  446
HIV2D194  TG----K--L-L-----GL---T-D--------FQ---Y----TK----KIQ--QKEI----D-------  484
HIV2GH1   TG----K--L-L-----GL---T-D--------LQ---Y----TK----KLQ--QKEI----D-------  466
HIV2D205  SD----R--S-L-----DM---T-E--------FK---Y----KK----KIQ--EKEV----A-------  466
HIV2UC1   SD----R--S-L-----DM---T-E--------FK---Y----KR----KIQ--EKEV----D-------  467
SIVMM251  TD----R--L-L-----SI---T-E--------FQ---Y----TK----KIE--QRET----D-------  467
SIVMM142  TD----R--L-L-----SI---S-E--------FQ---Y----TK----KIE--QRET----D-------  467
SIVMM239  TD----R--L-S-----SI---T-E--------FQ---Y----TK----KIE--QRET----D-------  471
SIVMM32H  TD----R--L-L-----SI---T-E--------FQ---Y----TK----KIE--QRET----D-------  471
SIVMNE    TD----R--L-L-----SI---T-E--------FQ---Y----TK----KIE--QKET----D-------  467
SIVSMMH4  TD----R--L-L-----GI---T-E--------FQ---Y----TK----KIE--QRET----D-------  430
SIVSMMH9  TD----R--L-L-----SI---T-E--------FQ---Y----TK----KIE--QRET----N-------  433
SIVSMMPBJ TD----R--L-L-----SI---T-E--------FQ---Y----TK----KIE--QRET----D-------  433
SIVSTM    TD----R--L-L-----NL---T-E--------FQ---Y----TK----KIE--QRDV----D-------  452

CONSENSUS LNWAAQiypGIKTkhlCrLIrGKMtlTEEVQWTElAEAEleENkIIlsQeqEG?YYqE?kplEAtv?K?q  510
HIV2ROD   ------LYP----KHL-R--R---TL--------L----LE--R--LS-EQ--H--Q-EKEL -TVQ-DQ  517
HIV2NIHZ  ------IYP----KHL-R--R---TL--------L----LE--R--LS-KQ--H--Q-EKKL--TVQ-DQ  516
HIV2ISY   ------IYP----KHL-K--R---TP--------L----LE--K--LS-EQ--H--Q-EKEL--TVQ-DQ  516
HIV2ST    ------IYP----RNL-R--R---TL--------L----LE--K--LS-EQ--C--Q-EKEL--TVQ-DQ  536
HIV2BEN   ------IYS----KHL-R--R---TL--------L----LE--K--LS-EQ--Y--Q-EKEL--TIQ-SQ  536
HIV2CAM2  ------IYP----KHL-R--R---TL--------L----LE--R--LS-EQ--H--Q-EKEL--TVQ-DQ  516
HIV2D194  ------IYP----KHL-K--R---TL--------L----LE--K--LS-EQ--S--Q-EEEL--TVI-SQ  554
HIV2GH1   ------IYP----KHL-R--K---TL--------L----LE--K--LS-EQ--Y--Q-EKEL--TIQ-NQ  536
HIV2D205  ------LFP----RHI-K--R---TL--------L----LQ--K--LE-EQ--S--K-RVPL--TVQ-NL  536
HIV2UC1   ------LFP----RHI-K--R---TL--------L----LQ--K--LE-EQ--S--K-GVPL--TVQ-NL  537
SIVMM251  ------IYP----KHL-R--R---TL--------M----YE--K--LS-EQ--C--Q-GKPL--TVI-SQ  537
SIVMM142  ------IYP----KHL-R--R---TL--------M----YE--K--LS-EQ--C--Q-SKPL--TVI-SQ  537
SIVMM239  ------IYP----KHL-R--R---TL--------M----YE--K--LS-EQ--C--Q-GKPL--TVI-SQ  541
SIVMM32H  ------IYP----KHL-R--R---TL--------M----YE--K--LS-EQ--C--Q-GKPL--TVI-SQ  541
SIVMNE    ------IYP----KHL-R--R---TL--------M----YE--K--LS-EQ--C--Q-GKPL--TVI-NQ  537
SIVSMMH4  ------IYP----KHL-R--R---TL--------M----YE--K--LS-EQ--C--Q-GKPI--TVI-SQ  500
SIVSMMH9  ------IYP----KHL-R--R---TL--------M----YE--K--PS-EP--C--Q-GKPL--PVI-SQ  503
SIVSMMPBJ ------IYP----KHL-R--R---TL--------M----YE--K--LS-EQ--C--Q-GKPL--TVI-SQ  503
SIVSTM    ------IYP----KHL-K--R---AL--------M----YA--K--LS-EQ--Q--R-DKPL--TVV-DQ  522
```

```
CONSENSUS dnQW?YKiHQe?kiLKvGK?aKiKnthtngvrLLAhVvQKIGKEAlvIWG?iPkFHLPVEre?WeQWWtd  575
HIV2ROD   EN--T--I--EEKI--V--YA-V-NTHTNGIR---Q-V-------LV---RI-K------REI-E---DN  587
HIV2NIHZ  DN--T--V--GEKI--G--IC-D-KYPYQRVR---Q-V-------LV---RI-K------RDT-E---DN  586
HIV2ISY   DN--T--V--GEKI--V--YA-I-NTHTNGVR---Q-V-------LV---RI-K------RET-E---DN  586
HIV2ST    DN--T--I--GGKI--V--YA-V-NTHTNGVR---Q-V-------LV---RI-K------RDT-E---DN  606
HIV2BEN   GH--T--I--EEKI--V--YA-I-NTHTNGVR---Q-V-------LV---RI-K------RET-E---DN  606
HIV2CAM2  DN--T--I--EEKI--V--YA-I-HTHTNGVK---Q-V-------LV---RI-K------REV-E---DN  585
HIV2D194  DN--A--I--GERV--V--YA-I-NTHTNGVR---Q-V-------LV---RV-K------RDT-E---DN  624
HIV2GH1   DN--T--I--EEKI--V--YA-I-NTHTNGVR---Q-V-------LV---RI-K------RET-E---DN  606
HIV2D205  AN--T--I--GNKV--V--YA-V-NTHTNGVR---H-V-------LV---EI-V------RET-D---TD  606
HIV2UC1   AN--T--I--GNRI--V--YA-V-NTHTNGVR---H-V-------LV---EI-V------RET-D---TD  607
SIVMM251  DN--S--I--EDKI--V--FA-I-NTHTNGVR---H-I-------IV---QV-K------RDV-E---TD  607
SIVMM142  DN--S--I--EDKI--V--FA-I-NTHTNGVR---H-I-------IV---QV-K------KDV-E---TD  607
SIVMM239  DN--S--I--EDKI--V--FA-I-NTHTNGVR---H-I-------IV---QV-K------KDV-E---TD  611
SIVMM32H  DN--S--I--EDKI--V--FA-I-NTHTNGVR---H-I-------IV---QV-K------KDV-E---TD  611
SIVMNE    DN--S--I--EDKI--V--FA-I-NTHTNGVR---H-I-------IV---QV-K------KDV-E---TD  607
SIVSMMH4  DN--S--I--EDKV--V--FA-V-NTHTNGVR---H-V-------LV---EV-K------REI-E---TD  570
SIVSMMH9  DN--S--I--EDKI--V--FA-I-NTHTNGVS---H-V-------II---QV-R------xEI-E---TD  573
SIVSMMPBJ DN--S--I--EDKI--V--FA-I-NTHTNGVR---H-V-------IV---QV-R------REI-E---TD  573
SIVSTM    DN--S--I--EDKI--V--FA-I-NTHTNGVR---H-I-------IV---QI-K------REV-E---AD  592

CONSENSUS YWQVTWiPeWDFvSTPPLvRLvfNLVkdPi?g?ETfYtDgSCnrqSkEGKAgYvTDRGkdkvkvLEqTtN  643
HIV2ROD   ------I-D---V-----V--AF---GD-IPGA--F-T-G--NRQ-K----G-V----KDKVKK--Q-T-  657
HIV2NIHZ  ------I-D---V-----V--AF---GE-VPGA--F-T-G--NRQ-K----G-I----RDRVKV--Q-T-  656
HIV2ISY   ------I-D---V-----V--AF---KD-IPGA--F-T-G--NRQ-K----G-I----KDKVRI--Q-T-  656
HIV2ST    ------I-D---I-----V--VF---KD-ILGA--F-T-G--NKQ-R----G-I----RDKVRL--Q-T-  676
HIV2BEN   ------I-E---V-----V--TF---GD-IPGA--F-T-G--NRQ-K----G-V----KDKVKV--Q-T-  676
HIV2CAM2  ------I-D---V-----V--AF---GD-IPGT--F-T-G--NRQ-K----G-V----RDKVKI--Q-T-  655
HIV2D194  ------V-E---V-----V--TF---GD-IPGT--F-T-G--NRQ-K----G-V----RDRVRV--Q-S-  694
HIV2GH1   ------I-E---V-----V--TF---GD-IPGA--F-T-G--NRQ-K----R-V----RDKVRV--R-T-  676
HIV2D205  ------I-E---V-----I--AY---KD-LEGR--Y-T-G--NRT-K----G-V----KDKVKV--Q-T-  676
HIV2UC1   ------I-E---V-----V--AY---KD-LEKV--Y-T-G--NRA-K----G-V----KDKVKV--Q-T-  677
SIVMM251  ------I-E---I-----V--VF---KD-IEGE--Y-T-G--NKQ-K----G-I----KDKVKV--Q-T-  677
SIVMM142  ------I-E---I-----V--VF---KD-IEGE--Y-V-G--SKQ-K----G-I----KDKVKV--Q-T-  677
SIVMM239  ------I-E---I-----V--VF---KD-IEGE--Y-T-G--NKQ-K----G-I----KDKVKV--Q-T-  681
SIVMM32H  ------I-E---I-----V--VF---KD-IKGE--Y-T-G--NKQ-K----G-I----KDKVKV--Q-T-  681
SIVMNE    ------I-K---I-----V--VF---KD-IKGE--Y-V-G--NKQ-K----G-I----KDKVKV--Q-T-  677
SIVSMMH4  ------I-D---V-----V--VF---KE-IQGA--F-V-G--NRQ-R----G-V----RDKAKL--Q-T-  640
SIVSMMH9  ------I-E---V-----V--VF---KE-IQGA--F-V-R--NRQ-R----G-V----RGKTKL--Q-T-  643
SIVSMMPBJ ------I-E---V-----V--VF---KE-IQGA--F-V-G--NRQ-R----G-V----RDKAKL--Q-T-  643
SIVSTM    ------I-E---V-----V--VF---KE-LEGT--F-V-G--NRQ-K----G-I----RNKVKA--Q-T-  662

CONSENSUS QQAELEaFamaltDSgPkaNIiVDSQYVMGIvagqPtEsEsrlVnqIIEeMIKKeaIYVaWVPAHkgiGg  713
HIV2ROD   ------A-AMALT--G-KV--I---------SASQ-T-S-SKI-NQ---E----EAI--A-----KGI-G  727
HIV2NIHZ  ------A-AMALT--G-KA--I---------VAGQ-T-S-NRI-NQ---E----EAI--A-----KGI-G  726
HIV2ISY   ------A-AMAVT--G-KV--V---------VTGQ-A-S-SRI-NK---E----EAI--A-----KGI-G  726
HIV2ST    ------A-AMAVT--G-KA--I---------VAGQ-T-S-SKI-NQ---E----EAI--A-----KGI-G  746
HIV2BEN   ------V-RMALA--G-KV--I---------VAGQ-T-S-NRI-NQ---E----EAV--A-----KGI-G  746
HIV2CAM2  ------A-AMALT--G-KA--I---------VAGQ-T-S-NRI-NQ---E----EAI--A-----KGI-G  725
HIV2D194  ------A-AMALA--G-KV--I---------VAGQ-T-S-NRI-NQ---D----EAV--A-----KGI-G  764
HIV2GH1   ------A-AMTLT--G-KV--I---------VVGQ-T-S-SRI-NQ---D----EAV--A-----KGI-G  746
HIV2D205  ------A-ALALT--E-QV--I---------IAAQ-T-T-SPI-AK---E----EAV--G-----KGL-G  746
HIV2UC1   ------A-ALALQ--G-QV--I---------VAGQ-T-T-SPL-NQ---E----EAI--G-----RGL-G  747
SIVMM251  ------A-LMALT--G-KT--I---------ITGC-T-S-SRL-NQ---E----SEI--A-----KGI-G  747
SIVMM142  ------A-LMALT--G-KA--I---------ITGC-T-S-SRL-NQ---E----TEI--A-----KGI-G  747
SIVMM239  ------A-LMALT--G-KA--I---------ITGC-T-S-SRL-NQ---E----SEI--A-----KGI-G  751
SIVMM32H  ------A-LMALT--G-KA--I---------ITGC-T-S-SRL-NQ---E----SEI--A-----KGI-G  751
SIVMNE    ------A-LMALA--G-KA--I---------ITGC-T-S-SRL-NQ---E----TEI--A-----KGI-G  747
SIVSMMH4  ------A-YLALA--G-KA--I---------IAGQ-T-S-SRL-NQ---E----EAI--A-----KGI-G  710
SIVSMMH9  ------A-YLALA--G-KA--I---------VAGQ-T-S-SRL-NQ---K----EAI--A-----KxI-E  713
SIVSMMPBJ ------A-YLALA--G-KA--I---------VAGQ-T-S-SRL-NQ---E----EAI--A-----KGI-G  713
SIVSTM    ------A-AMALA--G-KA--V---------ITGQ-T-S-SKL-NQ---E----EAI--A-----KGI-G  732
```

HIV-2 POL

```
CONSENSUS NQEvDHLVSQgIRQVLFLekIEPAQEEHeKYHsnvKeLvhKFglP?lVArQIVntCdkcqqKGEaiHGQv  782
HIV2ROD   ---V------G-------EK--------E---SNV-E-SH--GI-NL--R---NS-AQCQQ---AI---V  797
HIV2NIHZ  ---V------G-------EK--------E---SNI-E-SH--GI-KL--R---NT-AHVQQ---AI---V  796
HIV2ISY   ---I------G-------ER--------G---SNV-E-AH--GL-NL--R---NT-AQCQQ---AI---V  796
HIV2ST    ---V------G-------EK--------E---SNV-E-SH--GL-KL--R---NT-TQCQQ---AI---V  816
HIV2BEN   ---V------G-------EK--------E---SII-E-TH--GI-LL--R---NS-AQCQQ---AI---V  816
HIV2CAM2  ---V------G-------EK--------E---TNV-E-CH--DI-QL--R---NT-AQYQQ---AI---V  795
HIV2D194  ---V------G-------EK--------E---SNI-E-TH--GI-QL--R---NT-AQCQQ---AI---V  834
HIV2GH1   ---V------G-------ER--------E---SNM-E-TH--GI-QL--R---NT-AQCQQ---AI---V  816
HIV2D205  ---V------G-------EK--------E---GNV-E-VH--GI-QL--K---NS-DKCQQ---AI---V  816
HIV2UC1   ---V------G-------EK--------E---GNV-E-VH--GL-QL--K---NS-DKCQQ---AV---V  817
SIVMM251  ---I------G-------EK--------D---SNV-E-VF--GL-RI--R---DT-DKCHQ---AI---V  817
SIVMM142  ---I------G-------EK--------S---SNI-E-VF--GL-RL--K---DT-DKCHQ---AI---V  817
SIVMM239  ---I------G-------EK--------D---SNV-E-VF--GL-RI--R---DT-DKCHQ---AI---A  821
SIVMM32H  ---I------G-------EK--------D---SNV-E-VF--GL-RI--R---DT-DKCHQ---AI---V  821
SIVMNE    ---I------G-------EK--------D---SNV-E-VF--GL-RL--K---DT-DKCHQ---AI---V  817
SIVSMMH4  ---V------G-------KK--------E---SNV-E-VF--GL-RL--K---DT-DKCHQ---AI---V  780
SIVSMMH9  ---V------E-------EK--------E---SNV-K-VF--xL-RL--K---DT-DKCHL---xI---V  783
SIVSMMPBJ ---V------G-------EK--------E---SNV-E-VF--GL-RL--K---DT-DKCHQ---AI---V  783
SIVSTM    ---V------G-------EK--------E---SNV-E-VF--GI-RL--K---DT-DKCHQ---AI---V  802

CONSENSUS NaelGtWQMDcTHLEGKiiIVAVHVaSGFIEAEVIPqEtGRQTALFLLKLAsRWPiTHLHTDNGaNFtSq  852
HIV2ROD   -AEL-T----C------II------A----------Q-S-----------S---I--------A--T-Q  867
HIV2NIHZ  -AEL-T----C------VI------A----------Q-S-----------S---I--------A--T-Q  866
HIV2ISY   -AEL-T----C------II------A----------Q-S-----------S---I--------A--T-Q  866
HIV2ST    -AEL-T----C------II------A----------Q-S-----------S---I--------A--T-Q  886
HIV2BEN   -AEI-V----Y------II------A----------Q-S-----------S---I--------P--T-Q  886
HIV2CAM2  -AEV-T----C------II------A----------Q-S-----------S---I--------A--T-Q  865
HIV2D194  -AEI-V----C------II------A----------Q-S-----------S---I--------P--T-Q  904
HIV2GH1   -AEI-V----C------II------A----------Q-S-----------S---I--------S--T-Q  886
HIV2D205  -ADL-T----C------II------A----------Q-T-----------S---I--------A--T-P  886
HIV2UC1   -AEL-T----C------VI------A----------Q-T-----------S---I--------A--T-Q  887
SIVMM251  -SDL-T----C------IV------A----------Q-T-----------G---I--------A--A-Q  887
SIVMM142  -SDL-T----C------IV------A----------Q-T-----------S---I--------A--A-Q  887
SIVMM239  -SDL-T----C------II------A----------Q-T-----------G---I--------A--A-Q  891
SIVMM32H  -SDL-T----C------II------A----------Q-T-----------G---V--------A--A-Q  891
SIVMNE    -SDL-T----C------II------A----------Q-T-----------S---I--------A--A-Q  887
SIVSMMH4  -AEL-T----C------II------A----------Q-T-----------G---I--------A--T-Q  850
SIVSMMH9  -xxL-T----C------II------G----------x-T-----------S---I--------A--T-Q  853
SIVSMMPBJ -AEL-T----C------II------A----------Q-T-----------S---I--------A--T-Q  853
SIVSTM    -AEL-T----C------II------A----------Q-T-----------S---V--------A--T-Q  872

CONSENSUS eVKMvAWW?gIEqtFgVPYNPQSQgVVEAMNHHLKnQIdRiReQAns?ETiVLMAvHCmNFKrRGGiGDM  920
HIV2ROD   E---V---IG--QS-G--------G----------N--S-I-E--NTI--I----I--M---R---I---  937
HIV2NIHZ  E---V---VG--QT-G--------G----------N--D-I-E--NTV--I----V--M---R---I---  936
HIV2ISY   E---V---VG--QS-G--------G----------N--E-I-E--NTM--I----V--M---R---I---  936
HIV2ST    E---V---IG--QS-G--------G----------N--S-I-E--NTV--I----V--M---R---I---  956
HIV2BEN   E---V---VG--QS-G--------G----------N--S-I-E--NTI--I----V--M---R---I---  956
HIV2CAM2  E---V---VG--QT-G--------G----------N--S-I-E--NTV--I----V--M---R---I---  935
HIV2D194  E---V---IG--QS-G--------G----------N--S-I-E--NTI--I----V--M---R---I---  974
HIV2GH1   E---V---IG--QS-G--------G----------N--S-I-E--NTI--I----V--M---R---I---  956
HIV2D205  S---V---VG--QT-G--------G----------N--D-L-D--VSI--V----T--M---R---I---  956
HIV2UC1   D---A---IG--QT-G--------G----------N--D-I-D--VSI--V----A--M---R---I---  957
SIVMM251  E---V---AG--HT-G--------G----------N--D-I-E--NSV--I----V--M---R---I---  957
SIVMM142  E---V---AG--HT-G--------G----------N--D-I-E--NSV--I----V--M---R---I---  957
SIVMM239  E---V---AG--HT-G--------G----------N--D-I-E--NSV--I----V--M---R---I---  961
SIVMM32H  E---V---AG--HT-G--------G----------N--D-I-E--NSV--I----V--M---R---I---  961
SIVMNE    E---V---AG--HT-G--------G----------N--D-I-E--NSM--I----V--M---R---I---  957
SIVSMMH4  E---V---AG--QT-G--------G----------T--D-I-E--NSI--I----V--M---R---I---  920
SIVSMMH9  E---V---Ax--QT-x--------x----------T--D-I-E--NSI--I----I--I---R---I---  923
SIVSMMPBJ E---V---AG--QT-G--------G----------T--D-I-E--NSI--I----V--M---R---I---  923
SIVSTM    E---V---AG--QT-G--------G----------T--D-I-D--NTV--V----V--M---K---L---  942
```

```
CONSENSUS TPaERliNMiTtEQEIQF?Q?KNskfknFrVYyREGRdQLWkGPGELLWKGeGAVi?KVGtdIKvvPRRK   987
HIV2ROD   --S--LI--I-T------L-A--SKLKD-R--F----D---K---------E---LV---TD--II----  1007
HIV2NIHZ  --A--II--I-T------L-A--SKLKN-R--F----D---K---------D---IV---TE--VV----  1006
HIV2ISY   --V--LV--I-T------L-A--SKLKN-R--F----N---Q---------D---IV---TD--VI----  1006
HIV2ST    --A--LI--V-A------L-A--SKLQN-R--F----D---K---------D---IV---AD--II----  1026
HIV2BEN   --A--LI--I-T------L-R--SNFKN-Q--Y----D---K---------E---IV---TD--VV----  1026
HIV2CAM2  --S--LI--I-T------L-A--SKLKN-R--F----D---K---------D---IV---TD--II----  1005
HIV2D194  --A--LI--I-T------L-R--SNFKK-Q--Y----D---K---------D---IV---AD--VV----  1044
HIV2GH1   --A--LI--I-T------L-R--SNFKN-Q--Y----D---K---------D---IV---AD--VI----  1026
HIV2D205  --A--LV--I-T------F-A--LKFQN-Q--Y----D---K---------E---II---TE--VV----  1026
HIV2UC1   --A--LV--I-T------F-A--LKFQN-Q--Y----D---K---------E---LI---TE--VI----  1027
SIVMM251  --A--LI--I-T------Q-S--SKFKN-R--Y----D---K---------E---IL---TD--VV----  1027
SIVMM142  --A--LI--I-T------Q-S--SKFKN-R--Y----D---K---------E---IL---TD--VV----  1027
SIVMM239  --A--LI--I-T------Q-S--SKFKN-R--Y----D---K---------E---IL---TD--VV----  1031
SIVMM32H  --A--LI--I-T------Q-S--SKFKN-R--Y----D---K---------E---IL---TD--VV----  1031
SIVMNE    --A--LL--I-T------Q-S--SKFKN-R--Y----D---K---------E---VL---TD--VV----  1027
SIVSMMH4  --A--LV--I-T------Q-S--SKFKN-R--Y----D---K---------E---IL---TE--VV----   990
SIVSMMH9  --A--LV--I-T------Q-S--SKFKN-R--Y----D---K---------E---IL---TE--VV----   993
SIVSMMPBJ --A--LV--I-T------Q-S--SKFKN-R--Y----D---K---------E---IL---TE--VV----   993
SIVSTM    --A--LV--I-T------Q-S--SKFKN-R--Y----D---K---------E---IV---TD--VV----  1012

        vif cds ->
CONSENSUS AKIIkdYGggke?Ds?shlEdtre?arEvA?s?qVPE??NKRPRGGALCSPPQGGMGMVDLQQGNIPTTR>  1097
HIV2ROD   ----RD--GRQEM-SGSHL-GARE.DG-M-*                                        1036
HIV2NIHZ  ----KD--GRQEM-SGSHL-GARE.DG-M-*                                        1035
HIV2ISY   ----RD--PRQEM-SGSHL-GARE.DG-M-*                                        1035
HIV2ST    ----KD--GRQEM-SGSNL-GARE.DG-V-*                                        1055
HIV2BEN   ----RD--GRQEL-SSPHL-GARE.DG-M-CPCQ---IQ------------------------------>  1142
HIV2CAM2  ----RD--GRQEL-SSSHL-GARE.NG-V-*                                        1034
HIV2D194  ----RD--GRQEL-SSSHL-GARE.DG-V-*                                        1073
HIV2GH1   ----RD--GRQEL-S.SHL-GAREEDG-V-*                                        1055
HIV2D205  ----RH--GGKGL-CSADM-DTRQ.AR-M-QSD*                                     1058
HIV2UC1   ----RH--GGKEL-CGTDM-DTRQ.AR-M-QSGQ---A*                                1064
SIVMM251  ----KD--GGKEV-SSSHM-DTGE.AR-V-*                                        1056
SIVMM142  ----KD--GGKEM-SSSHM-DTGE.AR-V-*                                        1056
SIVMM239  ----KD--GGKEV-SSSHM-DTGE.AR-V-*                                        1060
SIVMM32H  ----KD--GGKEV-SSSHM-DTGE.AR-V-*                                        1060
SIVMNE    ----KD--GGKEV-SSSHM-DTGE.AR-V-*                                        1056
SIVSMMH4  ----KD--GGKEL-SGSHL-DTGE.AR-V-*                                        1019
SIVSMMH9  ----KD--GGKEL-SGSHL-DTGE.AR-V-*                                        1022
SIVSMMPBJ ----KD--GGKEL-SGSHL-DTGE.AR-V-*                                        1022
SIVSTM    ----KD--GGKEV-SGSHL-DTRE.AG-V-*                                        1041
```

HIV-2 VIF

HIV2/SIV VIF

Two sequence subtypes, A and B, are currently recognizable among HIV-2 sequences: A sequences are the prototypical HIV-2s; UC-1 and D205 are representative of B sequences. Further classification is anticipated.

```
                                    <- pol cds
CONSENSUS MeeekrWIvVPtWRiPgR?lErWHsLiKyLKy?TkdLqkvcYVPHhKVGWAWWTCSRvIFPL???shLEv   65
HIV2ROD   -EEDKR--V--T--V-G-.M-K--S-V-Y--YK-KD-EKVC----H----------V----KGNSH--I   69
HIV2NIHZ  -EEGKR--V--I--V-G-.M-R--S-V-Y--YR-KD-EKVC----H----------V----KENSH--I   69
HIV2ISY   -DQGKR--A--T--V-G-.M-K--S-I-Y--YR-KD-EQVR----H----------V----KGNSH--I   69
HIV2ST    -EEGKR--A--T--V-G-.M-R--S-I-Y--YR-GD-EKVC----H----------V----KGESH--I   69
HIV2BEN   -EEDRN--V--T--V-G-.M-K--A-V-Y--YR-KD-EEVR----H----------V----QGKSH--I   69
HIV2CAM2  -EEGKS--A--T--V-G-.M-K--S-V-Y--YK-GD-EQVC----H----------V----RGDSR--I   69
HIV2D194  -EEGKN--V--T--V-G-.M-R--S-V-H--YR-KD-EEVR----H----------V----EGESH--I   69
HIV2GH1   -EEGKN--.--T--V-G-RM-R--S-V-Y--YR-RD-EEVR----H----------V----KGESH--I   69
HIV2D205  -EEEKD--V--T--I-G-.L-R--S-I-Y--YR-GE-QQVS----H----------I----NKGAW--V   69
HIV2UC1   -EGEKN--V--T--I-G-.L-K--S-V-Y--HR-KE-QQVS----H----------V----KEEAY--V   69
SIVMM251  -EEEKR--A--T--I-E-.L-R--S-I-Y--YK-KD-QKVC----F----------V----QEGSH--V   69
SIVMM1A11 -EEEKR--A--T--I-E-.L-R--S-I-Y--YK-KD-QKVC----F----------V----QEGSH--V   69
SIVMM32H  -EEGKR--A--T--I-E-.L-R--S-I-Y--YK-KD-QKVC----Y----------V----QEGSH--V   69
SIVMM142  -EEEKR--V--T--I-E-.L-R--S-I-Y--YK-KD-QKAC----H----------V----QEGSH--V   69
SIVMM239  -EEEKR--A--T--I-E-.L-R--S-I-Y--YK-KD-QKVC----F----------V----QEGSH--V   69
SIVMNE    -EEEKR--A--T--I-E-.L-R--S-I-Y--YK-KD-QKVC----H----------V----QEKSQ--V   69
SIVSMMH4  -EEEKN--V--T--I-E-.L-R--S-I-H--YN-KD-QMAC----H----------V----RDETH--V   69
SIVSMMH9  -EEEKN--V--T--I-G-.L-K--S-I-H--YN-KD-QKAC----H----------V----RDEAH--V   69
SIVSMMPBJ -EEEKN--V--T--I-G-.L-K--S-I-H--YN-KD-QKAC----H----------V----KDEAH--V   69
SIVSTM    -EEEKR--V--T--I-G-.L-R--S-I-H--YN-KE-SKAC----H----------V----QGEAH--V   69

CONSENSUS QgYWnLtPEkGwLSsyaVRiTWYs?nFwtDvTPd?AD?LlHstYFpCFtagEVRraIRGEklLScC??p?  129
HIV2ROD   -A--N-T--K-W--SYS--I---TEK-WT-V--DC--V-I-ST--P--TAG---RA----KL--C-NYPR  139
HIV2NIHZ  -A--N-T--K-W--SHS--I---TEK-WT-V--DC--T-I-ST--S--TAG---RA----KL--C-KYPR  139
HIV2ISY   -A--N-T--K-W--SYS--M---SEG-WT-V--DC--T-I-ST--S--TAG---RA----KS--C-NYPQ  139
HIV2ST    -A--N-T--K-W--SYS--L---TEK-WT-V--DC--S-I-ST--S--TAG---RA----KL--C-NYPQ  139
HIV2BEN   -A--N-T--K-W--SHA--L---TEK-WT-V--DC--I-I-ST--S--TAG---RA----KL--C-NYPQ  139
HIV2CAM2  -A--N-T--K-W--SYA--M---TEK-WT-V--DC--T-I-ST--S--TAG---RA----KL--C-KYPR  139
HIV2D194  -A--N-T--K-W--SHS--L---TEK-WT-V--DC--S-I-ST--S--TAG---RA----KL--C-NYPQ  139
HIV2GH1   -A--N-T--K-W--SHS--I---TER-WT-V--DY--I-I-ST--S--TAG---RA----KL--C-NYPQ  139
HIV2D205  -G--N-T--R-F--SYA--L---ERN-YT-V--DV--Q-L-GS--S--SAN---RA----KI--Y-NYPS  139
HIV2UC1   -G--N-T--R-F--SYA--L---KRS-YT-V--DV--Q-L-GS--S--TAN---RA----KI--Y-NYPS  139
SIVMM251  -G--H-T--R-W--TYA--I---SRN-WT-V--DY--I-L-ST--P--TAG---RA----QL--C-KFPR  139
SIVMM1A11 -G--H-T--K-W--TYA--V---SKN-WT-V--NY--I-L-ST--P--TAG---RA----QL--C-RFPR  139
SIVMM32H  -G--H-T--R-W--TYA--I---SRN-WT-V--DY--I-L-ST--P--TAG---RV----QL--C-KFPR  139
SIVMM142  -G--N-T--R-W--TYA--I---SKD-WT-V--EY--I-L-ST--P--TAG---RA----RL--C-RFPR  139
SIVMM239  -G--H-T--K-W--TYA--I---SKN-WT-V--NY--I-L-ST--P--TAG---RA----QL--C-RFPR  139
SIVMNE    -G--N-T--R-W--THA--I---SRN-WT-V--DC--I-L-ST--P--TAG---RA----QL--C-RFPR  139
SIVSMMH4  -G--N-A--K-W--TYA--I---SRN-WT-V--DY--T-L-ST--P--SEG---KA----KL--C-KFPK  139
SIVSMMH9  -G--N-T--x-W--TYA--I---SRN-WT-A--DY--T-L-GT--P--SEG---RA----KL--C-KFPK  139
SIVSMMPBJ -G--N-T--K-W--TYA--I---SRN-WT-V--DY--T-L-GT--P--SEG---RA----KL--C-KFPK  139
SIVSTM    -G--N-T--K-W--EYA--I---TRN-WS-V--DC--Q-L-GT--P--TAG---RA----KL--C-RFTK  139
```

```
                    vpX cds ->
CONSENSUS AHk?qVPSLQyLAL?Vv???v?rsQgen?trKQwRrd?rrglR?Arqnsr??kqrgseppa?ga?FPGlA    186
HIV2ROD   --RAQ-----F---V-VQQND.RP-RDSTTR--R-RDYRRGL-L-KQDSRSHKQRSSESPTPRTY---V-    208
HIV2NIHZ  --RSQ-----F---V-VQQND.RS-GNSATR--R-GDYRRGL-M-RQDSRGYKQRGSESPPTRAH---L-    208
HIV2ISY   --KSK-----F---V-VQQNL.KP-RDNTTR--W-RNYRRGL-L-RQDGRSHKQRGSEPPAQGAY---V-    208
HIV2ST    --KYQ-----F---V-VQQNG.RP-RDNTTR--W-RNYRRGL-V-RQDGRSHKQRGSEPPAPRAY---V    208
HIV2BEN   --KAQ-----Y---V-VQQND.RP-RKGTAR--W-RDHWRGL-V-REDHRSLKQGGSEPSAPRAH---V-    208
HIV2CAM2  --RSQ-----F---V-VQQND.RP-RDRTTR--W-RDYRRGL-L-RQDSRGYKQRGSESPAPGAY---V-    208
HIV2D194  --KAQ-----Y---V-VQQNG.RP-RKGAAR--W-RDHWRGL-V-RQDYRSLKQGGSEPSAPRAH---V-    208
HIV2GH1   --KVQ-----Y---V-VQQND.RP-RKGTAR--W-RDHWRGL-V-RQDYRSLKQRGSEPSAPRAH---V-    208
HIV2D205  --EGQ-----F---R-VQEGKNGS-GESATR--R-RNSRRSI-L-RKNNNRAQQGSGQPFAPRTY---L-    209
HIV2UC1   --EGQ-----F---R-IQEGKDGS-GESATR--R-RNNRRSI-L-RKNNNRAQQGSSQPLAPRTH---L-    209
SIVMM251  --RYQ-----Y---K-V.SDV.RS-GENPTW--W-RDNRRGL-M-KQNSRGDKQRGSKPPTKGAD---L-    207
SIVMM1A11 --KYQ-----Y---K-V.SDV.RS-GENPTW--W-RDNRRGL-M-KQNSRGDKQRGGKPPTKGAN---L-    207
SIVMM32H  --RYQ-----Y---R-V.SYV.RS-GENPTW--W-RDSRRSL-M-KQNSRGDKQRGGKPPTKGAN---L-    207
SIVMM142  --KHQ-----Y---R-V.SHV.RS-GENPTW--W-RDNRRSL-V-KQNSRGDKQRGGKPPTEGAN---L-    207
SIVMM239  --KYQ-----Y---K-V.SDV.RS-GENPTW--W-RDNRRGL-M-KQNSRGDKQRGGKPPTKGAN---L-    207
SIVMNE    --KTQ-----Y---R-V.SYV.RS-RENPTW--W-RDNRRSL-M-KQNSRGDKQRGSKPPTKGVD---L-    207
SIVSMMH4  --KNQ-----Y---T-V.SHV.RS-GEDPTW--W-RNNRKGL-M-KQNSRRNKQGSSKSPAEGAN---L-    207
SIVSMMH9  --KNQ-----Y---T-V.SHV.xS-GExPTW--W-RNxRRGx-L-TQNxRRNKQGSSESFAxGAN---L-    207
SIVSMMPBJ --KNQ-----Y---T-V.SHV.RS-GENPTW--W-RNNRRGL-L-RQNSRRNKQGSSESFAEGTN---L-    207
SIVSTM    --KNQ-----Y---K-V.EHV.RS-RENTAR--W-RGNRGSI-V-TQNGRGHKPRGSKPSTEGTD---L-    207

CONSENSUS kvLgILA*     193
HIV2ROD   EV-E----     215
HIV2NIHZ  EV-E----     215
HIV2ISY   KV-E----     215
HIV2ST    KV-E----     215
HIV2BEN   KV-E----     215
HIV2CAM2  KV-E----     215
HIV2D194  KV-G----     215
HIV2GH1   KV-E----     215
HIV2D205  EV-G----     216
HIV2UC1   EV-G----     216
SIVMM251  KV-G----     214
SIVMM1A11 KV-G----     214
SIVMM32H  KV-G----     214
SIVMM142  KV-G----     214
SIVMM239  KV-G----     214
SIVMNE    KV-G----     214
SIVSMMH4  KV-G----     214
SIVSMMH9  Kx-G----     214
SIVSMMPBJ KV-G----     214
SIVSTM    KV-G----     214
```

HIV-2 VPX

HIV2/SIV VPX

Two sequence subtypes, A and B, are currently recognizable among HIV-2 sequences: A sequences are the prototypical HIV-2s; UC-1 and D205 are representative of the B sequences. Further classification is anticipated.

```
                                                                  <- vif cds
CONSENSUS M?dPREriPPGNSgEEtigeaFeWL?RTveeiNReAVNHlpRELIFQVWqRsWeYWhdeqGMs?SYtKyR    67
HIV2ROD   -TD---TV-----G--TIGEA-A--N--VEAI--E----LP--------Q-S-R--HDEQ--SE--T-Y-    70
HIV2NIHZ  -TD---TV-----G--TIEEA-A--D--VEAI--E----HP--------Q-S-R--HDEQ--ST--T-Y-    70
HIV2ISY   -TN---TI-----G--TIEEA-D--D--VEAI--E----LP--------Q-S-R--HDEQ--SR--T-Y-    70
HIV2ST    -AG---TI-----G--TIGEA-E--D--VEAI--E----LP--------Q-S-R--HDEQ--SI--T-Y-    70
HIV2BEN   -TD---RV-----G--TIGEA-E--E--IEAL--E----LP--------Q-S-R--HDEQ--SA--T-Y-    70
HIV2CAM2  -TD---TV-----G--TIEEA-A--D--VEAI--E----LP--------Q-S-R--HDEQ--SQ--T-Y-    70
HIV2D194  -AD---RV-----G--TIGEA-E--D--IEAL--E----LP--------Q-S-A--HDEQ--ST--T-Y-    70
HIV2GH1   -TD---RV-----G--TIGEA-E--D--IEAL--E----LP--------Q-S-R--HDDQ--SP--T-Y-    70
HIV2D205  -.D---RV-----D--TVGEA-A--E--ITEL--V----LP--------Q-S-A--REEQ--SI--T-Y-    69
HIV2UC1   -.D---RV-----D--TIGEA-D--E--ITEL--V----LP--------Q-C-A--REEQ--SS--T-Y-    69
SIVMM251  -SD---RI-----G--TIGEA-E--N--VEEI--E----LP--------Q-S-E--HDEQ--SQ--V-Y-    70
SIVMM1A11 -SD---RI-----G--TIGEA-E--N--VEEI--E----LP--------Q-S-E--HDEQ--SP--V-Y-    70
SIVMM32H  -SD---RI-----G--TVGEA-E--N--VEEI--E----LP--------Q-S-E--HDEQ--SQ--V-Y-    70
SIVMM142  -SD---RI-----G--TIGEA-E--N--VEEI--E----LP--------Q-S-E--HDEQ--SQ--T-Y-    70
SIVMM239  -SD---RI-----G--TIGEA-E--N--VEEI--E----LP--------Q-S-E--HDEQ--SP--V-Y-    70
SIVMNE    -SD---RI-----G--TIGEA-E--N--VEEI--E----LP--------Q-S-E--HDEQ--SQ--V-Y-    70
SIVSMMH4  -SD---RI-----G--TIGKA-E--N--VEEI--A----LP--------R-S-E--HDEM--SE--T-Y-    70
SIVSMMH9  -xx---xI-----G--xxGEx-D--H--xEEI--A----Lx--------R-x-E--HDEM--SV--T-x-    70
SIVSMMPBJ -SD---RI-----G--TIGEA-D--D--VEEI--A----LP--------R-S-E--HDEM--SV--T-Y-    70
SIVSTM    -SD---RI-----G--AIEEA-E--H--VEDI--E----LP--------R-S-E--HDEQ--PG--V-Y-    70

CONSENSUS YLcliQkA?fmH?kkgcrClgeghGagGw?rpGPPPPPPPGLa*    107
HIV2ROD   --CII-K-VYM-VRKGCT-LGRGH-PG-W.RP----------V-    112
HIV2NIHZ  --CLI-M-MYM-AKRDGT-LGGGM-QK-G.DQ----------V-    112
HIV2ISY   --CLM-K-VFM-FKKGCT-RGEGH-PG-W.RS----------V-    112
HIV2ST    --CLM-K-MFI-SKRGCT-LGGGH-PG-W.RS----------V-    112
HIV2BEN   --CLM-K-IFT-FKRGCT-WGEDM-RE-LEDQ----------V-    113
HIV2CAM2  --CLM-K-VFI-FKRGCT-LGGGH-PG-W.RP----------V-    112
HIV2D194  --CIM-K-VYI-FKKGCT-LGRGH-PG-W.RP----------V-    112
HIV2GH1   --CLM-K-VFI-FKRGCT-LGGGH-PG-W.RS----------V-    112
HIV2D205  --LLM-K-MFV-YTKGCR-LQEGH-PG-W.RS----------A-    111
HIV2UC1   --LLM-K-MFV-YTKGCR-LQEGH-PG-W.RS----------A-    111
SIVMM251  --CLM-K-LFM-CKKGCR-LGEGH-AG-W.RP----------A-    112
SIVMM1A11 --CLI-K-LFM-CKKGCR-LGEGH-AG-W.RP----------A-    112
SIVMM32H  --CLI-K-LFM-CKKGCR-LGEGH-AG-W.RP----------A-    112
SIVMM142  --CLI-K-LFM-CKKGCR-LGEGH-AG-W.RP----------A-    112
SIVMM239  --CLI-K-LFM-CKKGCR-LGEGH-AG-W.RP----------A-    112
SIVMNE    --CLI-K-LFM-CKKGCR-LGEGH-AG-W.RP----------A-    112
SIVSMMH4  --CLI-K-LFV-CKKGCR-LGEEH-AG-W.RT----------A-    112
SIVSMMH9  --CLI-K-LFM-CKKGCR-LGGEH-AG-W.RP----------A     112
SIVSMMPBJ --CLI-K-MFM-CKKGCR-LGGEH-AG-W.RP----------A-    112
SIVSTM    --CLI-K-LFM-SKRGCR-LGEGH-AG-W.RP----------A-    112
```

HIV2/SIV VPR

Two sequence subtypes, A and B, are currently recognizable among HIV-2 sequences: A sequences are the prototypical HIV-2s; UC-1 and D205 are representative of B sequences. Further classification is anticipated.

```
          <- vpX cds                                          tat cds ->
CONSENSUS M?e???e?PPede?PqRepwdeWv?evleeikeeALkhFDPrLLtaLGnyIy?RHGDTlegAgeLIriLQ     62
HIV2ROD   -AEAPTEL--VDGT-L-EPGDE-IIEILREIKEE--KH---R--IA--KY-YT-----LEG-RE--KV--     70
HIV2NIHZ  -TEAPTEL--EDRT-P-EPGDA-VIEILREIEEE--RH---R--TA--RY-YT-----LEG-RE--RI--     70
HIV2ISY   -TEAPAEF--EDGT-P-EPGDE-VIEILREIKEE--KH---R--TA--YY-YT-----LEG-RE--RV--     70
HIV2ST    -TEAPTES--EDRT-P-EPGDE-VIETLREIKXE--KH---R--IT--NY-YA-----LEG-RG--RI--     70
HIV2BEN   -TEAPTEF--EDGT-R-DLGSD-VIETLREIKEE--RH---R--IA--YY-HN-----LEG-RE--KT--     70
HIV2CAM2  -TEAPTEL--EDGT-P-EPGDE-VIEILRDIKEE--KH---R--TA--GH-YA-----LER-RE--RV--     70
HIV2D194  -TEAPTEF--EDGT-R-ELGST-VIETLKEIKEE--KH---C--IA--NY-YN-----LEG-RE--RV--     70
HIV2GH1   -TEAPTEF--EDGT-R-ELGGD-VIRILGEIKEE--KH---R--IA--NY-HS-----PEG-RE--RI--     70
HIV2D205  -AEAAPEI--ENEN-Q-EPWEE-IGEILEEIKQE--KH---R--TA--NF-YS-----LAG-GE--KI--     70
HIV2UC1   -AEAAPET--ENES-Q-EPWEE-VEDVMEEIKQE--RH---R--TA--NF-YS-----LAG-GE--KI--     70
SIVMM251  -.E...ER--ENEG-Q EPWDE-VVEVLEELKEE--KH---R--TA--NH-YN-----LEG-GE--RI--     66
SIVMM32H  -.E...ER--ENEG-Q-EPWDE-VVEVLEELKEE--KH---R--TA--NH-YN-----LEG-GE--RI--     66
SIVMM1A11 -.E...ER--ENEG-$-EPWGE-VVEVLEELKEG--KH---R--TA--NH-YN-----LEG-GE--RI--     65
SIVMM142  -.E...ER--ENEG-Q-EPWDE-VVEVLKELKEE--KH---R--TA--NH-YN-----LEG-GE--RI--     66
SIVMM239  -.E...ER--ENEG-Q-EPWDE-VVEVLEELKEE--KH---R--TA--NH-YN-----LEG-GE--RI--     66
SIVMNE    -.E...ER--EDEG-Q-EPWDE-VVEVLEELKEE--KH---R--TA--NH-YN-----LEG-GE--KI--     66
SIVSMMH4  -....AER--EDEA-Q-EPWDE-VVEVLEELKEE--KH---R--TA--NY-YD-----LEG-GE--RI--     66
SIVSMMH9  -....TER--EDEA-Q-EPWDE-xVEVLEExKEE--Nx---R--xA--NY-YD-----LEG-GE--RI--     66
SIVSMMPBJ -....TER--EDEA-Q-EPWDE-VVEVLEEIKEE--NH---R--TA--NY-YD-----LEG-GE--RI--     66
SIVSTM    -....THR--EDEG-Q-EPWDE-VVEVLEEIKQE--RH---R--SA--NY-YD-----LEG-GE--KI--     66

CONSENSUS rALf?HfR?GC?hSRigq?gggnplsaipp?rgml*      92
HIV2ROD   R--FT-F-A--GH--IGQTRGGNPLSAIPTPRNMQ-     105
HIV2NIHZ  R--FA-F-A--GH--IGQTRGGNPLSAIPTPRGMH-     105
HIV2ISY   R--FT-F-A--GH--IGQPRGRNPLSAIPTPRNMQ-     105
HIV2ST    R--LL-F-A--GR--IGQPRGRNPLSAIPTPRGMR-     105
HIV2BEN   R--FV-F-A--NR--IG*                        87
HIV2CAM2  R--FT-F-A--NH--IGQTRGGNPLSAIPTPRRM*      104
HIV2D194  R--FV-I-A--DR--KGQTRRRAPCPAAPTPRGMH-     105
HIV2GH1   R--FV-L-A--NR--ISQTRRRTPFPAAPTPRGMY-     105
HIV2D205  R--FL-F-A--QH--IGQSGGGNPLSTIPPP*         101
HIV2UC1   R--FL-F-A--QH--IGQPGGGNPLSAIPPS*         101
SIVMM251  R--FM-F-G--NH--IGQPGGGNPLSTIPPS*          97
SIVMM32H  R--FM-F-G--NH--IGQPGGGNPLSTIPPSRGVL-     101
SIVMM1A11 R--FM-F-G--IH--IGQPGGRNPLSAIPPSRSML-     100
SIVMM142  R--FI-F-S--SH--IGQPGGGNPLSTIPPSRSML-     101
SIVMM239  R--FM-F-G--IH--IGQPGGGNPLSAIPPSRSML-     101
SIVMNE    R--FM-F-G--TH--IGQSGGGNPLSTIPPSRRML-     101
SIVSMMH4  R--FI-F-S--AH--IGQSRGGNPLSTIPPSRGVL-     101
SIVSMMH9  G--FI-F-G--RH--IGQSGGxNPLSTIPPxRGVL-     101
SIVSMMPBJ R--FI-F-G--RH--IGQSGGGNPLSTIPPSRGVL-     101
SIVSTM    R--FM-F-G--RH--IGQPGGGNPLATIPPTRGVL-     101
```

HIV-2 TAT

HIV2/SIV TAT

Two sequence subtypes, A and B, are currently recognizable among the HIV-2 sequences:
A sequences are the prototypical HIV-2s; UC-1 and D205 are representative of B sequences.
Further classification is anticipated.

```
                                                          <- vpR
CONSENSUS MEtpLkeqEsSLessnepsSctse?da?t?e?anlgeEiLsQLyrpleaC?N?cyCKkCcyhCQ?CFlkK     63
HIV2ROD   --TP-KAP-S--KSCNEPF-RTSEQDVATQELARQGE-I-S--YRPLET-N-SCY--R-CYH--M--LN-     70
HIV2NIHZ  --TP-KAP-S--ESCNEPS-RTSEQDVATQELARQGE-I-S--YRPLEA-T-SCY--K-CYD--L--LQ-     70
HIV2ISY   --TP-KAP-S--GSYNEPS-RTSEQDVATQELANQGE-I-S--YRPLET-N-KCF--G-CFH--L--LN-     70
HIV2ST    --TP-KAP-G--GSYNEPS-CTSEQDAAAQGLVSPGD-I-Y--YQPLEA-D-KCY--K-CYH--M--LN-     70
HIV2BEN   --TP-KAP-S--KPYNEPS-CTSERDVTAQELAKQGE-L-A--HRPLEP-T-KCY--R-SFH--L--SK-     70
HIV2CAM2  --TP-KEP-S--GSCNEPS-RTSGQDATTQELAKLGE-I-S--YQPLEE-D-SCY--R-CYH--L--LK-     70
HIV2D194  --TP-KEP-S--ESYNEPS-CTSERDVTAQERAKQGE-L-A--HRPLEA-T-SCY--Q-SYH--L--LK-     70
HIV2GH1   --TH-KAP-S--ESYNEPS-CTSEQGVTAQELAKQGE-L-S--HRPLEA-T-SCY--Q-SFH--L--LK-     70
HIV2D205  --IP-QEQ-S--KSSNEPS-STSEPVVNTQGLDNQGE-I-S--YRPLKA-D-TCY--K-CYH--L--LK-     70
HIV2UC1   --IP-QEQ-S--KSSSEPS-STSEPVVNTQGSDNQGE-I-S--YRPLEA-D-KCY--K-CYH--L--LK-     70
SIVMM251  --TP-REQ-N--ESSNERS-CILEADATTPESANLGE-I-S--YRPLEA-Y-TCY--K-CYH--F--LK-     70
SIVMM32H  --TP-REQ-N--ESSNERS-CISEADATTPESANLGE-I-S--YRPLEA-Y-TCY--K-CYH--F--LK-     70
SIVMM1A11 --TP-REQ-N--ESSSGHS-CTSEAAASTPELANLGE-I-S--YRPLEA-Y-TCY--K-CYH--F--LK-     70
SIVMM142  --TP-REQ-N--ESSNERS-YISEAAAAIPESANLGE-I-S--YRPLEA-Y-TCY--K-CYH--F--LK-     70
SIVMMP11  --TP-REQ-N--ESSNERS-CILEADATTPESANLGE-I-S--YRPLEA-Y-TCY--K-CYH--F--LK-     70
SIVMM239  --TP-REQ-N--ESSNERS-CISEADASTPESANLGE-I-S--YRPLEA-Y-TCY--K-CYH--F--LK-     70
SIVMNE    --TP-REQ-N--KSSNGRS-CTSEAAAPTLESANLEE-I-S--YRPLEE-Y-TCY--K-CYH--F--LK-     70
SIVSMMH4  --TP-KEQ-N--ESCREHS-SISEVDVPTPESANLEE-I-S--YRPLEA-Y-KCY--R-CYH--H--LK-     70
SIVSMMH9  --TP-KEQ-S--ESSREHS-SISEVDADTPESASLEx-I-S--YRxVEA-Y-KxY--K-CYH--H--xK-     70
SIVSMMPBJ --TP-KEQ-S--ESSREHS-SISEVDADTPESASLEE-I-S--YRPLEA-Y-KCY--R-CYH--H--LK-     70
SIVSTM    --TP-KEQ-S--RSSSEPS-CTSEAVAATPGLANQEE-I-W--YRPLEE-C-KCF--K-CYH--L--VT-     70

      rev cds ->                exon \/ exon
CONSENSUS GLGIcYe????RrRtpkkaKa??ssasd?ksis?rtr?sQp?K?qK?tve??v?t?pglgr*    108
HIV2ROD   ----C-ERKGR-R-TPKKT-THPSPTPD.KSISTRTGDS-PT-KQ-KTVEATVETDTGPGR-    130
HIV2NIHZ  ----W-DRKGR-R-TPKKT-AHPSSASD.KSISTRTRNS-PE-KQ-KTLEATVETDLGLGR-    130
HIV2ISY   ----C-DRKGR-R-SPKKT-AHSSPASD.KSISTRTGNS-TE-KQ-KTLGTTLEADPGLGR-    130
HIV2ST    ----W-ERKGR-R-TPKKT-AHSSSASD.KSISTRTGNS-PE-KQ-KTLETALETIGGPGR-    130
HIV2BEN   ----S-ERKGR-R-TPRKT-TPSPSAPD.KSISTRTGDS-PT-EQ-KTSEATVVTTCGLGQ-    130
HIV2CAM2  ----C-DRKGR-R-TPKKA-AHSSSASD.KSISTRTRNS-PA-KQ-KTLEATVETDPGLGR-    130
HIV2D194  ----W-ARQGR-R-TPRKT-THPPPASD.KSISTRTGDS-PT-KQ-KTPETTVVSACGLGH-    130
HIV2GH1   ----W-ARKSR-R-TPRKT-THSSSASD.KSISTRTGDS-PT-EQ-KTTETTMVTTCSLGR-    130
HIV2D205  ----C-DRS..-R-SAKRA-TTAPSAPD.KSLSARTGDS-PT-KQ-KEVETTGTTDPGPGR-    128
HIV2UC1   ----W-DHS..-K-SSKRA-VTASSASD.ESLSANTGDS-PT-KQ-TKVETKGLTDLGPGR-    128
SIVMM251  ----C-EQSRK-R-TPKKA-ANTSSASN.KLIPNRTRHC-PE-AK-ETVEKAVATAPGLGR-    130
SIVMM32H  ----C-EQSRK-R-TPKKA-ANTSSASNNRPISNRTRHC-PE-AK-ETVEKAVATAPGLGR-    131
SIVMM1A11 ----C-EQSRK-R-TPKKA-ANTSSASNNRPISNRTRHC-PE-AK-ETVEKAVATAPGLGR-    131
SIVMM142  ----S-EKSHR-R-TPKKA-ANTSSASN.EPIPNRIRLC-PK-AK-ETVEAAVATAPGLGR-    130
SIVMMP11  ----C-EQSRK-R-TPKKA-ANTSSASN.KLIPNRTRHC-PE-AK-ETVEKAVATAPGLGR-    130
SIVMM239  ----C-EQSRK-R-TPKKA-ANTSSASN.KPISNRTRHC-PE-AK-ETVEKAVATAPGLGR-    130
SIVMNE    ----C-EQSRR-R-TPKKA-ANTSSASN.KPISDRTRHC-PK-EQ-ETVEAAVATAPGLGR-    130
SIVSMMH4  ----C-EQ.H.-R-TPKKT-ANPFPASN.KSLSTRARNR-PK-EK-ETVETEVAADLGLGR-    128
SIVSMMH9  ----C-EQQ..-R-TPKKT-ANTFSASD.KSLxxRARNC-PK-EK-ETVExEVATDLGLxR-    128
SIVSMMPBJ ----C-EQQ..-R-TPKKT-ANTSSASD.KSLSRRARNC-PK-EK-ETVEAEVATDLGLGR-    128
SIVSTM    ----T-ERS..-R-VKKKA-TYPISASNNRSLSTRARNS-PK-EQ-KEVETEVESTPGLGK-    129
```

HIV2/SIV REV

Two sequence subtypes, A and B, are currently recognizable among HIV-2 sequences: A sequences are the prototypical HIV-2s; UC-1 and D205 are representative of the B sequences. Further classification is anticipated.

```
                                exon \/ exon
CONSENSUS Ms????eeelr?rLRLihlLHQt?npYp?gpGtAnQRRnrrRRwrrrw?qllAlAdriysfpdpPtdtPL     62
HIV2ROD   -NERADEEGLQRK---IRL---T.NP-PQGP-T-S---NRR--WKQRWRQIL-L-DSIYTFPDP-ADS--     69
HIV2NIHZ  -TERADEEGLQRK---IRL---T.NP-PQGP-T-S---NRR--WKQRWRQIL-L-DSIYTFPDP-ADS--     69
HIV2ISY   -TERADEEGVRRK---IRL---T.NP-PQGL-T-R---NRR--WERRWKQIL-L-DRIYTFPDP-ADP--     69
HIV2ST    -NERAEEEELRRK---IRL---T.NP-PQGP-T-S---NRR--WKQRWRQLV-L-DKIYTFPDP-ADS--     69
HIV2BEN   -SERADEEGLQGK---LRL---T.NP-PQGP-T-S---NRR--RRRQWLRLV-L-NKLCAVPDP-TDS--     69
HIV2CAM2  -TERADEEGLQRK---IRL---T.NP-PQGP-T-S---NRR--WRQRWRQIL-L-DRIYTFPDP-ADP--     69
HIV2D194  -RDRADEEGLQEK---IRL---I.NP-PHGQ-T-S---NRR--RRRQWFRLV-L-TKLHTIPDP-TDS--     69
HIV2GH1   -HEKADGEELQER---IRL---T.NP-PHGP-T-S---NRR--QRRRWLRLV-L-DKLYTFPDP-TDS--     69
HIV2D205  -TAR..EGDLQKE---LHL---T.NP-PQGP-T-S---NRR--WKRRGLQIL-L-DRIHSFSTA-AEE--     67
HIV2UC1   -TTR..EKDLQKG---LHL---T.NP-PQTP-T-S---NRR--WKRRGLQIL-L-DRIRSLSDS-TEE--     67
SIVMM251  -SSHEREEELRKR---IHL---T.NS-PTGP-T-N---QRR--WRRRWQQLL-L-DRIYSFPDP-TDT--     69
SIVMM32H  -SSHEREEELRKR---IHL---TTDP-PTGP-T-N---QRR--WRRRWQQLL-L-DRIYSFPDP-TDT--     70
SIVMM1A11 -SSHEREEELRKR---IHL---TIDP-PTGP-T-N---QRR--WRRRWQQLL-L-DRIYSFPDP-TDT--     70
SIVMM142  -RSHTGEEELRRR---IHL---T.NP-PTGS-S-N---QKR--WRQRWQQLL-L-DRIYSFPDP-TDT--     69
SIVMMP11  -SSHEREEELRKR---IHL---T.NS-PTGP-T-N---QRR--WRRRWQQLL-L-DRIYSFPDP-TDT--     69
SIVMM239  -SNHEREEELRKR---IHL---T.NP-PTGP-T-N---QRK--WRRRWQQLL-L-DRIYSFPDP-TDT--     69
SIVMNE    -SSHAEEEELRRR---IHL---T.NP-PTGP-T-N---NRR--WRQRWQQLL-L-DRIYSFPDP-TNT--     69
SIVSMMH4  -SS.T.EEELRRR---IHF---T.NP-PQGP-T-N---RRR--WRQRWQQIL-L-DRIYSFPDP-VDT--     67
SIVSMM9   -SSN..EEELRRR---IHF---T.NP-xxGP-T-N---RRR--WxQRWQQIL-x-DRIYSFPDP-ADT--     67
SIVSMMPBJ -SSN..EEELRRR---IHL---T.NP-PDGP-T-N---RRR--WRQRWQQIL-L-DRIYSFPDP-VDT--     67
SIVSTM    -SDQ..EEELRKR---IQF---TTDP-PQGP-T-N---NRR--WRQRWNQLL-L-NRIYSFPDP-AST--     68

CONSENSUS dlaiQqLQ?L?ie?lPdPPtn?pe?l????????spq??ae??RS?PS???G??R?SCE?R???M??SQ?    101
HIV2ROD   DQTI-H--G-TIQEL-D--THLPES..........QRLAET*                               100
HIV2NIHZ  DRAI-H--G-TIQDL-D--TNLPES....PESTNSNQRLAEA*                              107
HIV2ISY   DQTI-Q--G-TIQTL-D--TT.............QRLAET*                                  96
HIV2ST    EQTI-H--G-TIQEL-D--TNLPES....SESIDSSQRLAEI*                              107
HIV2BEN   DRAI-H--R-TIQEL-D--TDLPES........NSNQGLAET*                              103
HIV2CAM2  DRTI-H--E-TIQDL-D--THPPES..........QRLAEA*                               100
HIV2D194  DRAI-Q--G-TIQEL-D--TDLPES........NSNQGLAET*                              103
HIV2GH1   DRAI-D--R-TIHEL-D--TDLPES........NSNQGLAET*                              103
HIV2D205  NLAI-R--N-TVEDL-N--PNLNQSPTTQAPGCVPPVWDQLVP--A--GSK-YG-N---C-RDL-GG--E  137
HIV2UC1   DLAV-R--E-TVEDL-N--TSTP...TAQAFTCIPPVWDQLVP--N--SNE-CE-D---H-KSP-ES--K  134
SIVMM251  DLAI-Q--N-AIESI-D--TNTPEALCDPTKGSRSPQD*                                 107
SIVMM32H  DLAI-Q--N-AIESI-D--TNTPEALCGPTENSRSPQD*                                 108
SIVMM1A11 DLAI-Q--N-AIESI-D--TNTPEALCDPTKDSRSPQD*                                 108
SIVMM142  DLAI-Q--N-AIESI-D--TNIPEALCDPTENSRSPQA*                                 107
SIVMMP11  DLAI-Q--N-AIESI-D--TNTPEALCDPTKDSRSPQD*                                 107
SIVMM239  DLAI-Q--N-AIESI-D--TNTPEALCDPTEDSRSPQD*                                 107
SIVMNE    DLVI-Q--N-AIESI-D--TNIPEILHDPTENPRSPQD*                                 107
SIVSMMH4  DLAI-Q--G-AIEEL-D--TSAPEPLNDVAK...SP*                                   100
SIVSMM9   DLAI-Q--G-AIExL-N--ASAPEPLKDAAE...SP*                                   100
SIVSMMPBJ DLAI-Q--R-AIEEL-N--ASAPEPLKDAAE...SP*                                   100
SIVSTM    DLAV-Q--G-SIQDL-D--PNLPKDL..........QDTAEN*                              100
```

HIV-2 REV

```
CONSENSUS ???SNHRDPQE?QTRT*     113
HIV2ROD
HIV2NIHZ
HIV2ISY
HIV2ST
HIV2BEN
HIV2CAM2
HIV2D194
HIV2GH1
HIV2D205  SGE--------N-----     153
HIV2UC1   DSG--------D-----     150
SIVMM251
SIVMM32H
SIVMM1A11
SIVMM142
SIVMMP11
SIVMM239
SIVMNE
SIVSMMH4
SIVSMM9
SIVSMMPBJ
SIVSTM
```

HIV2/SIV ENV

Two sequence subtypes, A and B, are currently recognizable among HIV-2 sequences: the A subtype includes prototypical HIV-2s; UC-1 and D205 are representative B sequences. Further classification is anticipated. Cysteine residues are annotated below with an asterisk, * . Potential N-linked glycosylation sites are shown with ^^^ ; these annotated sites may not pertain to every sequence at that position.

```
                                  *                ^^^    *           *
CONSENSUS M?c?gnqLliaill?sa?giyc???qyVTVFYGvPaWrNAtiPLfCaTkNRDTWGTtQClPDNdDYsEia     63
HIV2ROD   -.M..NQ-LIAILLASACLVYCT..QY------V-T-K--TI--F-A-R-------I--L---D--Q-IT     65
HIV2NIHZ  -KGSKNQ-LIAIVLASAYLIHCK..QF------I-A-R--SI--F-A-K-------I--L---D--Q-IT     68
HIV2ISYR  -.SGKIQ-LVAFLLTSACLIYCT..KY------V-V-K--SI--F-A-K-------I--L---D--Q-IP     67
HIV2ST    -.CGRNQ-FVASLLASACLIYCV..QY------V-V-R--SI--F-A-K-------I--L---D--Q-IA     67
HIV2BEN   -EPGRNQ-FVVILLTSACLVYCS..QY------I-A-K--SI--F-A-K-------I--L---D--Q-II     68
HIV2CAM2  -ERGRNQ-LIAILLASACLIYCRQ.QY------V-A-K--SI--F-A-K-------I--L---D--Q-IP     69
HIV2D194  -EPGRNQ-LVAILLTSACLIYCK..QY------I-A-R--SI--F-A-K-------I--L---D--Q-IT     68
HIV2GH1   -.CGKSL-CVASLLASAYLVYCT..QY------V-V-R--SI--F-A-K-------I--K---D--Q-IT     67
HIV2D205  -AYFSSR-PIALLLIGISGFVCK..QY------I-A-R--TV--I-A-T-------V--L---G--T-IR     68
HIV2UC1   -AHTSNH-FILLLLISVYGFLGHKKNY------I-A-R--TV--F-A-T-------V--L---G--T-IS     70
SIVMM251  -GCLGNQ-LIAILLLSVYGIYCT..QY------V-A-R--TI--F-A-K-------T--L---G--S-LA     68
SIVMM32H  -GCLGNQ-LIAILLLSVYGIYCT..QY------V-A-R--TI--F-A-E-------T--L---G--S-LA     68
SIVMM1A11 -GCLGNQ-LIAILLLSVYGIYCT..LY------V-A-R--TI--F-A-K-------T--L---G--S-LA     68
SIVMM142  -GCLGNQ-LIAILLLSVYGIYCI..QY------V-A-R--TI--F-A-K-------T--L---D--S-LA     68
SIVMM239  -GCLGNQ-LIAILLLSVYGIYCT..LY------V-A-R--TI--F-A-K-------T--L---G--S-VA     68
SIVMNE    -GCLGNQ-LIAILFLSAYGIYCI..QY------V-A-R--TI--F-V-R-------T--L---D--S-LA     68
SIVSMMH4  -GCLGNQ-LIALLLVSVLEICCV..QY------V-A-K--TI--F-A-K-------T--L---D--S-LA     68
SIVSMMH9  -GCLGNQ-LIALSLxSASGIYCV..QY------V-A-R--TV--F-A-R-------T--L---G--S-LA     68
SIVSMMPBJ -GCLGNQ-LIALLLLSASGIYCV..QY------I-A-R--TV--F-A-K-------T--L---G--S-LA     68
SIVSTM    -ACPGNQ-LIAILLLSACLTYCT..QY------V-A-R--TI--F-A-K-------T--L---G--S-LA     68

           ^^^      ^^^                     *      *    *
CONSENSUS lNvTEaFDAW?NtvTeQAieDVW?LFETSIKPCVKLtPLC?aMrC????????Nks?????????????    108
HIV2ROD   L-V--A----N-TV-E--IE---H----------T---VA-K-SSTESSTG-NT.............    121
HIV2NIHZ  L-V--A----N-TV-E--VE---N----------T---VA-N-TR......-MT.............    118
HIV2ISYR  L-V--A----D-IV-E--VE---N----------T---VT-N-........-AS.............    115
HIV2ST    L-V--A----N-TV-E--VE---S----------T---VA-R........-ST.............    115
HIV2BEN   L-V--A----N-TV-E--VE---H----------T---VA-N-SRVQG...-TT.........TPNP.    125
HIV2CAM2  L-V--A----D-TI-E--IE---N----------T---VA-K-........-IS.............    117
HIV2D194  L-V--A----D-TV-E--IE---R----------T---VA-N-........-IT.............    116
HIV2GH1   L-V--A----D-TV-E--VE---S----------T---VA-S-........-ST.............    115
HIV2D205  L-I--A----D-TV-Q--VD---R----------T---VA-N-SKTETNPG-AS.............    124
HIV2UC1   V-I--A----N-TV-E--VD---S----------T---VA-R-NNTGT...-TT.............    123
SIVMM251  L-V--S----E-TV-E--IE---Q----------S---IT-R-........-KSETDRWGLTKSS...    127
SIVMM32H  L-V--S----E-TV-E--IE---Q----------S---IT-R-........-KSETDKWGLTKSL...    127
SIVMM1A11 L-V--S----E-TV-E--IE---Q----------T---IT-R-........-KSETDRWGLTKSS...    127
SIVMM142  L-V--S----E-TV-E--IE---Q----------S---IT-R-........-KSETDKWGLTKSS...    127
SIVMM239  L-V--S----N-TV-E--IE---Q----------S---IT-R-........-KSETDRWGLTKSI...    127
SIVMNE    L-I--S----E-TV-E--IE---H----------T---IT-K-........-KSETDKWGLTKSS...    127
SIVSMMH4  I-V--A----D-TV-E--IE---N----------T---IA-R-........-KTETDRWGLTGNA...    127
SIVSMMH9  I-V--A----D-TV-E--IE---N----------T---IT-R-........-KSExxRWGLTGxPAPT    130
SIVSMMPBJ I-V--A----D-TV-E--IE---N----------T---IT-R-........-KSETDRWGLTGTPAPT    130
SIVSTM    I-V--A----D-TV-E--IE---N----------T---IA-R-........-KNETDKWGLTGKT...    127
```

HIV-2 ENV

```
                                        *     ^*^          *  ^^^          ^^^
CONSENSUS ????tttt??t?tt??????????inetspci??dnCtGle?E?m??CkFnMtGL?rDkkkeYnetWYs?   153
HIV2ROD   ...TSKSTSTTTTTPTD...QEQEISEDTPCARADN-S-LGE-ETIN-Q-N-T--ER-KKKQ-NET--SK   185
HIV2NIHZ  .....TWTGRTDTQ......NITIINDTSH.ARADN-T-LKE-EMID-Q-S-T--ER-KRKQ-TEA--SK   176
HIV2ISYR  ....TESAVATTSPS.....GPDMINDTDPCIQLNN-S-LRE-DMVE-Q-N-T--EL-KKKQ-SET--SK   176
HIV2ST    ...TAKNTTSTPTTTTTA..NTT.IGENSSCIRTDN-T-LGE-EMVD-Q-N-T--ER-KKKL-NET--SK   179
HIV2BEN   .....RTSSSTTSRPPTS..AASIINETSNCIENNT-A-LGY-EMMQ-E-N-K--EQ-KKRR-KDT--LE   188
HIV2CAM2  ...TSDTTMIRTTTPSTA..KEAPISDNSPCIRTNN-S-LEE-KIVK-H-N-T--ER-KKKQ-NET--SS   182
HIV2D194  .....SGTTATPSPP.....NITIIDENSTCIGDNN-T-LGK-EVVE-E-N-T--EQ-KKRK-NDA--SR   176
HIV2GH1   ....TNNTTTTGSTT.....GMSEINETSPSY.SDN-T-LGK-EIVN-Q-Y-T--ER-KKKQ-NET--SK   175
HIV2D205  .....STTTTKPTTTSR...GLKTINETDPCIKNDS-T-LGE-EIMQ-N-S-T--RR-ELKQ-KDT--SE   186
HIV2UC1   .....TKPITTPITTTKP..SENLLNDTSPCIKNDT-P-IGL-NTVD-Y-N-T--RR-EKKQ-KDT--EK   186
SIVMM251  ....TTITTAAPTSAPVS.EKIDMVNETSSCIAQNN-T-LEQ-QMIS-K-T-T--KR-KTKE-NET--ST   192
SIVMM32H  ....TTTAPTAPTAAS....KIDMVNETSSCITHDN-T-LEQ-QMIG-K-N-T--KR-KTKE-NET--ST   189
SIVMM1A11 ....TTTT.AAPKAMSE...KINMINETSSCIVHDN-T-LEQ-QMIG-K-N-T--KR-KKKE-NET--SA   189
SIVMM142  ....TTTASTTTTTTAKSVETRDIVNETSPCVVHDN-T-LEQ-PMIS-K-N-T--KR-KKKE-NET--SA   193
SIVMM239  ....TTTASTTSTTASA...KVDMVNETSSCIAQDN-T-LEQ-QMIS-K-N-T--KR-KKKE-NET--SA   190
SIVMNE    ....TTTAPTAIPTKAE...AIKVVNENSPCINHDN-T-LEQ-PMIS-K-N-T--KR-KRRE-NET--SA   190
SIVSMMH4  ...GTTTTAITTTATPSV..AENVINESNPCIKNNS-A-LEQ-PMIG-K-N-T--NR-KKKE-NET--SR   192
SIVSMMH9  TTQTSTTPP.....SPII..A.KVVNDSDPCIRSNN-T-LEQ-PMVS-K-N-T--KR-KKRE-NET--SR   192
SIVSMMPBJ TTQTTTTQASTTPTSPI...TAKVVNDSDPCIKINN-T-LEQ-PMVS-K-N-T--KR-KKRE-NET--SR   197
SIVSTM    ....VTTVTPTAAAAAT...KPELVNETSSCVSNNN-T-LEE-SLVG-K-N-T--KR-KKRE-NET--SS   190

             *       ^^^          *     *^^^      *              *           *^^^^^^^     ^
CONSENSUS DlvCeq????N?t?????esrCYmnhCNTsvIqEsCDKhYWDairfRYCAPPGyalLRCNDtnYsGF?Pn   212
HIV2ROD   -VV-ET...N-ST....NQTQ--MNH---SV-T-S---H---AIRF-------YAL-----TN-S--A-N   248
HIV2NIHZ  -VV-D.....-NT...SSQSK--MNH---SV-T-S---H---AMRF-------FAL-----TN-S--A-N   238
HIV2ISYR  -VV-ES...D-ST....DRKR--MNH---SV-T-S---H---AMRF-------FVL-----TN-S--E-N   239
HIV2ST    -VV-ES....-DT...KKEKT--MNH---SV-T-S---H---TMRF-------FAL-----TN-S--E-N   242
HIV2BEN   -VV-D.....-TT.....AGT--MRH---SI-K-S---H---AMRF-------FAL-----TN-S--E-K   248
HIV2CAM2  -VV-D.....-STDQTTNETT--MNH---SV-T-S---H---AMRF-------FAI-----TK-S--A-N   247
HIV2D194  -VV-DK...T-GT......GT--MRH---SV-K-S---H---AMKF-------FAL-----TN-S--E-K   237
HIV2GH1   -VV-ES....-NT..KDGKNR--MNH---SV-T-S---H---AIKF-------YAL-----TN-S--E-K   239
HIV2D205  -LE-.......-NT..RKYTSR--IRT---TI-Q-S---H---SLRF-------FFL-----TN-S--M-N   248
HIV2UC1   -LE-N....G-ST.....STI--MRT---SV-Q-S---H---SLRF-------YAL-----TN-S--M-K   247
SIVMM251  -LV-EQ...G-ST...DNESR--MNH---SV-Q-S---H---TIRF-------YAL-----TN-S--M-K   256
SIVMM32H  -LV-EQ...G-ST...DNESR--MNH---SI-Q-S---H---TIRF-------YAL-----TN-S--M-K   253
SIVMM1A11 -LV-EQ...G-ST...GNESR--MNH---SV-Q-S---H---AIRF-------YAL-----TN-S--M-K   253
SIVMM142  -LV-EQ...G-ST...GNESR--MNH---SV-Q-C---D---AIRC-------YAL-----TN-S--M-N   257
SIVMM239  -LV-EQ...G-NT...GNESR--MNH---SV-Q-S---H---AIRF-------YAL-----TN-S--M-K   254
SIVMNE    -LV-EQ...G-ST...ENESR--MNH---SV-Q-S---H---AIRF-------YAL-----TN-S--M-N   254
SIVSMMH4  -LI-EQS..A-ES.....ESK--MHH---SV-Q-S---H---AIRF-------YAL-----SN-L--A-N   255
SIVSMMH9  -LV-EQNSNG-ET.....DSK--MNH---SV-Q-S---H---AIRx-------YAL-----TN-S--A-N   257
SIVSMMPBJ -LV-EQN..S-ET.....DSK--MNH---SV-Q-S---H---AIRF-------YAL-----SN-S--A-N   260
SIVSTM    -LI-EQ....-VT...GEESR--MRH---SV-Q-S---H---ALRF-------YAL-----TN-T--A-N   253

                                                                  <-      "V3" loop
          *^      *                ^^^   ^^^         ^^^         ^^^  *    ^^^
CONSENSUS CsKVVvssCTRMMETQtSTWfgFNGTRaENRTYiYWHgrdNRTIISLNkyyNLtm?CrRPgNKtVlp?ti   280
HIV2ROD   -S---AST--------T---FG-----A-----I---GRD--------KYY--SLH-K--G--I-KQIML   318
HIV2NIHZ  -S---AAT--------T---FG-----A-----I---GKD--------NFY--TMH-K--G--T-LPITF   308
HIV2ISYR  -S---AST--------T---LG-----A-----I---GRD--------KYY--TIL-R--G--T-VPITL   309
HIV2ST    -S---AAT--------T---FG-----A-----I---GRD--------KFY--TVH-K--G--T-VPITL   312
HIV2BEN   -T---AAS--------T---FG-----A-----I---GRD--------KYY--TMR-K--G--T-LPITL   318
HIV2CAM2  -S---AST--------T---FG-----A-----I---GKD--------KHY--SMY-R--G--T-VPITL   317
HIV2D194  -S---AAS--------T---FG-----A-----I---GKD--------KYY--TMH-K--G--T-VPITL   307
HIV2GH1   -S---AST--------T---FG-----A-----I---GRD--------KYY--SIH-K--G--T-VPITL   309
HIV2D205  -S---ASS--------S---FG-----A-----I---EKD--------TYY--SIH-K--G--T-VPIRT   318
HIV2UC1   -S---VSS--------T---FG-----T-----M---SKD--------KYY--TMH-R--G--T-IPITI   317
SIVMM251  -S---VSS--------T---FG-----A-----I---GRD--------KYY--TMK-R--G--T-LPVTI   326
SIVMM32H  -S---VSS--------T---FG-----A-----I---GRD--------KYY--TMK-R--G--T-LPVTI   323
SIVMM1A11 -S---VSS--------T---FG-----A-----I---GRD--------KYY--TIK-R--G--T-LPVTI   323
SIVMM142  -S---VSS--------T---FR-----A-----I---GRD--------KHY--TMK-R--G--T-LPVTI   327
SIVMM239  -S---VSS--------T---FG-----A-----I---GRD--------KYY--TMK-R--G--T-LPVTI   324
SIVMNE    -S---VSS--------T---FG-----A-----I---SKD--------KYY--TMK-R--G--T-LPVTI   324
SIVSMMH4  -S---VSS--------T---FG-----A-----I---GKS--------KYY--TMR-R--E--T-LPVTI   325
SIVSMMH9  -T---VSS--------T---FG-----A-----I---xRS--------KYx--TMR-R--G--T-LPVTI   327
SIVSMMPBJ -T---VSS--------T---FG-----A-----I---GRS--------KYY--TMR-R--G--T-LPVTI   330
SIVSTM    -S---VSS--------T---FG-----A-----I---GRD--------KYY--TMS-R--G--T-LPVTI   323
```

```
                "V3" loop       ->*                                  ^^^
CONSENSUS mSglvFHS??qpi?N?rPkQAWCwF?G?WkeAi?EvKqtlvkHPRY?G??tN?t???kinltapggg?DP    335
HIV2ROD   M-GHV---HYQPI.-KR-R----W-K-K-KD-MQ-V-ETLAK----R-..T-DTR..NISFAAPGKGS--    383
HIV2NIHZ  M-GFK---..QPVI-KK-R----W-E-Q-KE-MQ-V-ETLAK----K-...-RSRTENIKFKAPGRGS--    373
HIV2ISYR  M-GRR---..QKII-KK-R----R-K-E-RE-MQ-V-QTLVK----K-..T-DTN..KINFTAPGKDS--    373
HIV2ST    M-GLV---..QPI.-RR-R----W-K-E-KE-MK-V-LTLAK----K-..T-DTE..KIRFIAPGERS--    375
HIV2BEN   M-GLV---..QPI.-TR-R----R-G-R-RE-MQ-V-QTLVQ----K-..I-DTG..KINFTKPGAGS--    381
HIV2CAM2  M-GQR---..RPII-KR-R----W-K-N-TE-MQ-V-QTLAE----K-.TK-IT...DITFKAPERGS--    381
HIV2D194  M-GRR---..RPVY-KK-G----W-Q-N-IE-MR-V-QTLAK----G-..T-DTG..KINFTKPGIGS--    371
HIV2GH1   M-GLV---..QPI.-TR-R----W-K-K-RE-MQ-V-QTLIK----K-..T-DTK..NINFTKPGRGS--    372
HIV2D205  V-GLL---..QPI.-KR-R----W-K-N-TE-IK-V-RTIIK----K-GAK-ITSV.KL.VSEHGKGS--    383
HIV2UC1   M-GLN---..QPL.-TR-R----W-K-N-IE-IR-V-ETIIK----K-..T-NTE..RIRLVGPSAGS--    380
SIVMM251  M-GLV---..QPI.-DR-K----W-G-K-KD-IK-V-QTIVK----T-..T-NTD..KINLTAPGGG.--    388
SIVMM32H  M-GLV---..QPI.-DR-K----W-G-N-KD-IK-M-QTIVK----T-..T-NTD..KINLTAPRGG.--    385
SIVMM1A11 M-QLV---..QPI.-DR-K----W-R-K-KD-IK-V-QTIVK----T-..T-NTD..KINLTAPGGG.--    385
SIVMM142  M-ALV---..QPV.-ER-K----R-G-N-KE-IK-V-QTIVK----T-..T-NSD..KINLTAPRGG.--    389
SIVMM239  M-GLV---..QPI.-DR-K----W-G-K-KD-IK-V-QTIVK----T-..T-NTD..KINLTAPGGG.--    386
SIVMNE    M-GLV---..QPI.-DR-K----R-E-N-KE-IK-V-QTIVK----T-..T-NTD..KINLTAPGGG.--    386
SIVSMMH4  M-GLV---..QPI.-ER-K----W-E-S-KK-IQ-V-ETLVK----T-..T-DTR..KINLTAPAGG.--    387
SIVSMMH9  M-GLV---..QPI.-ER-K----W-G-E-KE-IR-V-xxLVK----K-..T-xxx..QIKLTAPGGG.--    389
SIVSMMPBJ M-GLV---..QPI.-ER-K----W-G-E-KK-IQ-V-ETLVK----T-..T-KTE..QIKLTAPGGG.--    392
SIVSTM    M-GLV---..QPI.-ER-K----W-G-E-RG-IK-V-ETLVK----T-..T-DTA..KIRIVAPGGG.--    385

                  *       *              ^^^                          *
CONSENSUS EvtfMWtNCRGEflYC?M?WFLNWvE???n?t??????????????????rNYvpChIrQiiNTWHkVGknv    383
HIV2ROD   -VAY--T-----FL--N-T-----I-...NKT..............HR--AP-H-K-II----K--RNV    435
HIV2NIHZ  -VTY--T-----SL--N-T-----V-...NRTGQK...........QR--AP-R-R-II----R--KNL    428
HIV2ISYR  -VAY--T-----FL--N-T-----V-...NKTGQ............QH--VP-H-E-II----K--KNV    427
HIV2ST    -VAY--T-----FL--N-T-----V-...NRTNQT...........QH--VP-H-K-II----K--KNV    430
HIV2BEN   -VAF--T-----FL--N-T-----V-DK.NQT..............RR--..-H-K-II----K--KNV    433
HIV2CAM2  -VTY--S-----FF--N-T-----V-...NKPNTT...........KR--AP-H-R-II----K--KNV    436
HIV2D194  -VTY--T-----FL--N-T-----V-...NKTNQT...........HG--AP-H-R-II----K--TNV    426
HIV2GH1   -VAY--T-----FL--N-T-----V-...NRPNQT...........QH--AP-H-R-II----K--KNV    427
HIV2D205  -TTY--T-----FL--N-T-----V-...NKTNTT...........RR--AP-H-R-II----K--KNI    438
HIV2UC1   -VRH--T-----FF--N-T-----V-...NRTGTT...........QK--VT-H-K-IV----K--KYV    435
SIVMM251  -VTF--T-----FL--K-N-----V-DR.DVTT.......QRPKERHRR--VP-H-R-II----K--KNV    450
SIVMM32H  -VTF--T-----FL--K-N-----V-DR.DVTN.......QRPKERHRR--VP-H-R-II----K--KNV    447
SIVMM1A11 -VTF--T-----FL--K-N-----V-DR.NTAN.......QKPKEQHKR--VP-H-R-II----K--KNV    447
SIVMM142  -VTF--T-----FL--K-N-----V-DR.SLTT.......QKPKERHKR--VP-H-R-II----K--KNV    451
SIVMM239  -VTF--T-----FL--K-N-----V-DR.NTAN.......QKPKEQHKR--VP-H-R-II----K--KNV    448
SIVMNE    -VTF--T-----FL--K-N-----V-DK.NLTGTT.....QKPQERHKR--VP-H-R-II----K--RNV    450
SIVSMMH4  -VTF--T-----FL--K-N-----V-DRDQKGG...RWKQQNRKEQQKK--VP-H-R-II----K--KNV    454
SIVSMMH9  -VTF--T-----FL--K-N-----V-xIKNGS....RWTSQNQKERYQK--VP-H-x-II----K--KNV    455
SIVSMMPBJ -VTF--T-----FL--K-N-----V-NIQNGS....RWTSQNQKERQRR--VP-H-R-II----K--KNV    458
SIVSTM    -VTF--T-----FL--K-N-----I-...NRSTSEMRDWNKNKKEQQKR--VP-H-R-VI----K--KNV    452

                    *^^^              ^^^  ^^^                                SU \/TM ?
CONSENSUS yLPPReGdLtCnStVTSlIAnId?w?dgnqT??nItmSAevaELYRLELGDYKLvEiTPIgfAPT?vkRY    448
HIV2ROD   Y----E-E-S-N-T---I--N-D.WQNNNQ-..N-TF--EVA----------V-I---GF---KEK--    502
HIV2NIHZ  Y----E-E-T-N-T---I--N-D...AGDQ-..N-TF--EAA----------V-I---GF---SVK--    493
HIV2ISYR  Y----E-E-S-E-T---I--N-D.VDGDNR-..N-TF--EVA----------V-V---GF---AEK--    494
HIV2ST    Y----E-Q-T-N-T---I--N-D..GGENQ-..N-TF--EVA----------I-V---GF---PVK--    496
HIV2BEN   Y----E-E-A-E-T---I--N-D..IDKNR-HTN-TF--EVA----------I-I---GF---DQR--    501
HIV2CAM2  Y----E-E-T-N-T---I--N-D.ERD.NQ-T.N-TF--DVA----------V-I---GF---SQK--    503
HIV2D194  Y----E-E-T-N-T---I--N-D..SDGNQ-..N-TF--EVA----------I-V---PF---KEK--    492
HIV2GH1   Y----E-Q-T-N-T---I--N-D.VNS.NQ-..N-TF--EVA----------I-V---GF---REK--    493
HIV2D205  Y----E-E-S-N-T---L--N-N..SD.NS-T.N-SV--EVS----------V-I---GF---DVR--    504
HIV2UC1   Y----E-T-S-N-S---L--N-DVYYDGND-KTN-TM--EVG----------V-I---GF---EIK--    505
SIVMM251  Y----E-D-T-N-T---L--N-D.WTDGNQ-..S-TM--EVA----------V-I---GL---DVK--    517
SIVMM32H  Y----E-D-T-N-T---L--N-D.WTDGNQ-..N-TM--EVA----------V-I---GL---DVK--    514
SIVMM1A11 Y----E-D-T-I-T---L--N-D.WTDGNQ-..N-TM--EVA----------V-I---GL---NVR--    514
SIVMM142  Y----E-D-T-N-T---L--N-N.WTDGNQ-..S-TM--EVA----------V-I---GL---NVK--    518
SIVMM239  Y----E-D-T-N-T---L--N-D.WIDGNQ-..N-TM--EVA----------V-I---GL---DVK--    515
SIVMNE    Y----E-D-T-N-T---L--N-D.WIDGNQ-..N-TM--EVA----------V-I---GL---NVK--    517
SIVSMMH4  Y----E-D-T-N-T---L--E-D.WINSNE-..N-TM--EVA----------I-I---GL---SVR--    521
SIVSMMH9  x----E-D-T-N-T---L--E-D.WINGNK-..N-TM--EVA----------V-I---GF---SVK--    522
SIVSMMPBJ Y----E-D-T-N-T---L--E-D.WINGNE-..N-TM--EVA----------V-I---AF---SVK--    525
SIVSTM    Y----Q-D-T-N-T---I--N-D.WTNNNE-..N-TA--EVA----------V-I---GL---NVK--    519
```

HIV-2 ENV

```
CONSENSUS ?t???sRnkRGvfVLGFLGfLatAGsAMgaaSlTlsAQSRTLlaGIVQQQQqllDVVKRQQElLRLTVWG  514
HIV2ROD   SS.AHG-HT--VF------F-AT--S--GAA-L-VS------LA-------QLL--------L-------  571
HIV2NIHZ  SS.AHQ-HT--VF------F-AT--S--GAA-L-LS------LA-------QLL--------M-------  562
HIV2ISYR  SS.APG-HK--VL------F-TT--A--GAA-L-LS------FR-------QLL--------M-------  563
HIV2ST    SS.APV-NK--VF------F-TT--A--GAA-L-LS------LA-------QLL--------M-------  565
HIV2BEN   SS.TPV-NK--VF------F-AT--S--GAR-L-LS------LA-------QLL--------M-------  570
HIV2CAM2  SP.AHG-PK--AF------F-TT--V--GTA-L-LS------LA-------QLL--------L-------  572
HIV2D194  SS.APV-NK--VF------F-AT--S--GGA-L-LS------LA-------QLL--------M-------  561
HIV2GH1   SS.APV-NK--VF------F-AT--S--GAA-L-LS------LA-------QLL--------M-------  562
HIV2D205  SS.VKP-NK--VM------F-AM--S--GAT-L-LS------LA-------QPV--------L-------  573
HIV2UC1   SS.TTP-NK--VM------L-AM--S--GAT-L-LS------LA-------QLL--------L-------  574
SIVMM251  TTGGTS-NK--VF------F-AT--S--GAA-L-LT------LA-------QLL--------L-------  587
SIVMM32H  TTGGTS-NK--VF------F-AT--S--GAA-L-LT------LA-------QLL--------L-------  584
SIVMM1A11 TTGGTS-NK--VF------F-AT--S--GAA-L-LT------LA-------LLL--------L-------  584
SIVMM142  TTGGTS-NK--VF------F-AT--S--GAA-L-VT------LA-------QLL--------L-------  588
SIVMM239  TTGGTS-NK--VF------F-AT--S--GAA-L-LT------LA-------QLL--------L-------  585
SIVMNE    TTGGTS-NK--VF------F-AT--S--GAA-L-LT------LA-------QLL--------L-------  587
SIVSMMH4  TTTGAS-NK--VF------F-AT--S--GAA-V-LS------LA-------QLL--------L-------  591
SIVSMMH9  TTTGAS-NK--VF------F-AT--S--GAA-L-LS------LA-------QLL--------L-------  592
SIVSMMPBJ TTTGAS-NK--VF------F-AT--S--SAA-V-LS------LA-------QLL--------L-------  595
SIVSTM    TT.STS-TK--VF------F-AT--S--GAA-L-LT------LT-------QLL--------L-------  588

                                          *       *          ^^^        ^^^                ^^^
CONSENSUS tKnLQtRVtAIEKYLkdQAqlNsWGCAFRQVCHTtVPwpNdsLtPdWnNmtWQeWE?kv?fLeaNIt?lL  581
HIV2ROD   T-N--A--T------QD--RL-S-----------T--WV-DS-A-D-D-MT--E--KQVRY-EA--SKS-  641
HIV2NIHZ  T-N--A--T------KD--QL-S-----------S--WV-DT-T-D-N-MT--E--QKVRY-EA--SQS-  632
HIV2ISYR  T-N--A--T------AD--RL-S-----------T--WV-DT-T-E-N-MT--E--HKIRF-EA--SES-  633
HIV2ST    T-N--A--T------KD--QL-S-----------T--WV-DT-T-D-N-MT--E--QRIRN-EA--SES-  635
HIV2BEN   T-N--A--T------KH--QL-S-----------T--WV-DS-S-D-K-MT--E--KQVRY-EA--SQS-  640
HIV2CAM2  T-I--A--T------KD--QL-S-----------T--WA-ES-T-D-N-MT--E--QKVRY-EA--SQS-  642
HIV2D194  T-N--A--T------KD--QL-S-----------T--WV-DS-T-D-N-MT--E--KRVHY-EA--SQS-  631
HIV2GH1   T-N--A--T------KD--QL-S-----------T--WV-DS-S-D-N-MT--E--KQVRY-EA--SQS-  632
HIV2D205  T-N--A--T------KD--QL-S-----------T--WP-ET-T-N-N-MT--Q--KQVHF-DA--TAL-  643
HIV2UC1   T-N--T--T------KD--LL-S-----------T--WP-ET-T-D-E-MT--Q--KRVNF-DA--TAL-  644
SIVMM251  T-N--T--T------KD--QL-A-----------T--WP-AS-T-D-N-DT--E--RKVDF-EE--TAL-  657
SIVMM32H  T-N--T--T------KD--QL-A-----------T--WP-AS-T-D-N-DT--E--RKVDF-EE--TAL-  654
SIVMM1A11 T-N--T--T------KD--QL-A-----------T--WP-AS-T-K-N-ET--E--RKVDF-EE--TAL-  654
SIVMM142  T-N--T--S------KD--QL-A-----------T--WP-AS-T-D-N-ET--E--RKVDF-EA--TAL-  658
SIVMM239  T-N--T--T------KD--QL-A-----------T--WP-AS-T-K-N-ET--E--RKVDF-EE--TAL-  655
SIVMNE    T-N--T--T------KD--QL-A-----------T--WP-AN-T-N-N-ET--E--RKVDF-EE--TAL-  657
SIVSMMH4  T-N--T--T------KD--QL-S-----------T--WP-ET-V-N-N-MT--E--RQVDF-EA--TQL-  661
SIVSMMH9  T-N--T--T------KD--xx-S-----------x--WP-DT-T-x-N-Mx--E--KQVNF-EA--Txx-  662
SIVSMMPBJ A-N--T--T------KD--QL-S-----------T--RP-DT-T-N-N-MT--E--KQVNF-EA--TQS-  665
SIVSTM    T-N--T--T------KD--QL-S-----------T--WP-DS-V-D-N-MT--E--RKVDF-EA--TQL-

CONSENSUS EeAQiQQEkNmYELQKlNswDvfgNWfDltsWikYIqyGvyivvgvi?LRiviYivQmLarlRkGYRPVF  650
HIV2ROD   -Q--I---K-M-----L-SW-IFG--F-LTS-VK--QY-VLIIVAVIA--IVI-VV-M-SRL-K------  711
HIV2NIHZ  -Q--I---K-M-----L-SW-VFT--L-FTS-VR--QY-VYVVVGIVA--IVI-IV-M-SRL-K------  702
HIV2ISYR  -Q--I---K-M-----L-SW-VFG--F-LTS-IK--QY-VMIVVGIVA--IVI-VV-M-SRL-K------  703
HIV2ST    -Q--I---K-M-----L-SW-VFG--F-LTS-IK--QY-VYIVVGIIV--IVI-VV-M-SRL-K------  705
HIV2BEN   -E--I---K-M-----L-SW-ILG--F-LTS-VK--QY-VHIVVGIIA--IAI-VV-L-SRF-K------  710
HIV2CAM2  -E--L---K-M-----L-NW-VFT--F-LTS-IS--QY-VYIVVGIIV--IVI-VV-M-SRL-K------  712
HIV2D194  -Q--I---K-M-----L-SW-VFG--F-LTS-IK--QY-VYIVVGIIG--IAI-IV-L-SRL-K------  701
HIV2GH1   -Q--I---K-M-----L-SW-VFG--F-LTS-IK--QY-VYIVVGVIV--IAI-IV-L-SRL-K------  702
HIV2D205  -E--I---K-M-----I-SW-VFG--F-LTS-IK--HL-LYIVAGLVV--IVV-IV-M-ARL-K------  713
HIV2UC1   -E--I---R-M-----L-SW-VFG--F-FTS-MA--RL-LYVVAGLIV--IVI-IM-M-ARL-K------  714
SIVMM251  -E--I---K-M-----L-SW-VFG--F-LAS-IK--QY-IYVVVGVIL--IVI-IV-M-AKL-Q------  727
SIVMM32H  -E--I---K-M-----L-SW-VFG--F-LAS-IK--QY-VYIVVGVIL--IVI-IV-M-AKL-Q------  724
SIVMM1A11 -E--I---K-M-----L-SW-VFG--F-LAS-IK--QY-VYIVVGVIL--IVI-IV-M-AKL-Q------  724
SIVMM142  -E--I---K-M-----L-SW-VFG--F-LTS-IK--QY-IYIIVGVIL--IVI-IV-M-ARL-Q------  728
SIVMM239  -E--I---K-M-----L-SW-VFG--F-LAS-IK--QY-VYIVVGVIL--IVI-IV-M-AKL-Q------  725
SIVMNE    -E--I---K-M-----L-SW-VFG--F-LAS-IR--QY-VYIVVGVIL--IVI-IV-M-AKL-Q------  727
SIVSMMH4  -E--I---K-M-----L-SW-IFG--F-LTS-IR--QY-VLIVLGVIG--IVI-VV-M-ARL-Q------  731
SIVSMMH9  -E--I---x-M-----L-xx-xxG--x-LTx-IK--QY-VLIVLGVIG--IVI-VV-M-ARL-Q------  732
SIVSMMPBJ -E--I---K-T-----L-SW-IFG--F-LTS-IK--QY-VLIVLGVIG--IVI-VV-M-ARL-Q------  735
SIVSTM    -E--V---K-M-----L-SW-VFG--F-LTS-VR--QY-VYLVIGLVM--VAI-IM-L-ARL-K------  728
```

```
                  / early stop                    <- tat cds          *
CONSENSUS SSpP?y?qqihihkd??qPt?Egteedgg??gg??sWPwqieYihFLirqLirLLtwLys?cR?lLsr??   707
HIV2ROD   --P-GYIQQIHIHKDRGQ-AN-ETEEDGGSNGGDRY--WPIA-IH--IRQ-IR--TR-YSIC-DL-SRSF   781
HIV2NIHZ  --P-GYIQQIHIHKDQEQ-AR-ETEEDVGSNGGDRS--WPIA-IH--IRL-IR--TG-YNIC-DL-SRIS   772
HIV2ISYR  --P-GYIQQIHIHKDWEQ-DR-ETEEDVGNDVGSRS--WPIE-IH--IRL-IR--TR-YNSC-DL-SR..   771
HIV2ST    --P-AYFQQIHIHKDREQ-AR-ETEEDVGNSVGDNW--WPIR-IH--IRQ-IR--NR-YNIC-DL-SRSF   775
HIV2BEN   --P-GYLQQIHIHKDRGQ-AN-GTEEDVGGDSGYDL--WPIN-VQ--IHL-TR--IG-YNIC-DL-SKNS   780
HIV2CAM2  --S-GYIQQIHIHKDPEQ-AS-ETEEDVGGNGGDRS--WQIE-IH--IRQ-IR--TG-YNIC-NL-SRIF   782
HIV2D194  --P-GYLQQIHIHTDRGQ-AN-ETEEDAGDDSGFGL--WPLN-IQ--IHL-TR--TG-YNSC-GL-SKNS   771
HIV2GH1   --P-GYLQQIHIHTDRGQ-AN-GTEEDDRDDDGYDL -WPIN-IH--IHL-TR--TG-YKIC-DL-STNS   771
HIV2D205  --P-SYTQQIPIRKDRGQ-AN-ETEEGGGNDGDYRS--WQIE-IH--LRQ-RN--IW-YNGC-TL-LKTF   783
HIV2UC1   --P-SYTQQIPIRKHRGQ-AN-ETEDEGGNEGAYRS--WQIE-AH--IRQ-RN--IW-YNGC-NL-LKTS   784
SIVMM251  --P-SYFQ THTQQDPAL-TR-GKEGDGGEGGGNSS--WQIE-IH--IRQ-IR--TW-FSNC-TL-SRAY   796
SIVMM32H  --P-SYFQQTHIQQDPAL-TR-GKEGDGGEGGGNSS--WQIE-IH--IRQ-IR--TW-FSNC-TL-SRAY   794
SIVMM1A11 --P-SYFQ$THIQQDQAL-TR-GKEGDGGEGGGNSS--WQIE-IH--IRQ-IR--TW-FSNC-TL-SRVY   793
SIVMM142  --P-SYFQ THTQQDPAL-TK-GKKGDGGGSGGNSS--WQIE-IH--IRQ-IR--TW-FSNC-TL-SRAY   797
SIVMM239  --P-SYFQQTHIQQDPAL-TR-GKERDGGEGGGNSS--WQIE-IH--IRQ-IR--TW-FSNC-TL-SRVY   795
SIVMNE    --P-SYFQXTHIRQDQAL-TK-GTEGDGGGSGGNSS--WQIE-IH--IRQ-IR--TW-FSNC-TL-SRAY   797
SIVSMMH4  --P-AYVQQIPIHKGQEP-TK-GEEGDGGDRGGSRS--WQIE-IH--IRQ-IR--TW-FSSC-DW-LRSY   801
SIVSMMH9  --P-AxVxQIPIxTGQEL-TK-GEEGDGGxRGGNRS--xQIE-IH--IRQ-IR--TW-FSSC-DW-LRxC   802
SIVSMMPBJ --P-AYVQQIPIQTGQEL-TK-GEEGDGGGRGGNRS--WQIE-IH--IRQ-IR--TW-FSSC-DW-LRNC   805
SIVSTM    --P-SCRQQIPIHKGQEQ-TK-GTEEGGGDRGGINS--WQIE-TH--IRQ-VR--TW-YNNF-AC-SRIY   798

                          nef start ->
                               <- rev cds
                                        *
CONSENSUS qilqpi?q?ls??l?rirevlRl??ayLQYG??w?qEA?qa??r?arETlagawrdlwe?l?r?grgIlA   760
HIV2ROD   LTLQLIYQNL.......RDWL-LRTAF----CEWIQ--FQAAARATR--LAGACRGLWRVLERIGRG-L-   844
HIV2NIHZ  PILQPIFQSLQRALTAIRDWL-LKAAY----CEWIQ--FQALARTTR--LAGAGRDLWRALQRIGRG-L-   842
HIV2ISYR  ..LYLILQPL.......RDWL-LKAAY----CEWIQ--FQALARVTR--LTSAGRSLWGALGRIGRG-L-   832
HIV2ST    QTLQLISQSLRRALTAVRDWL-FNTAY----GEWIQ--FRAFARATG--LTNAWRGFWGTLGQIGRG-L-   845
HIV2BEN   PTRRLISQSL....TAIRDWL-LKAAQ----CEWIQ--FQAFARTTR--LAGAWGWLWEAARRIGRG-L-   846
HIV2CAM2  QTLQPILQNL.......RDWL-PKVAF----CEWIQ--FQAAARAAR--LAGACRDVWGMLQRIGRG-L-   845
HIV2D194  PTRRLISQSL....TAIRDWL-LKAAY----CEWIQ--FRAFARTAR--IAGAWRGLCEAAQRIGRG-L-   837
HIV2GH1   PTHRLISQNL....TAIRDWL-LKAAY----GEWIQ--FQAFAKTTR--LASAWGGLCAAVQRVGRG-L-   837
HIV2D205  QILHQISTNLQ........PL-LPVAY----ISWFQ--LRAAARATG--LASAGETLWEALRRAARA-I-   845
HIV2UC1   QILQPA...LQ........PL-LSLAY----ISWFQ--IQAATRAAR--LANTGRALWKALRRTAEA-I-   843
SIVMM251  QILQPILQRLSATLRRVREVL-TELTY----WSYFH--VQAGWRSAT--LAGAWRDLWETLRRGGRW-L-   866
SIVMM32H  QILQPILQRLSAALQRIREVL-TELTY----WSYFQ--VQVGWRSAT--LAGAWGDLWETLRRGGRW-L-   864
SIVMM1A11 QILQPILQRLSATLRRIREVL-TELTY----WNYFH--VQVDWRSAT--LAGAWGDL$EALRRGGRW-L-   862
SIVMM142  QILQPIFQRLSATLRRIREVL-LELTY----WSYFQ--VQAAQRSAT--LAGAWGELWEALQRGGRW-L-   867
SIVMM239  QILQPILQRLSATLQRIREVL-TELTY----WSYFH--VQAVWRSAT--LAGAWGDLWETLRRGGRW-L-   865
SIVMNE    QILQPIFQRFSTTLQRIREVL-TELTY----WSYFQ--VQVAWRSAT--LAGAWGDLWETLGRVGRW-L-   867
SIVSMMH4  QILQPVLQSLSTTLQRVREVI-IEIAY----WRYFQ--VQAWWKLAR--LASAWGDIWETLGRVGRG-L-   871
SIVSMMH9  QILQPVLQSLSRTLQRAREVI-VEITY----WRYLQ--AxxWWKFxR--LASAWRDLWETLGRVGRG-L-   872
SIVSMMPBJ QTLQPVLQSLSRTLQRAREVI-VQIAY----WRYLQ--AQAWWKFVR--LASAWRDLWETLGRVGRG-L-   875
SIVSTM    QTLHPTFQRISRILQRIREVV-LGAAY----CIWIQ--AQAAWRAAG--LASAGRDLWETLGRVGRR-G-   868

CONSENSUS iprRIRQGlEltLL*    774
HIV2ROD   VPR-----A-IA---    858
HIV2NIHZ  VPR-----A-LA---    856
HIV2ISYR  VPR-----A-IA---    846
HIV2ST    VPR-----A-IA---    859
HIV2BEN   VPR-----A-LA---    860
HIV2CAM2  VPR-----A-LA---    859
HIV2D194  VPR-----A-IA---    851
HIV2GH1   VPR-----A-IA---    851
HIV2D205  IPR-----L-LT---    859
HIV2UC1   IPR-----L-LA---    857
SIVMM251  IPR-----L-LT---    880
SIVMM32H  IPR-----L-LT---    878
SIVMM1A11 IPR-----L-LT---    876
SIVMM142  IPR-----L-LT---    881
SIVMM239  IPR-----L-LT---    879
SIVMNE    IPR-----L-LT---    881
SIVSMMH4  IPR-----L-LT---    885
SIVSMMH9  Ixx-----L-LT---    886
SIVSMMPBJ IPR-----L-LT---    889
SIVSTM    IPR-----L-LT---    882
```

HIV-2 NEF

HIV2/SIV NEF

Two sequence subtypes, A and B, are currently recognizable among HIV-2 sequences: A sequences are the prototypical HIV-2s; UC-1 and D205 are representative of the B sequences. Further classification is anticipated.

```
                                                                  <- env cds
CONSENSUS MG??gSkkrsk????LrerLLrargetygrl????e?gysqs?ggsgkgl?s?SCEgq?y?qg?fmntpw    53
HIV2ROD   --ASG-KKHSRPPRG-QER--RARAGACGGYWNESGGEYSRFQEGSDREQKSP---GRQYQQGDFMNTPW    70
HIV2NIHZ  --ASG-KKRSKPLQG-QER--QARGETCGGRCNESGGGYLQSHEGSGREQNSP---GQRYQQGDFVNTPW    70
HIV2ISY   --ASG-KKRSRPSRG-QER--RARGGACGGLWDESEGGYSQFHEGSGREQKLP---GQRYQQGDFMNTPW    70
HIV2ST    --ASG-KKRSEPSRG-RER--QTPGEASGGHWDKLGGEYLQSQEGSGRGQKSP---GRRYQQGDFMNTPW    70
HIV2BEN   --ASG-KKLSKHSRG-RER--RARGDGYGKQRDASGGEYSQFQEESGREQNSP---GQQYQQGEYMNSPW    70
HIV2CAM2  --ASG-KKRSRPLQG-QER--RARAGTCGECYNALEGESLRSQEGSDREQNSL---GQRYQQGDFMNTPW    70
HIV2D194  --ASG-KKRSEHSQG-RER--RARGGGYVKQRNASGGESSQSQEGSGREQKSP---GQQYQQGEFMNTPW    70
HIV2GH1   --ASG-KKHSKHSQR-RER--RAHGGGYVQQCNASGGEYSQSQEGSGKGQKSP---GQQYRQGDFMNTPW    70
HIV2D205  --SAG-KKRSERQQG-REK--RVPERPYGRLSGERREQSSRSPGESDKDLNSP---GQNARGAE......    64
HIV2UC1   --SAG-KKQSKQQRG-RER--RTQEEPYGKLSEGQRKQSSRSPGGSDKDLNSP---GRNAPRAE......    64
SIVMM251  --GAI-MRRSKPAGD-RQK--RARGETYGRLLGEVEDGSSQSLGGLGKGLSSR---GQKYNQGQYMNTPW    70
SIVMMP11  --GAI-MRRSKPTGD-RQK--RARGETYGRLLGEVEDGSSQSLGGLGKGLSSR---GQKYNQGQYMNTPW    70
SIVMM32H  --GAI-RRRSKSAGD-RQR--RARGETYGRLLGEVEDGYSQSLGGLDKGLSSL---GQKYNQGQYMNTPW    70
SIVMM1A11 --GTI-MRRSRSTGD-RQR--RARGETYERLLGEVEDGSSQSLGELDKGLSSL---GQKYNQEQYMNTPW    70
SIVMM142  --GAI-KKRSKPPRD-RQR--RARGENYGRLFKGVEDGSSQSLGGLDKGLSSL---GQKYNQGEYMNTPW    70
SIVMM239  --GAI-MRRSRPSGD-RQR--RARGETYGRLLGEVEDGYSQSPGGLDKGLSSL---GQKYNQGQYMNTPW    70
SIVMNE    --GAT-KRRSKSPGD-RQR--RARGETYGRLWEELEDGYSQSLGGSDKGSSLL---GQKYNQGQFMNTPW    70
SIVSMMH4  --GAI-KKQYKRGGN-RER--QARGETYGRLWEGLEEGYSQSLGASGKGLSSL---PQKYSEGQYMNTPW    70
SIVSMMH9  --GVT-KKQRxAGGN-xER--QARGETYGRLWEGLEGEYSQSxDASGKGLSSL---PQKYCEGQFMNTPW    70
SIVSMMPBJ --GVT-KKQRRRGGN-YER--QARGETYGRLWEGLEGEYSQSQDASGKGLSSL---PQKYCEGQFMNTPW    70
SIVSTM    --ASG-KKQRKQHGE-RER--RARGETYGKLLEGLGEGSGPSQGASDKGLNSH---PQRYNEGQFMNTPW    70

                                                                      LTR ->
CONSENSUS rnpa?e??kl?yrqQnmDdvD?eDddlvgvpv??prvPlR?mtyklAiDmShfIKekgGLeGiyYs?rRh    114
HIV2ROD   KDPAAEREKNLYRQ-NM-DV-SD-DDQVRVSV.TPKV-L-PMTHRL-I-M-HL--TRG--E-MF-SER-H    139
HIV2NIHZ  RTPAAEREKELYKQ-NM-DV-LD-DDQVGFPV.TPRV-L-PMTFKL-V-M-HF--EKG--E-LF-SQR-H    139
HIV2ISY   RTPATEKEKESYRQ-NM-DV-SD-DDLVGVSD.TSRV-L-AMTYRM-V-M-DL--DKG--E-MY-SER-H    139
HIV2ST    RAPA.EGEKGSYKQ-NM-DV-SD-DDLVGVPV.TPRV-L-EMTYRL-R-M-HL--EKG--E-LY-SDR-R    138
HIV2BEN   RNPATERQKDLYRQ-NM-DV-SD-DDLIGVPV.TPRV-R-EMTYKL-I-M-HF--EKG--Q-MF-SRR-H    139
HIV2CAM2  RAPAAEGKKNAYRQ-NM-DI-SD-DDLVGVPA.TPRV-L-TMTYKL-V-M-HF--EKG--E-LF-SER-H    139
HIV2D194  RTPAAIGQKNSYKQ-NM-DV-SD-DDLVGVPV.MPRV-L-EMTYKL-I-M-HF--EKG--E-IF-SRE-H    139
HIV2GH1   RTPAIEGQKKLYKQ-NM-DI-SS-DDLVGVPV.TPRV-L-AMTYKL-V-M-HF--.KR--D-MF-SRD-H    138
HIV2D205  ..........GGGQ-DA-ES-.E-DE.VGAICKTPIV-L-PMTYKL-V-M-HF--EQG--E-MY-SER-H    122
HIV2UC1   ..........GGGQ-DT-DS-.E-NE.VGVYV.RPNR-L-SMTYKM-I-M-HF--EKG--E-IY-SER-H    121
SIVMM251  RNPAEEKEKLAYRK-NM-DI-EE-DDLVGVSV.RPKV-L-AMTYKL-I-M-HF--EKG--E-IY-SAR-H    139
SIVMMP11  RNPAEEKEKLAYRK-NM-DI-EE-DDLVGVSV.RPKV-L-AMTYKL-I-M-HF--EKG--E-IY-SAR-H    139
SIVMM32H  RNPAEEREKLAYRK-NM-DV-EE-DDLVGVPV.MPRV-L-TMSYKL-V-M-HF--EKG--E-IY-SAR-H    139
SIVMM1A11 RNPAEEREKLAYRK-NM-DI-EE-DDLVGVSV.RPKV-L-TMSYKL-I-M-HF--EKG--E-IY-SAR-H    139
SIVMM142  RNPAEERKKLPYRK-NI-DI-EE-DDLVGIPV.EARV-L-TMSYKL-I-M-HF--EKG--E-IY-SAR-H    139
SIVMM239  RNPAEEREKLAYRK-NM-DI-E$-DDLVGVSV.RPKV-L-TMSYKL-I-M-HF--EKG--E-IY-SAR-H    138
SIVMNE    KNPAGEREKLAYRK-NI-DI-EE-NDLVGVPV.RPRV-L-IISYKL-V-M-HF--EKG--E-IY-SER-H    139
SIVSMMH4  RNPATERAKLGYRQ-NM-DV-DE-DDLIGVSV.HPRV-L-AMTYKL-I-M-HF--EKG--E-IY-NER-H    139
SIVSMMH9  RNPATEGAKLGYRQ-NM-DV-NE-..LVGCPV.SPRV-V-IMTYKL-I-M-HF--EKG--E-VY-SIR-H    137
SIVSMMPBJ RNPATERAKLDYRQ-NM-DV-SA-..LVGCPV.SPRV-V-IMTYKL-I-M-HF--EKG--E-IY-SDR-H    137
SIVSTM    KNPAAESAKLEYRQ-NM-DV-EE-DNLVGVAV.HPRV-L-EMTYKL-I-L-HF--SKG--E-IY-SER-H    139
```

```
                                --max. HIV-1 NEF similarity--
CONSENSUS riLd?ylekeegiipdwqnyt?gpgiryp??fgwlwklvpv?vs?eaqede????th?l?hpaqts?wdd  171
HIV2ROD   KI-NIYLEKEEGIIADWQNYTHGPGVRYPMFFGWLWKLVPVDVPQEGEDTE....THCLVHPAQTSKFDD  205
HIV2NIHZ  RI-DLYLDK.....                                                        148
HIV2ISY   RI-DIYLEKEEGIIPDWQNYTHGLGVRYPMFFGWLWKLVPVTVPQEGEDTE....TLCLMHSAQVSRFDD  205
HIV2ST    RV-DIYLEKEEGIIGDWQNYTHGPGVRYPKFFGWLWKLVPVDVPQEGDDSE....THCLVHPAQTSRFDD  204
HIV2BEN   RI-DIYLEKEEGIIPDWQNYTHGPGVRYPMYFGWLWKLVSVELSQEAEEDE....ANCLVHPAQTSRHDD  205
HIV2CAM2  RI-DIYLEKEEGIIADWQNYTSGPGVRYPMFFGWLWKLVPVDTSQEGEDTETDTETHCLLHPAQTSRHDD  209
HIV2D194  RI-DLFLEKEEGIIPDWQNYTHGPGTRYPMYFGWLWKLVPVDISQEAEEVE....TNCLVHPAQTSRYDD  205
HIV2GH1   RI-DLYLEKEEGIIPDWQNYTHGPGVRYPMCFGWLWKLVPVDVSQEAEDDE....TNYLTHPAQTSRHDD  204
HIV2D205  RI-DTYFENEEGIVSGWQNYTHGPGIRYPKYFGWLWKLVPVEVPAATREEE...ETHCLMHPAQISSWDD  189
HIV2UC1   RI-DTYLENEEGIVSGWQNYTYGPGIRYPRTFGWLWKLVPVDIPEEERGAE....TSCLVHPAQISSWDD  187
SIVMM251  RI-DMYLEKEEGIIPDWQDYTSGPGIRYPKTFGWLWKLVPVNVSDEAQEDE....RHYLMQPAQTSKWDD  205
SIVMMP11  RI-DMYLE...GIIPDWQDYTSGPRIRYPKTFGWLWKLVPVNVSDEAQEDE....RHYLMQPAQTSKWDD  202
SIVMM32H  RI-DMYLEKEEGIIPDWQDYTSGPGIRYPKTFGWLWKLVPVNVSDEAQEDE....RHYLMQPAQTSKWDD  205
SIVMM1A11 RI-DIYLEKEEGIIPDWQDYTSGPGIRYPKTFGWLWKLVPVNVSDEAQEDE....EHYLMHPAQTSQWDD  205
SIVMM142  RI-DIYLEKEEGIIPDWQ.IHSGPGIRYLKMFGWLWKLIPVNVSDEAQEDE....EHYLVHPAQTSQWDD  204
SIVMM239  RI-DIYLEKEEGIIPDWQDYTSGPGIRYPKTFGWLWKLVPVNVSDEAQEDE....EHYLMHPAQTSQWDD  204
SIVMNE    KI-DMYLEKEEGIMPDWQNYTSGPGPRYPKTFGWLWKLVPVNVSDEAQEGE....ENYLLHPAQTSQWDD  205
SIVSMMH4  RI-DMYLEKEEGIIPDWQNYTSGPGIRYPMHYGWLWKLVPVDVSDEAQEDE....THCLVHPAQTYQWDD  205
SIVSMMH9  KI-DxYLExEEGIIPDWQNYTAGPGIRYPMFFGWLWKLxPVNVSDEAQEDE....THCLMHPAQTSQWDD  203
SIVSMMPBJ KI-DLYLEKEEGIIPDWQNYTAGPGIRYPMFFGWLWKLVPVNVSDEAQEDE....THYLMHPAQTSQWDD  203
SIVSTM    RI-DMYLEKEEGIVPDWQNYTAGPGIRYPKQFGWLWKLVPVDMSNEAQEDD...GTHYLVHPAQTHQWDD  206

CONSENSUS pwgevl?wkfdp?lay?yeaf?ryPEEfg?ksglpeee?krrL?argll???dkkets?            219
HIV2ROD   PHGETLVWEFDPLLAYSYEAFIRY---FGHKSGLPEEEWKAR-KARGIPFS*                   256
HIV2NIHZ  ..................AFTLY---FGHNSGLPEKEWKAR-KARGIPFS*                   180
HIV2ISY   PHGETLVWKFDPMLAHEYTTFILY---FGHKSGMEEDDWKAK-KARGIPFS*                   256
HIV2ST    PHGETLVWRFDPTLAFSYEAFIRY---FGYKSGLPEDEWKAR-KARGIPFS*                   255
HIV2BEN   EHGETLVWQFDSMLAYNYKAFTLY---FGHKSGLPEKEWKAK-KARGIPYSE*                  257
HIV2CAM2  MHGETLVWKFDSMLALKYEAFTRY---FGHKSGLPEDEWKAK-KARGIPFS*                   260
HIV2D194  EHGETLVWRFDPMLAYSYKAFILH---FGHKSGLPEKEWKAK-KARGIPYSE*                  257
HIV2GH1   EHGETLLWRFDPTLAYDYKAFILH---FGHKSGLPEKEWKAK-KARGIPYS*                   255
HIV2D205  IHGETLIWQFDSLLAYDYVAFNRF---FGYQSGLPEEEWKAR-KARGIPTD*                   240
HIV2UC1   IHGETLAWRFDPLLAHDYVAFNRY---FGYQSGLPEKE*                                225
SIVMM251  PWGEVLAWKFDPTLAYTYEAYARY---....LEASQACQRKR-EEG*                        247
SIVMMP11  PWGEVLAWKFDPTLAYTYEAYVRY---FGSKSGLSEEEVRRR-TARGLLNMADKRETR*           260
SIVMM32H  PWGEVLAWKFDPTLAYTYEAYVRY---FGSKSGLPEEEVRRR-TARGLLNMADKKETR*           263
SIVMM1A11 PWGEVPAWKFDPTLAYTYEAYVRY---FGSKSGLSEEEVRRR-TARGLLNMADKKETR*           263
SIVMM142  PWGEVLAWKFDPTLAYTYEAYIRY---FGSKSGLSEKEVKRR-AARGLLEMADRKETS*           262
SIVMM239  PWGEVLAWKFDPTLAYTYEAYVRY---FGSKSGLSEEEVRRR-TARGLLNMADKKETR*           262
SIVMNE    PWGEVLVWKFDPTLAYTYEAYIRY---FGSKSGLSEEEVRRR-TARGLLKMADKRETS*           263
SIVSMMH4  PWGEVLAWKFDPELAYSYKAFIKY---FGSKSGLSEEEVKRR-TARGLLKWLTRRKQAE          264
SIVSMMH9  PWGEVLAWKFDPxLAYxYKAFVEH---FGSQSGLSKEEVQRR-TARGLLKMADKKKTS*          261
SIVSMMPBJ PWGEVLAWKFDPKLAYNYKAFVEH---FGSQSGLSKEEVQRR-TARGLLKMADKKKTS*          261
SIVSTM    PWGEVLVWKFDPLLAHTYEAFVRH---FGSKSGLPKEEVERR-TARGLLKMADKKETS*          264
```

AGM GAG

No sabaeus sequence is available over this region.

```
VERVET.CON     MGaatSALnrRqLDqFEhIRLRPnGKKKYQiKHLIWAGKeMeRFGLHE?LLEtEEGCKkIIEVLyPLEP     68
SIVAGM3         --AAT---NR-Q--K--H-----T------I--------E-E------R---S-----K-----Y----     69
SIVAGMTYO       --AAT---NR-Q--Q--K-----N------I--------E-E------R---T-----R-----Y----     69
SIVAGM692       --SGS---SG-K--Q--H-----N------L--------E-E------K---T-----K-----L----     69
SIVAGM155       --AAT---NR-Q--E--H-----N------I--------K-D------K---T-----K-----S----     69
SIVAGM677      MGGGHSALSGRSLDTFEKIRLRPNGKKKYQIKHLIWAGKEMERFGLHEKLLETKEGCQKIIEVLTPLEP     69
TANTALUS.CON   MGaGHSaLsgRNLDtFEkIRLrPNGkKKYqLKHLIwAGkEMERFGLHdkLLETKEGCQKIIEVLaPLEp     69
SIVAGM9         --V---A-SG----A--K---R---R---K-----W--R--------EK--------------T---S     69
SIVAGM17        --A---A-SR----T--K---R---K---Q-----x--K--------EK--------------A---P     69
SIVAGM27        --S---T-SG----T--R---R---K---Q-----W--K--------DK--------------A---P     69
SIVAGM40        --A---A-SG----T--K---P---K---Q-----W--K--------DK--------------A---P     69
SIVAGM49        --A---A-TG----T--K---R---K---Q-----W--K--------DR--------------A---P     69
SIVSYK         MGAAGSAILTGRELDRYEKIRLRPKGKKRYLVRHLVWAKKELDRFGLSDQLMESKEGCEKILTVLLPLEA     70

VERVET.CON     TGSEGlKSLfNLvCVl?CvH?ekkVKDTEEAvaivrQcCHLV?KeknA?.............???tetssG    119
SIVAGM3        -----L---F--V--LF-V-KDKE-------VAIVR-C----E-ERN-E.............RNTTETSS-    127
SIVAGMTYO      -----L---F--V--LY-L-KEQK-------VATVR-H----E-EKS-................TETSS-    123
SIVAGM692      -----L---F--T--IC-I-QEAK-------VIRIK-Q----D-GEN-..................AK-    120
SIVAGM155      -----M---Y--V--LL-V-QEKK-------LAIVR-C----D-EKT-................VTPPG-    123
SIVAGM677      TGSEGLKALFNLCCVIWCIHAEQKVKDTEEAVVTVKQHYHLVDKNEKA.....................A    118
TANTALUS.CON   TGSEGLKSLfNLccVIWCiHAEQKVKDTEEAV?iVkQhcHLvEKEKta.................a?PSgG    121
SIVAGM9        ---------F--VY----I-------------AI-K-QS--V----TA................AA--G-    123
SIVAGM17       ---------F--CC----I-------------VI-K-HC--V----TA................AT--G-    123
SIVAGM27       ---------F--CC----I-------------II-K-HC--V----TA................AA--G-    123
SIVAGM40       ---------F--TC----V-------------AT-R-HC--V----ST................TE--S-    123
SIVAGM49       ---------Y--CC----I-------------VI-K-RC--A----TA................AT--G-    123
SIVSYK         NGSENLKSLFGIISVVWAVHAKKEVEDTEQAKQKVKEACNWKDDPPATSGGQSENSSQNMASETSSGQKV    140

VERVET.CON     qkKndkg?tappGgSQNfPAQQQgNaWvHVPLSPRTLNAWVKavEEKKFGAEIVPMFQALSEGCTPYDiN    188
SIVAGM3        QK-NDKGVTVPP-G---F-----G-A-I-------------AV-----------------------I-    197
SIVAGMTYO      QK-NDKGIAAPP-C---F-----G-A-V-------------AV-----------------------I-    193
SIVAGM692      ID-...TTPTPS-R---Y-----N-V-V-------------VI-----------------------V-    187
SIVAGM155      QQ-NNTGGTATP-G---F-----G-A-V-------------AV-----------------------I-    193
SIVAGM677      KKK.NETTAPPGGESRNYPVVNQNNAWVHQPLSPRTLNAWVKCVEEKRWGAEVVPMFQALSEGCLSYDVN    187
TANTALUS.CON   QkQnyn?aAPpgG?hGNYPVvQQNNQWVhtPlSPRTLNAWVKtVEEKRFGAEiVPMFQALSEGclSYDIN    189
SIVAGM9        -Q-NYNLA--PG-RH-----Q-------HV-L----------T---------I----------CL-----    193
SIVAGM17       -K-NYNTA--PG-NH-----V-------HT-L----------T---------I----------CL-----    193
SIVAGM27       -Q-NYNLA--PG-RD-----Q-------YV-M----------C---------M----------YI-----    193
SIVAGM40       -K-HSRPD--SR-QH-----V-------HT-L----------T---------I----------CL-----    193
SIVAGM49       -K-NYNTT--PG-QH-----V-------HT-L----------T---------I----------CI-----    193
SIVSYK         VQQEKQKAATPPPRGNYPLLRNPQNQWIHTGVPVRTLKTWVEAVNSKKFDASIVPLFQALTEGFIPYDLN    210

VERVET.CON     QMLNVLGDHQGALQIVKEiINEEAAQWD?tHPpPAGPLPAGQLRDPrGSDIAGTTStvQEQLEWIYTANP    257
SIVAGM3        ----------------I---------IA--P------------R---------TV------------    267
SIVAGMTYO      ----------------I---------VT--L------------R---------SV------------    263
SIVAGM692      ----------------V---------IT--P------------R---------TI------------    257
SIVAGM155      ----------------I---------VT--P------------G---------TV------------    263
SIVAGM677      QMLNVIGDHQGALQILKEVINEEAAEWDRTHRPPAGPLPAGQLRDPTGSDIAGTTSSIQEQIEWTFNANP    257
TANTALUS.CON   QmLNVIGDHQGAMQIIKEVINEEAAqwDltHPPPAGPLPaGQLRDPRGSDIAGTTStvQEQiEWTFNAnP    259
SIVAGM9        -M----------------------NW-LA---------V---------------TI---T------N-    263
SIVAGM17       -M----------------------Qx-LT---------A---------------SV---I------T-    263
SIVAGM27       -V----------------------QW-IT---------A---------------SI---I------N-    263
SIVAGM40       -M----------------------QW-LT---------A---------------TV---I------N-    263
SIVAGM49       -M----------------------QW-IT---------V---------------TV---I------N-    263
SIVSYK         GMLNAVGDHQGAMQVIKDIINEEGAAWDLEHPQPQQPAPQAGLRDPSASDIAGTTSSIAEQIEWITRQNN    280
```

AGMGAG

```
VERVET.CON    RvDVGAIYRRWiIlGLQKCVkMYNPvsVLDIRQGPkEpFkDYVDRFYKAiRAEQASgeVKqWMTesLLIQ   327
SIVAGM3       -V---------I-L------K----VS--------K-A-K---------I------GE--Q---ES----   327
SIVAGMTYO     -V---------I-L------K----VS--------K-P-K---------I------GE--Q---ES----   333
SIVAGM692     -I---------V-A------R----TG--------R-S-S---------L------QD--N---DT----   327
SIVAGM155     -V---------I-L------K----VS--------K-P-K---------I------GE--Q---ES----   333
SIVAGM677     RIDVGAQYRKWVILGLQKVVQMYNPQKVLDIRQGPKEPFQDYVDRFYKALRAEQAPQDVKNWMTQTLLIQ   327
TANTALUS.CON kVDVGRiYRgwVILgLQKCVKMYNPvSVLDIRQGAKePFKDYVDRFYqALRaEQTPQDvKnwMTeTLLIq   329
SIVAGM9       R-----I--GW---G---------V---------E---------Q---A------V-NW--E----Q   333
SIVAGM17      K-----I--Gx---R---------I---------G---------Q---R------V-Nx--E----Q   333
SIVAGM27      K-----I--SW---G---------V---------E---------A---A------E-NW--E----E   333
SIVAGM40      R-----L--GW---G---------I---------E---------Q---A------V-NW--E----Q   333
SIVAGM49      K-----I--GW---G---------V---------E---------Q---A------V-TW--Q----Q   333
SIVSYK        PVQVGEIYRRWIILGLQKCVQVYNPVSILDIKQGPKEIFKDYVDRFYHCLRAEQADPSVKGWLTQTLLIQ   350

VERVET.CON    NANPdCKVILKGLGMHPTLEEMLTACQGVGGPsYKAKvMaEMMqnmQsqNMvQQgG?rgRpRp?.PvkCY   394
SIVAGM3       ----D-------------------------S----V-A---QNM-SQ--M--G-QRG-P-P..-VK--   405
SIVAGMTYO     ----D-------------------------S----V-A---QTM-NQ--V--G-PK.-Q-P..-LR--   400
SIVAGM692     ----E-------------------------Q----L-V---NQM-GV--V--A-IGG-G-GR.-VK--   396
SIVAGM155     ----D-------------------------S----V-A---QNL-SQ--V--G-GRG-P-P..-PK--   401
SIVAGM677     NANPDCKLILKGLGMNPTLEEMLIACQGVGGPQHKAKLMVEMMSNGQ..NMVQVGPQKKGPRG..PLKCF   393
TANTALUS.CON NANPDcKLVLKgLGMhPTLEEmLTACQGvGGPGHKAKLMaEaMQnMQGvnMvqg?prgGRGRgRGPpRCF   398
SIVAGM9       -----C-----G---H-----M------V----------A-A--N---IT-VAQGPR.----G---T---   402
SIVAGM17      -----H-----R---H-----M------I----------A-A--Q---VN-IQGHSKG----G---P---   403
SIVAGM27      -----C-----G---H-----V------I----------A-A--N---VN-IQGPPRG----G---P---   403
SIVAGM40      -----C-----G---H-----M------V----------A-A--N---IT-VAQGPR.----S---V---   402
SIVAGM49      -----C-----G---N-----M------V----------V-V--Q---VN-VQGPSRG----G---P---   403
SIVSYK        NANPECRQILKAM.VKPTLEEMLQACQGVGGPLHKAKLMAEAMVMAQ..QSVNMVQGPSKGRS..MIKCY   415

VERVET.CON    nCGKFGHmQrqCpeprk?kCLKCGKpGHlAkDCR.........GqVNFLGYG.RWMGaKPrNFp...aa   449
SIVAGM3       N------M-RQ-PEPRKMR------P--L-K---.........-Q-------.----A--R--P...AA   461
SIVAGMTYO     N------M-RQ-PEPRKTK------L--L-K---.........-Q-------.----A--R--P...AA   456
SIVAGM692     K------V-KN-TQKGPVV------P--F-R---.........-A-------.----A--K--....LE   451
SIVAGM155     N------M-RQ-PEPRKIK------P--L-K---.........-Q-------.----T--R--P...AA   457
SIVAGM677     NCGKFGHMQRECKAPRQIKCFKCGKIGHMAKDCKN.........GQANFLGYG.HWGGAKPRNFVQYRGD   453
TANTALUS.CON kCGQIGHiQKDCprgGPiKCLKCGKPgHmAkDCRs.........GQANFLgRMptPwGSKPRNF....LE   455
SIVAGM9       K------I----PRG--N--------G-L-R---T.........------G--.T-W-------....--   458
SIVAGM17      K------V----PRG--I--------R-M-K---G.........------R--PA-x-------....--   460
SIVAGM27      K------I----QRA--T--------G-M-K---S.........------G--PT-W-------....--   460
SIVAGM40      R------I----PKG--I--------G-M-K---S.........------G--.T-W-------....--   458
SIVAGM49      K------V----PRG--I--------G-M-K---S.........------G--PT-W-------....--   460
SIVSYK        NCGQIGHMQKDCKKPLKAKCFNCGKTGHLARACRQPKRNQGPPVAQANFLGKGWGVSRRPPANF......   479

VERVET.CON    tlgaePsAPPPPs.............n?tpYDpAkkLLqqYaekGkQlReq?r?ppa?npdwtEgYSLn   501
SIVAGM3       TLGVE-T-----S.............P--P-KK--QQ-ADK-K-L-EQRKKPPAVNPDWT-G---N   514
SIVAGMTYO     TLGAE-S-----S.............GTTP--P-KK--QQ-AEK-K-L-EQKRNPPAMNPDWT-G---N   512
SIVAGM692     HRAAV-S-----H.............NPGA--E-TR--EK-TQE-A-Q-RKVEK.SSQAGREE-D---K   506
SIVAGM155     TLGAE-S-----N.............NSTP--P-KK--QQ-AEK-K-M-NQNRNPPANNPDWN-G---N   513
SIVAGM677     TVGLEPTAPPMET.............AYDPAKKLLQQYAEKGQRLREEREQTRKQKEKEVEDVSLS   506
TANTALUS.CON QgGaVPTApp?paH.....gfptGpp?a?GAYDPAkRLLeQYaKKgdQLrkQKE.......KELEDYSLS   510
SIVAGM9       -D-A----PPLPA-.....ETSV-PT.AR------K---E--A--GD--RK---.....---------   515
SIVAGM17      -G-A----PPIAA-.....GFPT-PP.VA------K---G--A--GD--RR---.....---------   517
SIVAGM27      -G-R----KKMPA-.....VFPT-LP.AA------R---E--A--ED--KK---.....---------   517
SIVAGM40      -G-A----PPMPT-.....GFPT-PP.AQ------K---E--A--GD--RR---.....---------   515
SIVAGM49      -G-A----PRLPT-.....GVPT-PSDWR------K---E--T--GE--RK---.....---------   518
SIVSYK        PVRSEPSAPPLED.IEDGPWLTWSAQMSQQAQAKAQNSPSKKPPTNREVLSPKE.SSGKEETKSLYPSLS   547

VERVET.CON    SLFGEDQ*     508
SIVAGM3       --------     521
SIVAGMTYO     --------     519
SIVAGM692     --------     513
SIVAGM155     --------     520
SIVAGM677     SLFGGDQ*     513
TANTALUS.CON Slfgedq*      517
SIVAGM9       -LFGEDQ-     522
SIVAGM17      -            518
SIVAGM27      -LFGEDQ-     524
SIVAGM40      -LFGEDQ-     522
SIVAGM49      -LFGEDQ-     525
SIVSYK        SLFGEDQ*     554
```

AGM POL

Only one grivet sequence (SIVAGM677) is currently available over this region.

```
VERVET.CON    LWKIWPYAKTMSGTK???M??mWk?ra?SKRLQ.gTGeFFRVWpVDG?kT?KF.....SRrySWgGt?CA     54
SIVAGM3                    --KDE-LEM-ETRAF------.R--K-----P---SE-Q--.....--RY--G-AN--     51
SIVAGMTYO     ---------------ENK-SKV-KIGTP------.G--E-----T---GK-E--.....--RY--S-TE--     64
SIVAGM155                        M-KARAL------.G--E-----P---DK-K--.....--SH--G-TK--     43
SIVAGM677                        VRQNWPYGKRLQEWTGKFFRVWPLGRSETKKFC..AIQRRHSWSGTNSP     47
TANTALUS.CON                                          FFrENa?tmgfqaAQF..FRARRsRSDGsp?a     28
SIVAGM9                                                          -..-----S----SPIA     15
SIVAGM17                                              --K--ARTLRFQA---..-----S----SPDR     30
SIVAGM27                                              --R--ANPMGFQT---..-----T----$KDA     29
SIVAGM40                                              --R--.DTMGIEA---..-----S----STHA     29
SIVAGM49                                                         -..-----S----SPIA     15
SABAEUS.CON                                                                            0
SIVAGM266                                                                              0
SIVAGM385                                                                              0
SIVAGM381                                                                              0
SIVAGM384                                                                              0
SIVAGM386                                                                              0
SIVAGM385A                                                                             0
SIVAGM385B                                                                             0
SIVAGM385C                                                                             0
SIVAGM385D                                                                             0
SIVSYK                                                FFRERMGGLQEAPSQLPSEERAICSPSGGHRR     32

VERVET.CON    pSTE???.....?iRPsKEAPA\.....iCRerEt?Eg?kek?ts?eSrLdRGIFFELPLWRR     99
SIVAGM3       P---.........SI--C-----.....I--QG-AV-GTKEKTTSSE-R-D----------     101
SIVAGMTYO     S---RHH......PI--S-----.....I--ER-TT-GAKEESTGNE-G-D----------     117
SIVAGM155     P---QLY......TL--S-----.....V--ER-TN-KSEQKPPSEQ-R-E----------     96
SIVAGM677     PNGN.........SLRSSKEAPPA.....VCREGTAPERGERTDKETEGERSGGCFLELPLWRR     97
TANTALUS.CON  ?AriphRS??s?gSlRpSQe?pgt.....vc....kkggptkeaegegt...GGLFlEFpLWRR     75
SIVAGM9       C-RDLR--.HSTG-I-P--TTVGA.....VC....KKGGPAEEAEGEGT...----L--P----     66
SIVAGM17      R-WIPH--.ASCR-L-S--ETPGA.....VC....KKRRPTKEAKREGT...----L--*       76
SIVAGM27      R-RIPH--.ASCG-L-P--EAPGT.....IC....KKGGSVKEAEGKRA...----I--P----     80
SIVAGM40      N-RIPH--.SSTG-I-P--EIIGT.....VC....EEGGPTEKTEREGI...----L--P----     80
SIVAGM49      N-WGSH--VRLAG-L-P--EAPRT.....VH....EERGTTKETEGEGT...----L--P----     67
SABAEUS.CON                                                                            0
SIVAGM266                                                                              0
SIVAGM385                                                                              0
SIVAGM381                                                                              0
SIVAGM384                                                                              0
SIVAGM386                                                                              0
SIVAGM385A                                                                             0
SIVAGM385B                                                                             0
SIVAGM385C                                                                             0
SIVAGM385D                                                                             0
SIVSYK        WAMAH........MVSTDEPTSTS....EGTELSLEETPHQQGSALAEGEQWEGGDQESLSLSQLSLWRR     90
```

AGMPOL

```
VERVET.CON    PIkTvyIeGvpikALLDTGADDTIIKe?DLQLsG..?WrPKIiGGIGGGLNVKEY?drEV?l.....EDK    158
SIVAGM3       --K-VY-E-VPIR-------------EA----S-..T-K---I------------SDR--RL.....---    164
SIVAGMTYO     --K-VY-E-VPIK-------------EN----S-..P-R---I------------NDR--KI.....---    180
SIVAGM155     --R-CI-G-TAVK-------------DT----R-..S-R---V------------DNV--QL.....---    159
SIVAGM677     PMKRVIIEGTPVQALLDTGADDTIIQEKDLHFPPHKPWRSKVVGGIGGGIHVKEYQGVQVQL.....EDK    162
TANTALUS.CON  PIs*                                                                     78
SIVAGM9       --S-                                                                     69
SIVAGM27      --*                                                                      82
SIVAGM40      --S-                                                                     83
SIVAGM49      --S-                                                                     70
SABAEUS.CON                                                                            0
SIVAGM266                                                                              0
SIVAGM385                                                                              0
SIVAGM381                                                                              0
SIVAGM384                                                                              0
SIVAGM386                                                                              0
SIVAGM385A                                                                             0
SIVAGM385B                                                                             0
SIVAGM385C                                                                             0
SIVAGM385D                                                                             0
SIVSYK        PMIEVDVEGDLVQMLVDTGADDTIIREEDIQL..HQPWSPKIVGGLGGNITVRQYRNIRFTVVKPSGKRK    158

VERVET.CON    ILRGTiLiGaTPINIIGRN?LApAgakLVMGQLSe?IPiTPVkLKEGARGP?lkQWPLSKEKI?ALQEIC    224
SIVAGM3       -----I-I-S---------I--P-GAK-------EQ--I---K--------FLK---------K------    234
SIVAGMTYO     -----I-L-A---------L--P-VPR-------EK--V---K--------CVR---------E------    250
SIVAGM155     -----V-I-A---------F--Q-GAK-------QT--I---R--------RLK---------I------    229
SIVAGM677     IITGSILIGSTPINIIGRNILAQAGMKLVMGVLSSQIEETKVQLKEGKDGPKLKQWPLSREKIEALTEIC    232
SABAEUS.CON                                                                            0
SIVAGM266                                                                              0
SIVAGM385                                                                              0
SIVAGM381                                                                              0
SIVAGM384                                                                              0
SIVAGM386                                                                              0
SIVAGM385A                                                                             0
SIVAGM385B                                                                             0
SIVAGM385C                                                                             0
SIVAGM385D                                                                             0
SIVSYK        QVEGTLLVGPTPVNILGRNILTKLGVKLVMV..QTA         'PDKELPRLKQWPLSVEKLEALKAIV    226

VERVET.CON    ?qLE?EGKiSrvGGeNAYNTPvFCIkKKDKSQWRML         .TQDFFEVQLGIPHPaGl?KM?qITv    290
SIVAGM3       DQ--K---I-KI--E------V---K---------          ----------------S-FE--TE--V    304
SIVAGMTYO     SQ--Q---I-RV--E------I---K-------------------------------A-LR--RQ--V    320
SIVAGM155     KT--E---L-RV--D------V---R-------------------------------A-LK--KQ--I    299
SIVAGM677     KQMEEEGKLSRIGGENPYNTPVFAIKKKDKTQWRMLVDFRELNKATQDFFEVQLGIPHPAGLQKKKQITV    302
SABAEUS.CON                                                                            0
SIVAGM266                                                                              0
SIVAGM385                                                                              0
SIVAGM381                                                                              0
SIVAGM384                                                                              0
SIVAGM386                                                                              0
SIVAGM385A                                                                             0
SIVAGM385B                                                                             0
SIVAGM385C                                                                             0
SIVAGM385D                                                                             0
SIVSYK        EDMLKAGQLEKASPTNPYNTPVFVIRKKDKKKWRMLIDFRKLNEATQDFFEVQLGIPHPGGLKR.QKLTI    295
```

```
VERVET.CON    lDvGDAYYSIPLDPeFRKYTAFTIPtVNNqGPGiRYQFNCLPQGWKGSPTIFQNTAasILEEIKkeLk?L   359
SIVAGM3       L-I----------E----------S---Q---T---------------------AS------KE-KP-   374
SIVAGMTYO     L-V----------N----------T---Q---I---------------------AS------RN-PA-   390
SIVAGM155     I-V----------E----------T---E---I---------------------SK------KE-KQ-   369
SIVAGM677     IDIGDAYYSIPLCKEFRKYTAFTIPSVNNTGPGIRYQFNCLPQGWKGSPTIFQNTAANILEEIKRHTPGL   372
SABAEUS.CON                                                                           0
SIVAGM266                                                                             0
SIVAGM385                                                                             0
SIVAGM381                                                                             0
SIVAGM384                                                                             0
SIVAGM386                                                                             0
SIVAGM385A                                                                            0
SIVAGM385B                                                                            0
SIVAGM385C                                                                            0
SIVAGM385D                                                                            0
SIVSYK        IDLKDAYYSVPLDKEFRPYTAFTVPSINNASPGERYQFTVLPQGWKGSPTIFQSTINQILQPFRKKYSDL   365

VERVET.CON    TIVQYMDDLWVGSQE?e?tHD?LVeqLR?kLqaWGLETPeKKvQkePPyEWMGYKLWPHKW?lssIeLE?   423
SIVAGM3       ---------------DEYT--R--EQ--MK-SA------D--V-KK--Y------------QISS-E--D   444
SIVAGMTYO     ---------------NEHT--K--EQ--TK-QA------E--M-KE--Y------------ELSR-Q--E   460
SIVAGM155     ---------------EGPK--Q--QT--NR-QE------E--V-RE--F------------KLQS-E--K   439
SIVAGM677     EIVQYMDDLWLASDHDETRHNQQVDIVRKMLLEKGLETPDKKVQREPPWEWMGYKLHPNKWTINKIELPP   442
SABAEUS.CON                                                                           0
SIVAGM266                                                                             0
SIVAGM385                                                                             0
SIVAGM381                                                                             0
SIVAGM384                                                                             0
SIVAGM386                                                                             0
SIVAGM385A                                                                            0
SIVAGM385B                                                                            0
SIVAGM385C                                                                            0
SIVAGM385D                                                                            0
SIVSYK        TLIQYMDDLLIGTDRSEKAHQEIVQQIVTALLKVGFKVPKEKWQDQYPMQWLGYTLHPDKWQLQKIELPN   435

VERVET.CON    Ke.eWTVNDiQkLVGKLNWAAQLYPGLrTkniCKLir?GKlNLLe?V?WTpEAEAEYaENkEILKTEQEG   489
SIVAGM3       -E.E-----I-R---------------R-KNL---IR.------ET-T--E------A--K---------   512
SIVAGMTYO     -D.E-----I-K---------------K-R.I---ITG------EL-A--P------A--A---------   528
SIVAGM155     -E.Q-----L-K---------------R-KNI---LR.------DV-E--P------E--K---------   507
SIVAGM677     LEGEWTVNKIQKVVGVLNWASQIYPGIKTKHTCAMLR.GKKNLLEEIVWTEEAEAEYKNNQGIVQETQEG   511
SABAEUS.CON                                                                           0
SIVAGM266                                                                             0
SIVAGM385                                                                             0
SIVAGM381                                                                             0
SIVAGM384                                                                             0
SIVAGM386                                                                             0
SIVAGM385A                                                                            0
SIVAGM385B                                                                            0
SIVAGM385C                                                                            0
SIVAGM385D                                                                            0
SIVSYK        IDDEITVNQLQKLIGVLNWASQIYSGIKTKELCKCIR.GTKQLTEVLTLTEAAEAELEENRQILKEEQAG   504

VERVET.CON    TYYkPg?PiRAAVQKLegGQWSYQFKQ..EGqvLKVGKytKQKnTHTNElRvLAGlVQKicKEaLVIWG?   555
SIVAGM3       ---K-GR-I-------EG---------..--QV-----YT---N-----F-V---L---LC--S-----E   580
SIVAGMTYO     ---K-GI-I-------EG---------..--QV-----YT---N-----L-T---L---IC--A-----I   596
SIVAGM155     ---A-EK-L-------GD---------..--KI-----FA---A-----L-V---V---IG--A-----Q   575
SIVAGM677     TYYDPLKELIATVQKQGEGQWTYQFTQ..EGAVLKVGRYAKQRETHTNDLRTLAHLVQKICKEALTIWGR   579
SABAEUS.CON                                                          KE??VIWG?        6
SIVAGM266                                                                             0
SIVAGM385                                                            --AL----E        9
SIVAGM381                                                                             0
SIVAGM384                                                                             0
SIVAGM386                                                                             0
SIVAGM385A                                                                            0
SIVAGM385B                                                                            0
SIVAGM385C                                                                            0
SIVAGM385D                                                                            0
SIVSYK        SYYDPKKPLEAHITKLGSQQWGYMIKQEQKGPPLITGKTAKTFAAHSNDYQSLAQLLNKIGIQSLWYWGK   574
```

AGMPOL

```
VERVET.CON    LPvlELPiERevWEQWWADYWQVSWIPeWdFVStPPLvkLWYTLTKEPIPkEDVYYVdGACNRnSkEGKA   625
SIVAGM3       --VL---I--EV---------------D-E---T---VK----------K------D-----N-R----   650
SIVAGMTYO     --VL---I--EV---------------E-D---T---LK----------K------.-----N-K----   665
SIVAGM155     --TF---V--DT---------------E-D---V---VT----------G------D-----Q-K----   645
SIVAGM677     LPRVQLPVDKKTWDMWWQDYWQVSWIPEWEFVSTPLLVKLWYSLVKEPIKGEDVYYVDGAASKVTKLGKA   649
SABAEUS.CON   ?P??ELPVERE?WEQWWadywqvsWIPeW?fVStPpl??LWYtLtKePipgEdVYYVDGAcNRNSrEGKA    69
SIVAGM266                     AGLLAGS---D-TF--V-PLVT---T-T-E-IPG-D-------C----R----    53
SIVAGM385     L-TL-------V-----ADYWQVS---E-DF--T-PWLK---T-T-E-LAK-D-------C----R----    79
SIVAGM381                                                                               0
SIVAGM384                                                                               0
SIVAGM386                                                                               0
SIVAGM385                                                                               0
SIVAGM385B                                                                              0
SIVAGM385C                                                                              0
SIVAGM385D                                                                              0
SIVSYK        VPTFHLPVKREEWEKWWTDYWQATWVPEVKFISTPPLVRWYYNLVPEPIPEAVTFYVDGAANRDSKTGNA   644

VERVET.CON    GYItQyGKQRVe?LENTTNQQAeLtAIKMALEDSGPnVNIVTDSQYAMGILTAQPTQSDSPLvEQIIAlM   694
SIVAGM3       ---T-Y-----EK---------E-M-----------N------------------------I-----L-   720
SIVAGMTYO     ---S-Y-----ET---------K-T-----------N------------------------V-----L-   735
SIVAGM155     ---T-Q-----QQ---------E-T-----------K------------------------V-----Q-   715
SIVAGM677     GYLSERGKSRIRELENTTNQQAELTAVKMALEDSGENVNIVTDSQYVMNILTACPQESN3PLVEQIIQAL   719
SABAEUS.CON   GYiTq?GkQrVekLENTTNQqaEL?AI??AL?DSG??VNI?TDSQYA.....................   108
SIVAGM266     --I-QQ-K-R-EK-------QA--T--KM--E---PR---V------*                       100
SIVAGM385     --I-QY-K-R-EK-------Q*                                                  100
SIVAGM381                                                                               0
SIVAGM384                                                                               0
SIVAGM386                                                                               0
SIVAGM385A                                                                              0
SIVAGM385B                                                                              0
SIVAGM385C                                                                              0
SIVAGM385D                                                                              0
SIVSYK        GYVASDGTQRVQYLEQTTNQQAELEGLLMALQDSKDKVNIVVDSQYSYGILMTCPTNTEHPIVEQIIQEA   714

VERVET.CON    vQK?qIYLQWVPAhKGIGGNEEIDKLVSkG?RriLFlekIEEAQEeHeRYHnNWrNLADTyGLPQIVAKE   762
SIVAGM3       V--HQ--------D--------------Q-M-KI--LEK------E-E---N--R-----Y---------   790
SIVAGMTYO     I--QQ--------H--------------K-I-RV--LEK------K-E---N--K-----Y---------   805
SIVAGM155     V--EA--------H--------------K-V-RI--IGR------E-D---S--R-----F---------   785
SIVAGM677     MKKRQVYLQWVPAHKGIGGNTEIDKLVSKGIRQILFLDRIEEAQDDHAKYHNNWRSMVQEFGLPNIVAKE   789
SABAEUS.CON   .....................................................................   108
SIVAGM381                                                                               0
SIVAGM384                                                                               0
SIVAGM386                                                                               0
SIVAGM385A                                                                              0
SIVAGM385B                                                                              0
SIVAGM385C                                                                              0
SIVAGM385D                                                                              0
SIVSYK        IKKEAIYVTWVPAHKGIGGNEAVDKLVSKGIRKILFLERIPQAQEDHERYHSNMEYLRQEFHLPRQVAKA   784

VERVET.CON    IVAMCPKCQiKGEPvHGQVDASPGvWQMDCTHlEgKvvIVAVHVASGFIEAEVIPRETGKETAKFLLKIl   832
SIVAGM3       ---------I----V---------V-------L-G-VI------------------------------L   860
SIVAGMTYO     ---------I----V---------T-------L-K-VV------------------------------L   875
SIVAGM155     ---------V----I---------V-------I-G-IV------------------------------I   855
SIVAGM677     IVAACPKCQIRGEPKHGQVDASIETWQMDCTHLEGKVIIVAVHVASGFIEAEVIPRETGKETAHFLLKLL   859
SABAEUS.CON   .....................................................aEVIPQETGKATAhFLLKLA   128
SIVAGM381                                                       A------------Q------    20
SIVAGM384                                                       A------------H------    20
SIVAGM386                                                       A------------H------    20
SIVAGM385A                                                      A------------H------    20
SIVAGM385B                                                      A------------H------    20
SIVAGM385C                                                      Q------------H------    20
SIVAGM385D                                                      A------------H------    20
SIVSYK        IIQQCPKCQNRGEPKHGQVDVDIYNWQMDCTHEEGKVICVAVNTASGYIETKILKRETGDETALFLMQIA   854
```

```
VERVET.CON    sRWPITqLHTDNGPNFTSQEVAAmCWWGKiEHTTGvPYNPQSQGSIESMNKQLKEIIGKIRDDCQYTEtA   902
SIVAGM3       S-----Q----------------M-----I-----V-------------------------------T-   930
SIVAGMTYO     S-----Q----------------I-----I-----I-------------------------------A-   945
SIVAGM155     G-----H----------------M-----V-----V-------------------------------T-   925
SIVAGM677     ARWPVKHLHTDNGPNFTSQNVAAVCWWGNIEHTTGIPYNPQSQGSVESMNRQLKEIISQIRDDCERLETA   929
SABAEUS.CON   SRWPItkLHTDNGtNFTSQQVAAIcWwgKIEHTyGVPYNPQSQGVVESMNKQLKEIIGQIRdDAERLETA   198
SIVAGM381     -----AK------P----------C-WG-----F---------------------------E--------    90
SIVAGM384     -----TQ------T----------C-WG-----F---------------------------D--------    90
SIVAGM386     -----TH------T----------C-WG-----F---------------------------D--------    90
SIVAGM385A    -----TK------T----------Y-$E-----Y---------------------------D--------    89
SIVAGM385B    -----TK------T----------C-WG-----Y---------------------------D--------    90
SIVAGM385C    -----TK------T----------C-WG-----Y---------------------------D--------    90
SIVAGM385D    -----TK------T----------C-WG-----Y---------------------------D--------    90
SIVSYK        SRWPIKQIHTDNGPNFVSDKFKAACWWCGIEHTTGIPYNPQSQGIVESKNRYLKEAISQIRDDVTHLQTA   924

VERVET.CON    VLMAChiHNFKRKGGIGGlT?AERLINmITTQLEiqhLQTKIQKILNFRVYYREGRDPVWKGPaqLIWKG   971
SIVAGM3       -----HI----------L-P------M------LQH-------------------------GQ-----  1000
SIVAGMTYO     -----IL----------Q-S------I------IQH-------------------------AQ-----  1015
SIVAGM155     -----HI----------L-A------M------INT-------------------------AR-----   995
SIVAGM677     VQMATHIHNFKRKGGIGGISSAERLVNMLTTQLELNTLQNQIQKILNFKVYYREGRDPVWKGPARLIWKG   999
SABAEUS.CON   Vl*                                                                     200
SIVAGM381     -L-                                                                      92
SIVAGM384     -I-                                                                      92
SIVAGM386     -I-                                                                      92
SIVAGM385A    -L-                                                                      91
SIVAGM385B    -L-                                                                      92
SIVAGM385C    -L-                                                                      92
SIVAGM385D    -L-                                                                      92
SIVSYK        VAMATFILNFKRKGGIGGISPGERYINMLYTELQLQQ.NTTSPKFSNFRVYYRQGKN.EWKGPARLLWKG   992

VERVET.CON    EGAVVlK.?G?eLKvvPRRKAKIIKDYEPrkr?GdE??lEGagGsDnx??????.....*            1013
SIVAGM3       -----I-.G-VE--EY-------------RKRM-D-SNL--AG-A-NX.............-          1047
SIVAGMTYO     -----L-.D-SD--VV-------------KQRV-N-GDV--TR-S-NX.............-          1062
SIVAGM155     -----L-.E-EE--VV-------------RKTL-D-THL--AG-S-HQMAGDSX.......-          1048
SIVAGM677     EGAVVIK.EGEDIKVVPRRKAKIIKDYGERKTMDSEGSMEGVREANKQMEGDSDLQDQEX-           1058
SIVSYK        EGAVVVQTEEGDIFAVPRRKAKIITDHGER..MDSGSHVENDPKTD.............-           1036
```

AGMVIF

AGM VIF

A single consensus sequence was used because several of the subspecies are represented by a single sequence. No tantalus or sabaeus sequences were available over this region. The outlying Sykes' monkey sequence is not reflected in the consensus.

```
CONSENSUS MnqeKeWvmRvtWkVpeelItkWqGIV.rYwmr?rnL.kWeYrmHyQitWawyTmSryvIPlgkhgeIhV   67
SIVAGMTYO -NPN-E-VM-VT-K-PGDL-TK-Q---.R-WMRQRN-.K-N-YM-Y-IT-AWY-M-RYV--IGKHGE-C-   68
SIVAGM155 -SQE-H-VM-LT-K-QEEV-TK-Q---.R-WMNKRN-.K-E-KM-Y-IT-AWY-M-RYV--LPGSGE-H-   68
SIVAGM3   -NQE-E-VM-VT-K-PEEL-TK-Q---.R-WMRTRK-.D-K-RM-Y-IT-AWY-M-RYE--LGQHGS-H-   68
SIVAGM677 -ERE-Q-IV-VV-R-SERQ-SR-R---.T-KIRNKQ-.P-E-RH-W-VQ-QFW-Y-QFI--LSKDDY-E-   68
SIVSYK      ME-E-IVVPT-RMTPRQ-DRLQH-IKTHKYKSKE-EKAT-KH-Y-IE-QWY-YCQWT--VG.DGT-WI   67

CONSENSUS d?YwhLtPeqGWLStyavGiqYvsn???kYrTElDPaTADsmIH?hYF?CFt?RAIqqAlrG?.rftfCq  128
SIVAGMTYO DL-WH-T-EQ----TYAV-IQ-VSNLESK-R--L--A---SI--GH--N--KE---QQ-LR-H.RFVF-Q  137
SIVAGM155 DI-WH-A-KQ----TYAV-IQ-VSLVNDK-R--L--N---SM--CH--T--TD---QQ-LR-N.RFIF-Q  137
SIVAGM3   DL-WH-T-EK----TYAE-IQ-LSNRDPW-R--L--A---SL--TH--T--TE---RK-LL-Q.RFTF-Q  137
SIVAGM677 NI-HN-T-ER----SHGV-LS-YH..QKG-K--V--G---RM--LY--N--TD---QQ-IR-E.KYTW-T  135
SIVSYK    TF-HN-A-ER---HMQGIRIQ-QWN.Q..WN-DLT-AV--RL--NF--P--TA--VNQ-VR-ELLTSH-W  134

CONSENSUS FpeGHK?tGQVpSLQyLALlAh..qNGlRkRS?RgkTrrtrNlGs?QGAv...GrMAkR?arrsq??sq?  186
SIVAGMTYO -PE---ST---P---Y---L-H..Q--L-E--K-GK-RRSR-L-SK---V...-Q--K-YVTRSQPGGEA  202
SIVAGM155 -PG---LT---P---Y---L-H..Q--L-K--Q-GE-RRTR-L-SQ---V...-R--Q-YGRRNQQRSQT  202
SIVAGM3   -PE---KT---P---Y---L-H..Q--L-Q--Q-SK-GGTR-M-FE---V...-R--K-HARRYQSGSQD  202
SIVAGM677 -KE---..---Q---L---V-Y..T--I-K--K-TF-RMAG-L-SR---M...-R--T-HAQGSKRRSQK  198
SIVSYK    TP..-TD..--P---Y---QVYLKDG-GFLQ-LPACARNTMVLHSKKCRVDPKRDQCHCKGRTGSDRSIQ  200

CONSENSUS AfW?rtpvPSMELLsgG?r?t??sh?gkgl???                                      210
SIVAGMTYO -F-ERTPV------SG-RRKTWYSHDGKGLQIL                                      235
SIVAGM155 -F-PRTPI------SG-RGETGKTHSGKGI                                         232
SIVAGM3   -F-ARAPV------SG-GRKESHSHARKGL                                         232
SIVAGM677 -L-NEHAN------CR-GKET                                                  219
SIVSYK    -FYSSRNIW-L-SILKRRGRD                                                  221
```

AGM VPR/VPX

A single consensus sequence was used because several of the subspecies are represented by a single sequence. No tantalus or sabaeus sequences were available over this region. The so-called "vpX" of SIVAGMs and the SIVSYKES might better be interpreted as a VPR protein (see Hirsch et al., J. Virol. 67:1517-1528, 1993). By this interpretation, only HIV-2s and related SIVs have the VPR duplication that is known as VPX. For the earliest insights into this problem see Tristem et al., Nature 347:341-342,1990 and EMBO J. 11:3405-3412,1992.

```
CONSENSUS MASGRDPREarPGelEIWDLsREPWDeWLrDMled?NqEA?lHFGrelLfqVWNYCqEEGeRhgtPm?Er     67
SIVAGMTYO ---------AR--EV-----S-----K--R--LQDL-Q--RL---REL-FQ-----Q---E-HGT-MM-R     70
SIVAGM155 ---------ER--GL-----S-----E--R--VEEI-N--KL---REL-YQ-----Q---E-QGR-IA-R     70
SIVAGM3   ---------AR--EL-----S-----E--R--LEDI-Q--KM---REL-FQ-----Q---E-NRT-ML-R     70
SIVAGM677 ---------PL--WL-----D-----E--Q--LRDL-E--RR---MNM-IR-----V---R-HNT-WN-I     70

CONSENSUS aYKYYrlVQKalFVHFRCGCRRRqPFePYEERR?GQGGGragrvPPGLd*                        115
SIVAGMTYO A----RL---AL----------Q--E------D-----RANRV----E-                        119
SIVAGM155 A----RL---AL----------Q--E------N-----RPGRV----D-                        119
SIVAGM3   A----KL---AL----------Q--E------D-----RAGRV----D-                        119
SIVAGM677 G----RI---SM----------G--S------N-----.APPP----A-                        118
```

AGM TAT

A single consensus sequence is shown because several of the subspecies are represented by a single sequence. No tantalus or sabaeus sequences are currently available over this region. The outlying Sykes' monkey sequence is not reflected in the consensus.

```
CONSENSUS       MDKgEeeq?vshQDLieqy?kPLqtCtNKC?CKkCCYHCqlCFLqKGLGvtYHapRtR.RKkia     60
SIVAGM3         ---G-DEQGAYH---IEQLKA--KR-T---Y--C-----QL---Q----VT--AP-I-.--KIA     63
SIVAGMTYO       ---G-AEQIVSH---SEDYQK--QT-K---F--K-----QL---Q----VT--AP-T-.--KIR     63
SIVAGM155       ---G-EDQDVSH---IKQYRK--ET-T---F--K-----QF---R----IT--AF-T-.--KIA     63
SIVAGM677       ---.-EEPHPLL---HR....--QP-T---Y--K-----EL---Q----VR--VS-K-.--TST     58
SIVSYK    MSSTDQICQTQRVPPSFLEGTFL.EKG-PTP-.---F--N-----QL---Q----IT-ARP-K-AARSIS     68

CONSENSUS sl?r?P?qqQSIStr?gRd?QTTqe?qekVEt?A?an????RKNL????????GA??*              95
SIVAGM3   PLDRF-EQK----TR.G-DS---QKGQEK--TS-RTAPSLG----AQQSGRAT--SD-             119
SIVAGMTYO SLNLA-LQH----TKWG-DG---PTSQEK--TT-GSN*                                  100
SIVAGM155 SADRI-VPQ----IR.G-DS---QESQKK--EQ-KANLRIS----GDETRGPV--GN-             119
SIVAGM677 QDNQD-IRQ----TV.Q-NG---EEGKTE--KA-AAN*                                   94
SIVSYK    EDDSA-TGTLPRAGRTQANP--...KKKA--TEKDSTSLPSAE--*                          110
```

AGM REV

A single consensus sequence is shown because several of the subspecies are represented by a single sequence. No tantalus or sabaeus sequences are currently available over this region. The outlying Sykes' monkey sequence is not reflected in the consensus.

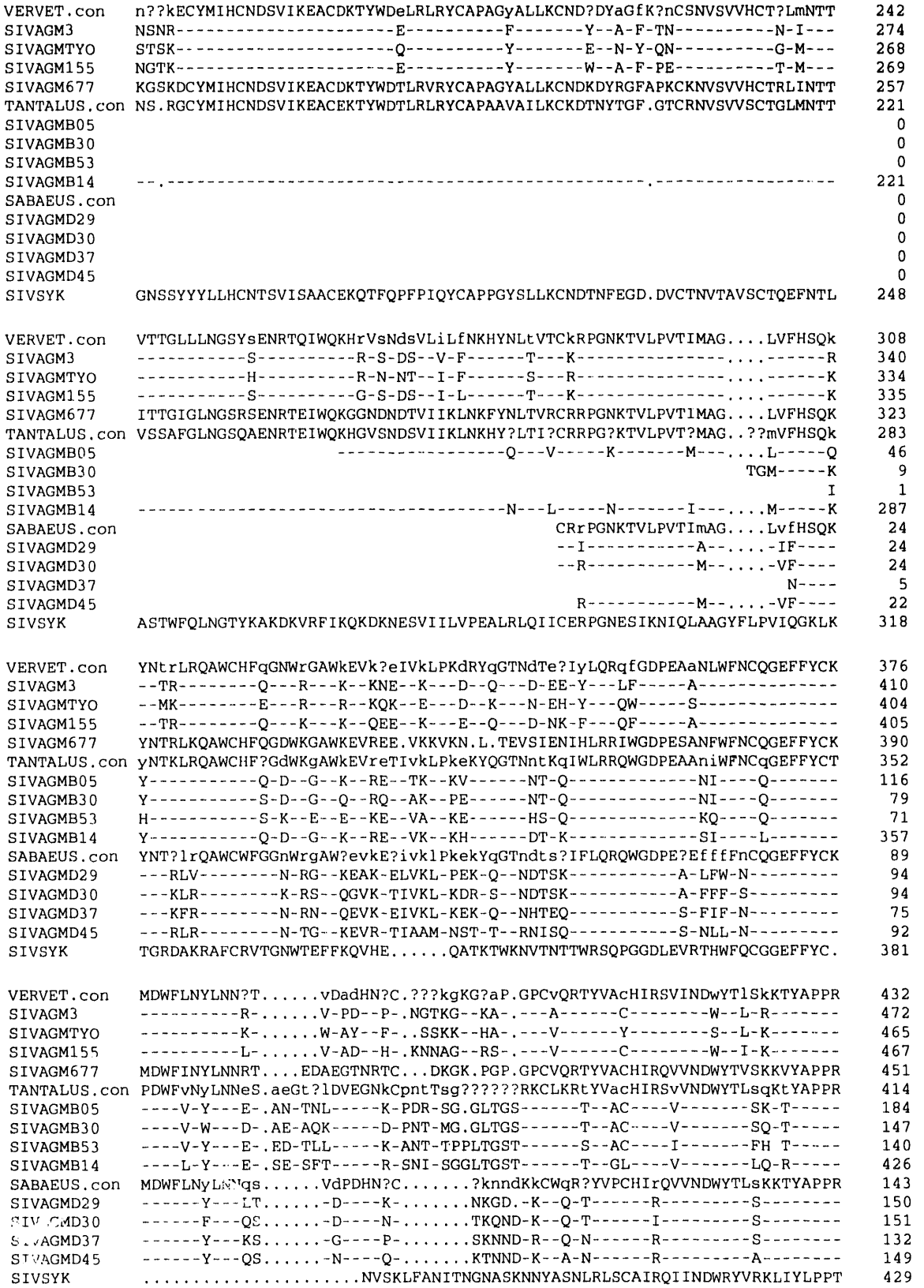
```
CONSENSUS    ATGcC?cTAGGAccAGAAGAA...AgAagAttgcT?cg?tT?ATcgcgttCCTgtACagcAgCAATC     60
SIVAGMTYO    ---C-CC-----CC-------...-G-AG-TTCG-TCGCT-A--TTGGCT---TT--AGC-C-----     64
SIVAGM155    ---C-TT-----CC-------...-G-AG-TTGC-TCGGC-G--CGCATT---GT--CGC-G-----     64
SIVAGM3      ---C-CC-----TC-------...-G-AG-TTGC-CCGCT-G--CGCTTT---GA--AAA-A-----     64
SIVAGM677    ---T-TC-----AA-------...-A-CA-GCAC-CAAGA-A--CAAGAC---AT--GGC-G-----     64
SIVSYK    ATGCCAGACCA----AGC--GC-GCTCGC-GT-TTTC-GAGGA-G--AGCGCA---A......CAGG-A-     64

CONSENSUS CATAT???CCAcccgtggaaGGgAC?GCCAGACAACGcaG?aG?GCcAG?agaAGGTGGAga?AacaGCA    122
SIVAGMTYO -----CCA---AGTGGGGAA--G--G----------CC-AC-A--C--GAGA-------GAC-ACA---    134
SIVAGM155 ------...---TCCGTGGAA--G--A----------CA-GA-A--C--AAGA-------AGA-CAG---    131
SIVAGM3   ------...---CCCGTGGAA--G--A----------CA-AA-G--C--GAGA-------GAC-AGC---    131
SIVAGM677 ------...---CAGTTCAGC--A--G----------GA-GA-G--A--ACAG-------GAA-GCA---    131
SIVSYK    -C--C...---GGGCCGGAA--AC-CAGGCA-ACC--CA-AC-AAGA--AAGGCA-----GAC-GAGAAG    131

CONSENSUS ?gAgCAaaT???agcctTgGcAGaAAGAaTctgg?acaccaga?a?GAgga?caactGGTGcatgcaaTT    184
SIVAGMTYO GG-T--AA-TAGAGTCT-G-T--A----C-C.............CAA--G......CA----TATGCAG--    186
SIVAGM155 AA-G--AA-CTACGCAT-A-C--A----A-TTGGGGGACGAGACAA--GGACCAGTT----CAGGCAA--    201
SIVAGM3   AG-A--GC-CCGAGCCT-G-C--A----A-CTGGCACAGCAGAGTG--AGAGCAACT----CAAGCGA--    201
SIVAGM677 GC-G--AA-TGATAAGA-T-C--G----G-CCTCAACACCTTCGAG--TCAACAACT----GCTCAAC--    201
SIVSYK    GACT--ACGTCTCTACC-TCAGCAG---A-CTTTGAGGCAATCTTT-GAAGCAGGACA-CAGCTTTGGAG    201

CONSENSUS gAccaa?TGgt?ct?GAga?tcAgcA??TGG?tatACAACAg?TGCCTGACCCTCCTcaTtcagcT*       242
SIVAGMTYO G-CCGCC--GCTGAC--GGCTC-AC-CT---CTAT------GT--------------CA-TCAGC--     252
SIVAGM155 G-CCAAT--GTTCTT--CACTC-GC-TC---TTAC------GC--------------TC-CAAGC--     267
SIVAGM3   G-CCAAT--GTGCTC--TCAGC-GC-TC---CTAT------GT--------------AG-TCATC--     267
SIVAGM677 C-AGAGC--CAGCTT--GAATA-GG-CT---TGTT------TC--------------CA-ATTCA--     267
SIVSYK    G-CAGTC--.........................--G--GC-T-AGAT-T--GA-*                 231
```

AGMENV

AGM ENV

One grivet sequence (SIVAGM677) is available over this region.

```
VERVET.con    M??tl???gil?IGIGivlstkqQWiTVFYGvPVWKNSSVQAFCMTPTTrLWATTNcIPDDHDYTEVPLN     64
SIVAGM3       -KLTLL.IGILL----VVLNTRQ--V-----V----------------R------S-------------     69
SIVAGMTYO     -RYTIITLGIIV----IVLS.K.--I-----I----------------S------C-------------     68
SIVAGM155     -TKFLGIFIVLG----IGISTKQ--I-----V----------------R------C-------------     70
SIVAGM677     MGRLLIKILIIAIGISIGI..GNLYVTVFYGIPVWKNSTVQAFCMTPNTNMWATTNCIPDDHDNTEVPLN     68
TANTALUS.con                                                QAFCMTPNTNLWATTNCIPDDHNYTEVQLN     30
SIVAGMB05                                                                                   0
SIVAGMB30                                                                                   0
SIVAGMB53                                                                                   0
SIVAGMB14                                                   ------------------------------     30
SABAEUS.con                                                                                 0
SIVAGMD29                                                                                   0
SIVAGMD30                                                                                   0
SIVAGMD37                                                                                   0
SIVAGMD45                                                                                   0
SIVSYK        MAAFRTYIVCLFSLISLGFMEKQQYVTVFYGIPHWEDAYAPLFCTTSHKGGWATKNCVP.SADQIEVRVN     69

VERVET.con    IT.EPFEAWaDRNPLvAQAgSNIHLLFEQTlKPCVKLSPLCIKMnCVELnss?????????tatt?t?T?    121
SIVAGM3       --.------A-----V---G----------L-------------S----NSSEPTTTPKSTTASTTNI-A    138
SIVAGMTYO     --.------G-----I---A----------M-------------N----NSTR.......ERATTPTT-P    130
SIVAGM155     --.------A-----V---G----------L-------------N----KGS........ATSTPATS-T    131
SIVAGM677     IT.EAFEAW.D.NPLVKQAESNIHLLFEQTMRPCVKLSPICIKMSCVELNGT........ATTKATTTAT    127
TANTALUS.con  VS.EKFEAWKDRNPLVAQAESNIHLLFESTLKPCVKLTPMCIRMNCTRLPSFT.......PSSSSTTRTT     92
SIVAGMB05                                                                                   0
SIVAGMB30                                                                                   0
SIVAGMB53                                                                                   0
SIVAGMB14     --.-------------------------------------------------.......----------     92
SABAEUS.con                                                                                 0
SIVAGMD29                                                                                   0
SIVAGMD30                                                                                   0
SIVAGMD37                                                                                   0
SIVAGMD45                                                                                   0
SIVSYK        ITGEYFPAWNSSHMIRQQILEDMSALFLQANRPCVKLAPMCIRMLCTLDNSP.........ATSTPTTS    129

VERVET.con    ??T?LPCV?nkt??nLqSCN?tIIEkEmndEpASNCTFAMAGYvRDQKKn?YSVVWNDAEI?CK?????n    177
SIVAGM3       ST-T----QNKTSTV-E---ET---K-LNE-P----------V-----K.----------M--...KGN    204
SIVAGMTYO     KS-G----GPTSGEN-Q---AS---R-MED-P----------V-----NY----------Y--NKT..N    198
SIVAGM155     AG-K----RNKTDSN-Q---DT---K-MND-A----------I-----N.----------F--.RSTSH    199
SIVAGM677     TTMTTPC.........QNCSTEQIEGEMAEEPASNCTFAIAGYQRDVKKN.YSMTWYDQELVCNNKTGSE    187
TANTALUS.con  RNPCPGT.......TNDECNSHLVTNSMEFENSSMCTFAMAGYMRDQKKT.YNSTWYDAELMCEPESKK.    153
SIVAGMB05                                                                                   0
SIVAGMB30                                                                                   0
SIVAGMB53                                                                                   0
SIVAGMB14     -------.......-----------------------------------------.----------.    153
SABAEUS.con                                                                                 0
SIVAGMD29                                                                                   0
SIVAGMD30                                                                                   0
SIVAGMD37                                                                                   0
SIVAGMD45                                                                                   0
SIVSYK        PPTTPP.............NET.WWGDNSTEPRFNCSFNLTGGFKDKKQQ.YRAFFYKDDLMKE.....E    179
```



```
VERVET.con    EGHLQCtSTVTGMtVELNYNskNRT...NVTLSPQIEtIWAAELGRYKLVEITPIGFAPTEVRRYTGGhe    499
SIVAGM3       ------T------S------SK---...---------T----------------------------HD    539
SIVAGMTYO     ------R------T------SK---...---------S----------------------------HE    532
SIVAGM155     ------T------T------NQ---...---------T----------------------------QE    534
SIVAGM677     EGHLECNSSVTALYVAIDYN..NKSGPINVTLSPQVRSIWAYELGDYKLVEITPIGFAPTDVRRYTGPT.    518
TANTALUS.con  EGHLECtSTVTSmmVSLDYNsKnMT...NVTLTANLENIWAYELGrYkLIeIKPIGFAPTEVR?YEGPT.    479
SIVAGMB05     ------T-----MM------S-N---...----------------R-K--K--                     234
SIVAGMB30     ------T-----MM------S-N---...----------------R-K--E-----------R-----.    213
SIVAGMB53     ------T-----IM------T-H---...----------------N-N                          185
SIVAGMB14     ------R-----ML------D-N---...----------------R-K--E-----------x          487
SABAEUS.con   EG?LECtSTATAlYVELNYNskNrT...NVTLsPqIRSIWanELG??KLVEIKPIGFAPTEVRKYTGP.E    206
SIVAGMD29     --H---T-----L-------SK-R-. .----S-H-----AN---                            192
SIVAGMD30     --H---N-----M-------LK-R-. .----L-Q-----AN---DF--------------------.-    217
SIVAGMD37     --Q---H-----L-------SK-G-... ---S                                        162
SIVAGMD45     --Q---T-----L-------SH-R-... --S-Q-----SY---SY-----                      198
SIVSYK        AGHIKCTSNVTAVLTDIEYYPGSTL...NFTPTANVEDVWRADLFNYKLIQIKPIGFAPTDQRRYELPNT    496

VERVET.con    RqKRVPFVLGFLGFLG...AAGTAMGAAAtaLTVQSqHLLAGILQQQKNLLAAVeAQQQMLKLTIWGVKN    566
SIVAGM3       -T-------------...----------TA-----Q----------------E----------------    606
SIVAGMTYO     -Q-------------...----------SS-----R----------------E----------------    599
SIVAGM155     -Q-------------...----------TA-----Q----------------G----------------    601
SIVAGM677     REKRVPFVLGFLGFLG...AAGTAMGAAATTLTVQSRHLLAGILQQQKNLLAAVEQQQQLLKLTIWGVKN    585
TANTALUS.con  REKRVP*                                                                  485
SIVAGMB30     ------                                                                    219
SABAEUS.con   RQKRVP*                                                                  212
SIVAGMD30     ------                                                                    223
SIVSYK        REKR..AAPLALGFLGLLSAAGTAMGGAATALTLQSQTLLAGIVQQQQKLLEAVEAQQHLLGLTVWGVKN    564

VERVET.con    LNARVTALEKYLeDQARLNaWGCAWKQVCHTTVpW.......?WnNrTPdWnNMTWLEWErQI??LEgNI    626
SIVAGM3       ------------E------A------------P-.......Q-N-R--D-N--------R--SY--G--    669
SIVAGMTYO     ------------E------S------------E-.......P-T-R--D-Q--------R--AD--S--    662
SIVAGM155     ------------A------A------------P-.......T-N-.--E-N--------K--EG--G--    663
SIVAGM677     LNARVTALEKYLEDQARLNSWGCAWKQVCHTTVPW.......KYNN.TPKWDNMTWLEWERQINALEGNI    647
SIVSYK        LNARLTALETYLRDQAILSNWGCAFKQICHTAVTWEKACGNNSNFCPIPQWKNMTWHRWEQEVDNLTDHI    634

VERVET.con    T?QLe?AReQEEKNLDAYQKLssWSdFWSWFDFSKWLNILKiGFL?v?GiIGLRLLYTvY?CIaRVRQGY    691
SIVAGM3       -T--EE--A----------SS--D--------------I---DVL-I--------V-S--A------    739
SIVAGMTYO     -G--VK--E----------TS--D--------------M---VIV-I--------V-G--V------    732
SIVAGM155     -K--EQ--E----------SD--S--------------I---AVI-V--------L-T--A------    733
SIVAGM677     TQLLEEAQNQESKNLDLYQKLDDWSGFWSWFSLSTWLGYVKIGFLVIVIILGLRFAWVLWGCIRNIRQGY    717
SIVSYK        DGLLREAQEQQERNVHDLTKLQEWDSLWSWFDLSKWFFYLKIGFYVIGALVLLRLVSFSVGIIKNLLGGY    704

VERVET.con    sPLSPQIHIHpw?KGqPDNA?ePgEGGd??k?kse?WQK?S??????????C??LT?W??????WLYNSCL    736
SIVAGM3       S---------PW.--Q----EG-G---DKRKNSSEP---E-GTAEWKSNW-KR--N-CSISSI-------    808
SIVAGMTYO     V---------QVG--R----DE-G---DNSRIKLES- -D-.K.SR....-MQ--A-LTRLNT-------    795
SIVAGM155     S---------PW.--Q----GE-E---RTGKSKSTH                                     768
SIVAGM677     NPL.PQIHIHS.SAERPDNGGGQDRGGESSSSKLIRLQEESSTPSRINNWWLNFKSCSLRIRTWCYNICL    785
SIVSYK        VPI.LQNPTQG..RKDPGKPADEEEGSGDREGLNVSTFSRESLRQSLEAGQQLWRTVCSSF........R    763

VERVET.con    TLL??LR?AFQY?QYGL?ELK??AQE????LA??AQNA??QIWLACRSAYR?I?NSPRRVRQGLE?ILN1    787
SIVAGM3       ---VH--S----I----G---AA---AVVA--RL----GY-----------A-I-----------G---    877
SIVAGMTYO     ---IQ--K----L----A---TG---ILQT--GV----CH-----------N-V-----------E---    864
SIVAGM677     TLLIFIRTAVGYLQYGLQQLQEAATGLAQALARAAREAWGRLGAIVRSAYRAVINSPRRVRQGLEKVLG    854
SIVSYK        SLIRQLTITWGFISYGFNELKIAAASLGREIRDWVAAIWQAIYAATRRVVEAVAALPRRLRQGLEIYLN1    832
```

AGM NEF

A single consensus sequence was used because several of the subspecies are represented by a single sequence. No tantalus or sabaeus sequences were available over this region. The outlying Sykes' monkey sequence is not reflected in the consensus.

```
CONSENSUS MG?gnSKpqhkkqlklWraLhktr?trygLLaDPLIGqSST?QEECdKaL?kSlirkrnG?MTpegRrLQ     65
SIVAGMTYO --SQN--PAHKKYSKL-QA-HKTHVTRYG--A-----T---V----D-A-RK-LIRKQN-N--EEE-R--     70
SIVAGM155 --LGS--PQHKKQLTI-RA-HATRHTRYG--A-----Q---L----D-G-RK-LIRKRN-N--PEG-R--     70
SIVAGM3   --LGN--PQHKKQLSL-HA-HKTRATRYG--A-----Q---L----D-A-KE-LIRKRN-K--PEG-K--     70
SIVAGM677 --SSN--RQQQGLLKL-RG-RGKPGADWV--S-----Q---V----G-A-KK-WGK...-K--PDG-R--     67
SIVSYK    --STS--SQQLRSEGKYAIGWRLFGKQYTP-P-E-SRPLQPCRGGFD-AWRSTLTEPIDPHGPDRDWGHS     70

CONSENSUS eGDtwdEWsD?E?E.....VGFPVrPRVPLRQmTYKLAVDFSHFLKeKGGLDGIYYSdRRnkILNLYALN    128
SIVAGMTYO E--TWE--S-D-E-.....-----R-------M----------E----------D--NK--------    135
SIVAGM155 D--QWD--S-E-D-.....-----R-------I----------E----------D--NK--------    135
SIVAGM3   E--KWD--S-E-D-.....-----R-------M----------E----------D--NQ--------    135
SIVAGM677 E--TFD--D-D-E-.....-----Q-------M----------S----------E--EK--------    132
SIVSYK    G-QKFSPGDIVQD-GDTGL-----C-QT---TL-----I-L---I-N----Q-MN-CEK-DE--H--LQ-    140

CONSENSUS EWGIIDDWnAwSkGPGIRyPrcFGFCFKLVPVdLHEEAetCERHCLvHPA..Q....mgEDP...DGInH    189
SIVAGMTYO --------N-W-K-----F-KC----------D-----QT------V---..-....MG---...---S-    196
SIVAGM155 --------N-W-K-----Y-RC----------A-----ET------V---..-....LH---...---N-    196
SIVAGM3   --------N-W-E-----Y-RC----------D-----ET------V---..-....VR---...---N-    196
SIVAGM677 --------Q-Y-P-----Y-RV----------D-----RN------M---..-....MG---...---D-    193
SIVSYK    -H----RIN.YTS---T-Y-LI--WLWE---NEIEGCLEYE-HTL-L---SG-GSSSMG-.-HVELQPPP    208

CONSENSUS GE?LvWKFDPmLAvqYdPnreyftDmh?lvkrkN*                                      221
SIVAGMTYO --I-V-----M--IQ-D-NREYFT-MHGLVKRK                                       229
SIVAGM155 --I-A-----M--VQ-D-SREYFT-LYSTVGTG-                                      230
SIVAGM3   --V-V-----M--VQ-D-NRKYLT-MHDLGKRK                                       229
SIVAGM677 --V-V-----K--VE-R-..DMFK-MHEHAKR                                        223
SIVAGMSAB K-T-V-----L--VD-VAWRLHPEQVPSAQG PQ                                      228
SIVSYK    -YTPG-EMAR.-QLERQT.GKPQELQSALSKNIS                                      240
```

IV

Related Sequences

Heretofore, this section of the compendium has featured HIV related viral sequences—of nonprimate lentiviruses and human T-cell lymphotropic viruses I and II. Beginning in 1993, Part IV entries include, with greater emphasis, coding sequences for cellular proteins involved with HIV and SIV pathogenesis.

1.0
1.1
1.25
1.4
1.6
1.8
2.0
2.2
2.5
2.8
3.2
3.6
4.0
4.5
5.0

7 of 11

PART IV Related Sequences

Introduction IV-1

Contents(1993) 3

HUM927 (J04164) 5
HUMB2M (M17986) 6
HUMB2M2 (M17987) 7
HUMEHS1 (M85292) 8
HUMEHS2 (M86246) 10
HUMEP1 (J05011) 11
HUMEP2AA (M60119) 12
HUMICAM1M (J03132) 15
HUMMSS1 (D11094) 17
HUMTBP1 (M34079) 18
HUM3D6HCV (X53613) 19
HUMANTIGPA (M88499) 20
HUMANTIGPA (M88500) 21
HUMIGHB26 (L03139) 22
HUMIGHBM (M80715) 28
FIVAM19 (M73964, M73965) 30
FIVDU4 (X69498) 31
FIVDU6 (X69499) 32
FIVITM1 (X69500) 33
FIVITM2 (X69501) 34
FIVITM3 (X69502) 35
FIVITM4 (X69503) 36
FIVUK14 (X69497) 37
FIVUK2 (X69494) 38
FIVUK5 (X69495) 39
FIVUK8 (X69496) 40
FIVMD (M95472) 41
FIVTM1 (M64040) 42
FIVUT113 (X60725) 43
FIVWO1 (L06136) 44
FIVWO2 (L06135) 45
FIVZ1 (X57002) 46
FIVZ21 (X57000) 49
FIVZ22 (X57001) 50
FIVP14 (M95471) 52
FIVP16 (M95477) 53
FIVP18 (M95476) 54
FIVP21 (M95478) 55
FIVP42 (M95470) 56
FIVP64 (M95473) 57
FIVP8 (M95475) 58
FIVP80 (M95474) 59

```
LOCUS       HUM927A       853 bp mRNA            PRI       15-DEC-1989
DEFINITION  Human interferon-inducible protein 9-27 mRNA, complete cds.
ACCESSION   J04164
SOURCE      Human lymphoid cell, cDNA to mRNA, and DNA, clones pHP[1.7, 2.0,
            3.4].
REFERENCE   1  (bases 1 to 853)
  AUTHORS   Reid,L.E., Brasnett,A.H., Gilbert,C.S., Porter,A.C., Gewert,D.R.,
            Stark,G.R. and Kerr,I.M.
  TITLE     A single DNA response element can confer inducibility by both
            alpha- and gamma-interferons
  JOURNAL   Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 86, 840-844 (1989)
REFERENCE   2  (sites 1 to 853)
  AUTHORS   Constantoulakis,P., Campbell,M., Felber,B.K., Nasioulas,G.,
            Afonina,E. and Pavlakis,G.
  TITLE     Inhibition of rev-mediated HIV-1 expression by an RNA binding
            protein encoded by the interferon-inducible 9-27 gene
  JOURNAL   Science 259, 1314-1318 (1993)
COMMENT     Computer-readable sequence for [1] kindly provided by I.M.Kerr,
            07-FEB-1989.  The product of the human interferon-inducible gene
            9-27 gives rise to a recombinant protein, RBP9-27, that binds
            HIV-1 RRE. Authors in [2] state that the presence of RBP9-27
            inhibits Rev-dependent gene expression of the late viral proteins
            by antagonizing Rev function.
BASE COUNT      208 a    268 c    182 g    195 t
ORIGIN      156 bp upstream of AflII site.
        1 ctagtcctga cttcacttct gatgaggaag cctctctcct tagccttcag cctttcctcc
       61 caccctgcca taagtaattt gatcctcaag aagttaaacc acacctcatt ggtccctggc
      121 taattcacca atttacaaac agcaggaaat agaaacttaa gagaaataca cacttctgag
      181 aaactgaaac gacaggggaa aggaggtctc actgagcacc gtcccagcat ccggacacca
      241 cagcggccct tcgctccacg cagaaaacca cacttctcaa accttcactc aacacttcct
      301 tccccaaagc cagaagATGc acaaggagga acatgaggtg gctgtgctgg gggcaccccc
              protein 9-27 ->
      361 cagcaccatc cttccaaggt ccaccgtgat caacatccac agcgagacct ccgtgcccga
      421 ccatgtcgtc tggtccctgt tcaacaccct cttcttgaac tggtgctgtc tgggcttcat
      481 agcattcgcc tactccgtga agtctaggga caggaagatg gttggcgacg tgaccggggc
      541 ccaggcctat gcctccaccg ccaagtgcct gaacatctgg gccctgattc tgggcatcct
      601 catgaccatt ggattcatcc tgtcactggt attcggctct gtgacagtct accatattat
      661 gttacagata atacaggaaa aacggggtta cTAGtagccg cccatagcct gcaacctttg
                                              <- 9-27 end
      721 cactccactg tgcaatgctg gccctgcacg ctggggctgt tgcccctgcc cccttggtcc
      781 tgcccctaga tacagcagtt tatacccaca cacctgtcta cagtgtcatt caataaagtg
      841 cacgtgcttg tga
```

HUMB2M

```
LOCUS       HUMB2M1      1217 bp ds-DNA             PRI       15-JUN-1989
DEFINITION  Human beta-2-microglobulin gene, exon 1.
ACCESSION   M17986
SEGMENT     1 of 2
SOURCE      Human DNA, clone pB2m13, and cDNA to mRNA, clone pB2m16.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1217)
  AUTHORS   Guessow,D., Rein,R., Ginjaar,I., Hochstenbach,F., Seemann,G.,
            Kottman,A. and Ploegh,H.L.
  TITLE     The human beta-2-microglobulin gene: Primary structure and
            definition of the transcriptional unit
  JOURNAL   J. Immunol. 139, 3132-3138 (1987)
COMMENT     Draft entry and computer-readable sequence for [1] kindly provided
            by E.J.Baas, 03-DEC-1987.
BASE COUNT      274 a    325 c    322 g    296 t
ORIGIN      383 bp upstream of EcoR1 site.
        1 ttatatattc acaattcatt cattcatcca tcatcgttca ttcctttact gagtacctac
       61 tatgtccagc ccctgttcta ggtgaaacta agagaatgtg tacctagagg gcgctggaag
      121 ctctaaagcc ctagcagtta ctgcttttac tattagtggt cgttttttc tccccccgc
      181 ccccgagaa atcaacagaa caaagaaaat tacctaaaca gcaaggacat agggaggaac
      241 ttcttggcac agaactttcc aaacactttt cctgaaggat acaagaagca agaaagtact
      301 attcactagg accttctctg agctgtcctc aggatgcttt tgggactatt tttcttaccc
      361 agagaatgga gaaaccctgc aggaattccc aagctgtagt tataaacaga agttctcctt
      421 ctgctaccta gcattcaaag atcttaatct tctgggtttc cgttttctcg aatgaaaaat
      481 gcaggtccga gcagttaact ggcgggggca ccattagcaa gtcacttagc atctctgggg
      541 ccagtctgca aagcgagggg gcagccttaa tgtgcctcca gcctgaagtc ctagaatgag
      601 cgccggtgtc ccaagctggg gcgcgcaccc cagatccgga gggcgccgat gtacagacag
      661 caaactcacc cagtctagtg catgccttct taaacatcac gagactctaa gaaaaggaaa
      721 ctgaaaacgg aaagtccctc tctctaacct ggcactgcgt cgctggcttg gagacaggtg
      781 aggtcctgcg ggccttgtcc tgattggctg ggcacgcgtt taatataagt ggaggcggtc
      841 gcgctggcgg gcattcctga agctgacagc attcgggccg agATGtctcg ctccgtggcc
                           beta-2-microglobulin exon 1 ->
      901 ttagctgtgc tcgcgctact ctctctttct ggcctggagg gcatccagcG Tgagtctctc
                                                            /\ 5' sj
      961 ctaccctccc gctctggtcc ttctctccct cgctgtgctc tctcgctccg tgacttcctt
     1021 ctcaagttaa tccttggtgg acccgccgtc gggctagtcc agggctggat ctcggggaag
     1081 cggcggggtg gacctgggag tggggaaggg ggtgcgcacc cgggacgcgc gactacttaa
     1141 ccccttggc ggggagcagg ggagactttg gcctagcgaa cgggagggtc gggacaagtt
     1201 tagggcgtcg ataagcg
```

```
LOCUS       HUMB2M2      2871 bp ds-DNA             PRI       15-JUN-1989
DEFINITION  Human beta-2-microglobulin gene, exons 2 and 3.
ACCESSION   M17987
SEGMENT     2 of 2
SOURCE      Human DNA, clone pB2m13, and cDNA to mRNA, clone pB2m16.
REFERENCE   1  (bases 1 to 2871)
  AUTHORS   Guessow,D., Rein,R., Ginjaar,I., Hochstenbach,F., Seemann,G.,
            Kottman,A. and Ploegh,H.L.
  TITLE     The human beta-2-microglobulin gene: Primary structure and
            definition of the transcriptional unit
  JOURNAL   J. Immunol. 139, 3132-3138 (1987)
COMMENT     Draft entry and computer-readable sequence for [1] kindly provided
            by E.J.Baas, 03-DEC-1987. The first expressed exon is found in
            <HUMB2M1>, accession number M17986.
BASE COUNT      839 a    536 c    578 g    918 t
ORIGIN      About 3500 bp after segment 1; 320 bp upstream of EcoR1 site.
        1 aaatggaatt ggagaaatcg atgaccaaat gtaaacactg tgcctgatat agcttgacac
       61 caagttagcc ccaagtgaaa taccctggca atattaatgt gtctttcccc gatattcctc
      121 AGgtactcca aagattcagg tttactcacg tcatccagca gagaatggaa agtcaaattt
           /\ 3'sj
     exon 2 ->
      181 cctgaattgc tatgtgtctg ggtttcatca atccgacatt gaagttgact tactgaagaa
      241 tggagagaga attgaaaaag tggagcattc agacttgtct ttcagcaagg actggtcttt
      301 ctatctcttg tactacactg aattcacccc cactgaaaaa gatgagtatg cctgccgtgt
      361 gaaccatgtg actttgtcac agcccaagat agttaagtgg gGTaagtctt acattctttt
                                                  /\ 5' sj
      421 gtaagctgct gaaagttgtg tatgagtagt catatcataa agctgctttg atataaaaaa
      481 ggtctatggc catactaccc tgaatgagtc ccatccatct gatataacac tctgcatatt
      541 gggattgtca gggaatgttc gtaaagatca gattagtggc actgctgaga tactgatgca
      601 cagcatggtt tctgaaccag tagtttcctg cagttgagca gggcgagcag cagcattgca
      661 caatacatat acactcttaa cacttcttac ctactgcttc tctagctttt gtggcagctt
      721 caggtatatt agcactgaac gaacatctca agaaggtata ggcctttgtt tgtaagtcct
      781 gctgtcctag catcctataa tcctggactt ctccagtact ttctggctgg attggtatct
      841 gaggctagta ggaagggctt gttcctgctg ggtagctcta aacaatgtat tcatgggtag
      901 gaacagcagc ctattctgcc agcttatttc taaccatttt agacatttgt tagtacatgg
      961 tattttaaaa gtaaaactta atgtcttcct tttttttctc cactgtcttt ttcatAGatc
                                                                  /\ 3' sj
                                                          exon 3 ->
     1021 gagacatgTA Agcagcatca tggaggtaag tttttgacct tgagaaaatg tttttgtttc
                  <- end beta-2-microglobulin
     1081 actgtcctga ggactattta tagacagctc taacatgata accctcacta tgtgagaaca
     1141 ttgacagagt aacattttag cagggaaaga agaatcctac aggatcatgt tcccttctcc
     1201 tgtgagtggc atgaagaagg tgtatggccc cacctatggc ctatttactg accctctaca
     1261 gagagggcaa agaactgcca gtatggtatt gcaggataaa ggcagtggtt acccacatta
     1321 cctgcaaggc tttgatcttt cttctgccat ttccacattg gacatctctg ctgaggagag
     1381 aaaatgaacc actcttttcc tttgtataat gttgttttat tcttcagaca gaagagagga
     1441 gttatacagc tctgcagaca tcccattcct gtatggggaa ctgtgtttgc ctcttagagg
     1501 ttcccaggcc actagaggag ataaagggaa acagattgtt ataacttgat ataatgatac
     1561 tataatagat gtaactacaa gagctccaga agtaagagag agggaggaac ttggacttct
     1621 ctccatcttt gattggagtc caaaggcttt tcaatgaaat tctactgccc agggtacatt
     1681 gatgctgaaa ccccattaaa tctcctgtta tattctagaa cagggaattg atttgggaga
     1741 gcatcaggaa ggtggatgat ctgcccagtc acactgttag taaattgtag agccaggacc
     1801 tgaactctaa tatagtcatg tgttacttaa tgacggggac atgttctgag aaatgcttac
     1861 acaaacctag tgttgtagcc tactacacgc ataggctaca tggtatagcc tattgctcct
     1921 agactacaaa cctgtacagc ctgttacttg actgaatact gtggcattgt aacacaatgg
     1981 taagtatttg tgtatctaaa catagaaaag ttgcagtaaa aatatgctat tttaatctta
     2041 tgagaccact gtcatatata cagtccatca ttgaccaaaa catcatatca gcatttttc
     2101 ttctaagatt ttgggagcac caaagggata cactaacagg atatactctt tataatgggt
     2161 ttggagaact gtctgcagct acttctttta aaaaggtgat ctacacagta gaaattagac
     2221 agttttggta atgagatctg caatccaaat aaaataaatt cattgctaac ctttttcttt
     2281 tcttttcagg tttgaagatg ccgcatttgg attgagtgaa ttcaaattct gcttgcttgc
     2341 tttttaatat tgatatgctt atacacttac actttatgca caaaatgtag ggttataata
     2401 atgttaacat ggacatgatc gtctttataa ttctactttg agtgctgtct ccatgtttga
     2461 tgtatctgag caggttgctc cacaggtagc tctaggaggg ctggcaactt agaggtgggg
```

```
2521 agcagagaat tctcttatcc aacatcaaca tcttggtcag atttgaactc ttcaatctct
2581 tgcactcaaa gcttgttaag atagttaagc gtgcataagt taactttcaa tttacatact
2641 ctgcttagaa tttgggggaa aatttagaaa ctataattga caggattatt ggaaatttgt
2701 tataatgaat gaaacatttt gtcatataag attcatattt acttcttata catttgataa
2761 agtaaggcat ggttgtggtt aatctggttt attttggttt cacaagttaa ataaatcata
2821 aaacttgatg tgttatctct tatatctcac tccactatta gccctttatt t
```

```
LOCUS       HUMEHS1      2151 bp ds-DNA             PRI       27-APR-1992
DEFINITION  Human endogenous HIV-1 related sequence EHS-1.
ACCESSION   M85292
SOURCE      Human DNA.
REFERENCE   1  (bases 1 to 2151)
  AUTHORS   Horwitz,M.S., Boyce-Jacino,M.T. and Faras,A.J.
  TITLE     Novel human endogenous sequences related to human immunodeficiency
            virus type 1
  JOURNAL   J. Virol. 66, 2170-2179 (1992)
COMMENT     EHS-1 was cloned from normal human genomic DNA libraries using an
            HIV-1 env region probe.  An URF lying within a 100 bp fragment
            shows a 70-80% homology with the envelope cleavage site of HIV-1.
BASE COUNT      685 a    377 c    447 g    642 t
ORIGIN
        1 cccgatttca tccatgttgc tgaaaaagac aaattttcat tctttttat ggctcagtag
       61 tattccatgg tagatatatg ccacatcttt attcagtcct cccttgatgg acatgtaggt
      121 tgattcatat ctttgctatt ttgaatagtg ccatgataaa catacaggtg aaggtctttt
      181 tgatacagtg atttctttct catatctatt tTAAaggatc ctacagggta tggcagtttt
                                        urf ->
      241 aaaaagtcag gaaaggcaga tatacaaggc caaaggaatg ggttgtacaa agacattgta
      301 ccgttgcctg gaaaagtatg ttcaagagct acaaggtatt tgtattgctg gcaaaaatac
      361 aaggcagaga agagtggtag ctgagactaa aaaggcagtc aggagcTAAa tcttggaggc
                                                          <- urf end
      421 actccatcat tttccattag catggcatcc ctgtacccta cttaacttgg actttatccc
      481 acagatctgc agcatccaat atggaccacc ttagccacat atggttattt acatttaaat
      541 taattaaaaa ttttaaacat tcaatttcta attctagcca accagtcttg acatcctcaa
      601 tagccacatg tggctggtgg ctaccatact gaataactct gatacagaac attcccatca
      661 tcattgtcta ttgtcagcac taccatggat gtttgggagt cttggaattg acataagtgg
      721 gaaaatgctt tgtgactatt tgtactttag aaaaatagct ttggcaggag gataattggg
      781 ggaaaaataa ggaaaaatag catgcaaaac tacacaagat ttcacaaaac tacaagagca
      841 gtgaggttgg gatagaagag ggcagatatg agagaggtag aggtggagga agccaagctt
      901 tacactgtgt taaccagtta gttgtatgac tagctgattg agggtgccaa tacagaaggt
      961 cattgaataa ataaacatgg atgtgtgtaa agaaaggttc agctattttg tttgtatgtg
     1021 ggaagtggag tagggaactt ctggaaataa tgcaatggca agaattaacc aaacagtttc
     1081 tatgactcca tggagaccat aaagttggca gcctgaattt tcattttcac tcaatatttt
     1141 ttgacatttc tgaagccata ggcatattca catcaaagca ttaaggaggg tttttgtcca
     1201 ttgcatcatt tgttcaaaaa cggaagccac atcattttgt tgtaaattat aatcagaaga
     1261 aggaggacat ggctaagagc ctaaataact aaaattggag atgggggtat attttgctcc
     1321 ttggaaaaat tgtaaagttg ggacattact tctcctaagg aatgactctc tctcctgttc
     1381 tctcaacatt tctcttctct tgactatttc ttcccatata cccataatat aaatctccta
     1441 aatctaataa taataatgat catagctaga attgattgat catagaattt cctgtgaccc
     1501 caagaaagat ttttcctttt cttccttcag gatcaaatac attcactatg acaagatcaa
     1561 cctgggaaaa tggtaaggca tgaactaaat gtggatccag aatgaggctc agtgttttgt
     1621 cagggacata tgagtcagca aggaagctgg aagcatccag ggtcaacagg accaggtgag
     1681 ggaaatgcca ccgctctcag tgactccagt cctcagggcg atcaaaatga tcactcaaga
     1741 cgattattct aagggaggag aactatcttc cagggaggga ttataaatat ctactaaaat
     1801 acatgacaaa cttgcaaagt cactaaacat taacgatatg ctgtaccttt taaagtagct
     1861 aagatgcttg ggtgtttttt ttttttcttt ttttttgag aaaatatatg tttgatagga
     1921 gtgtgctgaa gtgggcagtc atgtacattg ctgctgggtg aggaaatatg aataatctgc
     1981 tgagacagca atttggcaat gttcataaaa ggttcaatgt gatttccttc caccttaaa
     2041 gttctacctc aagaaataga tccctagcct ggccaagatg gtgaatccat ctctactaaa
     2101 aacacaaaaa ttagctggga cacggtggca ggtgctgtaa tccaggctac t
```

HUMEHS2

```
LOCUS       HUMEHS2      2299 bp ds-DNA             PRI       27-APR-1992
DEFINITION  Human endogenous HIV-1 related sequence EHS-2, partial cds.
ACCESSION   M86246
SOURCE      Human DNA.
REFERENCE   1  (bases 1 to 2299)
  AUTHORS   Horwitz,M.S., Boyce-Jacino,M.T. and Faras,A.J.
  TITLE     Novel human endogenous sequences related to human immunodeficiency
            virus type 1
  JOURNAL   J. Virol. 66, 2170-2179 (1992)
COMMENT     EHS-2 was cloned from normal human genomic DNA libraries using an
            HIV-1 env region probe.  EHS-2 contains a 28bp region of identity
            with HIV-1 across the overlapping reading frames of rev and gp41.
            An additional downstream region of 50 bp shows 60% homology
            to a downstream region of env and rev.
BASE COUNT      698 a    404 c    537 g    660 t
ORIGIN
        1 aagcttaaac taaacctttt ggaaaagaaa aacaaaaccc acagcagctg tccagggctg
       61 cgggagttag aaaatgcaat tcatgtgact tggtggaatg ccagtgaagc taccattaga
      121 ttattctgtt tactgttaag gtacgtggag acagacaggc tctggagatg tcgacctgca
      181 tttggatgac aggtattgac cacctccttg atgccaggca tggtgctatg cagaggcata
      241 taacagcaca cacaggacac agaccatccc tcaaggtttt tagtctcgtg ggagtcatca
      301 acacaagatt taaataatgt gtcatgtgtg ctagggagag gagtttgggg ttctttggga
      361 ggatatacct tgagaagggc caggtaggga aagtccatag agaagggttt gtttcctctg
      421 agatactagg ccaagaaaga gttagggaag tgaagacaag aggggccagt tttgtcaaca
      481 tcagctataa tactcaaaag cagctaaaat aatgatatat ctgcaaaact ggaagcagtt
      541 cagtaggttg aagaaaagat agtaaagtga gggctggcat gggagggcga gagaggaggc
      601 aggttggaag actagctaag cattttgggc tttgtaacaa gggcattgac acatgttaaa
      661 ctcggaaaaa ctgatcgttt cattgtacga acagcctagc ttataaagtt atttaattag
      721 aaaattttca gaatactttt gattcggtgg taatgtgtca acaaccctaa aatattatgt
      781 gtttttctgt aaagtatgtg gatgtgaagg gaagcaacat gggggcatga ttattaagag
      841 tacagcttct ggaatcagag atcatgtaag ttggaattct accttatcca attacttaat
      901 gtgtgagttt aggaaaatat ctattaactt accaccaatt acttaatgtg tgagtttagg
      961 aaaatctatt aacttaccac aatctatagt acctcatctg aaaaatggga ataattaatt
     1021 aatacTGAgc tcatagagct tttggaagaa tcaggttagg tttttacgcc tgcatagcac
   rev-like orf A ->
     1081 attaccacct gcagaagctt aacacaacac tcttttgtta tctaacagtt tctgtgtatc
     1141 agaaatttga gcatggctta gctgggttct ctgctTAAaa tctaatagac tgcagtcagg
                                              <- rev-like orf A end
                                  rev-like orf B ->
     1201 gtatcagcca ggactgggtt ctcattagag actcatctcg aacaggatct gctttcaagc
     1261 tccctcaggt tgctggcagg attcattttg ttgTAGctgc aggattcgtg gctgcttgct
                                 gp41-like orf ->
     1321 tctgcacatc cagaaatggg tggagagaga gacagagaca gagagggaga gagatccagc
     1381 aagagagttg ctataatctt atgcaatcac ttaggtTGAt ttcctctctt tgcaattgtg
                                                 <- gp41-like orf end
     1441 aattgtgctg cattaagcat gcacatgcag gtgtgttttt ttatacagtg acttgtattc
     1501 ctttgggtag aTAAccagta gtgggattaa ctggatcaat ggtagatcta tttttagctc
                     <- rev-like orf B end
     1561 tttgagaaat ctgcatactg ttgcatactg tttgccatag aggttgtgct aatttacatt
     1621 cccaccagca gcatataaga gtccccattt caccacatcc atgctaacat ctattgttgt
     1681 ttcacttttt aacagtggtc attctggctg ggtaaggtgg tagctcatta tggttttaat
     1741 ttgcatttcc ctgatgatta gtgataagca ttttttttcat gtttcttggc catttgttgg
     1801 ctattctcat cttctgagaa atgcctgttc aagtcagaga ctcagaagga gggaggcaag
     1861 gaggagggta aaggatggaa aattacctat cgggtacaag gtatgcaatt cagttgacag
     1921 gtacactcaa agccaagcct tccccactat acaattcatc catgtaagca aaagccacct
     1981 gtgcccccaa agctactgaa attaaaataa accttatata atcacataca tgtaatcaca
     2041 cttatcttat cacctgtgtc atattccatt ggttagaaac aagttgtggg tcctgctcac
     2101 attcaaggag ggattagtaa aggcgtgaat gttaggatgt ggggatcatg gtgagaagaa
     2161 tcctcaagga tgcacaccac aagaatttgg taaaattgta cacataagga cagaatagaa
     2221 gcatttagcc ttgtacgacc tggcttacca gggcgcgaaa gagagatgga gcatatacaa
     2281 atagagcaca tagagactt
```

```
LOCUS       HUMEP1       1035 bp ss-RNA             VRL       15-JUN-1990
DEFINITION  Human enhancer-binding protein EP-1 mRNA, partial cds.
ACCESSION   J05011
SOURCE      Human cDNA, clone lambda-HIV-EP1, host human B-cells.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1035)
  AUTHORS   Maekawa,T., Sakura,H., Sudo,T. and Ishii,S.
  TITLE     Putative metal finger structure of the human immunodeficiency virus
            type 1 enhancer binding protein HIV-EP1
  JOURNAL   J. Biol. Chem. 264, 14591-14593 (1989)
COMMENT     EP-1, uncovered in a human lambda library, encodes a cellular
            protein that specifically recognizes the HIV enhancer [1].
            A related protein, EP-2, is reported in <HUMEP2AA>, accession
            number M60119.
BASE COUNT      328 a    247 c    236 g    224 t
ORIGIN
        1 agtgagcaag ataaagaaaa ttccttaatc aaaagtgaac caagaagaat taaaatattt
    cds ->
       61 gatggaggat ataagtcaaa tgaagagtat gtatatgtcc gaggcagggg aagaggaaaa
      121 tacatttgtg aagaatgtgg aatacgttgt aagaaaccta gcatgttaaa gaaacacata
      181 cgaacccata cagatgtccg cccctaccac tgcacttact gtaacttctc ctttaagact
      241 aaaggaaatc tgacaaaaca catgaagtcc aaggcacata gcaagaaatg tgtggattta
      301 ggcgtctcag taggtttaat agatgaacag gatacagaag aatcagatga aaaacagaga
      361 ttcagttatg agcgatctgg atatgatctt gaagaatctg atggcccaga tgaggatgac
      421 aatgaaaatg aagacgatga tgaggacagc caggctgaat cagtcctgtc agccacaccc
      481 tcagtcacag ctagcccgca gcaccttcca tctagaagta gccttcagga ccctgtgagt
      541 actgacgagg atgtcaggat caccgattgc ttttctgggg tacacacgga cccaatggac
      601 gttctgccca gggcgctgct caccagaatg actgtcctga gcacagcaca gtctgactac
      661 aataggaaga cactctctcc ggggaaggcc aggcagcata ctgcgagaga tgaaaacgac
      721 acaattccgt ctgtagacac ttccaggtcc ccgtgtcatc agatgtctgt ggactaccct
      781 gagtcagaag aaattctgag aagttctatg gcaggaaaag ctgttgctat aacacagagc
      841 ccatcatctg taagacttcc tcctgctgca gctgagcaca gcccccagac agcagcgggg
      901 atgccttctg tggcctcacc acatcctgac cctcaagaac agaagcagca aataactcta
      961 cagccgactc caggcttgcc ttctccccac actcatttgt ttagccacct tcctttgcat
     1021 tcccagcagg aattc
```

HUMEP2AA

```
LOCUS       HUMEP2AA     7715 bp mRNA
DEFINITION  Human EP2 enhancer protein (HIV-EP-2 gene), complete cds.
ACCESSION   M60119
SOURCE      Human T-cell umbilical vein cDNA, sample AA.
REFERENCE   1  (bases 1 to 7715)
  AUTHORS   Nomura,N., Zhao,M.-J., Nagase,T., Maekawa,T., Ishizaki,R.,
            Tabata,S. and Ishii,S.
  TITLE     HIV-EP2, a new member of the gene family encoding the human
            Immunodeficiency viru type 1 enhancer-binding protein: Comparison
            with HIV-EP1/PRDII-BF1/MBP-1
  JOURNAL   J. Biol. Chem. 266, 8590-8594 (1991)
COMMENT     HIV-EP2 was isolated from cDNA clones by cross-hybridization with
            the HIV-EP1 probe (see <HUMEP1>, accession number J05011). The
            EP2 protein has a molecular weight of approximately 211 kD and it
            is highly homologous with HIV-EP1 (and related proteins) in three
            regions, one of which contains a zinc-finger structure [1].
BASE COUNT     2184 a   1810 c   1804 g   1917 t
ORIGIN
        1 aagaaatcat ctttggaaaa tactgtcggc ttagtccgag aaatgcactc agtgttcaac
       61 cacaagtcag gagcgtgccg caatgggtag gaagggcata atggaaccat tacctcacgt
      121 taacaccagg ttagatgtca agatgttgaa gatcctgttt cacagctgat cccaagcaag
      181 ggagatgtcg accccagtca aacgagcatg ctgaaatcca ctaagttcaa cagtgagtcc
      241 agacaacccc agattattcc atcatctatc aggaacgaag aaaactttat ccagcaaact
      301 tccaaggcag caacccggtt ctcttagaac tcctgtagac tcttcacccc ttattagaag
      361 caactcagtg ccaacttctt cagcaactaa tctaactatt cctccttctt tgagaggaag
      421 tcactcattt gatgaaagga tgactggttc cgacgattat tctatccagg gaccgtgggc
      481 ataccctca gcgcatgcta agaagacaag cggcatttga gctgccttcg gtcaggaggg
      541 ccacgtggaa gtcgagcacc atggcaggat gttgaagggt atcagcagtt catccctgaa
      601 ggaaaagaaa ttgtctcctg gggacagggt tgggtatgac tatgatgtct gtcggaaacc
      661 ctataagaag tgggaggact ctgaaacacc aaagcaaaac tacagggaca tttcctgctt
      721 gagttcttta aagcatggtg gagaatattt catggatccc gtggtgccat tgcagggagt
      781 accaagcatg tttggaacta cctgtgaaaa caggaaacgc cggaaagaga agagcgtagg
      841 ggatgaagag gacacgccca tgatctgcag cagcattgta agcactcctg tgggcatcat
      901 ggcttccgat tatgacccca aactgcagat gcaggaagga gtcaggagtg gatttgccat
      961 ggctggacac gaaaaccttt ctcatggtca cacggaacgc tttgacccat gtcggcccca
     1021 actgcagcct ggaagtccat ctcttgtgtc agaggagtca ccttcagcca ttgattcaga
     1081 caagatgtca gacctagggg gcaggaaacc tcctggaaat gtgatttctg tgattcagca
     1141 caccaactca ctgagccgac ccaattcatt tgaaaggtct gagtcagccg aacttgtggc
     1201 ttgcacacag gataaagccc cttcccctic agagacttgt gacagtgaga tttcagaagc
     1261 cccagtgagt cctgagtggg ctccacctgg ggatggtgca gaaagtgggg ggaaaccctc
     1321 tccatctcag caggtgcagc agcagtccta tcacacacag cccaggctag ttcggcaaca
     1381 caacatccag gttcctgaga ttcgagtgac cgaggagcct gataaacctg agaaggagaa
     1441 ggaagcccag agcaaagagc cagagaagcc tgtggaagaa tttcagtggc cccagagaag
     1501 tgagaccctt tcccagctcc ccgcggagaa gttgccaccc aaaaagaagc gtctgcgact
     1561 tgcagatatg gagcactcct caggggagtc cagctttgaa tccacaggca caggcctctc
     1621 ccgcagcccc agccaagaaa gcaacttgtc ccacagctcc agtttctcca tgtcttttga
     1681 aagagaagaa accagtaagc tttctgcact tcctaagcag gatgagtttg ggaagcattc
     1741 agagtttctg actgtccctg ctggttcata ctcattgtct gtcccaggcc atcaccacca
     1801 gaaagagatg cgacgctgct catcagagca gatgccttgt cctcacccag cggaagtccc
     1861 agaagttcgg agcaaatcat ttgattatgg gaatctgtcc catgctcctg tgtcgggagc
     1921 agcagcctcc acggtatcac cgtccaggga gaggaagaaa tgctttctgg tgcggcaagc
     1981 ttccttcagt ggctccccag aaatctccca gggcgaggtt ggcatggatc agagcgtgaa
     2041 gcaagagcag ctggagcacc tgcatgctgg cctccggtcc gggtggcacc atggcccgcc
     2101 tgctgtgctg cctcctcttc agcaagagga cccagggaag caggtggcgg gtccttgtcc
     2161 cccgctgagc tcggggccac tgcacctggc ccagccacag atcatgcaca tggacagtca
     2221 ggaatctttg agaaatccct tgatccaacc aacatcctat atgacaagca agcacttacc
     2281 tgaacagcca cacttatttc cacatcaaga gacaattcca ttttctccaa tccagaatgc
     2341 cttgtttcag tttcagtatc ctacagtttg tatggttcat ttaccagctc agcagcctcc
     2401 ctggtggcag gcacatttcc cacatccctt tgctcagcac cctcagaaga gctatggcaa
     2461 gccctctttt cagacagaaa tccattcgag ctatccctta gagcatgtgg cagagcacac
     2521 tggaaagaaa cctgctgagt atgcacaccac gaaagagcag acctacccat gttattcagg
     2581 agcatcaggg ctacacccaa agaaccttct tccaaagttt ccatcagacc agagcagtaa
     2641 gtcaactgaa acgccctctg agcaggttct tcaagaagat tttgcctcgg caaatgctgg
     2701 gtctttgcag tccctcccag gaacagtggt tcctgttcgg atccagacgc acgtaccatc
```

```
2761 ctatggaagt gtcatgtaca caagcatttc tcagatactt gggcagaata gccctgccat
2821 tgtcatatgc aaagtcgatg agaatatgac ccaaaggaca ctggtcacca acgcagccat
2881 gcaagggata ggattcaaca ttgcccaggt gctggggcag catgcgggct tggaagaagta
2941 ccccatttgg aaagcacctc agactttgcc cctcggctta gaatcctcca tccccttgtg
3001 tttaccttcc acctctgaca gcgtggccac cctgggaggt agcaagcgaa tgctttctcc
3061 agccagtagc ttggagctct tcatggaaac caagcagcag aaaaagggtca aagaagaaaa
3121 gatgtacgga cagattgtgg aggagcttag tgctgtggag ctgaccaact cagacatcaa
3181 aaaggacctc tcccgccccc tgaaacccca gctggttcga caaggatgtg cttctgagcc
3241 aaaagatggc ttgcagtcag ggtcatcttc cttctcctcg ctgtcgccct cctcatctca
3301 agactatcct tctgttagcc cgtcttccag ggagccattc ccgcccagca aggagatgct
3361 ttccggttcc cgggcaccac ttccgggcca gaagtccagt gggccttctg aaagcaaaga
3421 atcttcagat gaattagata tcgatgagac ggcatcggac atgagcatga gcccacagag
3481 ttcttcatta ccagcaggag atggtcagct ggaagaggaa gggaagggcc acaagcggcc
3541 tgttggcatg ctggtccgca tggcctctgc ccccagcggg aacgtggcag actcaactct
3601 tcttctcacg gacatggcag atttccagca gattcttcag ttccccagtc tgcggacaac
3661 aactactgtg agttggtgct tcttgaatta tacaaaaccc aattatgtgc aacaggccac
3721 cttcaaatcc tcggtttatg cttcatggtg cattagttcc tgtaatccaa acccatcagg
3781 attgaacacc aagaccacgc tggctcttct gaggtccaag caaaaaatca ctgcagaaat
3841 ttatactctg gctgctatgc ataggcctgg aaccggcaag cttacatcat caagtgcttg
3901 gaagcagttt actcagatga aacctgatgc gtcctttta tttggcagca aactagaaag
3961 gaaactagtg ggaaatatct taaaggaaag agggaaagga gatattcatg gagataaaga
4021 tattggatcc aaacaaactg agccaatccg aattaaaata tttgaaggag ggtacaaatc
4081 gaatgaagat tatgtatatg tcagaggacg tggccgggga aagtacattt gtgaagaatg
4141 tgggattcgc tgtaagaagc caagcatgct caaaaaacac atccgtaccc atactgatgt
4201 tcggccttat gtatgcaagt tatgtaactt tgccttcaaa acgaaaggaa acctaacgaa
4261 gcatatgaaa tctaaagcac acatgaaaaa atgcctggaa ttgggagtct caatgacatc
4321 ggtggatgat acagaaactg aggaagcaga aaatttggaa gatttgcaca aagcagcaga
4381 gaagcatagc atgtccagca tttcaactga tcatcagttc tccgatgctg aggaatcaga
4441 tggtgaggat ggagatgata atgatgatga tgatgaagat gaagatgact ttgacgacca
4501 gggagatttа acaccaaaaa caagatcaag aagcaccagt cctcagcctc ctagattctc
4561 ctccttgcct gtgaatgttg gcgccgtacc ccacggggtt ccttcagata gttccctggg
4621 acattcttcg ttgatcagct atttggttac tttgccaagt attcgagtta ctcagcttat
4681 gacacccagt gattcatgtg aagataccca gatgacagaa taccagaggc tattccagag
4741 caaaagtacg gactcagaac cagacaaaga cagattggac atacctagtt gtatggatga
4801 ggagtgcatg ctaccttcag agccaagctc ctctcccagg gacttctcac cctcaagcca
4861 ccattcctct ccaggatatg attcttcacc ctgtcgagat aattcaccaa agaggtatct
4921 gatacccaaa ggagatttat ctcccaggag acatttatca cctaggagag atctgtcacc
4981 catgagacat ctttcaccaa gaaaggaagc tgcattgaga agagagatgt cccaaagaga
5041 tgtttcacca agaaggcatt tgtctccaag gaggccagtg tctcctggga aagatatcac
5101 agcaagaaga gacctctccc ctagaagaga gagaagatac atgaccacaa taagagcgcc
5161 atctcccaga agggctttat accataaccc accattgtcc atgggacagt atttgcaagc
5221 agagccaatt gtattggggc ctcctaattt aagaagagga ttacctcagg ttccttactt
5281 cagtctctat ggagaccaag aaggtgctta tgaacatcca ggctccagcc ttttcctga
5341 gggtcctaat gactatgtct tcagtcatct tccactccac tctcagcaac aagtgcgagc
5401 ccctatcccc atggtgcccg ttggtgggat ccagatggtt cactccatgc cgccagccct
5461 ttccagttta catccttcac ccacattgcc cctgccaatg gagggctttg aggagaagaa
5521 aggcgcgtca ggggagtcct tctccaagga cccctatgtg ctttctaagc agcatgagaa
5581 gcgaggtcct cacgctttgc agtcatctgg tccgcctagc actccctcct ctcctcggct
5641 gttgatgaaa cagagcactt cggaagacag cctaaacgca acagagcggg aacaggagga
5701 aaatatacag acttgtacaa aagccattgc ctctctccgg attgccacgg aagaggcagc
5761 tctgctcggg ccagatcagc cagcgcgggt gcaggagccc caccagaacc ccctgggaag
5821 tgcacatgtt agcattagac actttagtag acctgagcca ggtcagccct gtacctcagc
5881 cacccaccct gacttgcatg atggtgaaaa ggacaatttt ggtacatcac agactccatt
5941 agctcactcc acgttttaca gcaagagttg tgtggatgac aagcagttgg actttcacag
6001 cagcaaggaa ttatcttcaa gcacagagga aagcaaagat ccttcatcag aaaagagtca
6061 gctacattga tctatgatgc atggagactt tcatttccac attttcccat ttttttgttt
6121 ttgtttttct agaaatggag gtaatccagt ttatagcatg cctgtcctaa gttacagtag
6181 tttgctatta tatatacttt tgttatatca aaagaattag gtaaattaac aagtcatcat
6241 gagcctgacc aaaacaaaat ttgaaattaa cctattgggt ctggtacttt taaaattgta
6301 cagatgtttg tgccttttct ttactttgct tatattctta taagcatttt ttagcagtaa
6361 tttgtacata ttttagaatt tgtgtatctg ctttgtaata aatgtaattt ctttcctttt
6421 ttggacactt ggatctaaat gatgtaaagc aaaacagcat caatatatat gtgaggttgc
6481 actaaaacat atttttatat gattaaaact gaacagcttt tatgtacagc tctgattctg
6541 taatactaat atttatttac tttgtttcat aaattgtaca ttttttctta atgttgtgga
```

```
6601 ttgcttttct atgtgaagca tgggatttac tgttgcgtaa ctagaacaaa aatgtacatt
6661 gtaaacaaga tatttaaact agagtatctt attctgcact tatgcattag ttaaaaaaag
6721 ataaaggatg tatcagtcag ttcttaactc ttgtatattt ttttgtctct tgtttgctgg
6781 attgactata acttaagtgc tgattgtgat tttaaaatga tagtaccgta aagcattaaa
6841 gtaaacaatg tgctattgtg agtttttca aagctttata aatcagttat aaataatatt
6901 aaaagtattt ggtcttatgt gaacatgttg atctatatac tcatctaaaa atatgggaaa
6961 acattccacc ccatgtaaat atgtacaagt gcatcactgg tacaatttta tgtaactcag
7021 ttggacacta ggttgccaca gacctatgct aggtgtcttt aaaaaattaa ggtgacaaag
7081 cacatgggac tgtgtagagc ttggttatcg gccggcccgg tggcttggca ggcagtgctg
7141 tgcgctgctc atggagaaga cctgggctta gcaatctcct tagttcttgc tacacaggat
7201 ggtgactgga actaaggcta cacagagggt cgcacttgga ctctgagggt tgggtgtgga
7261 agggggaaaa ggggatggag acctgctccc cagctcttcc tgtcagccgg tttacatggg
7321 aacagggtta acatctgtgt taggggaggt caccttaccc tttttcatag gggaagagtg
7381 tcacactcct ggctatctca gggggaatgg ggaaaagaat ctttcaaggg caaagaactc
7441 gtgggaggat gtctgttgta tgtaatactc acaatggctt ttggttagtg ttgaaggtgg
7501 gaagaacatt tgtaggtcca gaagagtgaa agagagggag gggtgcagca acatgtgcac
7561 aggcacgcac atgtgtgcac gcacacatac aatctgggtt atctttgtgc tatatagtgg
7621 attataattc tgtgaaacca agtttgtata ttgaattaca ttaaggagtg ttctttaaaa
7681 agagaaataa atatacaatt acatgcttga aaaaa
```

```
LOCUS       HUMICAMA1M   2986 bp ss-mRNA            PRI       07-MAY-1991
DEFINITION  Human intercellular adhesion molecule-1 (ICAM-1) mRNA, complete
            cds.
ACCESSION   J03132
SOURCE      Human (patient with hairy cell leukemia) spleen, cDNA to mRNA,
            clone HL-60.
REFERENCE   1  (bases 1 to 2986)
  AUTHORS   Staunton,D.E., Marlin,S.D., Stratowa,C., Dustin,M.L. and
            Springer,T.A.
  TITLE     Primary structure of ICAM-1 demonstrates interaction between
            members of the immunoglobulin and integrin superigene families
  JOURNAL   Cell 52, 925-933 (1988)
COMMENT     Draft entry and printed copy of sequence for [1] kindly provided by
            D.E.Staunton, 25-MAR-1988. ICAM-1 has been measured to increase
            upon infection with HIV-1 (see Most et al., J Acq Immun Def Syn
            6, 221-226, 1993).
BASE COUNT      684 a    873 c    804 g    625 t
ORIGIN      5' ICAM-1 molecule precursor
        1 gcgccccagt cgacgctgag ctcctctgct actcagagtt gcaacctcag cctcgctATG
                                                      ICAM-1 signal peptide->
       61 gctcccagca gcccccggcc cgcgctgccc gcactcctgg tcctgctcgg ggctctgttc
      121 ccaggacctg gcaatgccca gacatctgtg tccccctcaa aagtcatcct gccccgggga
                          <- end ICAM-1 signal peptide
                    ICAM-1 ->
      181 ggctccgtgc tggtgacatg cagcacctcc tgtgaccagc ccaagttgtt gggcatagag
      241 accccgttgc ctaaaaagga gttgctcctg cctgggaaca accggaaggt gtatgaactg
      301 agcaatgtgc aagaagatag ccaaccaatg tgctattcaa actgccctga tgggcagtca
      361 acagctaaaa ccttcctcac cgtgtactgg actccagaac gggtggaact ggcacccctc
      421 ccctcttggc agccagtggg caagaacctt accctacgct gccaggtgga gggtggggca
      481 ccccgggcca acctcaccgt ggtgctgctc cgtggggaga aggagctgaa acgggagcca
      541 gctgtggggg agcccgctga ggtcacgacc acggtgctgg tgaggagaga tcaccatgga
      601 gccaatttct cgtgccgcac tgaactggac ctgcggcccc aagggctgga gctgtttgag
      661 aacacctcgg ccccctacca gctccagacc tttgtcctgc cagcgactcc cccacaactt
      721 gtcagccccc gggtcctaga ggtggacacg caggggaccg tggtctgttc cctggacggg
      781 ctgttcccag tctcggaggc ccaggtccac ctggcactgg gggaccagag gttgaacccc
      841 acagtcacct atggcaacga ctccttctcg gccaaggcct cagtcagtgt gaccgcagag
      901 gacgagggca cccagcggct gacgtgtgca gtaatactgg ggaaccagag ccaggagaca
      961 ctgcagacag tgaccatcta cagctttccg gcgcccaacg tgattctgac gaagccagag
     1021 gtctcagaag ggaccgaggt gacagtgaag tgtgaggccc accctagagc caaggtgacg
     1081 ctgaatgggg ttccagccca gccactgggc ccgagggccc agctcctgct gaaggccacc
     1141 ccagaggaca acgggcgcag cttctcctgc tctgcaaccc tggaggtggc cggccagctt
     1201 atacacaaga accagacccg ggagcttcgt gtcctgtatg gcccccgact ggacgagagg
     1261 gattgtccgg gaaactggac gtggccagaa aattcccagc agactccaat gtgccaggct
     1321 tgggggaacc cattgcccga gctcaagtgt ctaaaggatg gcactttccc actgcccatc
     1381 ggggaatcag tgactgtcac tcgagatctt gagggcacct acctctgtcg ggccaggagc
     1441 actcaagggg aggtcacccg cgaggtgacc gtgaatgtgc tctccccccg gtatgagatt
     1501 gtcatcatca ctgtggtagc agccgcagtc ataatgggca ctgcaggcct cagcacgtac
     1561 ctctataacc gccagcggaa gatcaagaaa tacagactac aacaggccca aaaagggacc
     1621 cccatgaaac cgaacacaca agccacgcct cccTGAacct atcccgggac agggcctctt
                                          <- end ICAM-1
     1681 cctcggcctt cccatattgg tggcagtggt gccacactga acagagtgga agacatatgc
     1741 catgcagcta cacctaccgg ccctgggacg ccggaggaca gggcattgtc ctcagtcaga
     1801 tacaacagca tttggggcca tggtacctgc acacctaaaa cactaggcca cgcatctgat
     1861 ctgtagtcac atgactaagc caagaggaag gagcaagact caagacatga ttgatggatg
     1921 ttaaagtcta gcctgatgag aggggaagtg gtgggggaga catagcccca ccatgaggac
     1981 atacaactgg gaaatactga aacttgctgc ctattgggta tgctgaggcc cacagactta
     2041 cagaagaagt ggccctccat agacatgtgt agcatcaaaa cacaaaggcc cacacttcct
     2101 gacggatgcc agcttgggca ctgctgtcta ctgaccccaa cccttgatga tatgtattta
     2161 ttcatttgtt attttaccag ctatttattg agtgtctttt atgtaggcta aatgaacata
     2221 ggtctctggc ctcacggagc tcccagtcca tgtcacattc aaggtcacca ggtacagttg
     2281 tacaggttgt acactgcagg agagtgcctg gcaaaaagat caaatggggc tgggacttct
     2341 cattggccaa cctgcctttc cccagaagga gtgatttttc tatcggcaca aaagcactat
     2401 atggactggt aatggttcac aggttcagag attacccagt gaggccttat tcctcccttc
     2461 cccccaaaac tgacaccttt gttagccacc tccccaccca catacatttc tgccagtgtt
```

```
2521 cacaatgaca ctcagcggtc atgtctggac atgagtgccc agggaatatg cccaagctat
2581 gccttgtcct cttgtcctgt ttgcatttca ctgggagctt gcactattgc agctccagtt
2641 tcctgcagtg atcagggtcc tgcaagcagt ggggaagggg gccaaggtat tggaggactc
2701 cctcccagct ttggaagggt catccgcgtg tgtgtgtgtg tgtatgtgta gacaagctct
2761 cgctctgtca cccaggctgg agtgcagtgg tgcaatcatg gttcactgca gtcttgacct
2821 tttgggctca agtgatcctc ccacctcagc ctcctgagta gctgggacca taggctcaca
2881 acaccacacc tggcaaattt gatttttttt ttttttttca gagacggggt ctcgcaacat
2941 tgcccagact tcctttgtgt tagttaataa agctttctca actgcc
```

```
LOCUS       HUMMSS1      1478 bp ss-mRNA            PRI       10-JUN-1992
DEFINITION  Human mRNA for the MSS1 cellular factor, complete cds.
ACCESSION   D11094
REFERENCE   1  (bases 1 to 1478)
  AUTHORS   Shibuya,H., Irie,K., Ninomiya-Tsuji,J., Goebl,M.G., Taniguchi,T.
            and Matsumoto,K.
  TITLE     A novel human gene encoding a positive modulator of HIV
            Tat-mediated transactivation
  JOURNAL   Nature 357, 700-702 (1992)
COMMENT     These data kindly submitted in computer readable form by Kenji
            Irie, Department of Molecular Biology, Faculty of Science, Nagoya
            University, Chikusa-ku, Nagoya 464-01, Japan. The MSS1 protein
            is reported to be 42% similar to the human TBP-1 protein, which
            binds the HIV tat protein in vitro. Endogenous MSS1 enhances
            tat-mediated transactivation, leading the authors of [1] to conclude
            that MSS1 has a "key role in activation of HIV genes regulated
            by tat."
BASE COUNT      439 a    287 c    375 g    377 t
ORIGIN
        1 ccattgtgct ctaaagggaa ggtgctgtgt aatcattaag gagcggaggc ttttggagct
       61 gctaaaatgc cggattacct cggtgccgat cagcggaaga ccaaagagga tgagaaggac
      121 gacaagccca tccgagctct ggatgagggg gatattgcct tgttgaaaac ttatggtcag
      181 agcacttact ctaggcagat caagcaagtt gaagatgaca ttcagcaact tctcaagaaa
      241 attaatgagc tcactggtat taaagaatct gacactggcc tggccccacc agcactctgg
      301 gatttggctg cagataagca gacactccag agtgaacagc ctttacaggt tgccaggtgt
      361 acaaagataa tcaatgctga ttcggaggac ccaaaataca ttatcaacgt aaagcagttt
      421 gccaagtttg tggtggacct tagtgatcag gtggcaccta ctgacattga agaagggatg
      481 agagtgggcg tggatagaaa taaatatcaa attcacattc cattgcctcc taagattgac
      541 ccaacagtta ccatgatgca ggtggaagag aaacctgatg tcacatacag tgatgttggt
      601 ggctgtaagg aacagattga gaaactgcga gaagtagttg aaaccccatt acttcatcca
      661 gagaggtttg tgaaccttgg cattgagcct cccaagggcg tgctgctctt tggtccaccc
      721 ggtacaggca agacactctg tgcgcgggca gttgctaatc ggactgatgc gtgcttcatt
      781 cgagttattg gatctgagct tgtacagaaa tacgtcggtg agggggctcg aatggttcgt
      841 gaactctttg aaatggccag aacaaaaaaa gcctgcctta tcttctttga tgaaattgat
      901 gctattggag gggctcgttt tgatgatggt gctggaggtg acaatgaagt gcagagaaca
      961 atgttggaac tgatcaatca gcttgatggt tttgatcctc gaggcaatat taaagtgctg
     1021 atggccacta acagacctga tactttggat ccagcactga tgaggccagg gagattggat
     1081 agaaaaattg aatttagctt gcccgatcta gagggtcgga cccacatatt taagattcac
     1141 gctcgttcaa tgagtgttga aagagatatc agatttgaac tgttagcacg actgtgtcca
     1201 aatagcactg gtgctgagat tagaagcgtc tgcacagagg ctggtatgtt tgccatcaga
     1261 gcacggcgaa aaattgctac cgagaaggat ttcttggaag ctgtaaataa ggtcattaag
     1321 tcttatgcca aattcagtgc tactcctcgt tacatgacat acaactgaac cctgaaggct
     1381 ttcaagtgaa aactttaaat tggaatccta accttatata gacttgttaa taaccaattc
     1441 ataaacaaat aaatggcttc aactttagag cacaatgg
```

HUMTBP1

```
LOCUS       HUMTBP1      1341 bp ss-mRNA            PRI       14-MAY-1990
DEFINITION  Human immunodeficiency virus tat transactivator binding protein-1
            (tbp-1) mRNA, complete cds.
ACCESSION   M34079
SOURCE      Human Jurkat T-cell, cDNA to mRNA.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1341)
  AUTHORS   Nelbock,P., Dillion,P.J., Perkins,A. and Rosen,C.A.
  TITLE     A cDNA corresponding to a protein that interacts with the human
            immunodeficiency virus Tat transactivator
  JOURNAL   Science 248, 1650-1653 (1990)
COMMENT     TBP-1 is a nuclear protein found to interact with HIV-1 tat
            protein, which is also principally localized to the nucleus.
            TBP-1 suppresses tat-mediated transactivation in cotransfection
            experiments [1]. MSS1 (accession number D11094) appears to have
            some sequence similarity to TBP-1, but MSS1 is reported to
            enhance tat-mediated transactivation (see Nature 357, 700, 1992).
BASE COUNT      350 a    337 c    412 g    242 t
ORIGIN
        1 gaattccggc gaccgtgtgg gatgaggccg agcaagatgg aattggggag gaggtgctca
       61 agATGtccac ggaggagatc atccagcgca cacggctgct ggacagtgag atcaagatca
  TBP-1 cds ->
      121 tgaagagtga agtgttgaga gtcacccatg agctccaagc catgaaggac aagataaaag
      181 agaacagtga gaaaatcaaa gtgaacaaga ccctgccgta ccttgtctcc aacgtcatcg
      241 agctcctgga tgttgatcct aatgaccaag aggaggatgg tgccaatatt gacctggact
      301 cccagaggaa gggcaaglgt gctgtgatca aaacctctac acgacagacg tacttccttc
      361 ctgtgattgg gttggtggat gctgaaaagc taaagccagg agacctggtg ggtgtgaaca
      421 aagactccta tctgatcctg gagacgctgc ccacagagta tgactcgcgg gtgaaggcca
      481 tggaggtaga cgagaggccc acggagcaat acagtgacat tgggggtttg gacaagcaga
      541 tccaggagct ggtggaggcc attgtcttgc caatgaacca caaggagaag tttgagaact
      601 tggggatcca acctccaaaa ggggtgctga tgtatgggcc cccagggacg gggaagaccc
      661 tcctggcccg ggcctgtgcc gcacagacta aggccacctt cctaaagctg gctggccccc
      721 agctggtgca gatgttcatt ggagatggtg ccaagctagt ccgggatgcc tttgccctgg
      781 ccaaggagaa agcgccctct atcatcttca ttgatgagtt ggatgccatc ggcaccaagc
      841 gctttgacag tgagaaggct ggggaccggg aggtgcagag gacaatgctg gagcttctga
      901 accagctgga tggcttccag cccaacaccc aagttaaggt aattgcagcc acaaacaggg
      961 tggacatcct ggaccccgcc ctcctccgct cgggccgcct tgaccgcaag atagagttcc
     1021 cgatgcccaa tgaggaggcc cgggccagaa tcatgcagat ccactcccga aagatgaatg
     1081 tcagtcctga cgtgaactac gaggagctgg cccgctgcac agatgacttc aatggggccc
     1141 agtgcaaggc tgtgtgtgtg gaggcgggca tgatcgcact ggccaggggt gccacggagc
     1201 tcacccacga ggactacatg gaaggcatcc tggaggtgca ggccaagaag aaagccaacc
     1261 tacaatacta cgccTAGgca cacaggccag ccccagtctc acggctgaag tgcgcaataa
                        <- TBP-1 end
     1321 aagatggttt agggggaatt c
```

```
LOCUS       HUM3D6HCV     435 bp ss-mRNA            PRI       03-JAN-1992
DEFINITION  Human IgG1 heavy chain variable region mRNA, 5' end, from
            cell line 3D6.
ACCESSION   X53613
SOURCE      Homo sapiens RNA, isolate monoclonal antibody 3D6.
REFERENCE   1  (bases 1 to 435)
  AUTHORS   Ruker,F.
  JOURNAL   Unpublished (1990)
REFERENCE   2  (bases 1 to 435)
  AUTHORS   Felgenhauer,M., Kohl,J. and Ruker,F.
  TITLE     Nucleotide sequences of the cDNAs encoding the V-regions of H- and
            L-chains of a human monoclonal antibody specific to HIV-1-gp41.
  JOURNAL   Nucleic Acids Res. 18, 4927-4927 (1990)
COMMENT     *source: isolate=monoclonal antibody 3D6; *source: cell type=
            rearranged lymphoblastoid; cell line=3D6. This comes from serum of
            a HIV-1 positive individual.
            From EMBL    entry HS3D6HCV;  dated 31-AUG-1990.
BASE COUNT      99 a     87 c    130 g    119 t
ORIGIN
        1 atggagttgg gactgagctg gattttcctt ttggctattt taaaaggtgt ccagtgtgaa
       61 gtgcagctgg tggagtctgg gggaggcttg gtacagcctg gcaggtccct gagactctcc
      121 tgtgcagcct ctggattcac ctttaatgat tatgccatgc actgggtccg gcaagctcca
      181 gggaagggcc tggagtgggt ctcaggtata agttgggata gtagtagtat aggctatgcg
      241 gactctgtga agggccgatt caccatctcc agagacaacg ccaagaactc cctgtatctg
      301 caaatgaaca gtctgagagc tgaggacatg gccttatatt actgtgtaaa aggcagagat
      361 tactatgata gtggtggtta tttcacggtt gcttttgata tctggggcca agggacaatg
      421 gtcaccgtct cttca
```

HUMANTIGPA

```
LOCUS       HUMANTIGPA    387 bp ss-mRNA            PRI       01-SEP-1992
DEFINITION  Human anti-glycoprotein 120 monoclonal antibody variable region and
            diversity region mRNA.
ACCESSION   M88499
SOURCE      Human cDNA to mRNA.
REFERENCE   1  (bases 1 to 387)
  AUTHORS   Marasco,W.A., Bagley,J., Zani,C., Posner,M., Cavacini,L.,
            Haseltine,W.A. and Sodroski,J.
  TITLE     Characterization of the cDNA of a broadly reactive neutralizing
            human anti-gp120 monoclonal antibody
  JOURNAL   J. Clin. Invest. 90, 1467-1478 (1992)
COMMENT     F105 MAb, from an HIV-1 infected individual, binds to a discontinuous
            epitope on the HIV-1 gp120 glycoprotein. It is an IgG1k MAb that uses
            a VH member of the VH4 gene family.
BASE COUNT       88 a    112 c    101 g     86 t
ORIGIN
        1 atggaaaccc cagcgcagct tctcttcctc ctgctactct ggctcccaga taccaccgga
       61 gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctgcagggga aagagccacc
      121 ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agcaggtact tagcctggta ccagcagaaa
      181 cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca
      241 gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagagtggag
      301 cctgaagatt ttgcagtgta ttactgtcag caatatgata actccgtttg cacttttggc
      361 caggggacca agctggagat caaacga
//
```

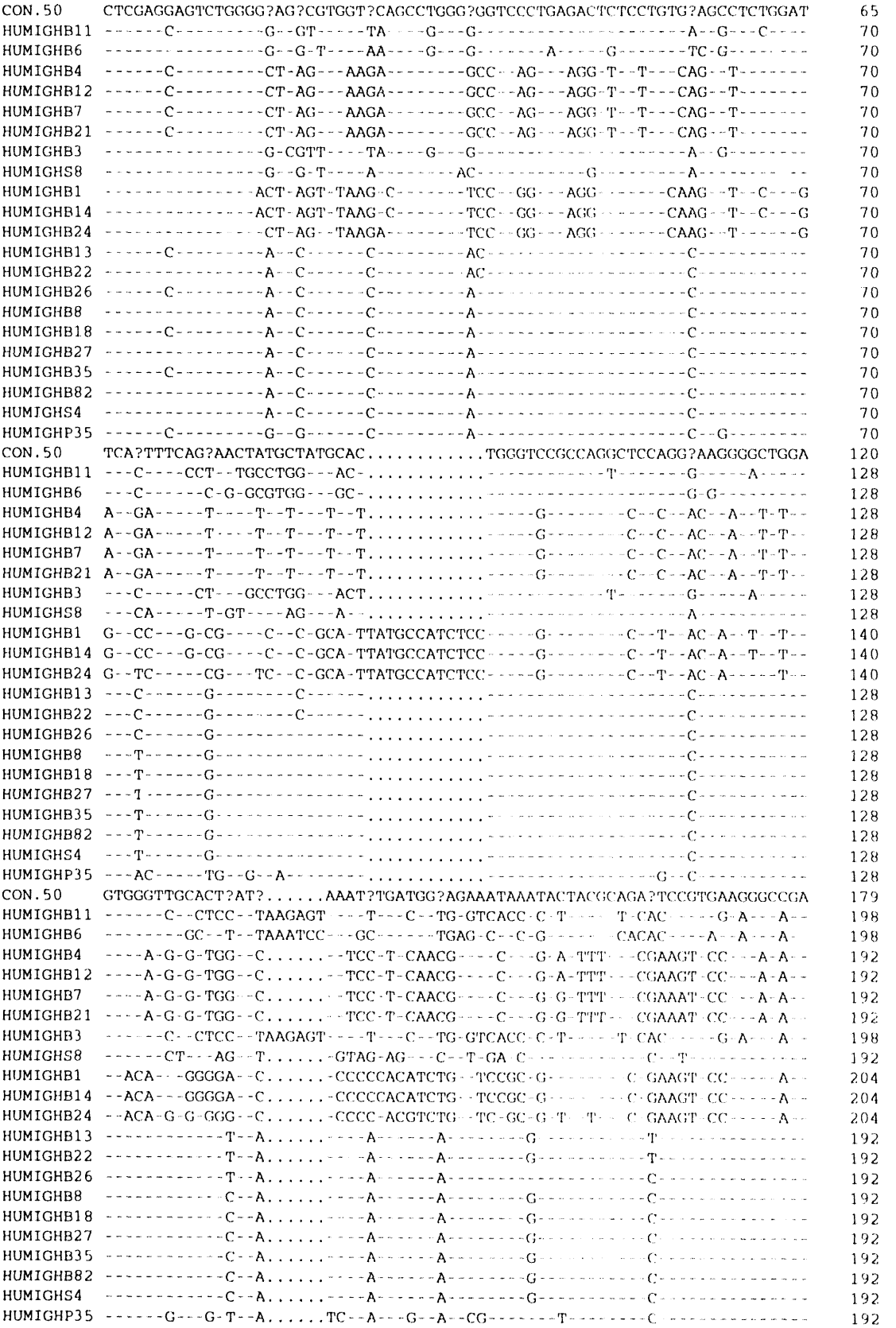
```
CONSENSUS  ATGGAAACCCCAGCGCAGCTTCTCTTCCTCCTGCTACTCTGGCTCCCAGATACCACCGGAGAAATTGTGT    70
HUMANTIGPA ----------------------------------------------------------------------    70
S46248     ----------------------------------------------------------------------    70

CONSENSUS  TGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTGCAGGGGAAAGAGCCACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCA   140
HUMANTIGPA ----------------------------------------------------------------------   140
S46248     ----------------------------------------------------------------------   140

CONSENSUS  GAGTGTTAGCAGCAGGTACTTAGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTAT   210
HUMANTIGPA ----------------------------------------------------------------------   210
S46248     ----------------------------------------------------------------------   210

CONSENSUS  GGTGCATCCAGCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTC   280
HUMANTIGPA ----------------------------------------------------------------------   280
S46248     ----------------------------------------------------------------------   280

CONSENSUS  TCACCATCAGCAGAGTGGAGCCTGAAGATTTTGCAG??TATTACTGTCAGCAATATGATAACTCCGTTTG   348
HUMANTIGPA ------------------------------------TG------------------------------   350
S46248     ------------------------------------GT------------------------------   350

CONSENSUS  CACTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAAACGA                                   385
HUMANTIGPA ---------------------------------                                      387
S46248     ---------------------------------                                      387
```

```
LOCUS       HUMANTIGPB    426 bp ss-mRNA            PRI       01-SEP-1992
DEFINITION  Human anti-glycoprotein 120 monoclonal antibody variable region,
            diversity region, and joining region mRNA.
ACCESSION   M88500
SOURCE      Homo sapiens cDNA to mRNA.
REFERENCE   1  (bases 1 to 426)
  AUTHORS   Marasco,W.A., Bagley,J., Zani,C., Posner,M., Cavacini,L.,
            Haseltine,W.A. and Sodroski,J.
  TITLE     Characterization of the cDNA of a broadly reactive neutralizing
            human anti-gp120 monoclonal antibody
  JOURNAL   J. Clin. Invest. 90,  1467-1478 (1992)
COMMENT     F105 MAb, from an HIV-1 infected person, binds to a discontinuous
            epitope on gp120. See <HUMANTIGPA>.
BASE COUNT       83 a    135 c    117 g     91 t
ORIGIN
        1 atggaacatc tgtggttctt ccttctcctg gtggcagctc ccagatgggt cctgtcccag
       61 gtgcagctgc aggagtcggg cccaggactg gtgaagcctt cggagaccct gtccctcacc
      121 tgcactgtct ctggaggctc catcagtagt cactactgga gctggatccg gcagtcccca
      181 gggaagggac tgcagtggat tggatatatc tactacagtg ggagcaccaa ctacagcccc
      241 tccctcaaga gtcgagtcac catatcagta gagacgtcca agaaccagtt ctccctgaag
      301 ctgacctcta tgaccgctgc ggacacggcc gtgtattact gtgcgcgagg ccccgtgcca
      361 gctgtcttct acggtgacta ccgactcgac ccctggggcc agggaaccct ggtcaccgtc
      421 tcctca
```

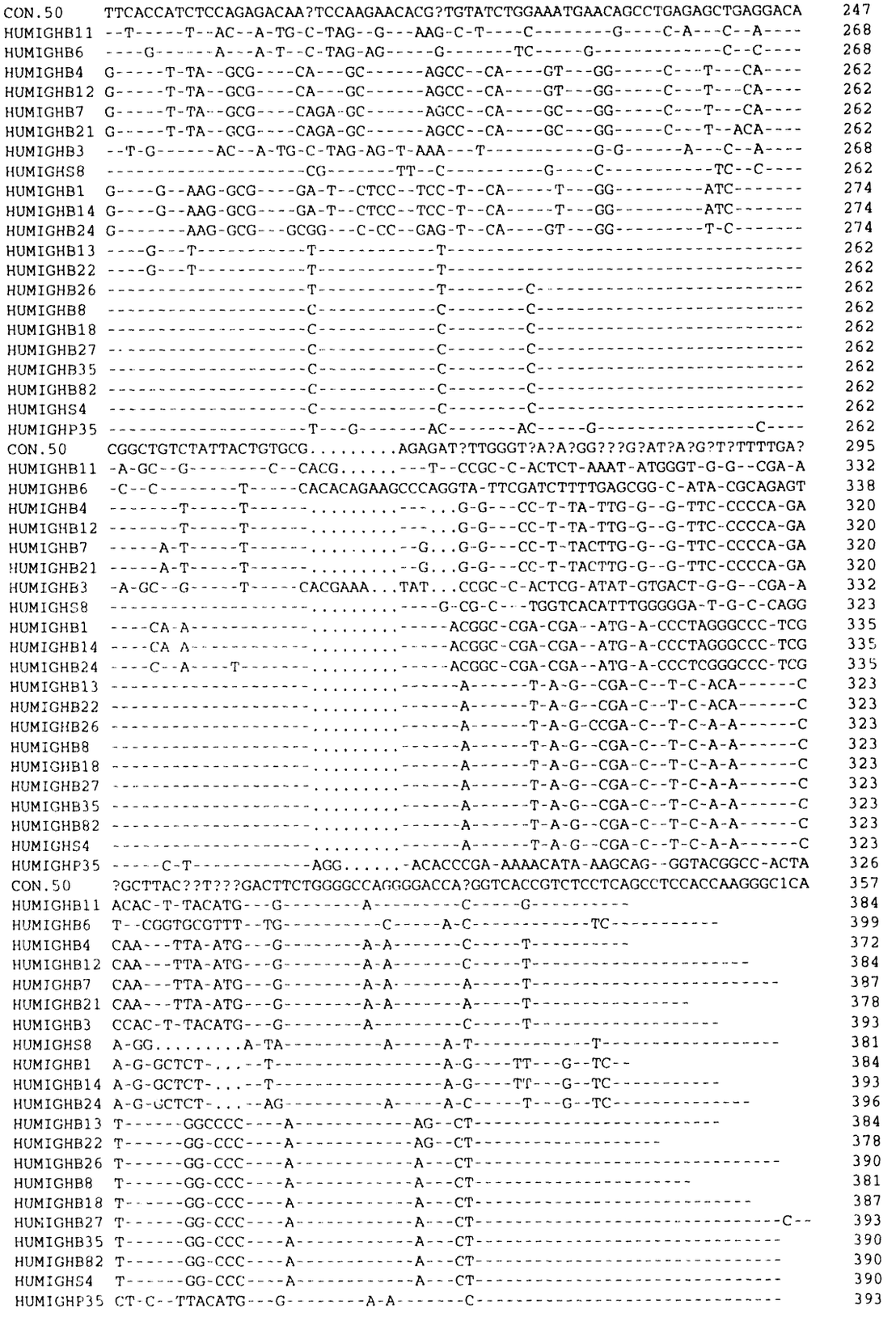
HUMIGHB26

```
LOCUS       HUMIGHB26     391 bp ss-mRNA            PRI       20-JAN-1993
DEFINITION  Human Ig rearranged gamma-chain mRNA V-region, partial cds,
            clone B26.
ACCESSION   L03139
SOURCE      Human (library: BMHIV) adult bone marrow cDNA to mRNA.
REFERENCE   1  (bases 1 to 391)
  AUTHORS   Collet,T.A., Roben,P., O'Kennedy,R., Barbas,C.F.III., Burton,D.R.
            and Lerner,R.A.
  TITLE     A binary plasmid system for shuffling combinatorial antibody
            libraries
  JOURNAL   Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 89, 10026-10030 (1992)
COMMENT     This sequence is from one of twenty-one Fab fragments. These Ig
            V-region fragments were taken from the library whose creation
            is described in <HUMIGHBM3>. Sequences b11, b6, b4, b12, b7, b21,
            b3, b1, b14, b24, b13, b22, b8, b18 and b27 are clones obtained
            by panning against HIV-1 IIIB gp120; sequences B26, B8 and B35
            were obtained by panning against IIIB gp160; sequences s8 and s4
            were obtained by panning against SF2 gp120; and p35 was obtained
            by panning against the synthetic v3 loop-like peptide
            JSISIGPGRAFYTGZC.  Alignments of the V-region from the heavy and
            light chains are shown on the following pages.  Please also see
            accession numbers L03139-L03180 and related entry <HUMIGHBM3>.
BASE COUNT       95 a    102 c    108 g     86 t
ORIGIN
        1 ctcgagcagt ctggggaagc cgtggtccag cctgggaggt ccctgagact ctcctgtgca
          <-        FR1
       61 gcctctggat tcactttcag gaactatgct atgcactggg tccgccaggc tccaggcaag
                           -> <-    CDR1    -> <-          FR2
      121 gggctggagt gggttgcact tataaaatat gatggaagaa ataaatacta cgcagactcc
                       -> <-     CDR2
      181 gtgaagggcc gattcaccat ctccagagac aattccaaga acacgttgta tctgcaaatg
              ->><-   FR3
      241 aacagcctga gagctgagga cacggctgtc tattactgtg cgagagatat tgggttaaag
                                                  ->><- CDR3
      301 gccgagcatt acgatatttt gactgcttac ggtcccgact actggggcca gggaaccctg
                                                  ->><-  FR4
      361 gtcaccgtct cctcagcctc caccaagggc c
                                      ->
```

Ig V-region heavy chain sequences (Collet,T.A. et al, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89:10026, (1992)).



HUMIGHB26


CON.50 TTCACCATCTCCAGAGACAA?TCCAAGAACACG?TGTATCTGGAAATGAACAGCCTGAGAGCTGAGGACA 247
HUMIGHB11 --T-----T--AC--A-TG-C-TAG--G---AAG-C-T----C--------G----C-A---C--A---- 268
HUMIGHB6 ----G------A---A-T--C-TAG-AG-----G-------TC-----G----------C--C---- 268
HUMIGHB4 G-----T-TA--GCG----CA---GC------AGCC--CA----GT---GG-----C---T---CA---- 262
HUMIGHB12 G-----T-TA--GCG----CA---GC------AGCC--CA----GT---GG-----C---T---CA---- 262
HUMIGHB7 G-----T-TA--GCG----CAGA-GC------AGCC--CA----GC---GG-----C---T---CA---- 262
HUMIGHB21 G-----T-TA--GCG----CAGA-GC------AGCC--CA----GC---GG-----C---T--ACA---- 262
HUMIGHB3 --T-G------AC--A-TG-C-TAG-AG-T-AAA---T----------G-G------A---C--A---- 268
HUMIGHS8 ----------CG-------TT--C----------G----C----------TC--C---- 262
HUMIGHB1 G----G--AAG-GCG----GA-T--CTCC--TCC-T--CA-----T---GG---------ATC------- 274
HUMIGHB14 G----G--AAG-GCG----GA-T--CTCC--TCC-T--CA-----T---GG---------ATC------- 274
HUMIGHB24 G-------AAG-GCG---GCGG---C-CC--GAG-T--CA----GT---GG---------T-C------- 274
HUMIGHB13 ----G---T----------T----------T---------- 262
HUMIGHB22 ----G---T----------T----------T---------- 262
HUMIGHB26 ----------T----------T--------C---------- 262
HUMIGHB8 ----------C----------C--------C---------- 262
HUMIGHB18 ----------C----------C--------C---------- 262
HUMIGHB27 ----------C----------C--------C---------- 262
HUMIGHB35 ----------C----------C--------C---------- 262
HUMIGHB82 ----------C----------C--------C---------- 262
HUMIGHS4 ----------C----------C--------C---------- 262
HUMIGHP35 ----------T---G-------AC-------AC-----G----------C---- 262
CON.50 CGGCTGTCTATTACTGTGCG.....AGAGAT?TTGGGT?A?A?GG???G?AT?A?G?T?TTTTGA? 295
HUMIGHB11 -A-GC--G--------C--CACG.....---T--CCGC-C-ACTCT-AAAT-ATGGGT-G-G--CGA-A 332
HUMIGHB6 -C--C---------T-----CACACAGAAGCCCAGGTA-TTCGATCTTTTGAGCGG-C-ATA-CGCAGAGT 338
HUMIGHB4 -------T-----T------.....---...G-G---CC-T-TA-TTG-G--G-TTC-CCCCA-GA 320
HUMIGHB12 -------T-----T------.....---...G-G---CC-T-TA-TTG-G--G-TTC-CCCCA-GA 320
HUMIGHB7 -----A-T-----T------.....--G...G-G---CC-T-TACTTG-G--G-TTC-CCCCA-GA 320
HUMIGHB21 -----A-T-----T------.....--G...G-G---CC-T-TACTTG-G--G-TTC-CCCCA-GA 320
HUMIGHB3 -A-GC--G-----T-----CACGAAA...TAT...CCGC-C-ACTCG-ATAT-GTGACT-G-G--CGA-A 332
HUMIGHS8 ----------.....----G-CG-C---TGGTCACATTTGGGGGA-T-G-C-CAGG 323
HUMIGHB1 ----CA-A----------.....-----ACGGC-CGA-CGA--ATG-A-CCCTAGGGCCC-TCG 335
HUMIGHB14 ----CA A----------.....-----ACGGC-CGA-CGA--ATG-A-CCCTAGGGCCC-TCG 335
HUMIGHB24 ----C--A----T-------.....-----ACGGC-CGA-CGA--ATG-A-CCCTCGGGCCC-TCG 335
HUMIGHB13 ----------.....------A------T-A-G--CGA-C--T-C-ACA------C 323
HUMIGHB22 ----------.....------A------T-A-G--CGA-C--T-C-ACA------C 323
HUMIGHB26 ----------.....------A------T-A-G-CCGA-C--T-C-A-A------C 323
HUMIGHB8 ----------.....------A------T-A-G--CGA-C--T-C-A-A------C 323
HUMIGHB18 ----------.....------A------T-A-G--CGA-C--T-C-A-A------C 323
HUMIGHB27 ----------.....------A------T-A-G--CGA-C--T-C-A-A------C 323
HUMIGHB35 ----------.....------A------T-A-G--CGA-C--T-C-A-A------C 323
HUMIGHB82 ----------.....------A------T-A-G--CGA-C--T-C-A-A------C 323
HUMIGHS4 ----------.....------A------T-A-G--CGA-C--T-C-A-A------C 323
HUMIGHP35 -----C-T----------AGG.....-ACACCCGA-AAAACATA-AAGCAG--GGTACGGCC-ACTA 326
CON.50 ?GCTTAC??T???GACTTCTGGGGCCAGGGGACCA?GGTCACCGTCTCCTCAGCCTCCACCAAGGGC1CA 357
HUMIGHB11 ACAC-T-TACATG---G--------A---------C-----G---------- 384
HUMIGHB6 T--CGGTGCGTTT--TG---------C-----A-C----------TC---------- 399
HUMIGHB4 CAA---TTA-ATG---G--------A-A-------C-----T---------- 372
HUMIGHB12 CAA---TTA-ATG---G--------A-A-------C-----T---------- 384
HUMIGHB7 CAA---TTA-ATG---G--------A-A-------A-----T---------- 387
HUMIGHB21 CAA---TTA-ATG---G--------A-A-------A-----T---------- 378
HUMIGHB3 CCAC-T-TACATG---G--------A---------C-----T---------- 393
HUMIGHS8 A-GG.....A-TA----------A-----A-T----------T---------- 381
HUMIGHB1 A-G-GCTCT-...--T----------A-G----TT---G--TC-- 384
HUMIGHB14 A-G-GCTCT-...--T----------A-G----TT---G--TC---------- 393
HUMIGHB24 A-G-GCTCT-...--AG----------A-----A-C-----T---G--TC---------- 396
HUMIGHB13 T------GGCCCC----A----------AG--CT---------- 384
HUMIGHB22 T------GG-CCC----A----------AG--CT---------- 378
HUMIGHB26 T------GG-CCC----A----------A---CT---------- 390
HUMIGHB8 T------GG-CCC----A----------A---CT---------- 381
HUMIGHB18 T------GG-CCC----A----------A---CT---------- 387
HUMIGHB27 T------GG-CCC----A----------A---CT----------C-- 393
HUMIGHB35 T------GG-CCC----A----------A---CT---------- 390
HUMIGHB82 T------GG-CCC----A----------A---CT---------- 390
HUMIGHS4 T------GG-CCC----A----------A---CT---------- 390
HUMIGHP35 CT-C--TTACATG---G--------A-A-------C---------- 393

Human Ig light chain sequences (Collet,T.A. et al, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89:10026 (1992)). See accompanying entry <HUMIGHB26>.

```
CON.50      GAGCTCACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCCGGGC?A     69
HUMIGHB11L --------G---------GG-A--------TTG---CC---G--A----C----C--T-A---A----C-   70
HUMIGHB6L  --------G---------GG-A--------TTG---CC---G--A----C----C--T-C---A----CG   70
HUMIGHB4L  --------G---------GG-A--------CTG---CC---G--A----C----T--T-C--TA--T-C-   70
HUMIGHB12L --------G---G-----GG-A--------CTG---CC---G--A----C----T--T-C--TA--T-C-   70
HUMIGHB7L  --------G---------GG-A--------TTGA--CC---G--A----C---TC--T-C---A--A-C-   70
HUMIGHB21L --------G---G-----GG-A--------CTG---CC---G-------C----T--T-C---A--T-C-   70
HUMIGHB3L  --------G---------GG-A--------TTG---CC---G--A----C----C--T-C---A----C-   70
HUMIGHS8L  ......----------------G--------------------C-------T-----------G-       64
HUMIGHB1L  ------------------------------T-------------G-------------------G-       70
HUMIGHB14L ------------------------------------------------------------------G-     70
HUMIGHB24L --------G---------GG-A--------TTG---CC---G--A----C----C--T-C---A----C-   70
HUMIGHB13L ------------------------------------------------------------A---G-       70
HUMIGHB22L ------------------------------------------------------------------A-     70
HUMIGHB26L ------------------------------------------------------------A---G-       70
HUMIGHB8L  ------------------------------------------------------------------A-     70
HUMIGHB18L ------------------------------------G-----------------------------A-     70
HUMIGHB27L ------------------------------------------------------------------A-     70
HUMIGHB82L ------------------------------------T---------A-------------------A-     70
HUMIGHB35L ------------------------------------------------------------------A-     70
HUMIGHS4L  .........-----------------------------------------------------------A-    61
HUMIGHP35L ............................-TG---CC---G--A--G-C----C--T-C---A----C-    40
```

HUMIGHB26

```
CON.50      GTCAGAGCATTAGCAGCTATTTA??TTGGTATCAGCAG...AAACCAGGGAAAGCTCCTAAGCTCCTGAT   134
HUMIGHB11L ----A--AG---A----A-C-ACTTGGCC-GGT-C---CAG-----T--CC-GA----C-G-G--G----   140
HUMIGHB6L  -------T---------A-C-ACTTAGCC-GGT-C---CAG-----T--CC-G-----C-G------C--   140
HUMIGHB4L  ----C------C-----CGCCGCGTAGCC-GGT-C---CAC-----T--CC-G-----A-G---GG-C--   140
HUMIGHB12L ----C------C-----CGCCGCGTAC-C-GGT-C---CAC-----T--CC-G-----A-G---GG-C--   140
HUMIGHB7L  ----C--T---C-G---AGGAGGTTAGCC-GGT-C---GTA--GGGC--CC-G-----C-GA-----C--   140
HUMIGHB21L ----C-A----C-----CGCCGCGT-GCC-GGT-T---CAC-----T--CC-G-----A-G----G-C--   140
HUMIGHB3L  ----C--AG-C-AT-A-A-C--CTTAGCC-GGT-T---CAG-----T--CC-G-----C-G------C--   140
HUMIGHS8L  -----GA---A--G-AT------AA---------C---...-----G--------C-----A--------   131
HUMIGHB1L  -----G---------AT------GCC----------...----------T-----GA--------      137
HUMIGHB14L -----G---------AT------GCC----------...----------T---------------      137
HUMIGHB24L -------TG---T----A-C-ACTTAGCC-GGT-C---CAG-----T--CC-G-----C-G------C--   140
HUMIGHB13L -C---GA------A-AT------AA----------...----------C---------------      137
HUMIGHB22L ----------------------AA----------...----------C---------------      137
HUMIGHB26L -----GA--------A-C-----AA----------...----------C---------------      137
HUMIGHB8L  ----------------A-------AA----------...----------C---------------      137
HUMIGHB18L ------A-----A--A-------AA----------...---------G----C-----A--------   137
HUMIGHB27L ----------------------AA----------...----------C---------------      137
HUMIGHB82L ------C-----A--A-------AA----------...----------C-----A--------      137
HUMIGHB35L ----------------------AA----------...----------C---------------      137
HUMIGHS4L  ------C----------------AA----------...----------C---------------      128
HUMIGHP35L --------G--G---C-A-C--GGCC--------A---...--G--T--CC-G-----C-GA-----C--   107
CON.50      CTATG?TGCATCCAATTTGGAAACTGGGGTCCCATC?AGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGATTTC   202
HUMIGHB11L ----AG-A-----CGCAG--CC-----C-----CGAC----------C-----C---      210
HUMIGHB6L  -----G---------CAG--CC-----CA-----GAC----------C---      210
HUMIGHB4L  AC---G--TT------AG--CCT----CA--T--GAC--------C---      210
HUMIGHB12L AC---G--TT------AG--CCT----CA--T--GAC--------C---      210
HUMIGHB7L  T----G--TC------AG--CCGG---CA-----GAC----------C---      210
HUMIGHB21L AC---G--TT------CAG--CCT----CA--T--GAC----------C---      210
HUMIGHB3L  --C--G------T-CCAG--CC-----CA-----GAC----------A-----C---      210
HUMIGHS8L  --CC-A--------G---------TA----------AC-A--------G----------C----T----T   201
HUMIGHB1L  -----C--------C----C--C-A----------TC----------A---------------      207
HUMIGHB14L -----C--------C----C--T-A----------TC----------A---------------      207
HUMIGHB24L -----G--T------CAG--CC-----CA-----GAC----------C---      210
HUMIGHB13L ---C-A----------C------A----------A--A--------A-----A-------G------T   207
HUMIGHB22L -----C--------G----C---G----------A----------A---------------      207
HUMIGHB26L ---C-A------------------A----------A----------A-----A----------T   207
HUMIGHB8L  -----C--------G----C---GA----------A----------A---------------      207
HUMIGHB18L TC--AC-----T----C-AC---G----------AC-------C----C--C----------A---   207
HUMIGHB27L -----C--------G----C---G----------A----------A---------------      207
HUMIGHB82L -----G----------C---G----------A----------A---------------      207
HUMIGHB35L -----C--------G----C---G----------A----------A---------------      207
HUMIGHS4L  -----C--------G----C---G----------A----------G----A---------------   198
HUMIGHP35L A-T--A---C----CCAG---C---TATA-----GAC-CC----------      177
```

```
CON.50      ACTCTCACCATCAGCAG?CTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCAACAGTATGATA?...T?    266
HUMIGHB11L  -----------T-----G---G-------G---------GTC-----------G--A-T--G-GA...-G    277
HUMIGHB6L   --A----G---------A---G-----------------GTG-----------G-------G--C...CT    277
HUMIGHB4L   -------------C---AG--G----------C------CTG--C--------GGTC----G-GC...CT    277
HUMIGHB12L  -------------C---AG--G----------C------CTG--C--------GGTC----G-GC...CT    277
HUMIGHB7L   -----------------A---G-----------------GTG-----------G-------G--G...CT    277
HUMIGHB21L  -------------C---A---G----------C------CTG-----------GGTC----G-GC...CT    277
HUMIGHB3L   -----------------A---G-------T---------GT------T-----G-------G-GACTCAC    280
HUMIGHS8L   -G-T-------------C---------------A---G---A-------------------C-GA....T    267
HUMIGHB1L   -----------------C---------------G-------------------A-----A-C-G...-G    274
HUMIGHB14L  -----------------C---------------G-------------------A-----A-C-G...-G    274
HUMIGHB24L  -----------------A---G-----------------GTG----C------G-------G--C...CT    277
HUMIGHB13L  ---T-------------C-----------G---G-------A---------------C--C-A-A...-G    274
HUMIGHB22L  -----------------T-----A-------------------C------------AG-T-C-G...-A    274
HUMIGHB26L  ---T-------------C---------------A-------A---------------------A...-C    274
HUMIGHB8L   ------T----------T-----A-------------------C------------AG-T-C-GTAT-C    277
HUMIGHB18L  --------------G--T-----A-------------------C------------AG-T-C-G...-A    274
HUMIGHB27L  -----------------T-----A-------------------C------------AG-T-C-G...-A    274
HUMIGHB82L  -----------------T-----A-------------------C-T------G---AG-T-C-ATACCC    277
HUMIGHB35L  -----------------T-----A-------------------C------------AG-T-C-G...-A    274
HUMIGHS4L   -----------------T-----A-------------------C------------AG-T-C-G...-A    265
HUMIGHP35L  G----------------C------T------------G-TT---------C--G----------A...CT    244

CON.50      CCCCGTACACTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAAACGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTCAT    336
HUMIGHB11L  -T-A-------------------------------------------------------------------    347
HUMIGHB6L   -A-----------------------C-A-----T-----------------------------------    347
HUMIGHB4L   --T-------------------------A-------GG-------------T-------------------    347
HUMIGHB12L  --T-------------------------A-------GG-------                             322
HUMIGHB7L   -AAG-------------------------------------------------------                336
HUMIGHB21L  --T-------------------------------TT----------------                       329
HUMIGHB3L   -T-TT--TT-------------------------------------------------------------    350
HUMIGHS8L   -T..CAT------C---GG----------G-------------------------------------      333
HUMIGHB1L   ----TCGG--G--C-----A---------G----A-----------------------------------    344
HUMIGHB14L  ----TCGG--G--C-----A---------G----A-----------------------------------    344
HUMIGHB24L  -A----GG--G--C-----A---------G----A-----------------------------------    347
HUMIGHB13L  T----CT------C---GGA---------G-A-------------------------------------    344
HUMIGHB22L  ---------------------------------------------------                        326
HUMIGHB26L  T----CT------C---GGA---------G-------------------------------                332
HUMIGHB8L   -T---CT------C---GGA---------G-----------------------------------          342
HUMIGHB18L  ----------------------------A----------------------                        325
HUMIGHB27L  ----TC-G----------------------------------------------                     328
HUMIGHB82L  -T----GG--G--C-----A---------G----A---------------                         327
HUMIGHB35L  ------------------------------------------------                            322
HUMIGHS4L   ---------------------------------------------------                         316
HUMIGHP35L  GG--TCCG--------------------A------G----G------                            291
CON.50      CTTCCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAACTTCTAT    406
HUMIGHB11L  ------------------------------------------                                  389
HUMIGHB6L   ---------------------------------GCA-------                                390
HUMIGHB4L   ---------------------------------------------TGTGTG-CTGCTG-AT-AC-TCTA    417
HUMIGHB3L   ------------------------------------------------------------------         417
HUMIGHB1L   ------------------------------------------------------------------------    414
HUMIGHB14L  ------------------------------------------------------------------------    414
HUMIGHB24L  ------------------------------------------------------------------------    417
HUMIGHB13L  ------------------------------------------------------------------------    414

CON.50      CCCGAGAGG?CCAAA??A??GGGGAGGGGG?TAACG                                      436
HUMIGHB4L   T--C----AGG-C--AGTACA-T-GAA--TGG-                                         450
HUMIGHB1L   --A------C-A--GTACAGT--A---T--A-----                                      450
HUMIGHB14L  ---------A-----GT-CA-T---A--T-G--                                         447
HUMIGHB24L  ---AGAGA-G-----GT-CA-T-----T--                                            447
HUMIGHB13L  --A------C-A-GTAC-GT--AAG-T--TA                                           445
```

HUMIGHBM

```
LOCUS       HUMIGHBM3      86 bp ss-RNA             PRI       03-FEB-1992
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1 heavy-chain, sample IGHBM3.
            complementarity-determining region 3, clone 3, partial cds.
ACCESSION   M80715
SOURCE      Human (library: BMHIV) adult bone marrow cDNA to mRNA,
            sample IGHBM3.
REFERENCE   1  (bases 1 to 86)
  AUTHORS   Burton,D.R., Barbas,C.F.III., Persson,M.A., Koenig,S., Chanock,R.M.
            and Lerner,R.A.
  TITLE     A large array of human monoclonal antibodies to type 1 human
            immunodeficiency virus from combinatorial libraries of asymptomatic
            seropositive individuals
  JOURNAL   Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 88, 10134-10137 (1991)
COMMENT     This sequence is of one of ten representative clones taken from a library
            of human monoclonal antibody Fab fragments that had been generated against
            the HIV-1 gp120 surface glycoprotein.  The antibodies were originally
            obtained from the bone marrow of an asymptomatic homosexual man who had
            been HIV-positive for six years.  Alignments of the CDR3 from the heavy
            and light chains of the ten clones are shown below (accession numbers
            M80715-M80734).
BASE COUNT       19 a     18 c     25 g     23 t      1 others
ORIGIN
        1 tattattgtg ccacgaaata tccgcgctac tcggatatgg tgactggtgt tcggaaccac
      FR3 ->             <- FR3
                    CDR3 ->
       61 ttctacatgg acgtctgggg naaggg
                       <- CDR3
                    FR4 ->
//
-----
heavy chain CDR3

CON.50      TATTACTGTGC?AG.........G??AGA?CCGCGC?A?T??GAAT?GA?G?CTGGTGCCC?TCA??ATT     47
HUMIGHBM3   -----T-----C-C.........-AA-T-T------T-C-CG--TAT-GT-A------TT-GGA-CC-C-     61
HUMIGHBM7   -----T-----G--.........-GTG-GG--ATATACT.......-G-GATGA-TC-C---AGG-CA---     55
HUMIGHBM11  --------C--C-C.........-AG-T-T------T-C-CT---AT--T-GG-----TT-GAA-AC-C-     61
HUMIGHBM14  ----------G--.................A-G----G-ACGA-G--G--ACC--A-G----T--GAGG-G     58
HUMIGBHM20  -----T-----C-C.........ACAGA-G--CA-GT-T-TC--TCTTTT-AGC---CAATA--GCAGAG     61
HUMIGHBM21  -----T-----C--.........-GTG-GG--ATATACT.......-G-GATGA-TC-C---AGG-CA---     55
HUMIGHBM22  ----------G--AGATATTGG-TT-A-GGGCGAGC-T-AC--CATTTT-A---C-TA-GG--CC....     66
HUMIGHBM24  ----T------G--.................A-G----G-ACGA-G--G--ACC--C-G----T--GAGG-G     58
HUMIGHBM29  --------C--C-C.........-AG-T-T------T-C-CT---AT--T-GG-----TT-GAA-AC-C-     61
HUMIGHBM31  ----------G--.................A-G----G-ACGA-G--G--ACC--A-G----T--GAGG-G     58

CON.50      ?TTA?A......TGGACGTCTGGGGC?AGGGG      70
HUMIGHBM3   TC--C-.....-------------NA----        86
HUMIGHBM7   A---T-.....---T----------A-A---       81
HUMIGHBM11  TC--C-.....-------------NA----        86
HUMIGHBM14  C-C.........-T--TT--------C----A       81
HUMIGBHM20  T-GCCGGTGCGT-T--T---------C-C---       93
HUMIGHBM21  A---T-.....---------------A-A---       81
HUMIGHBM22  ................---TA-------C----       83
HUMIGHBM24  C-C.........-T--A---------C-A---       81
HUMIGHBM29  TC--C-.....--------------A----A       87
HUMIGHBM31  C-C.........-T--TT--------C-----       81
```

light chain CDR3

```
CON.50      TATTACTGTCAGCAGTATGGTAGTGCCCCGTACAC...TTTTGGCCAGGGG     48
HUMIGLBM3   -----T---------------GACT-A--TCTTTATTC-------------     51
HUMIGLBM7   ----------------------CT-AAG------...------------A     48
HUMIGLBM11  --------------A-T----GA---T-A------...--------------     48
HUMIGLBM14  -----------AA-----AAC--------TCGG--...G--C--N--A---     48
HUMIGLBM20  -----------AA-C----AC----------GG--...G--C-----A---     48
HUMIGLBM21  ------------GTC------GCCT--T-------...--------------     48
HUMIGLBM22  --C--------A---AG-TAC---A----------...--------------     48
HUMIGLBM24  ----C-----------------CCT-A----GG--...G--C-----A---     48
HUMIGLBM29  --------------A-T----GA---T-A------...--------------     48
HUMIGLBM31  -----------AA-----AAC--------TCGG--...G--C-----A---     48
```

FIVAM19

```
LOCUS       FIVAM19      2571 bp ss-RNA            VRL       11-MAR-1992
DEFINITION  Feline immunodeficiency virus, clone 19K1, complete env cds.
ACCESSION   M73964 M73965
SOURCE      Feline immunodeficiency virus cDNA to genomic RNA, clone 19K1[a]
            and 19K32[b].
REFERENCE   1  (bases 1 to 2571)
  AUTHORS   Siebelink,K.H., Chu,I.-H., Rimmelzwaan,G.F., Weijer,K.,
            Osterhaus,A.D. and Bosch,M.L.
  TITLE     Isolation and partial characterization of infectious molecular
            clones of feline immunodeficiency virus obtained directly from bone
            marrow DNA of a naturally infected cat
  JOURNAL   J. Virol. 66, 1091-1097 (1992)
COMMENT     This isolate was obtained from the bone marrow cells of a 4 year
            old free-ranging cat in Amsterdam.
BASE COUNT     1000 a    344 c    558 g    669 t
ORIGIN      5' end of env region
        1 ATGgcagaag gatttgtagc caatggacaa tggatagggc cagaagaagc tgaagagtta
  env cds ->
       61 ttagattttg acatagcaac acaactaaat gaagaagggc cactaaatcc aggaataaac
      121 ccatttaggg tacctggaat aacacaaaaa gaaaagcagg aatattgtaa cacattgcaa
      181 cccaaattac aagctctaag gaatgaaatt caagaggtaa aactggaaga aagaaatgca
      241 ggtaagttta gaagagcaag atttttaaga tactctgatg aaactatatt gtccctgatt
      301 tattcgttcg taggatattt tagatattta gtagatagaa aaaagtttgg atccttaaga
      361 catgacatag atatagaagc acctcaagaa gagtattata acaataaaga gaagggtatg
      421 actgacaatg taaaatatgg taaacgatgc ttagtaggaa cagcagcttt ttacttgctt
      481 ctagctatag gaataataat aataatacgg acagtcgatg ctcaggtagt atggagactt
      541 ccaccattag tagtcccagt agaagaatca gaaataattt tttgggattg ttgggcacca
      601 gaggaacccg cctgtcagga ctttcttggg gcaatgatac acctaaaagc tagtacaaat
      661 ataagaatac aagagggacc taccttgggg aattgggcta gagaaatatg ggcaacatta
      721 ttcaaaaagg ctaccagaca atgtagaaga ggtagaatat ggaaaagatg gaatgagaca
      781 ataacaggac caataggatg tgccaataac acatgttata atatctcagt gataatacct
      841 gattatcaat gttacataga cagagtagat acttggttac aaggaaaagt aaatatttca
      901 atatgtttaa caggaggaaa aatgttgtat aataaagaaa caaaacaatt aagctattgt
      961 acagacccat tacaaatccc actgatcaat tacacgtttg gacctcaaca aacatgtatg
     1021 tggaacactt cacagattca agaccctgag attccaaaat gtggatggtg gaatcaaaaa
     1081 gcttattata accaatgtag ttgggaacag actgatgtaa agtttcagtg tcaaagaaca
     1141 cagagtcagc ctgggtcatg gattagggca atctcgtcgt ggaggcaaag gaatagatgg
     1201 gaatggagac cagattttga aagtgaaagg gtgaaagtat ctctgcaatg taatagcaca
     1261 caaaatctaa cctttgcaat gagaagttca ggagattatg gcgaaataac aggagcttgg
     1321 atagagtttg gatgtcatag gaataaatca aaacatcata atgaagcaag gtttagaatt
     1381 agatgtagat ggaatgaagg gaataataac tcactcattg atacatgtgg aaaaacacaa
     1441 aatgttttag gtgcaaatcc tgtagattgt accatgtatg caaatagaat gtataactgt
     1501 tccttacaag atgggtttac tatgaaggta gatgaccttа ttatgcattt caatatgaca
     1561 aaagctgtag aaatgtataa cattgctggg aattggtctt gtatgtctga cttaccaaca
     1621 aactggggat atatgaagtg taattgtacc aatgacacca gtaataatca cacaataaaa
     1681 atggaatgtc ctgaggaaaa aggcatctta agaaattggt ataatccagt agcaggatta
     1741 agacaatcct tagaaaagta tcaagttgta aaacaaccag attacttagt ggtaccaggg
     1801 gaagtcatgg aatataaacc tagaagaaaa agagcagcta ttcatgttat gttagctctt
     1861 gcaacagtat tatctatggc tggagcaggg acgggggcta ctgctatagg gatggtaaca
     1921 caatatcatc aagttctggc aactcatcaa gaagctatag aaaaggtgac tgaagcctta
     1981 aagataaata acttaagatt agttacatta gagcatcaag tattagtaat aggattaaaa
     2041 gtagaagcta tagaaaaatt tttatataca gctttcgcta tgcaagaatt aggatgtaat
     2101 caaaatcaat ttttctgtaa ggttcctctt gaattatgga ggaggtataa tatgactata
     2161 aatcaaacaa tatggaatca tggaaatata actttaggag aatggtataa ccaaacaaaa
     2221 gctctacaac ataagttta tgagataata atggatatag agcaaaataa tgtacaaggg
     2281 aaaaaagggt tacaacaatt acaaaagtgg gaagattggg taggatggat aggaaatatt
     2341 ccacaatatt taaaaggatt attaggaggt atcttaggaa taggattggg aatcttatta
     2401 ttgatcttat gtttacctac attggttgat tgtataagaa attgtatcca caagatacta
     2461 ggatatacag taattgcaat gcctgatgta gatgaagaag agatacaacc acaaatggaa
     2521 ttgaggagaa atggtaggca atgtggcatg tctgaaaaag aggaggaaTG A
                                                          <- env cds end
```

```
LOCUS       FIVDU4        678 bp ds-DNA             VRL       21-DEC-1992
DEFINITION  Feline immunodeficiency virus, isolate Dutch4, partial env cds.
ACCESSION   X69498
SOURCE      Feline immunodeficiency virus DNA, isolate Dutch4 from
            proviral DNA, cell line CRFK.
REFERENCE   1  (bases 1 to 678)
  AUTHORS   Rigby,M.A., Holmes,E.C., MacKay,N., Leigh Brown,A.J. and Neil,J.C.
  TITLE     Evolution of structural proteins of feline immunodeficiency virus
  JOURNAL   J. Gen. Virol. 74, 425-36 (1993)
COMMENT     From EMBL    entry FISURGLPE;  dated 07-DEC-1992.
            This isolate was taken from a pet cat in Amsterdam.
BASE COUNT      247 a     93 c    163 g    175 t
ORIGIN      1026 bp downstream of 5' end of env region
        1 acttcacaga ttcaagaccc tgagatacca aaatgtggat ggtggaatca aatagcctat
 env cds ->
       61 tataacagtt gtagatggga aaagacggat gtaaagtttc attgtcaaag aacacagagt
      121 cagcctggat catggcatag agcaatctca tcatggagac aaaggaatag atgggaatgg
      181 agaccagatt ttgaaagtga aaaagtaaag gtatctctac agtgtaatag cacagaaaac
      241 ctaacctttg caatgagaag ttcaggagat tatggagaag tagtgggagc ttggatagag
      301 tttgggtgtc ataggaataa atcaaaaatg cattctgcag caaggtttag aattagatgt
      361 agatggaatg taggggagaa tacctcactc attgatacat gtggagaaac tcaaaatgtt
      421 tcaggggcca aacctgtaga ttgtaccatg tatgcaaaca aaatgtataa ctgttcctta
      481 caaagtgggt ttactatgaa ggtagatgac cttattgtgc atttcaatat gacaaaagct
      541 gtagaaatgt ataacattgc tggaaattgg tcttgtacat ctgacttgcc acaagaatgg
      601 gggtatatga attgtaattg tacaaatggg acggaaagca ataatagtaa taaaatggca
      661 tgtcctagaa atcaaggc
                  env cds ->
```

FIVDU6

```
LOCUS       FIVDU6        672 bp ds-DNA             VRL       21-DEC-1992
DEFINITION  Feline immunodeficiency virus, isolate Dutch6, partial env cds.
ACCESSION   X69499
SOURCE      Feline immunodeficiency virus DNA, isolate Dutch6 from
            proviral DNA, cell line CRFK.
REFERENCE   1  (bases 1 to 672)
  AUTHORS   Rigby,M.A., Holmes,E.C., MacKay,N., Leigh Brown,A.J. and Neil,J.C.
  TITLE     Evolution of structural proteins of feline immunodeficiency virus
  JOURNAL   J. Gen. Virol. 74, 425-36 (1993)
COMMENT     From EMBL    entry FISURGLPF;  dated 07-DEC-1992.
            This isolate was taken from a pet cat in Amsterdam.
BASE COUNT      241 a      93 c     157 g     181 t
ORIGIN      1026 bp downstream of 5' end of env region
        1 atttcacaga ttcaagaccc tgaaattcca aaatgtggat ggtggaatca aatggcttat
 env cds ->
       61 tataacagtt gtagatggga acagactgat gtaaagtttc agtgtcaaag aacacatagt
      121 caacctgggt catggattag gacaatctca tcgtggaggc aaaggaatag atgggaatgg
      181 agaccagatg ttaaaaatga aagggtgaaa gtatctctac agtgtaatag cacaagaaat
      241 ctaacttttg caatgagaag ttcaggagat tatggcaaaa taacgggagc ttggatagag
      301 tttggctgtc ataggaataa atcaagactg cataatgcag caaggtttag aattagatgt
      361 agatggaatg aagggaataa taactcgctc attgatacat gtggaaccac aaaaaatgtt
      421 tcaggtgcaa atcctgtaga ttgtactatg tatgcaaata gaatgtataa ctgttcctta
      481 caagatgggt ttactataaa gatagatgac cttattatgc atttcaatat gacaaaagct
      541 gtggaaatgt ataacattgc tggaaattgg tcttgtatgt ctgacttacc aacaaactgg
      601 ggatatatga attgtaattg taccaatagt agcagtagcc ctgacaaaat ggaatgtcct
      661 gcgaaggacg gc
              env cds ->
```

```
LOCUS       FIVITM1       675 bp ds-DNA             VRL       21-DEC-1992
DEFINITION  Feline immunodeficiency virus, isolate ItalyM1, partial env cds.
ACCESSION   X69500
SOURCE      Feline immunodeficiency virus DNA, isolate ItalyM1 from
            proviral DNA taken from lymphnode.
REFERENCE   1  (bases 1 to 675)
  AUTHORS   Rigby,M.A., Holmes,E.C., MacKay,N., Leigh Brown,A.J. and Neil,J.C.
  TITLE     Evolution of structural proteins ofeline immunodeficiency virus
  JOURNAL   J. Gen. Virol. 74, 425-36 (1993)
COMMENT     From EMBL    entry FISURGLYG;  dated 07-DEC-1992.
            This isolate was taken from a pet cat in Pisa, Italy.
BASE COUNT      243 a     96 c    154 g    182 t
ORIGIN      1026 bp downstream of 5' end of env region
        1 acttcacaga ttcaaggccc tgagatacca aaatggggat ggtggaatca catagcctat
 env cds  ->
       61 tataacagtt gtagatggga aagcacagtt gtaaagtttc attgtcagag aacacagagt
      121 cagcctggat tatggcttag agcaatttcg tcagggaaac aaaggaatag atggggatgg
      181 agaccagatt ttgaaagtga aaaagtgaaa gtatctctac caggtaacac cacaaaaacc
      241 ctaacctttg caatcagaag ttcaggagat tatagaaaag taacagaagc ttggatagag
      301 tttggatgtc ataggaataa atcaaaactt catactgaag caaggtttag gattagatgt
      361 agatggaatg tagggggtga tacctccctc attgatacat gtggagaaac tcaaaatgtg
      421 tcaggtgcaa atcctgtaga ttgtactatg tatgcaaata gaatgtataa ttgttcctta
      481 caaaacgggt ttactatgaa ggtagatgat cttattatgc atttcaatat gacaaaagca
      541 gtagaaatgt ataacattgc tggaaattgg tcttgtaaat ctgatttgcc atcaacatgg
      601 gggtatatga attgtaattg tacaaatagt agtagtacac atagtgttaa aatggcacgt
      661 cctaaaaatc aaggc
                env cds ->
```

FIVITM2

```
LOCUS       FIVITM2       675 bp ds-DNA             VRL       21-DEC-1992
DEFINITION  Feline immunodeficiency virus, isolate ItalyM2, partial env cds.
ACCESSION   X69501
SOURCE      Feline immunodeficiency virus DNA, isolate ItalyM2 from
            proviral DNA taken from bone marrow.
REFERENCE   1  (bases 1 to 675)
  AUTHORS   Rigby,M.A., Holmes,E.C., MacKay,N., Leigh Brown,A.J. and Neil,J.C.
  TITLE     Evolution of structural proteins of feline immunodeficiency virus
  JOURNAL   J. Gen. Virol. 74, 425-36 (1993)
COMMENT     From EMBL    entry FISURGLPH;  dated 07-DEC-1992.
            This isolate was taken from a pet cat in Pisa, Italy.
BASE COUNT      247 a      96 c     153 g     179 t
ORIGIN      1026 bp downstream of 5' end of env region
        1 acttcacaga ttcaaggccc tgagatacca aaatgtggat ggtggaatca catagcctat
 env cds ->
       61 tataacagtt gtagatggga aagcacagtt gtaaagtttc attgtcagag aacacagagt
      121 cagcctggat tatggcttag agcaatttcg tcagggaaac aaaggaataa atggggatgg
      181 agaccagatt ttgaaagtga aaaagtgaaa gtaactctac caggtaacac cacaaaaacc
      241 ctaacgtttg caatcagaag ttcaggagat tatagaaaag aaacagaagc ttggatagag
      301 tttggatgtc ataggaataa atcaaaactt catactgaag caaggtttag gattagatgt
      361 agatggaatg taggggtga tacctcccac attgatacat gtggagaaac tcaaaatgtg
      421 tcaggtgcaa atcctgtaga ttgtactatg tatgtaaata gaatgtataa ttgttcctta
      481 caaaacgggt ttactatgaa ggtagatgat cttattatgc atttcaatat gacaaaagca
      541 gtagaaatgt ataacattgc tggaaattgg tcttgtaaat ctgatttgcc accaacatgg
      601 gggtatatga attgtaattg tacaaacagt agtagtacac atagtgttaa catggcaagt
      661 cctaaaaatc aaggc
                env cds ->
```

```
LOCUS       FIVITM3       678 bp ds-DNA             VRL       21-DEC-1992
DEFINITION  Feline immunodeficiency virus, isolate ItalyM3, partial env cds.
ACCESSION   X69502
SOURCE      Feline immunodeficiency virus DNA, isolate ItalyM3 from
            proviral DNA taken from fibroblast.
REFERENCE   1  (bases 1 to 678)
  AUTHORS   Rigby,M.A., Holmes,E.C., MacKay,N., Leigh Brown,A.J. and Neil,J.C.
  TITLE     Evolution of structural proteins of feline immunodeficiency virus
  JOURNAL   J. Gen. Virol. 74, 425-36 (1993)
COMMENT     From EMBL    entry FISURGLPI;  dated 07-DEC-1992.
            This isolate was taken from a pet cat in Pisa, Italy.
BASE COUNT      247 a      99 c     149 g     183 t
ORIGIN      1026 bp downstream of 5' end of env region
        1 acttcacaaa ttcaagaccc tgatatacca aaatgtggat ggtggaatca aatagcctat
 env cds ->
       61 tataacagtt gtagatggga agggacagat gtaaagtttc attgtcaaag accacagagt
      121 caccctggat catggcttag agtaatctcg tcatggaaac aaagaaatag atgggagtgg
      181 agaccagatt ttaaaagtaa aaaggtgaaa atatctctaa catccaatag cacaaaaaac
      241 ctaacctttc caatgagaag ttcaggagat tatggagaag taacgggagc ttggatagag
      301 tttggatgtc atagaaataa atcaaaactt catgatgaag caaggtttag aattagatgt
      361 agatggaatg tagggagtaa tacctcgctc attgatacat gtggaaacac tcaagatgtt
      421 tcaggtgcga atcctgtaga ttgtaccatg tattcaaata aaatgtataa ttgttcttta
      481 caaaacgggt ttactatgaa ggtagatgac cttattatgc attttaatat gacaaaagct
      541 gtagaaatgt ataacattgt tggaaattgg tcttgtacat cagacttgcc atcaacatgg
      601 gggtatatga agtgtaattg tacacacagc agtagaagga ctcgtggtac taaaatcgca
      661 tgtcctaaaa atcgaggc
                  env cds ->
```

FIVITM4

```
LOCUS       FIVITM4       678 bp ds-DNA             VRL       21-DEC-1992
DEFINITION  Feline immunodeficiency virus, partial env cds, isolate ItalyM4.
ACCESSION   X69503
SOURCE      Feline immunodeficiency virus DNA, isolate ItalyM4 from
            proviral DNA taken from fibroblast.
REFERENCE   1  (bases 1 to 678)
  AUTHORS   Rigby,M.A., Holmes,E.C., MacKay,N., Leigh Brown,A.J. and Neil,J.C.
  TITLE     Evolution of structural proteins of feline immunodeficiency virus
  JOURNAL   J. Gen. Virol. 74, 425-36 (1993)
COMMENT     From EMBL    entry FISURGLPJ;  dated 07-DEC-1992.
            This isolate was taken from a pet cat in Pisa, Italy.
BASE COUNT      249 a      98 c     148 g     183 t
ORIGIN      1026 bp upstream of 5' end of env region
        1 acttcacaaa ttcaagaccc tgaaatacca aaatgtggat ggtggaatca aatagcctat
 env cds ->
       61 tataacagtt gtagatggga aaggacagag gtaaagtttc attgtcaaag accacagagt
      121 cagcctggat catggcttag agtaatctcg tcatggaaac atagaaatag atgggaatgg
      181 agaccagatt ttaaaagtaa aaaggtgaaa atatctctaa catgcaatag cacaaaaacc
      241 ctaacctttc caatcagaag ttcaggagat tatggagaag taacgggagc ttggatagag
      301 tttggatgtc atagaaataa atcaaaactt catgatgaag caaggtttag aattagatgt
      361 agatggaatg tagggagtaa tacctctctc attgatacat gtggaaacac tcaagatgtt
      421 tcaggtgcga atcctgtaga ttgtaccatg tattcaaaca aaatgtataa ttgttcttta
      481 caaaacgggt ttactatgaa ggtagatgac cttattatgc attctaatat gacaaaagct
      541 gtagaaatgt ataacattgt tggaaattgg tcttgtagat cagacttgcc atcatcatgg
      601 gggtatatga agtgtaattg tacaaacagc agtagaagta ctcgtggtac taaaatcgca
      661 tgtactaaaa atcgaggc
                     env cds ->
```

```
LOCUS       FIVUK14       675 bp ds-DNA             VRL       21-DEC-1992
DEFINITION  Feline immunodeficiency virus, partial env cds, isolate UK14.
ACCESSION   X69497
SOURCE      Feline immunodeficiency virus DNA, isolate UK14 from
            proviral DNA, cell line F422
REFERENCE   1  (bases 1 to 675)
  AUTHORS   Rigby,M.A., Holmes,E.C., MacKay,N., Leigh Brown,A.J. and Neil,J.C.
  TITLE     Evolution of structural proteins of feline immunodeficiency virus
  JOURNAL   J. Gen. Virol. 74, 425-36 (1993)
COMMENT     From EMBL    entry FISURGLPD;  dated 07-DEC-1992.
            This isolate was taken from a pet cat in Colwyn Bay, Wales.
BASE COUNT      241 a     98 c    158 g    178 t
ORIGIN      1026 bp downstream of 5' end of env region
        1 acttcacaga ttcaagaccc tgatatacca aaatgtggat ggtggaatca aagggcctat
 env cds ->
       61 tataacagtt gtagatggga aagcacagat gtaaagtttc attgtcaaag aaaacagagt
      121 cagcctggat catggagtag agcaatctcg tcatggaaac aaaggaatag atgggaatgg
      181 agaccagatt ttgaaagtga aaaagtgaaa gtatctctac agtgtaatag cacaaaaaac
      241 ctaacctttg caatgagaag ttcaggagat tatggagaag taacgggagc ttggatagag
      301 tttggatgtc ataggaataa atcaaaactt catagtgaag ccaggtttag aattagatgt
      361 agatggaatg taggagataa tacctcactc attgatacat gtggagaaac tcaaaatgtt
      421 tctgatgcac atcctgtaga ttgtactatg tatgcaaata aaatgtataa ctgttcctta
      481 caaaacgggt ttactatgaa ggtagatgac cttcttatgc atttcaatat gacaaaagct
      541 gtagaaatgt ataacattgc tggaaattgg tcttgtacat ctgatttgcc accaacatgg
      601 gggtatatga attgtaattg tacaaatggg actgggacga ctgagaacca aatggcatgc
      661 cctggagatc atggc
                  env cds ->
```

FIVUK2

```
LOCUS       FIVUK2       2568 bp ds-DNA             VRL       21-DEC-1992
DEFINITION  Feline immunodeficiency virus, isolate UK2, env cds.
ACCESSION   X69494
SOURCE      Feline immunodeficiency virus DNA, isolate UK2 from
            proviral DNA, cell line F422.
REFERENCE   1  (bases 1 to 2568)
  AUTHORS   Rigby,M.A., Holmes,E.C., MacKay,N., Leigh Brown,A.J. and Neil,J.C.
  TITLE     Evolution of structural proteins of feline immunodeficiency virus
  JOURNAL   J. Gen. Virol. 74, 425 36 (1993)
COMMENT     From EMBL    entry FISURGLPA;  dated 07-DEC-1992.
            This isolate was taken from a pet cat in Perth, Scotland.
BASE COUNT      984 a    356 c    562 g    666 t
ORIGIN      5' end of env region
        1 ATGgcagaag ggtttgcagt caatagacaa tggatagggc cagaagaagc tgaagagtta
  env cds ->
       61 ttagattttg atatagcaac acaaatgaat gaagaagggc cactaaaccc aggaataaac
      121 ctatttaggg tacccggaat aacagaaaca gaaaagcaag agtattgtaa tatattacaa
      181 cccaaactac aagatctaag gaatgaaatt caggaggtaa aactggaaga aggaaatgca
      241 ggtaagttta gaagagcaag atttttaagg tattctgatg aaactatatt gtccctgatt
      301 catttgttca taggatattg tacatatttа tgcaaacgaa ataagttagg aacgttagta
      361 cataatatag atatagaagc acctcaagaa gagtgttata gtaatagaga gaggggtaca
      421 actgtcaata taaaatatag tagacgatgc tgcataggaa caacggcgtt gtacctgctt
      481 ctattgacag gaataataat atatacgcaa acaacccagg ctcaggtagt atggagactt
      541 ccaccattag tagtcccagt agaagaatca gaaataattt tttgggattg ttgggcacca
      601 gaggagcccg cctgtcaaga ctttcttggg gcaatgatat atctaaaagc tagtacaaat
      661 ataagtatac aagagggacc taccttaggg aattgggcta gagaaatatg gggaacatta
      721 ttcaaaaagg ctaccagaca atgtagaaga ggtagaatat ggagaagatg gaatgagact
      781 ataacaggac catcagggtg cgcaaataac acatgttata atatctcagt aatagtacct
      841 gattatcaat gttatctaga cagagtagat acttggttac aagggaaagt aaatatatca
      901 ttatgtctaa cgaagaggaaa aatgttgtat aataaagata caaaacaatt aagctattgt
      961 acagacccat tacaaatccc actgatcaat tatacatttg gacctaatca aacatgtatg
     1021 tggaacactt cacaaattca agactctgat ataccaaaat gtggatggtg gaatcaaata
     1081 gcctattata acagttgtag gtgggaacaa acagatgtaa agtttcattg tcaaagaaca
     1141 cagagtcagc ctggaacatg gcttagaaca atctcgtcat ggaaacaaaa gaatagatgg
     1201 gaatggagac cagattttga aagtgaaaaa gtgagagtat ctctacagtg taataccaca
     1261 aaaaacctaa cctttgcaat gagaagttca ggagattatg gagaagtaac gggagcttgg
     1321 atagagtttg gatgtcatag gaacaaatca aaactccatt cagatgcaag gtttagaatt
     1381 agatgtagat ggaatgtagg ggataataca tcactcattg atacatgtgg aaatgatcca
     1441 aatgtctcag gtgcaaatcc tgtagattgt accatgtatg caaataqaat gtataactgt
     1501 tccttacaaa atgggtttac tatgaaggta gatgatctta ttatgcattt caatatgaca
     1561 aaagctgtag aaatgtataa cattgctgga aattggtctt gtacatctga cttaccatca
     1621 acatgggggt atatgaattg taattgcacc aatagtagta gtactgatag taataaaatg
     1681 gcatgtccaa aaagacaagg catcttaaga aattggtata acccagtagc aggattaaga
     1741 caatccttag aaaagtatca agttgtaaaa caaccagatt acttggtggt accaagggaa
     1801 gtcatggaat ataaacctag aaggaaaagg gcagccattc atgttatgtt agctcttgca
     1861 acagtattat ctatggccgg agcagggacg ggggctaccg ctatagggat ggtaacacaa
     1921 tatcaccaag ttctggcaac tcatcaagaa actatagaaa agataactga agccttaaag
     1981 gtaaacaact taagattagt tacattagag catcaggtac tagtaatagg attaaaagta
     2041 gaagctatag aaaaattttt atatacagct tttgctatgc aagaattagg atgtaatcaa
     2101 aatcaattct tctgtaaagt ccctcctgag ttgtggcaaa ggtataatat gactataaat
     2161 caaacaatat ggaatcatgg aaatataact ttaggggaat ggtataacca aacaaaagat
     2221 ttacaacaaa agttttatga aataataatg gacatggaac aaaataatgt acaagggaga
     2281 aaggggttac aacaattaca agagtgggaa gattgggtag gatggttagg aaatattcca
     2341 cgctatttaa agggactatt gggaggtatc ttgggaatag gattaggagt gttattattg
     2401 atcttatgct tacctacttt agttgattgt attagaaatt gtattaggagt agttttagga
     2461 tacacagtaa tcgctatgcc tgaagtagaa gaagaagaaa tacaaccacc aatggaattg
     2521 aggagaaatg gtaggcaatg tgacatgtct gaaaaagagg aggaaTGA
                                                        <- env cds end
```

```
LOCUS       FIVUK5        432 bp ds-DNA             VRL       21-DEC-1992
DEFINITION  Feline immunodeficiency virus, isolate UK5, partial env cds.
ACCESSION   X69495
SOURCE      Feline immunodeficiency virus DNA, isolate UK5 from
            proviral DNA, cell line F422.
REFERENCE   1  (bases 1 to 432)
  AUTHORS   Rigby,M.A., Holmes,E.C   MacKay,N., Leigh Brown,A.J. and Neil,J.C.
  TITLE     Evolution of structura   oteins of feline immunodeficiency virus
  JOURNAL   J. Gen. Virol. 74, 425-36 (1993)
COMMENT     From EMBL    entry FISURGLPB;  dated 07-DEC-1992.
            This isolate was taken from a pet cat in London, England.
BASE COUNT      163 a     60 c    103 g    106 t
ORIGIN      1026 bp downstream of 5' end of env region
        1 acttcacaaa ttcaggaccc tgaaatacca aaatgtggat ggtggaatca aatagcctat
 env cds ->
       61 tataacagtt gtaaatggga agaggcaaag gtaaagtttc attgtcaaag aacacagagt
      121 cagcctggat catggcttag agtaatctcg tcatggaaac aaagaaatag atgggagtgg
      181 agaccagatt ttaaaagtga aaaggtaaaa atatctcttc agtgcaatag cacaaaaaac
      241 ctaacctttg caatgagaag ttcaggagat tatggagaag taacgggagc ttggatagag
      301 tttggatgtc atagaaataa atcaaacctt catgatgaag caaggtttag aattagatgt
      361 agatggaatg tagggagtaa tacctcgctc attgatacat gtggaaacac tcaagatgtt
      421 tcaggtgcga at
              env cds ->
```

FIVUK8

```
LOCUS       FIVUK8          2518 bp ds DNA              VRL       21 DEC 1992
DEFINITION  Feline immunodeficiency virus, isolate UK8, env cds.
ACCESSION   X69496
SOURCE      Feline immunodeficiency virus DNA, isolate UK8 from proviral
            DNA, cell line F422.
REFERENCE   1  (bases 1 to 2518)
  AUTHORS   Rigby,M.A., Holmes,E.C., MacKay,N., Leigh Brown,A.J. and Neil,J.C.
  TITLE     Evolution of structural proteins of feline immunodeficiency virus
  JOURNAL   J. Gen. Virol. 74, 425-36 (1993)
COMMENT     From EMBL    entry FIVURGLPC;  dated 07 DEC 1992.
            This isolate was taken from a pet cat in Portsmouth, England.
BASE COUNT      954 a    338 c    555 g    671 t
ORIGIN      35 bp upstream of env region
        1 tgaagaatta ttagattttg atatagcaac acaaATGaat gaagaagggc cactaaatcc
                                        env cds -->
       61 aggaataaac ccatttaggg tacctggaat aacagaaaca gaaaagcaag actattgtaa
      121 catgttacaa cccaagttac aagctctaag gaatgaaatt caagaggtaa aactggaaga
      181 aggaaatgca ggtaagttta gaagagcaag atttttaagg tattctgatg aaactatatt
      241 gtccctgatt catttgttca taggatattg tacatactta ttaaatagaa aagagttagg
      301 atccttaaga catgacatag atatagaagc acctcaggag gagtgttata gcagtagaga
      361 gcagagtata actgacaata taaaatatgg taaacgatgc tttataggaa cagcaggtct
      421 gtacttgctt ctatttatag gagtaggaat atatttggga acagccaaag ctcaggtagt
      481 atggagactt ccaccattag tagtcccagt agaagaatca gaaataattt tttgggattg
      541 ttgggcacca gaggaacccg cctgtcagga ctttcttggg gcaatgatac atctaaaagc
      601 tagtacaaat ataagtatac aagagggacc taccttgggg aattgggcta aagaaatatg
      661 gggaacatta tttaaaaagg ctaccagaca atgtagaaga ggtagaatat ggaaaagatg
      721 gaatgagact atatcaggac cattagggtg tgctaataac acatgttata atatctcagt
      781 aatagtacct gattatcaat gttatttaga cagagtagat acttggttac aagggaaagt
      841 aaatgtatca ttatgtctaa caggaggaaa aatattgtat aataaatata caaaacaatt
      901 aagctattgt acagacccat tacaaatccc actgatcagt tatacgttta gacctaatca
      961 aacatgtatg tgggacactt cacagattca agaccctgag ataccaaaat gtggatggtg
     1021 gaatcaaata gcctattata acagttgtag atgggaaagc acagatgtaa agtttcattg
     1081 tcagagaaca cagagtcagc ctggattatg gcttagagca atttcgtcat ggaaacaaag
     1141 gaatagattg gaatggagac cagattttga aagtgaaaaa gcgaaagtat ctctacagtg
     1201 taatagcaca aaaaacctaa cctttgcaat gagaagttca ggagattatg gagaagtaac
     1261 gggagcttgg atagagtttg gatgtcatag gaataaatca aaacttcata ctgaagcaag
     1321 gtttaggatt agatgtagat ggaatgtagg ggataatacc tcctcattg atacatgtgg
     1381 agaaactcaa aatgtgtcag gtgcaaatcc tgtagattgt actatgtatg caaatagaat
     1441 gtataattgt tccttacaaa acgggtttac tatgaaggta gatgaccttа ttatgcattt
     1501 caatatgaca aaagctgtag aaatgtatga cattgctgga aattggtctt gtacatctga
     1561 cttgccacca acatgggggt atatgaattg taattgtaca aatagtagta gtacaaatag
     1621 tgttaaaatg gcatgtccta aaaatcaagg catcttaaga aattggtata acccccgtagc
     1681 aggattaaga caatccttag aaaagtatca agttgtaaaa caaccagatt acttagtggt
     1741 accagggaaa gtcatggaat ataagccgag aagaaaaagg gcagctattc atgttatgtt
     1801 agctcttgca acagtattat ctatggccgg tgcagggacg gggctactg ctataggaat
     1861 ggtaacacaa tatcaccaag ttctggcaac tcatcaagaa actatagaaa aggtgactga
     1921 agccttaaag ataaacaact taagattagt tacattagag catcaagtac tagtaatagg
     1981 attaaaagta gaagctatgg aaaaattttt atatacagct ttcgctatgc aagaattagg
     2041 atgtaatcaa aatcaattct tctgtaaagt cgctcctgag ttgtggaaga ggtataatat
     2101 gactataaat caaacaatat ggaaccatgg aaatataact ttgggggaat ggtataacca
     2161 aacaaaaaga ttacaacaaa agttttatga aataataatg aacatagaac aaaataatgt
     2221 acaagtgaaa aaagggttac aacaattaca agaatgggaa gattgggtgg gatggatagg
     2281 aaatattcca caatacttaa aaggactctt ggggaggcatt ttgggaatag gaataggagt
     2341 tttattgtta attttatgtt tacccacttt agttgactgt attagaaact gtattagtaa
     2401 agttttagga tatactgtaa tcgcaatgcc tgagataggt gatgaagaag aaacggtaca
     2461 aatggaattg aggaaaaatg gtaggcaatg tggcatgtct gaaaaagagg aggaaTGA
                                                          <-- env cds
                                                              end
```

```
LOCUS       FIVMD          716 bp ds-DNA             VRL       28-SEP-1992
DEFINITION  Feline immunodeficiency virus, isolate FIV-MD, partial pol cds.
ACCESSION   M95472
SOURCE      Feline immunodeficiency virus blood DNA, isolate FIV-MD.
REFERENCE   1  (bases 1 to 716)
  AUTHORS   Olmsted,R.A., Langley,R.J., Roelke,M.E., Goeken,R.M.,
            Adger-Johnson,D., Goff,J.P., Albert,J.P., Packer,C.,
            Laurenson,M.K., Caro,T.M., Scheepers,L., Wildt,D.E., Bush,M.,
            Martenson,J.S. and O'Brien,S.J.
  TITLE     Worldwide prevalence of lentivirus infection in wild feline
            species: Epidemiologic and phylogenetic aspects
  JOURNAL   J. Virol. 66, 6008-6018 (1992)
COMMENT     This isolate is from a 2-year old male cat in Mt. Airy, Maryland.
BASE COUNT      274 a    115 c    145 g    182 t
ORIGIN      500 bp downstream of 5' end of pol region
        1 cagtggccgt tatcaaatga aaaaattgaa gctttaacag acatagtaga aagattagaa
 pol cds ->
       61 tcagaaggaa aagtgaaaag agctgacccg aataatcctt ggaatacccc agtattcgct
      121 attaggaaga agggtggtaa atggaggatg ctcatagatt ttagggtctt aaacaaatta
      181 acagacaaag gggcagaagt ccagttagga cttcctcatc ctgctggatt aaaaataaga
      241 aagcaagtca ctgtgttaga tataggagat gcatatttta ctattccctt ggatccagat
      301 tatgctccct atactgcatt tacattacct agaaagaata atgcagggcc agggaggaga
      361 tatgtatggt gcagtttacc acaagggtgg gttctaagcc cattaatata tcagagtacc
      421 ttagacaata tattacagcc atttattaaa caaaatcctg agttagatat ttatcaatat
      481 atggatgata tatatatagg atcaaattta agtaaaagag aacacaaaca gaaggtagag
      541 gaactcagaa aactgttatt atggtgggga tttgaaaccc cagaagacaa attacaagaa
      601 gaacctccat ataaatggat gggctatgaa ttacatccct taacatggtc tatacagcaa
      661 aaacagttag aaatccccga aagacctaca ttaaatgagt tgcaaaaatt agcacc
                                                                pol cds ->
```

FIVTM1

```
LOCUS       FIVTM1        361 bp ss-RNA             VRL       22-APR-1991
DEFINITION  Feline immunodeficiency virus (FIV), long terminal repeat region,
            partial sequence, strain TM-1 from Japan.
ACCESSION   M64040
SOURCE      Feline immunodeficiency virus viral RNA, strain TM-1,
            clone pFTM191
REFERENCE   1  (bases 1 to 361)
  AUTHORS   Miyazawa,T., Fukasawa,M., Hasegawa,A., Maki,N., Ikuta,K.,
            Takahashi,E., Hayami,M. and Mikami,T.
  TITLE     Molecular cloning of a novel isolate of feline immunodeficiency
            virus biologically and genetically different from the original U.
            S. isolate
  JOURNAL   J. Virol. 65, 1572-1577 (1991)
COMMENT     This infectious clone shows 82% sequence homology with the
            Petaluma strain (FIV14).
BASE COUNT      104 a     71 c     87 g     99 t
ORIGIN
        1 tgggaagatt attgggatcc tgaagaaata gagaaaatgc tgatggactg agggcgtaca
     LTR ->
     U3 ->
       61 taaacaagtg acagatggaa aacagctgaa tatgagtcag agttaaatgc tagcagctgc
      121 ttaaccgcaa aaccacatcc tatgtaaagc ttgccgatga cgtgtatctt gctccattgt
      181 aagagtatat aaccagtgtt ttttaaagct tcgaggagtc tctctgttga gggctttcga
                                          <- U3 region end
                                    R region ->
      241 gttctccctt gaggctccca cagatacaat aaaaaattga gttttgagat tgaaccctgt
                                                                  <- R end
                                                        U5 region ->
      301 cgtgtatctg tgtaatttct cttacctgcg aatccctgga gtccgggcca gggacctcgc
      361 a
      LTR ->
       U5 ->
```

```
LOCUS       FIVUT113     2571 bp ss-RNA             VRL       26-AUG-1992
DEFINITION  Feline immunodeficiency virus, isolate FIV-UT113, env cds.
ACCESSION   X60725
SOURCE      Feline immunodeficiency virus from feline thymocyte cell line,
            isolate FIV-UT113.
REFERENCE   1  (bases 1 to 2571)
  AUTHORS   Verschoor,E.J., Hulskotte,E., Ederveen,J., Koolen,M.J.,
            Horzinek,M.C. and Rottier,P.J.
  TITLE     Post-translational signal cleavage of the feline immunodeficiency
            virus envelope precursor protein
  JOURNAL   Virology 193, 433-438 (1993)
COMMENT     This isolate was obtained from a cat in the Netherlands.
BASE COUNT     1003 a    344 c    565 g    659 t
ORIGIN      5' end of env region
        1 ATGgcagaag ggtttgtagc caatggacaa tggataggac cagaagaagc tgaagagtta
  env cds ->
   begin
       61 gtagattttg aaatagcaac acaaatgaat gaagaagggc cactaaatcc aggaataaac
      121 ccatttaggg tacctggaat aacaaaacaa gaaaagcagg aatattgtag cacaatgcaa
      181 cccaaattac aagctctaag gaatgaaatt caagaggtaa aactggaaga aggaaatgca
      241 ggtaagttta gaagagcaag atttttaaga tactctgatg aaactatatt gtctctgatt
      301 tacttgttca taggatattt tagatattta gtagatagaa aaaggtttgg gtccttaaga
      361 catgacatag atatagaagc acctcaagaa gagtgttata ataataaaga gaagggtatg
      421 actgaaaata taaaatatgg taaacgatgc ttagtaggaa cagcagcttt gtacttgatt
      481 ctagctatag gaataataat aataatacgg acaaccgatg ctcaggtagt gtggagactt
      541 ccaccattag tagtcccagt agaagaatca gaaataattt tttgggattg ttgggcacca
      601 gaggaacccg cctgtcagga ctttcttggg gcaatgatac atctaaaagc tagtacaaat
      661 ataagtaata cagagggacc taccttgggg aattgggcta gagaaatatg ggcaacatta
      721 ttcaaaaagg ctaccagaca atgtagaaga ggtagaatat ggaaaagatg gaatgagaca
      781 ataacaggac caataggatg tgccaataac acatgttaca atatctcagt gatagtacct
      841 gattatcaat gttacataga cagagtagat acttggttac aaggaaaagt aaatatatca
      901 ctatgcttaa caggaggaaa aatgttgtat aataaagaaa caaaacaatt aagctattgt
      961 acagacccat tacaaatccc actaatcaat tatacgtttg gacctaatca aacatgtatg
     1021 tggaacattt cacaaattca agaccctgaa attccaaaat gtggatggtg gaatcaacaa
     1081 gcttattata acaattgtaa atgggagcgg actgatgtaa agtttcagtg tcaaagaaca
     1141 cagagtcagc ctgggtcatg gattagggca atctcgtcgt ggaagcaagg gaatagatgg
     1201 gaatggagac cagattttga aagtgaaagg gtgaaagtat cgctacaatg taatagcaca
     1261 agaaatctaa cctttgcaat gagaagttca ggagattatg gcgaaataac gggagcttgg
     1321 atagagtttg gatgtcatag gaataaatca atacgtcata atgcagcaag gtttagaatt
     1381 agatgtagat ggaatgaagg ggataataac tcactcattg atacatgtgg agaaacgcaa
     1441 aatgtttcag gtgcaaatcc tgtagattgt accatgtatg caaataaaat gtataattgt
     1501 tccttacaag atgggtttac tatgaaggta gatgacctta ttatgcattt caatatgaca
     1561 aaagctgtag aaatgtataa cattgctgga aattggtctt gtatgtctga cttaccaaca
     1621 gaatggggat atatgaattg taattgtacc aatgacacct ctaataataa cactagaaaa
     1681 atgaaatgtc ctaaggaaaa tggcatctta agaaattggt ataacccagt agcaggatta
     1741 agacaatcct tagaaaagta tcaagttgta aaacaaccag attacttact ggtaccagag
     1801 gaagtcatgg aatataaacc tagaagaaaa agagcagcta ttcatgttat gttagctctt
     1861 gcaacagtat tatctatggc tggagcaggg acgggagcta ctgctatagg gatggtaaca
     1921 caatatcatc aagttctggc aactcagcaa gaagctatag aaaaggtgac tgaagcctta
     1981 aagataacta acttaagatt agttacatta gagcatcaag tattagtaat aggattaaaa
     2041 gtagaagcta tggaaaaatt tttatataca gctttcgcta tgcaagaact aggatgtaat
     2101 caaaatcaat tcttctgtaa agtccctcct gaattatgga ggaggtataa tatgactata
     2161 aatcaaacaa tatggaatca tggaaatata actttaggag aatggtataa ccaaacaaaa
     2221 gatctacaaa aaaagtttta tgggataata atggatatag agcaaaataa tgtacaaggg
     2281 aaaaaagggt tacaacaatt acaaaagtgg gaagattggg taggatggat aggaaatata
     2341 ccacaatatt taaaaggatt attaggaagt atcgtaggaa taggattggg aatcttatta
     2401 ttgatcttat gtttacctac attggttgat tgtataagaa attgtatcca caagatacta
     2461 ggatacacag taattgcaat gcctgaagta gacggagaag agatacaacc acaaatggaa
     2521 ttgaggagaa atggtaggca atgtggcatg tcagaaaaag aggaggaaTG A
                                                          <- env cds end
```

FIVWO1

```
LOCUS       FIVWO1       1350 bp ds-DNA             VRL       02-APR-1993
DEFINITION  Feline immunodeficiency virus, isolate Wo, partial gag cds.
ACCESSION   L06136
SEGMENT     1 of 2
SOURCE      Feline immunodeficiency virus, isolate Wo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1350)
  AUTHORS   Pancino,G., Fossati,I., Chappey,C., Castelot,S., Hurtrel,B.,
            Moraillon,A., Klatzmann,D. and Sonigo,P.
  TITLE     Structure and variations of feline immunodeficiency virus envelope
            glycoproteins
  JOURNAL   Virology 192, 659-662 (1993)
COMMENT     This isolate was obtained from a cat in France.
BASE COUNT      481 a    231 c    330 g    308 t
ORIGIN      5' end of gag cds
        1 ATGgggaacg gacaggggcg agattggaaa atggccatta agagatgcag taatggtgct
  gag cds ->
       61 gtaggagtag gggggaagag taaaaaattt ggagaaggga atttcagatg ggccatcaga
      121 atggctaacg tatctacagg acgagaacct ggtgatatac cagagacttt agatcaacta
      181 aggttggtta tttgcgattt acaagagaga agagaaaaat ttggatctag taaagaaatt
      241 gacatggcaa ttgctgcatt aaaagtcttt gcagtagtgg gacttttaaa tatgacagtg
      301 tctactgctg ctgcagctga aaatatgtat actcagatgg gtttagacac cagaccatct
      361 acaaaagagg caggaggaaa agaggaaggc cctccacagg catatcctat tcaaacagta
      421 aatggaacaa cacaatatgt agcacttgac ccaaaaatgg tgtccatttt tatggaaaag
      481 gcaagagaag gattaggagg tgaggaagtt caattatggt ttacagcctt ctctgcaaat
      541 ttaacaccta ctgacatggc cacattaata atggctcgac cagggtgcgc tgcagataaa
      601 gaaatattgg atgaaagctt aaagcaatta acagcagaat atgatcgcac gcatcccccc
      661 gatggtccta gaccattacc ctattttact gcagcagaaa tcatgggtat aggattaact
      721 caagaacaac aagcagaagc aagatttgca ccagctagga tgcagtgtag agcatggtat
      781 ctcgaggcat taggaaaatt ggctgccata aaagctaaat ctcctcgagc tgtgcagtta
      841 agacaaggag ccaaagaaga ttattcatcc tttatagata gattgtttgc ccaaatagat
      901 caagaacaaa atacagctga agttaagtta tatctaaaac agtcattaag catagctaat
      961 gctaatgcag actgcaaaaa ggcaatgagt catcttaagc cagaaagtac cctagaagaa
     1021 aagttgagag cttgtcaaga gataggattc ccaggatata agatgcagct cttagcagaa
     1081 gcccttacaa aagttcaagt agtacaatca aaaggaccag gaccagtgtg ttttaattgt
     1141 aaaagaccag ggcatctagc aagacagtgc agagatgtga aaaaatgtaa taaatgcgga
     1201 aagcctggtc atttagctgc caaatgttgg caaggtggta aaaagaattc gggaaactgg
     1261 aaggcgggac gagctgcagc cccagtgaat caagtgcagc aagcagtaat gccatctgca
     1321 cctccaatgg aggagaaact attggatttg
                                gag cds ->
```

```
LOCUS       FIVWO2       2570 bp ds-DNA             VRL       02-APR-1993
DEFINITION  Feline immunodeficiency virus, isolate Wo, clone KSe, env cds.
ACCESSION   L06135
SEGMENT     2 of 2
SOURCE      Feline immunodeficiency virus, isolate Wo, clone KSe.
REFERENCE   1  (bases 1 to 2570)
  AUTHORS   Pancino,G., Fossati,I., Chappey,C., Castelot,S., Hurtrel,B.,
            Moraillon,A., Klatzmann,D. and Sonigo,P.
  TITLE     Structure and variations of feline immunodefieciency virus envelope
            glycoproteins
  JOURNAL   Virology 192, 659-662 (1993)
COMMENT     This isolate was obtained from a cat in France.
BASE COUNT      989 a    355 c    570 g    656 t
ORIGIN      beginning envelope region cds
        1 ATGgcagaag ggtttgcagc taatagacaa tggatagggc cagaagaagc tgaagagcta
  env cds ->
       61 ttagattttg atatagcaat acaaatgaat gaagaagggc cactaaatcc aggagtaaac
      121 ccatttaggg tacctggaat aacagaagca gaaaagcaag aatattgtaa catattacaa
      181 cccaagttac aagatctaaa ggggaaaatt caagaggtaa aactggaaga aggaaatgca
      241 ggtaagttta gaagagcaag atttttaaga tactctgatg aaacagtatt gtccctaatt
      301 cacttgttca taggatattg tccacattta tgcagacgac atgaattagg atctttaaga
      361 catgacatag atatagaagc acttcaagaa gagcgttata atgatagaga gaagggaata
      421 actgacaata taaaatatgg taaacgatgc ttaataggaa cagcggtttt gtacctgctt
      481 ctatctttgg gaataataat acatacatgc aaggctcagg tagtatggag acttccacca
      541 ttagtagtcc cagtagaaga atcagaaata atttttgggg attgttgggc accagaggaa
      601 cccgcctgtc aggactttct tggggcaatg atacatctaa aagctagtac aaatataagt
      661 atacaagagg gacctaccct ggggaattgg gctagagaaa tatggggaac attattcaaa
      721 aaggctacca gacaatgtag aagaggtaga atatggagaa gatggaatga aactataaca
      781 ggaccgttag gatgtgctaa taatacatgt tataatatct cagtaatagt acctgattat
      841 caatgttatc tagatagagt agatacttgg ttacaaggga aagtaaatat atcattatgt
      901 ctaacaggag gaaaaatgtt atataataaa gagacaaaac aattaagcta ttgtacagac
      961 ccattacaaa tcccactgat caattataca tttggaccta atcaaacatg tatgtggaac
     1021 acttcacaga tccaagaccc tgagatacca aaatgtggat ggtggaatca aaacgcctat
     1081 tataatagtt gtagatggga acacacagat gtacagtttc aatgtcaaag gacacaaagt
     1141 caaccaggat catggattag agcaatctcg tcatggaaac aaaggaatag atgggaatgg
     1201 agaccagact ttgaaagtga aaaagtaaaa gtatctctac agtgtaatag cacaaaaaac
     1261 ctaacctttg caatgagaag ttcaggagat tatggagaag taacaggagc ttggatagag
     1321 tttggatgtc ataggacaaa atcaaaatat catactgaag caaggtttag aattagatgt
     1381 agatggaatg taggggataa tacctcactc attgatacat gtggggaaac tcaaaatgtt
     1441 tcaagagcaa atcctgtaga ttgtaccatg tatgcaaata gaatgtataa ctgttcctta
     1501 caaaacgggt ttactatgaa ggtagatgac cttatcatgc attttaataa gacaaaagct
     1561 gtagagatgt ataacattgc tggaaattgg tcttgtaaat ctgacttgcc accaacatgg
     1621 gggtatatga attgtaattg tacaaatagt acaaatagtg gtactggtat aaggatggca
     1681 tgtcccagaa atcaaggcat cttaagaaat tggtataacc cagtagcagg attaagacaa
     1741 tccttagaaa agtatcaagt tgtaaaacaa ccagattatt tagtggtacc aggggaagtc
     1801 atggaatata aacctagaag gaaaagagca gctattcatg ttatgttagc tcttgcaaca
     1861 gtattatcta tggctggagc agggacgggg gctactgcta tagggatggt aacacaatat
     1921 caacaagtgc tggcaactca tcaagaagct atagaaaagg tgactgaagc cttaaagata
     1981 aacaacttaa gattagttac attagagcat caagtactag taataggatt aaaagtagaa
     2041 gctatggaaa aatttttata tacagctttc gctatgcaag aattaggatg taatcaaaat
     2101 caattcttct gtaaagtccc ttctgcattg tgggaacggt ataatatgac tataaatcaa
     2161 acaatatgga atcatggaaa tataactttg ggggaatggt ataaccaaac aaaagattta
     2221 caacaaaggt tttatgaaat aataatggac atagaacaaa ataatgtaca agggaaaaaa
     2281 gggctacaac aactccagga gtgggaagat tgggtaggat ggataggaaa tattccacaa
     2341 tatttaaagg gactattggg aggtatcttg ggaataggat taggaatgtt attattgatc
     2401 ttatgtttac ctacattggt tgattgtata agaaattgta tccacaagat actgggatac
     2461 acagtaattg caatgcctga agtagaagaa gaagaaatac aaccacaaat ggaattgagg
     2521 agaaatggta ggcaatgtgg catgtctgaa aaagaggagg aaTGAtgaag
                                                          <- end env cds
```

FIVZ1

```
LOCUS       FIVZ1        9485 bp
DEFINITION  Feline immunodeficiency virus, strain Z1, complete genome.
ACCESSION   X57002
SOURCE      Feline immunodeficiency virus RNA, strain Z1.
REFERENCE   1  (bases 1 to 9485)
  AUTHORS   Bishop,D.H.
  JOURNAL   Unpublished (1990)
REFERENCE   2  (sites)
  AUTHORS   Morikawa,S., Lutz,H. and Bishop,D.H.
  TITLE     Identification of conserved and variable regions in the envelope
            glycoprotein sequences of two feline immunodeficiency viruses
            isolated in Zurich, Swizerland
  JOURNAL   Virus Res. 21,53-63 (1991)
COMMENT     This isolate is from a cat in Zurich, Switzerland.
            See also related sequences FIVZ21 <X57000> and FIVZ22 <X57001>.
BASE COUNT     3572 a   1376 c   2117 g   2420 t
ORIGIN
        1 tgggatgagt attggaaccc tgaagaaata gaaagaatgc ttatggacta gggactgttt
   3' LTR ->
       61 acgaacaaat gataaaagga aatagctgag catgactcat agttaaagcg ctagcagctg
      121 cttaaccgca aaaccacatc ctatgtaaag cttgctaatg ctaatgacgt ataagttgtt
      181 ccattgtaag agtatataac cagtgctttg tgaaacttcg aggagtctct ttgttgagga
      241 cttttgagtt ctcccttgag gctcccacag atacaataaa tatttgagat tgaaccctgt
      301 cgagtatctg tgtaatcttt tttacctgtg aggtctcgga atccgggccg agaacttcgc
      361 agttggcgcc cgaacaggac ttgattgaga gtgattgagg aagtgaagct agagcaatag
      421 aaagctgtta agcagaactc ctgctgacct aaatagggaa gcagttcgag acgctgctaa
      481 cagtgagtat ctctagtgaa gcagactcga gctcataatc aagtcattgt ttaaaggccc
      541 agataaattt catctggtga ctcttcgcgg accttcaagc caggagattc gccgagggac
      601 agtcaacaag gtaggagaga ttctacagca acATGgggaa tggacagggg cgagattgga
                                gag cds start ->
      661 aaatggccat taagagatgt agtaatgttg ctgtaggagt agggggggaag agtaaaaaat
      721 ttggagaagg gaatttcaga tgggccatta gaatggctaa tgtatctaca ggacgagaac
      781 ctggtgatat accagagact ttagatcaac taaggttggt tatttgcgat ttacaagaaa
      841 gaagagaaaa atttggatct agcaaagaaa ttgatatggc aattgtgaca ttaaaagtct
      901 ttgcagtagc aggactttta aatatgacgg tgtctactgc tgctgcagct gaaaatatgt
      961 attctcaaat gggattagac actaggccat ctatgaaaga agcaggtgga aaagaggaag
     1021 gccctccaca ggcatatcct attcaaacag taaatggagt accacaatat gtagcacttg
     1081 acccaaaaat ggtgtccatt tttatggaaa aggcaagaga aggactagga ggtgaggaag
     1141 ttcaactatg gtttactgcc ttctctgcaa atttaacacc tactgacatg gccacattaa
     1201 taatggccgc accagggtgc gctgcagata aagaaatatt ggatgaaagc ttaaagcaat
     1261 tgacagcaga atatgatcgc acacatcccc ctgatgctcc cagaccatta ccctatttta
     1321 ctgcagcaga aattatgggt ataggattaa ctcaagaaca acaagcagaa gcaagatttg
     1381 caccagctag gatgcagtgt agagcatggt atctcgaggc attaggaaaa ttggctgcca
     1441 taaaagctaa gtctcctcga gctgtgcagt taagacaagg agctaaggaa gattattcat
     1501 cctttataga cagattgttt gcccaaatag atcaagaaca aaatacagct gaagttaagt
     1561 tatatttaaa acagtcatta agcatagcta atgctaatgc agactgtaaa aaggcaatga
     1621 gccaccttaa gccagaaagt accctagaag aaaagttgag agcttgtcaa gaaataggct
     1681 caccaggata taaaatgcaa ctcttggcag aagctcttac aaaagttcaa gtagtgcaat
     1741 caaaaggatc aggaccagtg tgttttaatt gtaaaaaacc aggacatcta gcaagacaat
     1801 gtagagaagt gaaaaaatgt aataaatgtg gaaaacctgg tcatctagct gccaaatgtt
     1861 ggcaaggaaa TAGaaagaat tcgggaaact ggaaggcggg gcgagctgca gccccagtga
          pol orf start ->
    (NH2 terminus uncertain)
     1921 atcaagtgca gcaagcagta atgccatctg cacctccaat ggaggagaaa ctattggatt
     1981 tgTAAattat aataaagtag gtactactac aacattagaa aagaggccag aaatacttat
             <- gag cds end
     2041 atttgtaaat ggatatccta taaaattttt attagacaca ggagcagata taacaatttt
     2101 aaataggaga gattttcaag taaaaaattc tatagaaaat ggaaggcaaa atatgattgg
     2161 agtaggagga ggaaagagag gaacaaatta tattaatgta catttagaga ttagagatga
     2221 aaattataag acacaatgta tatttggtaa tgtttgtgtc ttagaagata actcattaat
     2281 acaaccatta ttggggagag ataatatgat taaattcaat attaggttag taatggctca
     2341 aatttctgat aagattccag tagtaaaagt aaaaatgaag gatcctaata aaggacctca
     2401 aataaaacaa tggccattaa caaatgaaaa aattgaagcc ttaacagaaa tagtagaaag
     2461 actagaaaga gaagggaaag taaaaagagc agatccaaat aatccatgga atacaccagt
```

```
2521 atttgctata aaaaagaaaa gtggaaaatg gagaatgctc atagatttta gagaattaaa
2581 caaactaact gagaaaggag cagaggtcca gttgggacta cctcatcctg ctggtttaca
2641 aataaaaaaa caagtaacag tattagatat aggggatgca tatttcacca ttcctcttga
2701 tccagattat tctccttata cagcatttac tttacctagg aaaaataatg cgggaccagg
2761 aaggagattt gtgtggtgta gtctaccaca aggctggatt ttaagtccat tgatatatca
2821 aagtacatta gataatataa tacaaccttt tattagacaa aatcctcaat tagatattta
2881 ccaatatatg gatgacattt atataggatc aaatttaagt aaaaaggagc ataaagaaaa
2941 ggtagaagaa ttaagaaaat tactattatg gtggggattt gaaactccag aagataaatt
3001 acaggaagaa cccccatata catggatggg ttatgaatta catccattaa catggacaat
3061 acaacagaaa cagttagaca ttccagaaca gcccactcta aatgagttgc aaaaattagc
3121 aggaaaaatt aattgggcta gccaagctat tccagacttg agtataaaag cattaactaa
3181 catgatgaga ggaaatcaaa acctaaattc aacaagacaa tggactaaag aagctcgact
3241 ggaagtacaa aaggcaaaaa aggctataga agaacaagta caactaggat actatgaccc
3301 cagtaaggag ttatatgcta aattaagttt ggtgggacca catcaaataa gttatcaagt
3361 atatcagaag gatccagaaa agatactatg gtatggaaaa atgagtagac aaaagaaaaa
3421 ggcagaaaat acatgtgata tagccttaag agcatgctat aagataagag aagagtctat
3481 tataagaata ggaaaagaac caagatatga aatacctact tctagagaag cctgggaatc
3541 aaatttaatt aattcaccat atcttaaggc cccacctcct gaggtagaat atatccatgc
3601 tgctttgaat ataaagagag cgttaagtat gataaaagat gctccaatac caggagcaga
3661 aacatggtat atagatggag gtagaaagct aggaaaagca gcaaaagcag cctattggac
3721 agatacagga aagtggaaag tgatggaatt agaaggcagt aatcagaagg cagaaataca
3781 agcattatta ttggcattaa aagcaggatc agaggagatg aatattataa cagattcaca
3841 atatgttata aatattattc ttcaacaacc agatatgatg gagggaatct ggcaagaagt
3901 tttagaagaa ttggagaaga aaacagcaat atttatagat tgggtcccag gacataaagg
3961 tattccagga aatgaggaag tagataagct ttgtcaaaca atgatgataa tagaagggga
4021 tgggatatta gataaaaggt cagaagatgc aggatatgat ttattagctg caaaagaaat
4081 acatttattg ccaggagagg taaaagtaat accaacaggg gtaaagctaa tgctgcctaa
4141 aggacattgg ggattaataa tcggaaaaag ctcgataggg agtaaaggat tggatgtatt
4201 aggaggagta atagatgaag gatatcgagg tgaaattgga gtaataatga ttaatgtatc
4261 aagaaaatca atcaccttaa tggaacgaca aaagatagca caattaataa tactgccttg
4321 taaacatgaa gtattagaac aaggaaaagt agtaatggat tcagagagag gagacaatgg
4381 ttatgggtca acaggagtat tctcctcttg ggttgacaga attgaggaag cagaactaaa
4441 tcatgaaaaa tttcactcag atccacagta cttaaggact gaatttaatt tacctaagat
4501 ggtagcagaa gagataagac gaaaatgccc agtatgcaga atcagaggag aacaagtagg
4561 aggacaattg aaaatagggc ctggtatctg gcaaatggat tgcacatact ttgatggcaa
4621 aataattctt gtgggtatac atgtggaatc aggatatata tgggcacaaa taatttctca
4681 agaaactgct gactgtacag ttaaagctgt cttacaattg ttgagtgctc ataatgttac
4741 tgaattacaa acagataatg gaccaaattt taaaaatcaa aagatggaag gagtactcaa
4801 ttacatgggt gtgaaacata agtttggtat cccagggaac ccacagtcac aagcattagt
4861 tgaaaatgta aatcatacat taaaagtttg gattcagaaa tttttgcctg aaacaacctc
4921 cttggataat gccttatctc tcgctgtaca tagtctcaat tttaaaagaa gaggtaggat
4981 aggagggatg gccccttatg aattattagc acaacaagaa tccttaagaa tacaagatta
5041 tttttctgca ataccacaaa aattgcaagc acagtggatt tattataaag atcaaaaaga
5101 taagaaatgg aaaggaccaa tgagagtaga atactgggga cagggatcag tattattaaa
5161 ggatgaagag aagggatatt ttcttatacc taggagacac ataaggagag ttccagaacc
5221 ctgcgctctt cctgaagggg ATGagTGAag aagattggca ggtaagtaga agactctttg
                                  <- pol cds end
                orf 1 start ->
5281 cagtgctcca aggaggagta aatagcgcta tgctatacat atctagacta cctccggatg
5341 aaagagaaaa gtataaaaaa gacttcaaga aaagactttt tgacacagaa acaggatttg
5401 taaagagact acggaaagct gaaggaataa aatggagctt tcatactaga gattattaca
5461 taggatatgt cagagaaatg gtggcaggat ccactacatc actaagtcta aggatgtata
5521 tatatataag taacccacta tggcattctc agtatcgtcc aggcttgaaa aattttaata
5581 aggaatggcc tcttgtaaat atgtggataa aaacaggatt tatgtgggat gaaattgaaa
5641 aacaaaatat ttgtatagga ggagaagttt caccaggatg gggaccaggg atggtaggta
5701 tagcaataaa agcttttagt tgtggcgaaa gaaagattga ggctactcct gtaatgatta
5761 taagaggaga aatagatcca aaaaaatggt gcggagattg ttggaatttg atgtgtctta
5821 gaaactcacc tccaaagact ttacaaagac tcgctatgtt ggcgtgtggc gtgccggcta
5881 agaagtggcg aggatgctgt aatcaacgct ttgtttctcc ttacagaacg cctgctgatt
5941 tagaggtcat tcaatccaag cccagctgga acctgttatg gtcgggagaa ctaTGAATGg
                                                              <- orf 1 end
                                                    orf 2 start ->
6001 aagaaataat agtattattc aatagggtca ctgagaaact agaaaaagat tcagctatca
6061 gaatatttgt attagcacat caattagaaa gggacaaagt tattagatta ctacaaggat
```

FIVZ1

```
6121 tattttggag atatagattt aagaaacccc gagcagatta ttgtttatgt tggtggtgtt
6181 gcagattcta ttattggcag ttgcaatcta cattatcaat aactactgct TAGaaatatt
                                                          <- orf 2 end
6241 tatattaata tttcatttgc aacagtaaga ATGgcagaag gatttgcagc caatagacaa
                         env cds start ->
6301 tggataggac cagaagaagc tgaagagtta ttagattttg atatagcaac acaaatgagt
6361 gaagaaggac cactaaatcc aggagtaaac ccatttaggg tacctggaat aacagaaaaa
6421 gaaaagcaaa actactgtaa catattacaa cctaagttac aagatctaag ggacgaaatt
6481 caagaggtaa aactggaaga aggaaatgca ggtaagttta gaagaacaag atttttaagg
6541 tattctgatg aacatgtatt gtccctggtt catgcgttca taggatattg tatatattta
6601 ggtaatcgaa ataagttagg atctttaaga catgacattg atatagaagc accccaagaa
6661 gagtattata ataatagaga gaagggtaca actgacaata taaaatatgg tagacgATGt
                                                    orf 3 start ->
6721 tgcctaggaa cggtgacttt gtacctgatt ttatttatag gagtaatagt atattcacag
6781 acagccggcg ctcaggtagt atggagactt ccaccattag tagtcccagt agaagaatca
6841 gaaataattt tttgggattg ttgggcacca gaTGAacccg cctgtcagga ctttcttggg
                                        <- orf 3 end
6901 gcaatgatac atctaaaagc taagacaaat ataagtatac gagagggacc taccttgggg
6961 aattgggcta gagaaatatg ggcaacatta ttcaaaaagg ctactagaca atgtagaaga
7021 ggcagaatat ggaaaagatg gaatgagact ataacaggac catcaggatg tgctaataac
7081 acatgttata atgtttcagt aatagtacct gattatcagt gttatttaga tagagtagat
7141 acttggttac aaggaaaaat aaatatatca ttatgtctaa caggaggaaa aatgttgtac
7201 aataaagtta caaaacaatt aagctattgt acagacccat tacaaatccc actgatcaat
7261 tatacatttg gacctaatca aacatgtatg tggaatactt cacaaattca ggaccctgaa
7321 ataccaaaat gtggatggtg gaatcaaatg gcctattata acagatgtaa atgggaagag
7381 gcaaaggtaa agtttcattg tcaaagaaca cagagtcagc ctggatcatg gcgtagagca
7441 atctcgtcat ggaaacaaag aaatagatgg gagtggagac cagatttgga aagtgaaaag
7501 gtgaaaatat ctctacagtg caatagcaaa aaaaacctaa cctttgcaat gagaagttca
7561 ggagattatg gagaagtaac gggagcttgg atagagtttg gatgtcatag aaataaatca
7621 aaacatcatt ctgaagcaag gtttagaatt agatgtagat ggaatgtagg gagtaatacc
7681 tcgctcattg atacatgtgg aaacactcaa gatgtttcag gtgcgaatcc tgtagattgt
7741 accatgtatt caaataaaat gtacaattgt tctttacaaa atgggtttac tatgaaggta
7801 gatgacctta ttgtgcattt cagtatgaca aaagctgtaa aaatgtataa tattgctgga
7861 aattggtctt gtacatctga cttgccatcg tcatgggggt atatgaattg taattgtaca
7921 aatagtagta gtagttatag tggtactaaa atggcatgtc ctagcaatcg aggcatctta
7981 aggaattggt ataacccagt agcaggatta cgacaatcct tagaacagta tcaagttgta
8041 aaacaaccag attacttagt ggtcccagag gaagtcatgg aatataaacc tagaaggaaa
8101 agggcagcta ttcatgttat gttggctctt gcaacagtat tatctattgc cggtgcaggg
8161 acgggggcta ctgctatagg gatggtaaca caataccacc aagttctggc aacccatcaa
8221 gaagctatag aaaaggtgac tgaagcctta aagataaaca acttaagatt agttacatta
8281 gagcatcaag tactagtaat aggattaaaa gtagaagcta tggaaaaatt tttatataca
8341 gctttcgcta tgcaagaatt aggatgtaat caaaatcaat ttttctgcaa aatcctcct
8401 gggttgtgga caaggtataa tatgactata aatcaaacaa tatggaatca tggaaatata
8461 actttggggg aatggtataa caaaacaaaa gatttacaac aaaagttta tgaaataata
8521 atggacatag aacaaaataa tgtacaaggg aaaacaggga tacaacaatt acaaaagtgg
8581 gaagattggg taggatggat aggaaatatt ccacaatatt taaagggact attgggaggt
8641 atcttgggaa taggattagg agtgttatta ttgattttat gtttacctac attggttgat
8701 tgtataagaa attgtatcca caagatacta ggatacacag taattgcaat gcctgaagta
8761 gaaggagaag aaatacaacc acaaatggaa ttgaggagaa atggtaggca atgtggcatg
8821 tctgaaaaag aggaggaaTG Atgaagtatc tcagacttat tttataaggg agatactgtg
                              <- env cds end
8881 ctgagttctt ccctttgagg aaggtatgtc atatgaatcc atttcgaatc aaatcaaact
8941 aataaagtat gtattgtaag gtaaaaggaa aagacaaaga agaagaagaa agaagaaagc
9001 cttcaagagg atgatgacag agttagaaga tcgcttcagg aagctatttg gcacgacttc
9061 tacaacggga gacagcacag tagattctga agatgaacct cctaaaaaag aaaaaagggt
9121 ggactgggat gagtattgga accctgaaga aatagaaaga atgcttatgg actagggact
  3' LTR ->
9181 gtttacgaac aaatgataaa aggaaatagc tgagcatgac tcatagttaa agcgctagca
9241 gctgcttaac cgcaaaacca catcctatgt aaagcttgct aatgctaatg acgtataagt
9301 tgttccattg taagagtata taaccagtgc tttgtgaaac ttcgaggagt ctctttgttg
9361 aggacttttg agttctccct tgaggctccc acagatacAA TAAAtatttg agattgaacc
                                        signal ->
9421 ctgtcgagta tctgtgtaat cttttttacc tgtgaggtct cggaatccgg gccgagaact
9481 tcgca
```

```
LOCUS       FIVZ21        439 bp ss-mRNA            VRL       27-MAR-1992
DEFINITION  Feline immunodeficiency virus, strain Z2, LTR.
ACCESSION   X57000
SEGMENT     1 of 2
SOURCE      Feline immunodeficiency virus RNA, strain Z2
REFERENCE   1  (bases 1 to 439)
  AUTHORS   Morikawa,S., Lutz,H. and Bishop,D.H.
  TITLE     Identification of conserved and variable regions in the envelope
            glycoprotein sequences of two feline immunodeficiency viruses
            isolated in Zurich, Swizerland
  JOURNAL   Virus Res. 21, 53-63
COMMENT     This isolate is from a cat in Zurich, Switzerland.
            See also related sequences FIVZ22 <X57001> and FIVZ1 <X57002>.
BASE COUNT      134 a     82 c    109 g    114 t
ORIGIN
        1 tgggatgagt attgggaccc tgaagaaata gaaagaatgc ttatggacta gggactgtta
   5' LTR ->
       U3 ->
       61 caaacaaatg atgaatggaa acagctgagc atgactcata gctgaagcgc tagcagctgc
      121 ttaaccgcaa aaccacatcc tatgtaaagc ttgctaatga cgtataagtt gctccactgt
      181 aaaagtatat aaccagtgct ttgtgaaact tcaggagtct ctctgttgag ggctttcgag
      241 ctctaccttg aggctcccac agatacaata aatgtttgtg agttgagatt gaaccctgtc
      301 gtgtatctgt gtaaatcttt tttacctgtg aggtctcgga atccgggccg agaacttcgc
      361 agttggcgcc cgaacaggac ttgataaaga gtgattgaga aagtgaagct agagcaatag
             <-   Lys t-RNA    ->
      421 aaagctgtta agcagaact
```

FIVZ22

```
LOCUS       FIVZ22       3153 bp ss-mRNA            VRL       25-MAR-1992
DEFINITION  Feline immunodeficiency virus, strain Z2, envelope cds.
ACCESSION   X57001
SEGMENT     2 of 2
SOURCE      Feline immunodeficiency virus, strain Z2.
REFERENCE   1  (bases 1 to 3153)
  AUTHORS   Morikawa,S., Lutz,H. and Bishop,D.H.
  TITLE     Identification of conserved and variable regions in the envelope
            glycoprotein sequences of two feline immunodeficiency viruses
            isolated in Zurich, Swizerland
  JOURNAL   Virus Res. 21, 53-63
COMMENT     This isolate is from a cat in Zurich, Switzerland.
            See also FIVZ1 <X57000> and FIVZ21 <X57002>.
BASE COUNT     1190 a    453 c    698 g    812 t
ORIGIN      5' end of envelope cds
        1 aagaATGgca gaaggatttg cagccaatag acaatggata gggccagaag aagctgaaga
env cds start ->
       61 gttgttagat tttgatatag caacacaaat gaatgaagaa gggccactaa atccaggaat
      121 aaacccattt agggtacctg gaataacaga aatagaaaag cgagactatt gcaaaatatt
      181 acaacccaaa ttacaagatc taaagaatga aattcaagag gtaaaactgg aagaaggaaa
      241 tgcaggtaag tttagaagag caagattttt aagatattct gatgaaaata tattatccct
      301 gattcatttg ttcatagggt attgtacata tttatgcaga aaaaatgagt taggatcttt
      361 acgacatgac atagatatag acgaacatca agaagagtat tatactaata tagagaaagg
      421 tacaactgcc aatataaaat ATGgtagacg atgtctcata ggaacagcgg ctttgtacct
                  orf 3 start ->
      481 gcttttcata ggaataataa tatatacaca aacaaccaag gctcaggtag tatggagact
      541 tccaccattc gtagtccccg tggaagaatc agagataatt ttttgggatt gttgggcacc
      601 agaggaaccc gcctgtcagg actttcttgg ggcaatgata catctaaaag cTAGtacaaa
                                                              <- orf 3 end
      661 tataagtata caagagggac ctaccctggg gaattgggct agagaaatat ggggaacatt
      721 attcaaaaag gctaccagac aatgtagaag aggtagagta tggagaagat ggaatgagac
      781 tataacagga ccatcaggat gtgctaataa cacatgttat aatatctcag taatagtacc
      841 tgattatcaa tgttatttag acagagtaga tacttggtta caagggaaag taaatatatc
      901 attatgtcta acaggaggaa aaatgttgta taataaatat acaaaacaat tgagctattg
      961 tacagatcca ttacaaatcc cactgatcaa ttatacgttt ggacctaatc aaacatgtat
     1021 gtggaacact tcacagattc aagaccctga gataccaaaa tgtggatggt ggaatcaagc
     1081 agcctattat aacagttgta gatgggaaag cactgatgta aagtttcatt gtcaaagaac
     1141 acagagtctg cctggaacat ggcttagaac aatctcatca tggagaccaa agaatagatg
     1201 ggaatggaga ccagattttg aaagtgaaaa agtgaaagta tctctacagt gtaatagcac
     1261 aaacaaccta acctttgcaa tgagaagttc aggagattat ggagaggtaa cgggagcatg
     1321 gatagaattt ggatgtcata ggaaaaaatc aaaacttcat tctgaagcaa ggtttagaat
     1381 cagatgtaga tgggataaag gggataatac ctcactcatt gatacatgtg gaaaaactca
     1441 aaatgtttta ggtgcaaatc ctgtagattg caccatgtat gcaaatagaa tgtataattg
     1501 ttccttacaa aatgggttta ctatgaagat agatgacctt gttatgcatt tcaatatgac
     1561 gaaagctgta gaaatgtata acattgctgg aaattggtct tgtacatctg acttgccacc
     1621 aacatggggg tatatgaatt gtaattgtac aaatagtagt agtacttcta gtagttctgg
     1681 taataaaatg gcatgtcctg gagataaagg catcttaaga aattggtata acccagtagc
     1741 aggattaaga caatccctag aaaagtatca agtagtaaaa caaccagatt acttagtggt
     1801 accaggggaa gtcatggaat ataaacctag aaggaaaaga gcagctattc atgttatgtt
     1861 agctcttgca acagtattat ctatggccgg ggcagggacg ggggctactg ctatagggat
     1921 ggtaacgcaa tatcaccaag ttctggcaac tcatcaagaa gctatagaaa aggtgactga
     1981 agccttaaag ataaacaact taagattagt tacattagag catcaagtac tagtaatagg
     2041 attaaaagta gaagctatgg aaaaattttt atatacagct ttcgctatgc aagaattagg
     2101 atgtaatcaa aatcaattct tctgtaaagt ccctcctgtg ttgtgggaaa gatataatat
     2161 gactataaat caaacaatat ggaatcatgg aaatataact ttgggggaat ggtataacca
     2221 aacaaaagat ttacaacaaa agttctatga aataataatg gacatagaac aaaataatgt
     2281 acaaggaaaa aaagggttac aacaattaca aaaatgggaa gattgggtag gatggatagg
     2341 aaatattcca aaatatttaa agggactatt gggaggtatc ttaggaatag gattgggagt
     2401 gatattattg atcttatgtt tacctacatt ggttgattgt gtaaggaatt gtatccacaa
     2461 gatactagga tacacagtaa ttgcaatgcc tgaagtagaa gaagaagaaa tacaaccaca
     2521 aatggaattg aggagaaatg gtaggcaatg tggcatatct gaaaaggagg aagaaTGAtg
                                                                  <- env
     2581 aagtatctca gacttatttt ataagggaga tgctgagctg agttcttccc tttgaggaag
     2641 gtatgtcata tgaatccatt tcaaatcaaa tcaaactaat aaagtctgta ttgtaaggta
```

```
2701 aaaggaaaag acaaagaaga agaaggaagga aqaaggcctt caagattatg atgacagctt
2761 tagaagatcg ctttagaaaa ctatttggca cacctttctac aacgggatac ggcacagtag
2821 aatctgaggt gaacctcctg aaaaagaaaa aagggtggac tgggatgagt attgggaccc
2881 tgaagaaata gaaagaatgc ttatggacta aggactgtta caaacaaatg atgaatggaa
2941 acagctgagc atgactcata gctgaagcgc tagcagctgc ttaaccgcaa aacccacatcc
3001 tatgtaaagc ttgctaatga cgtataagtt gctccactgt aaaagtatat aacccagtgct
3061 ttgtgaaact tcagggagtc tctctgttga gggctttcga gctctacctt gagggtcccca
3121 cagatacaat aaatagttgt gagttgagat tga
```

FIVP14

```
LOCUS       FIVP14          716 bp ds-DNA             VRL       28 SEP-1992
DEFINITION  Panther lentivirus, partial pol cds, isolate PLV-14.
ACCESSION   M95471
SOURCE      Panther lentivirus blood DNA, isolate PLV-14.
REFERENCE   1  (bases 1 to 716)
  AUTHORS   Olmsted,R.A., Langley,R.J., Roelke,M.E., Goeken,R.M.,
            Adger Johnson,D., Goff,J.P., Albert,J.P., Packer,C.,
            Laurenson,M.K., Caro,T.M., Scheepers,L., Wildt,D.E., Bush,M.,
            Martenson,J.S. and O'Brien,S.J.
  TITLE     Worldwide prevalence of lentivirus infection in wild feline
            species: Epidemiologic and phylogenetic aspects
  JOURNAL   J. Virol. 66, 6008 6018 (1992)
COMMENT     This isolate is from a free ranging Florida panther from Everglades
            National Park.
BASE COUNT      295 a      92 c     125 g     204 t
ORIGIN      500 bp downsteam of 5' end of pol region
        1 caatgccat taacaaatga aaaaatagaa gcattaacag aaatagtaga gaggttagag
 pol cds  ->
       61 actgaaggaa aggtaaaaag agcagatcct aataatcctt ggaatactcc aatttttgc
      121 ataaagaaga aatcaggaaa atggagaatg ttaatagatt ttagagaatt aaataaatta
      181 actttaaaag gtgcagaagt acaattagga ttaccacatc cagcaggatt gtctatgaga
      241 aaacaggtaa cagtactaga tataggagat gcctatttta ctataccttt agaccctgat
      301 tatcaaccat atacagcttt tactttacct aataaaaata atcaaggacc aggaagaagg
      361 tatgtatggt gtagtttacc acaaggatgg gtattaagtc ctttaatata tcaaagtact
      421 ttagataata ttttacaacc atggagaaag aaatatccta atattgatgt atatcaatat
      481 atggatgata tatatatagg atcagatttc tcaagattgg aacatgaaaa aattatacaa
      541 gaattaagag acttattgat ctttgggga tttgaaactc ctgaagataa attacaacaa
      601 gaaccaccct ataagtggat gggatatact ttatatccta ataaatggac tattcaaaaa
      661 acaaaattag atattcctga agttccaact ttgaatgagt tgcaaaaatt agcagg
                                                                pol cds  ->
```

```
LOCUS       FIVP16          578 bp ds DNA              VRL       28 SEP 1992
DEFINITION  Panther lentivirus, partial pol cds, isolate PLV-16.
ACCESSION   M95477
SOURCE      Panther lentivirus blood DNA, isolate PLV-16.
REFERENCE   1  (bases 1 to 578)
  AUTHORS   Olmsted,R.A., Langley,R.J., Roelke,M.E., Goeken,R.M.,
            Adger-Johnson,D., Goff,J.P., Albert,J.P., Packer,C.,
            Laurenson,M.K., Caro,T.M., Scheepers,L., Wildt,D.E., Bush,M.,
            Martenson,J.S. and O'Brien,S.J.
  TITLE     Worldwide prevalence of lentivirus infection in wild feline
            species: Epidemiologic and phylogenetic aspects
  JOURNAL   J. Virol. 66, 6008-6018 (1992)
COMMENT     This isolate is from a free-ranging Florida panther from Everglades
            National Park.
BASE COUNT      236 a      70 c     106 g     166 t
ORIGIN      560 bp downstream of 5' end of pol region
        1 gaagcattaa cagaaatagt agagaggttg gagaatgaag gaaaggtaaa aagagcagat
 pol cds ->
       61 cctaataatc cttggaatac tccaatattt tgcataaaaa agaaatcagg aaaatggaga
      121 atgttaatag attttagaga attaaataaa ttaactttaa aaggtgcaga agtacaatta
      181 ggattaccac atccagtagg attgtctatg agaaaacagg taacagtact agatatagga
      241 gatgcctatt ttactatacc tttagaccct gattatcaac catatacagc ttttacttta
      301 cctaataaaa ataatcaagg accaggaaga aggtatgtat ggtgtagttt accgcaagga
      361 tgggtattaa gtcctttaat atatcaaagt actttagata atattttaca accatggaga
      421 aagaaatatc ctaatattga tgtatatcaa tatatggatg atatatatat aggatcagat
      481 ttatcaagat tggaacatga aaaaattata caagaattga gagacttatt gctcttttg?
      541 ggatttgaaa ctcctgaaga taaattacaa caagaacc
                                          pol cds ->
```

FIVP18

```
LOCUS       FIVP18          525 bp ds-DNA             VRL       28-SEP-1992
DEFINITION  Panther lentivirus, partial pol cds, isolate PLV-18.
ACCESSION   M95476
SOURCE      Panther lentivirus blood DNA, isolate PLV-18.
REFERENCE   1  (bases 1 to 525)
  AUTHORS   Olmsted,R.A., Langley,R.J., Roelke,M.E., Goeken,R.M.,
            Adger-Johnson,D., Goff,J.P., Albert,J.P., Packer,C.,
            Laurenson,M.K., Caro,T.M., Scheepers,L., Wildt,D.E., Bush,M.,
            Martenson,J.S. and O'Brien,S.J.
  TITLE     Worldwide prevalence of lentivirus infection in wild feline
            species: Epidemiologic and phylogenetic aspects
  JOURNAL   J. Virol. 66, 6008-6018 (1992)
COMMENT     This isolate is from a free-ranging Florida panther from Big
            Cypress Swamp.
BASE COUNT      202 a     64 c    102 g    157 t
ORIGIN      598 bp downstream of 5' end of pol region.
        1 gaaggaaagg taaaaagagc tgatcctaat aatccgtgga atacaccaat attctgtatt
 pol cds ->
       61 aaaaagaaat caggcaaatg gaggatgtta atagacttta gggaattgaa taagttaact
      121 ataaaaggtg cagaagtgca attaggttta ccccacccag caggattatg taaaagaaga
      181 caagtaacta tcttagacat aggagatgct tattttacaa tacctttaga tccagagtat
      241 caaccttata ctgcctttac tctccctaat aagaataatc agggaccagg aagaagatat
      301 gtgtggtgta gtttacctca aggatgggta ttaagtcctt taatatatca aagtacatta
      361 gataatattt tacatccttg gaggaaaaag tattctaata ttgatatata tcaatatatg
      421 gatgatatat atataggttc tgatttaagt aaaatggaac ataagaaaat tgtagaggaa
      481 ttgagagaat tattattata ttggggattt gaaactcctg aagat
                                                  pol cds ->
```

```
LOCUS       FIVP21        578 bp ds-DNA             VRL       28-SEP-1992
DEFINITION  Panther lentivirus, partial pol cds, isolate PLV-21.
ACCESSION   M95478
SOURCE      Panther lentivirus blood DNA, isolate PLV-21.
REFERENCE   1  (bases 1 to 578)
  AUTHORS   Olmsted,R.A., Langley,R.J., Roelke,M.E., Goeken,R.M.,
            Adger-Johnson,D., Goff,J.P., Albert,J.P., Packer,C.,
            Laurenson,M.K., Caro,T.M., Scheepers,L., Wildt,D.E., Bush,M.,
            Martenson,J.S. and O'Brien,S.J.
  TITLE     Worldwide prevalence of lentivirus infection in wild feline
            species: Epidemiologic and phylogenetic aspects
  JOURNAL   J. Virol. 66, 6008-6018 (1992)
COMMENT     This isolate is from a free-ranging Florida panther from Everglades
            National Park.
BASE COUNT      240 a     71 c    102 g    165 t
ORIGIN      560 bp downstream of 5' end of pol cds
        1 gaagcattaa cagaaatagt agagagatta gagattgaag gaaaggtaaa aagagcagat
 pol cds ->
       61 cctaataatc cttggaatac tccaatattt tgcataaaaa agaaatcagg aaaatggaga
      121 atgttaatag attttagaga attaaataaa ttaactttaa aaggtgcaga agtacaatta
      181 ggattaccac atccagcagg attgtctatg agaaaacagg taacagtact agatatagga
      241 gatgcctatt ttactatacc tttagaccct gattatcaac catatacagc ttttacttta
      301 cctaataaaa ataatcaagg accaggaaga aggtatgtat ggtgtagttt accacaagga
      361 tgggtattaa gtcctttaat atatcaaagt actttagata atattttaca accatggaga
      421 aagaaatatc ctaatattga tgtatatcaa tatatggatg atatatatat aggatcagat
      481 tcatcaagat tagaacatga aaaaattata caagaattga gagacttatt gatcttttgg
      541 ggatttgaaa ctcctgaaga taaatiacaa caagaacc
                                          pol cds ->
```

FIVP42

```
LOCUS       FIVP42          578 bp ds-DNA             VRL       28-SEP-1992
DEFINITION  Panther lentivirus, partial pol cds, isolate PLV-42.
ACCESSION   M95470
SOURCE      Panther lentivirus blood DNA, isolate PLV-42.
REFERENCE   1  (bases 1 to 578)
  AUTHORS   Olmsted,R.A., Langley,R.J., Roelke,M.E., Goeken,R.M.,
            Hdger-Johnson,D., Goff,J.P., Albert,J.P., Packer,C.,
            Laurenson,M.K., Caro,T.M., Scheepers,L., Wildt,D.E., Bush,M.,
            Martenson,J.S. and O'Brien,S.J.
  TITLE     Worldwide prevalence of lentivirus infection in wild feline
            species: Epidemiologic and phylogenetic aspects
  JOURNAL   J. Virol. 66, 6008-6018 (1992)
COMMENT     This isolate is from a free-ranging Florida panther from Everglades
            National Park, Florida.
BASE COUNT      236 a     77 c    105 g    160 t
ORIGIN      560 bp downstream from 5' end of pol region
        1 gaagcattaa cagaaatagt agaaaggtta gagaccgaag gaaaagtaaa aagagcagat
 pol cds ->
       61 cctaataatc ctiggaatac tccaatattt tgcataaaga agaaatcagg aaagtggaga
      121 atgttaatag attttagaga attaaataga ttaactttaa aaggtgcaga agtacaatta
      181 ggattaccac acccagcagg attatctatg agaaaacagg taacagtact agatatagga
      241 gatgcctatt ttactatacc tttagaccct gattatcaac catatacagc ttttacttta
      301 cctaataaaa ataatcaggg cccaggaaga aggtatgtat ggtgtagttt accacaagga
      361 tgggtattaa gtcctctaat atatcaaagt actttagata atattttaca accatggaga
      421 aagaaatatc ctaatattga tgtatatcaa tatatggatg atatatatat aggatcagat
      481 tcatcaagat tggaacatga aaaaatcata caagaattga gagacttatt gatcttttgg
      541 ggatttgaaa ctcctgaaga taaattacaa caagaacc
                                          pol cds ->
```

```
LOCUS       FIVP64          347 bp ds-DNA             VRL       28-SEP-1992
DEFINITION  Panther lentivirus, partial pol cds, isolate PLV-64.
ACCESSION   M95473
SOURCE      Panther lentivirus blood DNA, isolate PLV-64.
REFERENCE   1  (bases 1 to 347)
  AUTHORS   Olmsted,R.A., Langley,R.J., Roelke,M.E., Goeken,R.M.,
            Adger-Johnson,D., Goff,J.P., Albert,J.P., Packer,C.,
            Laurenson,M.K., Caro,T.M., Scheepers,L., Wildt,D.E., Bush,M.,
            Martenson,J.S. and O'Brien,S.J.
  TITLE     Worldwide prevalence of lentivirus infection in wild feline
            species: Epidemiologic and phylogenetic aspects
  JOURNAL   J. Virol. 66, 6008-6018 (1992)
COMMENT     This isolate is from a western cougar from Arizona.
BASE COUNT      126 a     58 c     69 g     94 t
ORIGIN      690 bp downstream of 5' end of pol region.
        1 gattttagag aatttaatgc caaaacggag aaaggagcag aagttcagct ggggttaccc
 pol cds ->
       61 catccatctg gattacagaa aagaaggaat gtgacagttt tagatatagg agatgcttat
      121 tttaccatcc ccttagaccc tgaatatcaa ccatatacgg catttacttt accatcaaaa
      181 ataaccaaaa gtccaggaag gagatatatt tggaaatccc ttccacaggg atgggtgtta
      241 agtcctttga tttatcaaag cactctagac aatatcttac agccatttag gagaaagtat
      301 gaaaaggaag tagatatata ccaatatatg gatgacattt atatagg
                                                  pol cds ->
```

FIVP8

```
LOCUS       FIVP8          344 bp ds-DNA             VRL       28-SEP-1992
DEFINITION  Panther lentivirus, partial pol cds, isolate PLV-8.
ACCESSION   M95475
SOURCE      Panther lentivirus blood DNA, isolate PLV-8.
REFERENCE   1  (bases 1 to 344)
  AUTHORS   Olmsted,R.A., Langley,R.J., Roelke,M.E., Goeken,R.M.,
            Adger-Johnson,D., Goff,J.P., Albert,J.P., Packer,C.,
            Laurenson,M.K., Caro,T.M., Scheepers,L., Wildt,D.E., Bush,M.,
            Martenson,J.S. and O'Brien,S.J.
  TITLE     Worldwide prevalence of lentivirus infection in wild feline
            species: Epidemiologic and phylogenetic aspects
  JOURNAL   J. Virol. 66, 6008-6018 (1992)
COMMENT     This isolate is from a free-ranging Florida panther from Big
            Cypress Swamp.
BASE COUNT      134 a     51 c     58 g    101 t
ORIGIN      691 bp downstream of 5' end of pol region
        1 gattttagag aattaaacaa attaacaata aagggtgcag aggttcaatt aggattacca
 pol cds ->
       61 cacccagctg gattacataa aagaaaacaa gtaacagttt tagatatagg agatgcctat
      121 ttcactatac ccttagatcc tgattatcaa ccatatacag cctttactct tcctaataaa
      181 aataatcaag gaccaggaag aagatatgtg tggtgtagtt taccacaagg atgggtatta
      241 agtcccttaa tatatcaaag tactctagat aatattttat caacttggag aaaagagcat
      301 tcagaaattg atttatatca atatatggat gacatatata tagg
                                                  pol cds ->
```

```
LOCUS       FIVP80         347 bp ds-DNA             VRL       28-SEP-1992
DEFINITION  Panther lentivirus, partial pol cds, isolate PLV-80.
ACCESSION   M95474
SOURCE      Panther lentivirus blood DNA, isolate PLV-80.
REFERENCE   1  (bases 1 to 347)
            Viridae; ss-RNA enveloped viruses; Positive strand RNA virus;
            Retroviridae; Lentivirinae.
  AUTHORS   Olmsted,R.A., Langley,R.J., Roelke,M.E., Goeken,R.M.,
            Adger-Johnson,D., Goff,J.P., Albert,J.P., Packer,C.,
            Laurenson,M.K., Caro,T.M., Scheepers,L., Wildt,D.E., Bush,M.,
            Martenson,J.S. and O'Brien,S.J.
  TITLE     Worldwide prevalence of lentivirus infection in wild feline
            species: Epidemiologic and phylogenetic aspects
  JOURNAL   J. Virol. 66, 6008-6018 (1992)
COMMENT     This isolate is from a western cougar from Colorado.
BASE COUNT      134 a     57 c     60 g     96 t
ORIGIN      690 bp downstream of 5' end of pol region
        1 gattttagag aatttaatgc aaaaacagaa aaaggagcag aagtccaatt aggattacct
 pol cds ->
       61 cacccatctg gattacagaa gagaaagaat gtaacagttt tagatatagg agatgcttat
      121 tttaccatcc ctttagatcc tgattatcag ccatatacag catttacttt accatctaag
      181 aataatcaaa gtccaggaag aaggtatatt tggaaatctc ttccacaggg gtggatcttg
      241 agtcccttaa tataccagag cactctagat aatattctac aaccatttag aaagagatat
      301 gaaaaacaga tagacatata ccaatataag gatgacattt atatagg
                                                      pol cds ->
```

V

Communications

The 1989 and 1990 releases of the Human Retroviruses and AIDS database contained a list of supplemental references captured from the Molecular Biology subset of MEDLINE as communicated through GENINFO at the National Center for Biomedical Communications, National Library of Medicine, National Institutes of Health, Bethesda, Maryland. As of September 1992, we were able to capture the list of 1991 and 1992 references from the molecular subset of MEDLINE (for HIV, SIV and HTLV). This release of the database includes an updated list of the MEDLINE references from 1992 and the current list of references for 1993. The number of publications per year grows exponentially: approximately 400 HIV-related papers in 1990, 800 in 1991, more than 1400 in 1992. (see Myers, G: "Assimilating HIV Sequences ," *AIDS Research and Human Retroviruses* **9**: 697–702, 1993.)

The enclosed diskettes comprise the electronic portion of Part V, providing HIV and SIV nucleic acid and protein sequences in ASCII characters. As a general rule, American and non-European users receive nucleic acid files in GenBank format and protein files in a reduced PIR format. European users receive these files in EMBL and Swiss-Prot formats. Both PC-DOS and Apple Macintosh formatted diskettes are available; which format you receive depends upon what you have requested. If you wish to change the diskette format or the file formats, simply contact us at 505-665-1356 or fax a message to us at 505-665-3493. If you wish to contact us via the postal service, our address is: HIV Sequence Database, T-10, MS K710, LANL, Los Alamos, NM, 87545, U.S.A. The diskettes contain READ.ME files to provide you with the most recent information regarding their contents.

New with this release of the electronic portion of the database is the inclusion of the HIV-1 GAG and HIV-1 ENV alignments reproduced in Part I and Part II of the printed compendium. The alignments included on diskette are provided as an Intelligenetics input format which should be compatible with import functions on many sequence analysis software packages. If not, the format is simple and easy to edit. It follows this scheme: the first line is a ';' which serves to delimit each sequence record, the second line contains the `LOCUS NAME`, third and subsequent lines present the sequence interspersed with gaps to align it with other sequence records in the same file. If the inclusion of these electronically manipulable sequence alignments proves to be helpful, we will start adding other alignments in this form to future releases.

It is not feasible to provide as diskette files the many thousand HIV and SIV sequences now available in this era of PCR amplification and sequencing. We are relying upon the large sequence libraries to communicate a more comprehensive collection of clonal sequences. As of 1 October 1992, the National Center for Biotechnology Information at the National Library of Medicine has begun sequence publication through a CD-ROM subscription service; throughout this year, and in future years, we will be forwarding clonal sequences not provided as floppy diskette files to the NCBI (via GenBank) for publication through CD-ROM. Telephone orders for CD-ROMs, which are extraordinarily inexpensive, can be placed through the Government Printing Office, (202)-783-3238. For further information about the NCBI CD-ROMs, call (301)-496-2475.

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS
TITLE CDC issues guidelines for multidrug-resistant tuberculosis.
JOURNAL Am Fam Physician 46: 1303-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS
TITLE [How can the AIDS virus outsmart our immune system?]
JOURNAL Schweiz Rundsch Med Prax 81: 923 (1992)

REFERENCE
AUTHORS
TITLE Transmission of multidrug-resistant tuberculosis among immunocompromised persons in a correctional system--New York, 1991.
JOURNAL MMWR Morb Mortal Wkly Rep 41: 507-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS
TITLE Turnabout on AIDS drug [news]
JOURNAL Science 255: 154 (1992)

REFERENCE
AUTHORS
TITLE CDC advises on management of persons exposed to multiple-drug-resistant tuberculosis [news]
JOURNAL Clin Pharm 11: 991, 994, 999 (1992)

REFERENCE
AUTHORS
TITLE From the Centers for Disease Control. Transmission of multidrug-resistant tuberculosis among immunocompromised persons, correctional system--New York, 1991.
JOURNAL JAMA 268: 855-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Abel PM; McSharry C; Galloway E; Ross C; Severn A; Toner G; Gruer L; Wilkinson PC
TITLE Heterogeneity of peripheral blood monocyte populations in human immunodeficiency virus-1 seropositive patients.
JOURNAL FEMS Microbiol Immunol 5: 317-23 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Abramczuk JW; Pezen DS; Leonard JM; Monell-Torrens E; Belcher JH; Martin MA; Notkins AL
TITLE Transgenic mice carrying intact HIV provirus: biological effects and organization of a transgene.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 196-203 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Abrutyn E
TITLE Multidrug-resistant nosocomial TB: newest facet of the HIV epidemic [editorial]
JOURNAL Hosp Pract (Off Ed) 27: 11, 15-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Adachi Y; Copeland TD; Takahashi C; Nosaka T; Ahmed A; Oroszlan S; Hatanaka M
TITLE Phosphorylation of the Rex protein of human T-cell leukemia virus type I.
JOURNAL J Biol Chem 267: 21977-81 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Adachi Y; Kitahara-Ozawa A; Sugamura K; Lee WJ; Yodoi J; Maki M; Murachi T; Hatanaka M
TITLE Expression of calpain II gene in human hematopoietic system cells infected with human T-cell leukemia virus type I.
JOURNAL J Biol Chem 267: 19373-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Adatia R; Poggi L; Thompson EW; Gallo RC; Fassina GF; Albini A
TITLE Assessment of angiogenic potential--the use of AIDS-KS cell supernatants as an in vitro model.
JOURNAL EXS 61: 321-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Adelmann M; Linington C
TITLE Molecular mimicry and the autoimmune response to the peripheral nerve myelin PO glycoprotein.
JOURNAL Neurochem Res 17: 887-91 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Agliano AM; Vania A; Gandini O; Gradilone A; Napolitano M; Albonici L; Falconieri P; Digilio G; Manzari V; Frati L; et al
TITLE Post-transfusional human retrovirus infection in 41 Italian beta-thalassemic patients.
JOURNAL Haematologica 77: 54-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Agostini C; Trentin L; Zambello R; Bulian P; Caenazzo C; Cipriani A; Cadrobbi P; Garbisa S; Semenzato G
TITLE Release of granulocyte-macrophage colony-stimulating factor by alveolar macrophages in the lung of HIV-1-infected patients. A mechanism accounting for macrophage and neutrophil accumulation.
JOURNAL J Immunol 149: 3379-85 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Agrawal S; Tang JY
TITLE GEM 91--an antisense oligonucleotide phosphorothioate as a therapeutic agent for AIDS [editorial]
JOURNAL Antisense Res Dev 2: 261-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Agy MB; Frumkin LR; Corey L; Coombs RW; Wolinsky SM; Koehler J; Morton WR; Katze MG
TITLE Infection of Macaca nemestrina by human immunodeficiency virus type-1.
JOURNAL Science 257: 103-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Akagi T; Hoshida Y; Yoshino T; Teramoto N; Kondo E; Hayashi K; Takahashi K
TITLE Infectivity of human T-lymphotropic virus type I to human nervous tissue cells in vitro.
JOURNAL Acta Neuropathol (Berl) 84: 147-52 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Akari H; Sakuragi J; Takebe Y; Tomonaga K; Kawamura M; Fukasawa M; Miura T; Shinjo T; Hayami M
TITLE Biological characterization of human immunodeficiency virus type 1 and type 2 mutants in human peripheral blood mononuclear cells.
JOURNAL Arch Virol 123: 157-67 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Akira S; Kishimoto T
TITLE IL-6 and NF-IL6 in acute-phase response and viral infection.
JOURNAL Immunol Rev 127: 25-50 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Albert J; Franzen L; Jansson M; Scarlatti G; Kataaha PK; Katabira E; Mubiro F; Rydaker M; Rossi P; Pettersson U; et al
TITLE Ugandan HIV-1 V3 loop sequences closely related to the U.S./European consensus.
JOURNAL Virology 190: 674-81 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Albert J; Wahlberg J; Lundeberg J; Cox S; Sandstrom E; Wahren B; Uhlen M
TITLE Persistence of azidothymidine-resistant human immunodeficiency virus type 1 RNA genotypes in posttreatment sera.
JOURNAL J Virol 66: 5627-30 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Allan JS; Whitehead EM; Strout K; Short M; Kanda P; Hart TK; Bugelski PJ
TITLE Strong association of simian immunodeficiency virus (SIVagm) envelope glycoprotein heterodimers: possible role in receptor-mediated activation.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 2011-20 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Almond N; Jenkins A; Heath AB; Taffs LF; Kitchin P
TITLE The genetic evolution of the envelope gene of simian immunodeficiency virus in cynomolgus macaques infected with a complex virus pool.
JOURNAL Virology 191: 996-1002 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Almond N; Jenkins A; Slade A; Heath A; Cranage M; Kitchin P
TITLE Population sequence analysis of a simian immunodeficiency virus (32H reisolate of SIVmac251): a virus stock used for international vaccine studies.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 77-88 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Almond N; Jones S; Heath AB; Kitchin PA
TITLE The assessment of nucleotide sequence diversity by the polymerase chain reaction is highly reproducible.
JOURNAL J Virol Methods 40: 37-44 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Alonso A; Derse D; Peterlin BM
TITLE Human chromosome 12 is required for optimal interactions between Tat and TAR of human immunodeficiency virus type 1 in rodent cells.
JOURNAL J Virol 66: 4617-21 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Alonso-Caplen FV; Nemeroff ME; Qiu Y; Krug RM
TITLE Nucleocytoplasmic transport: the influenza virus NS1 protein regulates the transport of spliced NS2 mRNA and its precursor NS1 mRNA.
JOURNAL Genes Dev 6: 255-67 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Amadori A; De Silvestro G; Zamarchi R; Veronese ML; Mazza MR; Schiavo G; Panozzo M; De Rossi A; Ometto L; Mous J; et al
TITLE CD4 epitope masking by gp120/anti-gp120 antibody complexes. A potential mechanism for CD4+ cell function down-regulation in AIDS patients.
JOURNAL J Immunol 148: 2709-16 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Anderson MG; Clements JE
TITLE Two strains of SIVmac show differential transactivation mediated by sequences in the promoter.
JOURNAL Virology 191: 559-68 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Anderson SF; Coleman JE
TITLE Conformational changes of HIV reverse transcriptase subunits on formation of the heterodimer: correlation with kcat and Km.
JOURNAL Biochemistry 31: 8221-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Andeweg AC; Groenink M; Leeflang P; de Goede RE; Osterhaus AD; Tersmette M; Bosch ML
TITLE Genetic and functional analysis of a set of HIV-1 envelope genes obtained from biological clones with varying syncytium-inducing capacities.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1803-13 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Andreola ML; Nevinsky GA; Barr PJ; Sarih-Cottin L; Bordier B; Fournier M; Litvak S; Tarrago-Litvak L
TITLE Interaction of tRNALys with the p66/p66 form of HIV-1 reverse transcriptase stimulates DNA polymerase and ribonuclease H activities.
JOURNAL J Biol Chem 267: 19356-62 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Andrianov AM; Verenich AI; Akhrem AA
TITLE [Model of the spatial structure of the C-terminal fragment Thr-Thr-Asn-Tyr-Thr of peptide T, inhibiting the reproduction of the human immunodeficiency virus]
JOURNAL Dokl Akad Nauk SSSR 324: 210-3 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ansari SA; Farrah SR; Chaudhry GR
TITLE Presence of human immunodeficiency virus nucleic acids in wastewater and their detection by polymerase chain reaction.
JOURNAL Appl Environ Microbiol 58: 3984-90 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Antonelli G; Turriziani O; Cianfriglia M; Riva E; Dong G; Fattorossi A; Dianzani F
TITLE Resistance of HIV-1 to AZT might also involve the cellular expression of multidrug resistance P-glycoprotein.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1839-44 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Aoki T; Kaneko Y; Nguyen T; Stefanski MS; Ting RC; Manak MM
TITLE Curdlan sulfate and HIV-1: II. In vitro long-term treatment of HIV-1 infection with curdlan sulfate.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 605-12 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Aoki-Sei S; Yarchoan R; Kageyama S; Hoekzema DT; Pluda JM; Wyvill KM; Broder S; Mitsuya H
TITLE Plasma HIV-1 viremia in HIV-1 infected individuals assessed by polymerase chain reaction.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1263-70 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Aono Y; Imai J; Tominaga K; Orita S; Sato A; Igarashi H
TITLE Rapid, sensitive, specific, and quantitative detection of human T-cell leukemia virus type 1 sequence in peripheral blood mononuclear cells by an improved polymerase chain reaction method with nested primers.
JOURNAL Virus Genes 6: 159-71 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Aoyama N; Nagase T; Sawazaki T; Mizuguchi G; Nakagoshi H; Fujisawa JI; Yoshida M; Ishii S
TITLE Overlap of the p53-responsive element and cAMP-responsive element in the enhancer of human T-cell leukemia virus type I.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 5403-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Arai N; Naito Y; Watanabe M; Masuda ES; Yamaguchi-Iwai Y; Tsuboi A; Heike T; Matsuda I; Yokota K; Koyano-Nakagawa N; et al
TITLE Activation of lymphokine genes in T cells: role of cis-acting DNA elements that respond to T cell activation signals.
JOURNAL Pharmacol Ther 55: 303-18 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Aranda-Anzaldo A; Viza D
TITLE Human immunodeficiency virus type 1 productive infection in staurosporine-blocked quiescent cells.
JOURNAL FEBS Lett 308: 170-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Arnold BL; Itakura K; Rossi JJ
TITLE PCR-based quantitation of low levels of HIV-1 DNA by using an external standard.
JOURNAL Genet Anal Tech Appl 9: 113-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Arnold E; Jacobo-Molina A; Nanni RG; Williams RL; Lu X; Ding J; Clark AD Jr; Zhang A; Ferris AL; Clark P; et al
TITLE Structure of HIV-1 reverse transcriptase/DNA complex at 7 A resolution showing active site locations.
JOURNAL Nature 357: 85-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Arnon R; Van Regenmortel MH
TITLE Structural basis of antigenic specificity and design of new vaccines.
JOURNAL FASEB J 6: 3265-74 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Arrigo SJ; Heaphy S; Haines JK
TITLE In vivo binding of wild-type and mutant human immunodeficiency virus type 1 Rev proteins: implications for function.
JOURNAL J Virol 66: 5569-75 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ashorn P; Moss B; Berger EA
TITLE Activity of CD4-Pseudomonas exotoxin against cells expressing diverse forms of the HIV and SIV envelope glycoproteins.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 70-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Astrin SM; Laurence J
TITLE Human immunodeficiency virus activates c-myc and Epstein Barr virus in human B lymphocytes.
JOURNAL Ann N Y Acad Sci 651: 422-32 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Astrin SM; Schattner E; Laurence J; Lebman RI; Rodriguez-Alfageme C
TITLE Does HIV infection of B lymphocytes initiate AIDS lymphoma? Detection by PCR of viral sequences in lymphoma tissue.
JOURNAL Curr Top Microbiol Immunol 182: 399-407 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Atassi H; Atassi MZ
TITLE HIV envelope protein is recognized as an alloantigen by human DR specific alloreactive T cells.
JOURNAL Hum Immunol 34: 31-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Atkinson B; Liu ZQ; Wood C
TITLE Use of bacterial trpE fusion vectors to express and characterize the bovine immunodeficiency-like virus core protein.
JOURNAL J Virol Methods 36: 35-49 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Aubin JT; Poirel L; Agut H; Huraux JM; Bignozzi C; Brossard Y; Mulliez N; Roume J; Lecuru F; Taurelle R
TITLE Intrauterine transmission of human herpesvirus 6 [letter]
JOURNAL Lancet 340: 482-3 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Aubry P; Niyongabo T; Nizigiye J; Muhirwa G; Kamanfu G; Ndahiragije A; Kinigi J
TITLE [Bacteremia caused by non-typhoid Salmonellas during an infection by the human immunodeficiency virus (HIV) in the African adult]
JOURNAL Med Trop (Mars) 52: 447-50 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Audouin J; Diebold J; Pallesen G
TITLE Frequent expression of Epstein-Barr virus latent membrane protein-1 in tumour cells of Hodgkin's disease in HIV-positive patients.
JOURNAL J Pathol 167: 381-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Aullo P; Alcami J; Popoff MR; Klatzmann DR; Murphy JR; Boquet P
TITLE A recombinant diphtheria toxin related human CD4 fusion protein specifically kills HIV infected cells which express gp120 but selects fusion toxin resistant cells which carry HIV.
JOURNAL EMBO J 11: 575-83 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Austermann S; Kruhoffer M; Grosse F
TITLE Inhibition of human immunodeficiency virus type 1 reverse transcriptase by 3'-blocked oligonucleotide primers.
JOURNAL Biochem Pharmacol 43: 2581-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Avrameas A; Guillet JG; Chouchane L; Moraillon A; Sonigo P; Strosberg AD
TITLE Localisation of three epitopes of the env protein of feline immunodeficiency virus.
JOURNAL Mol Immunol 29: 565-72 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Baba M; Shigeta S; Tanaka H; Miyasaka T; Ubasawa M; Umezu K; Walker RT; Pauwels R; De Clercq E
TITLE Highly potent and selective inhibition of HIV-1 replication by 6-phenylthiouracil derivatives.
JOURNAL Antiviral Res 17: 245-64 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bagasra O; Khalili K; Seshamma T; Taylor JP; Pomerantz RJ
TITLE TAR-independent replication of human immunodeficiency virus type 1 in glial cells.
JOURNAL J Virol 66: 7522-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bagasra O; Wright SD; Seshamma T; Oakes JW; Pomerantz RJ
TITLE CD14 is involved in control of human immunodeficiency virus type 1 expression in latently infected cells by lipopolysaccharide.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 6285-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bagnarelli P; Menzo S; Valenza A; Manzin A; Giacca M; Ancarani F; Scalise G; Varaldo PE; Clementi M
TITLE Molecular profile of human immunodeficiency virus type 1 infection in symptomless patients and in patients with AIDS.
JOURNAL J Virol 66: 7328-35 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bailey JM; Lightfoote M
TITLE A drug-sensitizing RNA interaction of HIV-1 reverse transcriptase.
JOURNAL Biochem Soc Trans 20: 164S (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bakhanashvili M; Hizi A
TITLE Fidelity of the reverse transcriptase of human immunodeficiency virus type 2.
JOURNAL FEBS Lett 306: 151-6 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bakhanashvili M; Hizi A
TITLE Fidelity of the RNA-dependent DNA synthesis exhibited by the reverse transcriptases of human immunodeficiency virus types 1 and 2 and of murine leukemia virus: mispair extension frequencies.
JOURNAL Biochemistry 31: 9393-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bakhanashvili M; Hizi A
TITLE A possible role for cysteine residues in the fidelity of DNA synthesis exhibited by the reverse transcriptases of human immunodeficiency viruses type 1 and type 2.
JOURNAL FEBS Lett 304: 289-93 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Baldari CT; Macchia G; Massone A; Telford JL
TITLE p21ras contributes to HIV-1 activation in T-cells.
JOURNAL FEBS Lett 304: 261-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ball HL; Mascagni P
TITLE Purification of synthetic peptides using reversible chromatographic probes based on the Fmoc molecule.
JOURNAL Int J Pept Protein Res 40: 370-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ball JK; Desselberger U
TITLE The use of uracil-N-glycosylase in the preparation of PCR products for direct sequencing.
JOURNAL Nucleic Acids Res 20: 3255 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ball JK; Desselberger U
TITLE Incorporation of single-stranded DNA binding protein early in polymerase chain reaction product sequencing reactions prevents enzyme pausing.
JOURNAL Anal Biochem 207: 349-51 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ballerini P; Gaidano G; Gong J; Tassi V; Saglio G; Knowles DM; Dalla-Favera R
TITLE Molecular pathogenesis of HIV-associated lymphomas.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 731-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Balzarini J; Perez-Perez MJ; San-Felix A; Camarasa MJ; Bathurst IC; Barr PJ; De Clercq E
TITLE Kinetics of inhibition of human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) reverse transcriptase by the novel HIV-1-specific nucleoside analogue [2',5'-bis-O-(tert-butyldimethylsilyl) -beta-D-ribofuranosyl] -3'-spiro-5 "-(4"-amino-1",2"-oxathiole-2",2"-dioxide)thymine (TSAO-T).
JOURNAL J Biol Chem 267: 11831-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Balzarini J; Perez-Perez MJ; San-Felix A; Schols D; Perno CF; Vandamme AM; Camarasa MJ; De Clercq E
TITLE 2',5'-Bis-O-(tert-butyldimethylsilyl) -3'-spiro-5''- (4''-amino-1'',2''-oxathiole-2'', 2''-dioxide)pyrimidine (TSAO) nucleoside analogues: highlyselective inhibitors of human immunodeficiency virus type 1 that are targeted at the viral reverse transcriptase.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 4392-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bamborschke S; Wullen T; Huber M; Neveling M; Baldamus CA; Korn K; Jahn G
TITLE Early diagnosis and successful treatment of acute cytomegalovirus encephalitis in a renal transplant recipient.
JOURNAL J Neurol 239: 205-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Banda NK; Bernier J; Kurahara DK; Kurrle R; Haigwood N; Sekaly RP; Finkel TH
TITLE Crosslinking CD4 by human immunodeficiency virus gp120 primes T cells for activation-induced apoptosis.
JOURNAL J Exp Med 176: 1099-106 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Banerjee R; Bekesi JG; Tarcsafalvi A; Sperber K; Deak G; Choi HS; Paronetto F; Holland JF; Acs G
TITLE Productive nonlytic human immunodeficiency virus type 1 replication in a newly established human leukemia cell line.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 9996-10000 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Banki K; Maceda J; Hurley E; Ablonczy E; Mattson DH; Szegedy L; Hung C; Perl A
TITLE Human T-cell lymphotropic virus (HTLV)-related endogenous sequence, HRES-1, encodes a 28-kDa protein: a possible autoantigen for HTLV-I gag-reactive autoantibodies.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 1939-43 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Barbas CF 3d; Bjorling E; Chiodi F; Dunlop N; Cababa D; Jones TM; Zebedee SL; Persson MA; Nara PL; Norrby E; et al
TITLE Recombinant human Fab fragments neutralize human type 1 immunodeficiency virus in vitro.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 9339-43 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Barbas CF 3d; Crowe JE Jr; Cababa D; Jones TM; Zebedee SL; Murphy BR; Chanock RM; Burton DR
TITLE Human monoclonal Fab fragments derived from a combinatorial library bind to respiratory syncytial virus F glycoprotein and neutralize infectivity.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 10164-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bardos TJ; Schinazi RF; Ling KH; Heider AR
TITLE Structure-activity relationships and mode of action of 5-mercapto-substituted oligo- and polynucleotides as antitemplates inhibiting replication of human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL Antimicrob Agents Chemother 36: 108-14 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Barillari G; Buonaguro L; Fiorelli V; Hoffman J; Michaels F; Gallo RC; Ensoli B
TITLE Effects of cytokines from activated immune cells on vascular cell growth and HIV-1 gene expression. Implications for AIDS-Kaposi's sarcoma pathogenesis.
JOURNAL J Immunol 149: 3727-34 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bass HZ; Hardy WD; Mitsuyasu RT; Wang YX; Cumberland W; Fahey JL
TITLE Eleven lymphoid phenotypic markers in HIV infection: selective changes induced by zidovudine treatment.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 890-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Basu A; Ahluwalia KK; Basu S; Modak MJ
TITLE Identification of the primer binding domain in human immunodeficiency virus reverse transcriptase.
JOURNAL Biochemistry 31: 616-23 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Batey RT; Inada M; Kujawinski E; Puglisi JD; Williamson JR
TITLE Preparation of isotopically labeled ribonucleotides for multidimensional NMR spectroscopy of RNA.
JOURNAL Nucleic Acids Res 20: 4515-23 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Batinic D; Robey FA
TITLE The V3 region of the envelope glycoprotein of human immunodeficiency virus type 1 binds sulfated polysaccharides and CD4-derived synthetic peptides.
JOURNAL J Biol Chem 267: 6664-71 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Battles JK; Hu MY; Rasmussen L; Tobin GJ; Gonda MA
TITLE Immunological characterization of the gag gene products of bovine immunodeficiency virus.
JOURNAL J Virol 66: 6868-77 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Baunoch DA; Das P; Browning ME; Hari V
TITLE R-ELISA: repeated use of antigen-coated plates for ELISA and its application for testing of antibodies to HIV and other pathogens.
JOURNAL Biotechniques 12: 412-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Baur A; Vornhagen R; Korn K; Sonneborn HH; Eberlein B; Harrer T; Brockhaus W; Jahn G
TITLE Viral culture and p24 antigenemia of human immunodeficiency virus (HIV)-infected individuals correlated with antibody profiles determined with recombinant polypeptides of all HIV-1 open-reading frames.
JOURNAL J Infect Dis 165: 419-26 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Baylor NW; Fu T; Yan YD; Ruscetti FW
TITLE Inhibition of human T cell leukemia virus by the plant flavonoid baicalin (7-glucuronic acid, 5,6-dihydroxyflavone).
JOURNAL J Infect Dis 165: 433-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Beardsley T
TITLE Paradise lost? Microbes mount a comeback as drug resistance spreads [news]
JOURNAL Sci Am 267: 18-20 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bebenek K; Roberts JD; Kunkel TA
TITLE The effects of dNTP pool imbalances on frameshift fidelity during DNA replication.
JOURNAL J Biol Chem 267: 3589-96 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Beck-Sague C; Dooley SW; Hutton MD; Otten J; Breeden A; Crawford JT; Pitchenik AE; Woodley C; Cauthen G; Jarvis WR
TITLE Hospital outbreak of multidrug-resistant Mycobacterium tuberculosis infections. Factors in transmission to staff and HIV-infected patients.
JOURNAL JAMA 268: 1280-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Becker Y
TITLE Computer analysis of the amino acid sequences in gp41 of apathogenic African green monkey (AGM) virus, less pathogenic HIV-2 and highly pathogenic SIV and HIV-1 lentiviruses.
JOURNAL Virus Genes 6: 319-32 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Becker Y
TITLE Computer predictions of functional, topogenic, and antigenic domains in human immunodeficiency virus-2 envelope glycoprotein.
JOURNAL Virus Genes 6: 79-93 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bednarik DP; Folks TM
TITLE Mechanisms of HIV-1 latency [editorial]
JOURNAL AIDS 6: 3-16 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Beimling P; Moelling K
TITLE Direct interaction of CREB protein with 21 bp Tax-response elements of HTLV-ILTR.
JOURNAL Oncogene 7: 257-62 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Belinky A; Fernandez A
TITLE Preservation of a kinetically originated folding of the cis antirepressor sequence for transport of HIV-1 viral RNA.
JOURNAL Biophys Chem 42: 1-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bell SJ; Cooper DA; Kemp BE; Doherty RR; Penny R
TITLE Definition of an immunodominant T cell epitope contained in the envelope gp41 sequence of HIV-1.
JOURNAL Clin Exp Immunol 87: 37-45 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ben-Artzi H; Zeelon E; Gorecki M; Panet A
TITLE Double-stranded RNA-dependent RNase activity associated with human immunodeficiency virus type 1 reverse transcriptase.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 927-31 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Benedetto A; Di Caro A; Camporiondo MP; Gallone D; Zaniratti S; Tozzi V; Elia G
TITLE Identification of a CD21 receptor-deficient, non-Ig-secreting peripheral B lymphocyte subset in HIV-seropositive drug abusers.
JOURNAL Clin Immunol Immunopathol 62: 139-47 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Benichou S; Legrand R; Nakagawa N; Faure T; Traincard F; Vogt G; Dormont D; Tiollais P; Kieny MP; Madaule P
TITLE Identification of a neutralizing domain in the external envelope glycoprotein of simian immunodeficiency virus.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1165-70 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Beninati S; Mukherjee AB
TITLE A novel transglutaminase-catalyzed posttranslational modification of HIV-1 aspartyl protease.
JOURNAL Biochem Biophys Res Commun 187: 1211-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Benjamin D; Knobloch TJ; Dayton MA
TITLE Human B-cell interleukin-10: B-cell lines derived from patients with acquired immunodeficiency syndrome and Burkitt's lymphoma constitutively secrete large quantities of interleukin-10.
JOURNAL Blood 80: 1289-98 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Benjouad A; Gluckman JC; Rochat H; Montagnier L; Bahraoui E
TITLE Influence of carbohydrate moieties on the immunogenicity of human immunodeficiency virus type 1 recombinant gp160.
JOURNAL J Virol 66: 2473-83 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Benvenisty N; Ornitz DM; Bennett GL; Sahagan BG; Kuo A; Cardiff RD; Leder P
TITLE Brain tumours and lymphomas in transgenic mice that carry HTLV-I LTR/c-myc and Ig/tax genes.
JOURNAL Oncogene 7: 2399-405 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Berger EA; Sisler JR; Earl PL
TITLE Human immunodeficiency virus type 1 envelope glycoprotein molecules containing membrane fusion-impairing mutations in the V3 region efficiently undergo soluble CD4-stimulated gp120 release.
JOURNAL J Virol 66: 6208-12 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bergeron L; Sullivan N; Sodroski J
TITLE Target cell-specific determinants of membrane fusion within the human immunodeficiency virus type 1 gp120 third variable region and gp41 amino terminus.
JOURNAL J Virol 66: 2389-97 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bergstrom DE; Mott AW; De Clercq E; Balzarini J; Swartling DJ
TITLE 3',3'-Difluoro -3'-deoxythymidine: comparison of anti-HIV activity to 3'-fluoro-3' -deoxythymidine.
JOURNAL J Med Chem 35: 3369-72 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Berkhout B
TITLE Structural features in TAR RNA of human and simian immunodeficiency viruses: a phylogenetic analysis.
JOURNAL Nucleic Acids Res 20: 27-31 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Berkhout B; Jeang KT
TITLE Functional roles for the TATA promoter and enhancers in basal and Tat-induced expression of the human immunodeficiency virus type 1 long terminal repeat.
JOURNAL J Virol 66: 139-49 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Berman PW; Matthews TJ; Riddle L; Champe M; Hobbs MR; Nakamura GR; Mercer J; Eastman DJ; Lucas C; Langlois AJ; et al
TITLE Neutralization of multiple laboratory and clinical isolates of human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) by antisera raised against gp120 from the MN isolate of HIV-1.
JOURNAL J Virol 66: 4464-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Berneman ZN; Gartenhaus RB; Reitz MS Jr; Blattner WA; Manns A; Hanchard B; Ikehara O; Gallo RC; Klotman ME
TITLE Expression of alternatively spliced human T-lymphotropic virus type I pX mRNA in infected cell lines and in primary uncultured cells from patients with adult T-cell leukemia/lymphoma and healthy carriers.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 3005-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Berneman ZN; Gartenhaus RB; Reitz MS Jr; Klotman ME; Gallo RC
TITLE cDNA sequencing confirms HTLV-I expression in adult T-cell leukemia/lymphoma and different sequence variations in vivo and in vitro.
JOURNAL Leukemia 6 Suppl 3: 67S-71S (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bevec D; Dobrovnik M; Hauber J; Bohnlein E
TITLE Inhibition of human immunodeficiency virus type 1 replication in human T cells by retroviral-mediated gene transfer of a dominant-negative Rev trans-activator.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 9870-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bhigjee AI; Bill PL; Hammond MG; Windsor IM
TITLE HLA profile and HTLV-I associated myelopathy (HAM/TSP) in Natal, South Africa [letter]
JOURNAL J Neurol Neurosurg Psychiatry 55: 329-30 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bhikhabhai R; Joelson T; Unge T; Strandberg B; Carlsson T; Lovgren S
TITLE Purification, characterization and crystallization of recombinant HIV-1 reverse transcriptase.
JOURNAL J Chromatogr 604: 157-70 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Biemans R; Thines D; Gheysen D; Rutgers T; Cabezon T
TITLE Subcellular localization of recombinant truncated Gag precursor proteins of HIV expressed in Saccharomyces cerevisiae.
JOURNAL AIDS 6: 541-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bigornia E; Simon D; Weiss LM; Jones J; Tanowitz H; Wittner M; Lyman W
TITLE Detection of HIV-1 protein and nucleic acid in enterochromaffin cells of HIV-1-seropositive patients.
JOURNAL Am J Gastroenterol 87: 1624-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bills ND; Hinrichs SH; Morgan R; Clifford AJ
TITLE Delayed tumor onset in transgenic mice fed a low-folate diet.
JOURNAL J Natl Cancer Inst 84: 332-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bird C; Gleeson PA; Ramsay A; Li P; McCluskey J
TITLE Stable expression of the human immunodeficiency virus type 1 envelope glycoprotein in transfected L cells.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1999-2009 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bisset LR; Fierz W
TITLE Areas of sequence homology between several staphylococcal exotoxin "superantigens" and the HIV-1 pol protein [letter]
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1543-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Biswas P; Poli G; Kinter AL; Justement JS; Stanley SK; Maury WJ; Bressler P; Orenstein JM; Fauci AS
TITLE Interferon gamma induces the expression of human immunodeficiency virus in persistently infected promonocytic cells (U1) and redirects the production of virions to intracytoplasmic vacuoles in phorbol myristate acetate-differentiated U1 cells.
JOURNAL J Exp Med 176: 739-50 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bjorling E; Goobar-Larsson L; Utter G; Norrby E; Chiodi F
TITLE Four distinct antigenic regions are present in the primary structure of HIV-1 and HIV-2 proteinases.
JOURNAL AIDS 6: 157-63 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Blackbourn DJ; Chuang LF; Sutjipto S; Killam KF Jr; McCready PM; Doi RH; Li Y; Chuang RY
TITLE Detection of simian immunodeficiency virus RNA from infected rhesus macaques by the polymerase chain reaction.
JOURNAL J Virol Methods 37: 109-17 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Blaha I; Tozser J; Kim Y; Copeland TD; Oroszlan S
TITLE Solid phase synthesis of the proteinase of bovine leukemia virus. Comparison of its specificity to that of HIV-2 proteinase.
JOURNAL FEBS Lett 309: 389-93 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Blanchard AD; Powell R; Braddock M; Kingsman AJ; Kingsman SM
TITLE An adenosine at position 27 in the human immunodeficiency virus type 1 trans-activation response element is not critical for transcriptional or translational activation by Tat.
JOURNAL J Virol 66: 6769-72 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Blazquez MV; Madueno JA; Gonzalez R; Jurado R; Bachovchin WW; Pena J; Munoz E
TITLE Selective decrease of CD26 expression in T cells from HIV-1-infected individuals.
JOURNAL J Immunol 149: 3073-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Blomberg J; Robert-Guroff M; Blattner WA; Pipkorn R
TITLE Type- and group-specific continuous antigenic determinants of HTLV. Use of synthetic peptides for serotyping of HTLV-I and -II infection.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 294-302 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Blumberg B; Epstein L; de Ronde A; Goudsmit J
TITLE HIV1 3' ORF is open in pathological tissue and accelerates viral replication in primary lymphocytes.
JOURNAL Res Virol 143: 63-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Blumberg BM; Epstein LG; Saito Y; Chen D; Sharer LR; Anand R
TITLE Human immunodeficiency virus type 1 nef quasispecies in pathological tissue.
JOURNAL J Virol 66: 5256-64 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Boeri E; Giri A; Lillo F; Ferrari G; Varnier OE; Ferro A; Sabbatani S; Saxinger WC; Franchini G
TITLE In vivo genetic variability of the human immunodeficiency virus type 2 V3 region.
JOURNAL J Virol 66: 4546-50 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bogerd HP; Tiley LS; Cullen BR
TITLE Specific binding of the human T-cell leukemia virus type I Rex protein to a short RNA sequence located within the Rex-response element.
JOURNAL J Virol 66: 7572-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bohan CA; Kashanchi F; Ensoli B; Buonaguro L; Boris-Lawrie KA; Brady JN
TITLE Analysis of Tat transactivation of human immunodeficiency virus transcription in vitro.
JOURNAL Gene Expr 2: 391-407 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bohm HJ
TITLE LUDI: rule-based automatic design of new substituents for enzyme inhibitor leads.
JOURNAL J Comput Aided Mol Des 6: 593-606 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bolmstedt A; Olofsson S; Sjogren-Jansson E; Jeansson S; Sjoblom I; Akerblom L; Hansen JE; Hu SL
TITLE Carbohydrate determinant NeuAc-Gal beta (1-4) of N-linked glycans modulates the antigenic activity of human immunodeficiency virus type 1 glycoprotein gp120.
JOURNAL J Gen Virol 73 (Pt 12): 3099-105 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bonfils E; Depierreux C; Midoux P; Thuong NT; Monsigny M; Roche AC
TITLE Drug targeting: synthesis and endocytosis of oligonucleotide-neoglycoprotein conjugates.
JOURNAL Nucleic Acids Res 20: 4621-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bootman JS; Kitchin PA
TITLE An international collaborative study to assess a set of reference reagents for HIV-1 PCR.
JOURNAL J Virol Methods 37: 23-41 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bordier B; Helene C; Barr PJ; Litvak S; Sarih-Cottin L
TITLE In vitro effect of antisense oligonucleotides on human immunodeficiency virus type 1 reverse transcription.
JOURNAL Nucleic Acids Res 20: 5999-6006 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bordin JO; Kerbauy J; Souza-Pinto JC; Conti E; Accetturi CA; Kishiwada MA; Novo NF; Castelo A
TITLE Quantitation of red cell-bound IgG by an enzyme-linked antiglobulin test in human immunodeficiency virus-infected persons.
JOURNAL Transfusion 32: 426-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Borensztein L; Hatin I; Simonpoli AM; Ugarte E; Girard PM; Jaureguiberry G
TITLE An alternative to DNA extraction for the diagnosis of Pneumocystis carinii pneumonia by polymerase chain reaction using a new oligonucleotide probe.
JOURNAL Mol Cell Probes 6: 361-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Boris-Lawrie KA; Brady JN; Kumar A
TITLE Sequences within the R region of the long terminal repeat activate basal transcription from the HIV-1 promoter.
JOURNAL Gene Expr 2: 215-30 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Borkowsky W; Moore T; Krasinski K; Ajuang-Simbiri KO; Holzman R
TITLE Evolution of phenotypic memory T cells in HIV-1 infected infants and children.
JOURNAL Clin Immunol Immunopathol 63: 280-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bosselut R; Lim F; Romond PC; Frampton J; Brady J; Ghysdael J
TITLE Myb protein binds to multiple sites in the human T cell lymphotropic virus type 1 long terminal repeat and transactivates LTR-mediated expression.
JOURNAL Virology 186: 764-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bottger EC; Teske A; Kirschner P; Bost S; Chang HR; Beer V; Hirschel B
TITLE Disseminated "Mycobacterium genavense" infection in patients with AIDS.
JOURNAL Lancet 340: 76-80 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Boucher CA
TITLE Clinical significance of zidovudine-resistant human immunodeficiency viruses.
JOURNAL Res Virol 143: 134-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Boucher CA; Lange JM
TITLE HIV-1 sensitivity to zidovudine and clinical outcome [letter]
JOURNAL Lancet 339: 626 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Boucher CA; Lange JM; Miedema FF; Weverling GJ; Koot M; Mulder JW; Goudsmit J; Kellam P; Larder BA; Tersmette M
TITLE HIV-1 biological phenotype and the development of zidovudine resistance in relation to disease progression in asymptomatic individuals during treatment.
JOURNAL AIDS 6: 1259-64 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Boucher CA; O'Sullivan E; Mulder JW; Ramautarsing C; Kellam P; Darby G; Lange JM; Goudsmit J; Larder BA
TITLE Ordered appearance of zidovudine resistance mutations during treatment of 18 human immunodeficiency virus-positive subjects.
JOURNAL J Infect Dis 165: 105-10 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Boudet F; Girard M; Theze J; Zouali M
TITLE Antibodies of HIV-1 positive subjects and experimentally immunized primates and rodents bind to sequence divergent regions of the third variable domain (V3) of gp120.
JOURNAL Int Immunol 4: 283-94 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bourgault I; Venet A; Levy JP
TITLE Three epitopic peptides of the simian immunodeficiency virus Nef protein recognized by macaque cytolytic T lymphocytes.
JOURNAL J Virol 66: 750-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bournique B; Akar A; Broly H; Ajana F; Counis R; Scholler R
TITLE Detection of HIV-1 infections by PCR: evaluation in a seropositive subject population.
JOURNAL Mol Cell Probes 6: 443-50 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bowen JC; Daniel S; Rouse BT
TITLE Virus infections and cytokines: can we manage the interactions?
JOURNAL Int Rev Immunol 8: 33-41 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Boyer JC; Bebenek K; Kunkel TA
TITLE Unequal human immunodeficiency virus type 1 reverse transcriptase error rates with RNA and DNA templates.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 6919-23 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Boyer PL; Ferris AL; Hughes SH
TITLE Mutational analysis of the fingers domain of human immunodeficiency virus type 1 reverse transcriptase.
JOURNAL J Virol 66: 7533-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Boyer PL; Ferris AL; Hughes SH
TITLE Cassette mutagenesis of the reverse transcriptase of human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL J Virol 66: 1031-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Boyle MJ; Sculley TB; Cooper DA; Turner JJ; Penny R; Sewell WA
TITLE Epstein-Barr virus and HIV play no direct role in persistent generalized lymphadenopathy syndrome.
JOURNAL Clin Exp Immunol 87: 357-61 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bracci L; Lozzi L; Rustici M; Neri P
TITLE Binding of HIV-1 gp120 to the nicotinic receptor.
JOURNAL FEBS Lett 311: 115-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Brack-Werner R; Kleinschmidt A; Ludvigsen A; Mellert W; Neumann M; Herrmann R; Khim MC; Burny A; Muller-Lantzsch N; Stavrou D; et al
TITLE Infection of human brain cells by HIV-1: restricted virus production in chronically infected human glial cell lines.
JOURNAL AIDS 6: 273-85 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bradac J; Ho D
TITLE Summary of the Antigenic Variation Working Group.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1419-21 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Brady JN
TITLE "Extracellular Tax1 protein stimulates NF-kB and expression of NF-kB-responsive Ig kappa and TNF beta genes in lymphoid cells".
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 724-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Braun MM; Kilburn JO; Smithwick RW; Coulibaly IM; Coulibaly D; Silcox VA; Gnaore E; Adjorlolo G; De Cock KM
TITLE HIV infection and primary resistance to antituberculosis drugs in Abidjan, Cote d'Ivoire.
JOURNAL AIDS 6: 1327-30 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bray DH; Squire SB; Bagdades E; Mulvenna PM; Johnson MA; Poulter LW
TITLE Alveolar macrophage populations are distorted in immunocompromised patients with pneumonitis.
JOURNAL Eur Respir J 5: 545-52 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Brettler DB; Somasundaran M; Forsberg AF; Krause E; Sullivan JL
TITLE Silent human immunodeficiency virus type 1 infection: a rare occurrence in a high-risk heterosexual population.
JOURNAL Blood 80: 2396-400 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Brinchmann JE; Gaudernack G; Thorsby E; Vartdal F
TITLE Staphylococcal exotoxin superantigens induce human immunodeficiency virus type 1 expression in naturally infected CD4+ T cells.
JOURNAL J Virol 66: 5924-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Brinkworth RI; Fairlie DP
TITLE Non-peptidic anti-AIDS agents: inhibition of HIV-1 proteinase by disulfonates.
JOURNAL Biochem Biophys Res Commun 188: 624-30 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Brinkworth RI; Stoermer MJ; Fairlie DP
TITLE Flavones are inhibitors of HIV-1 proteinase.
JOURNAL Biochem Biophys Res Commun 188: 631-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Broder S; Karp JE
TITLE The expanding challenge of HIV-associated malignancies.
JOURNAL CA Cancer J Clin 42: 69-73 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Broliden PA; von Gegerfelt A; Clapham P; Rosen J; Fenyo EM; Wahren B; Broliden K
TITLE Identification of human neutralization-inducing regions of the human immunodeficiency virus type 1 envelope glycoproteins.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 461-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Brondz BD; Zaitseva MB; Kozhich AT; Moshnikov SA; Makarova OD; Frolova EA
TITLE [Mechanisms of immunodeficiency in HIV infection and ways of overcoming it]
JOURNAL Genetika 28: 19-26 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Brookes SM; Pandolfino YA; Mitchell TJ; Venables PJ; Shattles WG; Clark DA; Entwistle A; Maini RN
TITLE The immune response to and expression of cross-reactive retroviral gag sequences in autoimmune disease.
JOURNAL Br J Rheumatol 31: 735-42 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Brouqui P; Bollet C; Delmont J; Bourgeade A
TITLE Diagnosis of progressive multifocal leucoencephalopathy by PCR detection of JC virus from CSF [letter]
JOURNAL Lancet 339: 1182 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Brown R; Meldrum C; Cousins S
TITLE Are sense-antisense peptide interactions between HIV-1 (gp120), CD4, and the proto oncogene product p56lck important?
JOURNAL Med Hypotheses 38: 322-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bruisten SM; Koppelman MH; Dekker JT; Bakker M; de Goede RE; Roos MT; de Wolf F; Coutinho RA; Goudsmit J; Huisman HG
TITLE Concordance of human immunodeficiency virus detection by polymerase chain reaction and by serologic assays in a Dutch cohort of seronegative homosexual men.
JOURNAL J Infect Dis 166: 620-2 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Brun-Vezinet F; Fleury H
TITLE HIV1 sensitivity to zidovudine: need for phenotypic analysis. French Antiretroviral Drug Resistance Working Group.
JOURNAL Res Virol 143: 132-3 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Brustle O; Spiegel H; Leib SL; Finn T; Stein H; Kleihues P; Wiestler OD
TITLE Distribution of human immunodeficiency virus (HIV) in the CNS of children with severe HIV encephalomyelopathy.
JOURNAL Acta Neuropathol (Berl) 84: 24-31 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bryant ML; Ratner L
TITLE Biology and molecular biology of human immunodeficiency virus.
JOURNAL Pediatr Infect Dis J 11: 390-400 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bryson YJ; Luzuriaga K; Sullivan JL; Wara DW
TITLE Proposed definitions for in utero versus intrapartum transmission of HIV-1 [letter]
JOURNAL N Engl J Med 327: 1246-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Buchschacher GL Jr; Freed EO; Panganiban AT
TITLE Cells induced to express a human immunodeficiency virus type 1 envelope gene mutant inhibit the spread of wild-type virus.
JOURNAL Hum Gene Ther 3: 391-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Buchschacher GL Jr; Panganiban AT
TITLE Human immunodeficiency virus vectors for inducible expression of foreign genes.
JOURNAL J Virol 66: 2731-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bukrinsky MI; Sharova N; Dempsey MP; Stanwick TL; Bukrinskaya AG; Haggerty S; Stevenson M
TITLE Active nuclear import of human immunodeficiency virus type 1 preintegration complexes.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 6580-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Buonaguro L; Barillari G; Chang HK; Bohan CA; Kao V; Morgan R; Gallo RC; Ensoli B
TITLE Effects of the human immunodeficiency virus type 1 Tat protein on the expression of inflammatory cytokines.
JOURNAL J Virol 66: 7159-67 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Burke CJ; Sanyal G; Bruner MW; Ryan JA; LaFemina RL; Robbins HL; Zeft AS; Middaugh CR; Cordingley MG
TITLE Structural implications of spectroscopic characterization of a putative zinc finger peptide from HIV-1 integrase.
JOURNAL J Biol Chem 267: 9639-44 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Burke DS
TITLE Human HIV vaccine trials: does antibody-dependent enhancement pose a genuine risk?
JOURNAL Perspect Biol Med 35: 511-30 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Burnette B; Kahn R; Glover CJ; Felsted RL
TITLE Bacterial expression, purification, and in vitro N-myristoylation of HIV-1 p17gag.
JOURNAL Protein Expr Purif 3: 395-402 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Burton DR
TITLE Human monoclonal antibodies: achievement and potential.
JOURNAL Hosp Pract (Off Ed) 27: 67-74 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Busch MP; Henrard DR; Hewlett IK; Mehaffey WF; Epstein JS; Allain JP; Lee TH; Mosley JW
TITLE Poor sensitivity, specificity, and reproducibility of detection of HIV-1 DNA in serum by polymerase chain reaction. The Transfusion Safety Study Group.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 872-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Buseyne F; McChesney M; Porrot F; Sansonnetti P; Blanche S; Riviere Y
TITLE [The cellular immunity response to the gag protein of HIV-1]
JOURNAL Ann Rech Vet 23: 330-1 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bush CE; Di Michele LJ; Peterson WR; Sherman DG; Godsey JH
TITLE Solid-phase time-resolved fluorescence detection of human immunodeficiency virus polymerase chain reaction amplification products.
JOURNAL Anal Biochem 202: 146-51 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bush CE; Donovan RM; Peterson WR; Jennings MB; Bolton V; Sherman DG; Vanden Brink KM; Beninsig LA; Godsey JH
TITLE Detection of human immunodeficiency virus type 1 RNA in plasma samples from high-risk pediatric patients by using the self-sustained sequence replication reaction.
JOURNAL J Clin Microbiol 30: 281-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Bushman FD; Craigie R
TITLE Integration of human immunodeficiency virus DNA: adduct interference analysis of required DNA sites.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 3458-62 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Busillo CP; Lessnau KD; Sanjana V; Soumakis S; Davidson M; Mullen MP; Talavera W
TITLE Multidrug resistant Mycobacterium tuberculosis in patients with human immunodeficiency virus infection.
JOURNAL Chest 102: 797-801 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Buttke TM; Folks TM
TITLE Complete replacement of membrane cholesterol with 4,4',14-trimethyl sterols in a human T cell line defective in lanosterol demethylation.
JOURNAL J Biol Chem 267: 8819-26 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Caflisch A; Niederer P; Anliker M
TITLE Monte Carlo docking of oligopeptides to proteins.
JOURNAL Proteins 13: 223-30 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Calenda V; Sebahoun G; Chermann JC
TITLE Modulation of normal human erythropoietic progenitor cells in long-term liquid cultures after HIV-1 infection.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 61-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Calenda V; Tamalet C; Chermann JC
TITLE Transient stimulation of granulopoiesis and drastic inhibition of erythropoiesis in HIV-2-infected long-term liquid bone marrow cultures.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 1148-57 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Callahan LN; Roderiquez G; Mallinson M; Norcross MA
TITLE Analysis of HIV-induced autoantibcdies to cryptic epitopes on human CD4.
JOURNAL J Immunol 149: 2194-202 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cameron CE; Grinde B; Jentoft J; Leis J; Weber IT; Copeland TD; Wlodawer A
TITLE Mechanism of inhibition of the retroviral protease by a Rous sarcoma virus peptide substrate representing the cleavage site between the gag p2 and p10 proteins.
JOURNAL J Biol Chem 267: 23735-41 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cameron PU; Forsum U; Teppler H; Granelli-Piperno A; Steinman RM
TITLE During HIV-1 infection most blood dendritic cells are not productively infected and can induce allogeneic CD4+ T cells clonal expansion.
JOURNAL Clin Exp Immunol 88: 226-36 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cameron PU; Freudenthal PS; Barker JM; Gezelter S; Inaba K; Steinman RM
TITLE Dendritic cells exposed to human immunodeficiency virus type-1 transmit a vigorous cytopathic infection to CD4+ T cells.
JOURNAL Science 257: 383-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cann AJ; Churcher MJ; Boyd M; O'Brien W; Zhao JQ; Zack J; Chen IS
TITLE The region of the envelope gene of human immunodeficiency virus type 1 responsible for determination of cell tropism.
JOURNAL J Virol 66: 305-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cao W; Sullivan C
TITLE Human herpesvirus 6 does not enhance human T cell lymphotropic virus type I (HTLV-I) expression in the HTLV-I-transformed cell line MT4 [letter]
JOURNAL J Infect Dis 166: 446-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Caputo A; Haseltine WA
TITLE Reexamination of the coding potential of the HTLV-1 pX region.
JOURNAL Virology 188: 618-27 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cara A; Pecorara M; Cornaglia-Ferraris P
TITLE Analysis of CD4 gene expression in human fetal brain and neuroblasts.
JOURNAL Cell Mol Neurobiol 12: 131-42 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Carreno BM; Koenig S; Coligan JE; Biddison WE
TITLE The peptide binding specificity of HLA class I molecules is largely allele-specific and non-overlapping.
JOURNAL Mol Immunol 29: 1131-40 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Carroll R; Peterlin BM; Derse D
TITLE Inhibition of human immunodeficiency virus type 1 Tat activity by coexpression of heterologous trans activators.
JOURNAL J Virol 66: 2000-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Caruso M; Klatzmann D
TITLE Selective killing of CD4+ cells harboring a human immunodeficiency virus-inducible suicide gene prevents viral spread in an infected cell population.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 182-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Caruso M; Tsikas G; Roussel M; Alizon M; Klatzmann D
TITLE Can diphtheria toxin be used for gene therapy of human immunodeficiency virus infection? [letter]
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1949-50 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Caruso M; Tzikas G; Roussel M; Alizon M; Klatzmann D
TITLE HIV-triggered killing of booby trapped cells prevents viral spread in an HIV-infected cell population.
JOURNAL Bone Marrow Transplant 9 Suppl 1: 187-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cassol S; Rudnik J; Salas T; Montpetit M; Pon RT; Sy CT; Read S; Major C; O'Shaughnessy MV
TITLE Rapid DNA fingerprinting to control for specimen errors in HIV testing by the polymerase chain reaction.
JOURNAL Mol Cell Probes 6: 327-31 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cayota A; Vuillier F; Scott-Algara D; Feuillie V; Dighiero G
TITLE Impaired proliferative capacity and abnormal cytokine profile of naive and memory CD4 T cells from HIV-seropositive patients.
JOURNAL Clin Exp Immunol 88: 478-83 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cefai D; Ferrer M; Serpente N; Idziorek T; Dautry-Varsat A; Debre P; Bismuth G
TITLE Internalization of HIV glycoprotein gp120 is associated with down-modulation of membrane CD4 and p56lck together with impairment of T cell activation.
JOURNAL J Immunol 149: 285-94 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cenacchi G; Re MC; Preda P; Pasquinelli G; Furlini G; Apkarian RP; La Placa M; Martinelli GN
TITLE Human immunodeficiency virus type-1 (HIV-1) infection of endothelial cells in vitro: a virological, ultrastructural and immuno-cytochemical approach.
JOURNAL J Submicrosc Cytol Pathol 24: 155-61 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cernescu C; Ruta S
TITLE Biological roles of HIV Nef proteins. A minireview.
JOURNAL Rev Roum Virol 43: 95-100 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cesarman E; Chadburn A; Inghirami G; Gaidano G; Knowles DM
TITLE Structural and functional analysis of oncogenes and tumor suppressor genes in adult T-cell leukemia/lymphoma shows frequent p53 mutations.
JOURNAL Blood 80: 3205-16 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chamat S; Nara P; Berquist L; Whalley A; Morrow WJ; Kohler H; Kang CY
TITLE Two major groups of neutralizing anti-gp120 antibodies exist in HIV-infected individuals. Evidence for epitope diversity around the CD4 attachment site.
JOURNAL J Immunol 149: 649-54 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chamow SM; Kogan TP; Peers DH; Hastings RC; Byrn RA; Ashkenazi A
TITLE Conjugation of soluble CD4 without loss of biological activity via a novel carbohydrate-directed cross-linking reagent.
JOURNAL J Biol Chem 267: 15916-22 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chan WL; Rodgers A; Hancock RD; Taffs F; Kitchin P; Farrar G; Liew FY
TITLE Protection in simian immunodeficiency virus-vaccinated monkeys correlates with anti-HLA class I antibody response.
JOURNAL J Exp Med 176: 1203-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chance MR; Sagi I; Wirt MD; Frisbie SM; Scheuring E; Chen E; Bess JW Jr; Henderson LE; Arthur LO; South TL; et al
TITLE Extended x-ray absorption fine structure studies of a retrovirus: equine infectious anemia virus cysteine arrays are coordinated to zinc.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 10041-5 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chang YN; Jeang KT
TITLE The basic RNA-binding domain of HIV-2 Tat contributes to preferential trans-activation of a TAR2-containing LTR.
JOURNAL Nucleic Acids Res 20: 5465-72 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chappey C; Hazout S
TITLE A method for delineating structurally homogeneous regions in protein sequences.
JOURNAL Comput Appl Biosci 8: 255-60 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Charneau P; Alizon M; Clavel F
TITLE A second origin of DNA plus-strand synthesis is required for optimal human immunodeficiency virus replication.
JOURNAL J Virol 66: 2814-20 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chatterjee S; Johnson PR; Wong KK Jr
TITLE Dual-target inhibition of HIV-1 in vitro by means of an adeno-associated virus antisense vector.
JOURNAL Science 258: 1485-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chattopadhyay D; Einspahr HM; Brunner DP; Strakalaitis NA; Tarpley WG; Deibel MR Jr
TITLE Resolution of microheterogeneity associated with recombinant HIV-1 heterodimeric reverse transcriptase.
JOURNAL Protein Expr Purif 3: 151-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chattopadhyay D; Evans DB; Deibel MR Jr; Vosters AF; Eckenrode FM; Einspahr HM; Hui JO; Tomasselli AG; Zurcher-Neely HA; Heinrikson RL; et al
TITLE Purification and characterization of heterodimeric human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) reverse transcriptase produced by in vitro processing of p66 with recombinant HIV-1 protease.
JOURNAL J Biol Chem 267: 14227-32 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chaves F; Dronda F; Catalan S; de Rafael L
TITLE [Acute Campylobacter jejuni enterocolitis resistant to quinolones in an HIV-positive patient (letter)]
JOURNAL Enferm Infecc Microbiol Clin 10: 318-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chawla PK; Klapper PJ; Kamholz SL; Pollack AH; Heurich AE
TITLE Drug-resistant tuberculosis in an urban population including patients at risk for human immunodeficiency virus infection [see comments]
JOURNAL Am Rev Respir Dis 146: 280-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cheingsong-Popov R; Callow D; Beddows S; Shaunak S; Wasi C; Kaleebu P; Gilks C; Petrascu IV; Garaev MM; Watts DM; et al
TITLE Geographic diversity of human immunodeficiency virus type 1: serologic reactivity to env epitopes and relationship to neutralization.
JOURNAL J Infect Dis 165: 256-61 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chelucci C; Hassan HJ; Gringeri A; Macioce G; Mariani G; Santagostino E; Testa U; Vulcano F; Mannucci PM; Peschle C
TITLE PCR analysis of HIV-1 sequences and differential immunological features in seronegative and seropositive haemophiliacs.
JOURNAL Br J Haematol 81: 558-67 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chen CJ; Banerjea AC; Harmison GG; Haglund K; Schubert M
TITLE Multitarget-ribozyme directed to cleave at up to nine highly conserved HIV-1 env RNA regions inhibits HIV-1 replication--potential effectiveness against most presently sequenced HIV-1 isolates.
JOURNAL Nucleic Acids Res 20: 4581-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chen H; Boyle TJ; Malim MH; Cullen BR; Lyerly HK
TITLE Derivation of a biologically contained replication system for human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 7678-82 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chen K; Shi Q; Kashiwada Y; Zhang DC; Hu CQ; Jin JQ; Nozaki H; Kilkuskie RE; Tramontano E; Cheng YC; et al
TITLE Anti-aids agents, 6. Salaspermic acid, an anti-HIV principle from Tripterygium wilfordii, and the structure-activity correlation with its related compounds.
JOURNAL J Nat Prod 55: 340-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chen S; Chrusciel RA; Nakanishi H; Raktabutr A; Johnson ME; Sato A; Weiner D; Hoxie J; Saragovi HU; Greene MI; et al
TITLE Design and synthesis of a CD4 beta-turn mimetic that inhibits human immunodeficiency virus envelope glycoprotein gp120 binding and infection of human lymphocytes.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 5872-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chen TR
TITLE Karyotypic derivation of H9 cell line expressing human immunodeficiency virus susceptibility.
JOURNAL J Natl Cancer Inst 84: 1922-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chen W; Lee Y; Wang H; Yu GG; Jiao W; Zhou W; Zeng Y
TITLE Suppression of human nasopharyngeal carcinoma cell growth in nude mice by the wild-type p53 gene.
JOURNAL J Cancer Res Clin Oncol 119: 46-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chen YH; Ebenbichler C; Vornhagen R; Schulz TF; Steindl F; Bock G; Katinger H; Dierich MP
TITLE HIV-1 gp41 contains two sites for interaction with several proteins on the helper T-lymphoid cell line, H9.
JOURNAL AIDS 6: 533-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chen ZW; Shen L; Miller MD; Ghim SH; Hughes AL; Letvin NL
TITLE Cytotoxic T lymphocytes do not appear to select for mutations in an immunodominant epitope of simian immunodeficiency virus gag.
JOURNAL J Immunol 149: 4060-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chen ZW; Yamamoto H; Watkins DI; Levinson G; Letvin NL
TITLE Predominant use of a T-cell receptor V beta gene family in simian immunodeficiency virus Gag-specific cytotoxic T lymphocytes in a rhesus monkey.
JOURNAL J Virol 66: 3913-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cheng SM; Lee SG; Ronchetti-Blume M; Virk KP; Mizutani S; Eichberg JW; Davis A; Hung PP; Hirsch VM; Chanock RM; et al
TITLE Coexpression of the simian immunodeficiency virus Env and Rev proteins by a recombinant human adenovirus host range mutant.
JOURNAL J Virol 66: 6721-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cheng YS; Patterson CE; Rucker RG; Otto MJ; Rizzo CJ; Korant BD
TITLE Molecular characterization of HIV-2 (ROD) protease following PCR cloning from virus infected H9 cells.
JOURNAL Adv Exp Med Biol 312: 83-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cherrington J; Ganem D
TITLE Regulation of polyadenylation in human immunodeficiency virus (HIV): contributions of promoter proximity and upstream sequences.
JOURNAL EMBO J 11: 1513-24 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chesebro B; Wehrly K; Nishio J; Perryman S
TITLE Macrophage-tropic human immunodeficiency virus isolates from different patients exhibit unusual V3 envelope sequence homogeneity in comparison with T-cell-tropic isolates: definition of critical amino acids involved in cell tropism.
JOURNAL J Virol 66: 6547-54 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cheynier R; Langlade-Demoyen P; Marescot MR; Blanche S; Blondin G; Wain-Hobson S; Griscelli C; Vilmer E; Plata F
TITLE Cytotoxic T lymphocyte responses in the peripheral blood of children born to human immunodeficiency virus-1-infected mothers.
JOURNAL Eur J Immunol 22: 2211-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chin DJ
TITLE Inhibition of human immunodeficiency virus type 1 Rev-Rev-response element complex formation by complementary oligonucleotides.
JOURNAL J Virol 66: 600-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chiou SH; Freed EO; Panganiban AT; Kenealy WR
TITLE Studies on the role of the V3 loop in human immunodeficiency virus type 1 envelope glycoprotein function.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1611-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chirmule N; Oyaizu N; Kalyanaraman VS; Pahwa S
TITLE Inhibition of normal B-cell function by human immunodeficiency virus envelope glycoprotein, gp120.
JOURNAL Blood 79: 1245-54 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Choe HR; Sodroski J
TITLE Contribution of charged amino acids in the CDR2 region of CD4 to HIV-1 gp120 binding.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 204-10 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Choppin J; Guillet JG; Levy JP
TITLE HLA class I binding regions of HIV-1 proteins.
JOURNAL Crit Rev Immunol 12: 1-16 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chou KC; Zhang CT
TITLE Diagrammatization of codon usage in 339 human immunodeficiency virus proteins and its biological implication.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1967-76 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chou Q; Russell M; Birch DE; Raymond J; Bloch W
TITLE Prevention of pre-PCR mis-priming and primer dimerization improves low-copy-number amplifications.
JOURNAL Nucleic Acids Res 20: 1717-23 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chow SA; Vincent KA; Ellison V; Brown PO
TITLE Reversal of integration and DNA splicing mediated by integrase of human immunodeficiency virus.
JOURNAL Science 255: 723-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chowdhury M; Taylor JP; Chang CF; Rappaport J; Khalili K
TITLE Evidence that a sequence similar to TAR is important for induction of the JC virus late promoter by human immunodeficiency virus type 1 Tat.
JOURNAL J Virol 66: 7355-61 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Chowdhury MI; Koyanagi Y; Suzuki M; Kobayashi S; Yamaguchi K; Yamamoto N
TITLE Increased production of human immunodeficiency virus (HIV) in HIV-induced syncytia formation: an efficient infection process.
JOURNAL Virus Genes 6: 63-78 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Christian RB; Zuckermann RN; Kerr JM; Wang L; Malcolm BA
TITLE Simplified methods for construction, assessment and rapid screening of peptide libraries in bacteriophage.
JOURNAL J Mol Biol 227: 711-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cichutek K; Merget H; Norley S; Linde R; Kreuz W; Gahr M; Kurth R
TITLE Development of a quasispecies of human immunodeficiency virus type 1 in vivo.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 7365-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ciminale V; Pavlakis GN; Derse D; Cunningham CP; Felber BK
TITLE Complex splicing in the human T-cell leukemia virus (HTLV) family of retroviruses: novel mRNAs and proteins produced by HTLV type I.
JOURNAL J Virol 66: 1737-45 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Clavel F
TITLE [New virological data: replication and persistence of the human immunodeficiency virus]
JOURNAL Rev Prat 42: 142-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Clement JM; Charbit A; Leclerc C; Martineau P; Muir S; O'Callaghan D; Popescu O; Szmelcman S; Hofnung M
TITLE Molecular and cellular targeting in the expression of foreign polypeptides in bacteria.
JOURNAL Antonie Van Leeuwenhoek 61: 143-52 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Clementi M; Manzin A; Bagnarelli P; Menzo S; Varaldo PE; Carloni G
TITLE Human immunodeficiency virus type 1 and hepatitis B virus transcription in peripheral blood lymphocytes from co-infected subjects.
JOURNAL Arch Virol 126: 1-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Clerici M; Giorgi JV; Chou CC; Gudeman VK; Zack JA; Gupta P; Ho HN; Nishanian PG; Berzofsky JA; Shearer GM
TITLE Cell-mediated immune response to human immunodeficiency virus (HIV) type 1 in seronegative homosexual men with recent sexual exposure to HIV-1.
JOURNAL J Infect Dis 165: 1012-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Coates JA; Cammack N; Jenkinson HJ; Mutton IM; Pearson BA; Storer R; Cameron JM; Penn CR
TITLE The separated enantiomers of 2'-deoxy-3'-thiacytidine (BCH 189) both inhibit human immunodeficiency virus replication in vitro.
JOURNAL Antimicrob Agents Chemother 36: 202-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Coffin JM
TITLE Genetic diversity and evolution of retroviruses.
JOURNAL Curr Top Microbiol Immunol 176: 143-64 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cohen DI; Tani Y; Tian H; Boone E; Samelson LE; Lane HC
TITLE Participation of tyrosine phosphorylation in the cytopathic effect of human immunodeficiency virus-1.
JOURNAL Science 256: 542-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cohen J
TITLE Monkey-human viral hybrid is new weapon in AIDS fight [news]
JOURNAL Science 257: 478 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cohen J
TITLE Debate on AIDS origin: Rolling Stone weighs in [news]
JOURNAL Science 255: 1505 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cohen J
TITLE AIDS vaccines: is older better? [news; comment]
JOURNAL Science 258: 1880-1 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cohen L; Hiscott J
TITLE Heterodimerization and transcriptional activation in vitro by NF-kappa B proteins.
JOURNAL J Cell Physiol 152: 10-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Colaco CA
TITLE HIV TAR and the CD3 gamma chain [letter]
JOURNAL Immunol Today 13: 280-1 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Collet TA; Roben P; O'Kennedy R; Barbas CF 3d; Burton DR; Lerner RA
TITLE A binary plasmid system for shuffling combinatorial antibody libraries.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 10026-30 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Collman R; Balliet JW; Gregory SA; Friedman H; Kolson DL; Nathanson N; Srinivasan A
TITLE An infectious molecular clone of an unusual macrophage-tropic and highly cytopathic strain of human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL J Virol 66: 7517-21 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Colvin RA; Garcia-Blanco MA
TITLE Unusual structure of the human immunodeficiency virus type 1 trans-activation response element.
JOURNAL J Virol 66: 930-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Conant MA; Calabrese LH; Thompson SE; Poiesz BJ; Rasheed S; Hirsch RL; Meyerson LA; Kremer AB; Wang CC; Goldstein G
TITLE Maintenance of CD4+ cells by thymopentin in asymptomatic HIV-infected subjects: results of a double-blind, placebo-controlled study.
JOURNAL AIDS 6: 1335-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Condra JH; Emini EA; Gotlib L; Graham DJ; Schlabach AJ; Wolfgang JA; Colonno RJ; Sardana VV
TITLE Identification of the human immunodeficiency virus reverse transcriptase residues that contribute to the activity of diverse nonnucleoside inhibitors.
JOURNAL Antimicrob Agents Chemother 36: 1441-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Copeland WC; Chen MS; Wang TS
TITLE Human DNA polymerases alpha and beta are able to incorporate anti-HIV deoxynucleotides into DNA.
JOURNAL J Biol Chem 267: 21459-64 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Corboy JR; Buzy JM; Zink MC; Clements JE
TITLE Expression directed from HIV long terminal repeats in the central nervous system of transgenic mice.
JOURNAL Science 258: 1804-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cordiali P; Balzarotti V; Morante S; Parisi V; Pugliese O; Camponeschi B; Colizzi V
TITLE Convergent evolution in the homology between HIV gp160 and HLA class II molecules.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1561-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cornet B; Decroly E; Thines-Sempoux D; Ruysschaert JM; Vandenbranden M
TITLE Properties of HIV membrane reconstituted from its recombinant gp160 envelope glycoprotein.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1823-31 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Corr BR; Richardson M; Wilderspin AF
TITLE Cloning, expression, and mutagenesis of SIVmac proteinase in E. coli.
JOURNAL Biochem Soc Trans 20: 160S (1992)

REFERENCE
AUTHORS Courgnaud V; Laure F; Fultz PN; Montagnier L; Brechot C; Sonigo P
TITLE Genetic differences accounting for evolution and pathogenicity of simian immunodeficiency virus from a sooty mangabey monkey after cross-species transmission to a pig-tailed macaque.
JOURNAL J Virol 66: 414-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cox SW; Albert J; Wahlberg J; Uhlen M; Wahren B
TITLE Loss of synergistic response to combinations containing AZT in AZT-resistant HIV-1.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1229-34 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Crise B; Rose JK
TITLE Human immunodeficiency virus type 1 glycoprotein precursor retains a CD4-p561ck complex in the endoplasmic reticulum.
JOURNAL J Virol 66: 2296-301 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Crise B; Rose JK
TITLE Identification of palmitoylation sites on CD4, the human immunodeficiency virus receptor.
JOURNAL J Biol Chem 267: 13593-7 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Crumpacker CS
TITLE Mechanism of action of foscarnet against viral polymerases.
JOURNAL Am J Med 92: 3S-7S (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cullen BR; Garrett ED
TITLE A comparison of regulatory features in primate lentiviruses.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 387-93 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Curtis BM; Scharnowske S; Watson AJ
TITLE Sequence and expression of a membrane-associated C-type lectin that exhibits CD4-independent binding of human immunodeficiency virus envelope glycoprotein gp120.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 8356-60 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cushman M; Sherman P
TITLE Inhibition of HIV-1 integration protein by aurintricarboxylic acid monomers, monomer analogs, and polymer fractions.
JOURNAL Biochem Biophys Res Commun 185: 85-90 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Cvetkovich TA; Lazar E; Blumberg BM; Saito Y; Eskin TA; Reichman R; Baram DA; del Cerro C; Gendelman HE; del Cerro M; et al
TITLE Human immunodeficiency virus type 1 infection of neural xenografts.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 5162-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS D'Addario M; Wainberg MA; Hiscott J
TITLE Activation of cytokine genes in HIV-1 infected myelomonoblastic cells by phorbol ester and tumor necrosis factor.
JOURNAL J Immunol 148: 1222-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS D'Agostino DM; Felber BK; Harrison JE; Pavlakis GN
TITLE The Rev protein of human immunodeficiency virus type 1 promotes polysomal association and translation of gag/pol and vpu/env mRNAs.
JOURNAL Mol Cell Biol 12: 1375-86 (1992)

REFERENCE
AUTHORS D'Onofrio C; Amici C; Puglianiello A; Faraoni I; Lanzilli G; Santoro MG; Bonmassar E
TITLE Comparative anti-viral and anti-proliferative activity of PGA1 and PGJ2 against HTLV-I-infected MT-2 cells.
JOURNAL Int J Cancer 51: 481-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS D'Onofrio C; Franzese O; Puglianiello A; Peci E; Lanzilli G; Bonmassar E
TITLE Antiviral activity of individual versus combined treatments with interferon alpha, beta and gamma on early infection with HTLV-I in vitro.
JOURNAL Int J Immunopharmacol 14: 1069-79 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Dai LC; West K; Littaua R; Takahashi K; Ennis FA
TITLE Mutation of human immunodeficiency virus type 1 at amino acid 585 on gp41 results in loss of killing by CD8+ A24-restricted cytotoxic T lymphocytes.
JOURNAL J Virol 66: 3151-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Daley CL; Small PM; Schecter GF; Schoolnik GK; McAdam RA; Jacobs WR Jr; Hopewell PC
TITLE An outbreak of tuberculosis with accelerated progression among persons infected with the human immunodeficiency virus. An analysis using restriction-fragment-length polymorphisms.
JOURNAL N Engl J Med 326: 231-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Dalgleish AG
TITLE The pathogenesis of AIDS: classical and alternative views.
JOURNAL J R Coll Physicians Lond 26: 152-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Dalgleish AG; Wilson S; Gompels M; Ludlam C; Gazzard B; Coates AM; Habeshaw J
TITLE T-cell receptor variable gene products and early HIV-1 infection [see comments]
JOURNAL Lancet 339: 824-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Daniel MD; Kirchhoff F; Czajak SC; Sehgal PK; Desrosiers RC
TITLE Protective effects of a live attenuated SIV vaccine with a deletion in the nef gene [see comments]
JOURNAL Science 258: 1938-41 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Dannatt AH; Goodwin SJ; Dasani H; Bowen DJ; Peake IR; Bloom AL
TITLE The relationship of HIV-1 viral sequences detected by the polymerase chain reaction in haemophilic patients to clinical and other markers of infection.
JOURNAL Clin Lab Haematol 14: 1-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Danner SA; Lange JM; Cooper DA
TITLE [Anti-HIV treatment, today and in the near future]
JOURNAL Ned Tijdschr Geneeskd 136: 1496-500 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Dasgupta P; Reddy CD; Saikumar P; Reddy EP
TITLE The cellular proto-oncogene product Myb acts as transcriptional activator of the long terminal repeat of human T-lymphotropic virus type I.
JOURNAL J Virol 66: 270-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Daum T; Engels JW; Mag M; Muth J; Lucking S; Schroder HC; Matthes E; Muller WE
TITLE Antisense oligodeoxynucleotide: inhibitor of splicing of mRNA of human immunodeficiency virus.
JOURNAL Intervirology 33: 65-75 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Davies JM; Sonoda S; Yashiki S; Osame M; Carnegie PR
TITLE Mimicry between HTLV-I and myelin basic protein: no response in HTLV-I-associated myelopathy patients.
JOURNAL J Neuroimmunol 41: 239-43 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Davis SJ; Schockmel GA; Somoza C; Buck DW; Healey DG; Rieber EP; Reiter C; Williams AF
TITLE Antibody and HIV-1 gp120 recognition of CD4 undermines the concept of mimicry between antibodies and receptors.
JOURNAL Nature 358: 76-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Dawood MR; Allan R; Fowke K; Embree J; Hammond GW
TITLE Development of oligonucleotide primers and probes against structural and regulatory genes of human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) and their use for amplification of HIV-1 provirus by using polymerase chain reaction.
JOURNAL J Clin Microbiol 30: 2279-83 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Dayton ET; Konings DA; Powell DM; Shapiro BA; Butini L; Maizel JV; Dayton AI
TITLE Extensive sequence-specific information throughout the CAR/RRE, the target sequence of the human immunodeficiency virus type 1 Rev protein.
JOURNAL J Virol 66: 1139-51 (1992)

REFERENCE
AUTHORS De Clercq E
TITLE New perspectives for the chemotherapy and chemoprophylaxis of AIDS (acquired immune deficiency syndrome).
JOURNAL Verh K Acad Geneeskd Belg 54: 57-88; discussion 88-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS De Clercq E
TITLE HIV inhibitors targeted at the reverse transcriptase.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 119-34 (1992)

REFERENCE
AUTHORS De Clercq E; Yamamoto N; Pauwels R; Baba M; Schols D; Nakashima H; Balzarini J; Debyser Z; Murrer BA; Schwartz D; et al
TITLE Potent and selective inhibition of human immunodeficiency virus (HIV)-1 and HIV-2 replication by a class of bicyclams interacting with a viral uncoating event.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 5286-90 (1992)

REFERENCE
AUTHORS de Elizalde de Bracco MM; Riera N; Galassi N; de la Barrera S; Anselmo A; Perez Bianco R
TITLE Autoantibodies in hemophilia: consequence of HIV-1 infection and/or cofactors in the development of the infection?
JOURNAL Sangre (Barc) 37: 225-36 (1992)

REFERENCE
AUTHORS De Jong JJ; Goudsmit J; Keulen W; Klaver B; Krone W; Tersmette M; de Ronde A
TITLE Human immunodeficiency virus type 1 clones chimeric for the envelope V3 domain differ in syncytium formation and replication capacity.
JOURNAL J Virol 66: 757-65 (1992)

REFERENCE
AUTHORS De Jong JJ; De Ronde A; Keulen W; Tersmette M; Goudsmit J
TITLE Minimal requirements for the human immunodeficiency virus type 1 V3 domain to support the syncytium-inducing phenotype: analysis by single amino acid substitution.
JOURNAL J Virol 66: 6777-80 (1992)

REFERENCE
AUTHORS de Mareuil J; Brichacek B; Salaun D; Chermann JC; Hirsch I
TITLE The human immunodeficiency virus (HIV) gag gene product p18 is responsible for enhanced fusogenicity and host range tropism of the highly cytopathic HIV-1-NDK strain.
JOURNAL J Virol 66: 6797-801 (1992)

REFERENCE
AUTHORS De Rocquigny H; Gabus C; Vincent A; Fournie-Zaluski MC; Roques B; Darlix JL
TITLE Viral RNA annealing activities of human immunodeficiency virus type 1 nucleocapsid protein require only peptide domains outside the zinc fingers.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 6472-6 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS de Ronde A; Klaver B; Keulen W; Smit L; Goudsmit J
TITLE Natural HIV-1 NEF accelerates virus replication in primary human lymphocytes.
JOURNAL Virology 188: 391-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS De Rossi A; Calabro ML; D'Andrea E; Panozzo M; Saggiori D; Mammano F; Roncella S; Ferrarini M; Chieco-Bianchi L
TITLE Morphological and phenotypical changes in EBV positive lymphoblastoid cells infected by HIV-1.
JOURNAL Leukemia 6 Suppl 3: 38S-40S (1992)

REFERENCE
AUTHORS de Vreese K; Debyser Z; Vandamme AM; Pauwels R; Desmyter J; de Clercq E; Anne J
TITLE Resistance of human immunodeficiency virus type 1 reverse transcriptase to TIBO derivatives induced by site-directed mutagenesis.
JOURNAL Virology 188: 900-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS DeCamp DL; Babe LM; Salto R; Lucich JL; Koo MS; Kahl SB; Craik CS
TITLE Specific inhibition of HIV-1 protease by boronated porphyrins.
JOURNAL J Med Chem 35: 3426-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS DeStefano JJ; Buiser RG; Mallaber LM; Fay PJ; Bambara RA
TITLE Parameters that influence processive synthesis and site-specific termination by human immunodeficiency virus reverse transcriptase on RNA and DNA templates.
JOURNAL Biochim Biophys Acta 1131: 270-80 (1992)

REFERENCE
AUTHORS DeStefano JJ; Mallaber LM; Rodriguez-Rodriguez L; Fay PJ; Bambara RA
TITLE Requirements for strand transfer between internal regions of heteropolymer templates by human immunodeficiency virus reverse transcriptase.
JOURNAL J Virol 66: 6370-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS DeZazzo JD; Scott JM; Imperiale MJ
TITLE Relative roles of signals upstream of AAUAAA and promoter proximity in regulation of human immunodeficiency virus type 1 mRNA 3' end formation.
JOURNAL Mol Cell Biol 12: 5555-62 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Deb S; Jackson CT; Subler MA; Martin DW
TITLE Modulation of cellular and viral promoters by mutant human p53 proteins found in tumor cells.
JOURNAL J Virol 66: 6164-70 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Debart F; Rayner B; Degols G; Imbach JL
TITLE Synthesis and base-pairing properties of the nuclease-resistant alpha-anomeric dodecaribonucleotide alpha-[r(UCUUAACCCACA)]
JOURNAL Nucleic Acids Res 20: 1193-200 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Debouck C
TITLE The HIV-1 protease as a therapeutic target for AIDS.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 153-64 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Debyser Z; De Vreese K; Pauwels R; Yamamoto N; Anne J; De Clercq E; Desmyter J
TITLE Differential inhibitory effects of TIBO derivatives on different strains of simian immunodeficiency virus.
JOURNAL J Gen Virol 73 (Pt 7): 1799-804 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Debyser Z; Pauwels R; Baba M; Desmyter J; De Clercq E
TITLE Common features in the interaction of tetrahydroimidazo[4,5,1-jk][1,4]benzodiazepin- 2(1H)-one and -thione and 1-[(2-hydroxyethoxy) methyl]-6-(phenylthio)thymine derivatives with the human immunodeficiency virus type 1 reverse transcriptase.
JOURNAL Mol Pharmacol 41: 963-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Debyser Z; Vandamme AM; Pauwels R; Baba M; Desmyter J; De Clercq E
TITLE Kinetics of inhibition of endogenous human immunodeficiency virus type 1 reverse transcription by 2',3'-dideoxynucleoside 5'-triphosphate, tetrahydroimidazo- [4,5,1- jk] [1,4]-benzodiazepin- 2(1H)-thione, and 1- [(2- hydroxyethoxy)methyl]- 6-(phenylthio)thymine derivatives.
JOURNAL J Biol Chem 267: 11769-76 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Dedera D; Gu RL; Ratner L
TITLE Conserved cysteine residues in the human immunodeficiency virus type 1 transmembrane envelope protein are essential for precursor envelope cleavage.
JOURNAL J Virol 66: 1207-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Dedieu JF; Ronco J; van der Werf S; Hogle JM; Henin Y; Girard M
TITLE Poliovirus chimeras expressing sequences from the principal neutralization domain of human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL J Virol 66: 3161-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Defer C; Agut H; Garbarg-Chenon A; Moncany M; Morinet F; Vignon D; Mariotti M; Lefrere JJ
TITLE Multicentre quality control of polymerase chain reaction for detection of HIV DNA.
JOURNAL AIDS 6: 659-63 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Defoort JP; Nardelli B; Huang W; Ho DD; Tam JP
TITLE Macromolecular assemblage in the design of a synthetic AIDS vaccine.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 3879-83 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Defoort JP; Nardelli B; Huang W; Tam JP
TITLE A rational design of synthetic peptide vaccine with a built-in adjuvant. A modular approach for unambiguity.
JOURNAL Int J Pept Protein Res 40: 214-21 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Degols G; Leonetti JP; Benkirane M; Devaux C; Lebleu B
TITLE Poly(L-lysine)-conjugated oligonucleotides promote sequence-specific inhibition of acute HIV-1 infection.
JOURNAL Antisense Res Dev 2: 293-301 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Degols G; Leonetti JP; Milhaud P; Mechti N; Lebleu B
TITLE Antisense inhibitors of HIV: problems and perspectives.
JOURNAL Antiviral Res 17: 279-87 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Degraw C; Fontaine B; Hebert LJ
TITLE Attacking today's tuberculosis problem: a multifaceted, coordinated effort.
JOURNAL J La State Med Soc 144: 371-3 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Dekaban GA; King EE; Waters D; Rice GP
TITLE Nucleotide sequence analysis of an HTLV-I isolate from a Chilean patient with HAM/TSP.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1201-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Delahunty MD; South TL; Summers MF; Karpel RL
TITLE Nucleic acid interactive properties of a peptide corresponding to the N-terminal zinc finger domain of HIV-1 nucleocapsid protein.
JOURNAL Biochemistry 31: 6461-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Delassus S; Cheynier R; Wain-Hobson S
TITLE Nonhomogeneous distribution of human immunodeficiency virus type 1 proviruses in the spleen.
JOURNAL J Virol 66: 5642-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Delassus S; Meyerhans A; Cheynier R; Wain-Hobson S
TITLE Absence of selection of HIV-1 variants in vivo based on transcription/transactivation during progression to AIDS.
JOURNAL Virology 188: 811-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Delling U; Reid LS; Barnett RW; Ma MY; Climie S; Sumner-Smith M; Sonenberg N
TITLE Conserved nucleotides in the TAR RNA stem of human immunodeficiency virus type 1 are critical for Tat binding and trans activation: model for TAR RNA tertiary structure.
JOURNAL J Virol 66: 3018-25 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Delord B; Ottmann M; Schrive MH; Ragnaud JM; Seigneurin JM; Fleury HJ
TITLE Analysis of HIV-1 expression in vivo with in situ hybridization and the polymerase chain reaction.
JOURNAL Mol Cell Probes 6: 215-21 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Delwart EL; Buchschacher GL Jr; Freed EO; Panganiban AT
TITLE Analysis of HIV-1 envelope mutants and pseudotyping of replication-defective HIV-1 vectors by genetic complementation.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1669-77 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Demarchi F; D'Agaro P; Falaschi A; Giacca M
TITLE Probing protein-DNA interactions at the long terminal repeat of human immunodeficiency virus type 1 by in vivo footprinting.
JOURNAL J Virol 66: 2514-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Desaintes C; Hallez S; Van Alphen P; Burny A
TITLE Transcriptional activation of several heterologous promoters by the E6 protein of human papillomavirus type 16.
JOURNAL J Virol 66: 325-33 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Desrosiers RC
TITLE HIV with multiple gene deletions as a live attenuated vaccine for AIDS.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 411-21 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Desrosiers RC
TITLE HIV with multiple gene deletions as a live attenuated vaccine for AIDS.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1457 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Devadas B; Lu T; Katoh A; Kishore NS; Wade AC; Mehta PP; Rudnick DA; Bryant ML; Adams SP; Li Q; et al
TITLE Substrate specificity of Saccharomyces cerevisiae myristoyl-CoA: protein N-myristoyltransferase. Analysis of fatty acid analogs containing carbonyl groups, nitrogen heteroatoms, and nitrogen heterocycles in an in vitro enzyme assay and subsequent identification of inhibitors of human immunodeficiency virus I replication.
JOURNAL J Biol Chem 267: 7224-39 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Dewhurst S; Embretson JE; Fultz PN; Mullins JI
TITLE Molecular clones from a non-acutely pathogenic derivative of SIVsmmPBj14: characterization and comparison to acutely pathogenic clones.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1179 87 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Dezzutti CS; Lazo A; Yee JY; Blakeslee JR; Mathes LE; Brown BG; Lairmore MD
TITLE Detection of simian T-lymphotropic virus type I using the polymerase chain reaction.
JOURNAL Int J Cancer 50: 805-10 (1992)

REFERENCE
AUTHORS di Marzo Veronese F; Rahman R; Pal R; Boyer C; Romano J; Kalyanaraman VS; Nair BC; Gallo RC; Sarngadharan MG
TITLE Delineation of immunoreactive, conserved regions in the external glycoprotein of the human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1125-32 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Di Rienzo AM; Petronini PG; Guetard D; Favilla R; Borghetti AF; Montagnier L; Piedimonte G
TITLE Modulation of cell growth and host protein synthesis during HIV infection in vitro.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 921-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Dianzani F; Antonelli G; Turriziani O; Dong G; Capobianchi MR; Riva E
TITLE In vitro selection of human immunodeficiency virus type 1 resistant to 3'-azido-3'-deoxythymidine.
JOURNAL Antiviral Res 18: 39-52 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Dickover RE; Donovan RM; Goldstein E; Cohen SH; Bolton V; Huth RG; Liu GZ; Carlson JR
TITLE Decreases in unintegrated HIV DNA are associated with antiretroviral therapy in AIDS patients.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 31-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ding L; Balzarini J; Schols D; Meunier B; de Clercq E
TITLE Anti-human immunodeficiency virus effects of cationic metalloporphyrin-ellipticine complexes.
JOURNAL Biochem Pharmacol 44: 1675-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Donald JA; Rudman K; Cooper DW; Baumgart KW; Garsia RJ; Gatenby PA; Rickard KA
TITLE Progression of HIV-related disease is associated with HLA DQ and DR alleles defined by restriction fragment length polymorphisms.
JOURNAL Tissue Antigens 39: 241-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Dooley SW; Jarvis WR; Martone WJ; Snider DE Jr
TITLE Multidrug-resistant tuberculosis [editorial; comment]
JOURNAL Ann Intern Med 117: 257-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Doppler C; Schalasta G; Amtmann E; Sauer G
TITLE Binding of NF-kB to the HIV-1 LTR is not sufficient to induce HIV-1 LTR activity.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 245-52 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Dragic T; Charneau P; Clavel F; Alizon M
TITLE Complementation of murine cells for human immunodeficiency virus envelope/CD4-mediated fusion in human/murine heterokaryons.
JOURNAL J Virol 66: 4794-802 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Drelich M; Wilhelm R; Mous J
TITLE Identification of amino acid residues critical for endonuclease and integration activities of HIV-1 IN protein in vitro.
JOURNAL Virology 188: 459-68 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Dreyer GB; Lambert DM; Meek TD; Carr TJ; Tomaszek TA Jr; Fernandez AV; Bartus H; Cacciavillani E; Hassell AM; Minnich M; et al
TITLE Hydroxyethylene isostere inhibitors of human immunodeficiency virus-1 protease: structure-activity analysis using enzyme kinetics, X-ray crystallography, and infected T-cell assays.
JOURNAL Biochemistry 31: 6646-59 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Dropulic B; Lin NH; Martin MA; Jeang KT
TITLE Functional characterization of a U5 ribozyme: intracellular suppression of human immunodeficiency virus type 1 expression.
JOURNAL J Virol 66: 1432-41 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Du DL; Volpe DA; Grieshaber CK; Murphy MJ Jr
TITLE In vitro toxicity of 3'-azido-3'-deoxythymidine, carbovir and 2',3'-didehydro-2',3'-dideoxythymidine to human and murine haematopoietic progenitor cells.
JOURNAL Br J Haematol 80: 437-45 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Dubay JW; Roberts SJ; Brody B; Hunter E
TITLE Mutations in the leucine zipper of the human immunodeficiency virus type 1 transmembrane glycoprotein affect fusion and infectivity.
JOURNAL J Virol 66: 4748-56 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Dubay JW; Roberts SJ; Hahn BH; Hunter E
TITLE Truncation of the human immunodeficiency virus type 1 transmembrane glycoprotein cytoplasmic domain blocks virus infectivity.
JOURNAL J Virol 66: 6616-25 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Duesberg PH; Schwartz
TITLE Latent viruses and mutated oncogenes: no evidence for pathogenicity.
JOURNAL Prog Nucleic Acid Res Mol Biol 43: 135-204 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Dumont-Drieux AM; De Parseval A; Heiber M; Salmon P; Pancino G; Sonigo P; Klatzmann D
TITLE Unusual amino acid sequence of the second Ig-like domain of the feline CD4 protein.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1581-91 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Dusserre N; Dezutter-Dambuyant C; Mallet F; Delorme P; Philit F; Ebersold A; Desgranges C; Thivolet J; Schmitt D
TITLE In vitro HIV-1 entry and replication in Langerhans cells may clarify the HIV-1 genome detection by PCR in epidermis of seropositive patients.
JOURNAL J Invest Dermatol 99: 99S-102S (1992)

REFERENCE
AUTHORS Duvic M
TITLE HIV and skin disease: the molecular biology of the human immunodeficiency virus.
JOURNAL Am J Med Sci 304: 190-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Duyao MP; Kessler DJ; Spicer DB; Bartholomew C; Cleveland JL; Siekevitz M; Sonenshein GE
TITLE Transactivation of the c-myc promoter by human T cell leukemia virus type 1 tax is mediated by NF kappa B.
JOURNAL J Biol Chem 267: 16288-91 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Duyao MP; Kessler DJ; Spicer DB; Sonenshein GE
TITLE Transactivation of the murine c-myc gene by HTLV-1 tax is mediated by NFkB.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 752-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Duyao MP; Kessler DJ; Spicer DB; Sonenshein GE
TITLE Transactivation of the c-myc gene by HTLV-1 tax is mediated by NFkB.
JOURNAL Curr Top Microbiol Immunol 182: 421-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Dwyer DE; Matheron S; Bakchine S; Bechet JM; Montagnier L; Vazeux R
TITLE Detection of human immunodeficiency virus type 2 in brain tissue.
JOURNAL J Infect Dis 166: 888-91 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Dyson HJ; Norrby E; Hoey K; Parks DE; Lerner RA; Wright PE
TITLE Immunogenic peptides corresponding to the dominant antigenic region alanine-597 to cysteine-619 in the transmembrane protein of simian immunodeficiency virus have a propensity to fold in aqueous solution.
JOURNAL Biochemistry 31: 1458-63 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Easmon J; Heinisch G; Holzer W; Rosenwirth B
TITLE Novel thiosemicarbazones derived from formyl- and acyldiazines: synthesis, effects on cell proliferation, and synergism with antiviral agents.
JOURNAL J Med Chem 35: 3288-96 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ebersold A; Boyer V; Klasse PJ; Holnigue M; Fraisier C; Cocchi JM; Pipkorn R; Blomberg J; Desgranges C
TITLE Human and murine monoclonal antibodies directed against a conserved sequence from gp41 (aa583-599) of human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL Res Virol 143: 179-91 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ecker DJ; Vickers TA; Bruice TW; Freier SM; Jenison RD; Manoharan M; Zounes M
TITLE Pseudo--half-knot formation with RNA.
JOURNAL Science 257: 958-61 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Edlin BR; St. Clair MH; Pitha PM; Whaling SM; King DM; Bitran JD; Weinstein RA
TITLE In-vitro resistance to zidovudine and alpha-interferon in HIV-1 isolates from patients: correlations with treatment duration and response.
JOURNAL Ann Intern Med 117: 457-60 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Edlin BR; Tokars JI; Grieco MH; Crawford JT; Williams J; Sordillo EM; Ong KR; Kilburn JO; Dooley SW; Castro KG; et al
TITLE An outbreak of multidrug-resistant tuberculosis among hospitalized patients with the acquired immunodeficiency syndrome.
JOURNAL N Engl J Med 326: 1514-21 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Edmonson PF; Mullins JI
TITLE Efficient amplification of HIV half-genomes from tissue DNA.
JOURNAL Nucleic Acids Res 20: 4933 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Eguchi K; Matsuoka N; Ida H; Nakashima M; Sakai M; Sakito S; Kawakami A; Terada K; Shimada H; Kawabe Y; et al
TITLE Primary Sjogren's syndrome with antibodies to HTLV-I: clinical and laboratory features.
JOURNAL Ann Rheum Dis 51: 769-76 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ehrlich GD; Andrews J; Sherman MP; Greenberg SJ; Poiesz BJ
TITLE DNA sequence analysis of the gene encoding the HTLV-I p21e transmembrane protein reveals inter- and intraisolate genetic heterogeneity.
JOURNAL Virology 186: 619-27 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ehrlich LS; Agresta BE; Carter CA
TITLE Assembly of recombinant human immunodeficiency virus type 1 capsid protein in vitro.
JOURNAL J Virol 66: 4874-83 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Eiden LE; Lifson JD
TITLE HIV interactions with CD4: a continuum of conformations and consequences.
JOURNAL Immunol Today 13: 201-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Eiraku N; Ijichi S; Yashiki S; Osame M; Sonoda S
TITLE Cell surface phenotype of in vitro proliferating lymphocytes in HTLV-I-associated myelopathy (HAM/TSP).
JOURNAL J Neuroimmunol 37: 223-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS el Dirani-Diab R; Andreola ML; Nevinsky G; Tharaud D; Barr PJ; Litvak S; Tarrago-Litvak L
TITLE Biochemical characterization of the p51 sub-unit of human immunodeficiency virus reverse transcriptase in homo- and heterodimeric recombinant forms of the enzyme.
JOURNAL FEBS Lett 301: 23-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Elangovan B; Subramanian T; Chinnadurai G
TITLE Functional comparison of the basic domains of the Tat proteins of human immunodeficiency virus types 1 and 2 in trans activation.
JOURNAL J Virol 66: 2031-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Elder D; Harris R
TITLE AIDS and Trojan horses.
JOURNAL Riv Biol 85: 247-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ellerbrok H; D'Auriol L; Vaquero C; Sitbon M
TITLE Functional tolerance of the human immunodeficiency virus type 1 envelope signal peptide to mutations in the amino-terminal and hydrophobic regions.
JOURNAL J Virol 66: 5114-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ellwein LB; Purtilo DT
TITLE Cellular proliferation and genetic events involved in the genesis of Burkitt lymphoma (BL) in immune compromised patients.
JOURNAL Cancer Genet Cytogenet 64: 42-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Emilie D; Coumbaras J; Raphael M; Devergne O; Delecluse HJ; Gisselbrecht C; Michiels JF; Van Damme J; Taga T; Kishimoto T; et al
TITLE Interleukin-6 production in high-grade B lymphomas: correlation with the presence of malignant immunoblasts in acquired immunodeficiency syndrome and in human immunodeficiency virus-seronegative patients.
JOURNAL Blood 80: 498-504 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Emilie D; Maillot MC; Nicolas JF; Fior R; Galanaud P
TITLE Antagonistic effect of interferon-gamma on tat-induced transactivation of HIV long terminal repeat.
JOURNAL J Biol Chem 267: 20565-70 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Emilie D; Touitou R; Raphael M; Peuchmaur M; Devergnee O; Rea D; Coumbraras J; Crevon MC; Edelman L; Joab I; et al
TITLE In vivo production of interleukin-10 by malignant cells in AIDS lymphomas.
JOURNAL Eur J Immunol 22: 2937-42 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Emini EA; Putney SD
TITLE Human immunodeficiency virus.
JOURNAL Biotechnology 20: 309-26 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Engelman A; Craigie R
TITLE Identification of conserved amino acid residues critical for human immunodeficiency virus type 1 integrase function in vitro.
JOURNAL J Virol 66: 6361-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ensoli B; Barillari G; Gallo RC
TITLE Cytokines and growth factors in the pathogenesis of AIDS-associated Kaposi's sarcoma.
JOURNAL Immunol Rev 127: 147-55 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Erlich HA; Arnheim N
TITLE Genetic analysis using the polymerase chain reaction.
JOURNAL Annu Rev Genet 26: 479-506 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Eron JJ; Gorczyca P; Kaplan JC; D'Aquila RT
TITLE Susceptibility testing by polymerase chain reaction DNA quantitation: a method to measure drug resistance of human immunodeficiency virus type 1 isolates.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 3241-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Estaquier J; Boutillon C; Ameisen JC; Gras-Masse H; Delanoye A; Lecocq JP; Dixson A; Tartar A; Capron A; Auriault C
TITLE Determination of B-cell epitopes of nef HIV-I protein: immunogenicity related to their structure.
JOURNAL Mol Immunol 29: 1337-45 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Estaquier J; Boutillon C; Ameisen JC; Gras-Masse H; Lecocq JP; Barbier B; Dixson A; Tartar A; Capron A; Auriault C
TITLE T helper cell epitopes of the human immunodeficiency virus (HIV-1) nef protein in rats and chimpanzees.
JOURNAL Mol Immunol 29: 489-99 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Evans DB; Vosters AF; McQuade TJ; Sharma SK
TITLE An ultrasensitive human immunodeficiency virus type 1 protease radioimmuno rate assay with a potential for monitoring blood levels of protease inhibitors in acquired immunodeficiency disease syndrome patients.
JOURNAL Anal Biochem 206: 288-92 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Faith A; O'Hehir RE; Malkovsky M; Lamb JR
TITLE Analysis of the basis of resistance and susceptibility of CD4+ T cells to human immunodeficiency virus (HIV)-gp120 induced anergy.
JOURNAL Immunology 76: 177-84 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Fan L; Peden K
TITLE Cell-free transmission of Vif mutants of HIV-1.
JOURNAL Virology 190: 19-29 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Fantini J; Bolmont C; Yahi N
TITLE Tumor necrosis factor-alpha stimulates both apical and basal production of HIV in polarized human intestinal HT29 cells.
JOURNAL Immunol Lett 34: 85-90 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Farley TA
TITLE AIDS and multidrug-resistant tuberculosis: an epidemic transforms an old disease.
JOURNAL J La State Med Soc 144: 357-61 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Farouqi B; Yahyaoui M; Alaoui FM; Noraz N; Sekkat S; Chkili T; Desgranges C; Benslimane A
TITLE Establishment of T-lymphoid cell lines from Morroccan patients with tropical spastic paraparesis.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1209-13 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Faulds D; Brogden RN
TITLE Didanosine. A review of its antiviral activity, pharmacokinetic properties and therapeutic potential in human immunodeficiency virus infection.
JOURNAL Drugs 44: 94-116 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Fedorov II; Kazmina EM; Novicov NA; Gurskaya GV; Bochkarev AV; Jasko MV; Victorova LS; Kukhanova MK; Balzarini J; De Clercq E; et al
TITLE 3'-C-branched 2'-deoxy-5-methyluridines: synthesis, enzyme inhibition, and antiviral properties.
JOURNAL J Med Chem 35: 4567-75 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Fedorov II; Kraevskii AA; Bal'zarinin Zh; De Klerk E
TITLE [Adducts of 3'-azido-2,3'-dideoxythymidine 5'-phosphate or 5'-phosphonate as inhibitors of cytopathic effect and transformation of cells under the influence of retroviruses in cell culture]
JOURNAL Mol Biol (Mosk) 26: 1122-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Fehrentz JA; Chomier B; Bignon E; Venaud S; Chermann JC; Nisato D
TITLE Statine based tripeptides as potent inhibitors of HIV-1 replication.
JOURNAL Biochem Biophys Res Commun 188: 873-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Fehrentz JA; Chomier B; Bignon E; Venaud S; Chermann JC; Nisato D
TITLE HIV-1 protease inhibitors containing statine: inhibitory potency and antiviral activity.
JOURNAL Biochem Biophys Res Commun 188: 865-72 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Feinberg MB; Greene WC
TITLE Molecular insights into human immunodeficiency virus type 1 pathogenesis.
JOURNAL Curr Opin Immunol 4: 466-74 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Feinberg MB; Trono D
TITLE Intracellular immunization: trans-dominant mutants of HIV gene products as tools for the study and interruption of viral replication.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1013-22 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Fenouillet E; Gluckman JC
TITLE Immunological analysis of human immunodeficiency virus type 1 envelope glycoprotein proteolytic cleavage.
JOURNAL Virology 187: 825-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Feriotto G; Volinia S; Giacomini P; Gambari R
TITLE DNA elements target of transcriptional factors are not restricted to long terminal repeat of human immunodeficiency virus.
JOURNAL Anticancer Res 12: 65-71 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ferre F
TITLE Quantitative or semi-quantitative PCR: reality versus myth.
JOURNAL PCR Methods Appl 2: 1-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Fevrier M; Boudet F; Corre JP; Chamaret S; Theze J; Zouali M
TITLE Idiotypic expression of anti-gp120 antibodies in unrelated human immunodeficiency virus-infected individuals.
JOURNAL J Gen Virol 73 (Pt 10): 2561-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Filatov FP; Tugizov ShM; Savchenkova IP; Kumarev VP; Belikov AS; Kadoshnikov IuP; Kush AA; Uryvaev LV
TITLE [Recombinant surface proteins of the hepatitis B virus, exhibiting the immunodominant membrane protein of the HIV-1 virus]
JOURNAL Dokl Akad Nauk 327: 172-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Finch SC; Linet MS
TITLE Chronic leukaemias.
JOURNAL Baillieres Clin Haematol 5: 27-56 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Fine RM
TITLE AIDS-related Kaposi's sarcoma.
JOURNAL Int J Dermatol 31: 471 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Finkel DL
TITLE HIV-1 ancestry primordial expansions of RRE and RRE related sequences.
JOURNAL J Theor Biol 154: 285-302 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Firpo PP; Axberg I; Scheibel M; Clark EA
TITLE Macaque CD4+ T-cell subsets: influence of activation on infection by simian immunodeficiency viruses (SIV).
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 357-66 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Fischer M; Lifshitz R; Katz T; Liefer I; Ben-Artzi H; Gorecki M; Panet A; Zeelon E
TITLE Comparative analysis of native and cysteine-deficient HIV-1 reverse transcriptase.
JOURNAL Protein Expr Purif 3: 301-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Fischl MA; Daikos GL; Uttamchandani RB; Poblete RB; Moreno JN; Reyes RR; Boota AM; Thompson LM; Cleary TJ; Oldham SA; et al
TITLE Clinical presentation and outcome of patients with HIV infection and tuberculosis caused by multiple-drug-resistant bacilli.
JOURNAL Ann Intern Med 117: 184-90 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Fischl MA; Uttamchandani RB; Daikos GL; Poblete RB; Moreno JN; Reyes RR; Boota AM; Thompson LM; Cleary TJ; Lai S
TITLE An outbreak of tuberculosis caused by multiple-drug-resistant tubercle bacilli among patients with HIV infection [see comments]
JOURNAL Ann Intern Med 117: 177-83 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Fitzgibbon JE; Howell RM; Haberzettl CA; Sperber SJ; Gocke DJ; Dubin DT
TITLE Human immunodeficiency virus type 1 pol gene mutations which cause decreased susceptibility to 2',3'-dideoxycytidine.
JOURNAL Antimicrob Agents Chemother 36: 153-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Foley P; Kazazi F; Biti R; Sorrell TC; Cunningham AL
TITLE HIV infection of monocytes inhibits the T-lymphocyte proliferative response to recall antigens, via production of eicosanoids.
JOURNAL Immunology 75: 391-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Fomsgaard A; Hirsch VM; Johnson PR
TITLE Cloning and sequences of primate CD4 molecules: diversity of the cellular receptor for simian immunodeficiency virus/human immunodeficiency virus.
JOURNAL Eur J Immunol 22: 2973-81 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Fontenot G; Johnston K; Cohen JC; Gallaher WR; Robinson J; Luftig RB
TITLE PCR amplification of HIV-1 proteinase sequences directly from lab isolates allows determination of five conserved domains.
JOURNAL Virology 190: 1-10 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ford RJ; Donehower LA; Bohannon RC
TITLE Studies on a type D retrovirus isolated from an AIDS patient lymphoma.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 742-51 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Fouchier RA; Groenink M; Kootstra NA; Tersmette M; Huisman HG; Miedema F; Schuitemaker H
TITLE Phenotype-associated sequence variation in the third variable domain of the human immunodeficiency virus type 1 gp120 molecule.
JOURNAL J Virol 66: 3183-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Frankel AD
TITLE Activation of HIV transcription by Tat.
JOURNAL Curr Opin Genet Dev 2: 293-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Franzoso G; Bours V; Park S; Tomita-Yamaguchi M; Kelly K; Siebenlist U
TITLE The candidate oncoprotein Bcl-3 is an antagonist of p50/NF-kappa B-mediated inhibition.
JOURNAL Nature 359: 339-42 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Freed EO; Myers DJ
TITLE Identification and characterization of fusion and processing domains of the human immunodeficiency virus type 2 envelope glycoprotein.
JOURNAL J Virol 66: 5472-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Freeman GA; Rideout JL; Miller WH; Reardon JE
TITLE 3'-Azido-3',5'-dideoxythymidine-5'-methylphosphonic acid diphosphate: synthesis and HIV-1 reverse transcriptase inhibition.
JOURNAL J Med Chem 35: 3192-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Freeman GJ; Lombard DB; Gimmi CD; Brod SA; Lee K; Laning JC; Hafler DA; Dorf ME; Gray GS; Reiser H; et al
TITLE CTLA-4 and CD28 mRNA are coexpressed in most T cells after activation. Expression of CTLA-4 and CD28 mRNA does not correlate with the pattern of lymphokine production.
JOURNAL J Immunol 149: 3795-801 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Fu TB; Taylor J
TITLE When retroviral reverse transcriptases reach the end of their RNA templates.
JOURNAL J Virol 66: 4271-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Fuerst TR; de la Cruz VF; Bansal GP; Stover CK
TITLE Development and analysis of recombinant BCG vector systems.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1451-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Fujii M; Tsuchiya H; Chuhjo T; Akizawa T; Seiki M
TITLE Interaction of HTLV-1 Tax1 with p67SRF causes the aberrant induction of cellular immediate early genes through CArG boxes.
JOURNAL Genes Dev 6: 2066-76 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Fujii N; Kwon KW; Yashiki T; Kimura K; Isogai E; Isogai H; Sekiguchi S; Oguma K
TITLE Oligo-2',5'-adenylate synthetase activity in cells persistently infected with human T-lymphotropic virus type I (HTLV-I).
JOURNAL Microbiol Immunol 36: 425-9 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Fujita K; Silver J; Peden K
TITLE Changes in both gp120 and gp41 can account for increased growth potential and expanded host range of human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL J Virol 66: 4445-51 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Fukudome K; Furuse M; Fukuhara N; Orita S; Imai T; Takagi S; Nagira M; Hinuma Y; Yoshie O
TITLE Strong induction of ICAM-1 in human T cells transformed by human T-cell-leukemia virus type 1 and depression of ICAM-1 or LFA-1 in adult T-cell-leukemia-derived cell lines.
JOURNAL Int J Cancer 52: 418-27 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Fukudome K; Furuse M; Imai T; Nishimura M; Takagi S; Hinuma Y; Yoshie O
TITLE Identification of membrane antigen C33 recognized by monoclonal antibodies inhibitory to human T-cell leukemia virus type 1 (HTLV-1)-induced syncytium formation: altered glycosylation of C33 antigen in HTLV-1-positive T cells.
JOURNAL J Virol 66: 1394-401 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Fung MS; Sun CR; Gordon WL; Liou RS; Chang TW; Sun WN; Daar ES; Ho DD
TITLE Identification and characterization of a neutralization site within the second variable region of human immunodeficiency virus type 1 gp120.
JOURNAL J Virol 66: 848-56 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Furfine ES; D'Souza E; Ingold KJ; Leban JJ; Spector T; Porter DJ
TITLE Two-step binding mechanism for HIV protease inhibitors.
JOURNAL Biochemistry 31: 7886-91 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Furukawa S; Sasai K; Matsubara J; Yabuta K; Hiramatsu K; Yamamoto J; Shirai T; Okumura K
TITLE Increase in T cells expressing the gamma/delta receptor and CD4+CD8+ double-positive T cells in primary immunodeficiency complicated by human T-cell lymphotropic virus type I infection [letter]
JOURNAL Blood 80: 3253-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Furukawa Y; Fujisawa J; Osame M; Toita M; Sonoda S; Kubota R; Ijichi S; Yoshida M
TITLE Frequent clonal proliferation of human T-cell leukemia virus type 1 (HTLV-1)-infected T cells in HTLV-1-associated myelopathy (HAM-TSP).
JOURNAL Blood 80: 1012-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gabrielsen B; Phelan MJ; Barthel-Rosa L; See C; Huggins JW; Kefauver DF; Monath TP; Ussery MA; Chmurny GN; Schubert EM; et al
TITLE Synthesis and antiviral evaluation of N-carboxamidine-substituted analogues of 1-beta-D-ribofuranosyl-1,2,4-triazole-3- carboxamidine hydrochloride.
JOURNAL J Med Chem 35: 3231-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gabrilovich DI; Kozich AT; Moshnikov SA; Pokrovsky VV
TITLE The direct binding of an HIV fragment with granulocytes from healthy subjects and infected patients.
JOURNAL Scand J Immunol 35: 369-72 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gabuzda DH; Lawrence K; Langhoff E; Terwilliger E; Dorfman T; Haseltine WA; Sodroski J
TITLE Role of vif in replication of human immunodeficiency virus type 1 in CD4+ T lymphocytes.
JOURNAL J Virol 66: 6489-95 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gabuzda DH; Lever A; Terwilliger E; Sodroski J
TITLE Effects of deletions in the cytoplasmic domain on biological functions of human immunodeficiency virus type 1 envelope glycoproteins.
JOURNAL J Virol 66: 3306-15 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Galai N; Graham N; Chaisson R; Nelson KE; Vlahov D; Lewis J
TITLE Multidrug-resistant tuberculosis [letter]
JOURNAL N Engl J Med 327: 1172-3; discussion 1174 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Galgiani JN; Sun SH; Dugger KO; Ampel NM; Grace GG; Harrison J; Wieden MA
TITLE An arthroconidial-spherule antigen of Coccidioides immitis: differential expression during in vitro fungal development and evidence for humoral response in humans after infection or vaccination.
JOURNAL Infect Immun 60: 2627-35 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gao F; Yue L; White AT; Pappas PG; Barchue J; Hanson AP; Greene BM; Sharp PM; Shaw GM; Hahn BH
TITLE Human infection by genetically diverse SIVSM-related HIV-2 in west Africa.
JOURNAL Nature 358: 495-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gao Q; Gu ZX; Parniak MA; Li XG; Wainberg MA
TITLE In vitro selection of variants of human immunodeficiency virus type 1 resistant to 3'-azido-3'-deoxythymidine and 2',3'-dideoxyinosine.
JOURNAL J Virol 66: 12-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gao Q; Parniak MA; Gu Z; Wainberg MA
TITLE Generation of nucleoside-resistant variants of HIV-1 by in vitro selection in the presence of AZT or DDI but no by combinations.
JOURNAL Leukemia 6 Suppl 3: 192S-195S (1992)

REFERENCE
AUTHORS Garboczi DN; Hung DT; Wiley DC
TITLE HLA-A2-peptide complexes: refolding and crystallization of molecules expressed in Escherichia coli and complexed with single antigenic peptides.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 3429-33 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Garcia JA; Ou SH; Wu F; Lusis AJ; Sparkes RS; Gaynor RB
TITLE Cloning and chromosomal mapping of a human immunodeficiency virus 1 "TATA" element modulatory factor.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 9372-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Garcia JV; Miller AD
TITLE Downregulation of cell surface CD4 by nef.
JOURNAL Res Virol 143: 52-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Garcia de Lomas J; Gimeno C; Artero A; Alcacer A; Marin J; Garcia de Lomas E; Ocete MD; Serrat C; Catalan V
TITLE [Use of DNA amplification to diagnose cytomegalovirus in HIV seropositive patients]
JOURNAL Med Clin (Barc) 99: 249-52 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Garrett ED; Cullen BR
TITLE Comparative analysis of Rev function in human immunodeficiency virus types 1 and 2.
JOURNAL J Virol 66: 4288-94 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gaskin DJ; Wilderspin AF
TITLE Use of chemical cleavage to release active HIV-1 proteinase from a fusion protein produced in the form of insoluble inclusion bodies.
JOURNAL Biochem Soc Trans 20: 162S (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gaulton GN; Brass LF; Kozbor D; Pletcher CH; Hoxie JA
TITLE Inhibition of T cell antigen receptor-dependent phosphorylation of CD4 in human immunodeficiency virus type 1 infected cells.
JOURNAL J Biol Chem 267: 4102-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gausepohl H; Boulin C; Kraft M; Frank RW
TITLE Automated multiple peptide synthesis.
JOURNAL Pept Res 5: 315-20 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gaynor R
TITLE Cellular transcription factors involved in the regulation of HIV-1 gene expression.
JOURNAL AIDS 6: 347-63 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gdovin SL; Clements JE
TITLE Molecular mechanisms of visna virus Tat: identification of the targets for transcriptional activation and evidence for a post-transcriptional effect.
JOURNAL Virology 188: 438-50 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Geballe AP; Gray MK
TITLE Variable inhibition of cell-free translation by HIV-1 transcript leader sequences.
JOURNAL Nucleic Acids Res 20: 4291-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Geffner ME; Bersch N; Golde DW
TITLE Insulin and IGF-I stimulate normal and virally transformed T-lymphocyte cell growth in vitro.
JOURNAL Brain Behav Immun 6: 377-86 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gelman IH; Zhang J; Hailman E; Hanafusa H; Morse SS
TITLE Identification and evaluation of new primer sets for the detection of lentivirus proviral DNA.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1981-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gendelman HE; Theodore TS; Willey R; McCoy J; Adachi A; Mervis RJ; Venkatesan S; Martin MA
TITLE Molecular characterization of a polymerase mutant human immunodeficiency virus.
JOURNAL Virology 191: 529 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Geng Y; Kashanchi F; Wood C
TITLE Activation of bovine immunodeficiency-like virus expression by bovine herpesvirus type 1.
JOURNAL Virology 187: 832-6 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Geng YQ; Chandran B; Josephs SF; Wood C
TITLE Identification and characterization of a human herpesvirus 6 gene segment that trans activates the human immunodeficiency virus type 1 promoter.
JOURNAL J Virol 66: 1564-70 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Genis P; Jett M; Bernton EW; Boyle T; Gelbard HA; Dzenko K; Keane RW; Resnick L; Mizrachi Y; Volsky DJ; et al
TITLE Cytokines and arachidonic metabolites produced during human immunodeficiency virus (HIV)-infected macrophage-astroglia interactions: implications for the neuropathogenesis of HIV disease.
JOURNAL J Exp Med 176: 1703-18 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gessain A; Boeri E; Kazadi K; Garin B; Salaun JJ; Gallo R; de The G; Franchini G
TITLE [HTLV-I retroviral variant in Zaire in patient with chronic neuromyelopathy. Nucleotidic sequence of the envelope gene]
JOURNAL C R Acad Sci III 314: 159-64 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gessain A; Gallo RC; Franchini G
TITLE Low degree of human T-cell leukemia/lymphoma virus type I genetic drift in vivo as a means of monitoring viral transmission and movement of ancient human populations.
JOURNAL J Virol 66: 2288-95 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gewirtz AM; Boghosian-Sell L; Catani L; Ratajczak MZ; Shen YM; Schreiber AD
TITLE Expression of Fc gamma RII and CD4 receptors by normal human megakaryocytes.
JOURNAL Exp Hematol 20: 512-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ghosh D
TITLE Glucocorticoid receptor-binding site in the human immunodeficiency virus long terminal repeat.
JOURNAL J Virol 66: 586-90 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ghosh MK; Cohen JS
TITLE Oligodeoxynucleotides as antisense inhibitors of gene expression.
JOURNAL Prog Nucleic Acid Res Mol Biol 42: 79-126 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Giacca M; Gutierrez MI; Menzo S; Di Fagagna FD; Falaschi A
TITLE A human binding site for transcription factor USF/MLTF mimics the negative regulatory element of human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL Virology 186: 133-47 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Giavedoni LD; Jones L; Gardner MB; Gibson HL; Ng CT; Barr PJ; Yilma T
TITLE Vaccinia virus recombinants expressing chimeric proteins of human immunodeficiency virus and gamma interferon are attenuated for nude mice.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 3409-13 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gilmartin GM; Fleming ES; Oetjen J
TITLE Activation of HIV-1 pre-mRNA 3' processing in vitro requires both an upstream element and TAR.
JOURNAL EMBO J 11: 4419-28 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gilmore TD
TITLE Role of rel family genes in normal and malignant lymphoid cell growth.
JOURNAL Cancer Surv 15: 69-87 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Giovannangeli C; Rougee M; Garestier T; Thuong NT; Helene C
TITLE Triple-helix formation by oligonucleotides containing the three bases thymine, cytosine, and guanine.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 8631-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Giovannangeli C; Thuong NT; Helene C
TITLE Oligodeoxynucleotide-directed photo-induced cross-linking of HIV proviral DNA via triple-helix formation.
JOURNAL Nucleic Acids Res 20: 4275-81 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Golden MP; Kim S; Hammer SM; Ladd EA; Schaffer PA; DeLuca N; Albrecht MA
TITLE Activation of human immunodeficiency virus by herpes simplex virus.
JOURNAL J Infect Dis 166: 494-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Goldschmidts WL; Bhatia K; Johnson JF; Akar N; Gutierrez MI; Shibata D; Carolan M; Levine A; Magrath IT
TITLE Epstein-Barr virus genotypes in AIDS-associated lymphomas are similar to those in endemic Burkitt's lymphomas.
JOURNAL Leukemia 6: 875-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gonzalez-Dunia D; Chirinian-Syan S; Brahic M; Ozden S
TITLE Functional analysis of two long terminal repeats from the HTLV-I retrovirus.
JOURNAL Gene 116: 151-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gonzalez-Dunia D; Grimber G; Briand P; Brahic M; Ozden S
TITLE Tissue expression pattern directed in transgenic mice by the LTR of an HTLV-I provirus isolated from a case of tropical spastic paraparesis.
JOURNAL Virology 187: 705-10 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gopalakrishnan V; Peliska JA; Benkovic SJ
TITLE Human immunodeficiency virus type 1 reverse transcriptase: spatial and temporal relationship between the polymerase and RNase H activities.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 10763-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gordon LM; Curtain CC; Zhong YC; Kirkpatrick A; Mobley PW; Waring AJ
TITLE The amino-terminal peptide of HIV-1 glycoprotein 41 interacts with human erythrocyte membranes: peptide conformation, orientation and aggregation.
JOURNAL Biochim Biophys Acta 1139: 257-74 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gorny MK; Conley AJ; Karwowska S; Buchbinder A; Xu JY; Emini EA; Koenig S; Zolla-Pazner S
TITLE Neutralization of diverse human immunodeficiency virus type 1 variants by an anti-V3 human monoclonal antibody.
JOURNAL J Virol 66: 7538-42 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Goto H; Kawahata S; Ishi K; Igari J
TITLE [Comparison of different methods for anti-HTLV-I assay]
JOURNAL Rinsho Byori 40: 965-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gottlinger HG; Dorfman T; Cohen EA; Haseltine WA
TITLE The role of the tnv protein and tnv RNA splicing signals in replication of HIV-1 IIIB isolates.
JOURNAL Virology 189: 618-28 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gotzsche PC; Nielsen C; Gerstoft J; Nielsen CM; Vestergaard BF
TITLE Trend towards decreased survival in patients infected with HIV resistant to zidovudine.
JOURNAL Scand J Infect Dis 24: 563-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Goudsmit J
TITLE Humoral immune responses in human HIV-1 infection clearance of initial burst of virus replication and protection against disease progression.
JOURNAL Int Rev Immunol 8: 65-81 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Goudsmit J; Zwart G; Wolfs T
TITLE Assessment of HIV-1 antigenic diversification using serum as sample source.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1473 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gozlan J; Salord JM; Roullet E; Baudrimont M; Caburet F; Picard O; Meyohas MC; Duvivier C; Jacomet C; Petit JC
TITLE Rapid detection of cytomegalovirus DNA in cerebrospinal fluid of AIDS patients with neurologic disorders.
JOURNAL J Infect Dis 166: 1416-21 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Grabovskaia IL; Glukhova LA; Tsevtkova TG; Kravets IA; Mamaeva SE; Kushch AA
TITLE [The use of DNA hybridization in situ for identifying chromosomal rearrangements in the karyotyping of cell lines]
JOURNAL Tsitologiia 34: 41-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Grafstrom RH; Zachariasewycz K; Brigandi RA; Block TM
TITLE Genetically engineered bacteria to identify and produce anti-viral agents.
JOURNAL Adv Exp Med Biol 312: 25-40 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Graham GJ; Maio JJ
TITLE A rapid and reliable method to create tandem arrays of short DNA sequences.
JOURNAL Biotechniques 13: 780-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Graham S; Follett EA; Wallace L; Desselberger U; Marsden HS
TITLE Immunodominant epitopes of HIV-1 p17 and p24.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1781-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Grankvist O; Bredberg-Raden U; Gustafsson A; Albert J; Albino P; Andreasson PA; Naucler A; Biberfeld G; Wadell G
TITLE Improved detection of HIV-2 DNA in clinical samples using a nested primer-based polymerase chain reaction.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 286-93 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Grant M
TITLE Mimicry of MHC antigens by HIV--pathological significance [letter]
JOURNAL Immunol Today 13: 512-3 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Grant MD; Smaill FM; Singal DP; Rosenthal KL
TITLE The influence of lymphocyte counts and disease progression on circulating and inducible anti-HIV-1 cytotoxic T-cell activity in HIV-1-infected subjects.
JOURNAL AIDS 6: 1085-94 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Grant SK; Deckman IC; Culp JS; Minnich MD; Brooks IS; Hensley P; Debouck C; Meek TD
TITLE Use of protein unfolding studies to determine the conformational and dimeric stabilities of HIV-1 and SIV proteases.
JOURNAL Biochemistry 31: 9491-501 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gras-Masse H; Ameisen JC; Boutillon C; Rouaix F; Bossus M; Deprez B; Neyrinck JL; Capron A; Tartar A
TITLE Synthetic vaccines and HIV-1 hypervariability: a "mixotope" approach.
JOURNAL Pept Res 5: 211-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Grassmann R; Berchtold S; Radant I; Alt M; Fleckenstein B; Sodroski JG; Haseltine WA; Ramstedt U
TITLE Role of human T-cell leukemia virus type 1 X region proteins in immortalization of primary human lymphocytes in culture.
JOURNAL J Virol 66: 4570-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gray F; Mohr M; Rozenberg F; Belec L; Lescs MC; Dournon E; Sinclair E; Scaravilli F
TITLE Varicella-zoster virus encephalitis in acquired immunodeficiency syndrome: report of four cases.
JOURNAL Neuropathol Appl Neurobiol 18: 502-14 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Graziano RF; Allen PM
TITLE Enhancing the immunogenicity of a permissive binding T cell epitope derived from the simian immunodeficiency virus-encoded negative regulatory factor.
JOURNAL J Immunol 149: 556-61 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Green JE; Baird AM; Hinrichs SH; Klintworth GK; Jay G
TITLE Adrenal medullary tumors and iris proliferation in a transgenic mouse model of neurofibromatosis.
JOURNAL Am J Pathol 140: 1401-10 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Greenstein JL; Schad VC; Goodwin WH; Brauer AB; Bollinger BK; Chin RD; Kuo MC
TITLE A universal T cell epitope-containing peptide from hepatitis B surface antigen can enhance antibody specific for HIV gp120.
JOURNAL J Immunol 148: 3970-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Griffiths JT; Phylip LH; Konvalinka J; Strop P; Gustchina A; Wlodawer A; Davenport RJ; Briggs R; Dunn BM; Kay J
TITLE Different requirements for productive interaction between the active site of HIV-1 proteinase and substrates containing -hydrophobic*hydrophobic- or -aromatic*pro- cleavage sites.
JOURNAL Biochemistry 31: 5193-200 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Grigoriev M; Praseuth D; Robin P; Hemar A; Saison-Behmoaras T; Dautry-Varsat A; Thuong NT; Helene C; Harel-Bellan A
TITLE A triple helix-forming oligonucleotide-intercalator conjugate acts as a transcriptional repressor via inhibition of NF kappa B binding to interleukin-2 receptor alpha-regulatory sequence.
JOURNAL J Biol Chem 267: 3389-95 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Grimaila RJ; Fuller BA; Rennert PD; Nelson MB; Hammarskjold ML; Potts B; Murray M; Putney SD; Gray G
TITLE Mutations in the principal neutralization determinant of human immunodeficiency virus type 1 affect syncytium formation, virus infectivity, growth kinetics, and neutralization.
JOURNAL J Virol 66: 1875-83 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Grimber G; Galand C; Garbarz M; Mattei MG; Cavard C; Zider A; Blanchet P; Boivin P; Briand P; Dhermy D
TITLE Inherited haemolytic anaemia created by insertional inactivation of the alpha-spectrin gene.
JOURNAL Transgenic Res 1: 268-74 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Grinde B; Cameron CE; Leis J; Weber IT; Wlodawer A; Burstein H; Bizub D; Skalka AM
TITLE Mutations that alter the activity of the Rous sarcoma virus protease.
JOURNAL J Biol Chem 267: 9481-90 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Grinde B; Cameron CE; Leis J; Weber IT; Wlodawer A; Burstein H; Skalka AM
TITLE Analysis of substrate interactions of the Rous sarcoma virus wild type and mutant proteases and human immunodeficiency virus-1 protease using a set of systematically altered peptide substrates.
JOURNAL J Biol Chem 267: 9491-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Grob PM; Wu JC; Cohen KA; Ingraham RH; Shih CK; Hargrave KD; McTague TL; Merluzzi VJ
TITLE Nonnucleoside inhibitors of HIV-1 reverse transcriptase: nevirapine as a prototype drug.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 145-52 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Groenink M; Andeweg AC; Fouchier RA; Broersen S; van der Jagt RC; Schuitemaker H; de Goede RE; Bosch ML; Huisman HG; Tersmette M
TITLE Phenotype-associated env gene variation among eight related human immunodeficiency virus type 1 clones: evidence for in vivo recombination and determinants of cytotropism outside the V3 domain.
JOURNAL J Virol 66: 6175-80 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Grosset JH
TITLE Treatment of tuberculosis in HIV infection.
JOURNAL Tuber Lung Dis 73: 378-83 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gruber MF; Hewlett IK; Simms T; Vujcic L; Manischewitz J; Golding H
TITLE Study of viral replication in HIV-1-infected CEM T-cell subclones which are reduced in their ability to form syncytia.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1139-46 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gu Z; Gao Q; Li X; Parniak MA; Wainberg MA
TITLE Novel mutation in the human immunodeficiency virus type 1 reverse transcriptase gene that encodes cross-resistance to 2',3'-dideoxyinosine and 2',3'-dideoxycytidine.
JOURNAL J Virol 66: 7128-35 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gudibande SR; Kenten JH; Link J; Friedman K; Massey RJ
TITLE Rapid, non-separation electrochemiluminescent DNA hybridization assays for PCR products, using 3'-labelled oligonucleotide probes.
JOURNAL Mol Cell Probes 6: 495-503 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gunnery S; Green SR; Mathews MB
TITLE Tat-responsive region RNA of human immunodeficiency virus type 1 stimulates protein synthesis in vivo and in vitro: relationship between structure and function.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 11557-61 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Guo HG; Chang KS
TITLE A vertically transmitted HIV-1 gag-subtype variant detected in Taiwan.
JOURNAL Jpn J Med Sci Biol 45: 127-36 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gupta P; Kingsley L; Anderson R; Ho M; Enrico A; Ding M; Cottrill M; Wolinsky S; Rinaldo C
TITLE Low prevalence of HIV in high-risk seronegative homosexual men evidenced by virus culture and polymerase chain reaction.
JOURNAL AIDS 6: 143-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Gupta S; Ribak CE; Gollapudi S; Kim CH; Salahuddin SZ
TITLE Detection of a human intracisternal retroviral particle associated with CD4+ T-cell deficiency.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 7831-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Guy B; Acres RB; Riviere Y; Kieny MP
TITLE The HIV Nef protein: facts and hypotheses.
JOURNAL Res Virol 143: 34-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Habeshaw J; Hounsell E; Dalgleish A
TITLE Does the HIV envelope induce a chronic graft-versus-host-like disease?
JOURNAL Immunol Today 13: 207-10 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hadida F; Parrot A; Kieny MP; Sadat-Sowti B; Mayaud C; Debre P; Autran B
TITLE Carboxyl-terminal and central regions of human immunodeficiency virus-1 NEF recognized by cytotoxic T lymphocytes from lymphoid organs. An in vitro limiting dilution analysis.
JOURNAL J Clin Invest 89: 53-60 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hadlock KG; Lipka JJ; Chow TP; Foung SK; Reyes GR
TITLE Cloning and analysis of a recombinant antigen containing an epitope specific for human T-cell lymphotropic virus type II.
JOURNAL Blood 79: 2789-96 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Haffar OK; Moran PA; Smithgall MD; Diegel ML; Sridhar P; Ledbetter JA; Zarling JM; Hu SL
TITLE Inhibition of virus production in peripheral blood mononuclear cells from human immunodeficiency virus (HIV) type 1-seropositive donors by treatment with recombinant HIV-like particles.
JOURNAL J Virol 66: 4279-87 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hagemeier C; Walker S; Caswell R; Kouzarides T; Sinclair J
TITLE The human cytomegalovirus 80-kilodalton but not the 72-kilodalton immediate-early protein transactivates heterologous promoters in a TATA box-dependent mechanism and interacts directly with TFIID.
JOURNAL J Virol 66: 4452-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hague BF; Sawasdikosol S; Brown TJ; Lee K; Recker DP; Kindt TJ
TITLE CD4 and its role in infection of rabbit cell lines by human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 7963-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Haidar M; Gluckman JC; Gattegno L
TITLE Mannosyl/N-acetyl-beta-D-glucosaminyl binding properties of the envelope glycoprotein of human immunodeficiency virus type 2.
JOURNAL Glycobiology 2: 429-35 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Haigwood NL; Nara PL; Brooks E; Van Nest GA; Ott G; Higgins KW; Dunlop N; Scandella CJ; Eichberg JW; Steimer KS
TITLE Native but not denatured recombinant human immunodeficiency virus type 1 gp120 generates broad-spectrum neutralizing antibodies in baboons.
JOURNAL J Virol 66: 172-82 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hair LS; Nuovo G; Powers JM; Sisti MB; Britton CB; Miller JR
TITLE Progressive multifocal leukoencephalopathy in patients with human immunodeficiency virus.
JOURNAL Hum Pathol 23: 663-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Haist S; Marz J; Wolf H; Modrow S
TITLE Reactivities of HIV-1 gag-derived peptides with antibodies of HIV-1-infected and uninfected humans.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1909-17 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hall WW; Takahashi H; Liu C; Kaplan MH; Scheewind O; Ijichi S; Nagashima K; Gallo RC
TITLE Multiple isolates and characteristics of human T-cell leukemia virus type II.
JOURNAL J Virol 66: 2456-63 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hallenberger S; Bosch V; Angliker H; Shaw E; Klenk HD; Garten W
TITLE Inhibition of furin-mediated cleavage activation of HIV-1 glycoprotein gp160.
JOURNAL Nature 360: 358-61 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Halsey NA; Markham R; Wahren B; Boulos R; Rossi P; Wigzell H
TITLE Lack of association between maternal antibodies to V3 loop peptides and maternal-infant HIV-1 transmission.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 153-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hamada T; Setoyama M; Katahira Y; Furuno T; Fujiyoshi T; Sonoda S; Tashiro M
TITLE Differences in HTLV-I integration patterns between skin lesions and peripheral blood lymphocytes of HTLV-I seropositive patients with cutaneous lymphoproliferative disorders.
JOURNAL J Dermatol Sci 4: 76-82 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hamakado T; Matsumoto T; Koyanagi Y; Hayashi K; Fukada K; Kouchiyama T; Yoshida T; Yamamoto N
TITLE Development of a supersensitive polymerase chain reaction method for human T lymphotropic virus type II (HTLV-II) and detection of HTLV-II proviral DNA from blood donors in Japan.
JOURNAL Virus Genes 6: 119-29 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hammarskjold ML; Simurda MC
TITLE Epstein-Barr virus latent membrane protein transactivates the human immunodeficiency virus type 1 long terminal repeat through induction of NF-kappa B activity.
JOURNAL J Virol 66: 6496-501 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hammond SA; Bollinger RC; Stanhope PE; Quinn TC; Schwartz D; Clements ML; Siliciano RF
TITLE Comparative clonal analysis of human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1)-specific CD4+ and CD8+ cytolytic T lymphocytes isolated from seronegative humans immunized with candidate HIV-1 vaccines.
JOURNAL J Exp Med 176: 1531-42 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Han XM; Laras A; Rounseville MP; Kumar A; Shank PR
TITLE Human immunodeficiency virus type 1 Tat-mediated trans activation correlates with the phosphorylation state of a cellular TAR RNA stem-binding factor.
JOURNAL J Virol 66: 4065-72 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Handa BK; Kay C
TITLE Synthesis of specific peptide substrates for HIV-1 proteinase.
JOURNAL Int J Pept Protein Res 40: 363-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hanke T; Szawlowski P; Randall RE
TITLE Construction of solid matrix-antibody-antigen complexes containing simian immunodeficiency virus p27 using tag-specific monoclonal antibody and tag-linked antigen.
JOURNAL J Gen Virol 73 (Pt 3): 653-60 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hansen JE
TITLE Carbohydrates of human immunodeficiency virus.
JOURNAL APMIS Suppl 27: 96-108 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hansen JE; Clausen H; Hu SL; Nielsen JO; Olofsson S
TITLE An O-linked carbohydrate neutralization epitope of HIV-1 gp 120 is expressed by HIV-1 env gene recombinant vaccinia virus.
JOURNAL Arch Virol 126: 11-20 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Harland CC; Whittaker SJ; Ng YL; Holden CA; Wong E; Smith NP
TITLE Coexistent cutaneous T-cell lymphoma and B-cell chronic lymphocytic leukaemia.
JOURNAL Br J Dermatol 127: 519-23 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Harris M; Hislop S; Patsilinacos P; Neil JC
TITLE In vivo derived HIV-1 nef gene products are heterogeneous and lack detectable nucleotide binding activity.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 537-43 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Harris M; Talbot S; Patsilinacos P; Neil JC
TITLE The HIV-1 nef gene product.
JOURNAL Biochem Soc Trans 20: 517-20 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Harris SJ; Gearing AJ; Layton GT; Adams SE; Kingsman AJ
TITLE Enhanced proliferative cellular responses to HIV-1 V3 peptide and gp120 following immunization with V3:Ty virus-like particles.
JOURNAL Immunology 77: 315-21 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Harrison GP; Lever AM
TITLE The human immunodeficiency virus type 1 packaging signal and major splice donor region have a conserved stable secondary structure.
JOURNAL J Virol 66: 4144-53 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Harrison GS; Long CJ; Curiel TJ; Maxwell F; Maxwell IH
TITLE Inhibition of human immunodeficiency virus-1 production resulting from transduction with a retrovirus containing an HIV-regulated diphtheria toxin A chain gene.
JOURNAL Hum Gene Ther 3: 461-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Harrison GS; Long CJ; Maxwell F; Glode LM; Maxwell IH
TITLE Inhibition of HIV production in cells containing an integrated, HIV-regulated diphtheria toxin A chain gene.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 39-45 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hart GJ; Orr DC; Penn CR; Figueiredo HT; Gray NM; Boehme RE; Cameron JM
TITLE Effects of (-)-2'-deoxy-3'-thiacytidine (3TC) 5'-triphosphate on human immunodeficiency virus reverse transcriptase and mammalian DNA polymerases alpha, beta, and gamma.
JOURNAL Antimicrob Agents Chemother 36: 1688-94 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Harte WE Jr; Swaminathan S; Beveridge DL
TITLE Molecular dynamics of HIV-1 protease.
JOURNAL Proteins 13: 175-94 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hartung S; Boller K; Cichutek K; Norley SG; Kurth R
TITLE Quantitation of a lentivirus in its natural host: simian immunodeficiency virus in African green monkeys.
JOURNAL J Virol 66: 2143-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hartung S; Norley SG; Ennen J; Cichutek K; Plesker R; Kurth R
TITLE Vaccine protection against SIVmac infection by high- but not low-dose whole inactivated virus immunogen.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 461-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hasan A; Srivastava PC
TITLE Synthesis and biological studies of unsaturated acyclonucleoside analogues of S-adenosyl-L-homocysteine hydrolase inhibitors.
JOURNAL J Med Chem 35: 1435-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hatanaka M
TITLE [Replication and gene expression of HIV--a question posed by HIV]
JOURNAL Tanpakushitsu Kakusan Koso 37: 2659-67 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hatanaka M
TITLE [AIDS and its virus]
JOURNAL Hum Cell 5: 127-42 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hatanaka M
TITLE [ATL and its virus]
JOURNAL Hum Cell 5: 110-26 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hatanaka M
TITLE [Transformation by the tax gene of HTLV-1]
JOURNAL Uirusu 42: 13-20 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hawkins RE; Rickman LS; Vermund SH; Carl M
TITLE Association of mycoplasma and human immunodeficiency virus infection: detection of amplified Mycoplasma fermentans DNA in blood.
JOURNAL J Infect Dis 165: 581-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hayakawa T; Misumi Y; Kobayashi M; Yamamoto Y; Fujisawa Y
TITLE Requirement of N- and C-terminal regions for enzymatic activity of human T-cell leukemia virus type I protease.
JOURNAL Eur J Biochem 206: 919-25 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hayakawa T; Miyazaki T; Misumi Y; Kobayashi M; Fujisawa Y
TITLE Myristoylation-dependent membrane targeting and release of the HTLV-I Gag precursor, Pr53gag, in yeast.
JOURNAL Gene 119: 273-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hayashi K; Ohara N; Fujiwara K; Aoki H; Takahashi K; Jeon HJ; Akagi T; Miyamoto K; Ohtsuki Y
TITLE Human helper T cell lines established by coculture of normal human cord leukocytes with an HTLV-II-infected rabbit leukocyte cell line (Ra-IIA).
JOURNAL Acta Pathol Jpn 42: 347-52 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hayashi K; Ohara N; Fujiwara K; Jeon HJ; Koirala TR; Takahashi K; Akagi T; Tomita N; Miyamoto K
TITLE HTLV-II-specific antisera raised in rabbits immunized with a synthetic peptide of HTLV-II envelope protein.
JOURNAL Virchows Arch B Cell Pathol 63: 37-41 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hayashi T; Shioda T; Iwakura Y; Shibuta H
TITLE RNA packaging signal of human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL Virology 188: 590-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS He XM; Ruker F; Casale E; Carter DC
TITLE Structure of a human monoclonal antibody Fab fragment against gp41 of human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 7154-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Healey DG; Dianda L; Beverley PC
TITLE A "network antigen" for human CD4. A murine monoclonal anti-idiotype to Leu-3a induces an anti-CD4 response in naive mice.
JOURNAL J Immunol 148: 821-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Heidenreich O; Eckstein F
TITLE Hammerhead ribozyme-mediated cleavage of the long terminal repeat RNA of human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL J Biol Chem 267: 1904-9 (1992)

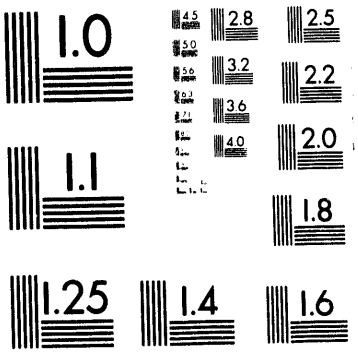
REFERENCE
AUTHORS Henderson E; Yang JY; Schwartz A
TITLE Dehydroepiandrosterone (DHEA) and synthetic DHEA analogs are modest inhibitors of HIV-1 IIIB replication.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 625-31 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Henderson LE; Bowers MA; Sowder RC 2d; Serabyn SA; Johnson DG; Bess JW Jr; Arthur LO; Bryant DK; Fenselau C
TITLE Gag proteins of the highly replicative MN strain of human immunodeficiency virus type 1: posttranslational modifications, proteolytic processings, and complete amino acid sequences.
JOURNAL J Virol 66: 1856-65 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Heneine W; Khabbaz RF; Lal RB; Kaplan JE
TITLE Sensitive and specific polymerase chain reaction assays for diagnosis of human T-cell lymphotropic virus type I (HTLV-I) and HTLV-II infections in HTLV-I/II-seropositive individuals.
JOURNAL J Clin Microbiol 30: 1605-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Henrard DR; Mehaffey WF; Allain JP
TITLE A sensitive viral capture assay for detection of plasma viremia in HIV-infected individuals.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 47-52 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hentges F; Hoffmann A; Oliveira de Araujo F; Hemmer R
TITLE Prolonged clinically asymptomatic evolution after HIV-1 infection is marked by the absence of complement C4 null alleles at the MHC.
JOURNAL Clin Exp Immunol 88: 237-42 (1992)


1.0
1.1
1.25
1.4
1.6
1.8
2.0
2.2
2.5
2.8
3.2
3.6
4.0
4.5
5.0
5.6

8 of 11

REFERENCE
AUTHORS Herndier BG; Shiramizu BT; Jewett NE; Aldape KD; Reyes GR; McGrath MS
TITLE Acquired immunodeficiency syndrome-associated T-cell lymphoma: evidence for human immunodeficiency virus type 1-associated T-cell transformation.
JOURNAL Blood 79: 1768-74 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hiebl J; Zbiral E; Balzarini J; De Clercq E
TITLE Side-chain derivatives of biologically active nucleosides. 1. Side-chain analogs of 3'-azido-3'-deoxythymidine (AZT).
JOURNAL J Med Chem 35: 3016-23 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Higashi J; Kumagai S; Hatanaka M; Imura H
TITLE The presence of antibodies to purified p24gag protein of HTLV-I in sera of patients with systemic lupus erythematosus (SLE).
JOURNAL Virus Genes 6: 357-64 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Higgins PJ; Paradis T; Potts BJ; White-Scharf ME; Rusche JR; Scott CF
TITLE In vitro inhibition of a variety of human immunodeficiency virus isolates by a broadly reactive, V3-directed heteroconjugate antibody.
JOURNAL J Infect Dis 166: 198-202 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hillman K; Qian J; Siegel JN; Roderiquez G; Blackburn R; Manischewitz J; Norcross M; Golding H
TITLE Reduced susceptibility to HIV-1 infection of ethyl-methanesulfonate-treated CEM subclones correlates with a blockade in their protein kinase C signaling pathway.
JOURNAL J Immunol 148: 3991-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hirai H; Fujisawa J; Suzuki T; Ueda K; Muramatsu M; Tsuboi A; Arai N; Yoshida M
TITLE Transcriptional activator Tax of HTLV-1 binds to the NF-kappa B precursor p105.
JOURNAL Oncogene 7: 1737-42 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hirose S
TITLE [Detection of HTLV-ImRNA by in situ hybridization technique using biotinylated oligonucleotide probe]
JOURNAL Rinsho Ketsueki 33: 311-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hirsch I; Salaun D; Brichacek B; Chermann JC
TITLE HIV1 cytopathogenicity-genetic difference between direct cytotoxic and fusogenic effect.
JOURNAL Virology 186: 647-54 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hizi A; Shaharabany M
TITLE Functional analysis of novel selective mutants of the reverse transcriptase of human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL J Biol Chem 267: 18255-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hizi A; Shaharabany M; Tal R; Hughes SH
TITLE The effects of cysteine mutations on the reverse transcriptases of human immunodeficiency virus types 1 and 2.
JOURNAL J Biol Chem 267: 1293-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hjelle B; Chaney R
TITLE Sequence variation of functional HTLV-II tax alleles among isolates from an endemic population: lack of evidence for oncogenic determinant in tax.
JOURNAL J Med Virol 36: 136-41 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hochmeister M; Miescher E; Lipowec W; Borer UV; Dirnhofer R
TITLE [Effects of nonoxinol 9 on RFLP typing of postcoital vaginal smears]
JOURNAL Beitr Gerichtl Med 50: 95-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Holland SM; Chavez M; Gerstberger S; Venkatesan S
TITLE A specific sequence with a bulged guanosine residue(s) in a stem-bulge-stem structure of Rev-responsive element RNA is required for trans activation by human immunodeficiency virus type 1 Rev.
JOURNAL J Virol 66: 3699-706 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hollsberg P; Wucherpfennig KW; Ausubel LJ; Calvo V; Bierer BE; Hafler DA
TITLE Characterization of HTLV-I in vivo infected T cell clones. IL-2-independent growth of nontransformed T cells.
JOURNAL J Immunol 148: 3256-63 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Holmes EC; Zhang LQ; Simmonds P; Ludlam CA; Brown AJ
TITLE Convergent and divergent sequence evolution in the surface envelope glycoprotein of human immunodeficiency virus type 1 within a single infected patient.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 4835-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hope TJ; Klein NP; Elder ME; Parslow TG
TITLE trans-dominant inhibition of human immunodeficiency virus type 1 Rev occurs through formation of inactive protein complexes.
JOURNAL J Virol 66: 1849-55 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hornick D; Schlesinger L; Wenzel R
TITLE Resurgence of tuberculosis.
JOURNAL Iowa Med 82: 411-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Horwitz MS; Boyce-Jacino MT; Faras AJ
TITLE Novel human endogenous sequences related to human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL J Virol 66: 2170-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hosmalin A; Kumar S; Barnd D; Houghten R; Smith GE; Hughes SH; Berzofsky JA
TITLE Immunization with soluble protein-pulsed spleen cells induces class I-restricted cytotoxic T lymphocytes that recognize immunodominant epitopic peptides from Plasmodium falciparum and HIV-1.
JOURNAL J Immunol 149: 1311-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hostomsky Z; Hostomska Z; Fu TB; Taylor J
TITLE Reverse transcriptase of human immunodeficiency virus type 1: functionality of subunits of the heterodimer in DNA synthesis.
JOURNAL J Virol 66: 3179-82 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hostomsky Z; Hudson GO; Rahmati S; Hostomska Z
TITLE RNase D, a reported new activity associated with HIV-1 reverse transcriptase, displays the same cleavage specificity as Escherichia coli RNase III.
JOURNAL Nucleic Acids Res 20: 5819-24 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hsu MC; Schutt AD; Holly M; Slice LW; Sherman MI; Richman DD; Potash MJ; Volsky DJ
TITLE Discovery and characterization of an HIV-1 Tat antagonist.
JOURNAL Biochem Soc Trans 20: 525-31 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hu SL; Abrams K; Barber GN; Moran P; Zarling JM; Langlois AJ; Kuller L; Morton WR; Benveniste RE
TITLE Protection of macaques against SIV infection by subunit vaccines of SIV envelope glycoprotein gp160.
JOURNAL Science 255: 456-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hu SL; Abrams K; Misher L; Stallard V; Moran P; Zarling JM; Langlois AJ; Kuller L; Morton WR; Benveniste RE
TITLE Evaluation of protective efficacy of recombinant subunit vaccines against simian immunodeficiency virus infection of macaques.
JOURNAL J Med Primatol 21: 119-25 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hu SL; Travis BM; Stallard V; Abrams K; Misher L; Moran P; Zarling JM; Langlois AJ; Kuller L; Morton WR; et al
TITLE Immune responses to SIVmne envelope glycoproteins protect macaques from homologous SIV infection.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1489-94 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Huang MM; Arnheim N; Goodman MF
TITLE Extension of base mispairs by Taq DNA polymerase: implications for single nucleotide discrimination in PCR.
JOURNAL Nucleic Acids Res 20: 4567-73 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Huang P; Farquhar D; Plunkett W
TITLE Selective action of 2',3'-didehydro-2',3'-dideoxythymidine triphosphate on human immunodeficiency virus reverse transcriptase and human DNA polymerases.
JOURNAL J Biol Chem 267: 2817-22 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Huang PL; Chen HC; Kung HF; Huang PL; Huang P; Huang HI; Lee-Huang S
TITLE Anti-HIV plant proteins catalyze topological changes of DNA into inactive forms.
JOURNAL Biofactors 4: 37-41 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Huang SC; Smith JR; Moen LK
TITLE Contribution of the p51 subunit of HIV-1 reverse transcriptase to enzyme processivity.
JOURNAL Biochem Biophys Res Commun 184: 986-92 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Huang YQ; Buchbinder A; Li JJ; Nicolaides A; Zhang WG; Friedman-Kien AE
TITLE The absence of Tat sequences in tissues of HIV-negative patients with epidemic Kaposi's sarcoma.
JOURNAL AIDS 6: 1139-42 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Huber BE; Richards CA; Martin JL; Wirth PJ
TITLE Alterations in tumor angiogenesis associated with stable expression of the HIV tat gene.
JOURNAL Mol Carcinog 5: 293-300 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Huber BT
TITLE Mls genes and self-superantigens.
JOURNAL Trends Genet 8: 399-402 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hubner A; Kruhoffer M; Grosse F; Krauss G
TITLE Fidelity of human immunodeficiency virus type 1 reverse transcriptase in copying natural RNA.
JOURNAL J Mol Biol 223: 595-600 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hungnes O; Tjotta E; Grinde B
TITLE Mutations in the central polypurine tract of HIV-1 result in delayed replication.
JOURNAL Virology 190: 440-2 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hussain LA; Kelly CG; Fellowes R; Hecht EM; Wilson J; Chapman M; Lehner T
TITLE Expression and gene transcript of Fc receptors for IgG, HLA class II antigens and Langerhans cells in human cervico-vaginal epithelium.
JOURNAL Clin Exp Immunol 90: 530-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Hwang SS; Boyle TJ; Lyerly HK; Cullen BR
TITLE Identification of envelope V3 loop as the major determinant of CD4 neutralization sensitivity of HIV-1.
JOURNAL Science 257: 535-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Icenogle JP; Laga M; Miller D; Manoka AT; Tucker RA; Reeves WC
TITLE Genotypes and sequence variants of human papillomavirus DNAs from human immunodeficiency virus type 1-infected women with cervical intraepithelial neoplasia.
JOURNAL J Infect Dis 166: 1210-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Iitia A; Dahlen P; Nunn M; Mukkala VM; Siitari H
TITLE Detection of amplified HTLV-I/-II viral sequences using time-resolved fluorometry.
JOURNAL Anal Biochem 202: 76-81 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ijichi S; Ramundo MB; Takahashi H; Hall WW
TITLE In vivo cellular tropism of human T cell leukemia virus type II (HTLV-II).
JOURNAL J Exp Med 176: 293-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ikoma K; Hiramatsu Y; Uno F; Yoshida M; Nii S
TITLE Ultra-high-resolution scanning electron microscopy of vaccinia virus and its recombinant carrying the gag gene of human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL J Electron Microsc (Tokyo) 41: 167-73 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Imai T; Fukudome K; Takagi S; Nagira M; Furuse M; Fukuhara N; Nishimura M; Hinuma Y; Yoshie O
TITLE C33 antigen recognized by monoclonal antibodies inhibitory to human T cell leukemia virus type 1-induced syncytium formation is a member of a new family of transmembrane proteins including CD9, CD37, CD53, and CD63.
JOURNAL J Immunol 149: 2879-86 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Imataka H; Sogawa K; Yasumoto K; Kikuchi Y; Sasano K; Kobayashi A; Hayami M; Fujii-Kuriyama Y
TITLE Two regulatory proteins that bind to the basic transcription element (BTE), a GC box sequence in the promoter region of the rat P-4501A1 gene.
JOURNAL EMBO J 11: 3663-71 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Indzhiia LV; Yakovleva LA; Overbaugh J; Licciardi KA; Chikobava MG; Klotz IN; Torres R; Indzhiia VO; Lapin BA; Clark EA; et al
TITLE Baboon T cell lymphomas expressing the B cell-associated surface proteins CD40 and Bgp95.
JOURNAL J Clin Immunol 12: 225-36 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Irvin JD; Uckun FM
TITLE Pokeweed antiviral protein: ribosome inactivation and therapeutic applications.
JOURNAL Pharmacol Ther 55: 279-302 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ishiguro N; Abe M; Seto K; Sakurai H; Ikeda H; Wakisaka A; Togashi T; Tateno M; Yoshiki T
TITLE A rat model of human T lymphocyte virus type I (HTLV-I) infection. 1. Humoral antibody response, provirus integration, and HTLV-1-associated myelopathy/tropical spastic paraparesis-like myelopathy in seronegative HTLV-I carrier rats.
JOURNAL J Exp Med 176: 981-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ishihara S; Tachibana N; Okayama A; Murai K; Tsuda K; Mueller N
TITLE Successful graft of HTLV-I-transformed human T-cells (MT-2) in severe combined immunodeficiency mice treated with anti-asialo GM-1 antibody.
JOURNAL Jpn J Cancer Res 83: 320-3 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Israel N; Gougerot-Pocidalo MA; Aillet F; Virelizier JL
TITLE Redox status of cells influences constitutive or induced NF-kappa B translocation and HIV long terminal repeat activity in human T and monocytic cell lines.
JOURNAL J Immunol 149: 3386-93 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Itescu S; Mathur-Wagh U; Skovron ML; Brancato LJ; Marmor M; Zeleniuch-Jacquotte A; Winchester R
TITLE HLA-B35 is associated with accelerated progression to AIDS.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 37-45 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Itescu S; Winchester R
TITLE Diffuse infiltrative lymphocytosis syndrome: a disorder occurring in human immunodeficiency virus-1 infection that may present as a sicca syndrome.
JOURNAL Rheum Dis Clin North Am 18: 683-97 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ivanoff LA; Dubay JW; Morris JF; Roberts SJ; Gutshall L; Sternberg EJ; Hunter E; Matthews TJ; Petteway SR Jr
TITLE V3 loop region of the HIV-1 gp120 envelope protein is essential for virus infectivity.
JOURNAL Virology 187: 423-32 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ivanov VS; Chikin LD; Suvorova ZK; Kozhich AT; Ivanov VT
TITLE [Study of the antigenic structure of human immunodeficiency virus using synthetic peptides]
JOURNAL Bioorg Khim 18: 784-93 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ivanov VS; Suvorova ZK; Tchikin LD; Kozhich AT; Ivanov VT
TITLE Effective method for synthetic peptide immobilization that increases the sensitivity and specificity of ELISA procedures.
JOURNAL J Immunol Methods 153: 229-33 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Iversen PL; Crouse D; Zon G; Perry G
TITLE Binding of antisense phosphorothioate oligonucleotides to murine lymphocytes is lineage specific and inducible.
JOURNAL Antisense Res Dev 2: 223-33 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Iversen PL; Zhu S; Meyer A; Zon G
TITLE Cellular uptake and subcellular distribution of phosphorothioate oligonucleotides into cultured cells.
JOURNAL Antisense Res Dev 2: 211-22 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Iwai S; Pritchard C; Mann DA; Karn J; Gait MJ
TITLE Recognition of the high affinity binding site in rev-response element RNA by the human immunodeficiency virus type-1 rev protein.
JOURNAL Nucleic Acids Res 20: 6465-72 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Iwakura Y; Shioda T; Tosu M; Yoshida E; Hayashi M; Nagata T; Shibuta H
TITLE The induction of cataracts by HIV-1 in transgenic mice.
JOURNAL AIDS 6: 1069-75 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Izuta S; Shimada N; Kitagawa M; Suzuki M; Kojima K; Yoshida S
TITLE Inhibitory effects of triphosphate derivatives of oxetanocin G and related compounds on eukaryotic and viral DNA polymerases and human immunodeficiency virus reverse transcriptase.
JOURNAL J Biochem (Tokyo) 112: 81-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Jacobsen H; Ahlborn-Laake L; Gugel R; Mous J
TITLE Progression of early steps of human immunodeficiency virus type 1 replication in the presence of an inhibitor of viral protease.
JOURNAL J Virol 66: 5087-91 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Jacobson MA
TITLE Foscarnet therapy for AIDS-related opportunistic herpesvirus infections.
JOURNAL AIDS Clin Rev 42: 173-89 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Jang KL; Collins MK; Latchman DS
TITLE The human immunodeficiency virus tat protein increases the transcription of human Alu repeated sequences by increasing the activity of the cellular transcription factor TFIIIC.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 1142-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Jansson M; Wahren B; Scarlatti G; Principi N; Lombardi V; Livadiotti S; Elia L; Plebani A; Wigzell H; Rossi P
TITLE Patterns of immunoglobulin G subclass reactivity to HIV-1 envelope peptides in children born to HIV-1-infected mothers.
JOURNAL AIDS 6: 365-71 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Jarrett RF
TITLE Hodgkin's disease.
JOURNAL Baillieres Clin Haematol 5: 57-79 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Jassoy C; Johnson RP; Navia BA; Worth J; Walker BD
TITLE Detection of a vigorous HIV-1-specific cytotoxic T lymphocyte response in cerebrospinal fluid from infected persons with AIDS dementia complex.
JOURNAL J Immunol 149: 3113-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Javaherian K; Langlois AJ; Schmidt S; Kaufmann M; Cates N; Langedijk JP; Meloen RH; Desrosiers RC; Burns DP; Bolognesi DP; et al
TITLE The principal neutralization determinant of simian immunodeficiency virus differs from that of human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 1418-22 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Jayasena SD; Johnston BH
TITLE Site-specific cleavage of the transactivation response site of human immunodeficiency virus RNA with a tat-based chemical nuclease.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 3526-30 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Jeang KT; Berkhout B
TITLE Kinetics of HIV-1 long terminal repeat trans-activation. Use of intragenic ribozyme to assess rate-limiting steps.
JOURNAL J Biol Chem 267: 17891-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ji JP; Loeb LA
TITLE Fidelity of HIV-1 reverse transcriptase copying RNA in vitro.
JOURNAL Biochemistry 31: 954-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Jiang JD; Chu FN; Naylor PH; Kirkley JE; Mandeli J; Wallace JI; Sarin PS; Goldstein AL; Holland JF; Bekesi JG
TITLE Specific antibody responses to synthetic peptides of HIV-1 p17 correlate with different stages of HIV-1 infection.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 382-90 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Jiang M; Mak J; Wainberg MA; Parniak MA; Cohen E; Kleiman L
TITLE Variable tRNA content in HIV-1IIIB.
JOURNAL Biochem Biophys Res Commun 185: 1005-15 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Johnson MA; Cann AJ
TITLE Molecular determination of cell tropism of human immunodeficiency virus.
JOURNAL Clin Infect Dis 14: 747-55 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Johnson PR; Hirsch VM
TITLE Genetic variation of simian immunodeficiency viruses in nonhuman primates.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 367-72 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Johnson PR; Hirsch VM
TITLE SIV infection of macaques as a model for AIDS pathogenesis.
JOURNAL Int Rev Immunol 8: 55-63 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Johnson PR; Montefiori DC; Goldstein S; Hamm TE; Zhou J; Kitov S; Haigwood NL; Misher L; London WT; Gerin JL; et al
TITLE Inactivated whole-virus vaccine derived from a proviral DNA clone of simian immunodeficiency virus induces high levels of neutralizing antibodies and confers protection against heterologous challenge.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 2175-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Johnson RP; Trocha A; Buchanan TM; Walker BD
TITLE Identification of overlapping HLA class I-restricted cytotoxic T cell epitopes in a conserved region of the human immunodeficiency virus type 1 envelope glycoprotein: definition of minimum epitopes and analysis of the effects of sequence variation.
JOURNAL J Exp Med 175: 961-71 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Johnson VA; Merrill DP; Chou TC; Hirsch MS
TITLE Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) inhibitory interactions between protease inhibitor Ro 31-8959 and zidovudine, 2',3'-dideoxycytidine, or recombinant interferon-alpha A against zidovudine-sensitive or -resistant HIV-1 in vitro.
JOURNAL J Infect Dis 166: 1143-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Jolicoeur P; Laperriere A; Beaulieu N
TITLE Efficient production of human immunodeficiency virus proteins in transgenic mice.
JOURNAL J Virol 66: 3904-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Jolly D; Chada S; Townsend K; DeJesus C; Chang S; Weinhold K; Anderson CG; Lynn A; Bodner M; Barber J; et al
TITLE CTL cross reactivity between HIV strains.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1369-71 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Jones IM; Morikawa Y; Fenouillet E; Moore JP
TITLE Antigenicity of the HIV-2 V3 loop [letter]
JOURNAL AIDS 6: 888-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Jones WC; Barnard AL; Slade A; Mills KH
TITLE Heterogeneity in the recognition of the simian immunodeficiency virus envelope glycoprotein by CD4+ T cell clones from immunized macaques.
JOURNAL J Immunol 149: 3120-6 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Jordan SP; Zugay J; Darke PL; Kuo LC
TITLE Activity and dimerization of human immunodeficiency virus protease as a function of solvent composition and enzyme concentration.
JOURNAL J Biol Chem 267: 20028-32 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Joshi JB; Dave HP
TITLE Transactivation of the proenkephalin gene promoter by the Tax1 protein of human T-cell lymphotropic virus type I.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 1006-10 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Jowett JB; Hockley DJ; Nermut MV; Jones IM
TITLE Distinct signals in human immunodeficiency virus type 1 Pr55 necessary for RNA binding and particle formation.
JOURNAL J Gen Virol 73 (Pt 12): 3079-86 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Jung M; Agut H; Candotti D; Ingrand D; Katlama C; Huraux JM
TITLE Susceptibility of HIV-1 isolates to zidovudine: correlation between widely applicable culture test and PCR analysis.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 359-64 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Jurriaans S; Dekker JT; de Ronde A
TITLE HIV-1 viral DNA load in peripheral blood mononuclear cells from seroconverters and long-term infected individuals.
JOURNAL AIDS 6: 635-41 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Jurriaans S; de Ronde A; Dekker J; Goudsmit J; Cornelissen M
TITLE Analysis of human immunodeficiency virus type 1 LTR-LTR junctions in peripheral blood mononuclear cells of infected individuals.
JOURNAL J Gen Virol 73 (Pt 6): 1537-41 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Just J; Louie L; Abrams E; Nicholas SW; Wara D; Stein Z; King MC
TITLE Genetic risk factors for perinatally acquired HIV-1 infection.
JOURNAL Paediatr Perinat Epidemiol 6: 215-24 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kahn JO; Stites DP; Scillian J; Murcar N; Stryker R; Volberding PA; Naylor PH; Goldstein AL; Sarin PS; Simmon VF; et al
TITLE A phase I study of HGP-30, a 30 amino acid subunit of the human immunodeficiency virus (HIV) p17 synthetic peptide analogue sub-unit vaccine in seronegative subjects.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1321-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kamihira S; Sohda H; Atogami S; Toriya K; Yamada Y; Tsukazaki K; Momita S; Ikeda S; Kusano M; Amagasaki T; et al
TITLE Phenotypic diversity and prognosis of adult T-cell leukemia.
JOURNAL Leuk Res 16: 435-41 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kaminchik J; Sarver N; Gorecki M; Panet A
TITLE Molecular characterization of HIV1 Nef protein.
JOURNAL Res Virol 143: 50-2 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kamine J; Chinnadurai G
TITLE Synergistic activation of the human immunodeficiency virus type 1 promoter by the viral Tat protein and cellular transcription factor Sp1.
JOURNAL J Virol 66: 3932-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kamio M; Arima N; Tsudo M; Imada K; Ohkuma M; Uchiyama T
TITLE The third molecule associated with interleukin 2 receptor alpha and beta chain.
JOURNAL Biochem Biophys Res Commun 184: 1288-92 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kanda P; Fritz DA; Dunham RG; Shuler KR; Lohman KL; Kennedy RC; Buck D
TITLE Comparison of the mouse antibody response to different antigenic formulations incorporating a synthetic peptide representing the heavy chain second complementarity-determining region of a mouse monoclonal anti-CD4 antibody.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1385 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kannagi M; Shida H; Igarashi H; Kuruma K; Murai H; Aono Y; Maruyama I; Osame M; Hattori T; Inoko H; et al
TITLE Target epitope in the Tax protein of human T-cell leukemia virus type I recognized by class I major histocompatibility complex-restricted cytotoxic T cells.
JOURNAL J Virol 66: 2928-33 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Karn J; Graeble MA
TITLE New insights into the mechanism of HIV-1 trans-activation.
JOURNAL Trends Genet 8: 365-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Karp JE; Broder S
TITLE The pathogenesis of AIDS lymphomas: a foundation for addressing the challenges of therapy and prevention.
JOURNAL Leuk Lymphoma 8: 167-88 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Karpas A; Lowdell M; Jacobson SK; Hill F
TITLE Inhibition of human immunodeficiency virus and growth of infected T cells by the immunosuppressive drugs cyclosporin A and FK 506.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 8351-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Karpatkin S; Nardi MA; Kouri YH
TITLE Internal-image anti-idiotype HIV-1gp120 antibody in human immunodeficiency virus 1 (HIV-1)-seropositive individuals with thrombocytopenia.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 1487-91 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Karwowska S; Gorny MK; Buchbinder A; Gianakakos V; Williams C; Fuerst T; Zolla-Pazner S
TITLE Production of human monoclonal antibodies specific for conformational and linear non-V3 epitopes of gp120.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1099-106 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Karzon DT; Bolognesi DP; Koff WC
TITLE Development of a vaccine for the prevention of AIDS, a critical appraisal.
JOURNAL Vaccine 10: 1039-52 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kasai Y; Herlyn D; Sperlagh M; Maruyama H; Matsushita S; Linnenbach AJ
TITLE Molecular cloning of murine monoclonal anti-idiotypic Fab.
JOURNAL J Immunol Methods 155: 77-89 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kashanchi F; Duvall JF; Brady JN
TITLE Electroporation of viral transactivator proteins into lymphocyte suspension cells.
JOURNAL Nucleic Acids Res 20: 4673-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kashman Y; Gustafson KR; Fuller RW; Cardellina JH 2d; McMahon JB; Currens MJ; Buckheit RW Jr; Hughes SH; Cragg GM; Boyd MR
TITLE The calanolides, a novel HIV-inhibitory class of coumarin derivatives from the tropical rainforest tree, Calophyllum lanigerum.
JOURNAL J Med Chem 35: 2735-43 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kati WM; Johnson KA; Jerva LF; Anderson KS
TITLE Mechanism and fidelity of HIV reverse transcriptase.
JOURNAL J Biol Chem 267: 25988-97 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kato H; Sumimoto H; Pognonec P; Chen CH; Rosen CA; Roeder RG
TITLE HIV-1 Tat acts as a processivity factor in vitro in conjunction with cellular elongation factors.
JOURNAL Genes Dev 6: 655-66 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Katz RA; Mack JP; Merkel G; Kulkosky J; Ge Z; Leis J; Skalka AM
TITLE Requirement for a conserved serine in both processing and joining activities of retroviral integrase.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 6741-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kaufman PA; Weinberg JB; Greene WC
TITLE Nuclear expression of the 50- and 65-kD Rel-related subunits of nuclear factor-kappa B is differentially regulated in human monocytic cells.
JOURNAL J Clin Invest 90: 121-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kawamura M; Katahira J; Fukasawa M; Sakuragi J; Ishikawa K; Nakai M; Mingle JA; Osei-Kwasi M; Netty VB; Akari H; et al
TITLE Isolation and characterization of a highly divergent HIV-2[GH-2]: generation of an infectious molecular clone and functional analysis of its rev-responsive element in response to primate retrovirus transactivators (Rev and Rex).
JOURNAL Virology 188: 850-3 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kawase K; Katamine S; Moriuchi R; Miyamoto T; Kubota K; Igarashi H; Doi H; Tsuji Y; Yamabe T; Hino S
TITLE Maternal transmission of HTLV-1 other than through breast milk: discrepancy between the polymerase chain reaction positivity of cord blood samples for HTLV-1 and the subsequent seropositivity of individuals.
JOURNAL Jpn J Cancer Res 83: 968-77 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kaye S; Loveday C; Tedder RS
TITLE A microtitre format point mutation assay: application to the detection of drug resistance in human immunodeficiency virus type-1 infected patients treated with zidovudine.
JOURNAL J Med Virol 37: 241-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kehrl JH; Rieckmann P; Kozlow E; Fauci AS
TITLE Lymphokine production by B cells from normal and HIV-infected individuals.
JOURNAL Ann N Y Acad Sci 651: 220-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kellam P; Boucher CA; Larder BA
TITLE Fifth mutation in human immunodeficiency virus type 1 reverse transcriptase contributes to the development of high-level resistance to zidovudine.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 1934-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Keller A; Garrett ED; Cullen BR
TITLE The Bel-1 protein of human foamy virus activates human immunodeficiency virus type 1 gene expression via a novel DNA target site.
JOURNAL J Virol 66: 3946-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Keller GA; Siegel MW; Caras IW
TITLE Endocytosis of glycophospholipid-anchored and transmembrane forms of CD4 by different endocytic pathways.
JOURNAL EMBO J 11: 863-74 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kelly K; Davis P; Mitsuya H; Irving S; Wright J; Grassmann R; Fleckenstein B; Wano Y; Greene W; Siebenlist U
TITLE A high proportion of early response genes are constitutively activated in T cells by HTLV-I.
JOURNAL Oncogene 7: 1463-70 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kemp DJ
TITLE Colorimetric detection of polymerase chain reaction-amplified DNA segments using DNA-binding proteins.
JOURNAL Methods Enzymol 216: 116-26 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kennedy JR
TITLE AIDS--an autoimmune model.
JOURNAL Med Hypotheses 37: 16-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kennedy PG
TITLE Molecular studies of viral pathogenesis in the central nervous system. The Linacre Lecture 1991.
JOURNAL J R Coll Physicians Lond 26: 204-14 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kent KA; Rud E; Corcoran T; Powell C; Thiriart C; Collignon C; Stott EJ
TITLE Identification of two neutralizing and 8 non-neutralizing epitopes on simian immunodeficiency virus envelope using monoclonal antibodies.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1147-51 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kenten JH; Gudibande S; Link J; Willey JJ; Curfman B; Major EO; Massey RJ
TITLE Improved electrochemiluminescent label for DNA probe assays: rapid quantitative assays of HIV-1 polymerase chain reaction products.
JOURNAL Clin Chem 38: 873-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kerkau T; Gernert S; Kneitz C; Schimpl A
TITLE Mechanism of MHC class I downregulation in HIV infected cells.
JOURNAL Immunobiology 184: 402-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kerr SG; Kalman TI
TITLE Highly water-soluble lipophilic prodrugs of the anti-HIV nucleoside analogue 2',3'- dideoxycytidine and its 3'-fluoro derivative.
JOURNAL J Med Chem 35: 1996-2001 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kessler M; Mathews MB
TITLE Premature termination and processing of human immunodeficiency virus type 1-promoted transcripts.
JOURNAL J Virol 66: 4488-96 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Khan R; Giedroc DP
TITLE Recombinant human immunodeficiency virus type 1 nucleocapsid (NCp7) protein unwinds tRNA.
JOURNAL J Biol Chem 267: 6689-95 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kharchenko EP; Klimenko AP
TITLE [Mimicry of gastrointestinal regulator peptides in human immunodeficiency virus gp120 and gp41 [correction of gp40] proteins as a possible factor of its tissue polytropism]
JOURNAL Dokl Akad Nauk SSSR 322: 769-72 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kharchenko EP; Klimenko AP
TITLE [Repertoire of epitopes of human immunodeficiency virus proteins and the search for vaccines and diagnostic kits]
JOURNAL Dokl Akad Nauk SSSR 322: 189-92 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kholodkov OA; Fodor II
TITLE [Expression of HIV-1 tat gene under the control of P 7,5 KD vaccinia virus promoter in CV-1 cells]
JOURNAL Vestn Ross Akad Med Nauk 32 Suppl 1: 52-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kieber-Emmons T; Krowka JF; Boyer J; Ugen KE; Williams WV; Morrow WJ; Weiner DB
TITLE Immunological characteristics of the putative CD4-binding site of the HIV-1 envelope protein.
JOURNAL Pathobiology 60: 187-94 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kienzle N; Bachmann M; Muller WE; Muller-Lantzsch N
TITLE Expression and cellular localization of the Nef protein from human immunodeficiency virus-1 in stably transfected B-cells.
JOURNAL Arch Virol 124: 123-32 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kienzle N; Enders M; Buck M; Siakkou H; Jahn S; Petzold G; Schneweis KE; Bachmann M; Muller WE; Muller-Lantzsch N
TITLE Expression of the HIV-1 Nef protein in the baculovirus system: investigation of anti-Nef antibodies response in human sera and subcellular localization of Nef.
JOURNAL Arch Virol 126: 293-301 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kikuchi Y; Oka S; Kimura S; Mitamura K; Shimada K
TITLE Clinical application of the polymerase chain reaction for a rapid diagnosis of Mycobacterium tuberculosis infection.
JOURNAL Intern Med 31: 1016-22 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kim CM; Vogel J; Jay G; Rhim JS
TITLE The HIV tat gene transforms human keratinocytes.
JOURNAL Oncogene 7: 1525-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kim HO; Ahn SK; Alves AJ; Beach JW; Jeong LS; Choi BG; Van Roey P; Schinazi RF; Chu CK
TITLE Asymmetric synthesis of 1,3-dioxolane-pyrimidine nucleosides and their anti-HIV activity.
JOURNAL J Med Chem 35: 1987-95 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kimpton J; Emerman M
TITLE Detection of replication-competent and pseudotyped human immunodeficiency virus with a sensitive cell line on the basis of activation of an integrated beta-galactosidase gene.
JOURNAL J Virol 66: 2232-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kinchington D; Galpin S; Jaroszewski JW; Ghosh K; Subasinghe C; Cohen JS
TITLE A comparison of gag, pol and rev antisense oligodeoxynucleotides as inhibitors of HIV-1.
JOURNAL Antiviral Res 17: 53-62 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kindt TJ; Hirsch VM; Johnson PR; Sawasdikosol S
TITLE Animal models for acquired immunodeficiency syndrome.
JOURNAL Adv Immunol 52: 425-74 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kinoshita T; Imamura J; Nagai H; Shimotohno K
TITLE Quantification of gene expression over a wide range by the polymerase chain reaction.
JOURNAL Anal Biochem 206: 231-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kinoshita T; Shimotohno K
TITLE [Sensitive and linear quantitation of a wide range of gene expressions by the polymerase chain reaction]
JOURNAL Tanpakushitsu Kakusan Koso 37: 135-43 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kira J; Itoyama Y; Koyanagi Y; Tateishi J; Kishikawa M; Akizuki S; Kobayashi I; Toki N; Sueishi K; Sato H; et al
TITLE Presence of HTLV-I proviral DNA in central nervous system of patients with HTLV-I-associated myelopathy.
JOURNAL Ann Neurol 31: 39-45 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kirchhoff F; Hunsmann G
TITLE The negative (?) factor of HIV and SIV.
JOURNAL Res Virol 143: 66-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kishi M; Nishino Y; Sumiya M; Ohki K; Kimura T; Goto T; Nakai M; Kakinuma M; Ikuta K
TITLE Cells surviving infection by human immunodeficiency virus type 1: vif or vpu mutants produce non-infectious or markedly less cytopathic viruses.
JOURNAL J Gen Virol 73 (Pt 1): 77-87 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kiss J; Telek B; Toth FD; Rejto L; Suranyi P; Rak K
TITLE HTLV-related markers in a Hungarian patient with adult T-cell leukemia.
JOURNAL Leuk Res 16: 1125-31 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kitajima I; Shinohara T; Bilakovics J; Brown DA; Xu X; Nerenberg M
TITLE Ablation of transplanted HTLV-I Tax-transformed tumors in mice by antisense inhibition of NF-kappa B.
JOURNAL Science 258: 1792-5 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kitajima I; Shinohara T; Minor T; Bibbs L; Bilakovics J; Nerenberg M
TITLE Human T-cell leukemia virus type I tax transformation is associated with increased uptake of oligodeoxynucleotides in vitro and in vivo.
JOURNAL J Biol Chem 267: 25881-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kjems J; Calnan BJ; Frankel AD; Sharp PA
TITLE Specific binding of a basic peptide from HIV-1 Rev.
JOURNAL EMBO J 11: 1119-29 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Klinman DM; Steimer KS; Conover J
TITLE Comparative immunogenicity of gp120-derived proteins and their induction of anti-V3 loop region antibodies.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 1005-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Koehler JE; Quinn FD; Berger TG; LeBoit PE; Tappero JW
TITLE Isolation of Rochalimaea species from cutaneous and osseous lesions of bacillary angiomatosis.
JOURNAL N Engl J Med 327: 1625-31 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kohleisen B; Neumann M; Herrmann R; Brack-Werner R; Krohn KJ; Ovod V; Ranki A; Erfle V
TITLE Cellular localization of Nef expressed in persistently HIV-1-infected low-producer astrocytes.
JOURNAL AIDS 6: 1427-36 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kohlstaedt LA; Steitz TA
TITLE Reverse transcriptase of human immunodeficiency virus can use either human tRNA(3Lys) or Escherichia coli tRNA(2Gln) as a primer in an in vitro primer-utilization assay.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 9652-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kohlstaedt LA; Wang J; Friedman JM; Rice PA; Steitz TA
TITLE Crystal structure at 3.5 A resolution of HIV-1 reverse transcriptase complexed with an inhibitor.
JOURNAL Science 256: 1783-90 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kohno T; Sakoda I; Ishikawa E
TITLE Sensitive enzyme immunoassay (immune complex transfer enzyme immunoassay) for (anti-human T-cell leukemia virus type I) IgG in serum using a synthetic peptide, Cys-env gp46(188-224), as antigen.
JOURNAL J Clin Lab Anal 6: 105-12 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kohno T; Sakoda I; Ishikawa E
TITLE Sensitive enzyme immunoassay (immune complex transfer enzyme immunoassay) for (antihuman T-cell leukemia virus type I) immunoglobulin G in serum using a synthetic peptide, Ala-Cys-Env gp46(237-262), as antigen.
JOURNAL J Clin Lab Anal 6: 162-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Koizumi S; Iwanaga M; Imai S; Yamashiro K; Mikuni C; Abe S; Kakinuma M; Saito N; Takami T; Fukazawa Y; et al
TITLE Expression of myeloid cell phenotypes by a novel adult T-cell leukemia/lymphoma cell line.
JOURNAL J Natl Cancer Inst 84: 690-3 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Koizumi S; Sugiura M; Zhang XK; Yamashiro K; Iwanaga M; Imai S; Osato T
TITLE Simultaneous expression of T-cell and myeloid cell phenotypes in eight newly established HTLV-I-positive T-cell lines.
JOURNAL Jpn J Cancer Res 83: 929-32 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kojima H; Ikeda H; Kubo T; Higuchi A; Fujimoto N; Nishibe M; Nagashima K
TITLE HTLV-1 associated gastric lymphoma.
JOURNAL Zentralbl Pathol 138: 351-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Koken SE; van Wamel JL; Goudsmit J; Berkhout B; Geelen JL
TITLE Natural variants of the HIV-1 long terminal repeat: analysis of promoters with duplicated DNA regulatory motifs.
JOURNAL Virology 191: 968-72 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kolesnitchenko V; Snart RS
TITLE Regulatory elements in the human immunodeficiency virus type 1 long terminal repeat LTR (HIV-1) responsive to steroid hormone stimulation.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1977-80 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kollmann TR; Zhuang X; Rubinstein A; Goldstein H
TITLE Design of polymerase chain reaction primers for the selective amplification of HIV-1 RNA in the presence of HIV-1 DNA.
JOURNAL AIDS 6: 547-52 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Komurian-Pradel F; Pelloquin F; Sonoda S; Osame M; de The G
TITLE Geographical subtypes demonstrated by RFLP following PCR in the LTR region of HTLV-I.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 429-34 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Konvalinka J; Horejsi M; Andreansky M; Novek P; Pichova I; Blaha I; Fabry M; Sedlacek J; Foundling S; Strop P
TITLE An engineered retroviral proteinase from myeloblastosis associated virus acquires pH dependence and substrate specificity of the HIV-1 proteinase.
JOURNAL EMBO J 11: 1141-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Koot M; Vos AH; Keet RP; de Goede RE; Dercksen MW; Terpstra FG; Coutinho RA; Miedema F; Tersmette M
TITLE HIV-1 biological phenotype in long-term infected individuals evaluated with an MT-2 cocultivation assay.
JOURNAL AIDS 6: 49-54 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kopp JB; Klotman ME; Adler SH; Bruggeman LA; Dickie P; Marinos NJ; Eckhaus M; Bryant JL; Notkins AL; Klotman PE
TITLE Progressive glomerulosclerosis and enhanced renal accumulation of basement membrane components in mice transgenic for human immunodeficiency virus type 1 genes.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 1577-81 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Koralnik IJ; Gessain A; Klotman ME; Lo Monico A; Berneman ZN; Franchini G
TITLE Protein isoforms encoded by the pX region of human T-cell leukemia/lymphotropic virus type I.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 8813-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Koralnik IJ; Lemp JF Jr; Gallo RC; Franchini G
TITLE In vitro infection of human macrophages by human T-cell leukemia/lymphotropic virus type I (HTLV-I).
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1845-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Korant B; Rizzo C
TITLE Assay of HIV protease dimerization.
JOURNAL Biol Chem Hoppe Seyler 373: 517-21 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Korber B; Myers G
TITLE Signature pattern analysis: a method for assessing viral sequence relatedness.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1549-60 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Korber B; Wolinsky S; Haynes B; Kunstman K; Levy R; Furtado M; Otto P; Myers G
TITLE HIV-1 intrapatient sequence diversity in the immunogenic V3 region.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1461-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Korolev SE; Solov'ev VV; Tumanian VG
TITLE [A new method of global search for functional DNA segments using a fractal representation of nucleotide texts]
JOURNAL Biofizika 37: 837-47 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kotler M; Arad G; Hughes SH
TITLE Human immunodeficiency virus type 1 gag-protease fusion proteins are enzymatically active.
JOURNAL J Virol 66: 6781-3 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kovac J; Zachar V; Bruckova M; Ujhelyi E; Fust G; Mayer V; Zajac V
TITLE Bacterially expressed core and envelope proteins of human immunodeficiency virus type-1 (HIV-1): comparative evaluation in detection of type-specific antibodies.
JOURNAL Acta Virol (Praha) 36: 337-46 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kozak M
TITLE Regulation of translation in eukaryotic systems.
JOURNAL Annu Rev Cell Biol 8: 197-225 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kozhemiakin LA; Bondarenko IG
TITLE [Genomic instability and AIDS]
JOURNAL Biokhimiia 57: 1417-26 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kozlowski S; Corr M; Takeshita T; Boyd LF; Pendleton CD; Germain RN; Berzofsky JA; Margulies DH
TITLE Serum angiotensin-1 converting enzyme activity processes a human immunodeficiency virus 1 gp160 peptide for presentation by major histocompatibility complex class I molecules.
JOURNAL J Exp Med 175: 1417-22 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kraevskii AA; Galegov GA
TITLE [Reverse transcriptase inhibitors and the therapy of HIV infection]
JOURNAL Vestn Ross Akad Med Nauk 100: 3-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Krausslich HG
TITLE Specific inhibitor of human immunodeficiency virus proteinase prevents the cytotoxic effects of a single-chain proteinase dimer and restores particle formation.
JOURNAL J Virol 66: 567-72 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Krausslich HG
TITLE Genetic analysis and gene expression of human immunodeficiency virus.
JOURNAL Curr Opin Genet Dev 2: 82-9 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kretzschmar M; Meisterernst M; Scheidereit C; Li G; Roeder RG
TITLE Transcriptional regulation of the HIV-1 promoter by NF-kappa B in vitro.
JOURNAL Genes Dev 6: 761-74 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kreutz R; Dietrich U; Kuhnel H; Nieselt-Struwe K; Eigen M; Rubsamen-Waigmann H
TITLE Analysis of the envelope region of the highly divergent HIV-2ALT isolate extends the known range of variability within the primate immunodeficiency viruses.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1619-29 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kriwacki RW; Schultz SC; Steitz TA; Caradonna JP
TITLE Sequence-specific recognition of DNA by zinc-finger peptides derived from the transcription factor Sp1.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 9759-63 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kruppa G; Thoma B; Machleidt T; Wiegmann K; Kronke M
TITLE Inhibition of tumor necrosis factor (TNF)-mediated NF-kappa B activation by selective blockade of the human 55-kDa TNF receptor.
JOURNAL J Immunol 148: 3152-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kubota S; Furuta R; Maki M; Hatanaka M
TITLE Inhibition of human immunodeficiency virus type 1 Rev function by a Rev mutant which interferes with nuclear/nucleolar localization of Rev.
JOURNAL J Virol 66: 2510-3 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kuiken CL; de Jong JJ; Baan E; Keulen W; Tersmette M; Goudsmit J
TITLE Evolution of the V3 envelope domain in proviral sequences and isolates of human immunodeficiency virus type 1 during transition of the viral biological phenotype.
JOURNAL J Virol 66: 4622-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kuiken CL; de Jong JJ; Baan E; Keulen W; Tersmette M; Goudsmit J
TITLE Evolution of the V3 envelope domain in proviral sequences and isolates of human immunodeficiency virus type 1 during transition of the viral biological phenotype.
JOURNAL J Virol 66: 5704 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kundu SK; Merigan TC
TITLE Equivalent recognition of HIV proteins, Env, Gag and Pol, by CD4+ and CD8+ cytotoxic T-lymphocytes.
JOURNAL AIDS 6: 643-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kurachi K; Furukawa M; Yao SN; Kurachi S
TITLE Biology of factor IX.
JOURNAL Hematol Oncol Clin North Am 6: 991-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kurimura T; Sakamoto T
TITLE [DNA diagnosis of HIV-1 carriers by PCR]
JOURNAL Nippon Rinsho 50 Suppl: 294-300 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kuroki M; Nakamura M; Itoyama Y; Tanaka Y; Shiraki H; Baba E; Esaki T; Tatsumoto T; Nagafuchi S; Nakano S; et al
TITLE Identification of new epitopes recognized by human monoclonal antibodies with neutralizing and antibody-dependent cellular cytotoxicity activities specific for human T cell leukemia virus type 1.
JOURNAL J Immunol 149: 940-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kuroki T; Nishiguchi S; Fukuda K; Nakajima S; Shiomi S; Murata R; Isshiki G; Kobayashi K
TITLE Transmission of hepatitis C virus from mothers with chronic hepatitis C without human immunodeficiency virus [letter]
JOURNAL J Infect Dis 166: 1192-3 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kusk P; Bugge TH; Lindhardt BO; Hulgaard EF; Holmback K
TITLE Mapping of linear B-cell epitopes on the major core protein p24 of human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1).
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1789-94 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kusk P; Holmback K; Lindhardt BO; Hulgaard EF; Bugge TH
TITLE Mapping of two new human B-cell epitopes on HIV-1 gp120.
JOURNAL AIDS 6: 1451-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kusumi K; Conway B; Cunningham S; Berson A; Evans C; Iversen AK; Colvin D; Gallo MV; Coutre S; Shpaer EG; et al
TITLE Human immunodeficiency virus type 1 envelope gene structure and diversity in vivo and after cocultivation in vitro.
JOURNAL J Virol 66: 875-85 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kuttner G; Giessmann E; Niemann B; Winkler K; Grunow R; Hinkula J; Rosen J; Wahren B; von Baehr R
TITLE Immunoglobulin V regions and epitope mapping of a murine monoclonal antibody against p24 core protein of HIV-1.
JOURNAL Mol Immunol 29: 561-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kuz'min AN; Kuz'min VG; Morozov VG
TITLE [The use of DNA polymerase from Thermus thermophilus]
JOURNAL Vopr Virusol 37: 94-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kwok S
TITLE Detection of human retroviruses by PCR.
JOURNAL Ann Med 24: 211-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Kyaw MT; Hurren L; Evans L; Moss DJ; Cooper DA; Benson E; Esmore D; Sculley TB
TITLE Expression of B-type Epstein-Barr virus in HIV-infected patients and cardiac transplant recipients.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1869-74 (1992)

REFERENCE
AUTHORS La Mantia G; Majello B; Di Cristofano A; Strazzullo M; Minchiotti G; Lania L
TITLE Identification of regulatory elements within the minimal promoter region of the human endogenous ERV9 proviruses: accurate transcription initiation is controlled by an Inr-like element.
JOURNAL Nucleic Acids Res 20: 4129-36 (1992)

REFERENCE
AUTHORS LaFemina RL; Schneider CL; Robbins HL; Callahan PL; LeGrow K; Roth E; Schleif WA; Emini EA
TITLE Requirement of active human immunodeficiency virus type 1 integrase enzyme for productive infection of human T-lymphoid cells.
JOURNAL J Virol 66: 7414-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS LaFond RE; Eaton RB; Watt RA; Villee CA; Actor JK; Schur PH
TITLE Autoantibodies to c-myc protein: elevated levels in patients with African Burkitt's lymphoma and normal Ghanians.
JOURNAL Autoimmunity 13: 215-24 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lacey SF; Reardon JE; Furfine ES; Kunkel TA; Bebenek K; Eckert KA; Kemp SD; Larder BA
TITLE Biochemical studies on the reverse transcriptase and RNase H activities from human immunodeficiency virus strains resistant to 3'-azido-3'-deoxythymidine.
JOURNAL J Biol Chem 267: 15789-94 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Laczko I; Hollosi M; Urge L; Ugen KE; Weiner DB; Mantsch HH; Thurin J; Otvos L Jr
TITLE Synthesis and conformational studies of N-glycosylated analogues of the HIV-1 principal neutralizing determinant.
JOURNAL Biochemistry 31: 4282-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lairmore MD; Roberts B; Frank D; Rovnak J; Weiser MG; Cockerell GL
TITLE Comparative biological responses of rabbits infected with human T-lymphotropic virus type I isolates from patients with lymphoproliferative and neurodegenerative disease.
JOURNAL Int J Cancer 50: 124-30 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lal RB; Hjelle B; Rudolph DL
TITLE Spontaneous proliferation of HTLV-II-infected peripheral blood lymphocytes: HLA-DR-driven, IL-2-dependent response.
JOURNAL Microbiol Immunol 36: 865-72 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lal RB; Rudolph DL; Coligan JE; Brodine SK; Roberts CR
TITLE Failure to detect evidence of human T-lymphotropic virus (HTLV) type I and type II in blood donors with isolated gag antibodies to HTLV-I/II.
JOURNAL Blood 80: 544-50 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lal RB; Rudolph DL; Kaplan JE; Hjelle B; Levine PH; Coligan JE; Viscidi RP
TITLE Identification of immunodominant epitopes in envelope glycoprotein of human T lymphotropic virus type II.
JOURNAL Virology 186: 274-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lal RB; Rudolph DL; Nerurkar VR; Yanagihara R
TITLE Humoral responses to the immunodominant gag and env epitopes of human T-lymphotropic virus type I among Melanesians.
JOURNAL Viral Immunol 5: 265-72 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Laman JD; Schellekens MM; Abacioglu YH; Lewis GK; Tersmette M; Fouchier RA; Langedijk JP; Claasen E; Boersma WJ
TITLE Variant-specific monoclonal and group-specific polyclonal human immunodeficiency virus type 1 neutralizing antibodies raised with synthetic peptides from the gp120 third variable domain.
JOURNAL J Virol 66: 5175 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Laman JD; Schellekens MM; Abacioglu YH; Lewis GK; Tersmette M; Fouchier RA; Langedijk JP; Claassen E; Boersma WJ
TITLE Variant-specific monoclonal and group-specific polyclonal human immunodeficiency virus type 1 neutralizing antibodies raised with synthetic peptides from the gp120 third variable domain.
JOURNAL J Virol 66: 1823-31 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Land S; McGavin C; Lucas R; Birch C
TITLE Incidence of zidovudine-resistant human immunodeficiency virus isolated from patients before, during, and after therapy.
JOURNAL J Infect Dis 166: 1139-42 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Langedijk JP; Back NK; Kinney-Thomas E; Bruck C; Francotte M; Goudsmit J; Meloen RH
TITLE Comparison and fine mapping of both high and low neutralizing monoclonal antibodies against the principal neutralization domain of HIV-1.
JOURNAL Arch Virol 126: 129-46 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Langedijk JP; Vos WF; van Doornum GJ; Rotman HA; Meloen RH; Huisman JG
TITLE Identification of cross-reactive epitopes recognized by HIV-1 false-positive sera [letter]
JOURNAL AIDS 6: 1547-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Langner CA; Lodge JK; Travis SJ; Caldwell JE; Lu T; Li Q; Bryant ML; Devadas B; Gokel GW; Kobayashi GS; et al
TITLE 4-oxatetradecanoic acid is fungicidal for Cryptococcus neoformans and inhibits replication of human immunodeficiency virus I.
JOURNAL J Biol Chem 267: 17159-69 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lanza P; Washington LC; Zanetti M
TITLE A method to analyze the interaction between gp120 of human immunodeficiency virus and CD4.
JOURNAL Viral Immunol 5: 305-10 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lardelli P; Manzano D; Steinberg SM; Madariaga L; Anton I; Cisterna R
TITLE Correlative detection of human immunodeficiency virus (HIV) antigen p24 and Epstein-Barr virus DNA in vitro: clinical influence on HIV infection.
JOURNAL Microbiol Immunol 36: 905-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Larder BA
TITLE 3'-Azido-3'-deoxythymidine resistance suppressed by a mutation conferring human immunodeficiency virus type 1 resistance to nonnucleoside reverse transcriptase inhibitors.
JOURNAL Antimicrob Agents Chemother 36: 2664-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lasarte JJ; Sarobe P; Gullon A; Prieto J; Borras-Cuesta F
TITLE Induction of cytotoxic T lymphocytes in mice against the principal neutralizing domain of HIV-1 by immunization with an engineered T-cytotoxic-T-helper synthetic peptide construct.
JOURNAL Cell Immunol 141: 211-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Laurence J; Grimison B; Gonenne A
TITLE Effect of recombinant human growth hormone on acute and chronic human immunodeficiency virus infection in vitro.
JOURNAL Blood 79: 467-72 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Laurence J; Hodtsev AS; Posnett DN
TITLE Superantigen implicated in dependence of HIV-1 replication in T cells on TCR V beta expression.
JOURNAL Nature 358: 255-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Laurent-Crawford AG; Hovanessian AG
TITLE Characterization of the Nef protein in HIV1-infected CEM cells.
JOURNAL Res Virol 143: 59-62 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Layne SP; Dembo M
TITLE The auto-regulation model: a unified concept of how HIV regulates its infectivity, pathogenesis and persistence.
JOURNAL Int Rev Immunol 8: 1-32 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lazcano A; Valverde V; Hernandez G; Gariglio P; Fox GE; Oro J
TITLE On the early emergence of reverse transcription: theoretical basis and experimental evidence.
JOURNAL J Mol Evol 35: 524-36 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lazdins JK; Klimkait T; Woods-Cook K; Walker M; Alteri E; Cox D; Cerletti N; Shipman R; Bilbe G; McMaster G
TITLE The replicative restriction of lymphocytotropic isolates of HIV-1 in macrophages is overcome by TGF-beta.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 505-11 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Le Guern M; Levy JA
TITLE Human immunodeficiency virus (HIV) type 1 can superinfect HIV-2-infected cells: pseudotype virions produced with expanded cellular host range.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 363-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Le Naour R; Raoul H; Mabondzo A; Ripoll L; Bartholeyns J; Romet-Lemonne JL; Dormont D
TITLE Functional consequences of monocyte/macrophage infection by HIV1.
JOURNAL Res Immunol 143: 49-56 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Leavitt AD; Rose RB; Varmus HE
TITLE Both substrate and target oligonucleotide sequences affect in vitro integration mediated by human immunodeficiency virus type 1 integrase protein produced in Saccharomyces cerevisiae.
JOURNAL J Virol 66: 2359-68 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lecomte O; Fischer A
TITLE Antigen-independent adhesion of CD45RA (naive) and CD45RO (memory) CD4 T cells to B cells.
JOURNAL Int Immunol 4: 191-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lederer H; Schatz O; May R; Crespi H; Darlix JL; Le Grice SF; Heumann H
TITLE Domain structure of the human immunodeficiency virus reverse transcriptase.
JOURNAL EMBO J 11: 1131-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lederman S; Bergmann JE; Cleary AM; Yellin MJ; Fusco PJ; Chess L
TITLE Sulfated polyester interactions with the CD4 molecule and with the third variable loop domain (v3) of gp120 are chemically distinct.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1599-610 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lee AH; Lee KJ; Kim S; Sung YC
TITLE Transactivation of human immunodeficiency virus type 1 long terminal repeat-directed gene expression by the human foamy virus bel1 protein requires a specific DNA sequence.
JOURNAL J Virol 66: 3236-40 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lee TC; Sullenger BA; Gallardo HF; Ungers GE; Gilboa E
TITLE Overexpression of RRE-derived sequences inhibits HIV-1 replication in CEM cells.
JOURNAL New Biol 4: 66-74 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lee WR; Syu WJ; Du B; Matsuda M; Tan S; Wolf A; Essex M; Lee TH
TITLE Nonrandom distribution of gp120 N-linked glycosylation sites important for infectivity of human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 2213-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lee WR; Yu XF; Syu WJ; Essex M; Lee TH
TITLE Mutational analysis of conserved N-linked glycosylation sites of human immunodeficiency virus type 1 gp41.
JOURNAL J Virol 66: 1799-803 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Leff RL; Love LA; Miller FW; Greenberg SJ; Klein EA; Dalakas MC; Plotz PH
TITLE Viruses in idiopathic inflammatory myopathies: absence of candidate viral genomes in muscle.
JOURNAL Lancet 339: 1192-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lefrere JJ; Mariotti M; Wattel E; Lefrere F; Inchauspe G; Costagliola D; Prince A
TITLE Towards a new predictor of AIDS progression through the quantitation of HIV-1 DNA copies by PCR in HIV-infected individuals.
JOURNAL Br J Haematol 82: 467-71 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Leib-Mosch C; Bachmann M; Brack-Werner R; Werner T; Erfle V; Hehlmann R
TITLE Expression and biological significance of human endogenous retroviral sequences.
JOURNAL Leukemia 6 Suppl 3: 72S-75S (1992)

REFERENCE
AUTHORS Leiden JM; Wang CY; Petryniak B; Markovitz DM; Nabel GJ; Thompson CB
TITLE A novel Ets-related transcription factor, Elf-1, binds to human immunodeficiency virus type 2 regulatory elements that are required for inducible trans activation in T cells.
JOURNAL J Virol 66: 5890-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lekutis C; Olshevsky U; Furman C; Thali M; Sodroski J
TITLE Contribution of disulfide bonds in the carboxyl terminus of the human immunodeficiency virus type I gp120 glycoprotein to CD4 binding.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 78-81 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lemaitre M; Henin Y; Destouesse F; Ferrieux C; Montagnier L; Blanchard A
TITLE Role of mycoplasma infection in the cytopathic effect induced by human immunodeficiency virus type 1 in infected cell lines.
JOURNAL Infect Immun 60: 742-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lenert P; Mehta RL; Zanetti M
TITLE Synthetic peptides of human CD4 enhance binding of Ig to monocyte/macrophage cells. I. Characterization and mapping studies.
JOURNAL J Immunol 148: 1759-63 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Levantis P; Oxford JS
TITLE Molecular aspects of AZT resistance in HIV1.
JOURNAL Res Virol 143: 136-42 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Levine AM; Shibata D; Sullivan-Halley J; Nathwani B; Brynes R; Slovak ML; Mahterian S; Riley CL; Weiss L; Levine PH; et al
TITLE Epidemiological and biological study of acquired immunodeficiency syndrome-related lymphoma in the County of Los Angeles: preliminary results.
JOURNAL Cancer Res 52: 5482s-5484s (1992)

REFERENCE
AUTHORS Levy EM; Wu J; Salibian M; Black PH
TITLE The effect of changes in thiol subcompartments on T-cell colony formation and cell cycle progression: relevance to AIDS.
JOURNAL Cell Immunol 140: 370-80 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lewis P; Hensel M; Emerman M
TITLE Human immunodeficiency virus infection of cells arrested in the cell cycle.
JOURNAL EMBO J 11: 3053-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lewis W; Gonzalez B; Chomyn A; Papoian T
TITLE Zidovudine induces molecular, biochemical, and ultrastructural changes in rat skeletal muscle mitochondria.
JOURNAL J Clin Invest 89: 1354-60 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Li C; Lusis AJ; Sparkes R; Nirula A; Gaynor R
TITLE Characterization and chromosomal mapping of the gene encoding the cellular DNA binding protein ILF.
JOURNAL Genomics 13: 665-71 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Li C; Lusis AJ; Sparkes R; Tran SM; Gaynor R
TITLE Characterization and chromosomal mapping of the gene encoding the cellular DNA binding protein HTLF.
JOURNAL Genomics 13: 658-64 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Li J
TITLE [PCR amplification, cloning and expression of the gene coding for CD4 V1-V2 domains]
JOURNAL Chung Kuo I Hsueh Ko Hsueh Yuan Hsueh Pao 14: 79-84 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Li J; Lord CI; Haseltine W; Letvin NL; Sodroski J
TITLE Infection of cynomolgus monkeys with a chimeric HIV-1/SIVmac virus that expresses the HIV-1 envelope glycoproteins.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 639-46 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Li P; Burrell CJ
TITLE Synthesis of human immunodeficiency virus DNA in a cell-to-cell transmission model.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 253-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Li Y; Hui H; Burgess CJ; Price RW; Sharp PM; Hahn BH; Shaw GM
TITLE Complete nucleotide sequence, genome organization, and biological properties of human immunodeficiency virus type 1 in vivo: evidence for limited defectiveness and complementation.
JOURNAL J Virol 66: 6587-600 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Liaw YC; Gao YG; Marquez VE; Wang AH
TITLE Molecular structures of two new anti-HIV nucleoside analogs: 9-(2,3-dideoxy-2-fluoro-beta-D-threo-pentofuranosyl)adenine and 9-(2,3-dideoxy-2-fluoro-beta-D-threo-pentofuranosyl)hypoxanthine.
JOURNAL Nucleic Acids Res 20: 459-65 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Licht D; Cronstein B; Dykes DC; Pedersen J; Luster SM; Trampota M; Hull E; Friedman FK; Pincus MR
TITLE Correlation of the conformation of a modified ribonuclease octapeptide, homologous to peptide T, with its ability to induce CD4-dependent monocyte chemotaxis.
JOURNAL J Protein Chem 11: 475-81 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lieberman J; Fabry JA; Kuo MC; Earl P; Moss B; Skolnik PR
TITLE Cytotoxic T lymphocytes from HIV-1 seropositive individuals recognize immunodominant epitopes in Gp160 and reverse transcriptase.
JOURNAL J Immunol 148: 2738-47 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lillehoj EP; Alexander SS Jr
TITLE Virion-associated trans-regulatory protein of human T-cell leukemia virus type I.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 237-44 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lin XL; Lin YZ; Koelsch G; Gustchina A; Wlodawer A; Tang J
TITLE Enzymic activities of two-chain pepsinogen, two-chain pepsin, and the amino-terminal lobe of pepsinogen.
JOURNAL J Biol Chem 267: 17257-63 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lin Y; Fusek M; Lin X; Hartsuck JA; Kezdy FJ; Tang J
TITLE pH dependence of kinetic parameters of pepsin, rhizopuspepsin, and their active-site hydrogen bond mutants.
JOURNAL J Biol Chem 267: 18413-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Linder S
TITLE Nobel seminar: Molecular medicine--cell biology in disease. Cancer and HIV: from viral genes to therapy?
JOURNAL J Intern Med 232: 3-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lindholm PF; Reid RL; Brady JN
TITLE Extracellular Tax1 protein stimulates tumor necrosis factor-beta and immunoglobulin kappa light chain expression in lymphoid cells.
JOURNAL J Virol 66: 1294-302 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lindstrom E; Koga Y; Wigzell H
TITLE HIV-1 gene rev responsible for accumulated heterodisperse RNAs seen in infected T-cells.
JOURNAL Virology 186: 335-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lingham RB; Hsu A; Silverman KC; Bills GF; Dombrowski A; Goldman ME; Darke PL; Huang L; Koch G; Ondeyka JG; et al
TITLE L-696,474, a novel cytochalasin as an inhibitor of HIV-1 protease. III. Biological activity.
JOURNAL J Antibiot (Tokyo) 45: 686-91 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lipka JJ; Miyoshi I; Hadlock KG; Reyes GR; Chow TP; Blattner WA; Shaw GM; Hanson CV; Gallo D; Chan L; et al
TITLE Segregation of human T cell lymphotropic virus type I and II infections by antibody reactivity to unique viral epitopes.
JOURNAL J Infect Dis 165: 268-72 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lisby G; Reitz MS Jr; Vejlsgaard GL
TITLE No detection of HTLV-I DNA in punch skin biopsies from patients with cutaneous T-cell lymphoma by the polymerase chain reaction.
JOURNAL J Invest Dermatol 98: 417-20 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lisziewicz J; Sun D; Klotman M; Agrawal S; Zamecnik P; Gallo R
TITLE Specific inhibition of human immunodeficiency virus type 1 replication by antisense oligonucleotides: an in vitro model for treatment.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 11209-13 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Littaua RA; Oldstone MB; Takeda A; Ennis FA
TITLE A CD4+ cytotoxic T-lymphocyte clone to a conserved epitope on human immunodeficiency virus type 1 p24: cytotoxic activity and secretion of interleukin-2 and interleukin-6.
JOURNAL J Virol 66: 608-11 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Liu J; Perkins ND; Schmid RM; Nabel GJ
TITLE Specific NF-kappa B subunits act in concert with Tat to stimulate human immunodeficiency virus type 1 transcription.
JOURNAL J Virol 66: 3883-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Liu ZQ; Sheridan D; Wood C
TITLE Identification and characterization of the bovine immunodeficiency-like virus tat gene.
JOURNAL J Virol 66: 5137-40 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ljungdahl-Stahle E; Trojnar J; Oberg B; Wahren B
TITLE Early appearance of simian immunodeficiency virus (SIV) antigen and antibodies as variables in evaluating antiviral drugs in macaques.
JOURNAL J Virol Methods 37: 43-53 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lo KM; Biasolo MA; Dehni G; Palu G; Haseltine WA
TITLE Inhibition of replication of HIV-1 by retroviral vectors expressing tat-antisense and anti-tat ribozyme RNA.
JOURNAL Virology 190: 176-83 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lo KM; Vivier E; Rochet N; Dehni G; Levine H; Haseltine WA; Anderson P
TITLE Infection of human natural killer (NK) cells with replication-defective human T cell leukemia virus type I provirus. Increased proliferative capacity and prolonged survival of functionally competent NK cells.
JOURNAL J Immunol 149: 4101-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Locardi C; Puddu P; Ferrantini M; Parlanti E; Sestili P; Varano F; Belardelli F
TITLE Persistent infection of normal mice with human immunodeficiency virus.
JOURNAL J Virol 66: 1649-54 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Logsdon N; Lee CG; Harper JW
TITLE Selective 5' modification of T7 RNA polymerase transcripts.
JOURNAL Anal Biochem 205: 36-41 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lohman KL; Attanasio R; Buck D; Carrillo MA; Allan JS; Kennedy RC
TITLE Characteristics of murine monoclonal anti-CD4. Epitope recognition, idiotype expression, and variable region gene sequence.
JOURNAL J Immunol 149: 3247-53 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lombardi VR; Libonatti O; Alimandi M; Ansotegui I; Scarlatti G; Moschese V; Wigzell H; Rossi P
TITLE Detection of antibodies to human immunodeficiency virus type I by using synthetic peptides and time-resolved fluoroimmunoassay (TR-FIA).
JOURNAL Eur J Epidemiol 8: 298-304 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lores P; Boucher V; Mackay C; Pla M; Von Boehmer H; Jami J; Barre-Sinoussi F; Weill JC
TITLE Expression of human CD4 in transgenic mice does not confer sensitivity to human immunodeficiency virus infection.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 2063-71 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Loret EP; Georgel P; Johnson WC Jr; Ho PS
TITLE Circular dichroism and molecular modeling yield a structure for the complex of human immunodeficiency virus type 1 trans-activation response RNA and the binding region of Tat, the trans-acting transcriptional activator.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 9734-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lori F; Hall L; Lusso P; Popovic M; Markham P; Franchini G; Reitz MS Jr
TITLE Effect of reciprocal complementation of two defective human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) molecular clones on HIV-1 cell tropism and virulence.
JOURNAL J Virol 66: 5553-60 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Louache F; Henri A; Bettaieb A; Oksenhendler E; Raguin G; Tulliez M; Vainchenker W
TITLE Role of human immunodeficiency virus replication in defective in vitro growth of hematopoietic progenitors.
JOURNAL Blood 80: 2991-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Loughran TP Jr; Coyle T; Sherman MP; Starkebaum G; Ehrlich GD; Ruscetti FW; Poiesz BJ
TITLE Detection of human T-cell leukemia/lymphoma virus, type II, in a patient with large granular lymphocyte leukemia.
JOURNAL Blood 80: 1116-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Louwagie J; McCutchan F; Van der Groen G; Peeters M; Fransen K; Piot P; Gershy-Damet GM; Roelants G; Van Heuverswyn H; Eddy G; et al
TITLE Genetic comparison of HIV-1 isolates from Africa, Europe, and North America.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1467-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Loya S; Tal R; Hughes SH; Hizi A
TITLE The effects of cysteine mutations on the catalytic activities of the reverse transcriptase of human immunodeficiency virus type-1.
JOURNAL J Biol Chem 267: 13879-83 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lu W; Andrieu JM
TITLE Similar replication capacities of primary human immunodeficiency virus type 1 isolates derived from a wide range of clinical sources.
JOURNAL J Virol 66: 334-40 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Luban J; Alin KB; Bossolt KL; Humaran T; Goff SP
TITLE Genetic assay for multimerization of retroviral gag polyproteins.
JOURNAL J Virol 66: 5157-60 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Luciw PA; Shaw KE; Unger RE; Planelles V; Stout MW; Lackner JE; Pratt-Lowe E; Leung NJ; Banapour B; Marthas ML
TITLE Genetic and biological comparisons of pathogenic and nonpathogenic molecular clones of simian immunodeficiency virus (SIVmac).
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 395-402 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Luo L; Li Y; Cannon PM; Kim S; Kang CY
TITLE Chimeric gag-V3 virus-like particles of human immunodeficiency virus induce virus-neutralizing antibodies.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 10527-31 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Luzzati AL; Giacomini E; Giordani L; Pugliese O; Viora M; Chersi A
TITLE The antigen-specific induction of normal human lymphocytes in vitro is down-regulated by a conserved HIV p24 epitope.
JOURNAL Immunol Lett 33: 307-14 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Lynch CE; Madej R; Louie PH; Rodgers G
TITLE Detection of HIV-1 DNA by PCR: evaluation of primer pair concordance and sensitivity of a single primer pair.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 433-40 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ma QF; Bathurst IC; Barr PJ; Kenyon GL
TITLE The observed inhibitory potency of 3'-azido-3'-deoxythymidine 5'-triphosphate for HIV-1 reverse transcriptase depends on the length of the poly(rA) region of the template.
JOURNAL Biochemistry 31: 1375-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ma QF; Bathurst IC; Barr PJ; Kenyon GL
TITLE New thymidine triphosphate analogue inhibitors of human immunodeficiency virus-1 reverse transcriptase.
JOURNAL J Med Chem 35: 1938-41 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Maag H; Rydzewski RM; McRoberts MJ; Crawford-Ruth D; Verheyden JP; Prisbe EJ
TITLE Synthesis and anti-HIV activity of 4'-azido- and 4'-methoxynucleosides.
JOURNAL J Med Chem 35: 1440-51 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mabrouk K; Benjouad A; Gluckman JC; Rochat H; Van Rietschoten J; Bahraoui E
TITLE Specificity of anti-P25 antibodies produced against whole HIV-1 particles or soluble forms of the protein.
JOURNAL Mol Immunol 29: 1309-18 (1992)

REFERENCE
AUTHORS MacKellar C; Graham D; Will DW; Burgess S; Brown T
TITLE Synthesis and physical properties of anti-HIV antisense oligonucleotides bearing terminal lipophilic groups.
JOURNAL Nucleic Acids Res 20: 3411-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Macera MJ; Szabo P; Verma RS
TITLE Chromosomal localization of HTLV-1 viral integration sites using in situ hybridization: detection of a novel IL2R fragment.
JOURNAL Mol Gen Genet 234: 466-74 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Madinier I; Doglio A; Cagnon L; Lefebvre JC; Monteil RA
TITLE Southern blot detection of human papillomaviruses (HPVs) DNA sequences in gingival tissues.
JOURNAL J Periodontol 63: 667-73 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Maeda M
TITLE Human T lymphotropic virus type-I (HTLV-I) immortalizes human T cells in vitro--its implication in the pathogenesis of adult T cell leukemia (ATL).
JOURNAL Hum Cell 5: 70-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Maehama T; Nakayama M; Nagamine M; Nakashima Y; Takei H; Nakachi H
TITLE [Studies on factor affecting mother-to-child HTLV-I transmission]
JOURNAL Nippon Sanka Fujinka Gakkai Zasshi 44: 215-22 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Maggiora LL; Smith CW; Zhang ZY
TITLE A general method for the preparation of internally quenched fluorogenic protease substrates using solid-phase peptide synthesis.
JOURNAL J Med Chem 35: 3727-30 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mahr A; Payne LG
TITLE Vaccinia recombinants as vaccine vectors.
JOURNAL Immunobiology 184: 126-46 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Makino S; Masutani H; Maekawa N; Konishi I; Fujii S; Yamamoto R; Yodoi J
TITLE Adult T-cell leukaemia-derived factor/thioredoxin expression on the HTLV-I transformed T-cell lines: heterogeneous expression in ALT-2 cells.
JOURNAL Immunology 76: 578-83 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Malim MH; Freimuth WW; Liu J; Boyle TJ; Lyerly HK; Cullen BR; Nabel GJ
TITLE Stable expression of transdominant Rev protein in human T cells inhibits human immunodeficiency virus replication.
JOURNAL J Exp Med 176: 1197-201 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Maloney EM; Biggar RJ; Neel JV; Taylor ME; Hahn BH; Shaw GM; Blattner WA
TITLE Endemic human T cell lymphotropic virus type II infection among isolated Brazilian Amerindians.
JOURNAL J Infect Dis 166: 100-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Manca F
TITLE Selective functional depletion of HIV gp120 peptides complexed with MHC from antigen-presenting cells engaged with specific T lymphocytes.
JOURNAL J Immunol 149: 796-800 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Manca F
TITLE Galactose receptors and presentation of HIV envelope glycoprotein to specific human T cells.
JOURNAL J Immunol 148: 2278-82 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Manetta JV; Lai MH; Osborne HE; Dee A; Margolin N; Sportsman JR; Vlahos CJ; Yan SB; Heath WF
TITLE Design and implementation of a particle concentration fluorescence method for the detection of HIV-1 protease inhibitors.
JOURNAL Anal Biochem 202: 10-5 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Manfredini S; Bazzanini R; Baraldi PG; Guarneri M; Simoni D; Marongiu ME; Pani A; Tramontano E; La Colla P
TITLE Pyrazole-related nucleosides. Synthesis and antiviral/antitumor activity of some substituted pyrazole and pyrazolo[4,3-d]-1,2,3-triazin-4-one nucleosides.
JOURNAL J Med Chem 35: 917-24 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mann DL; Carrington M; O'Donnell M; Miller T; Goedert J
TITLE HLA phenotype is a factor in determining rate of disease progression and outcome in HIV-1-infected individuals.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1345-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mannervik M; Putkonen P; Ruden U; Kent KA; Norrby E; Wahren B; Broliden PA
TITLE Identification of B-cell antigenic sites on HIV-2 gp125.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 177-87 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Marasco WA; Bagley J; Zani C; Posner M; Cavacini L; Haseltine WA; Sodroski J
TITLE Characterization of the cDNA of a broadly reactive neutralizing human anti-gp120 monoclonal antibody.
JOURNAL J Clin Invest 90: 1467-78 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Marcuzzi A; Lowy I; Weinberger OK
TITLE Transcellular activation of the human immunodeficiency virus type 1 long terminal repeat in T lymphocytes requires CD4-gp120 binding.
JOURNAL J Virol 66: 4536-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Marcuzzi A; Weinberger J; Weinberger OK
TITLE Transcellular activation of the human immunodeficiency virus type 1 long terminal repeat in cocultured lymphocytes.
JOURNAL J Virol 66: 4228-32 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Margolis DM; Rabson AB; Straus SE; Ostrove JM
TITLE Transactivation of the HIV-1 LTR by HSV-1 immediate-early genes.
JOURNAL Virology 186: 788-91 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Markovitz DM; Hannibal MC; Smith MJ; Cossman R; Nabel GJ
TITLE Activation of the human immunodeficiency virus type 1 enhancer is not dependent on NFAT-1.
JOURNAL J Virol 66: 3961-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Markovitz DM; Smith MJ; Hilfinger J; Hannibal MC; Petryniak B; Nabel GJ
TITLE Activation of the human immunodeficiency virus type 2 enhancer is dependent on purine box and kappa B regulatory elements.
JOURNAL J Virol 66: 5479-84 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Marlton P; Taylor K; Elliott S; McCormack J
TITLE Monoclonal large granular lymphocyte proliferation in SLE with HTLV-I seroreactivity.
JOURNAL Aust N Z J Med 22: 54-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Marriott SJ; Trinh D; Brady JN
TITLE Activation of interleukin-2 receptor alpha expression by extracellular HTLV-I Tax1 protein: a potential role in HTLV-I pathogenesis.
JOURNAL Oncogene 7: 1749-55 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Marrosu MG; Mazzoleni AP; Galantuomo S; Melis A; Muntoni F; Lai E
TITLE Polymerase chain reaction analysis for specific HTLV-1 sequences from cerebrospinal fluid and peripheral blood cells in Sardinian multiple sclerosis patients.
JOURNAL Eur Neurol 32: 195-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Marsden HS; Owsianka AM; Graham S; McLean GW; Robertson CA; Subak-Sharpe JH
TITLE Advantages of branched peptides in serodiagnosis. Detection of HIV-specific antibodies and the use of glycine spacers to increase sensitivity.
JOURNAL J Immunol Methods 147: 65-72 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Marshall WL; Diamond DC; Kowalski MM; Finberg RW
TITLE High level of surface CD4 prevents stable human immunodeficiency virus infection of T-cell transfectants.
JOURNAL J Virol 66: 5492-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Marshall WS; Beaton G; Stein CA; Matsukura M; Caruthers MH
TITLE Inhibition of human immunodeficiency virus activity by phosphorodithioate oligodeoxycytidine.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 6265-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Marti G; Egan W; Noguchi P; Zon G; Matsukura M; Broder S
TITLE Oligodeoxyribonucleotide phosphorothioate fluxes and localization in hematopoietic cells.
JOURNAL Antisense Res Dev 2: 27-39 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Martin I; Dubois MC; Saermark T; Ruysschaert JM
TITLE Apolipoprotein A-1 interacts with the N-terminal fusogenic domains of SIV (simian immunodeficiency virus) GP32 and HIV (human immunodeficiency virus) GP41: implications in viral entry.
JOURNAL Biochem Biophys Res Commun 186: 95-101 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Martin JA
TITLE Recent advances in the design of HIV proteinase inhibitors.
JOURNAL Antiviral Res 17: 265-78 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Martinon F; Gras-Masse H; Boutillon C; Chirat F; Deprez B; Guillet JG; Gomard E; Tartar A; Levy JP
TITLE Immunization of mice with lipopeptides bypasses the prerequisite for adjuvant. Immune response of BALB/c mice to human immunodeficiency virus envelope glycoprotein.
JOURNAL J Immunol 149: 3416-22 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Maruyama K; Fukushima T; Mochizuki S; Kawamura K; Miyauchi M
TITLE Human T-cell leukemia virus type I as agent inducing genetic changes in infected human lymphocytes.
JOURNAL Leukemia 6 Suppl 3: 60S-63S (1992)

REFERENCE
AUTHORS Marwick C
TITLE Do worldwide outbreaks mean tuberculosis again becomes 'captain of all these men of death'? [news]
JOURNAL JAMA 267: 1174-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Masuda M; Nakashima H; Ueda T; Naba H; Ikoma R; Otaka A; Terakawa Y; Tamamura H; Ibuka T; Murakami T; et al
TITLE A novel anti-HIV synthetic peptide, T-22 ([Tyr5,12,Lys7]-polyphemusin II).
JOURNAL Biochem Biophys Res Commun 189: 845-50 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Masutani H; Nakamura H; Ueda Y; Kitaoka Y; Kawabe T; Iwata S; Mitsui A; Yodoi J
TITLE ADF (adult T cell leukemia-derived factor)/human thioredoxin and viral infection: possible new therapeutic approach.
JOURNAL Adv Exp Med Biol 319: 265-74 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Matsumura M; Kushida S; Ami Y; Uchida K; Kameyama T; Terano A; Shiraki H; Sato H; Miwa M
TITLE A simple and reliable method for the detection and quantitation of the human T-cell leukemia virus type-I provirus in peripheral blood mononuclear cells of seropositive blood donors.
JOURNAL Jpn J Clin Oncol 22: 335-41 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Matsuo K; Nishino Y; Kimura T; Yamaguchi R; Yamazaki A; Mikami T; Ikuta K
TITLE Highly conserved epitope domain in major core protein p24 is structurally similar among human, simian and feline immunodeficiency viruses.
JOURNAL J Gen Virol 73 (Pt 9): 2445-50 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Matsushita S; Maeda H; Kimachi K; Eda Y; Maeda Y; Murakami T; Tokiyoshi S; Takatsuki K
TITLE Characterization of a mouse/human chimeric monoclonal antibody (C beta 1) to a principal neutralizing domain of the human immunodeficiency virus type 1 envelope protein.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1107-15 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Matthews JR; Wakasugi N; Virelizier JL; Yodoi J; Hay RT
TITLE Thioredoxin regulates the DNA binding activity of NF-kappa B by reduction of a disulphide bond involving cysteine 62.
JOURNAL Nucleic Acids Res 20: 3821-30 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Matthews MA; Markowitz RB; Dynan WS
TITLE In vitro activation of transcription by the human T-cell leukemia virus type I Tax protein.
JOURNAL Mol Cell Biol 12: 1986-96 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Maury G; el Alaoui A; Morvan F; Muller B; Imbach JL; Goody RS
TITLE Template. Phosphorothioate oligonucleotides duplexes as inhibitors of HIV-1 reverse transcriptase.
JOURNAL Biochem Biophys Res Commun 186: 1249-56 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mawas C
TITLE [Autocrine and paracrine growth: growth factors and/or receptors as oncogenes]
JOURNAL Pathol Biol (Paris) 39: 858-9 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Maxeiner HG; Habermehl KO; Grunewald T; Ruf B
TITLE HIV-1 sensitivity to zidovudine and clinical outcome [letter]
JOURNAL Lancet 339: 626-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mayers DL; McCutchan FE; Sanders-Buell EE; Merritt LL; Dilworth S; Fowler AK; Marks CA; Ruiz NM; Richman DD; Roberts CR; et al
TITLE Characterization of HIV isolates arising after prolonged zidovudine therapy.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 749-59 (1992)

REFERENCE
AUTHORS McCabe MJ Jr; Orrenius S
TITLE Deletion and depletion: the involvement of viruses and environmental factors in T-lymphocyte apoptosis [editorial]
JOURNAL Lab Invest 66: 403-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS McCallus DE; Ugen KE; Sato AI; Williams WV; Weiner DB
TITLE Construction of a recombinant bacterial human CD4 expression system producing a bioactive CD4 molecule.
JOURNAL Viral Immunol 5: 163-72 (1992)

REFERENCE
AUTHORS McCauley LK; Rosol TJ; Merryman JI; Capen CC
TITLE Parathyroid hormone-related protein binding to human T-cell lymphotropic virus type I-infected lymphocytes.
JOURNAL Endocrinology 130: 300-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS McCormack SJ; Thomis DC; Samuel CE
TITLE Mechanism of interferon action: identification of a RNA binding domain within the N-terminal region of the human RNA-dependent P1/eIF-2 alpha protein kinase.
JOURNAL Virology 188: 47-56 (1992)

REFERENCE
AUTHORS McCune JM
TITLE The SCID-hu mouse: a small animal model for the analysis of human hematolymphoid differentiation and function.
JOURNAL Bone Marrow Transplant 9 Suppl 1: 74-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS McCutchan FE; Hegerich PA; Brennan TP; Phanuphak P; Singharaj P; Jugsudee A; Berman PW; Gray AM; Fowler AK; Burke DS
TITLE Genetic variants of HIV-1 in Thailand.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1887-95 (1992)

REFERENCE
AUTHORS McCutchan FE; Ungar BL; Hegerich P; Roberts CR; Fowler AK; Hira SK; Perine PL; Burke DS
TITLE Genetic analysis of HIV-1 isolates from Zambia and an expanded phylogenetic tree for HIV-1.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 441-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS McDonald D; Hope TJ; Parslow TG
TITLE Posttranscriptional regulation by the human immunodeficiency virus type 1 Rev and human T-cell leukemia virus type I Rex proteins through a heterologous RNA binding site.
JOURNAL J Virol 66: 7232-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS McDonnell PC; Kumar S; Rabson AB; Gelinas C
TITLE Transcriptional activity of rel family proteins.
JOURNAL Oncogene 7: 163-70 (1992)

REFERENCE
AUTHORS McEntee MF; Anderson MG; Daniel MD; Adams R; Farzadegan H; Desrosiers RC; Narayan O
TITLE Differences in neutralization of simian lentivirus (SIVMAC) in lymphocyte and macrophage cultures.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1193-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS McEuen AR; Edwards B; Koepke KA; Ball AE; Jennings BA; Wolstenholme AJ; Danson MJ; Hough DW
TITLE Zinc binding by retroviral integrase.
JOURNAL Biochem Biophys Res Commun 189: 813-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS McGuigan C; Pathirana RN; Mahmood N; Devine KG; Hay AJ
TITLE Aryl phosphate derivatives of AZT retain activity against HIV1 in cell lines which are resistant to the action of AZT.
JOURNAL Antiviral Res 17: 311-21 (1992)

REFERENCE
AUTHORS McKeating JA
TITLE CD4 antagonists.
JOURNAL Biochem Soc Trans 20: 521-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS McKeating JA; Cordell J; Dean CJ; Balfe P
TITLE Synergistic interaction between ligands binding to the CD4 binding site and V3 domain of human immunodeficiency virus type I gp120.
JOURNAL Virology 191: 732-42 (1992)

REFERENCE
AUTHORS McKeating JA; Moore JP; Ferguson M; Marsden HS; Graham S; Almond JW; Evans DJ; Weiss RA
TITLE Monoclonal antibodies to the C4 region of human immunodeficiency virus type 1 gp120: use in topological analysis of a CD4 binding site.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 451-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS McLean AR; Nowak MA
TITLE Competition between zidovudine-sensitive and zidovudine-resistant strains of HIV.
JOURNAL AIDS 6: 71-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS McLeod GX; Hammer SM
TITLE Zidovudine: five years later.
JOURNAL Ann Intern Med 117: 487-501 (1992)

REFERENCE
AUTHORS McLeod GX; Hammer SM
TITLE Treatment of HIV infection: the antiretroviral nucleoside analogues. Nucleoside analogues: combination therapy.
JOURNAL Hosp Pract (Off Ed) 27 Suppl 2: 14-25 (1992)

REFERENCE
AUTHORS McLeod GX; McGrath JM; Ladd EA; Hammer SM
TITLE Didanosine and zidovudine resistance patterns in clinical isolates of human immunodeficiency virus type 1 as determined by a replication endpoint concentration assay.
JOURNAL Antimicrob Agents Chemother 36: 920-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS McNearney T; Hornickova Z; Markham R; Birdwell A; Arens M; Saah A; Ratner L
TITLE Relationship of human immunodeficiency virus type 1 sequence heterogeneity to stage of disease.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 10247-51 (1992)

REFERENCE
AUTHORS McNeil MM; Brown JM
TITLE Distribution and antimicrobial susceptibility of Rhodococcus equi from clinical specimens.
JOURNAL Eur J Epidemiol 8: 437-43 (1992)

REFERENCE
AUTHORS McNeil MM; Brown JM; Scalise G; Piersimoni C
TITLE Nonmycetomic Actinomadura madurae infection in a patient with AIDS.
JOURNAL J Clin Microbiol 30: 1008-10 (1992)

REFERENCE
AUTHORS McShan WM; Rossen RD; Laughter AH; Trial J; Kessler DJ; Zendegui JG; Hogan ME; Orson FM
TITLE Inhibition of transcription of HIV-1 in infected human cells by oligodeoxynucleotides designed to form DNA triple helices.
JOURNAL J Biol Chem 267: 5712-21 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Megati S; Goren Z; Silverton JV; Orlina J; Nishimura H; Shirasaki T; Mitsuya H; Zemlicka J
TITLE (R)-(-)- and (S)-(+)-adenallene: synthesis, absolute configuration, enantioselectivity of antiretroviral effect, and enzymic deamination.
JOURNAL J Med Chem 35: 4098-104 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mehtali M; Munschy M; Ali-Hadji D; Kieny MP
TITLE A novel transgenic mouse model for the in vivo evaluation of anti-human immunodeficiency virus type 1 drugs.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1959-65 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mellonig JT; Prewett AB; Moyer MP
TITLE HIV inactivation in a bone allograft.
JOURNAL J Periodontol 63: 979-83 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mellors JW; Dutschman GE; Im GJ; Tramontano E; Winkler SR; Cheng YC
TITLE In vitro selection and molecular characterization of human immunodeficiency virus-1 resistant to non-nucleoside inhibitors of reverse transcriptase.
JOURNAL Mol Pharmacol 41: 446-51 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mendelson E; Grossman Z; Mileguir F; Rechavi G; Carter BJ
TITLE Replication of adeno-associated virus type 2 in human lymphocytic cells and interaction with HIV-1.
JOURNAL Virology 187: 453-63 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Menendez-Arias L; Young M; Oroszlan S
TITLE Purification and characterization of the mouse mammary tumor virus protease expressed in Escherichia coli.
JOURNAL J Biol Chem 267: 24134-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Menzo S; Bagnarelli P; Giacca M; Manzin A; Varaldo PE; Clementi M
TITLE Absolute quantitation of viremia in human immunodeficiency virus infection by competitive reverse transcription and polymerase chain reaction.
JOURNAL J Clin Microbiol 30: 1752-7 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Menzo S; Manzin A; Bagnarelli P; Varaldo PE; Grandi G; Giuliani G; Cazzato G; Giacca M; Clementi M
TITLE Lack of detectable human T-cell lymphotropic virus type I sequences in samples from multiple sclerosis patients.
JOURNAL J Med Virol 36: 155-61 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mercolino TJ; Herndier B; Nolan TJ; McGrath MS
TITLE Large-cell "mixed-phenotype" lymphoma in AIDS. Identification of a CD5-expressing subset of B-cell non-Hodgkin's lymphoma.
JOURNAL Ann N Y Acad Sci 651: 409-21 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mergener K; Facke M; Welker R; Brinkmann V; Gelderblom HR; Krausslich HG
TITLE Analysis of HIV particle formation using transient expression of subviral constructs in mammalian cells.
JOURNAL Virology 186: 25-39 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Meropol NJ; Hicks D; Brooks JJ; Siminovitch KA; Fishman NO; Kant JA; Bennett JS
TITLE Coincident Kaposi sarcoma and T-cell lymphoma in a patient with the Wiskott-Aldrich syndrome.
JOURNAL Am J Hematol 40: 126-34 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Meyaard L; Otto SA; Jonker RR; Mijnster MJ; Keet RP; Miedema F
TITLE Programmed death of T cells in HIV-1 infection.
JOURNAL Science 257: 217-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Meyaard L; Otto SA; Schuitemaker H; Miedema F
TITLE Effects of HIV-1 Tat protein on human T cell proliferation.
JOURNAL Eur J Immunol 22: 2729-32 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Michael NL; Vahey M; Burke DS; Redfield RR
TITLE Viral DNA and mRNA expression correlate with the stage of human immunodeficiency virus (HIV) type 1 infection in humans: evidence for viral replication in all stages of HIV disease.
JOURNAL J Virol 66: 310-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Michel F; Hoffenbach A; Froussard P; Langlade-Demoyen P; Kaczorek M; Kieny MP; Plata F
TITLE HIV-1 env, nef, and gag-specific T-cell immunity in mice: conserved epitopes in nef p27 and gag p25 proteins.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 469-78 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Middleton GW; Lau RK
TITLE AIDS lymphomas [editorial]
JOURNAL Int J STD AIDS 3: 173-81 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Miedema F
TITLE Immunological abnormalities in the natural history of HIV infection: mechanisms and clinical relevance.
JOURNAL Immunodefic Rev 3: 173-93 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Miele ME; Vesell ES; Ehmann WC; Lipton A; Harvey H; Kan NC
TITLE Hormonal and immunological regulation of 2', 5'-oligoadenylate synthetase activity in human peripheral blood mononuclear cells.
JOURNAL Clin Immunol Immunopathol 65: 183-92 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Miles SA
TITLE Kaposi sarcoma: a cytokine-responsive neoplasia?
JOURNAL Cancer Treat Res 63: 129-40 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Miller MA; Murphey-Corb M; Montelaro RC
TITLE Identification of broadly reactive continuous antigenic determinants of simian immunodeficiency virus glycoproteins.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1153-64 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Miller MD; Gould-Fogerite S; Shen L; Woods RM; Koenig S; Mannino RJ; Letvin NL
TITLE Vaccination of rhesus monkeys with synthetic peptide in a fusogenic proteoliposome elicits simian immunodeficiency virus-specific CD8+ cytotoxic T lymphocytes.
JOURNAL J Exp Med 176: 1739-44 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Miller WH; Daluge SM; Garvey EP; Hopkins S; Reardon JE; Boyd FL; Miller RL
TITLE Phosphorylation of carbovir enantiomers by cellular enzymes determines the stereoselectivity of antiviral activity.
JOURNAL J Biol Chem 267: 21220-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mills GB; Arima N; May C; Hill M; Schmandt R; Li J; Miyamoto NG; Greene WC
TITLE Neither the LCK nor the FYN kinases are obligatory for IL-2-mediated signal transduction in HTLV-I-infected human T cells.
JOURNAL Int Immunol 4: 1233-43 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mills HR; Berry N; Burns NR; Jones IM
TITLE Simple and efficient production of the core antigens of HIV-1, HIV-2 and simian immunodeficiency virus using pGEX expression vectors in Escherichia coli [letter]
JOURNAL AIDS 6: 437-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Milton RC; Milton SC; Kent SB
TITLE Total chemical synthesis of a D-enzyme: the enantiomers of HIV-1 protease show demonstration of reciprocal chiral substrate specificity [see comments]
JOURNAL Science 256: 1445-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mitchell LL; Cooperman BS
TITLE Active site studies of human immunodeficiency virus reverse transcriptase.
JOURNAL Biochemistry 31: 7707-13 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Miyamoto K; Nakamura T; Nagataki S; Tomita N; Kitajima K
TITLE Absence of HTLV-II co-infection in HTLV-I-associated myelopathy patients.
JOURNAL Jpn J Cancer Res 83: 415-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Miyanishi S; Ohno H
TITLE Characterization of a novel T-cell lymphoma cell line established from a patient with systemic lupus erythematosus-associated lymphoma.
JOURNAL Cancer Genet Cytogenet 59: 199-205 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Miyasaki SH; Hicks JB; Greenspan D; Polacheck I; MacPhail LA; White TC; Agabian N; Greenspan JS
TITLE The identification and tracking of Candida albicans isolates from oral lesions in HIV-seropositive individuals.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 1039-46 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Miyazaki N; Hata T; Atogami S; Sohda H; Murata K; Yanagisako T; Tsukasaki K; Yamada Y; Kamihira S; Tomonaga M
TITLE Disappearance of CD4 antigen in a case of adult T cell leukaemia.
JOURNAL Br J Haematol 82: 770-1 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Miyazaki Y; Takamatsu T; Nosaka T; Fujita S; Hatanaka M
TITLE Intranuclear topological distribution of HIV-1 trans-activators.
JOURNAL FEBS Lett 305: 1-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Miyoshi I; Takehara N; Sawada T; Iwahara Y; Kataoka R; Yang D; Hoshino H
TITLE Immunoglobulin prophylaxis against HTLV-I in a rabbit model.
JOURNAL Leukemia 6 Suppl 1: 24-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mizrachi Y; Sternas L; Volsky DJ
TITLE The establishment of rodent cell lines persistently producing HIV-1.
JOURNAL Virology 186: 167-74 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mizuochi T
TITLE [Structure and function of oligosaccharide chains of the envelope glycoprotein gp120 of human immunodeficiency virus type 1]
JOURNAL Nippon Rinsho 50: 1419-29 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mizuochi T
TITLE [HIV-infection and N-glycosylation]
JOURNAL Tanpakushitsu Kakusan Koso 37: 1957-62 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mobley PW; Curtain CC; Kirkpatrick A; Rostamkhani M; Waring AJ; Gordon LM
TITLE The amino-terminal peptide of HIV-1 glycoprotein 41 lyses human erythrocytes and CD4+ lymphocytes.
JOURNAL Biochim Biophys Acta 1139: 251-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Moch H; Lang D; Stamminger T
TITLE Strong trans activation of the human cytomegalovirus major immediate-early enhancer by p40tax of human T-cell leukemia virus type I via two repetitive tax-responsive sequence elements.
JOURNAL J Virol 66: 7346-54 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mochizuki M; Watanabe T; Yamaguchi K; Takatsuki K; Yoshimura K; Shirao M; Nakashima S; Mori S; Araki S; Miyata N
TITLE HTLV-I uveitis: a distinct clinical entity caused by HTLV-I.
JOURNAL Jpn J Cancer Res 83: 236-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mochizuki M; Watanabe T; Yamaguchi K; Yoshimura K; Nakashima S; Shirao M; Araki S; Takatsuki K; Mori S; Miyata N
TITLE Uveitis associated with human T-cell lymphotropic virus type I.
JOURNAL Am J Ophthalmol 114: 123-9 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Moebius U; Clayton LK; Abraham S; Diener A; Yunis JJ; Harrison SC; Reinherz EL
TITLE Human immunodeficiency virus gp120 binding C'C" ridge of CD4 domain 1 is also involved in interaction with class II major histocompatibility complex molecules.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 12008-12 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Moebius U; Clayton LK; Abraham S; Harrison SC; Reinherz EL
TITLE The human immunodeficiency virus gp120 binding site on CD4: delineation by quantitative equilibrium and kinetic binding studies of mutants in conjunction with a high-resolution CD4 atomic structure.
JOURNAL J Exp Med 176: 507-17 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Moen LK; Bathurst IC; Barr PJ
TITLE Pyridoxal-5'-phosphate inhibits the polymerase activity of a recombinant RNAase H-deficient mutant of HIV-1 reverse transcriptase.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 597-604 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mohan P
TITLE Anti-AIDS drug development: challenges and strategies.
JOURNAL Pharm Res 9: 703-14 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Molina JM; David F; Scieux C; Schnell L; Gerrier F; Kateb M; Morinet F; Modai J
TITLE [Type 1 herpesvirus cutaneo-mucous infection resistant to aciclovir in a HIV infected patient. Clinical and virological study (letter)]
JOURNAL Ann Med Interne (Paris) 143: 214-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mone J; Whitehead E; Leland M; Hubbard G; Allan JS
TITLE Simian T-cell leukemia virus type I infection in captive baboons.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1653-61 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Monte D; Groux H; Raharinivo B; Plouvier B; Dewulf J; Clavel T; Grangette C; Torpier G; Auriault C; Capron A; et al
TITLE Productive human immunodeficiency virus-1 infection of megakaryocytic cells is enhanced by tumor necrosis factor-alpha.
JOURNAL Blood 79: 2670-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Montefiori DC; Graham BS; Kliks S; Wright PF
TITLE Serum antibodies to HIV-1 in recombinant vaccinia virus recipients boosted with purified recombinant gp160. NIAID AIDS Vaccine Clinical Trials Network.
JOURNAL J Clin Immunol 12: 429-39 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Montgomery JA; Shortnacy-Fowler AT; Clayton SD; Riordan JM; Secrist JA 3d
TITLE Synthesis and biologic activity of 2'-fluoro-2-halo derivatives of 9-beta-D-arabinofuranosyladenine.
JOURNAL J Med Chem 35: 397-401 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Montpetit ML; Cassol S; Salas T; O'Shaughnessy MV
TITLE OLIGSCAN: a computer program to assist in the design of PCR primers homologous to multiple DNA sequences.
JOURNAL J Virol Methods 36: 119-28 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Moore E
TITLE TB revisited!
JOURNAL Pa Nurse 47: 5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Moore JP; McKeating JA; Huang YX; Ashkenazi A; Ho DD
TITLE Virions of primary human immunodeficiency virus type 1 isolates resistant to soluble CD4 (sCD4) neutralization differ in sCD4 binding and glycoprotein gp120 retention from sCD4-sensitive isolates.
JOURNAL J Virol 66: 235-43 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Moore JP; Sattentau QJ; Klasse PJ; Burkly LC
TITLE A monoclonal antibody to CD4 domain 2 blocks soluble CD4-induced conformational changes in the envelope glycoproteins of human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) and HIV-1 infection of CD4+ cells.
JOURNAL J Virol 66: 4784-93 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Moore JP; Simpson G; McKeating JA; Burakoff SJ; Schreiber SL; Weiss RA
TITLE CPF-DD is an inhibitor of infection by human immunodeficiency virus and other enveloped viruses in vitro.
JOURNAL Virology 188: 537-44 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Moran CA; Tuur S; Angritt P; Reid AH; O'Leary TJ
TITLE Epstein-Barr virus in Hodgkin's disease from patients with human immunodeficiency virus infection.
JOURNAL Mod Pathol 5: 85-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Morellet N; Jullian N; De Rocquigny H; Maigret B; Darlix JL; Roques BP
TITLE Determination of the structure of the nucleocapsid protein NCp7 from the human immunodeficiency virus type 1 by 1H NMR.
JOURNAL EMBO J 11: 3059-65 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Morgello S
TITLE Epstein-Barr and human immunodeficiency viruses in acquired immunodeficiency syndrome-related primary central nervous system lymphoma.
JOURNAL Am J Pathol 141: 441-50 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mori K; Ringler DJ; Kodama T; Desrosiers RC
TITLE Complex determinants of macrophage tropism in env of simian immunodeficiency virus.
JOURNAL J Virol 66: 2067-75 (1992)

PEFERENCE
AUTHORS Mori N; Yamashita U; Tanaka Y; Nagata K; Nakata K; Oda S; Eto S
TITLE Immunosuppressive factor produced by a B cell line derived from an adult T cell leukemia patient.
JOURNAL Int J Hematol 56: 29-39 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Morikawa Y; Moore JP; Fenouillet E; Jones IM
TITLE Complementation of human immunodeficiency virus glycoprotein mutations in trans.
JOURNAL J Gen Virol 73 (Pt 8): 1907-13 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Morrey JD; Bourn SM; Bunch TD; Sidwell RW; Rosen CA
TITLE HIV-1 LTR activation model: evaluation of various agents in skin of transgenic mice.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 1195-203 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Moynet D; Berteau F; Astier-Gin T; Legrand E; Sainte-Foie S; Joly F; Moreau JP; Guillemain B
TITLE HTLV-I infections in French Guiana as monitored by western-blot, dot-blot and PCR techniques.
JOURNAL Leukemia 6 Suppl 3: 106S-109S (1992)

REFERENCE
AUTHORS Muchardt C; Seeler JS; Gaynor RB
TITLE Regulation of HTLV-I gene expression by tax and AP-2.
JOURNAL New Biol 4: 541-50 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Muchardt C; Seeler JS; Nirula A; Gong S; Gaynor R
TITLE Transcription factor AP-2 activates gene expression of HTLV-I.
JOURNAL EMBO J 11: 2573-81 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Muchardt C; Seeler JS; Nirula A; Shurland DL; Gaynor RB
TITLE Regulation of human immunodeficiency virus enhancer function by PRDII-BF1 and c-rel gene products.
JOURNAL J Virol 66: 244-50 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Muckenthaler M; Gunkel N; Levantis P; Broadhurst K; Goh B; Colvin B; Forster G; Jackson GG; Oxford JS
TITLE Sequence analysis of an HIV-1 isolate which displays unusually high-level AZT resistance in vitro.
JOURNAL J Med Virol 36: 79-83 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mudrik NN; Andreeva LE; Dubovaia VI; Mukhoian IA; Tarantul VZ
TITLE [Effect of HIV-1 nef gene on the relationship of cells in bone marrow and peripheral blood in transgenic mice]
JOURNAL Dokl Akad Nauk SSSR 325: 606-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mueller AJ; Klauss V; Gurtler L; Geier S
TITLE Infrequent detection of HIV-1 components in tears compared to blood of HIV-1-infected persons.
JOURNAL Infection 20: 249-52 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mufson RA; Myers C; Turpin JA; Meltzer M
TITLE Phorbol ester reduces constitutive nuclear NF kappa B and inhibits HIV-1 production in mature human monocytic cells.
JOURNAL J Leukoc Biol 52: 637-44 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mui PW; Jacober SP; Hargrave KD; Adams J
TITLE Crystal structure of nevirapine, a non-nucleoside inhibitor of HIV-1 reverse transcriptase, and computational alignment with a structurally diverse inhibitor.
JOURNAL J Med Chem 35: 201-2 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mujeeb A; Kerwin SM; Egan W; Kenyon GL; James TL
TITLE A potential gene target in HIV-1: rationale, selection of a conserved sequence, and determination of NMR distance and torsion angle constraints.
JOURNAL Biochemistry 31: 9325-38 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Muller S; Nara P; D'Amelio R; Biselli R; Gold D; Wang H; Kohler H; Silverman GJ
TITLE Clonal patterns in the human immune response to HIV-1 infection.
JOURNAL Int Rev Immunol 9: 1-13 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Muller WE; Pfeifer K; Forrest J; Rytik PG; Eremin VF; Popov SA; Schroder HC
TITLE Accumulation of transcripts coding for prion protein in human astrocytes during infection with human immunodeficiency virus.
JOURNAL Biochim Biophys Acta 1139: 32-40 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Mulligan MJ; Yamshchikov GV; Ritter GD Jr; Gao F; Jin MJ; Nail CD; Spies CP; Hahn BH; Compans RW
TITLE Cytoplasmic domain truncation enhances fusion activity by the exterior glycoprotein complex of human immunodeficiency virus type 2 in selected cell types.
JOURNAL J Virol 66: 3971-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Munis JR; Kornbluth RS; Guatelli JC; Richman DD
TITLE Ordered appearance of human immunodeficiency virus type 1 nucleic acids following high multiplicity infection of macrophages.
JOURNAL J Gen Virol 73 (Pt 8): 1899-906 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Murabito S; Oliver G
TITLE Think tuberculosis: 'No guarantees of a cure at this time' (continuing education credit).
JOURNAL Tenn Nurse 55: 6-10 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Murthy KH; Winborne EL; Minnich MD; Culp JS; Debouck C
TITLE The crystal structures at 2.2-A resolution of hydroxyethylene-based inhibitors bound to human immunodeficiency virus type 1 protease show that the inhibitors are present in two distinct orientations.
JOURNAL J Biol Chem 267: 22770-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Myers G; Lenroot R
TITLE HIV glycosylation: what does it portend?
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1459-60 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Myers G; MacInnes K; Korber B
TITLE The emergence of simian/human immunodeficiency viruses.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 373-86 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nagashunmugam T; Velpandi A; Goldsmith CS; Zaki SR; Kalyanaraman VS; Srinivasan A
TITLE Mutation in the primer binding site of the type 1 human immunodeficiency virus genome affects virus production and infectivity.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 4114-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nagashunmugam T; Velpandi A; Otsuka T; Cartas M; Srinivasan A
TITLE Analysis of the viral determinants underlying replication kinetics and cellular tropism of human immunodeficiency virus.
JOURNAL Pathobiology 60: 234-45 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nagata K; Ide Y; Takagi T; Ohtani K; Aoshima M; Tozawa H; Nakamura M; Sugamura K
TITLE Complex formation of human T-cell leukemia virus type I p40tax transactivator with cellular polypeptides.
JOURNAL J Virol 66: 1040-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nair BC; DeVico AL; Nakamura S; Copeland TD; Chen Y; Patel A; O'Neil T; Oroszlan S; Gallo RC; Sarngadharan MG
TITLE Identification of a major growth factor for AIDS-Kaposi's sarcoma cells as oncostatin M.
JOURNAL Science 255: 1430-2 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nakamura GR; Byrn R; Rosenthal K; Porter JP; Hobbs MR; Riddle L; Eastman DJ; Dowbenko D; Gregory T; Fendly BM; et al
TITLE Monoclonal antibodies to the extracellular domain of HIV-1IIIB gp160 that neutralize infectivity, block binding to CD4, and react with diverse isolates.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1875-85 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nakamura M; Kunimoto S; Takahashi Y; Naganawa H; Sakaue M; Inoue S; Ohno T; Takeuchi T
TITLE Inhibitory effects of polyethers on human immunodeficiency virus replication.
JOURNAL Antimicrob Agents Chemother 36: 492-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nakamura S; Sakurada S; Salahuddin SZ; Osada Y; Tanaka NG; Sakamoto N; Sekiguchi M; Gallo RC
TITLE Inhibition of development of Kaposi's sarcoma-related lesions by a bacterial cell wall complex.
JOURNAL Science 255: 1437-40 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nakanishi Y; Kihara K; Mizuno K; Masamune Y; Yoshitake Y; Nishikawa K
TITLE Direct effect of basic fibroblast growth factor on gene transcription in a cell-free system.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 5216-20 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nakashima H; Masuda M; Murakami T; Koyanagi Y; Matsumoto A; Fujii N; Yamamoto N
TITLE Anti-human immunodeficiency virus activity of a novel synthetic peptide, T22 ([Tyr-5,12, Lys-7]polyphemusin II): a possible inhibitor of virus-cell fusion.
JOURNAL Antimicrob Agents Chemother 36: 1249-55 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nakashima H; Murakami T; Yamamoto N; Sakagami H; Tanuma S; Hatano T; Yoshida T; Okuda T
TITLE Inhibition of human immunodeficiency viral replication by tannins and related compounds.
JOURNAL Antiviral Res 18: 91-103 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nakasone T; Araki K; Masuda M; Oshiro K; Arakaki H; Shimoji T; Shinzato O; Mimura G
TITLE Immune responses and serum levels of cytokines in adult T-cell leukemia patients and human T-cell leukemia virus type-I carriers.
JOURNAL Eur J Haematol 48: 99-104 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Narasimhan LS; Maggiora GM
TITLE A preliminary 3-D model of the tertiary fold of the polymerase domain of HIV-1 reverse transcriptase.
JOURNAL Protein Eng 5: 139-46 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nardelli B; Defoort JP; Huang W; Tam JP
TITLE Design of a complete synthetic peptide-based AIDS vaccine with a built-in adjuvant.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1405-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nardelli B; Lu YA; Shiu DR; Delpierre-Defoort C; Profy AT; Tam JP
TITLE A chemically defined synthetic vaccine model for HIV-1.
JOURNAL J Immunol 148: 914-20 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Narita M; Shibata M; Togashi T
TITLE Difficulty of in situ detection of HTLV-I proviral genome sequence [letter]
JOURNAL Am J Med 92: 231-2 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nasr M; Cradock J; Johnston MI
TITLE Computer-assisted structure-activity correlations of halodideoxynucleoside analogs as potential anti-HIV drugs.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 135-44 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Natuk RJ; Chanda PK; Lubeck MD; Davis AR; Wilhelm J; Hjorth R; Wade MS; Bhat BM; Mizutani S; Lee S; et al
TITLE Adenovirus-human immunodeficiency virus (HIV) envelope recombinant vaccines elicit high-titered HIV-neutralizing antibodies in the dog model.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 7777-81 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nerurkar VA; Yanagihara R
TITLE Specificity of an oligonucleotide primer pair and of a single-base substitution in the amplification and detection of env gene sequences of HTLV-I variants from Papua New Guinea and the Solomon Islands [letter]
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1199-200 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nerurkar VR; Miller MA; Leon-Monzon ME; Ajdukiewicz AB; Jenkins CL; Sanders RC; Godec MS; Garruto RM; Yanagihara R
TITLE Failure to isolate human T cell lymphotropic virus type I and to detect variant-specific genomic sequences by polymerase chain reaction in Melanesians with indeterminate western immunoblot.
JOURNAL J Gen Virol 73 (Pt 7): 1805-10 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Neurath AR; Strick N; Jiang S
TITLE Synthetic peptides and anti-peptide antibodies as probes to study interdomain interactions involved in virus assembly: the envelope of the human immunodeficiency virus (HIV-1).
JOURNAL Virology 188: 1-13 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nevinsky GA; Andreola ML; Jamkovoy VI; Levina AS; Barr PJ; Tarrago-Litvak L; Tharaud D; Litvak S
TITLE Functional analysis of primers and templates in the synthesis of DNA catalyzed by human immunodeficiency virus type 1 reverse transcriptase.
JOURNAL Eur J Biochem 207: 351-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Niederman TM; Garcia JV; Hastings WR; Luria S; Ratner L
TITLE Human immunodeficiency virus type 1 Nef protein inhibits NF-kappa B induction in human T cells.
JOURNAL J Virol 66: 6213-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Niederman TM; Ratner L
TITLE Functional analysis of HIV1 and SIV Nef proteins.
JOURNAL Res Virol 143: 43-6 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Niedobitek G; Herbst H; Young LS; Brooks L; Masucci MG; Crocker J; Rickinson AB; Stein H
TITLE Patterns of Epstein-Barr virus infection in non-neoplastic lymphoid tissue.
JOURNAL Blood 79: 2520-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Niedrig M; Broker M; Walter G; Stuber W; Harthus HP; Mehdi S; Gelderblom HR; Pauli G
TITLE Murine monoclonal antibodies directed against the transmembrane protein gp41 of human immunodeficiency virus type 1 enhance its infectivity.
JOURNAL J Gen Virol 73 (Pt 4): 951-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Niedrig M; Harthus HP; Hinkula J; Broker M; Bickhard H; Pauli G; Gelderblom HR; Wahren B
TITLE Inhibition of viral replication by monoclonal antibodies directed against human immunodeficiency virus gp120.
JOURNAL J Gen Virol 73 (Pt 9): 2451-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nielsen C; Gotzsche PC; Nielsen CM; Gerstoft J; Vestergaard BF
TITLE Development of resistance to zidovudine in HIV strains isolated from CD4+ lymphocytes and plasma during therapy.
JOURNAL Antiviral Res 18: 303-16 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nigro G; Luzi G; Fridell E; Ferrara M; Pisano P; Gattinara GC; Mezzaroma I; Soderlund M; Rasnoveanu D; Aiuti F
TITLE Parvovirus infection in children with AIDS: high prevalence of B19-specific immunoglobulin M and G antibodies.
JOURNAL AIDS 6: 679-84 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Niki M; Ohtani K; Nakamura M; Sugamura K
TITLE Multistep regulation of enhancer activity of the 21-base-pair element of human T-cell leukemia virus type I.
JOURNAL J Virol 66: 4348-57 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nisini R; Matricardi PM; Fattorossi A; Biselli R; D'Amelio R
TITLE Presentation of superantigen by human T cell clones: a model of T-T cell interaction.
JOURNAL Eur J Immunol 22: 2033-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nixon DF; Broliden K; Ogg G; Broliden PA
TITLE Cellular and humoral antigenic epitopes in HIV and SIV [editorial]
JOURNAL Immunology 76: 515-34 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nkya WM; Warren RQ; Wolf H; Hendrix CW; Tesha J; Redfield RR; Melcher GP; Burke DS; Kanda P; Kennedy RC
TITLE Fine specificity of the humoral immune response to HIV-1 GP160 in HIV-1 infected individuals from Tanzania.
JOURNAL J Med Virol 37: 61-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nordmann P; Chavanet P; Caillon J; Duez JM; Portier H
TITLE Recurrent pneumonia due to rifampicin-resistant Rhodococcus equi in a patient infected with HIV [letter]
JOURNAL J Infect 24: 104-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nordmann P; Ronco E
TITLE In-vitro antimicrobial susceptibility of Rhodococcus equi.
JOURNAL J Antimicrob Chemother 29: 383-93 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nordmann P; Rouveix E; Guenounou M; Nicolas MH
TITLE Pulmonary abscess due to a rifampin and fluoroquinolone resistant Rhodococcus equi strain in a HIV infected patient [letter]
JOURNAL Eur J Clin Microbiol Infect Dis 11: 557-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Norimine J; Miyazawa T; Kawaguchi Y; Niikura M; Kai C; Mikami T
TITLE Comparison of the viral promoter activities in feline cell lines (CRFK and fcwf-4 cells).
JOURNAL J Vet Med Sci 54: 189-91 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Norskov-Lauritsen N; Zachar V; Petersen PM; Hager H; Aboagye-Mathiesen G; Ebbesen P
TITLE In vitro infection of human placental trophoblast by wild-type vaccinia virus and recombinant virus expressing HIV envelope glycoprotein.
JOURNAL Res Virol 143: 321-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nottet HS; Janse I; De Vos NM; Bakker LJ; Visser MR; Verhoef J
TITLE Antibody mediated enhancement of HIV-1 infection of an EBV transformed B cell line is CD4 dependent.
JOURNAL Eur J Clin Invest 22: 670-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Novati R; Thiers V; Monforte AD; Maisonneuve P; Principi N; Conti M; Lazzarin A; Brechot C
TITLE Mother-to-child transmission of hepatitis C virus detected by nested polymerase chain reaction.
JOURNAL J Infect Dis 165: 720-3 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Novembre FJ; Hirsch VM; McClure HM; Fultz PN; Johnson PR
TITLE SIV from stump-tailed macaques: molecular characterization of a highly transmissible primate lentivirus.
JOURNAL Virology 186: 783-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nowak MA
TITLE Variability of HIV infections.
JOURNAL J Theor Biol 155: 1-20 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Nye KE; Riley GA; Pinching AJ
TITLE The defect seen in the phosphatidylinositol hydrolysis pathway in HIV-infected lymphocytes and lymphoblastoid cells is due to inhibition of the inositol 1,4,5-trisphosphate 1,3,4,5-tetrakisphosphate 5-phosphomonoesterase.
JOURNAL Clin Exp Immunol 89: 89-93 (1992)

REFERENCE
AUTHORS O'Brien LM; Bartlett KA
TITLE TB plus HIV spells trouble.
JOURNAL Am J Nurs 92: 28-34 (1992)

REFERENCE
AUTHORS O'Brien WA; Chen IS; Ho DD; Daar ES
TITLE Mapping genetic determinants for human immunodeficiency virus type 1 resistance to soluble CD4.
JOURNAL J Virol 66: 3125-30 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Obaru K; DeClue JE; Haseltine WA
TITLE An amino-terminal amino acid affects the electrophoretic mobility of the HIV-1 nef protein.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 308-12 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Oberste MS; Gonda MA
TITLE Conservation of amino-acid sequence motifs in lentivirus Vif proteins.
JOURNAL Virus Genes 6: 95-102 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Oguro K; Sakamoto K; Kitajima K; Oda T; Hirano T; Shimizu N; Utiyama H
TITLE Determination of transcriptional activities of typical gene promoters in HL-60 cells.
JOURNAL J Biochem (Tokyo) 111: 103-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ohara Y; Honma M; Iwasaki Y
TITLE Sensitivity of the polymerase chain reaction for detecting human T-cell leukemia virus type I sequences in paraffin-embedded tissue. Effect of unbuffered formalin fixation.
JOURNAL J Virol Methods 37: 83-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ohara Y; Iwasaki Y; Izumo S; Kobayashi I; Yoshioka A
TITLE Search for human T-cell leukemia virus type I (HTLV-I) proviral sequences by polymerase chain reaction in the central nervous system tissue of HTLV-I-associated myelopathy.
JOURNAL Arch Virol 124: 31-43 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ohkawa J; Yuyama N; Taira K
TITLE Activities of HIV-RNA targeted ribozymes transcribed from a 'shot-gun' type ribozyme-trimming plasmid.
JOURNAL Nucleic Acids Symp Ser 422: 15-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ohki K; Kimura T; Ohmura K; Morikawa Y; Jones IM; Azuma I; Ikuta K
TITLE Monoclonal antibodies to a CD4 peptide derivative which includes the region corresponding to an immunoglobulin CDR3: evidence of the involvement of pre-CDR3-related region in HIV-1 and host cell interaction.
JOURNAL Mol Immunol 29: 1391-400 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ohlendorf DH; Foundling SI; Wendoloski JJ; Sedlacek J; Strop P; Salemme FR
TITLE Structural studies of the retroviral proteinase from avian myeloblastosis associated virus.
JOURNAL Proteins 14: 382-91 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ohlin M; Hinkula J; Broliden PA; Grunow R; Borrebaeck CA; Wahren B
TITLE Human MoAbs produced from normal, HIV-1-negative donors and specific for glycoprotein gp120 of the HIV-1 envelope.
JOURNAL Clin Exp Immunol 89: 290-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ohshima K; Kikuchi M; Masuda Y; Sumiyoshi Y; Eguchi F; Mohtai H; Takeshita M; Kimura N
TITLE Human T-cell leukemia virus type I associated lymphadenitis.
JOURNAL Cancer 69: 239-48 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ojwang JO; Hampel A; Looney DJ; Wong-Staal F; Rappaport J
TITLE Inhibition of human immunodeficiency virus type 1 expression by a hairpin ribozyme.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 10802-6 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Oka T; Iwata J; Furihata M; Sonobe H; Miyoshi I; Ohtsuki Y
TITLE Inhibitory effects of human interferons on the immortalization of human, but not rabbit, T lymphocytes by human T-lymphotropic virus type-I (HTLV-I).
JOURNAL Int J Cancer 51: 915-20 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Oka T; Sonobe H; Iwata J; Kubonishi I; Satoh H; Takata M; Tanaka Y; Tateno M; Tozawa H; Mori S; et al
TITLE Phenotypic progression of a rat lymphoid cell line immortalized by human T-lymphotropic virus type I to induce lymphoma/leukemia-like disease in rats.
JOURNAL J Virol 66: 6686-94 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Okamoto T; Ogiwara H; Hayashi T; Mitsui A; Kawabe T; Yodoi J
TITLE Human thioredoxin/adult T cell leukemia-derived factor activates the enhancer binding protein of human immunodeficiency virus type 1 by thiol redox control mechanism.
JOURNAL Int Immunol 4: 811-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Oksenhendler E; Autran B; Gorochov G; D'Agay MF; Seligmann M; Clauvel JP
TITLE CD8 lymphocytosis and pseudotumoral splenomegaly in HIV infection.
JOURNAL Lancet 340: 207-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Olmsted RA; Langley R; Roelke ME; Goeken RM; Adger-Johnson D; Goff JP; Albert JP; Packer C; Laurenson MK; Caro TM; et al
TITLE Worldwide prevalence of lentivirus infection in wild feline species: epidemiologic and phylogenetic aspects.
JOURNAL J Virol 66: 6008-18 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Olsen HS; Cochrane AW; Rosen C
TITLE Interaction of cellular factors with intragenic cis-acting repressive sequences within the HIV genome.
JOURNAL Virology 191: 709-15 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Olsen HS; Rosen CA
TITLE Contribution of the TATA motif to Tat-mediated transcriptional activation of human immunodeficiency virus gene expression.
JOURNAL J Virol 66: 5594-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Oostendorp RA; Knol EF; Verhoeven AJ; Scheper RJ
TITLE An immunosuppressive retrovirus-derived hexapeptide interferes with intracellular signaling in monocytes and granulocytes through N-formylpeptide receptors.
JOURNAL J Immunol 149: 1010-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Orchard K; Lang G; Collins M; Latchman D
TITLE Characterization of a novel T lymphocyte protein which binds to a site related to steroid/thyroid hormone receptor response elements in the negative regulatory sequence of the human immunodeficiency virus long terminal repeat.
JOURNAL Nucleic Acids Res 20: 5429-34 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Orita S; Takagi S; Saiga A; Minoura N; Araki K; Kinoshita K; Kondo T; Hinuma Y; Igarashi H
TITLE Human T cell leukaemia virus type 1 p21X mRNA: constitutive expression in peripheral blood mononuclear cells of patients with adult T cell leukaemia.
JOURNAL J Gen Virol 73 (Pt 9): 2283-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Orr DC; Figueiredo HT; Mo CL; Penn CR; Cameron JM
TITLE DNA chain termination activity and inhibition of human immunodeficiency virus reverse transcriptase by carbocyclic 2',3'-didehydro-2',3'-dideoxyguanosine triphosphate.
JOURNAL J Biol Chem 267: 4177-82 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Oshima K; Tani E; Masuda Y; Skoog L; Kikuchi M
TITLE Fine needle aspiration cytology of high grade T-cell lymphomas in human T-lymphotropic virus type 1 carriers.
JOURNAL Cytopathology 3: 365-72 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Otteken A; Nick S; Bergter W; Voss G; Faisst AC; Stahl-Hennig C; Hunsmann G
TITLE Identification of a gag protein epitope conserved among all four groups of primate immunodeficiency viruses by using monoclonal antibodies.
JOURNAL J Gen Virol 73 (Pt 10): 2721-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ou CY; Ciesielski CA; Myers G; Bandea CI; Luo CC; Korber BT; Mullins JI; Schochetman G; Berkelman RL; Economou AN; et al
TITLE Molecular epidemiology of HIV transmission in a dental practice [see comments]
JOURNAL Science 256: 1165-71 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ou CY; Takebe Y; Luo CC; Kalish M; Auwanit W; Bandea C; de la Torre N; Moore JL; Schochetman G; Yamazaki S; et al
TITLE Wide distribution of two subtypes of HIV-1 in Thailand.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1471-2 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Overbaugh J; Rudensey LM
TITLE Alterations in potential sites for glycosylation predominate during evolution of the simian immunodeficiency virus envelope gene in macaques.
JOURNAL J Virol 66: 5937-48 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ovod V; Lagerstedt A; Ranki A; Gombert FO; Spohn R; Tahtinen M; Jung G; Krohn KJ
TITLE Immunological variation and immunohistochemical localization of HIV-1 Nef demonstrated with monoclonal antibodies.
JOURNAL AIDS 6: 25-34 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Owens RA; Carter BJ
TITLE In vitro resolution of adeno-associated virus DNA hairpin termini by wild-type Rep protein is inhibited by a dominant-negative mutant of rep.
JOURNAL J Virol 66: 1236-40 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Pagani R; Tabucchi A; Carlucci F; Re MC; Rubino M; Ciccomascolo F; Marinello E; Siccardi A
TITLE Purine metabolism in normal and HIV-1 infected lymphocytes. Purine nucleotide content.
JOURNAL Biochem Soc Trans 20: 46S (1992)

REFERENCE
AUTHORS Page KA; Stearns SM; Littman DR
TITLE Analysis of mutations in the V3 domain of gp160 that affect fusion and infectivity.
JOURNAL J Virol 66: 524-33 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Pal R; di Marzo Veronese F; Nair BC; Rahman R; Hoke G; Mumbauer SW; Sarngadharan MG
TITLE Characterization of a neutralizing monoclonal antibody to the external glycoprotein of HIV-1.
JOURNAL Intervirology 34: 86-93 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Palca J
TITLE Infection with selection: HIV in human infants [news; comment]
JOURNAL Science 255: 1069 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Palca J
TITLE The case of the Florida dentist [news]
JOURNAL Science 255: 392-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Palker TJ; Riggs ER; Spragion DE; Muir AJ; Scearce RM; Randall RR; McAdams MW; McKnight A; Clapham PR; Weiss RA; et al
TITLE Mapping of homologous, amino-terminal neutralizing regions of human T-cell lymphotropic virus type I and II gp46 envelope glycoproteins.
JOURNAL J Virol 66: 5879-89 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Pang S; Shlesinger Y; Daar ES; Moudgil T; Ho DD; Chen IS
TITLE Rapid generation of sequence variation during primary HIV-1 infection.
JOURNAL AIDS 6: 453-60 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Panicali DL; Mazzara G; Sullivan JL; Hesselton R; Shen L; Letvin N; Daniel M; Desrosiers R; Stott EJ
TITLE Use of lentivirus-like particles alone and in combination with live vaccinia-virus-based vaccines.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1449 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Papadopulos-Eleopulos E; Turner VF; Papadimitriou JM
TITLE Oxidative stress, HIV and AIDS.
JOURNAL Res Immunol 143: 145-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Papsidero LD; Dittmer RP; Vaickus L; Poiesz BJ
TITLE Monoclonal antibodies and chemiluminescence immunoassay for detection of the surface protein of human T-cell lymphotropic virus.
JOURNAL J Clin Microbiol 30: 351-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Park J; Morrow CD
TITLE The nonmyristylated Pr160gag-pol polyprotein of human immunodeficiency virus type 1 interacts with Pr55gag and is incorporated into viruslike particles.
JOURNAL J Virol 66: 6304-13 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Parker CE; Daenke S; Nightingale S; Bangham CR
TITLE Activated, HTLV-1-specific cytotoxic T-lymphocytes are found in healthy seropositives as well as in patients with tropical spastic paraparesis.
JOURNAL Virology 188: 628-36 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Parker KC; Bednarek MA; Hull LK; Utz U; Cunningham B; Zweerink HJ; Biddison WE; Coligan JE
TITLE Sequence motifs important for peptide binding to the human MHC class I molecule, HLA-A2.
JOURNAL J Immunol 149: 3580-7 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Parker WB; White EL; Shaddix SC; Ross LJ; Shannon WM; Secrist JA 3d
TITLE Interference with HIV-1 reverse transcriptase-catalyzed DNA chain elongation by the 5'-triphosphate of the carbocyclic analog of 2'-deoxyguanosine.
JOURNAL Antiviral Res 19: 325-32 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Parkin NT; Chamorro M; Varmus HE
TITLE Human immunodeficiency virus type 1 gag-pol frameshifting is dependent on downstream mRNA secondary structure: demonstration by expression in vivo.
JOURNAL J Virol 66: 5147-51 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Patil SD; Koga M; Schneller SW; Snoeck R; De Clercq E
TITLE (+-)-carbocyclic 5'-nor-2'-deoxyguanosine and related purine derivatives: synthesis and antiviral properties.
JOURNAL J Med Chem 35: 2191-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Patterson CE; Seetharam R; Kettner CA; Cheng YS
TITLE Human immunodeficiency virus type 1 and type 2 protease monomers are functionally interchangeable in the dimeric enzymes.
JOURNAL J Virol 66: 1228-31 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Paulous S; Emerman M; Keller R; Montagnier L; Cordonnier A
TITLE Functional mapping of the rev-responsive element of human immunodeficiency virus type 2 (HIV-2): influence of HIV-2 envelope-encoding sequences on HIV-1 gp120 expression in the presence or absence of Rev.
JOURNAL J Gen Virol 73 (Pt 7): 1773-80 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Pauwels R; Andries K; Debyser Z; Kukla M; Schols D; Desmyter J; De Clercq E; Janssen PA
TITLE TIBO derivatives: a new class of highly potent and specific inhibitors of HIV-1 replication.
JOURNAL Biochem Soc Trans 20: 509-12 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Pavlakis GN
TITLE Structure and function of the human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL Semin Liver Dis 12: 103-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Pavlakis GN; Felber BK; Ciminale V; Unge T; Solomin L; Harrison JE
TITLE Structure, regulation and oncogenic mechanisms of HTLV-I and HTLV-II.
JOURNAL Leukemia 6 Suppl 3: 176S-180S (1992)

REFERENCE
AUTHORS Pavlickova L; Stys D; Soucek M; Urban J; Hruskova O; Sedlacek J; Strop P
TITLE 15gag proteinase of myeloblastosis-associated virus: specificity studies with substrate-based inhibitors.
JOURNAL Arch Biochem Biophys 298: 753-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Paya CV; Ten RM; Bessia C; Alcami J; Hay RT; Virelizier JL
TITLE NF-kappa B-dependent induction of the NF-kappa B p50 subunit gene promoter underlies self-perpetuation of human immunodeficiency virus transcription in monocytic cells.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 7826-30 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Pazmany L; Rowland-Jones S; Huet S; Hill A; Sutton J; Murray R; Brooks J; McMichael A
TITLE Genetic modulation of antigen presentation by HLA-B27 molecules.
JOURNAL J Exp Med 175: 361-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Pearson ML; Jereb JA; Frieden TR; Crawford JT; Davis BJ; Dooley SW; Jarvis WR
TITLE Nosocomial transmission of multidrug-resistant Mycobacterium tuberculosis. A risk to patients and health care workers [see comments]
JOURNAL Ann Intern Med 117: 191-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Peden KW
TITLE Instability of HIV sequences in high copy number plasmids.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 313-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Pedroza Martins L; Chenciner N; Wain-Hobson S
TITLE Complex intrapatient sequence variation in the V1 and V2 hypervariable regions of the HIV-1 gp 120 envelope sequence.
JOURNAL Virology 191: 837-45 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Peliska JA; Benkovic SJ
TITLE Mechanism of DNA strand transfer reactions catalyzed by HIV-1 reverse transcriptase.
JOURNAL Science 258: 1112-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Perez LG; O'Donnell MA; Stephens EB
TITLE The transmembrane glycoprotein of human immunodeficiency virus type 1 induces syncytium formation in the absence of the receptor binding glycoprotein.
JOURNAL J Virol 66: 4134-43 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Perez-Perez MJ; San-Felix A; Balzarini J; De Clercq E; Camarasa MJ
TITLE TSAO analogues. Stereospecific synthesis and anti-HIV-1 activity of 1-(2',5'-bis-O-(tert-butyldimethylsilyl)-beta-D-ribofuranosyl)-3'-spiro -5''-(4''-amino-1'', 2''-oxathiole 2'',2''- dioxide) pyrimidine and pyrimidine-modified nucleosides.
JOURNAL J Med Chem 35: 2988-95 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Peterson PK; Gekker G; Hu S; Schoolov Y; Balfour HH Jr; Chao CC
TITLE Microglial cell upregulation of HIV-1 expression in the chronically infected promonocytic cell line U1: the role of tumor necrosis factor-alpha.
JOURNAL J Neuroimmunol 41: 81-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Petricciani JC; Koff WC; Ada GL
TITLE Efficacy trials for HIV/AIDS vaccines.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1527-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Petrini M; Quaranta MT; Testa U; Samoggia P; Tritarelli E; Care A; Cianetti L; Valtieri M; Barletta C; Peschle C
TITLE Expression of selected human HOX-2 genes in B/T acute lymphoid leukemia and interleukin-2/interleukin-1 beta-stimulated natural killer lymphocytes.
JOURNAL Blood 80: 185-93 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Petsko GA
TITLE On the other hand... [comment]
JOURNAL Science 256: 1403-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Pfutzner A; Dietrich U; von Eichel U; von Briesen H; Brede HD; Maniar JK; Rubsamen-Waigmann H
TITLE HIV-1 and HIV-2 infections in a high-risk population in Bombay, India: evidence for the spread of HIV-2 and presence of a divergent HIV-1 subtype.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 972-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Phair J; Hoover D; Huprikar J; Detels R; Kaslow R; Rinaldo C; Saah A
TITLE The significance of western blot assays indeterminate for antibody to HIV in a cohort of homosexual/bisexual men. The Multicenter AIDS Cohort Study.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 988-92 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Phares W; Franza BR Jr; Herr W
TITLE The kappa B enhancer motifs in human immunodeficiency virus type 1 and simian virus 40 recognize different binding activities in human Jurkat and H9 T cells: evidence for NF-kappa B-independent activation of the kappa B motif.
JOURNAL J Virol 66: 7490-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Phillips WG; Langtry JA; Formstone C; Taylor AM; Marsden JR
TITLE Chronic adult T-cell leukaemia/lymphoma presenting with cutaneous manifestations.
JOURNAL J R Soc Med 85: 417-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Phylip LH; Mills JS; Parten BF; Dunn BM; Kay J
TITLE Intrinsic activity of precursor forms of HIV-1 proteinase.
JOURNAL FEBS Lett 314: 449-54 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Pialoux G; Dupont B
TITLE [Lung abscess caused by Rhodococcus equi in HIV infection: two cases (letter)]
JOURNAL Presse Med 21: 1086 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Piazza M; Chirianni A; Liuzzi G; Tullio Cataldo P; Santoro G; Barsanti L; Batoni G; Ceccherini Nelli L
TITLE [HIV-1 proviral DNA sequences in the saliva of patients with HIV infection]
JOURNAL Boll Soc Ital Biol Sper 68: 475-81 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Picard O; Achour A; Bernard J; Halbreich A; Bizzini B; Boyer V; Desgranges C; Bertho JM; Lachgar A; Polliotti B; et al
TITLE A 2-year follow-up of an anti-HIV immune reaction in HIV-1 gp160-immunized healthy seronegative humans: evidence for persistent cell-mediated immunity.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 539-46 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Piedrola Angulo G
TITLE [Advances in AIDS vaccines]
JOURNAL An R Acad Nac Med (Madr) 109: 531-50 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Pimentel-Muinos FX; Lopez-Guerrero JA; Fresno M; Alonso MA
TITLE CD4 gene transcription is transiently repressed during differentiation of myeloid cells to macrophage-like cells.
JOURNAL Eur J Biochem 207: 321-5 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Pincus SH; Messer K
TITLE Humoral immune responses to homologous envelope peptides in vaccinees and lab workers infected with HIV.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1347 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Pique C; Pham D; Tursz T; Dokhelar MC
TITLE Human T-cell leukemia virus type I envelope protein maturation process: requirements for syncytium formation.
JOURNAL J Virol 66: 906-13 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Plata F
TITLE Implications of HIV-specific cytotoxic T lymphocytes in AIDS.
JOURNAL Biotherapy 5: 31-45 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Pocsik E; Higuchi M; Aggarwal BB
TITLE Down-modulation of cell surface expression of p80 form of the tumor necrosis factor receptor by human immunodeficiency virus-1 tat gene.
JOURNAL Lymphokine Cytokine Res 11: 317-25 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Pollard SR; Rosa MD; Rosa JJ; Wiley DC
TITLE Truncated variants of gp120 bind CD4 with high affinity and suggest a minimum CD4 binding region.
JOURNAL EMBO J 11: 585-91 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Pomerantz RJ; Bagasra O; Baltimore D
TITLE Cellular latency of human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL Curr Opin Immunol 4: 475-80 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Pomerantz RJ; Seshamma T; Trono D
TITLE Efficient replication of human immunodeficiency virus type 1 requires a threshold level of Rev: potential implications for latency.
JOURNAL J Virol 66: 1809-13 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Popik W; Pitha PM
TITLE Transcriptional activation of the tat-defective human immunodeficiency virus type-1 provirus: effect of interferon.
JOURNAL Virology 189: 435-47 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Popov J; McGraw T; Hofmann B; Vowels B; Shum A; Nishanian P; Fahey JL
TITLE Acute lymphoid changes and ongoing immune activation in SIV infection.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 391-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Potash MJ; Bentsman G; McKinley G; Volsky DJ
TITLE A Tat antagonist inhibits HIV-1 induction in naturally infected and experimentally infected T cells.
JOURNAL Biochem Biophys Res Commun 189: 250-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Poulin L; Levy JA
TITLE The HIV-1 nef gene product is associated with phosphorylation of a 46 kD cellular protein.
JOURNAL AIDS 6: 787-91 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Poumbourios P; McPhee DA; Kemp BE
TITLE Antibody epitopes sensitive to the state of human immunodeficiency virus type 1 gp41 oligomerization map to a putative alpha-helical region.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 2055-62 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Powers MA; Radke K
TITLE Activation of bovine leukemia virus transcription in lymphocytes from infected sheep: rapid transition through early to late gene expression.
JOURNAL J Virol 66: 4769-77 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Powers R; Clore GM; Stahl SJ; Wingfield PT; Gronenborn A
TITLE Analysis of the backbone dynamics of the ribonuclease H domain of the human immunodeficiency virus reverse transcriptase using 15N relaxation measurements.
JOURNAL Biochemistry 31: 9150-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Proudfoot NJ; Lee BA; Monks J
TITLE Multiple SP1 binding sites confer enhancer-independent, replication-activated transcription of HIV-1 and globin gene promoters.
JOURNAL New Biol 4: 369-81 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Pugliese O; Viora M; Camponeschi B; Fei PC; Caprilli F; Chersi A; Evangelista M; Di Massimo AM; Colizzi V
TITLE A gp120 HIV peptide with high similarity to HLA class II beta chains enhances PPD-specific and autoreactive T cell activation.
JOURNAL Clin Exp Immunol 90: 170-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Puglisi JD; Tan R; Calnan BJ; Frankel AD; Williamson JR
TITLE Conformation of the TAR RNA-arginine complex by NMR spectroscopy.
JOURNAL Science 257: 76-80 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Pulik M; Lebret-Lerolle D
TITLE [Acquired protein S deficiency in HIV infections]
JOURNAL Ann Med Interne (Paris) 143: 57-60 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Pullen KA; Ishimoto LK; Cha poux JJ
TITLE Incomplete removal of the RNA primer for minus strand DNA synthesis by human immunodeficiency virus type 1 reverse transcriptase.
JOURNAL J Virol 66: 367-73 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Puri RK; Aggarwal BB
TITLE Human immunodeficiency virus type 1 tat gene up-regulates interleukin 4 receptors on a human B-lymphoblastoid cell line.
JOURNAL Cancer Res 52: 3787-90 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Purtilo DT; Strobach RS; Okano M; Davis JR
TITLE Epstein-Barr virus-associated lymphoproliferative disorders.
JOURNAL Lab Invest 67: 5-23 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Purvis SF; Georges DL; Williams TM; Lederman MM
TITLE Suppression of interleukin-2 and interleukin-2 receptor expression in Jurkat cells stably expressing the human immunodeficiency virus Tat protein.
JOURNAL Cell Immunol 144: 32-42 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Putney S
TITLE How antibodies block HIV infection: paths to an AIDS vaccine.
JOURNAL Trends Biochem Sci 17: 191-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Qavi HB; Green MT; SeGall GK; Lewis DE; Hollinger FB
TITLE Transcriptional activity of HIV-1 and HHV-6 in retinal lesions from AIDS patients.
JOURNAL Invest Ophthalmol Vis Sci 33: 2759-67 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Qavi HB; Green MT; SeGall GK; Lewis DE; Hollinger FB
TITLE Frequency of dual infections of corneas with HIV-1 and HHV-6.
JOURNAL Curr Eye Res 11: 415-23 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Quinlivan EB; Norris M; Boulikin TW; Suzuki K; Mocker K; Smith MS; Hall C; Kenney S
TITLE Subclinical central nervous system infection with JC virus in patients with AIDS.
JOURNAL J Infect Dis 166: 89-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Raineri I; Senn HP
TITLE HIV-1 promotor insertion revealed by selective detection of chimeric provirus-host gene transcripts.
JOURNAL Nucleic Acids Res 20: 6261-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ramot B; Rechavi G
TITLE Non-Hodgkin's lymphomas and paraproteinaemias.
JOURNAL Baillieres Clin Haematol 5: 81-99 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ramsay AJ
TITLE Diversity and variation in human immunodeficiency virus: implications for immune control.
JOURNAL Immunol Cell Biol 70 (Pt 3): 215-21 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Rangwala SH; Finn RF; Smith CE; Berberich SA; Salsgiver WJ; Stallings WC; Glover GI; Olins PO
TITLE High-level production of active HIV-1 protease in Escherichia coli.
JOURNAL Gene 122: 263-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ranki A; Kurki P; Riepponen S; Stephansson E
TITLE Antibodies to retroviral proteins in autoimmune connective tissue disease. Relation to clinical manifestations and ribonucleoprotein autoantibodies.
JOURNAL Arthritis Rheum 35: 1483-91 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Rasmussen HB; Clausen J
TITLE Search for a retrovirus in multiple sclerosis by enzymatic amplification of DNA from brain capillaries, brain tissue and mononuclear cells from peripheral blood.
JOURNAL Acta Neurol Scand 86: 87-90 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ratei R; Zaki W; Wagner J; Hahn H
TITLE Diagnosis, prevalence and drug resistance of mycobacteria in HIV positive and HIV-negative patients of an urban population in Germany.
JOURNAL Int J Med Microbiol Virol Parasitol Infect Dis 277: 119-28 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ratmeyer LS; Vinayak R; Zon G; Wilson WD
TITLE An ethidium analogue that binds with high specificity to a base-bulged duplex from the TAR RNA region of the HIV-1 genome.
JOURNAL J Med Chem 35: 966-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Rather L
TITLE Glucosidase inhibitors for treatment of HIV-1 infection.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 165-73 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Rausch DM; Lifson JD; Padgett MP; Chandrasekhar B; Lendvay J; Hwang KM; Eiden LE
TITLE CD4(81-92)-based peptide derivatives. Structural requirements for blockade of HIV infection, blockade of HIV-induced syncytium formation, and virostatic activity in vitro.
JOURNAL Biochem Pharmacol 43: 1785-96 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Raychaudhuri S; Tonks M; Carbone F; Ryskamp T; Morrow WJ; Hanna N
TITLE Induction of antigen-specific class I-restricted cytotoxic T cells by soluble proteins in vivo.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 8308-12 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Re MC; Furlini G; Ramazzotti E; Vignoli M; Zauli G; Lolli S; Monari P; Belletti D; Nanetti A; La Placa M
TITLE Absence of HTLV-I/II infection in blood donors with positive and inconclusive HTLV-I/II serology.
JOURNAL Microbiologica 15: 329-36 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Read S; Cassol S; Coates R; Major C; McLaughlin B; Salas T; Francis A; Fanning M; MacFadden D; Shepherd F; et al
TITLE Detection of incident HIV infection by PCR compared to serology.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 1075-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Reardon JE
TITLE Human immunodeficiency virus reverse transcriptase: steady-state and pre-steady-state kinetics of nucleotide incorporation.
JOURNAL Biochemistry 31: 4473-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Reddy EP; Dasgupta P
TITLE Regulation of HIV-1 gene expression by cellular transcription factors.
JOURNAL Pathobiology 60: 219-24 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Reddy MV; Desai M; Jeyapaul J; Prasad DD; Seshamma T; Palmeri D; Khan SA
TITLE Functional analysis of the N-terminal domain of Tat protein of the human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL Oncogene 7: 1743-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Regland B; Gottfries CG
TITLE Slowed synthesis of DNA and methionine is a pathogenetic mechanism common to dementia in Down's syndrome, AIDS and Alzheimer's disease?
JOURNAL Med Hypotheses 38: 11-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Regnery RL; Anderson BE; Clarridge JE 3d; Rodriguez-Barradas MC; Jones DC; Carr JH
TITLE Characterization of a novel Rochalimaea species, R. henselae sp. nov., isolated from blood of a febrile, human immunodeficiency virus-positive patient.
JOURNAL J Clin Microbiol 30: 265-74 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Reitz MS Jr; Guo HG; Oleske J; Hoxie J; Popovic M; Read-Connole E; Markham P; Streicher H; Gallo RC
TITLE On the historical origins of HIV-1 (MN) and (RF).
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1950 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Reitz MS Jr; Guo HG; Oleske J; Hoxie J; Popovic M; Read-Connole E; Markham P; Streicher H; Gallo RC
TITLE On the historical origins of HIV-1 (MN) and (RF) [letter] [published erratum appears in AIDS Res Hum Retroviruses 1992 Oct;8(10):1731]
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1539-41 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Reitz MS Jr; Guo HG; Oleske J; Hoxie J; Popovic M; Read-Connole E; Markham P; Streicher H; Gallo RC
TITLE On the historical origins of HIV-1 (MN) and (RF).
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1731 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Restle T; Muller B; Goody RS
TITLE RNase H activity of HIV reverse transcriptases is confined exclusively to the dimeric forms.
JOURNAL FEBS Lett 300: 97-100 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Restle T; Pawlita M; Sczakiel G; Muller B; Goody RS
TITLE Structure-function relationships of HIV-1 reverse transcriptase determined using monoclonal antibodies.
JOURNAL J Biol Chem 267: 14654-61 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Reynes J; Mallie M; Ravisse P; Bastide JM
TITLE Activity of fluconazole against Candida albicans isolates from HIV+ patients in a digestive candidosis turkey model.
JOURNAL J Med Vet Mycol 30: 363-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ribaudo RK; Margulies DH
TITLE Independent and synergistic effects of disulfide bond formation, beta 2-microglobulin, and peptides on class I MHC folding and assembly in an in vitro translation system.
JOURNAL J Immunol 149: 2935-44 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Rich DH; Prasad JV; Sun CQ; Green J; Mueller R; Houseman K; MacKenzie D; Malkovsky M
TITLE New hydroxyethylamine HIV protease inhibitors that suppress viral replication.
JOURNAL J Med Chem 35: 3803-12 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Rich EA; Chen IS; Zack JA; Leonard ML; O'Brien WA
TITLE Increased susceptibility of differentiated mononuclear phagocytes to productive infection with human immunodeficiency virus-1 (HIV-1).
JOURNAL J Clin Invest 89: 176-83 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Richman DD
TITLE HIV drug resistance.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1065-71 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Richman DD
TITLE Selection of zidovudine-resistant variants of human immunodeficiency virus by therapy.
JOURNAL Curr Top Microbiol Immunol 176: 131-42 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Richman DD
TITLE The clinical significance of drug-resistance mutants of human immunodeficiency virus.
JOURNAL Res Virol 143: 130-1 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Richter-Cook NJ; Howard KJ; Cirino NM; Wohrl BM; Le Grice SF
TITLE Interaction of tRNA(Lys 3) with multiple forms of human immunodeficiency virus reverse transcriptase.
JOURNAL J Biol Chem 267: 15952-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Riley JH; Davidovich A; Lipman JM; Arceo R; Anderson TD
TITLE Hematological effects of 2',3' dideoxycytidine in rabbits.
JOURNAL Toxicol Pathol 20: 367-75 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Riordan FA; Bhattacharyya A; McAteer S; Lilley DM
TITLE Kinking of RNA helices by bulged bases, and the structure of the human immunodeficiency virus transactivator response element.
JOURNAL J Mol Biol 226: 305-10 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Rittner K; Heilbronn R; Kleinschmidt JA; Sczakiel G
TITLE Adeno-associated virus type 2-mediated inhibition of human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) replication: involvement of p78rep/p68rep and the HIV-1 long terminal repeat.
JOURNAL J Gen Virol 73 (Pt 11): 2977-81 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Rizvi TA; Panganiban AT
TITLE Simian immunodeficiency virus vectors: replication and pseudotyping.
JOURNAL J Med Primatol 21: 69-73 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Rizvi TA; Panganiban AT
TITLE Simian immunodeficiency virus vectors: replication and pseudotyping.
JOURNAL J Med Primatol 21: 69-73 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Robb ML; Polonis V; Vahey M; Gartner S; Michael N; Fowler A; Redfield RR
TITLE HIV neutralization assay using polymerase chain reaction-derived molecular signals.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 1224-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Robert-Guroff M; Aldrich K; Muldoon R; Stern TL; Bansal GP; Matthews TJ; Markham PD; Gallo RC; Franchini G
TITLE Cross-neutralization of human immunodeficiency virus type 1 and 2 and simian immunodeficiency virus isolates.
JOURNAL J Virol 66: 3602-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Robert-Hebmann V; Emiliani S; Jean F; Resnicoff M; Traincard F; Devaux C
TITLE Clonal analysis of murine B cell response to the human immunodeficiency virus type 1 (HIV1) gag p17 and p25 antigens.
JOURNAL Mol Immunol 29: 729-38 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Robert-Hebmann V; Emiliani S; Resnicoff M; Jean F; Devaux C
TITLE Subtyping of human immunodeficiency virus isolates with a panel of monoclonal antibodies: identification of conserved and divergent epitopes on p17 and p25 core proteins.
JOURNAL Mol Immunol 29: 1175-83 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Roberts CR; Mitra R; Hyams K; Brodine SK; Lal RB
TITLE Serologic differentiation of human T lymphotropic virus type I from type II infection by synthetic peptide immunoassays.
JOURNAL J Med Virol 36: 298-302 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Roberts NA; Craig JC; Duncan IB
TITLE HIV proteinase inhibitors.
JOURNAL Biochem Soc Trans 20: 513-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Robertson CA; Mok JY; Froebel KS; Simmonds P; Burns SM; Marsden HS; Graham S
TITLE Maternal antibodies to gp120 V3 sequence do not correlate with protection against vertical transmission of human immunodeficiency virus.
JOURNAL J Infect Dis 166: 704-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Rodman TC; Profslin FH; To SE; Winston R
TITLE Human immunodeficiency virus (HIV) Tat-reactive antibodies present in normal HIV-negative sera and depleted in HIV-positive sera. Identification of the epitope.
JOURNAL J Exp Med 175: 1247-53 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Romanus V; Hoffner S; Kallenius G
TITLE [The tuberculosis situation in Sweden is improving inspite of increasing incidence among immigrants]
JOURNAL Lakartidningen 89: 4393-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Roncella S; Di Celle PF; Cutrona G; Carbone A; Sessarego M; Dodi F; Foa R; Rowe M; Ferrarini M
TITLE Characterization of EBV-positive lymphoblastoid cell lines obtained from HIV seropositive patients with or without lymphomas.
JOURNAL Leukemia 6 Suppl 3: 12S-14S (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ronco J; Dedieu JF; Marie FN; Pinter A; Kaczorek M; Girard M
TITLE High-titer HIV-1 neutralizing antibody response of rhesus macaques to gp160 and env peptides.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1117-23 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Roos MT; Lange JM; de Goede RE; Coutinho RA; Schellekens PT; Miedema F; Tersmette M
TITLE Viral phenotype and immune response in primary human immunodeficiency virus type 1 infection.
JOURNAL J Infect Dis 165: 427-32 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Rosen CA
TITLE HIV regulatory proteins: potential targets for therapeutic intervention.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 175-81 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Rosenblatt JD; Danon Y; Black AC
TITLE A decade with HTLV-I/HTLV-II: lesions in viral leukemogenesis.
JOURNAL Leukemia 6 Suppl 1: 18-23 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Rosenblatt JD; Tomkins P; Rosenthal M; Kacena A; Chan G; Valderama R; Harrington W Jr; Saxton E; Diagne A; Zhao JQ; et al
TITLE Progressive spastic myelopathy in a patient co-infected with HIV-1 and HTLV-II: autoantibodies to the human homologue of rig in blood and cerebrospinal fluid.
JOURNAL AIDS 6: 1151-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Rosenblum MK; Brew BJ; Hahn B; Shaw G; Haase A; Maroushek S; Price RW
TITLE Human T-lymphotropic virus type I-associated myelopathy in patients with the acquired immunodeficiency syndrome.
JOURNAL Hum Pathol 23: 513-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Rossi JJ; Eikins D; Zaia JA; Sullivan S
TITLE Ribozymes as anti-HIV-1 therapeutic agents: principles, applications, and problems.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 183-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Rossi JJ; Sarver N
TITLE Catalytic antisense RNA (ribozymes): their potential and use as anti-HIV-1 therapeutic agents.
JOURNAL Adv Exp Med Biol 312: 95-109 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Roulston A; D'Addario M; Boulerice F; Caplan S; Wainberg MA; Hiscott J
TITLE Induction of monocytic differentiation and NF-kappa B-like activities by human immunodeficiency virus 1 infection of myelomonoblastic cells.
JOURNAL J Exp Med 175: 751-63 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Rounseville MP; Kumar A
TITLE Binding of a host cell nuclear protein to the stem region of human immunodeficiency virus type 1 trans-activation-responsive RNA.
JOURNAL J Virol 66: 1688-94 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Rouveix E; Dupont C; Ichai P; Nicolas MH; Julie C; Lesur G; Dorra M
TITLE Two particular aspects of Rhodococcus equi infection: malacoplakia and acquisition of resistance to antibiotics (letter)
JOURNAL Presse Med 21: 1086 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Rovinski B; Haynes JR; Cao SX; James O; Sia C; Zolla-Pazner S; Matthews TJ; Klein MH
TITLE Expression and characterization of genetically engineered human immunodeficiency virus-like particles containing modified envelope glycoproteins: implications for development of a cross-protective AIDS vaccine.
JOURNAL J Virol 66: 4003-12 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Rowland-Jones SL; Phillips RE; Nixon DF; Gotch FM; Edwards JP; Ogunlesi AO; Elvin JG; Rothbard JA; Bangham CR; Rizza CR; et al
TITLE Human immunodeficiency virus variants that escape cytotoxic T-cell recognition.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1353-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Royer M; Hong SS; Gay B; Cerutti M; Boulanger P
TITLE Expression and extracellular release of human immunodeficiency virus type 1 Gag precursors by recombinant baculovirus-infected cells.
JOURNAL J Virol 66: 3230-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ruf B; Schurmann D; Mauch H; Jautzke G; Fehrenbach FJ; Pohle HD
TITLE Effectiveness of the macrolide clarithromycin in the treatment of Mycobacterium avium complex infection in HIV-infected patients.
JOURNAL Infection 20: 267-72 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Rupniewska ZM
TITLE [Recent advances in the etiopathology of chronic B-lymphocytic leukemia]
JOURNAL Postepy Hig Med Dosw 46: 381-402 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Saari WS; Wai JS; Fisher TE; Thomas CM; Hoffman JM; Rooney CS; Smith AM; Jones JH; Bamberger DL; Goldman ME; et al
TITLE Synthesis and evaluation of 2-pyridinone derivatives as HIV-1-specific reverse transcriptase inhibitors. 2. Analogues of 3-aminopyridin-2(1H)-one.
JOURNAL J Med Chem 35: 3792-802 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sadaie MR; Kalyanaraman VS; Mukopadhayaya R; Tschachler E; Gallo RC; Wong-Staal F
TITLE Biological characterization of noninfectious HIV-1 particles lacking the envelope protein.
JOURNAL Virology 187: 604-11 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Saggioro D; Majone F; Forino M; Turchetto L; Chieco-Bianchi L
TITLE Studies on the mechanisms of HTLV-I leukemogenesis.
JOURNAL Leukemia 6 Suppl 3: 64S-66S (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sahraoui Y; Ammar A; Lunardi-Iskandar Y; Tsapis A; Spanakis E; N'Go N; Allouche M; Bellile VG; Jasmin C; Georgoulias V
TITLE Abnormal expression of IL-2R beta (p70)-binding polypeptide on HIV-infected patients' cells.
JOURNAL Cell Immunol 139: 318-32 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Said G
TITLE [Peripheral neurologic manifestations of infection by the human immunodeficiency virus]
JOURNAL Rev Prat 42: 173-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Said JW; Barrera R; Shintaku IP; Nakamura H; Koeffler HP
TITLE Immunohistochemical analysis of p53 expression in malignant lymphomas.
JOURNAL Am J Pathol 141: 1343-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sakai H; Sakuragi J; Sakuragi S; Shibata R; Adachi A
TITLE Functional analysis of biologically distinct genetic variants of simian immunodeficiency virus isolated from a mandrill.
JOURNAL Virology 189: 161-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sakai H; Sakuragi J; Sakuragi S; Shibata R; Hayami M; Ishimoto A; Adachi A
TITLE Genetic characterization of simian immunodeficiency virus isolated from an African mandrill.
JOURNAL Arch Virol 125: 1-14 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sakai H; Sakuragi S; Sakuragi J; Kawamura M; Shibata R; Adachi A
TITLE Sequences responsible for efficient replication of simian immunodeficiency virus SIVMND in cells of the monocyte/macrophage lineage.
JOURNAL J Gen Virol 73 (Pt 11): 2989-93 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sakamoto KM; Nimer SD; Rosenblatt JD; Gasson JC
TITLE HTLV-I and HTLV-II tax trans-activate the human EGR-1 promoter through different cis-acting sequences.
JOURNAL Oncogene 7: 2125-30 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Saksena NK; Dwyer DE; Muller M; Durand JP; Herve V; Lang MC; Barre-Sinoussi F
TITLE PCR amplification of large genomic fragments from human and simian immunodeficiency virus infected cell lines.
JOURNAL Life Sci 50: 1973-84 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Saksena NK; Sherman MP; Yanagihara R; Dube DK; Poiesz BJ
TITLE LTR sequence and phylogenetic analyses of a newly discovered variant of HTLV-I isolated from the Hagahai of Papua New Guinea.
JOURNAL Virology 189: 1-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sakuragi J; Sakai H; Adachi A
TITLE [Exchangeability of HIV/SIV regulatory genes]
JOURNAL Uirusu 42: 133-43 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sakuragi J; Sakai H; Sakuragi S; Shibata R; Wain-Hobson S; Hayami M; Adachi A
TITLE Functional classification of simian immunodeficiency virus isolated from a chimpanzee by transactivators.
JOURNAL Virology 189: 354-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sakuragi S; Shibata R; Mukai R; Komatsu T; Fukasawa M; Sakai H; Sakuragi J; Kawamura M; Ibuki K; Hayami M; et al
TITLE Infection of macaque monkeys with a chimeric human and simian immunodeficiency virus.
JOURNAL J Gen Virol 73 (Pt 11): 2983-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sakurai H; Kondo N; Ishiguro N; Mikuni C; Ikeda H; Wakisaka A; Yoshiki T
TITLE Molecular analysis of a HTLV-IpX defective human adult T-cell leukemia.
JOURNAL Leuk Res 16: 941-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sakurai M; Yamaoka S; Nosaka T; Akayama M; Tanaka A; Maki M; Hatanaka M
TITLE Transforming activity and the level of Tax protein: effect of one point mutation in HTLV-I tax gene.
JOURNAL Int J Cancer 52: 323-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Salminen M
TITLE Rapid and simple characterization of in vivo HIV-1 sequences using solid-phase direct sequencing.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1733-42 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Saltini C; Amicosante M; Li Bianchi E; Paone G; Richeldi L; Guerritore D; Pallotta G; Bisetti A
TITLE [Mycobacterium tuberculosis. From the gene to the diagnosis]
JOURNAL Recenti Prog Med 83: 38-45 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sandvej K; Krenacs L; Hamilton-Dutoit SJ; Rindum JL; Pindborg JJ; Pallesen G
TITLE Epstein-Barr virus latent and replicative gene expression in oral hairy leukoplakia.
JOURNAL Histopathology 20: 387-95 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sansom CE; Wu J; Weber IT
TITLE Molecular mechanics analysis of inhibitor binding to HIV-1 protease.
JOURNAL Protein Eng 5: 659-67 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sardana VV; Emini EA; Gotlib L; Graham DJ; Lineberger DW; Long WJ; Schlabach AJ; Wolfgang JA; Condra JH
TITLE Functional analysis of HIV-1 reverse transcriptase amino acids involved in resistance to multiple nonnucleoside inhibitors.
JOURNAL J Biol Chem 267: 17526-30 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sarih-Cottin L; Bordier B; Musier-Forsyth K; Andreola ML; Barr PJ; Litvak S
TITLE Preferential interaction of human immunodeficiency virus reverse transcriptase with two regions of primer tRNA(Lys) as evidenced by footprinting studies and inhibition with synthetic oligoribonucleotides.
JOURNAL J Mol Biol 226: 1-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sasaki T; Sasaki Y; Kita M; Suzuki K; Watanabe H; Honda M
TITLE Evidence that Lo's mycoplasma (Mycoplasma fermentans incognitus) is not a unique strain among Mycoplasma fermentans strains.
JOURNAL J Clin Microbiol 30: 2435-40 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sastry KJ; Nehete PN; Venkatnarayanan S; Morkowski J; Platsoucas CD; Arlinghaus RB
TITLE Rapid in vivo induction of HIV-specific CD8+ cytotoxic T lymphocytes by a 15-amino acid unmodified free peptide from the immunodominant V3-loop of GP120.
JOURNAL Virology 188: 502-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sato A; Isaka Y; Morita F; Ishii A; Goto Y; Imai J; Igarashi H; Yoshie O; Hinuma Y
TITLE Human sera from varicella-zoster virus (VZV) infections cross-react with human T cell leukaemia virus type 1 (HTLV-1): common epitopes in VZV gene 22 protein and HTLV-1 p19 gag protein.
JOURNAL J Gen Virol 73 (Pt 11): 2969-73 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sattentau QJ
TITLE CD4 activation of HIV fusion.
JOURNAL Int J Cell Cloning 10: 323-32 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sawada M; Suzumura A; Kondo N; Marunouchi T
TITLE Induction of cytokines in glial cells by trans activator of human T cell lymphotropic virus type I.
JOURNAL FEBS Lett 313: 47-50 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sawada M; Suzumura A; Marunouchi T
TITLE Down regulation of CD4 expression in cultured microglia by immunosuppressants and lipopolysaccharide.
JOURNAL Biochem Biophys Res Commun 189: 869-76 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sawyer LA; Carrow E; Snoy PJ; Hewlett IK; Quinnan GV Jr; Anand R
TITLE Variable infections with and serologic responses of rabbits to five different HIV-1 strains, including one neural tissue isolate.
JOURNAL Microbios 71: 243-55 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sawyer TK; Staples DJ; Liu L; Tomasselli AG; Hui JO; O'Connell K; Schostarez H; Hester JB; Moon J; Howe WJ; et al
TITLE HIV protease (HIV PR) inhibitor structure-activity selectivity, and active site molecular modeling of high affinity Leu [CH(OH)CH2]Val modified viral and nonviral substrate analogs.
JOURNAL Int J Pept Protein Res 40: 274-81 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Scadden DT; Wang Z; Groopman JE
TITLE Quantitation of plasma human immunodeficiency virus type 1 RNA by competitive polymerase chain reaction.
JOURNAL J Infect Dis 165: 1119-24 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Schatzl H; Yakovleva L; Lapin B; Rose D; Inzhiia L; Gaedigk-Nitschko K; Deinhardt F; von der Helm K
TITLE Detection and characterization of T-cell leukemia virus-like proviral sequences in PBL and tissues of baboons by PCR.
JOURNAL Leukemia 6 Suppl 3: 158S-160S (1992)

REFERENCE
AUTHORS Schauer M; Billich A
TITLE The N-terminal region of HIV-1 integrase is required for integration activity, but not for DNA-binding.
JOURNAL Biochem Biophys Res Commun 185: 874-80 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Schellekens PT; Tersmette M; Roos MT; Keet RP; de Wolf F; Coutinho RA; Miedema F
TITLE Biphasic rate of CD4+ cell count decline during progression to AIDS correlates with HIV-1 phenotype [see comments]
JOURNAL AIDS 6: 665-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Schiller P; Geffin R; Voellmy R
TITLE Rapid complementation assay for anti HIV-1 drug screening and analysis of envelope protein function.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1723-31 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Schinazi RF; Chu CK; Peck A; McMillan A; Mathis R; Cannon D; Jeong LS; Beach JW; Choi WB; Yeola S; et al
TITLE Activities of the four optical isomers of 2',3'-dideoxy-3'-thiacytidine (BCH-189) against human immunodeficiency virus type 1 in human lymphocytes.
JOURNAL Antimicrob Agents Chemother 36: 672-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Schlienger K; Mancini M; Riviere Y; Dormont D; Tiollais P; Michel ML
TITLE Human immunodeficiency virus type 1 major neutralizing determinant exposed on hepatitis B surface antigen particles is highly immunogenic in primates.
JOURNAL J Virol 66: 2570-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Schneider T; Hildebrandt P; Rokos K; Schubert U; Ronspeck W; Grund C; Beck A; Blesken R; Kulins G; Oldenburg H; et al
TITLE Expression of nef, vpu, CA and CD4 during the infection of lymphoid and monocytic cell lines with HIV-1.
JOURNAL Arch Virol 125: 161-76 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Schnolzer M; Kent SB
TITLE Constructing proteins by dovetailing unprotected synthetic peptides: backbone-engineered HIV protease.
JOURNAL Science 256: 221-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Schockmel GA; Somoza C; Davis SJ; Williams AF; Healey D
TITLE Construction of a binding site for human immunodeficiency virus type 1 gp120 in rat CD4.
JOURNAL J Exp Med 175: 301-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Schramm HJ; Breipohl G; Hansen J; Henke S; Jaeger E; Meichsner C; Riess G; Ruppert D; Rucknagel KP; Schafer W; et al
TITLE Inhibition of HIV-1 protease by short peptides derived from the terminal segments of the protease.
JOURNAL Biochem Biophys Res Commun 184: 980-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Schreck R; Bevec D; Dukor P; Baeuerle PA; Chedid L; Bahr GM
TITLE Selection of a muramyl peptide based on its lack of activation of nuclear factor-kappa B as a potential adjuvant for AIDS vaccines.
JOURNAL Clin Exp Immunol 90: 188-93 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Schreck R; Grassmann R; Fleckenstein B; Baeuerle PA
TITLE Antioxidants selectively suppress activation of NF-kappa B by human T-cell leukemia virus type I Tax protein.
JOURNAL J Virol 66: 6288-93 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Schreck R; Meier B; Mannel DN; Droge W; Baeuerle PA
TITLE Dithiocarbamates as potent inhibitors of nuclear factor kappa B activation in intact cells.
JOURNAL J Exp Med 175: 1181-94 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Schroder HC; Suhadolnik RJ; Pfleiderer W; Charubala R; Muller WE
TITLE (2'-5')Oligoadenylate and intracellular immunity against retrovirus infection.
JOURNAL Int J Biochem 24: 55-63 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Schubert M; Joshi B; Blondel D; Harmison GG
TITLE Insertion of the human immunodeficiency virus CD4 receptor into the envelope of vesicular stomatitis virus particles.
JOURNAL J Virol 66: 1579-89 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Schubert U; Schneider T; Henklein P; Hoffmann K; Berthold E; Hauser H; Pauli G; Porstmann T
TITLE Human-immunodeficiency-virus-type-1-encoded Vpu protein is phosphorylated by casein kinase II.
JOURNAL Eur J Biochem 204: 875-83 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Schuitemaker H; Kootstra NA; Koppelman MH; Bruisten SM; Huisman HG; Tersmette M; Miedema F
TITLE Proliferation-dependent HIV-1 infection of monocytes occurs during differentiation into macrophages.
JOURNAL J Clin Invest 89: 1154-60 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Schulz TF; Jameson BA; Lopalco L; Siccardi AG; Weiss RA; Moore JP
TITLE Conserved structural features in the interaction between retroviral surface and transmembrane glycoproteins?
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1571-80 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Schwartz O; Arenzana-Seisdedos F; Heard JM; Danos O
TITLE Activation pathways and human immunodeficiency virus type 1 replication are not altered in CD4+ T cells expressing the nef protein.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 545-51 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Schwartz S; Campbell M; Nasioulas G; Harrison J; Felber BK; Pavlakis GN
TITLE Mutational inactivation of an inhibitory sequence in human immunodeficiency virus type 1 results in Rev-independent gag expression.
JOURNAL J Virol 66: 7176-82 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Schwartz S; Felber BK; Pavlakis GN
TITLE Distinct RNA sequences in the gag region of human immunodeficiency virus type 1 decrease RNA stability and inhibit expression in the absence of Rev protein.
JOURNAL J Virol 66: 150-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Schwartz S; Felber BK; Pavlakis GN
TITLE Mechanism of translation of monocistronic and multicistronic human immunodeficiency virus type 1 mRNAs.
JOURNAL Mol Cell Biol 12: 207-19 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sczakiel G; Oppenlander M; Rittner K; Pawlita M
TITLE Tat- and Rev-directed antisense RNA expression inhibits and abolishes replication of human immunodeficiency virus type 1: a temporal analysis.
JOURNAL J Virol 66: 5576-81 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Seligman SJ
TITLE Vaccination with gp160 in HIV [letter]
JOURNAL N Engl J Med 326: 347; discussion 348 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Semmel M; Alileche A; Coulaud D; Aguilar J; Krief P; Jasmin C
TITLE Inhibition of human immunodeficiency virus (HIV) type 1 multiplication by an avian cellular factor.
JOURNAL Arch Virol 123: 309-21 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Semmel M; Macho A; Morozov V; Coulaud D; Alileche A; Plaisance S; Aguilar J; Jasmin C
TITLE Replication of human immunodeficiency virus in HL-60 cells.
JOURNAL Res Virol 143: 249-58 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Semmes OJ; Jeang KT
TITLE Mutational analysis of human T-cell leukemia virus type I Tax: regions necessary for function determined with 47 mutant proteins.
JOURNAL J Virol 66: 7183-92 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Semmes OJ; Jeang KT
TITLE HTLV-I Tax is a zinc-binding protein: role of zinc in Tax structure and function.
JOURNAL Virology 188: 754-64 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Serpente N; Sitbon M; Vaquero C
TITLE Suboptimal and optimal activation signals modulate differently the expression of HIV-1 and cytokine genes.
JOURNAL Biochem Biophys Res Commun 182: 1172-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Seshamma T; Bagasra O; Oakes JW; Pomerantz RJ
TITLE A quantitative reverse transcriptase-polymerase chain reaction for HIV-1-specific RNA species.
JOURNAL J Virol Methods 40: 331-45 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Seshamma T; Bagasra O; Trono D; Baltimore D; Pomerantz RJ
TITLE Blocked early-stage latency in the peripheral blood cells of certain individuals infected with human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 10663-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sesma P; Esteban J; Gegundez MI; Manrique A; Espinosa P; Fernandez-Guerrero ML
TITLE [Isolation of Mycobacterium tuberculosis with primary resistance to chemotherapeutic agents in patients with HIV infection]
JOURNAL Enferm Infecc Microbiol Clin 10: 416-20 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Setoyama M; Katahira Y; Hamada T; Tashiro M; Yashiki S; Tanaka Y; Tozawa H; Sonoda S
TITLE Expression of human T-cell lymphotropic virus type-1 gene products in the short-term cultured skin tissues of an adult T-cell leukemia/lymphoma patient with cutaneous manifestations.
JOURNAL J Dermatol 19: 133-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Seydel JK; Schaper KJ; Rusch-Gerdes S
TITLE Development of effective drug combinations for the inhibition of multiply resistant mycobacteria, especially of the Mycobacterium avium complex.
JOURNAL Chemotherapy 38: 159-68 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Shahabuddin M; Volsky B; Kim H; Sakai K; Volsky DJ
TITLE Regulated expression of human immunodeficiency virus type 1 in human glial cells: induction of dormant virus.
JOURNAL Pathobiology 60: 195-205 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Shaharabany M; Hizi A
TITLE The catalytic functions of chimeric reverse transcriptases of human immunodeficiency viruses type 1 and type 2.
JOURNAL J Biol Chem 267: 3674-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Shankarappa B; Balachandran R; Gupta P; Ehrlich GD
TITLE Introduction of multiple restriction enzyme sites by in vitro mutagenesis using the polymerase chain reaction.
JOURNAL PCR Methods Appl 1: 277-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sharma DP; Zink MC; Anderson M; Adams R; Clements JE; Joag SV; Narayan O
TITLE Derivation of neurotropic simian immunodeficiency virus from exclusively lymphocytetropic parental virus: pathogenesis of infection in macaques.
JOURNAL J Virol 66: 3550-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sharpless N; Gilbert D; Vandercam B; Zhou JM; Verdin E; Ronnett G; Friedman E; Dubois-Dalcq M
TITLE The restricted nature of HIV-1 tropism for cultured neural cells.
JOURNAL Virology 191: 813-25 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sharpless NE; O'Brien WA; Verdin E; Kufta CV; Chen IS; Dubois-Dalcq M
TITLE Human immunodeficiency virus type 1 tropism for brain microglial cells is determined by a region of the env glycoprotein that also controls macrophage tropism.
JOURNAL J Virol 66: 2588-93 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Shepherd AJ; Barr P; Lewin CS
TITLE The effect of thymidine on the antibacterial and antiviral activity of zidovudine.
JOURNAL J Pharm Pharmacol 44: 704-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Shepherd AJ; Boyd JE; Hogg CL; Aw D; James K
TITLE Susceptibility of human monoclonal antibody-producing B cell lines to infection by human immunodeficiency virus.
JOURNAL Hum Antibodies Hybridomas 3: 168-76 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sher A; Gazzinelli RT; Oswald IP; Clerici M; Kullberg M; Pearce EJ; Berzofsky JA; Mosmann TR; James SL; Morse HC 3d
TITLE Role of T-cell derived cytokines in the downregulation of immune responses in parasitic and retroviral infection.
JOURNAL Immunol Rev 127: 183-204 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sheremata WA; Berger JR; Harrington WJ Jr; Ayyar DR; Stafford M; DeFreitas E
TITLE Human T lymphotropic virus type I-associated myelopathy. A report of 10 patients born in the United States.
JOURNAL Arch Neurol 49: 1113-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sherman MP; Ehrlich GD; Ferrer JF; Sninsky JJ; Zandomeni R; Dock NL; Poiesz B
TITLE Amplification and analysis of specific DNA and RNA sequences of bovine leukemia virus from infected cows by polymerase chain reaction.
JOURNAL J Clin Microbiol 30: 185-91 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sherman MP; Saksena NK; Dube DK; Yanagihara R; Poiesz BJ
TITLE Evolutionary insights on the origin of human T-cell lymphoma/leukemia virus type I (HTLV-I) derived from sequence analysis of a new HTLV-I variant from Papua New Guinea.
JOURNAL J Virol 66: 2556-63 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sherman PA; Dickson ML; Fyfe JA
TITLE Human immunodeficiency virus type 1 integration protein: DNA sequence requirements for cleaving and joining reactions.
JOURNAL J Virol 66: 3593-601 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Shibata R; Adachi A
TITLE SIV/HIV recombinants and their use in studying biological properties.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 403-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Shibuya H; Irie K; Ninomiya-Tsuji J; Goebl M; Taniguchi T; Matsumoto K
TITLE New human gene encoding a positive modulator of HIV Tat-mediated transactivation.
JOURNAL Nature 357: 700-2 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Shimizu H; Hasebe F; Tsuchie H; Morikawa S; Ushijima H; Kitamura T
TITLE Analysis of a human immunodeficiency virus type 1 isolate carrying a truncated transmembrane glycoprotein.
JOURNAL Virology 189: 534-46 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Shimizu N; Takeuchi Y; Naruse T; Inagaki M; Moriyama E; Gojobori T; Hoshino H
TITLE Six strains of human immunodeficiency virus type 1 isolated in Japan and their molecular phylogeny.
JOURNAL J Mol Evol 35: 329-36 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Shioda T; Levy JA; Cheng-Mayer C
TITLE Small amino acid changes in the V3 hypervariable region of gp120 can affect the T-cell-line and macrophage tropism of human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 9434-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Shirai M; Pendleton CD; Berzofsky JA
TITLE Broad recognition of cytotoxic T cell epitopes from the HIV-1 envelope protein with multiple class I histocompatibility molecules.
JOURNAL J Immunol 148: 1657-67 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Shiramizu B; Herndier B; Meeker T; Kaplan L; McGrath M
TITLE Molecular and immunophenotypic characterization of AIDS-associated, Epstein-Barr virus-negative, polyclonal lymphoma.
JOURNAL J Clin Oncol 10: 383-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Shirazi Y; Pitha PM
TITLE Alpha interferon inhibits early stages of the human immunodeficiency virus type 1 replication cycle.
JOURNAL J Virol 66: 1321-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Siddiqui MA; Driscoll JS; Marquez VE; Roth JS; Shirasaka T; Mitsuya H; Barchi JJ Jr; Kelley JA
TITLE Chemistry and anti-HIV properties of 2'-fluoro-2',3'-dideoxyarabinofuranosylpyrimidines.
JOURNAL J Med Chem 35: 2195-201 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Siderovski DP; Matsuyama T; Frigerio E; Chui S; Min X; Erfle H; Sumner-Smith M; Barnett RW; Mak TW
TITLE Random mutagenesis of the human immunodeficiency virus type 1 trans-activator of transcription (HIV-1 Tat).
JOURNAL Nucleic Acids Res 20: 5311-20 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Siegel F; Norley S; Hartung S; Kurth R
TITLE B-cell epitope mapping of the entire SIVagm envelope glycoprotein including fine mapping of immunogenic regions.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 583-90 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sinclair E; Scaravilli F
TITLE Detection of HIV proviral DNA in cortex and white matter of AIDS brains by non-isotopic polymerase chain reaction: correlation with diffuse poliodystrophy.
JOURNAL AIDS 6: 925-32 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Singh MK; Pauza CD
TITLE Extrachromosomal human immunodeficiency virus type 1 sequences are methylated in latently infected U937 cells.
JOURNAL Virology 188: 451-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sisk WP; Bradley JD; Kingsley D; Patterson TA
TITLE Deletion of hydrophobic domains of viral glycoproteins increases the level of their production in Escherichia coli.
JOURNAL Gene 112: 157-62 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Skoog MT; Hargrave KD; Miglietta JJ; Kopp EB; Merluzzi VJ
TITLE Inhibition of HIV-1 reverse transcriptase and virus replication by a non-nucleoside dipyridodiazepinone BI-RG-587 (Nevirapine).
JOURNAL Med Res Rev 12: 27-40 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Skowron G
TITLE Treatment of HIV infection: the antiretroviral nucleoside analogues. Nucleoside analogues: monotherapy.
JOURNAL Hosp Pract (Off Ed) 27 Suppl 2: 5-13 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Slepushkin VA; Andreev SM; Sidorova MV; Melikyan GB; Grigoriev VB; Chumakov VM; Grinfeldt AE; Manukyan RA; Karamov EV
TITLE Investigation of human immunodeficiency virus fusion peptides. Analysis of interrelations between their structure and function.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 9-18 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Slice LW; Codner E; Antelman D; Holly M; Wegrzynski B; Wang J; Toome V; Hsu MC; Nalin CM
TITLE Characterization of recombinant HIV-1 Tat and its interaction with TAR RNA.
JOURNAL Biochemistry 31: 12062-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Smith J; Azad A; Deacon N
TITLE Identification of two novel human immunodeficiency virus type 1 splice acceptor sites in infected T cell lines.
JOURNAL J Gen Virol 73 (Pt 7): 1825-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Smith JS; Roth MJ
TITLE Specificity of human immunodeficiency virus-1 reverse transcriptase-associated ribonuclease H in removal of the minus-strand primer, tRNA(Lys3).
JOURNAL J Biol Chem 267: 15071-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Smith MR; Greene WC
TITLE Characterization of a novel nuclear localization signal in the HTLV-I tax transactivator protein.
JOURNAL Virology 187: 316-20 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Smithe JA; Reitz MS
TITLE Points to ponder on the function of Nef.
JOURNAL Res Virol 143: 47-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Snider DE Jr; Roper WL
TITLE The new tuberculosis [editorial; comment]
JOURNAL N Engl J Med 326: 703-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sodroski J
TITLE The human T-cell leukemia virus (HTLV) transactivator (Tax) protein.
JOURNAL Biochim Biophys Acta 1114: 19-29 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Soeiro R; Rubinstein A; Rashbaum WK; Lyman WD
TITLE Maternofetal transmission of AIDS: frequency of human immunodeficiency virus type 1 nucleic acid sequences in human fetal DNA.
JOURNAL J Infect Dis 166: 699-703 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Song Q; Yang G; Goff SP; Prasad VR
TITLE Mutagenesis of the Glu-89 residue in human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) and HIV-2 reverse transcriptases: effects on nucleoside analog resistance.
JOURNAL J Virol 66: 7568-71 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sonoda S
TITLE [Immune response to HTLV-I infection]
JOURNAL Uirusu 42: 29-39 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sorachi K; Sugie K; Maekawa N; Takami M; Kawabe T; Kumagai S; Imura H; Yodoi J
TITLE Induction and function of Fc epsilon RII on YT cells; possible role of ADF/thioredoxin in Fc epsilon RII expression.
JOURNAL Immunobiology 185: 193-206 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sperber SJ; Gocke DJ; Haberzettl C; Kuk R; Schwartz B; Pestka S
TITLE Anti-HIV-1 activity of recombinant and hybrid species of interferon-alpha.
JOURNAL J Interferon Res 12: 363-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Spiegel H; Herbst H; Niedobitek G; Foss HD; Stein H
TITLE Follicular dendritic cells are a major reservoir for human immunodeficiency virus type 1 in lymphoid tissues facilitating infection of CD4+ T-helper cells.
JOURNAL Am J Pathol 140: 15-22 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Srinivas SK; Srinivas RV; Anantharamaiah GM; Segrest JP; Compans RW
TITLE Membrane interactions of synthetic peptides corresponding to amphipathic helical segments of the human immunodeficiency virus type-1 envelope glycoprotein.
JOURNAL J Biol Chem 267: 7121-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Srivastava BI; Banki K; Perl A
TITLE Human T-cell leukemia virus type I or a related retrovirus in patients with mycosis fungoides/Sezary syndrome and Kaposi's sarcoma.
JOURNAL Cancer Res 52: 4391-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Staal FJ; Roederer M; Bubp J; Mole LA; Anderson MT; Raju PA; Israelski DM; Deresinski SC; Moore WA; Herzenberg LA; et al
TITLE CD20 expression is increased on B lymphocytes from HIV-infected individuals.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 627-32 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Stahl-Hennig C; Voss G; Nick S; Petry H; Fuchs D; Wachter H; Coulibaly C; Luke W; Hunsmann G
TITLE Immunization with tween-ether-treated SIV adsorbed onto aluminum hydroxide protects monkeys against experimental SIV infection.
JOURNAL Virology 186: 588-96 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Stammers DK; Ross CK; Idriss H; Lowe DM
TITLE Formation of heterodimers of human-immunodeficiency-virus-type-1 reverse transcriptase by recombination of separately purified subunits.
JOURNAL Eur J Biochem 206: 437-40 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Steffy KR; Kraus G; Looney DJ; Wong-Staal F
TITLE Role of the fusogenic peptide sequence in syncytium induction and infectivity of human immunodeficiency virus type 2.
JOURNAL J Virol 66: 4532-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Steimer KS; Haigwood NL
TITLE Immunization of primates with native, recombinant HIV-SF2 gp120 generates broadly effective neutralizing antibodies directed to conformational epitopes.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1391 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Stellrecht KA; Sperber K; Pogo BG
TITLE Activation of the human immunodeficiency virus type 1 long terminal repeat by vaccinia virus.
JOURNAL J Virol 66: 2051-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Steuler H; Munzinger S; Wildemann B; Storch-Hagenlocher B
TITLE Quantitation of HIV-1 proviral DNA in cells from cerebrospinal fluid.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 405-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Steuler H; Storch-Hagenlocher B; Wildemann B
TITLE Distinct populations of human immunodeficiency virus type 1 in blood and cerebrospinal fluid.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 53-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Stoeckle MY; Douglas RG Jr
TITLE Infectious diseases.
JOURNAL JAMA 268: 366-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Streckert HJ; Werchau H
TITLE Epitopes at the proteolytic cleavage sites of HIV-1-gp120 and RSV-F protein share a sequence homology: comparative studies with virus-induced and antipeptide antibodies.
JOURNAL Intervirology 34: 30-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Stuber G; Modrow S; Hoglund P; Franksson L; Elvin J; Wolf H; Karre K; Klein G
TITLE Assessment of major histocompatibility complex class I interaction with Epstein-Barr virus and human immunodeficiency virus peptides by elevation of membrane H-2 and HLA in peptide loading-deficient cells.
JOURNAL Eur J Immunol 22: 2697-703 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Stura EA; Stanfield RL; Fieser GG; Silver S; Roguska M; Hincapie LM; Simmerman HK; Profy AT; Wilson IA
TITLE Crystallization, sequence, and preliminary crystallographic data for an antipeptide Fab 50.1 and peptide complexes with the principal neutralizing determinant of HIV-1 gp120.
JOURNAL Proteins 14: 499-508 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sturzl M; Roth WK; Brockmeyer NH; Zietz C; Speiser B; Hofschneider PH
TITLE Expression of platelet-derived growth factor and its receptor in AIDS-related Kaposi sarcoma in vivo suggests paracrine and autocrine mechanisms of tumor maintenance.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 7046-50 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Subler MA; Martin DW; Deb S
TITLE Inhibition of viral and cellular promoters by human wild-type p53.
JOURNAL J Virol 66: 4757-62 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Subramanian T; Chinnadurai G
TITLE A high-level expression vector for human cells.
JOURNAL Gene 120: 287-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sudarsanam S; Virca GD; March CJ; Srinivasan S
TITLE An approach to computer-aided inhibitor design: application to cathepsin L.
JOURNAL J Comput Aided Mol Des 6: 223-33 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sugiura K; Oyaizu N; Pahwa R; Kalyanaraman VS; Pahwa S
TITLE Effect of human immunodeficiency virus-1 envelope glycoprotein on in vitro hematopoiesis of umbilical cord blood.
JOURNAL Blood 80: 1463-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sugrue RJ; Wilderspin AF
TITLE Expression of simian immunodeficiency virus (SIVmac) proteinase in E. coli.
JOURNAL Biochem Soc Trans 20: 161S (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sullivan SM; Gieseler RK; Lenzner S; Ruppert J; Gabrysiak TG; Peters JH; Cox G; Richer L; Martin WJ; Scolaro MJ
TITLE Inhibition of human immunodeficiency virus-1 proliferation by liposome-encapsulated sense DNA to the 5' tat splice acceptor site.
JOURNAL Antisense Res Dev 2: 187-97 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Surovoy A; Waidelich D; Jung G
TITLE Nucleocapsid protein of HIV-1 and its Zn^{2+} complex formation analysis with electrospray mass spectrometry.
JOURNAL FEBS Lett 311: 259-62 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Susal C; Lewin IV; Stanworth DR; Ternesz P; Daniel V; Oberg HH; Huth-Kuhne A; Zimmermann R; Opelz G
TITLE Anti-IgG autoantibodies in HIV-infected hemophilia patients.
JOURNAL Vox Sang 62: 224-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Sutor GC; Dreikhausen U; Vahning U; Jurkiewicz E; Hunsmann G; Lundin K; Schedel I
TITLE Neutralization of HIV-1 by anti-idiotypes to monoclonal anti-CD4. Potential for idiotype immunization against HIV.
JOURNAL J Immunol 149: 1452-61 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Suzuki K; Okamoto N; Watanabe S; Kano T
TITLE Chemiluminescent microtiter method for detecting PCR amplified HIV-1 DNA.
JOURNAL J Virol Methods 38: 113-22 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Suzuki YJ; Aggarwal BB; Packer L
TITLE Alpha-lipoic acid is a potent inhibitor of NF-kappa B activation in human T cells.
JOURNAL Biochem Biophys Res Commun 189: 1709-15 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Svenningsson A; Lycke J; Svennerholm B; Gronowitz S; Andersen O
TITLE No evidence for spumavirus or oncovirus infection in relapsing-remitting multiple sclerosis.
JOURNAL Ann Neurol 32: 711-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Swaffield JC; Bromberg JF; Johnston SA
TITLE Alterations in a yeast protein resembl.ng HIV Tat-binding protein relieve requirement for an acidic activation domain in GAL4.
JOURNAL Nature 357: 698-700 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Swaffield JC; Bromberg JF; Johnston SA
TITLE Alterations in a yeast protein resembling Hiv Tat-binding protein relieve requirement for an acidic activation domain in GAL4.
JOURNAL Nature 360: 768 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Swingler S; Easton A; Morris A
TITLE Cytokine augmentation of HIV-1 LTR-driven gene expression in neural cells.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 487-93 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Szabo G Jr; Pine PS; Weaver JL; Rao PE; Aszalos A
TITLE CD4 changes conformation upon ligand binding.
JOURNAL J Immunol 149: 3596-604 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Szilvay AM; Nornes S; Haugan IR; Olsen L; Prasad VR; Endresen C; Goff SP; Helland DE
TITLE Epitope mapping of HIV-1 reverse transcriptase with monoclonal antibodies that inhibit polymerase and RNase H activities.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 647-57 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Szostecki C; Will H; Netter HJ; Guldner HH
TITLE Autoantibodies to the nuclear Sp100 protein in primary biliary cirrhosis and associated diseases: epitope specificity and immunoglobulin class distribution.
JOURNAL Scand J Immunol 36: 555-64 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tabary T; Ju LY; Cohen JH
TITLE Homogeneous phase pyrophosphate (PPi) measurement (H3PIM). A non-radioactive, quantitative detection system for nucleic a id specific hybridization methodologies including gene amplification.
JOURNAL J Immunol Methods 156: 55-60 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tahtinen M; Gombert F; Hyytinen ER; Jung G; Ranki A; Krohn KJ
TITLE Fine specificity of the B-cell epitopes recognized in HIV-1 NEF by human sera.
JOURNAL Virology 187: 156-64 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Takahashi H; Nakagawa Y; Pendleton CD; Houghten RA; Yokomuro K; Germain RN; Berzofsky JA
TITLE Induction of broadly cross-reactive cytotoxic T cells recognizing an HIV-1 envelope determinant.
JOURNAL Science 255: 333-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tam TF; Carriere J; MacDonald D; Castelhano AL; Pliura DH; Dewdney NJ; Thomas EM; Bach C; Barnett J; Chan H; et al
TITLE Intriguing structure-activity relations underlie the potent inhibition of HIV protease by norstatine-based peptides.
JOURNAL J Med Chem 35: 1318-20 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tan GT; Wickramasinghe A; Verma S; Singh R; Hughes SH; Pezzuto JM; Baba M; Mohan P
TITLE Potential anti-AIDS naphthalenesulfonic acid derivatives. Synthesis and inhibition of HIV-1 induced cytopathogenesis and HIV-1 and HIV-2 reverse transcriptase activities.
JOURNAL J Med Chem 35: 4846-53 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tan R; Frankel AD
TITLE Circular dichroism studies suggest that TAR RNA changes conformation upon specific binding of arginine or guanidine.
JOURNAL Biochemistry 31: 10288-94 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tanaka H; Takashima H; Ubasawa M; Sekiya K; Nitta I; Baba M; Shigeta S; Walker RT; De Clercq E; Miyasaka T
TITLE Structure-activity relationships of 1-[(2-hydroxyethoxy)methyl]-6-(phenylthio)thymine analogues: effect of substitutions at the C-6 phenyl ring and at the C-5 position on anti-HIV-1 activity.
JOURNAL J Med Chem 35: 337-45 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tanaka H; Takashima H; Ubasawa M; Sekiya K; Nitta I; Baba M; Shigeta S; Walker RT; De Clercq E; Miyasaka T
TITLE Synthesis and antiviral activity of deoxy analogs of 1-[(2-hydroxyethoxy)methyl]-6-(phenylthio)thymine (HEPT) as potent and selective anti-HIV-1 agents.
JOURNAL J Med Chem 35: 4713-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tanaka KE; Hatch WC; Kress Y; Soeiro R; Calvelli T; Rashbaum WK; Rubinstein A; Lyman WD
TITLE HIV-1 infection of human fetal thymocytes.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 5: 94-101 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tanaka N; Saitoh A; Nakata A; Shinagawa H
TITLE A simple method for overproduction and purification of p24 Gag protein of human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL Microbiol Immunol 36: 823-31 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tanaka Y; Masuda M; Yoshida A; Shida H; Nyunoya H; Shimotohno K; Tozawa H
TITLE An antigenic structure of the trans-activator protein encoded by human T-cell leukemia virus type-I (HTLV-I), as defined by a panel of monoclonal antibodies.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 227-35 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tang S; Poulin L; Levy JA
TITLE Lack of human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) replication and accumulation of viral DNA in HIV-1-infected T cells blocked in cell replication.
JOURNAL J Gen Virol 73 (Pt 4): 933-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tao J; Frankel AD
TITLE Specific binding of arginine to TAR RNA.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 2723-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Taraporewala IB; Cessac JW; Chanh TC; Delgado AV; Schinazi RF
TITLE HIV-1 neutralization and tumor cell proliferation inhibition in vitro by simplified analogues of pyrido[4,3,2-mn]thiazolo[5,4-b]acridine marine alkaloids.
JOURNAL J Med Chem 35: 2744-52 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tartaglia J; Cox WI; Taylor J; Perkus M; Riviere M; Meignier B; Paoletti E
TITLE Highly attenuated poxvirus vectors.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1445-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Taveira NC; Ferreira MO; Pereira JM
TITLE Detection of HIV1 proviral DNA by PCR and hybridization with digoxigenin labelled probes.
JOURNAL Mol Cell Probes 6: 265-70 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Taylor JP; Cupp C; Diaz A; Chowdhury M; Khalili K; Jimenez SA; Amini S
TITLE Activation of expression of genes coding for extracellular matrix proteins in Tat-producing glioblastoma cells.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 9617-21 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Taylor JP; Pomerantz R; Bagasra O; Chowdhury M; Rappaport J; Khalili K; Amini S
TITLE TAR-independent transactivation by Tat in cells derived from the CNS: a novel mechanism of HIV-1 gene regulation.
JOURNAL EMBO J 11: 3395-403 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Taylor NR; Kaplan BE; Swiderski P; Li H; Rossi JJ
TITLE Chimeric DNA-RNA hammerhead ribozymes have enhanced in vitro catalytic efficiency and increased stability in vivo.
JOURNAL Nucleic Acids Res 20: 4559-65 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Teglbjaerg LL; Nielsen C; Hansen JE
TITLE Sensitive non-radioactive detection of HIV-1: use of nested primers for the amplification of HIV DNA.
JOURNAL Mol Cell Probes 6: 175-80 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Telenti A; Imboden P; Germann D
TITLE Competitive polymerase chain reaction using an internal standard: application to the quantitation of viral DNA.
JOURNAL J Virol Methods 39: 259-68 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Thali M; Furman C; Helseth E; Repke H; Sodroski J
TITLE Lack of correlation between soluble CD4-induced shedding of the human immunodeficiency virus type 1 exterior envelope glycoprotein and subsequent membrane fusion events.
JOURNAL J Virol 66: 5516-24 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Thompson L
TITLE At age 2, gene therapy enters a growth phase [news]
JOURNAL Science 258: 744-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tiley LS; Cullen BR
TITLE Structural and functional analysis of the visna virus Rev-response element.
JOURNAL J Virol 66: 3609-15 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tiley LS; Madore SJ; Malim MH; Cullen BR
TITLE The VP16 transcription activation domain is functional when targeted to a promoter-proximal RNA sequence.
JOURNAL Genes Dev 6: 2077-87 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tiley LS; Malim MH; Tewary HK; Stockley PG; Cullen BR
TITLE Identification of a high-affinity RNA-binding site for the human immunodeficiency virus type 1 Rev protein.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 758-62 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Titti F; Borsetti A; Federico M; Testa U; Meccia E; Samoggia P; Peschle C; Verani P; Rossi GB
TITLE Extrachromosomal human immunodeficiency virus type 1 DNA forms in fresh peripheral blood lymphocytes and in two interleukin-2-independent T cell lines derived from peripheral blood lymphocytes of an asymptomatic seropositive subject.
JOURNAL J Gen Virol 73 (Pt 12): 3087-97 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tokars JI; Jarvis WR; Edlin BR; Dooley SW; Grieco MH; Gilligan ME; Schneider N; Montonez M; Williams J
TITLE Tuberculin skin testing of hospital employees during an outbreak of multidrug-resistant tuberculosis in human immunodeficiency virus (HIV)-infected patients [letter]
JOURNAL Infect Control Hosp Epidemiol 13: 509-10 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tokioka T; Shimamoto Y; Funai N; Nagumo F; Motoyoshi K; Tadano J; Yamaguchi M
TITLE Coexistence of acute monoblastic leukemia and adult T-cell leukemia: possible association with HTLV-I infection in both cases?
JOURNAL Leuk Lymphoma 8: 147-55 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tomasselli AG; Bannow CA; Deibel MR Jr; Hui JO; Zurcher-Neely HA; Reardon IM; Smith CW; Heinrikson RL
TITLE Chemical synthesis of a biotinylated derivative of the simian immunodeficiency virus protease. Purification by avidin affinity chromatography and autocatalytic activation.
JOURNAL J Biol Chem 267: 10232-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tomaszek TA Jr; Moore ML; Strickler JE; Sanchez RL; Dixon JS; Metcalf BW; Hassell A; Dreyer GB; Brooks I; Debouck C; et al
TITLE Proteolysis of an active site peptide of lactate dehydrogenase by human immunodeficiency virus type 1 protease.
JOURNAL Biochemistry 31: 10153-68 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tornatore C; Berger JR; Houff SA; Curfman B; Meyers K; Winfield D; Major EO
TITLE Detection of JC virus DNA in peripheral lymphocytes from patients with and without progressive multifocal leukoencephalopathy.
JOURNAL Ann Neurol 31: 454-62 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Toukairin T; Uchino K; Mizuno T; Nakashima H; Yamamoto N; Ogawara H
TITLE New substances against human immunodeficiency virus: sulfated 5'-nucleotidase inhibitory polyphenols.
JOURNAL Chem Pharm Bull (Tokyo) 40: 802-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Touraine JL; Sanhadji K; Benard I
TITLE Phorbol ester induces down-regulation of CD4 molecule expression and resistance to in vitro infection by HIV1.
JOURNAL Thymus 20: 239-48 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Townsend RM; Simon P
TITLE The preferential expansion of functional CD4+ lymphocyte populations in vitro.
JOURNAL J Immunother 12: 256-64 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Toyama R; Bende SM; Dhar R
TITLE Transcriptional activity of the human immunodeficiency virus-1 LTR promoter in fission yeast Schizosaccharomyces pombe.
JOURNAL Nucleic Acids Res 20: 2591-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tozser J; Weber IT; Gustchina A; Blaha I; Copeland TD; Louis JM; Oroszlan S
TITLE Kinetic and modeling studies of S3-S3' subsites of HIV proteinases.
JOURNAL Biochemistry 31: 4793-800 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Trabandt A; Gay RE; Gay S
TITLE Oncogene activation in rheumatoid synovium.
JOURNAL APMIS 100: 861-75 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tramontano E; Cheng YC
TITLE HIV-1 reverse transcriptase inhibition by a dipyridodiazepinone derivative: BI-RG-587.
JOURNAL Biochem Pharmacol 43: 1371-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Travis BM; Dykers TI; Hewgill D; Ledbetter J; Tsu TT; Hu SL; Lewis JB
TITLE Functional roles of the V3 hypervariable region of HIV-1 gp160 in the processing of gp160 and in the formation of syncytia in CD4+ cells.
JOURNAL Virology 186: 313-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tremblay M; Rooke R; Wainberg MA
TITLE Zidovudine-resistant and -sensitive HIV-1 isolates from patients on drug therapy: in vitro studies evaluating level of replication-competent viruses and cytopathogenicity.
JOURNAL AIDS 6: 1445-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Triolet J; Thiery C; Agnel JP; Battesti C; Raffi J; Vincent P
TITLE ESR spin trapping analysis of gamma induced radicals in sucrose: II.
JOURNAL Free Radic Res Commun 16: 183-96 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tripathy SP; Kumar A; Manivel V; Panda SK; Rao KV
TITLE Design and synthesis of a self-assembling peptide derived from the envelope proteins of HIV type 1. An approach to heterovalent immunogens.
JOURNAL J Immunol 148: 4012-20 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tristem M; Marshall C; Karpas A; Hill F
TITLE Evolution of the primate lentiviruses: evidence from vpx and vpr.
JOURNAL EMBO J 11: 3405-12 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Trono D
TITLE Partial reverse transcripts in virions from human immunodeficiency and murine leukemia viruses.
JOURNAL J Virol 66: 4893-900 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tropsha A; Hermans J
TITLE Application of free energy simulations to the binding of a transition-state-analogue inhibitor to HIV protease.
JOURNAL Protein Eng 5: 29-33 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tsatsanis C; Tsiriyotis C; Spandidos DA
TITLE Hexamethylene bisacetamide and cis-platin stimulate the expression from the HIV-1 long terminal repeat sequence in human MCF-7 cells.
JOURNAL In Vivo 6: 145-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tsuda H; Sawada T; Sakata KM; Takatsuki K
TITLE Possible mechanisms for the elevation of serum beta 2-microglobulin levels in adult T-cell leukemia.
JOURNAL Int J Hematol 55: 179-87 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tsui P; Sweet RW; Sathe G; Rosenberg M
TITLE An efficient phage plaque screen for the random mutational analysis of the interaction of HIV-1 gp120 with human CD4.
JOURNAL J Biol Chem 267: 9361-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tsuji M; Kobashi A; Hashimoto K; Tako H; Ikeda H; Fukushima Y; Terada N
TITLE A case of adult T-cell leukemia/lymphoma, histologically presenting CD30-positive large cell lymphoma.
JOURNAL Acta Pathol Jpn 42: 512-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tsunetsugu-Yokota Y; Matsuda S; Maekawa M; Saito T; Takemori T; Takebe Y
TITLE Constitutive expression of the nef gene suppresses human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) replication in monocytic cell lines.
JOURNAL Virology 191: 960-3 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tucker TJ; Lumma WC Jr; Payne LS; Wai JM; de Solms SJ; Giuliani EA; Darke PL; Heimbach JC; Zugay JA; Schleif WA; et al
TITLE A series of potent HIV-1 protease inhibitors containing a hydroxyethyl secondary amine transition state isostere: synthesis, enzyme inhibition, and antiviral activity.
JOURNAL J Med Chem 35: 2526-33 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tudor-Williams G; St Clair MH; McKinney RE; Maha M; Walter E; Santacroce S; Mintz M; O'Donnell K; Rudoll T; Vavro CL; et al
TITLE HIV-1 sensitivity to zidovudine and clinical outcome in children.
JOURNAL Lancet 339: 15-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tuerk C; MacDougal S; Gold L
TITLE RNA pseudoknots that inhibit human immunodeficiency virus type 1 reverse transcriptase.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 6988-92 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tuke PW; Luton P; Garson JA
TITLE Differential diagnosis of HTLV-I and HTLV-II infections by restriction enzyme analysis of 'nested' PCR products.
JOURNAL J Virol Methods 40: 163-73 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Turner S; Tizard R; DeMarinis J; Pepinsky RB; Zullo J; Schooley R; Fisher R
TITLE Resistance of primary isolates of human immunodeficiency virus type 1 to neutralization by soluble CD4 is not due to lower affinity with the viral envelope glycoprotein gp120.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 1335-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Turpin JA; Vargo M; Meltzer MS
TITLE Enhanced HIV-1 replication in retinoid-treated monocytes. Retinoid effects mediated through mechanisms related to cell differentiation and to a direct transcriptional action on viral gene expression.
JOURNAL J Immunol 148: 2539-46 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tyagi SC
TITLE Inhibitors of human immunodeficiency virus-1 protease.
JOURNAL Biochem Cell Biol 70: 309-15 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Tyagi SC; Carter CA
TITLE Continuous assay of the hydrolytic activity of human immunodeficiency virus-1 protease.
JOURNAL Anal Biochem 200: 143-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Uchiumi F; Semba K; Yamanashi Y; Fujisawa J; Yoshida M; Inoue K; Toyoshima K; Yamamoto T
TITLE Characterization of the promoter region of the src family gene lyn and its trans activation by human T-cell leukemia virus type I-encoded p40tax.
JOURNAL Mol Cell Biol 12: 3784-95 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ugen KE; Goedert JJ; Boyer J; Refaeli Y; Frank I; Williams WV; Willoughby A; Landesman S; Mendez H; Rubinstein A; et al
TITLE Vertical transmission of human immunodeficiency virus (HIV) infection. Reactivity of maternal sera with glycoprotein 120 and 41 peptides from HIV type 1.
JOURNAL J Clin Invest 89: 1923-30 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ugen KE; McCallus DE; Von Feldt JM; Williams WV; Greene MI; Weiner DB
TITLE Ocular tissue involvement in HIV infection: immunological and pathological aspects.
JOURNAL Immunol Res 11: 141-53 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ulrich R; Borisova GP; Gren E; Berzin I; Pumpen P; Eckert R; Ose V; Siakkou H; Gren EJ; von Baehr R; et al
TITLE Immunogenicity of recombinant core particles of hepatitis B virus containing epitopes of human immunodeficiency virus 1 core antigen.
JOURNAL Arch Virol 126: 321-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Umemiya-Okada T; Natazuka T; Matsui T; Ito M; Taniguchi T; Nakao Y
TITLE Expression and regulation of the leukemia inhibitory factor/D factor gene in human T-cell leukemia virus type 1 infected T-cell lines.
JOURNAL Cancer Res 52: 6961-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Undritsov IM; Khabakhpasheva NA; Trofimov DIu; Alekssev LP; Khaitov RM
TITLE [The choice of primers for polymerase amplification in the diagnosis of HIV infection]
JOURNAL Vestn Ross Akad Med Nauk 100: 25-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Unger RE; Marthas ML; Lackner AA; Pratt-Lowe E; Lohman BL; Van Rompay K; Luciw PA
TITLE Detection of simian immunodeficiency virus DNA in macrophages from infected rhesus macaques.
JOURNAL J Med Primatol 21: 74-81 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Unger RE; Marthas ML; Pratt-Lowe E; Padrid PA; Luciw PA
TITLE The nef gene of simian immunodeficiency virus SIVmac1A11.
JOURNAL J Virol 66: 5432-42 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Urabe T; Sano K; Tanno M; Mizoguchi J; Otani M; Lee MH; Takasaki T; Kusakabe H; Imagawa DT; Nakai M
TITLE A non-radioisotopic reverse transcriptase assay using biotin-11-deoxyuridinetriphosphate on primer-immobilized microtiter plates.
JOURNAL J Virol Methods 40: 145-54 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Urban J; Konvalinka J; Stehlikova J; Gregorova E; Majer P; Soucek M; Andreansky M; Fabry M; Strop P
TITLE Reduced-bond tight-binding inhibitors of HIV-1 protease. Fine tuning of the enzyme subsite specificity.
JOURNAL FEBS Lett 298: 9-13 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Urge L; Gorbics L; Otvos L Jr
TITLE Chemical glycosylation of peptide T at natural and artificial glycosylation sites stabilizes or rearranges the dominant reverse turn structure.
JOURNAL Biochem Biophys Res Commun 184: 1125-32 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Uryu T; Ikushima N; Katsuraya K; Shoji T; Takahashi N; Yoshida T; Kanno K; Murakami T; Nakashima H; Yamamoto N
TITLE Sulfated alkyl oligosaccharides with potent inhibitory effects on human immunodeficiency virus infection.
JOURNAL Biochem Pharmacol 43: 2385-92 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ushijima H; Schroder HC; Poznanovic S; Gasic MJ; Matthes E; Muller WE
TITLE Inhibition of human immunodeficiency virus-1 infection by human conglutinin-like protein: in vitro studies.
JOURNAL Jpn J Cancer Res 83: 458-64 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ushijima H; Schroder HC; Poznanovic S; Matthes E; Muller WE
TITLE Human conglutinin-like protein inhibits infection by the human immunodeficiency virus-1 in vitro.
JOURNAL Res Virol 143: 97-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ushijima H; Unten S; Honma H; Tsuchie H; Kitamura T; Weiler BE; Muller WE
TITLE Effect of serum components on syncytium formation and virus production by cells infected with human immunodeficiency virus in vitro.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 513-20 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Utz U; Biddison WE
TITLE Presentation of three different viral peptides is determined by common structural features of the human lymphocyte antigen-A2.1 molecule.
JOURNAL J Immunother 12: 180-2 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Utz U; Koenig S; Coligan JE; Biddison WE
TITLE Presentation of three different viral peptides, HTLV-1 Tax, HCMV gB, and influenza virus M1, is determined by common structural features of the HLA-A2.1 molecule.
JOURNAL J Immunol 149: 214-21 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Valsamakis A; Schek N; Alwine JC
TITLE Elements upstream of the AAUAAA within the human immunodeficiency virus polyadenylation signal are required for efficient polyadenylation in vitro.
JOURNAL Mol Cell Biol 12: 3699-705 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Valverde V; Lemay P; Masson JM; Gay B; Boulanger P
TITLE Autoprocessing of the human immunodeficiency virus type 1 protease precursor expressed in Escherichia coli from a synthetic gene.
JOURNAL J Gen Virol 73 (Pt 3): 639-51 (1992)

REFERENCE
AUTHORS van den Berg LH; Sadiq SA; Lederman S; Latov N
TITLE The gp120 glycoprotein of HIV-1 binds to sulfatide and to the myelin associated glycoprotein.
JOURNAL J Neurosci Res 33: 513-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS van den Wall Bake AW; Kirk KA; Gay RE; Switalski LM; Julian BA; Jackson S; Gay S; Mestecky J
TITLE Binding of serum immunoglobulins to collagens in IgA nephropathy and HIV infection.
JOURNAL Kidney Int 42: 374-82 (1992)

REFERENCE
AUTHORS van Gent DC; Groeneger AA; Plasterk RH
TITLE Mutational analysis of the integrase protein of human immunodeficiency virus type 2.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 9598-602 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Van Draanen NA; Tucker SC; Boyd FL; Trotter BW; Reardon JE
TITLE Beta-L-thymidine 5'-triphosphate analogs as DNA polymerase substrates.
JOURNAL J Biol Chem 267: 25019-24 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Van Maarseveen JH; Hermkens PH; De Clercq E; Balzarini J; Scheeren HW; Kruse CG
TITLE Antiviral and antitumor structure-activity relationship studies on tetracyclic eudistomines.
JOURNAL J Med Chem 35: 3223-30 (1992)

REFERENCE
AUTHORS VanCott TC; Loomis LD; Redfield RR; Birx DL
TITLE Real-time biospecific interaction analysis of antibody reactivity to peptides from the envelope glycoprotein, gp160, of HIV-1.
JOURNAL J Immunol Methods 146: 163-76 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Vartanian JP; Meyerhans A; Henry M; Wain-Hobson S
TITLE High-resolution structure of an HIV-1 quasispecies: identification of novel coding sequences.
JOURNAL AIDS 6: 1095-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Vary CP
TITLE Triple-helical capture assay for quantification of polymerase chain reaction products.
JOURNAL Clin Chem 38: 687-94 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Vasudevachari MB; Battista C; Lane HC; Psallidopoulos MC; Zhao B; Cook J; Palmer JR; Romero DL; Tarpley WG; Salzman NP
TITLE Prevention of the spread of HIV-1 infection with nonnucleoside reverse transcriptase inhibitors.
JOURNAL Virology 190: 269-77 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Veljkovic V; Metlas R
TITLE Identification of immunoglobulin recombinant elements in human immunodeficiency virus type 1 envelope gene.
JOURNAL Immunol Lett 31: 11-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Veljkovic V; Metlas R
TITLE HIV and idiotypic T-cell regulation: another view [letter]
JOURNAL Immunol Today 13: 38 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Veljkovic V; Metlas R; Raspopovic J; Pongor S
TITLE Spectral and sequence similarity between vasoactive intestinal peptide and the second conserved region of human immunodeficiency virus type 1 envelope glycoprotein (gp120): possible consequences on prevention and therapy of AIDS.
JOURNAL Biochem Biophys Res Commun 189: 705-10 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Velpandi A; Nagashunmugam T; Otsuka T; Cartas M; Srinivasan A
TITLE Structure-function studies of HIV-1: influence of long terminal repeat U3 region sequences on virus production.
JOURNAL DNA Cell Biol 11: 369-76 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Venaud S; Yahi N; Fehrentz JL; Guettari N; Nisato D; Hirsch I; Chermann JC
TITLE Inhibition of HIV by an anti-HIV protease synthetic peptide blocks an early step of viral replication.
JOURNAL Res Virol 143: 311-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Venkatesan S
TITLE Virological and cellular physiological roles of HIV Nef protein.
JOURNAL Res Virol 143: 38-42 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Venkatesan S; Gerstberger SM; Park H; Holland SM; Nam Y
TITLE Human immunodeficiency virus type 1 Rev activation can be achieved without Rev-responsive element RNA if Rev is directed to the target as a Rev/MS2 fusion protein which tethers the MS2 operator RNA.
JOURNAL J Virol 66: 7469-80 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Vickers TA; Ecker DJ
TITLE Enhancement of ribosomal frameshifting by oligonucleotides targeted to the HIV gag-pol region.
JOURNAL Nucleic Acids Res 20: 3945-53 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Victorova LS; Dyatkina NB; Mozzherin DJu; Atrazhev AM; Krayevsky AA; Kukhanova MK
TITLE Formation of phosphonester bonds catalyzed by DNA polymerase.
JOURNAL Nucleic Acids Res 20: 783-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Viglianti GA; Rubinstein EP; Graves KL
TITLE Role of TAR RNA splicing in translational regulation of simian immunodeficiency virus from rhesus macaques.
JOURNAL J Virol 66: 4824-33 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Vinga-Martins C; Schneider T; Werno A; Roenspeck W; Pauli G; Mueller-Lantzsch N
TITLE Mapping of immunodominant epitopes of the HIV-1 and HIV-2 integrase proteins by recombinant proteins and synthetic peptides.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1301-10 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Vlach J; Pitha PM
TITLE Herpes simplex virus type 1-mediated induction of human immunodeficiency virus type 1 provirus correlates with binding of nuclear proteins to the NF-kappa B enhancer and leader sequence.
JOURNAL J Virol 66: 3616-23 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Vlach J; Pitha PM
TITLE Activation of human immunodeficiency virus type 1 provirus in T-cells and macrophages is associated with induction of inducer-specific NF-kappa B binding proteins.
JOURNAL Virology 187: 63-72 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Vogel J; Cepeda M; Tschachler E; Napolitano LA; Jay G
TITLE UV activation of human immunodeficiency virus gene expression in transgenic mice.
JOURNAL J Virol 66: 1-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Volsky B; Sakai K; Reddy MM; Volsky DJ
TITLE A system for the high efficiency replication of HIV-1 in neural cells and its application to anti-viral evaluation.
JOURNAL Virology 186: 303-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS von Gegerfelt A; Chiodi F; Keys B; Norkrans G; Hagberg L; Fenyo EM; Broliden K
TITLE Lack of autologous neutralizing antibodies in the cerebrospinal fluid of HIV-1 infected individuals.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1133-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Voneche V; Portetelle D; Kettmann R; Willems L; Limbach K; Paoletti E; Ruysschaert JM; Burny A; Brasseur R
TITLE Fusogenic segments of bovine leukemia virus and simian immunodeficiency virus are interchangeable and mediate fusion by means of oblique insertion in the lipid bilayer of their target cells.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 3810-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Vonesch N; Sturchio E; Humani AC; Fei PC; Cosenza D; Caprilli F; Pezzella M
TITLE Detection of HIV-1 genome in leukocytes of human colostrum from anti-HIV-1 seropositive mothers.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1283-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Vonsover A; Loya S; Sredni B; Albeck M; Gotlieb Stematsky T; Araf O; Hizi A
TITLE Inhibition of the reverse transcriptase activity and replication of human immunodeficiency virus type 1 by AS 101 in vitro.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 613-23 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Voss G; Kirchhoff F; Nick S; Moosmayer D; Gelderblom H; Hunsmann G
TITLE Morphogenesis of recombinant HIV-2 gag core particles.
JOURNAL Virus Res 24: 197-210 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Voss G; Nick S; Stahl-Hennig C; Coulibaly C; Petry H; Luke W; Hunsmann G
TITLE Potential significance of the cellular immune response against the macaque strain of simian immunodeficiency virus (SIVMAC) in immunized and infected rhesus macaques.
JOURNAL J Gen Virol 73 (Pt 9): 2273-81 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Vosters AF; Evans DB; Tarpley WG; Sharma SK
TITLE On the engineering of rDNA proteins for purification by immobilized metal affinity chromatography: applications to alternating histidine-containing chimeric proteins from recombinant Escherichia coli.
JOURNAL Protein Expr Purif 3: 18-26 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wachinger M; Saermark T; Erfle V
TITLE Influence of amphipathic peptides on the HIV-1 production in persistently infected T lymphoma cells.
JOURNAL FEBS Lett 309: 235-41 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wagner R; Fliessbach H; Wanner G; Motz M; Niedrig M; Deby G; von Brunn A; Wolf H
TITLE Studies on processing, particle formation, and immunogenicity of the HIV-1 gag gene product: a possible component of a HIV vaccine.
JOURNAL Arch Virol 127: 117-37 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wagner R; Modrow S; Boltz T; Fliessbach H; Niedrig M; von Brunn A; Wolf H
TITLE Immunological reactivity of a human immunodeficiency virus type I derived peptide representing a consensus sequence of the GP120 major neutralizing region V3.
JOURNAL Arch Virol 127: 139-52 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wahlberg J; Albert J; Lundeberg J; Cox S; Wahren B; Uhlen M
TITLE Dynamic changes in HIV-1 quasispecies from azidothymidine (AZT)-treated patients.
JOURNAL FASEB J 6: 2843-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wahlberg J; Holmberg A; Bergh S; Hultman T; Uhlen M
TITLE Automated magnetic preparation of DNA templates for solid phase sequencing.
JOURNAL Electrophoresis 13: 547-51 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wain-Hobson S
TITLE Human immunodeficiency virus type 1 quasispecies in vivo and ex vivo.
JOURNAL Curr Top Microbiol Immunol 176: 181-93 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wainberg MA; Margolese RG
TITLE Strategies in the treatment of AIDS and related diseases: the lessons of cancer chemotherapy.
JOURNAL Cancer Invest 10: 143-53 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wainberg MA; Tremblay M; Rooke R; Fanning M; Tsoukas C; Montaner JS; O'Shaughnessy M; Ruedy J
TITLE Characterization of zidovudine resistant variants of HIV-1 isolated from patients on prolonged therapy.
JOURNAL Drugs Exp Clin Res 18: 283-90 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wakefield JK; Jablonski SA; Morrow CD
TITLE In vitro enzymatic activity of human immunodeficiency virus type 1 reverse transcriptase mutants in the highly conserved YMDD amino acid motif correlates with the infectious potential of the proviral genome.
JOURNAL J Virol 66: 6806-12 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Waldmann TA; Goldman C; Top L; Grant A; Burton J; Bamford R; Roessler E; Horak I; Zaknoen S; Kasten-Sportes C; et al
TITLE The interleukin-2 receptor: a target for immunotherapy.
JOURNAL Adv Exp Med Biol 323: 57-66 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Walker KN; Worrall AF; Gore MG
TITLE The synthesis and expression of a gene coding for the HIV-1 protease.
JOURNAL Biochem Soc Trans 20: 258S (1992)

REFERENCE
AUTHORS Walker L; Wilks D; O'Brien J; Habeshaw J; Dalgleish A
TITLE Localized conformational changes in the N-terminal domain of CD4 identified in competitive binding assay of monoclonal antibodies and HIV-1 envelope glycoprotein.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1083-90 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Walker S; Hagemeier C; Sissons JG; Sinclair JH
TITLE A 10-base-pair element of the human immunodeficiency virus type 1 long terminal repeat (LTR) is an absolute requirement for transactivation by the human cytomegalovirus 72-kilodalton IE1 protein but can be compensated for by other LTR regions in transactivation by the 80-kilodalton IE2 protein.
JOURNAL J Virol 66: 1543-50 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wallace BM; Lasker JS
TITLE Awakenings ... UV light and HIV gene activation [news]
JOURNAL Science 257: 1211-2 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wang B; Fang Q; Williams WV; Weiner DB
TITLE Double-stranded DNA sequencing by linear amplification with Taq DNA polymerase.
JOURNAL Biotechniques 13: 527-30 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wang W; Lown JW
TITLE Anti-HIV-I activity of linked lexitropsins.
JOURNAL J Med Chem 35: 2890-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Warren AP; Thomas DB
TITLE Class II (I-Ad) restricted T-cell recognition of the V3 loop region of HIV-1 gp120.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 559-64 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Warren RQ; Anderson SA; Nkya WM; Shao JF; Hendrix CW; Melcher GP; Redfield RR; Kennedy RC
TITLE Examination of sera from human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1)-infected individuals for antibodies reactive with peptides corresponding to the principal neutralizing determinant of HIV-1 gp120 and for in vitro neutralizing activity.
JOURNAL J Virol 66: 5210-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Warren RQ; Nkya WM; Shao JF; Anderson SA; Wolf H; Hendrix CW; Kanda P; Wabuke M; Boswell RN; Redfield RR; et al
TITLE Comparison of antibody reactivity to human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) gp160 epitopes in sera from HIV-1-infected individuals from Tanzania and from the United States.
JOURNAL J Clin Microbiol 30: 126-31 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Warren TC; Miglietta JJ; Shrutkowski A; Rose JM; Rogers SL; Lubbe K; Shih CK; Caviness GO; Ingraham R; Palladino DE; et al
TITLE Comparative purification of recombinant HIV-1 and HIV-2 reverse transcriptase: preparation of heterodimeric enzyme devoid of unprocessed gene product.
JOURNAL Protein Expr Purif 3: 479-87 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Washitani Y; Kuroda N; Shiraki H; Itoyama Y; Sato H; Ohshima K; Kiyokawa H; Maeda Y
TITLE Linear antigenic regions of the structural proteins of human T-cell lymphotropic virus type I detected by enzyme-linked immunosorbent assays using synthetic peptides as antigens.
JOURNAL J Clin Microbiol 30: 287-90 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Waszak GA; Hasler JM; McQuade TJ; Tarpley WG; Deibel MR Jr
TITLE Purification of an active monomeric recombinant HIV-1 trans-activator.
JOURNAL Protein Expr Purif 3: 126-33 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Watson AJ; Wilburn LM
TITLE Inhibition of HIV infection of resting peripheral blood lymphocytes by nucleosides.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1221-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Watson HG; Ludlam CA
TITLE Immunological abnormalities in haemophiliacs.
JOURNAL Blood Rev 6: 26-33 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wattel E; Mariotti M; Agis F; Gordien E; Prou O; Courouce AM; Rouger P; Wain-Hobson S; Chen IS; Lefrere JJ
TITLE Human T lymphotropic virus (HTLV) type I and II DNA amplification in HTLV-I/II-seropositive blood donors of the French West Indies.
JOURNAL J Infect Dis 165: 369-72 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Weaver JL; Pine PS; Dutschman G; Cheng YC; Lee KH; Aszalos A
TITLE Prevention of binding of rgp120 by anti-HIV active tannins.
JOURNAL Biochem Pharmacol 43: 2479-80 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Weber S; Polak A
TITLE Susceptibility of yeast isolates from defined German patient groups to 5-fluorocytosine.
JOURNAL Mycoses 35: 163-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Weeks KM; Crothers DM
TITLE RNA binding assays for Tat-derived peptides: implications for specificity.
JOURNAL Biochemistry 31: 10281-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Weichselbraun I; Berger J; Dobrovnik M; Bogerd H; Grassmann R; Greene WC; Hauber J; Bohnlein E
TITLE Dominant-negative mutants are clustered in a domain of the human T-cell leukemia virus type I Rex protein: implications for trans dominance.
JOURNAL J Virol 66: 4540-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Weichselbraun I; Farrington GK; Rusche JR; Bohnlein E; Hauber J
TITLE Definition of the human immunodeficiency virus type 1 Rev and human T-cell leukemia virus type I Rex protein activation domain by functional exchange.
JOURNAL J Virol 66: 2583-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Weiser WY; Pozzi LA; Titus RG; David JR
TITLE Recombinant human migration inhibitory factor has adjuvant activity.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 8049-52 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Weiss L; Okada N; Haeffner-Cavaillon N; Hattori T; Faucher C; Kazatchkine MD; Okada H
TITLE Decreased expression of the membrane inhibitor of complement-mediated cytolysis CD59 on T-lymphocytes of HIV-infected patients.
JOURNAL AIDS 6: 379-85 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Weiss S; Konig B; Morikawa Y; Jones I
TITLE Recombinant HIV-1 nucleocapsid protein p15 produced as a fusion protein with glutathione S-transferase in Escherichia coli mediates dimerization and enhances reverse transcription of retroviral RNA.
JOURNAL Gene 121: 203-12 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Weiss S; Konig B; Muller HJ; Seidel H; Goody RS
TITLE Synthetic human tRNA(UUULys3) and natural bovine tRNA(UUULys3) interact with HIV-1 reverse transcriptase and serve as specific primers for retroviral cDNA synthesis.
JOURNAL Gene 111: 183-97 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Weissenhorn W; Chen YH; Riethmuller G; Rieber EP; Weiss EH
TITLE VH-related idiotopes detected by site-directed mutagenesis. A study induced by the failure to find CD4 anti-idiotypic antibodies mimicking the cellular receptor of HIV.
JOURNAL J Immunol 149: 1237-41 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Weisz PB
TITLE Angiogenesis--the interdisciplinary challenge.
JOURNAL EXS 61: 14-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wejstal R; Widell A; Mansson AS; Hermodsson S; Norkrans G
TITLE Mother-to-infant transmission of hepatitis C virus [see comments]
JOURNAL Ann Intern Med 117: 887-90 (1992)

REFERENCE
AUTHORS West AB; Roberts TM; Kolodner RD
TITLE Regulation of the reverse transcriptase of human immunodeficiency virus type 1 by dNTPs.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 9720-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS West M; Mikovits J; Princler G; Liu YL; Ruscetti FW; Kung HF; Raziuddin
TITLE Characterization and purification of a novel transcriptional repressor from HeLa cell nuclear extracts recognizing the negative regulatory element region of human immunodeficiency virus-1 long terminal repeat.
JOURNAL J Biol Chem 267: 24948-52 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Westervelt P; Henkel T; Trowbridge DB; Orenstein J; Heuser J; Gendelman HE; Ratner L
TITLE Dual regulation of silent and productive infection in monocytes by distinct human immunodeficiency virus type 1 determinants.
JOURNAL J Virol 66: 3925-31 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Westervelt P; Trowbridge DB; Epstein LG; Blumberg BM; Li Y; Hahn BH; Shaw GM; Price RW; Ratner L
TITLE Macrophage tropism determinants of human immunodeficiency virus type 1 in vivo.
JOURNAL J Virol 66: 2577-82 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Whetsell AJ; Drew JB; Milman G; Hoff R; Dragon EA; Adler K; Hui J; Otto P; Gupta P; Farzadegan H; et al
TITLE Comparison of three nonradioisotopic polymerase chain reaction-based methods for detection of human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL J Clin Microbiol 30: 845-53 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Whitmer KJ; Calarco PG
TITLE HIV-1 expression during early mammalian development.
JOURNAL AIDS 6: 1133-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wiegmann K; Schutze S; Kampen E; Himmler A; Machleidt T; Kronke M
TITLE Human 55-kDa receptor for tumor necrosis factor coupled to signal transduction cascades.
JOURNAL J Biol Chem 267: 17997-8001 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wike CM; Korber BT; Daniels MR; Hutto C; Munoz J; Furtado M; Parks W; Saah A; Bulterys M; Kurawige JB; et al
TITLE HIV-1 sequence variation between isolates from mother-infant transmission pairs.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1297-300 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wild C; Oas T; McDanal C; Bolognesi D; Matthews T
TITLE A synthetic peptide inhibitor of human immunodeficiency virus replication: correlation between solution structure and viral inhibition.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 10537-41 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wilk T; Mierswa H; Krausslich HG; Dunn JJ; Bosch V
TITLE Expression of biologically active HIV glycoproteins using a T7 RNA polymerase-based eucaryotic vector system.
JOURNAL Virus Genes 6: 229-46 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wilk T; Pfeiffer T; Bosch V
TITLE Retained in vitro infectivity and cytopathogenicity of HIV-1 despite truncation of the C-terminal tail of the env gene product.
JOURNAL Virology 189: 167-77 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Willer A; Achour A; Mbika JP; Laaroubi K; Lachgar A; Nihrane A; Picard O; Naylor PH; Sarin PS; Goldstein AL; et al
TITLE Cell-mediated immunity against HGP-30, a group-specific peptide of HIV p17 in individuals infected with the AIDS virus.
JOURNAL Biomed Pharmacother 46: 359-65 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Willer AM; Buff K; Kleinschmidt A; Mellert W; Goebel FD; Erfle V
TITLE Growth inhibition of HIV-1-infected cells and membrane alterations induced by phosphatidylcholine.
JOURNAL Res Exp Med (Berl) 192: 65-77 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Willey RL; Maldarelli F; Martin MA; Strebel K
TITLE Human immunodeficiency virus type 1 Vpu protein induces rapid degradation of CD4.
JOURNAL J Virol 66: 7193-200 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Willey RL; Maldarelli F; Martin MA; Strebel K
TITLE Human immunodeficiency virus type 1 Vpu protein regulates the formation of intracellular gp160-CD4 complexes.
JOURNAL J Virol 66: 226-34 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Williams KJ; Loeb LA
TITLE Retroviral reverse transcriptases: error frequencies and mutagenesis.
JOURNAL Curr Top Microbiol Immunol 176: 165-80 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Winandy S; Renjifo B; Li Y; Hopkins N
TITLE Nuclear factors that bind two regions important to transcriptional activity of the simian immunodeficiency virus long terminal repeat.
JOURNAL J Virol 66: 5216-23 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Winters MA; Holodniy M; Katzenstein DA; Merigan TC
TITLE Quantitative RNA and DNA gene amplification can rapidly monitor HIV infection and antiviral activity in cell cultures.
JOURNAL PCR Methods Appl 1: 257-62 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Witvrouw M; Pauwels R; Vandamme AM; Schols D; Reymen D; Yamamoto N; Desmyter J; De Clercq E
TITLE Cell type-specific anti-human immunodeficiency virus type 1 activity of the transactivation inhibitor Ro5-3335.
JOURNAL Antimicrob Agents Chemother 36: 2628-33 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Woerner AM; Klutch M; Levin JG; Marcus-Sekura CJ
TITLE Localization of DNA binding activity of HIV-1 integrase to the C-terminal half of the protein.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 297-304 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wolber V; Rensland H; Brandmeier B; Sagemann M; Hoffmann R; Kalbitzer HR; Wittinghofer A
TITLE Expression, purification and biochemical characterisation of the human immunodeficiency virus 1 nef gene product.
JOURNAL Eur J Biochem 205: 1115-21 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wolf H; Warren RQ; Stunz GW; Shuler KR; Kanda P; Kennedy RC
TITLE Fine specificity of the murine antibody response to HIV-1 gp160 determined by synthetic peptides which define selected epitopes.
JOURNAL Mol Immunol 29: 989-98 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wolff K
TITLE The enigma of Kaposi's sarcoma: an answer at last?
JOURNAL Clin Exp Dermatol 17: 146-51 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wolfs TF; Zwart G; Bakker M; Goudsmit J
TITLE HIV-1 genomic RNA diversification following sexual and parenteral virus transmission.
JOURNAL Virology 189: 103-10 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wolinsky SM; Wike CM; Korber BT; Hutto C; Parks WP; Rosenblum LL; Kunstman KJ; Furtado MR; Munoz JL
TITLE Selective transmission of human immunodeficiency virus type-1 variants from mothers to infants [see comments]
JOURNAL Science 255: 1134-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wondimu Z; Sonnerborg A; Ayehunie S; Britton S; Strannegard O
TITLE Response of Ethiopian human immunodeficiency virus type 1 isolates to antiviral compounds.
JOURNAL Antiviral Res 19: 353-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wong-Staal F; Haseltine WA
TITLE Regulatory genes of human immunodeficiency viruses.
JOURNAL Mol Genet Med 2: 189-219 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wood SJ; Wetzel R
TITLE A novel method for the incorporation of glycoprotein-derived oligosaccharides into neoglycopeptides.
JOURNAL Bioconjug Chem 3: 391-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Woon TC; Brinkworth RI; Fairlie DP
TITLE Inhibition of HIV-1 proteinase by metal ions.
JOURNAL Int J Biochem 24: 911-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wu LC; Tan TH; Shahied SI
TITLE Expression and characterization of the trans-activating protein Tax of human T-cell leukemia virus type I in Saccharomyces cerevisiae.
JOURNAL J Virol 66: 7253-61 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wu TC; Pizzorno MC; Hayward GS; Willoughby S; Neumann DA; Rose NR; Ansari AA; Beschorner WE; Baughman KL; Herskowitz A
TITLE In situ detection of human cytomegalovirus immediate-early gene transcripts within cardiac myocytes of patients with HIV-associated cardiomyopathy.
JOURNAL AIDS 6: 777-85 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wucherpfennig KW; Hollsberg P; Richardson JH; Benjamin D; Hafler DA
TITLE T-cell activation by autologous human T-cell leukemia virus type I-infected T-cell clones.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 2110-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Wyatt R; Thali M; Tilley S; Pinter A; Posner M; Ho D; Robinson J; Sodroski J
TITLE Relationship of the human immunodeficiency virus type 1 gp120 third variable loop to a component of the CD4 binding site in the fourth conserved region.
JOURNAL J Virol 66: 6997-7004 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Yahi N; Fantini J; Hirsch I; Chermann JC
TITLE Structural variability of env and gag gene products from a highly cytopathic strain of HIV-1.
JOURNAL Arch Virol 125: 287-98 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Yamamoto K
TITLE [Autoimmune diseases and molecular biology]
JOURNAL Nippon Naika Gakkai Zasshi 81: 1371-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Yamaoka S; Tobe T; Hatanaka M
TITLE Tax protein of human T-cell leukemia virus type I is required for maintenance of the transformed phenotype.
JOURNAL Oncogene 7: 433-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Yamashita K; Maekawa M; Mitani K; Wakamiya M; Ogino T; Miyamura K; Baba K; Yamamoto Y; Nyunoya H; Shimotohno K; et al
TITLE Evaluation of enzyme immunoassay using a recombinant envelope protein expressed in insect cells for serological confirmation of HTLV-I infection.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1857-61 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Yao S; Wilson WD
TITLE A molecular mechanics investigation of RNA complexes. I. Ethidium intercalation in an HIV-1 TAR RNA sequence with an unpaired adenosine.
JOURNAL J Biomol Struct Dyn 10: 367-87 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Yao XJ; Gottlinger H; Haseltine WA; Cohen EA
TITLE Envelope glycoprotein and CD4 independence of vpu-facilitated human immunodeficiency virus type 1 capsid export.
JOURNAL J Virol 66: 5119-26 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Yeh P; Landais D; Lemaitre M; Maury I; Crenne JY; Becquart J; Murry-Brelier A; Boucher F; Montay G; Fleer R; et al
TITLE Design of yeast-secreted albumin derivatives for human therapy: biological and antiviral properties of a serum albumin-CD4 genetic conjugate.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 1904-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Yerly S; Chamot E; Hirschel B; Perrin LH
TITLE Quantitation of human immunodeficiency virus provirus and circulating virus: relationship with immunologic parameters.
JOURNAL J Infect Dis 166: 269-76 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Yildiz E; Grubler G; Horger S; Zimmermann H; Echner H; Stoeva S; Voelter W
TITLE Application of capillary electrophoresis in peptide research.
JOURNAL Electrophoresis 13: 683-6 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Yon J; Rud E; Corcoran T; Kent K; Rowlands D; Clarke B
TITLE Stimulation of specific immune responses to simian immunodeficiency virus using chimeric hepatitis B core antigen particles.
JOURNAL J Gen Virol 73 (Pt 10): 2569-75 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Yoshida H; Koga Y; Moroi Y; Kimura G; Nomoto K
TITLE The effect of p56lck, a lymphocyte specific protein tyrosine kinase, on the syncytium formation induced by human immunodeficiency virus envelope glycoprotein.
JOURNAL Int Immunol 4: 233-42 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Yoshida M
TITLE [Regulatory mechanism of HTLV-1 replication and its association with abnormal cell growth]
JOURNAL Uirusu 42: 3-11 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Young SD; Payne LS; Thompson WJ; Gaffin N; Lyle TA; Britcher SF; Graham SL; Schultz TH; Deana AA; Darke PL; et al
TITLE HIV-1 protease inhibitors based on hydroxyethylene dipeptide isosteres: an investigation into the role of the P1' side chain on structure-activity.
JOURNAL J Med Chem 35: 1702-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Yourno J
TITLE A method for nested PCR with single closed reaction tubes.
JOURNAL PCR Methods Appl 2: 60-5 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Yourno J; Conroy J
TITLE A novel polymerase chain reaction method for detection of human immunodeficiency virus in dried blood spots on filter paper.
JOURNAL J Clin Microbiol 30: 2887-92 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Yu G; Felsted RL
TITLE Effect of myristoylation on p27 nef subcellular distribution and suppression of HIV-LTR transcription.
JOURNAL Virology 187: 46-55 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Yu H; Goodman MF
TITLE Comparison of HIV-1 and avian myeloblastosis virus reverse transcriptase fidelity on RNA and DNA templates.
JOURNAL J Biol Chem 267: 10888-96 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Yu KL; Bronson JJ; Yang H; Patick A; Alam M; Brankovan V; Datema R; Hitchcock MJ; Martin JC
TITLE Synthesis and antiviral activity of methyl derivatives of 9-[2-(phosphonomethoxy) ethyl]guanine.
JOURNAL J Med Chem 35: 2958-69 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Yu X; Yu QC; Lee TH; Essex M
TITLE The C terminus of human immunodeficiency virus type 1 matrix protein is involved in early steps of the virus life cycle.
JOURNAL J Virol 66: 5667-70 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Yu X; Yuan X; Matsuda Z; Lee TH; Essex M
TITLE The matrix protein of human immunodeficiency virus type 1 is required for incorporation of viral envelope protein into mature virions.
JOURNAL J Virol 66: 4966-71 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Yusa K; Oh-hara T; Tsukahara S; Tsuruo T
TITLE Human immunodeficiency virus type 1 induces 1-beta-D-arabinofuranosylcytosine resistance in human H9 cell line.
JOURNAL J Biol Chem 267: 16848-50 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Yuzhakov AA; Chidgeavadze ZG; Beabealashvilli RSh
TITLE 3'-Mercapto-2',3'-dideoxynucleotides are high effective terminators of DNA synthesis catalyzed by HIV reverse transcriptase.
JOURNAL FEBS Lett 306: 185-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Zack JA; Haislip AM; Krogstad P; Chen IS
TITLE Incompletely reverse-transcribed human immunodeficiency virus type 1 genomes in quiescent cells can function as intermediates in the retroviral life cycle.
JOURNAL J Virol 66: 1717-25 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Zagury JF; Cantalloube H; Bernard J; Lachgar A; Fali L; Achour A; Mbika JP; Cosme MH; Pellion F; Issing W; et al
TITLE Critical sites: a semantic approach to protein sequences. Application to the HIV-1 envelope molecule.
JOURNAL Biomed Pharmacother 46: 343-51 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Zaitseva MB; Moshnikov SA; Kozhich AT; Frolova HA; Makarova OD; Pavlikov SP; Sidorovich IG; Brondz BB
TITLE Antibodies to MHC class II peptides are present in HIV-1-positive sera.
JOURNAL Scand J Immunol 35: 267-73 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Zakrzewska K; Azzi A; Patou G; Morfini M; Rafanelli D; Pattison JR
TITLE Human parvovirus B19 in clotting factor concentrates: B19 DNA detection by the nested polymerase chain reaction.
JOURNAL Br J Haematol 81: 407-12 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Zambello R; Trentin L; Benetti R; Cipriani A; Crivellaro C; Cadrobbi P; Agostini C; Semenzato G
TITLE Expression of a functional p75 interleukin-2 receptor on lung lymphocytes from patients with human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) infection.
JOURNAL J Clin Immunol 12: 371-80 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Zapp ML
TITLE RNA nucleocytoplasmic transport.
JOURNAL Semin Cell Biol 3: 289-97 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Zauli G; Davis BR; Re MC; Visani G; Furlini G; La Placa M
TITLE tat protein stimulates production of transforming growth factor-beta 1 by marrow macrophages: a potential mechanism for human immunodeficiency virus-1-induced hematopoietic suppression.
JOURNAL Blood 80: 3036-43 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Zauli G; Re MC; Davis B; Sen L; Visani G; Gugliotta L; Furlini G; La Placa M
TITLE Impaired in vitro growth of purified (CD34+) hematopoietic progenitors in human immunodeficiency virus-1 seropositive thrombocytopenic individuals.
JOURNAL Blood 79: 2680-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Zauli G; Re MC; Furlini G; Giovannini M; La Placa M
TITLE Human immunodeficiency virus type 1 envelope glycoprotein gp120-mediated killing of human haematopoietic progenitors (CD34+ cells).
JOURNAL J Gen Virol 73 (Pt 2): 417-21 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Zauli G; Re MC; Visani G; Furlini G; La Placa M
TITLE Inhibitory effect of HIV-1 envelope glycoproteins gp120 and gp160 on the in vitro growth of enriched (CD34+) hematopoietic progenitor cells.
JOURNAL Arch Virol 122: 271-80 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Zazopoulos E; Haseltine WA
TITLE Mutational analysis of the human immunodeficiency virus type 1 Eli Nef function.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 6634-8 (1992)

Supplemental References (1992)

REFERENCE
AUTHORS Zazzi M; Romano L; Brasini A; Valensin PE
TITLE Nested polymerase chain reaction for detection of human immunodeficiency virus type 1 DNA in clinical specimens.
JOURNAL J Med Virol 38: 172-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Zeichner SL; Hirka G; Andrews PW; Alwine JC
TITLE Differentiation-dependent human immunodeficiency virus long terminal repeat regulatory elements active in human teratocarcinoma cells.
JOURNAL J Virol 66: 2268-73 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Zhang Y; Doyle K; Bina M
TITLE Interactions of HTF4 with E-box motifs in the long terminal repeat of human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL J Virol 66: 5631-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Zhao LJ; Giam CZ
TITLE Human T-cell lymphotropic virus type I (HTLV-I) transcriptional activator, Tax, enhances CREB binding to HTLV-I 21-base-pair repeats by protein-protein interaction.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 7070-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Ziegler I; Borchert M; Heaney F; Davis AP; Boyle PH
TITLE Structural requirements for the modulatory effect of 6-substituted pterins on interleukin 2 receptor binding.
JOURNAL Biochim Biophys Acta 1135: 330-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Zimmer C; Marzheuser S; Patt S; Rolfs A; Gottschalk J; Weigel K; Gosztonyi G
TITLE Stereotactic brain biopsy in AIDS.
JOURNAL J Neurol 239: 394-400 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Zimmermann K; Weber S; Dobrovnik M; Hauber J; Bohnlein E
TITLE Expression of chimeric neo-Rev response element sequences interferes with Rev-dependent HIV-1 Gag expression.
JOURNAL Hum Gene Ther 3: 155-61 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Zoumpourlis V; Eliopoulos AG; Spandidos DA
TITLE Transcriptional activation of the human immunodeficiency virus long terminal repeat sequences by tumor necrosis factor.
JOURNAL Anticancer Res 12: 2065-8 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Zoumpourlis V; Kerr DJ; Spandidos DA
TITLE Carboplatin as opposed to cisplatin does not stimulate the expression of the human immunodeficiency virus long terminal repeat sequences.
JOURNAL Biochem Pharmacol 43: 650-4 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Zoumpourlis V; Spandidos DA
TITLE Hexamethylene bisacetamide stimulates the expression of human immunodeficiency virus long terminal repeat sequences in rat and human fibroblasts.
JOURNAL Anticancer Drugs 3: 163-7 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Zucker-Franklin D; Hooper WC; Evatt BL
TITLE Human lymphotropic retroviruses associated with mycosis fungoides: evidence that human T-cell lymphotropic virus type II (HTLV-II) as well as HTLV-I may play a role in the disease.
JOURNAL Blood 80: 1537-45 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Zuckermann RN; Kerr JM; Siani MA; Banville SC; Santi DV
TITLE Identification of highest-affinity ligands by affinity selection from equimolar peptide mixtures generated by robotic synthesis.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 89: 4505-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Zverev SIa; Bobkov AF; Garaev MM
TITLE [The use of the vif gene expression product of HIV-1 in bacteria for detecting specific antibodies in the sera of infected persons]
JOURNAL Vopr Virusol 37: 16-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Zvi A; Hiller R; Anglister J
TITLE Solution conformation of a peptide corresponding to the principal neutralizing determinant of HIV-1IIIB: a two-dimensional NMR study.
JOURNAL Biochemistry 31: 6972-9 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Zwart G; Wolfs TF; Valk M; Van der Hoek L; Kuiken CL; Goudsmit J
TITLE Characterization of the specificity of the human antibody response to the V3 neutralization domain of HIV-1.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 8: 1897-908 (1992)

REFERENCE
AUTHORS Abbotts J; Bebenek K; Kunkel TA; Wilson SH
TITLE Mechanism of HIV-1 reverse transcriptase. Termination of processive synthesis on a natural DNA template is influenced by the sequence of the template-primer stem.
JOURNAL J Biol Chem 268: 10312-23 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Akagi T; Shimotohno K
TITLE Proliferative response of Tax1-transduced primary human T cells to anti-CD3 antibody stimulation by an interleukin-2-independent pathway.
JOURNAL J Virol 67: 1211-7 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Almond N; Jenkins A; Heath AB; Kitchin P
TITLE Sequence variation in the env gene of simian immunodeficiency virus recovered from immunized macaques is predominantly in the V1 region.
JOURNAL J Gen Virol 74 (Pt 5): 865-71 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Andeweg AC; Leeflang P; Osterhaus AD; Bosch ML
TITLE Both the V2 and V3 regions of the human immunodeficiency virus type 1 surface glycoprotein functionally interact with other envelope regions in syncytium formation.
JOURNAL J Virol 67: 3232-9 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Anjuere F; Monsigny M; Lelievre Y; Mayer R
TITLE Sensitive, hydrosoluble, macromolecular fluorogenic substrates for human immunodeficiency virus 1 proteinase.
JOURNAL Biochem J 291 (Pt 3): 869-73 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Arendrup M; Sonnerborg A; Svennerholm B; Akerblom L; Nielsen C; Clausen H; Olofsson S; Nielsen JO; Hansen JE
TITLE Neutralizing antibody response during human immunodeficiency virus type 1 infection: type and group specificity and viral escape.
JOURNAL J Gen Virol 74 (Pt 5): 855-63 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Aubin JT; Agut H; Collandre H; Yamanishi K; Chandran B; Montagnier L; Huraux JM
TITLE Antigenic and genetic differentiation of the two putative types of human herpes virus 6.
JOURNAL J Virol Methods 41: 223-34 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Bahner I; Zhou C; Yu XJ; Hao QL; Guatelli JC; Kohn DB
TITLE Comparison of trans-dominant inhibitory mutant human immunodeficiency virus type 1 genes expressed by retroviral vectors in human T lymphocytes.
JOURNAL J Virol 67: 3199-207 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Barnett SW; Quiroga M; Werner A; Dina D; Levy JA
TITLE Distinguishing features of an infectious molecular clone of the highly divergent and noncytopathic human immunodeficiency virus type 2 UC1 strain.
JOURNAL J Virol 67: 1006-14 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Bastian I; Gardner J; Webb D; Gardner I
TITLE Isolation of a human T-lymphotropic virus type I strain from Australian aboriginals.
JOURNAL J Virol 67: 843-51 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Bazarbachi A; Saal F; Laroche L; Flageul B; Peries J; de The H
TITLE HTLV-1 provirus and mycosis fungoides [letter]
JOURNAL Science 259: 1470-1 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Bebenek K; Abbotts J; Wilson SH; Kunkel TA
TITLE Error-prone polymerization by HIV-1 reverse transcriptase. Contribution of template-primer misalignment, miscoding, and termination probability to mutational hot spots.
JOURNAL J Biol Chem 268: 10324-34 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Benjouad A; Babas T; Montagnier L; Bahraoui E
TITLE N-linked oligosaccharides of simian immunodeficiency virus envelope glycoproteins are dispensable for the interaction with the CD4 receptor.
JOURNAL Biochem Biophys Res Commun 190: 311-9 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Benjouad A; Gluckman JC; Montagnier L; Bahraoui E
TITLE Specificity of antibodies produced against native or desialylated human immunodeficiency virus type 1 recombinant gp160.
JOURNAL J Virol 67: 1693-7 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Benson RE; Sanfridson A; Ottinger JS; Doyle C; Cullen BR
TITLE Downregulation of cell-surface CD4 expression by simian immunodeficiency virus Nef prevents viral super infection.
JOURNAL J Exp Med 177: 1561-6 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Berry N; Pepin J; Gaye I; Parker D; Jarvill M; Wilkins A; Whittle H; Tedder R
TITLE Competitive EIA for anti-HIV-2 detection in The Gambia: use as a screening assay and to identify possible dual infections.
JOURNAL J Med Virol 39: 101-8 (1993)

Supplemental References (1993)

REFERENCE
AUTHORS Boeri E; Gessain A; Garin B; Kazadi K; de The G; Franchini G
TITLE Qualitative changes in the human T-cell leukemia/lymphotropic virus type I env gene sequence in the spastic versus nonspastic tropical paraparesis are not correlated with disease specificity.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 9: 1-5 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Boyd MT; Simpson GR; Cann AJ; Johnson MA; Weiss RA
TITLE A single amino acid substitution in the V1 loop of human immunodeficiency virus type 1 gp120 alters cellular tropism.
JOURNAL J Virol 67: 3649-52 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Buchschacher GL Jr
TITLE Molecular targets of gene transfer therapy for HIV infection.
JOURNAL JAMA 269: 2880-6 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Bunce CM; French PJ; Allen P; Mountford JC; Moor B; Greaves MF; Michell RH; Brown G
TITLE Comparison of the levels of inositol metabolites in transformed haemopoietic cells and their normal counterparts.
JOURNAL Biochem J 289 (Pt 3): 667-73 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Capron AM
TITLE Hedging their bets.
JOURNAL Hastings Cent Rep 23: 30-1 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Carstea ED; Miller SP; Christakis H; O'Neill RR
TITLE Analogues of butyric acid that increase the expression of transfected DNAs.
JOURNAL Biochem Biophys Res Commun 192: 649-56 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Cartier L; Araya F; Castillo JL; Zaninovic V; Hayami M; Miura T; Imai J; Sonoda S; Shiraki H; Miyamoto K; et al
TITLE Southernmost carriers of HTLV-I/II in the world.
JOURNAL Jpn J Cancer Res 84: 1-3 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Chada S; DeJesus CE; Townsend K; Lee WT; Laube L; Jolly DJ; Chang SM; Warner JF
TITLE Cross-reactive lysis of human targets infected with prototypic and clinical human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) strains by murine anti-HIV-1 IIIB env-specific cytotoxic T lymphocytes.
JOURNAL J Virol 67: 3409-17 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Chen SS; Lee CN; Lee WR; McIntosh K; Lee TH
TITLE Mutational analysis of the leucine zipper-like motif of the human immunodeficiency virus type 1 envelope transmembrane glycoprotein.
JOURNAL J Virol 67: 3615-9 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Chiodi F; Bjorling E; Samuelsson A; Norrby E
TITLE Antigenic and immunogenic sites of HIV-2 glycoproteins.
JOURNAL Chem Immunol 56: 61-77 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Cohen J
TITLE How can viral variation be overcome? [news]
JOURNAL Science 260: 1260 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Cohen J
TITLE Can combination therapy overcome drug resistance? [news]
JOURNAL Science 260: 1258 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Cranage MP; Polyanskaya N; McBride B; Cook N; Ashworth LA; Dennis M; Baskerville A; Greenaway PJ; Corcoran T; Kitchin P; et al
TITLE Studies on the specificity of the vaccine effect elicited by inactivated simian immunodeficiency virus.
JOURNAL AIDS Res Hum Retroviruses 9: 13-22 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Crenon I; Beraud C; Simard P; Montagne J; Veschambre P; Jalinot P
TITLE The transcriptionally active factors mediating the effect of the HTLV-I Tax transactivator on the IL-2R alpha kappa B enhancer include the product of the c-rel proto-oncogene.
JOURNAL Oncogene 8: 867-75 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Croix DA; Yeh HY; Sedlacek J; Luftig RB; Gottlieb PD
TITLE A dominant epitope of HIV-1 protease recognized by hamster monoclonal antibodies.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 6: 558-66 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Cullen BR
TITLE Does HIV-1 Tat induce a change in viral initiation rights?
JOURNAL Cell 73: 417-20 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Cunningham TP; Montelaro RC; Rushlow KE
TITLE Lentivirus envelope sequences and proviral genomes are stabilized in Escherichia coli when cloned in low-copy-number plasmid vectors.
JOURNAL Gene 124: 93-8 (1993)

REFERENCE
AUTHORS De Clercq E
TITLE HIV-1-specific RT inhibitors: highly selective inhibitors of human immunodeficiency virus type 1 that are specifically targeted at the viral reverse transcriptase.
JOURNAL Med Res Rev 13: 229-58 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Decroly E; Cornet B; Martin I; Ruysschaert JM; Vandenbranden M
TITLE Secondary structure of gp160 and gp120 envelope glycoproteins of human immunodeficiency virus type 1: a Fourier transform infrared spectroscopic study.
JOURNAL J Virol 67: 3552-60 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Dube DK; Sherman MP; Saksena NK; Bryz-Gornia V; Mendelson J; Love J; Arnold CB; Spicer T; Dube S; Glaser JB; et al
TITLE Genetic heterogeneity in human T-cell leukemia/lymphoma virus type II.
JOURNAL J Virol 67: 1175-84 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Echetebu CO; Rice AP
TITLE Mutational analysis of the amino and carboxy termini of the HIV-2 Tat protein.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 6: 550-7 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Ehrenreich H; Rieckmann P; Sinowatz F; Weih KA; Arthur LO; Goebel FD; Burd PR; Coligan JE; Clouse KA
TITLE Potent stimulation of monocytic endothelin-1 production by HIV-1 glycoprotein 120.
JOURNAL J Immunol 150: 4601-9 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Ejima E; Rosenblatt JD; Massari M; Quan E; Stephens D; Rosen CA; Prager D
TITLE Cell-type-specific transactivation of the parathyroid hormone-related protein gene promoter by the human T-cell leukemia virus type I (HTLV-I) tax and HTLV-II tax proteins.
JOURNAL Blood 81: 1017-24 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Elovaara I; Koenig S; Brewah AY; Woods RM; Lehky T; Jacobson S
TITLE High human T cell lymphotropic virus type 1 (HTLV-1)-specific precursor cytotoxic T lymphocyte frequencies in patients with HTLV-1-associated neurological disease.
JOURNAL J Exp Med 177: 1567-73 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Fauci AS
TITLE Immunopathogenesis of HIV infection.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 6: 655-62 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Fazely F; Sharma PL; Fratazzi C; Greene MF; Wyand MS; Memon MA; Penninck D; Ruprecht RM
TITLE Simian immunodeficiency virus infection via amniotic fluid: a model to study fetal immunopathogenesis and prophylaxis.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 6: 107-14 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Fujita M; Shiku H
TITLE A human T lymphotropic virus type I (HTLV-I) long terminal repeat-directed antisense c-myc construct with an Epstein-Barr virus replicon vector inhibits cell growth in a HTLV-I-transformed human T cell line.
JOURNAL FEBS Lett 322: 15-20 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Furukawa K; Akagi T; Nagata Y; Yamada Y; Shimotohno K; Cheung NK; Shiku H; Furukawa K
TITLE GD2 ganglioside on human T-lymphotropic virus type I-infected T cells: possible activation of beta-1,4-N-acetylgalactosaminyltransferase gene by p40tax.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 90: 1972-6 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Gabriel JL; Mitchell WM
TITLE Proposed atomic structure of a truncated human immunodeficiency virus glycoprotein gp120 derived by molecular modeling: target CD4 recognition and docking mechanism.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 90: 4186-90 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Gessain A; Boeri E; Yanagihara R; Gallo RC; Franchini G
TITLE Complete nucleotide sequence of a highly divergent human T-cell leukemia (lymphotropic) virus type I (HTLV-I) variant from melanesia: genetic and phylogenetic relationship to HTLV-I strains from other geographical regions.
JOURNAL J Virol 67: 1015-23 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Gilman M
TITLE Viral transactivation. Pleiotropy and henchman X [news; comment]
JOURNAL Nature 361: 687-8 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Giraudon P; Dufay N; Hardin H; Reboul A; Tardy M; Belin MF
TITLE Differentiation of a medulloblastoma cell line towards an astrocytic lineage using the human T lymphotropic retrovirus-1.
JOURNAL Neuroscience 52: 1069-79 (1993)

Supplemental References (1993)

REFERENCE
AUTHORS Goodman MF; Creighton S; Bloom LB; Petruska J
TITLE Biochemical basis of DNA replication fidelity.
JOURNAL Crit Rev Biochem Mol Biol 28: 83-126 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Griffiths JC; Harris SJ; Layton GT; Berrie EL; French TJ; Burns NR; Adams SE; Kingsman AJ
TITLE Hybrid human immunodeficiency virus Gag particles as an antigen carrier system: induction of cytotoxic T-cell and humoral responses by a Gag:V3 fusion.
JOURNAL J Virol 67: 3191-8 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Gutekunst KA; Kashanchi F; Brady JN; Bednarik DP
TITLE Transcription of the HIV-1 LTR is regulated by the density of DNA CpG methylation.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 6: 541-9 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Hammes SR; Greene WC
TITLE Multiple arginine residues within the basic domain of HTLV-I Rex are required for specific RNA binding and function.
JOURNAL Virology 193: 41-9 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Hayashi K; Ohara N; Fujiwara K; Aoki H; Jeon HJ; Takahashi K; Tomita N; Miyamoto K; Akagi T
TITLE Co-expression of CD4 and CD8 associated with elevated interleukin-4 in a cord T cell line derived by co-cultivating normal cord leukocytes and an HTLV-II-producing simian leukocyte cell line (Si-IIA).
JOURNAL J Cancer Res Clin Oncol 119: 137-41 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Hayashi T; Ueno Y; Okamoto T
TITLE Oxidoreductive regulation of nuclear factor kappa B. Involvement of a cellular reducing catalyst thioredoxin.
JOURNAL J Biol Chem 268: 11380-8 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Henklein P; Schubert U; Kunert O; Klabunde S; Wray V; Kloppel KD; Kiess M; Portsmann T; Schomburg D
TITLE Synthesis and characterization of the hydrophilic C-terminal domain of the human immunodeficiency virus type 1-encoded virus protein U (Vpu).
JOURNAL Pept Res 6: 79-87 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Hirsch VM; Dapolito GA; Goldstein S; McClure H; Emau P; Fultz PN; Isahakia M; Lenroot R; Myers G; Johnson PR
TITLE A distinct African lentivirus from Sykes' monkeys.
JOURNAL J Virol 67: 1517-28 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Howcroft TK; Strebel K; Martin MA; Singer DS
TITLE Repression of MHC class I gene promoter activity by two-exon Tat of HIV.
JOURNAL Science 260: 1320-2 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Ikeda K; Okazaki R; Inoue D; Ogata E; Matsumoto T
TITLE Transcription of the gene for parathyroid hormone-related peptide from the human is activated through a cAMP-dependent pathway by prostaglandin E1 in HTLV-I-infected T cells.
JOURNAL J Biol Chem 268: 1174-9 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Iuzhakov AA; Chidzhavadze ZG; Bibilashvili RSh
TITLE [Synthesis of 3'-mercapto-2', 3'-dideoxynucleoside-5' -triphosphates and their properties in DNA synthesis with RNA-dependent DNA polymerases]
JOURNAL Bioorg Khim 19: 307-17 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Jacobson S; Lehky T; Nishimura M; Robinson S; McFarlin DE; Dhib-Jalbut S
TITLE Isolation of HTLV-II from a patient with chronic, progressive neurological disease clinically indistinguishable from HTLV-I-associated myelopathy/tropical spastic paraparesis.
JOURNAL Ann Neurol 33: 392-6 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Javaherian K; Langlois AJ; LaRosa GJ
TITLE SIV neutralization epitopes.
JOURNAL Chem Immunol 56: 78-90 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Jiang M; Mak J; Ladha A; Cohen E; Klein M; Rovinski B; Kleiman L
TITLE Identification of tRNAs incorporated into wild-type and mutant human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL J Virol 67: 3246-53 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Johnston MI; Hoth DF
TITLE Present status and future prospects for HIV therapies.
JOURNAL Science 260: 1286-93 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Johnston PB; Dubay JW; Hunter E
TITLE Truncations of the simian immunodeficiency virus transmembrane protein confer expanded virus host range by removing a block to virus entry into cells.
JOURNAL J Virol 67: 3077-86 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Kageyama S; Mimoto T; Murakawa Y; Nomizu M; Ford H Jr; Shirasaka T; Gulnik S; Erickson J; Takada K; Hayashi H; et al
TITLE In vitro anti-human immunodeficiency virus (HIV) activities of transition state mimetic HIV protease inhibitors containing allophenylnorstatine.
JOURNAL Antimicrob Agents Chemother 37: 810-7 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Kappes JC; Parkin JS; Conway JA; Kim J; Brouillette CG; Shaw GM; Hahn BH
TITLE Intracellular transport and virion incorporation of vpx requires interaction with other virus type-specific components.
JOURNAL Virology 193: 222-33 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Khan AS; Heneine WM; Chapman LE; Gary HE Jr; Woods TC; Folks TM; Schonberger LB
TITLE Assessment of a retrovirus sequence and other possible risk factors for the chronic fatigue syndrome in adults.
JOURNAL Ann Intern Med 118: 241-5 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Kim HO; Schinazi RF; Shanmuganathan K; Jeong LS; Beach JW; Nampalli S; Cannon DL; Chu CK
TITLE L-beta-(2S,4S)- and L-alpha-(2S,4R)-dioxolanyl nucleosides as potential anti-HIV agents: asymmetric synthesis and structure-activity relationships.
JOURNAL J Med Chem 36: 519-28 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Kimata JT; Palker TJ; Ratner L
TITLE The mitogenic activity of human T-cell leukemia virus type I is T-cell associated and requires the CD2/LFA-3 activation pathway.
JOURNAL J Virol 67: 3134-41 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Kitajima I; Shinohara T; Bilakovics J; Brown DA; Xu X; Nerenberg M
TITLE Ablation of transplanted HTLV-I tax-transformed tumors in mice by antisense inhibition of NF-kappa B [letter]
JOURNAL Science 259: 1523 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Klarmann GJ; Schauber CA; Preston BD
TITLE Template-directed pausing of DNA synthesis by HIV-1 reverse transcriptase during polymerization of HIV-1 sequences in vitro.
JOURNAL J Biol Chem 268: 9793-802 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Klasse J; Pipkorn R; Blomberg J; Han KH; Hilton B; Ferretti JA
TITLE Three-dimensional structure and antigenicity of transmembrane-protein peptides of the human immunodeficiency virus type 1. Effects of a neutralization-escape substitution.
JOURNAL FEBS Lett 323: 68-72 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Kolesnitchenko V; Agius G; Zagury JF; Laaroubi K; Achour A; Castets M; Zagury D
TITLE Polymerase chain reaction amplified HTLV-I, HIV-1 and HIV-2 DNA fragments in subjects with mixed retroviral infections.
JOURNAL J Med Microbiol 38: 328-36 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Kondo M; Saito T; Ito A; Oka S; Takata N; Imai M
TITLE [Mutations of HIV-1 RT gene isolated from patients treated with AZT]
JOURNAL Kansenshogaku Zasshi 67: 185-9 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Koralnik IJ; Fullen J; Franchini G
TITLE The p12I, p13II, and p30II proteins encoded by human T-cell leukemia/lymphotropic virus type I open reading frames I and II are localized in three different cellular compartments.
JOURNAL J Virol 67: 2360-6 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Kotani M; Yamamura Y; Tamatani T; Kitamura F; Miyasaka M
TITLE Generation and characterization of monoclonal antibodies against rabbit CD4, CD5 and CD11a antigens.
JOURNAL J Immunol Methods 157: 241-52 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Kouri YH; Borkowsky W; Nardi M; Karpatkin S; Basch RS
TITLE Human megakaryocytes have a CD4 molecule capable of binding human immunodeficiency virus-1.
JOURNAL Blood 81: 2664-70 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Koyano-Nakagawa N; Nishida J; Arai N; Arai K; Yokota T
TITLE Reconstitution of the functional granulocyte macrophage colony stimulating factor promoter: evidence for distinct activation mechanisms that mediate the response to phorbol ester/calcium and human T cell leukemia virus type I Tax signals.
JOURNAL Int Immunol 5: 345-52 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Kubota R; Fujiyoshi T; Izumo S; Yashiki S; Maruyama I; Osame M; Sonoda S
TITLE Fluctuation of HTLV-I proviral DNA in peripheral blood mononuclear cells of HTLV-I-associated myelopathy.
JOURNAL J Neuroimmunol 42: 147-54 (1993)

Supplemental References (1993)

REFERENCE
AUTHORS Lal RB; Buckner C; Khabbaz RF; Kaplan JE; Reyes G; Hadlock K; Lipka J; Foung SK; Chan L; Coligan JE
TITLE Isotypic and IgG subclass restriction of the humoral immune responses to human T-lymphotropic virus type-I.
JOURNAL Clin Immunol Immunopathol 67: 40-9 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Lal RB; Rudolph DL; Folks TM; Hooper WC
TITLE Over expression of insulin-like growth factor receptor type-I in T-cell lines infected with human T-lymphotropic virus types-I and -II.
JOURNAL Leuk Res 17: 31-5 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Lang SM; Weeger M; Stahl-Hennig C; Coulibaly C; Hunsmann G; Muller J; Muller-Hermelink H; Fuchs D; Wachter H; Daniel MM; et al
TITLE Importance of vpr for infection of rhesus monkeys with simian immunodeficiency virus.
JOURNAL J Virol 67: 902-12 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Lavallee C; Cohen EA
TITLE HIV-1 HxBc2 strain encodes a truncated vpr gene product of 78 amino acids [letter]
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 6: 529-30 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Legrand-Poels S; Hoebeke M; Vaira D; Rentier B; Piette J
TITLE HIV-1 promoter activation following an oxidative stress mediated by singlet oxygen.
JOURNAL J Photochem Photobiol B 17: 229-37 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Lilienbaum A; Paulin D
TITLE Activation of the human vimentin gene by the Tax human T-cell leukemia virus. I. Mechanisms of regulation by the NF-kappa B transcription factor.
JOURNAL J Biol Chem 268: 2180-8 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Lisziewicz J; Sun D; Metelev V; Zamecnik P; Gallo RC; Agrawal S
TITLE Long-term treatment of human immunodeficiency virus-infected cells with antisense oligonucleotide phosphorothioates.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 90: 3860-4 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Loya S; Hizi A
TITLE The interaction of illimaquinone, a selective inhibitor of the RNase H activity, with the reverse transcriptases of human immunodeficiency and murine leukemia retroviruses.
JOURNAL J Biol Chem 268: 9323-8 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Lu W; Andrieu JM
TITLE Early identification of human immunodeficiency virus-infected asymptomatic subjects susceptible to zidovudine by quantitative viral coculture and reverse transcription-linked polymerase chain reaction.
JOURNAL J Infect Dis 167: 1014-20 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Luban J; Lee C; Goff SP
TITLE Effect of linker insertion mutations in the human immunodeficiency virus type 1 gag gene on activation of viral protease expressed in bacteria.
JOURNAL J Virol 67: 3630-4 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Lunardi-Iskandar Y; Gessain A; Lam VH; Gallo RC
TITLE Abnormal in vitro proliferation and differentiation of T cell colony-forming cells in patients with tropical spastic paraparesis/human T lymphocyte virus type I (HTLV-I)-associated myeloencephalopathy and healthy HTLV-I carriers.
JOURNAL J Exp Med 177: 741-50 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Luo Y; Peterlin BM
TITLE Juxtaposition between activation and basic domains of human immunodeficiency virus type 1 Tat is required for optimal interactions between Tat and TAR.
JOURNAL J Virol 67: 3441-5 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Luzuriaga K; McQuilken P; Alimenti A; Somasundaran M; Hesselton R; Sullivan JL
TITLE Early viremia and immune responses in vertical human immunodeficiency virus type 1 infection.
JOURNAL J Infect Dis 167: 1008-13 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Majone F; Semmes OJ; Jeang KT
TITLE Induction of micronuclei by HTLV-I Tax: a cellular assay for function.
JOURNAL Virology 193: 456-9 (1993)

REFERENCE
AUTHORS McGuire KL; Curtiss VE; Larson EL; Haseltine WA
TITLE Influence of human T-cell leukemia virus type I tax and rex on interleukin-2 gene expression.
JOURNAL J Virol 67: 1590-9 (1993)

REFERENCE
AUTHORS McMahon JB; Gulakowski RJ; Weislow OS; Schultz RJ; Narayanan VL; Clanton DJ; Pedemonte R; Wassmundt FW; Buckheit RW Jr; Decker WD; et al
TITLE Diarylsulfones, a new chemical class of nonnucleoside antiviral inhibitors of human immunodeficiency virus type 1 reverse transcriptase.
JOURNAL Antimicrob Agents Chemother 37: 754-60 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Merelli E; Sola P; Marasca R; Salati R; Torelli G
TITLE Failure to detect genomic material of HTLV I or HTLV-II in mononuclear cells of Italian patients with multiple sclerosis and chronic progressive myelopathy.
JOURNAL Eur Neurol 33: 23-6 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Mita S; Sugimoto M; Nakamura M; Murakami T; Tokunaga M; Uyama E; Araki S
TITLE Increased human T lymphotropic virus type I (HTLV-I) proviral DNA in peripheral blood mononuclear cells and bronchoalveolar lavage cells from Japanese patients with HTLV I associated myelopathy.
JOURNAL Am J Trop Med Hyg 48: 170-7 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Monell CR; Hoover DR; Odaka N; He X; Saah AJ; Strand M
TITLE Assessment of the antibody response to the immunosuppressive/immunodominant region of HIV gp41 in a 5 year longitudinal study.
JOURNAL J Med Virol 39: 125-30 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Moore JP
TITLE A monoclonal antibody to the CDR 4 region of CD4 inhibits soluble CD4 binding to virions of human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL J Virol 67: 3656-9 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Morikawa Y; Barsov E; Jones I
TITLE Legitimate and illegitimate cleavage of human immunodeficiency virus glycoproteins by furin.
JOURNAL J Virol 67: 3601-4 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Moriya T; Saito K; Kurita H; Matsumoto K; Okuda T; Mori H; Morimoto M; Ueba N; Kunita N
TITLE A new candidate for an anti HIV 1 agent: modified cyclodextrin sulfate (mCDS71).
JOURNAL J Med Chem 36: 1674-7 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Muller MC; Saksena NK; Nerrienet E; Chappey C; Herve VM; Durand JP; Legal Campodonico P; Lang MC; Digoutte JP; Georges AJ; et al
TITLE Simian immunodeficiency viruses from central and western Africa: evidence for a new species specific lentivirus in tantalus monkeys.
JOURNAL J Virol 67: 1227-35 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Murakami T; Matsushita S; Maeda Y; Takatsuki K; Uchiyama T; Hattori T
TITLE Applications of biotinylated V3 loop peptides of human immunodeficiency virus type 1 to flow cytometric analyses and affinity chromatographic techniques.
JOURNAL Biochim Biophys Acta 1181: 155-62 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Nagasato K; Nakamura T; Ichinose K; Nishiura Y; Ohishi K; Shibayama K; Watanabe H; Tsujihata M; Nagataki S
TITLE Heparin treatment in patients with human T-lymphotropic virus type I (HTLV-I)-associated myelopathy: a preliminary study.
JOURNAL J Neurol Sci 115: 161-8 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Nam GH; Copeland TD; Hatanaka M; Oroszlan S
TITLE Characterization of ribosomal frameshifting for expression of pol gene products of human T-cell leukemia virus type I.
JOURNAL J Virol 67: 196-203 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Natazuka T; Umemiya-Okada T; Matsui T; Saida T; Nakao Y
TITLE FK506 and cyclosporin a regulate proliferation and proto-oncogene expression in HTLV I associated myelopathy/tropical spastic paraparesis-derived T cells.
JOURNAL Int J Cancer 54: 348-54 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Noraz N; Benichou S; Madaule P; Tiollais P; Vernant JC; Desgranges C
TITLE Expression of HTLV-I Env and Tax recombinant peptides in yeast: identification of immunogenic domains.
JOURNAL Virology 193: 80-8 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Nyunoya H; Morita T; Sato T; Honma S; Tsujimoto A; Shimotohno K
TITLE Cloning of a cDNA encoding a DNA-binding protein TAXREB302 that is specific for the tax-responsive enhancer of HTLV-I.
JOURNAL Gene 126: 251-5 (1993)

Supplemental References (1993)

REFERENCE
AUTHORS Orchard K; Lang G; Harris J; Collins M; Latchman D
TITLE A palindromic element in the human immunodeficiency virus long terminal repeat binds retinoic acid receptors and can confer retinoic acid responsiveness on a heterologous promoter.
JOURNAL J Acquir Immune Defic Syndr 6: 440-5 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Ou CY; Takebe Y; Weniger BG; Luo CC; Kalish ML; Auwanit W; Yamazaki S; Gayle HD; Young NL; Schochetman G
TITLE Independent introduction of two major HIV-1 genotypes into distinct high-risk populations in Thailand.
JOURNAL Lancet 341: 1171-4 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Patterson BK; Till M; Otto P; Goolsby C; Furtado MR; McBride LJ; Wolinsky SM
TITLE Detection of HIV-1 DNA and messenger RNA in individual cells by PCR-driven in situ hybridization and flow cytometry.
JOURNAL Science 260: 976-9 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Pavlish OA; Syrtsev AV; Shcherbak LN; Gurtsevich VE
TITLE [Differential expression of recombinant hybrid proteins containing amino- and carboxy-terminal regions of the exterior large glycoprotein (gp46) of the human T-cell leukemia virus (HTLV-I) in Escherichia coli cells]
JOURNAL Mol Biol (Mosk) 27: 120-31 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Pincus SH; Messer KG; Schwartz DH; Lewis GK; Graham BS; Blattner WA; Fisher G
TITLE Differences in the antibody response to human immunodeficiency virus-1 envelope glycoprotein (gp160) in infected laboratory workers and vaccinees.
JOURNAL J Clin Invest 91: 1987-96 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Pique C; Pham D; Tursz T; Dokhelar MC
TITLE The cytoplasmic domain of the human T-cell leukemia virus type I envelope can modulate envelope functions in a cell type-dependent manner.
JOURNAL J Virol 67: 557-61 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Powell JD; Bednarik DP; Folks TM; Jehuda-Cohen T; Villinger F; Sell KW; Ansari AA
TITLE Inhibition of cellular activation of retroviral replication by CD8+ T cells derived from non-human primates.
JOURNAL Clin Exp Immunol 91: 473-81 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Prasad MV; Shanmugam G
TITLE Retinoblastoma gene inhibits transactivation of HIV-LTR linked gene expression upon co-transfection in He La cells.
JOURNAL Biochem Mol Biol Int 29: 57-62 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Praseuth D; Guieysse AL; Itkes AV; Helene C
TITLE Unexpected effect of an anti-human immunodeficiency virus intermolecular triplex-forming oligonucleotide in an in vitro transcription system due to RNase H-induced cleavage of the RNA transcript.
JOURNAL Antisense Res Dev 3: 33-44 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Radka SF; Nakamura S; Sakurada S; Salahuddin SZ
TITLE Correlation of oncostatin M secretion by human retrovirus-infected cells with potent growth stimulation of cultured spindle cells from AIDS-Kaposi's sarcoma.
JOURNAL J Immunol 150: 5195-201 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Ranganathan PN; Khalili K
TITLE The transcriptional enhancer element, kappa B, regulates promoter activity of the human neurotropic virus, JCV, in cells derived from the CNS.
JOURNAL Nucleic Acids Res 21: 1959-64 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Reichman RC; Tejani N; Lambert JL; Strussenberg J; Bonnez W; Blumberg B; Epstein L; Dolin R
TITLE Didanosine (ddI) and zidovudine (ZDV) susceptibilities of human immunodeficiency virus (HIV) isolates from long-term recipients of ddI.
JOURNAL Antiviral Res 20: 267-77 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Richman DD
TITLE HIV drug resistance.
JOURNAL Annu Rev Pharmacol Toxicol 33: 149-64 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Rideout D; Schinazi R; Pauza CD; Lovelace K; Chiang LC; Calogeropoulou T; McCarthy M; Elder JH
TITLE Derivatives of 4-amino-3,6-disulfonato-1,8- naphthalimide inhibit reverse transcriptase and suppress human and feline immunodeficiency virus expression in cultured cells.
JOURNAL J Cell Biochem 51: 446-57 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Rudensey LM; Papenhausen MD; Overbaugh J
TITLE Replication and persistence of simian immunodeficiency virus variants after passage in macaque lymphocytes and established human cell lines.
JOURNAL J Virol 67: 1727-33 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Rudolph DL; Lal RB
TITLE Discrimination of human T-lymphotropic virus type-I and type-II infections by synthetic peptides representing structural epitopes from the envelope glycoproteins.
JOURNAL Clin Chem 39: 288-92 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Saiga A; Tanaka T; Orita S; Sato A; Sato S; Hachisu T; Abe K; Kimura Y; Kondo Y; Fujiwara T; et al
TITLE Human T-cell leukemia virus type 1 protease protein expressed in Escherichia coli possesses aspartic proteinase activity.
JOURNAL Arch Virol 128: 195-210 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Sakamoto T; Nakamura Y; Sato T
TITLE [Exon trapping and its application]
JOURNAL Tanpakushitsu Kakusan Koso 38: 626-33 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Salvetti A; Lilienbaum A; Li Z; Paulin D; Gazzolo L
TITLE Identification of a negative element in the human vimentin promoter: modulation by the human T-cell leukemia virus type I Tax protein.
JOURNAL Mol Cell Biol 13: 89-97 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Schinazi RF; Lloyd RM Jr; Nguyen MH; Cannon DL; McMillan A; Ilksoy N; Chu CK; Liotta DC; Bazmi HZ; Mellors JW
TITLE Characterization of human immunodeficiency viruses resistant to oxathiolane-cytosine nucleosides.
JOURNAL Antimicrob Agents Chemother 37: 875-81 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Schwartz O; Riviere Y; Heard JM; Danos O
TITLE Reduced cell surface expression of processed human immunodeficiency virus type 1 envelope glycoprotein in the presence of Nef.
JOURNAL J Virol 67: 3274-80 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Sczakiel G; Homann M; Rittner K
TITLE Computer-aided search for effective antisense RNA target sequences of the human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL Antisense Res Dev 3: 45-52 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Semple MG; Kaye S; Loveday C; Tedder RS
TITLE HIV-1 plasma viraemia quantification: a non-culture measurement needed for therapeutic trials.
JOURNAL J Virol Methods 41: 167-79 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Shattock RJ; Friedland JS; Griffin GE
TITLE Release of human immunodeficiency virus by THP-1 cells and human macrophages is regulated by cellular adherence and activation.
JOURNAL J Virol 67: 3569-75 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Sheng N; Dennis D
TITLE Active site labeling of HIV-1 reverse transcriptase.
JOURNAL Biochemistry 32: 4938-42 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Sherman MP; Dube DK; Saksena NK; Poiesz BJ
TITLE Human T-cell lymphoma/leukemia retroviruses and malignancy.
JOURNAL Cancer Treat Res 64: 79-103 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Shinzato O; Kamihira S; Ikeda S; Kondo H; Kanda T; Nagata Y; Nakayama E; Shiku H
TITLE Relationship between the anti-HTLV-1 antibody level, the number of abnormal lymphocytes and the viral-genome dose in HTLV-1-infected individuals.
JOURNAL Int J Cancer 54: 208-12 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Shioiri S; Tachibana N; Okayama A; Ishihara S; Tsuda K; Essex M; Stuver SO; Mueller N
TITLE Analysis of anti-Tax antibody of HTLV-I carriers in an endemic area in Japan.
JOURNAL Int J Cancer 53: 1-4 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Skowronski J; Parks D; Mariani R
TITLE Altered T cell activation and development in transgenic mice expressing the HIV-1 nef gene.
JOURNAL EMBO J 12: 703-13 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Stanhope PE; Liu AY; Pavlat W; Pitha PM; Clements ML; Siliciano RF
TITLE An HIV-1 envelope protein vaccine elicits a functionally complex human CD4+ T cell response that includes cytolytic T lymphocytes.
JOURNAL J Immunol 150: 4672-86 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Stein CA; Cleary AM; Yakubov L; Lederman S
TITLE Phosphorothioate oligodeoxynucleotides bind to the third variable loop domain (v3) of human immunodeficiency virus type 1 gp120.
JOURNAL Antisense Res Dev 3: 19-31 (1993)

Supplemental References (1993)

REFERENCE
AUTHORS Sullivan N; Thali M; Furman C; Ho DD; Sodroski J
TITLE Effect of amino acid changes in the V1/V2 region of the human immunodeficiency virus type 1 gp120 glycoprotein on subunit association, syncytium formation, and recognition by a neutralizing antibody.
JOURNAL J Virol 67: 3674-9 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Suzuki T; Fujisawa JI; Toita M; Yoshida M
TITLE The trans-activator tax of human T-cell leukemia virus type 1 (HTLV-1) interacts with cAMP-responsive element (CRE) binding and CRE modulator proteins that bind to the 21-base-pair enhancer of HTLV-1.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 90: 610-4 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Talbott R; Kraus G; Looney D; Wong-Staal F
TITLE Mapping the determinants of human immunodeficiency virus 2 for infectivity, replication efficiency, and cytopathicity.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 90: 4226-30 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Tamamura H; Kuroda M; Masuda M; Otaka A; Funakoshi S; Nakashima H; Yamamoto N; Waki M; Matsumoto A; Lancelin JM; et al
TITLE A comparative study of the solution structures of tachyplesin I and a novel anti-HIV synthetic peptide, T22 ([Tyr5,12, Lys7]-polyphemusin II), determined by nuclear magnetic resonance.
JOURNAL Biochim Biophys Acta 1163: 209-16 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Tan GT; Wickramasinghe A; Verma S; Hughes SH; Pezzuto JM; Baba M; Mohan P
TITLE Sulfonic acid polymers are potent inhibitors of HIV-1 induced cytopathogenicity and the reverse transcriptases of both HIV-1 and HIV-2.
JOURNAL Biochim Biophys Acta 1181: 183-8 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Tao J; Frankel AD
TITLE Electrostatic interactions modulate the RNA-binding and transactivation specificities of the human immunodeficiency virus and simian immunodeficiency virus Tat proteins.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 90: 1571-5 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Tokunaga O; Watanabe T; Shimamoto Y; Tokudome S
TITLE Primary T-cell lymphoma of the gastrointestinal tract associated with human T-cell lymphotropic virus type I. An analysis using in situ hybridization and polymerase chain reaction.
JOURNAL Cancer 71: 708-16 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Trauger RJ; Giermakowska WK; Ferre F; Duffy PC; Wallace MR; Lewis DE; Beecham HJ; Burnett KG; Jensen FC; Carlo DJ
TITLE Cell-mediated immunity to HIV-1 in Walter Reed stages 1-6 individuals: correlation with virus burden.
JOURNAL Immunology 78: 611-5 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Tschachler E; Bohnlein E; Felzmann S; Reitz MS Jr
TITLE Human T-lymphotropic virus type I tax regulates the expression of the human lymphotoxin gene.
JOURNAL Blood 81: 95-100 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Tsukasaki K; Ikeda S; Murata K; Maeda T; Atogami S; Sohda H; Momita S; Jubashi T; Yamada Y; Mine M; et al
TITLE Characteristics of chemotherapy-induced clinical remission in long survivors with aggressive adult T-cell leukemia/lymphoma.
JOURNAL Leuk Res 17: 157-66 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Vassiliadis S; Stravopodis D; Kyrpides N; Grigoriou M; Papamatheakis J
TITLE One and two-level regulation patterns affecting NF-kappa B mRNA and nuclear NF-kappa B activity after treatment with TNF-alpha, IFN-gamma and IL-4.
JOURNAL Eur Cytokine Netw 4: 25-30 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Verani P; Butto S; Taddeo B; Federico M; Rossi GB
TITLE HIV variability and perspectives for a vaccine.
JOURNAL Vaccine 11: 542-4 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Verhoef K; Koken SE; Berkhout B
TITLE Electroporation of the HIV Tat trans-activator protein into cells.
JOURNAL Anal Biochem 210: 210-4 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Viktorova LS; Mozzherin DIu; Rozovskaia TA; Kukhanova MK; Kraevskii AA
TITLE [Acyclic analogs of 2',3'-dideoxy-2',3'-didehydronucleoside-5'-triphosphates--terminators of DNA synthesis, catalyzed by a broad set of DNA polymerases]
JOURNAL Mol Biol (Mosk) 27: 143-52 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Vital C; Vital A; Moynet D; Broustet A; de Mascarel A; Bloch B; Guillemain B
TITLE The presence of particles resembling human T-cell leukemia virus type I at ultrastructural examination of lymphomatous cells in a case of T-cell leukemia/lymphoma.
JOURNAL Cancer 71: 2227-32 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Vogel M; Cichutek K; Norley S; Kurth R
TITLE Self-limiting infection by int/nef-double mutants of simian immunodeficiency virus.
JOURNAL Virology 193: 115-23 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Wang B; Ugen KE; Srikantan V; Agadjanyan MG; Dang K; Refaeli Y; Sato AI; Boyer J; Williams WV; Weiner DB
TITLE Gene inoculation generates immune responses against human immunodeficiency virus type 1.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 90: 4156-60 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Weichs an der Glon C; Ashe M; Eggermont J; Proudfoot NJ
TITLE Tat-dependent occlusion of the HIV poly(A) site.
JOURNAL EMBO J 12: 2119-28 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Weir JP; Meltzer MS
TITLE Transfection of human immunodeficiency virus type 1 proviral DNA into primary human monocytes.
JOURNAL Cell Immunol 148: 157-65 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Weiss RA
TITLE How does HIV cause AIDS?
JOURNAL Science 260: 1273-9 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Wesselingh SL; Power C; Glass JD; Tyor WR; McArthur JC; Farber JM; Griffin JW; Griffin DE
TITLE Intracerebral cytokine messenger RNA expression in acquired immunodeficiency syndrome dementia.
JOURNAL Ann Neurol 33: 576-82 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Whittaker SJ; Luzzatto L
TITLE HTLV-1 provirus and mycosis fungoides [letter]
JOURNAL Science 259: 1470; discussion 1471 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Wilkinson KF; Rush BD; Sharma SK; Evans DB; Ruwart MJ; Friis JM; Bohanon MJ; Tomich PK
TITLE Development of activity assays for high-volume evaluation of human immunodeficiency virus (HIV) protease inhibitors in rat serum: results with ditekiren.
JOURNAL Pharm Res 10: 562-6 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Willey RL; Martin MA
TITLE Association of human immunodeficiency virus type 1 envelope glycoprotein with particles depends on interactions between the third variable and conserved regions of gp120.
JOURNAL J Virol 67: 3639-43 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Williams TM; Ciccarone TM; MacTough SC; Rooney CS; Balani SK; Condra JH; Emini EA; Goldman ME; Greenlee WJ; Kauffman LR; et al
TITLE 5-chloro-3-(phenylsulfonyl)indole-2-carboxamide: a novel, non-nucleoside inhibitor of HIV-1 reverse transcriptase.
JOURNAL J Med Chem 36: 1291-4 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Williamson RA; Burioni R; Sanna PP; Partridge LJ; Barbas CF 3d; Burton DR
TITLE Human monoclonal antibodies against a plethora of viral pathogens from single combinatorial libraries.
JOURNAL Proc Natl Acad Sci U S A 90: 4141-5 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Wolfs TF; Nara PL; Goudsmit J
TITLE Genotypic and phenotypic variation of HIV-1: impact on AIDS pathogenesis and vaccination.
JOURNAL Chem Immunol 56: 1-33 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Wu J; Amandoron E; Li X; Wainberg MA; Parniak MA
TITLE Monoclonal antibody-mediated inhibition of HIV-1 reverse transcriptase polymerase activity. Interaction with a possible deoxynucleoside triphosphate binding domain.
JOURNAL J Biol Chem 268: 9980-5 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Yamade I; Isono T; Ishiguro T; Yoshida Y
TITLE Comparative study of human and rabbit cell infection with cell-free HTLV-I.
JOURNAL J Med Virol 39: 75-9 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Yamato K; Oka T; Hiroi M; Iwahara Y; Sugito S; Tsuchida N; Miyoshi I
TITLE Aberrant expression of the p53 tumor suppressor gene in adult T-cell leukemia and HTLV-I-infected cells.
JOURNAL Jpn J Cancer Res 84: 4-8 (1993)

Supplemental References (1993)

REFERENCE
AUTHORS Yarosh DB; Alas L; Kibitel J; O'Connor A; Carrier F; Fornace AJ Jr
TITLE Cyclobutane pyrimidine dimers in UV-DNA induce release of soluble mediators that activate the human immunodeficiency virus promoter.
JOURNAL J Invest Dermatol 100: 790-4 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Yasutomi Y; Koenig S; Haun SS; Stover CK; Jackson RK; Conard P; Conley AJ; Emini EA; Fuerst TR; Letvin NL
TITLE Immunization with recombinant BCG-SIV elicits SIV-specific cytotoxic T lymphocytes in rhesus monkeys.
JOURNAL J Immunol 150: 3101-7 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Zachar V; Thomas RA; Goustin AS
TITLE Absolute quantification of target DNA: a simple competitive PCR for efficient analysis of multiple samples.
JOURNAL Nucleic Acids Res 21: 2017-8 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Zella D; Cavicchini A; Salemi M; Casoli C; Lori F; Achilli G; Cattaneo E; Landini V; Bertazzoni U
TITLE Molecular characterization of two isolates of human T cell leukaemia virus type II from Italian drug abusers and comparison of genome structure with other isolates.
JOURNAL J Gen Virol 74 (Pt 3): 437-44 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Zhang LQ; MacKenzie P; Cleland A; Holmes EC; Brown AJ; Simmonds P
TITLE Selection for specific sequences in the external envelope protein of human immunodeficiency virus type 1 upon primary infection.
JOURNAL J Virol 67: 3345-56 (1993)

REFERENCE
AUTHORS Zweerink HJ; Gammon MC; Utz U; Sauma SY; Harrer T; Hawkins JC; Johnson RP; Sirotina A; Hermes JD; Walker BD; et al
TITLE Presentation of endogenous peptides to MHC class I-restricted cytotoxic T lymphocytes in transport deletion mutant T2 cells.
JOURNAL J Immunol 150: 1763-71 (1993)

REFERENCE
AUTHORS de Montalembert M; Wattel E; Lefrere F; Mariotti M; Agis F; Ferrer-le-Coeur F; Girot R; Lefrere JJ
TITLE Human T-cell lymphotropic virus type I and II DNA amplification in seropositive and seronegative at-risk individuals.
JOURNAL Transfusion 33: 106-10 (1993)

REFERENCE
AUTHORS el Dareer SM; Tillery KF; Rose LM; Posey CF; Struck RF; Stiller SW; Hill DL
TITLE Metabolism and disposition of a thiazolobenzimidazole active against human immunodeficiency virus-1.
JOURNAL Drug Metab Dispos Biol Fate Chem 21: 231-5 (1993)

*U.S. GOVERNMENT PRINTING OFFICE 1993-0-774-036/87025

ON-LINE AVAILABILITY of the HIV DATABASE

The 'Human Retroviruses and AIDS' database can now distribute files via a new 'anonymous' ftp site. This site will contain plain text files as well as archived and compressed files for convenient downloading of information. Currently, the site provides a comprehensive compilation of the nucleic acid and protein sequences published by the HIV database since 1987. Additional types of information may be provided on the site in the near future.

To access the site, 'ftp' to 'atlas.lanl.gov' or '128.165.24.191' and login as 'anonymous', using your email address as a password. Change directory to 'pub/aids-db'. Download and read the file 'README.TXT'. It will describe the current contents of this directory and subdirectories and explain how to access the information.

A similar 'anonymous' ftp site (described in the Introduction to the August 1993 release) is still available at 'ncbi.nlm.nih.gov'.

For questions about the on-line service please contact Kersti MacInnes at:

phone: (505) 665-4453
email: kam@temin.lanl.gov
fax: (505) 665-3493

Los Alamos
Los Alamos National Laboratory
Los Alamos, New Mexico 87545

GERALD MYERS
HIV Sequence Database
Group T-10, Mail Stop K710
(505) 665-0480; e-mail: glm%life@lanl.gov
FAX: (505) 665-3493

2 Dec 1993

Dear Colleague,

Enclosed are some additional sections of the 1993 HIV Sequence Database compendium: to be included in Part I are many recently published sequences (among which are the numerous sequences reported by Zhu et al., Science 261: 1179-1181, 1993, and by Shugars et al., J.Virol.67:4639-4650,1993); Part III, consisting of various sequence analyses, curatorial summaries, and figures, is new. We anticipate publishing one further update of the 1993 compendium early in 1994 that will feature many U.S. sample sequences generated through the NIH/NIAID/DAIDS Variation Program (James Bradac, Project Officer) as well as numerous international sample sequences generated by the WHO/GPA Network (Saladin Osmanov and Jose Esparza, Project Officers). Most of these viral samples were taken from recent seroconverters.

Please note that page I-A-25 contains a correction of the placement of the HIV-1 major 5′ splice junction. Earlier database releases had correctly annotated this site, thus the mistake was merely typographical. We thank Nelson Michael, of HMJ/WRAIR, for bringing this matter to our attention.

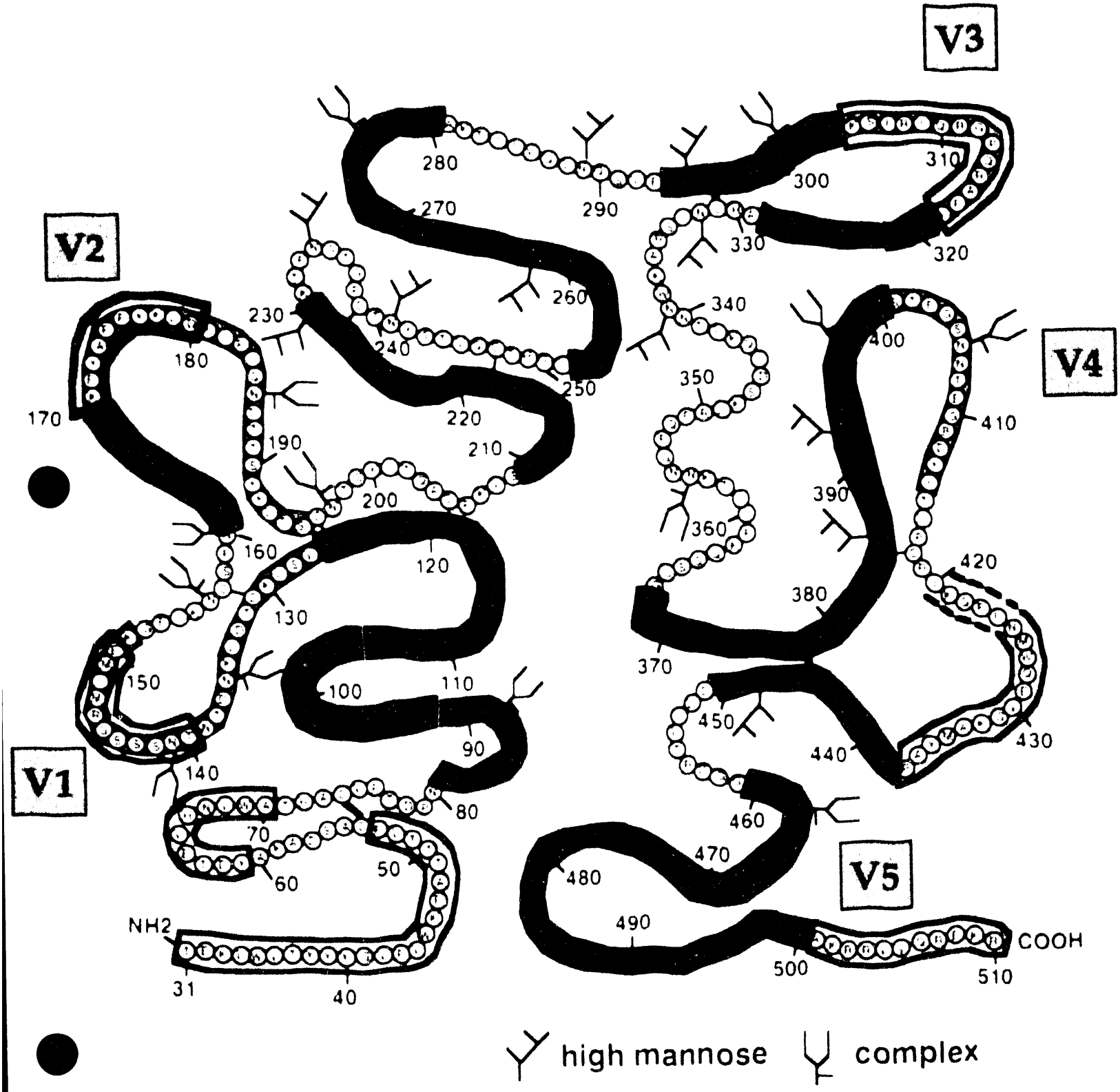
John Moore, of the Aaron Diamond AIDS Research Center, and Joseph Sodroski, of the Dana Farber Cancer Institute, provided us with the color figure of the HIV-1 env gp120. Please see page III-58; the color print is intended to appear as page III-59. The ASM Journals Division (Journal of Virology) generously gave permission to represent this figure.

The subtyping of HIV-1 env and gag sequences, which has run into some minor and unavoidable conflicts in 1993, is clarified on page III-2. We thank Francine McCutchan, Don Burke, and their colleagues at HMJ/WRAIR for assisting in the unification of the nomenclature.

Gerald Myers

An Equal Opportunity Employer/Operated by University of California

MAb epitope exposure on monomeric gp120



HIVM12199 (L15721, L15722-L15735) 281
HIVRA14018 (L19571, L19572-L19579) 283
HIVMA236X (L15143, L15138-L15142, L15144-L15187) 285
HIVMB293X (L15098, L15085-L15097, L15099-L15137) 292
HIV200A (L19139, L19138, L19131, L19132, L19135, L19137) 299
HIV3202A11 (M64489, M64490, M64491) 300
HIVA012 (M91819, M91820-M91847, M91849-M91908, M91910-M91926) 301
HIVA115D (L08287, L08277-L08286, L08288-L08372) 310
HIVG1439E (M64001) 320
HIVJ5H10A (L02235, L02225) 322
HIVN70C1X (L01258) 323
HIVTAITC1 (L23104) 324
HIVTAITM1 (L23105, S56177) 325
HIVP102A13 (L15476, L15477-L15481) 326
HIVP164A22 (L15482, L15483-L15487) 328
HIVP166A10 (L15488, L15489-L15492) 330
HIVP171A10 (L15493, L15494, L15495) 332
HIVP175A01 (L15496, L15497) 334
HIVP179A18 (L15498, L15499-L15503) 335
HIVP192A13 (L15504, L15505-L15507) 337
HIVP226A12 (L15508, L15509) 339
HIVP227A16 (L15510, L15511-L15514) 340
HIVP233A17 (L15515, L15516, L15517) 342
HIVP248A01 (L15518, L15519-L15522) 344
HIVP357A01 (L15523, L15524-L155529) 346
HIVAT11S (L21224) 348
HIVC4S1 (L21354) 369
HIVC34S2 (L21348) 371
HIVC10S3 (L21325) 375
HIVC5S4 (L21356) 377
HIVL6S1 (L21456) 379
HIVL10S2 (L21421) 381
HIVL1S3 (L21437) 385
HIVL5S4 (L21451) 387
HIVM2S1 (L21492) 389
HIVM6S2 (L21505) 391
HIVM4S3 (L24162) 397
HIVM1S4 (L21483) 399
HIVF10S1 (L21375) 401
HIVF1S2 (L21388) 403
HIVF2S3 (L21394) 407
HIVF10S4 (L21374) 409
HIVR9S2 (L21553) 411

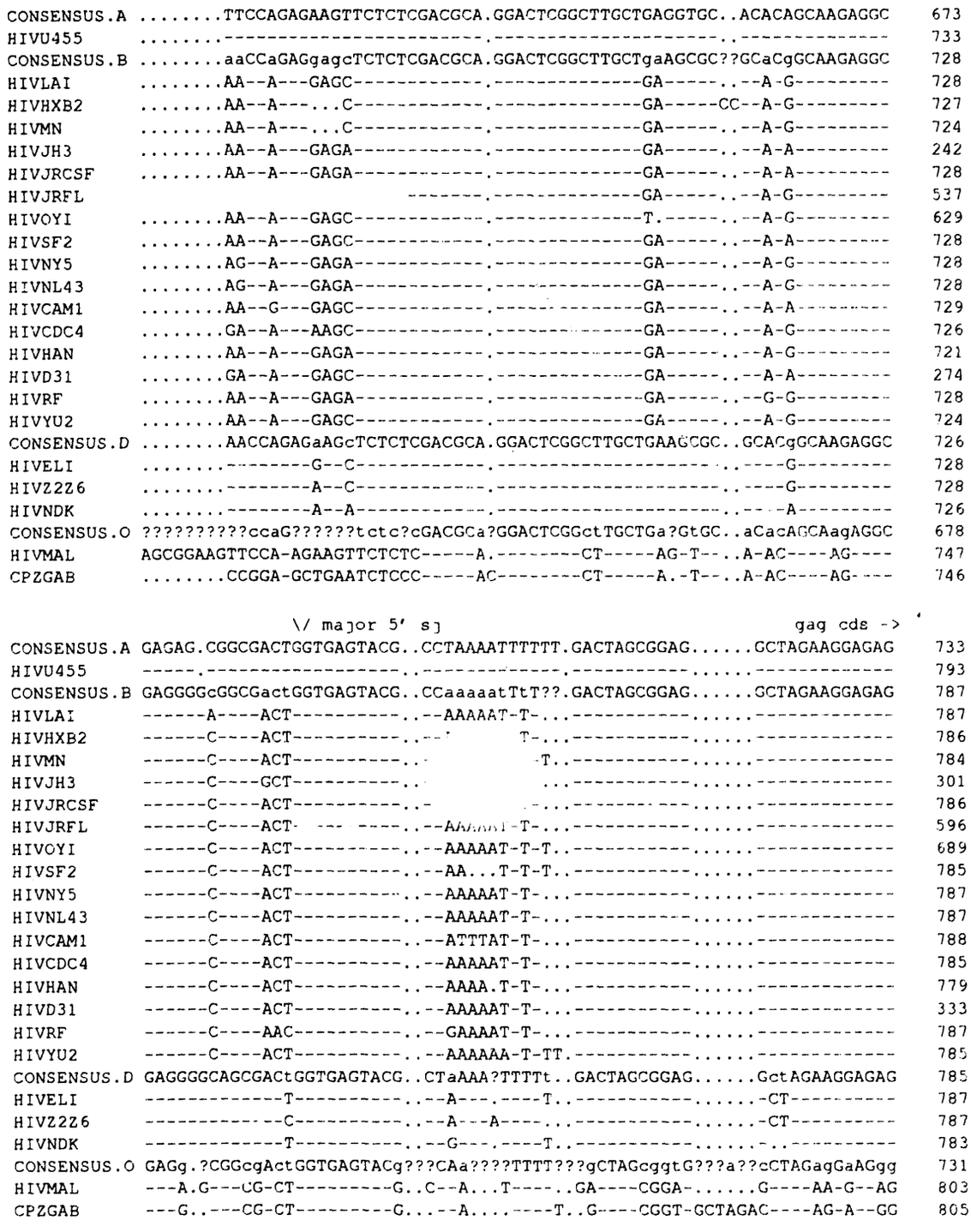
HIVR11S3 (L21523) 415
HIVR1S4 (L21534) 417
HIVV12S2 (L21561) 419
HIVV2S3 (L21578) 423
HIVV5S4 (L21585) 425

B. HIV-2 and Related SIV Sequences

Nucleotide alignments of HIV-2 and SIV sequences 1-B-1
HIV2UC1 (L07625) 82
HIV21971P6 (L16971) 86
HIV25132P1 (L16970) 87
HIV25132E2 (L16963, L16970-L16971) 88
HIV2GB1221 (L10638) 90
HIV2GB1222 (L10637) 91
HIV2GH2P22 (D10458) 92
HIV2S52907 (S52907) 93
HIV21888A (L08462) 94
SIVSMP209 (L20008, L20009, L20098-L20099) 96

C. SIVAGM and SIVMND Sequences

Nucleotide alignments of AGM sequence 1-C-1
SIVAGMT17 (L19250) 44
SIVAGMT27 (L19251) 45
SIVAGMT40 (L19252) 46
SIVAGMT49 (L19253) 47
SIVAGMT9 (L19254) 48
SIVAGMTBO5 (M81070) 49
SIVAGMTB14 (M80208) 50
SIVAGMTB30 (M81071) 51
SIVAGMTB53 (M81072) 52
SIVAGMSD29 (M81073) 53
SIVAGMSD30 (M81074) 54
SIVAGMSD37 (M81075) 55
SIVAGMSD45 (M81076) 56
SIVSYK (L06042) 57


\/ major 5' sj
gag cds ->
CONSENSUS.A
HIVU455
CONSENSUS.B
HIVLAI
HIVHXB2
HIVMN
HIVJH3
HIVJRCSF
HIVJRFL
HIVOYI
HIVSF2
HIVNY5
HIVNL43
HIVCAM1
HIVCDC4
HIVHAN
HIVD31
HIVRF
HIVYU2
CONSENSUS.D
HIVELI
HIVZ2Z6
HIVNDK
CONSENSUS.O
HIVMAL
CPZGAB

```
CONSENSUS.A AAA                          736
HIVU455     ---                          796
CONSENSUS.B AGA?                         790
HIVLAI      --                           789
HIVHXB2     --                           788
HIVMN       --                           786
HIVJH3      --                           303
HIVJRCSF    --                           788
HIVJRFL     --                           598
HIVOYI      ---                          692
HIVSF2      ---G                         789
HIVNY5      --                           789
HIVNL43     --                           789
HIVCAM1     --                           790
HIVCDC4     --                           787
HIVHAN      ---                          782
HIVD31      ---T                         337
HIVRF       --                           789
HIVYU2      --                           787
CONSENSUS.D AGA                          788
HIVELI      --                           789
HIVZ2Z6     --                           789
HIVNDK      ---                          786
CONSENSUS.O cGAAGTCTCTAGG???AG?AAG       749
HIVMAL      A-    805
CPZGAB      C-----------GGG--.---        826
```

```
LOCUS       HIV200A       144 bp
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, sample 200A from Germany,
            partial env cds (V1-V2 regions).
ACCESSION   L19139 L19138
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), sample 200, Germany;
            direct sequencing of amplified proviral DNA from patient PBMCs
REFERENCE   1  (bases 1 to 144)
  AUTHORS   Kasper,P., Kaiser,R., Kleim,J.-P., Oldenburg,J., Brackmann,H.H.,
            Rockstroh,J. and Schneweis,K.E.
  TITLE     Diversification of HIV-1 strains after infection from a unique
            source
  JOURNAL   AIDS Res. Hum. Retroviruses 9, 153-157 (1993)
COMMENT     The authors contend that this sequence along with the other
            four sequences in this set provide evidence that high genetic
            homogeneity of HIV-1 observed at seroconversion is preserved as a
            predominant consensus sequence in the latent stage of infection.
            Viral sequences from persons with hemophilia infected through one
            lot of contaminated clotting factor sometime between December 1989
            and March 1990 were analyzed 5-13 months after infection. An align-
            ment of the sequences in this set is shown below. See genbank
            accession numbers L19131-L19132, L19135, and L19137.  200A is the
            "consensus" sequence ("direct sequence") for patient A at the time
            of seroconversion.  A1098 and ABUE are samples from A at time zero
            and 13 months after sero-conversion. E1089 and E1210 are from
            patient E at time zero and 9 months later.  These sequences cluster
            with HIV-1 subtype B env sequences.
BASE COUNT       54 a     21 c     31 g     38 t
ORIGIN      453 bp downstream from the beginning of env cds
        1 atgtcactag taatgccact aatgatagta atgggggagg agaaatgaaa aactgctctt
    env ->
       61 tcaatatcac ctcaagcata agagataaga tgcagaaaga atatgcactt ttttataagc
      121 ttgatgtagt accaatagat ggcg
                              env ->
```

```
CONSENSUS ATGTCACTAGTAATGCCACTAATGATAGTAATGGGGGAGGAGAAATGAAAAACTGCTCTTTCAATATCACCT    72
HIV200A   ------------------------------------------------------------------------    72
HIVA1098A --T----------------------------A-A----A-----------------------------    72
HIVABUE   ------------------------------------------------T-----------------------    72
HIVE1089A --T-------------------------------------------------------------------    72
HIVE1210A ---------------------------A--------------------------------------------    72

CONSENSUS CAAGCATAAGAGATAAGATGCAGAAAGAATATGCACTTTTTTATAAGCTTGATGTAGTACCAATAGATGGCG    144
HIV200A   ------------------------------------------------------------------------    144
HIVA1098A ------------------------------------------------------------------------    144
HIVABUE   ------------------------------------------------------------------------    144
HIVE1089A ------------------------------------------------------------A-------    144
HIVE1210A --------------------------------C-----C--------------------------A-------    144
```

HIV3202A11

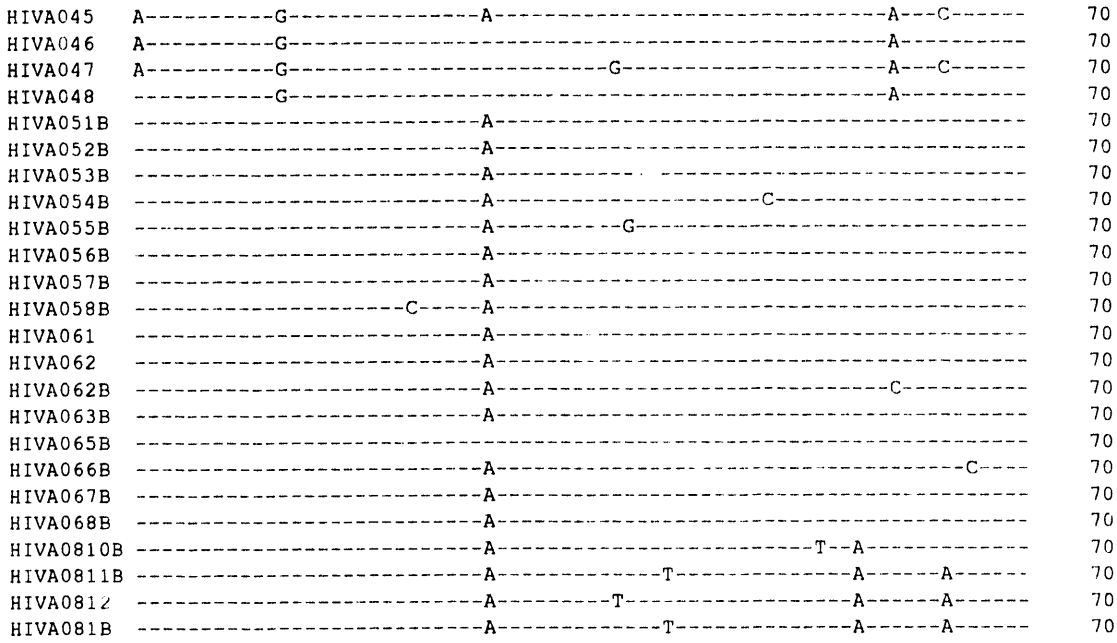
```
LOCUS       HIV3202A11    306 bp ds-DNA             VRL       25-APR-1991
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, isolate 3202A11, tat cds.
ACCESSION   M64489
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 320.2A1.1,
            cocultivated upon donor PBLs.
REFERENCE   1  (bases 1 to 306)
  AUTHORS   Groenink,M., Fouchier,R.A., De Goede,R.E., de Wolf,F.,
            Gruters,R.A., Cuypers,H.T., Huisman,H.G. and Tersmette,M.
  TITLE     Phenotypic heterogeneity in a panel of infectious molecular human
            immunodeficiencey virus type 1 clones derived from a single
            individual
  JOURNAL   J. Virol. 65, 1968-1975 (1991)
COMMENT     An individual with viruses of SI phenotype at seroconversion
            displayed a gradual increase in SI capacity from 9 weeks after
            seroconversion onward; the person progressed rapidly to AIDS
            6 months after seroconversion. The sequence for clone 320.2A.1.1
            along with other isolate clones 320.2a.1.2, 320.2A.1.2, and 320.3.1
            is shown in alignment below. See genbank accession numbers M64489-
            M64491.  These tat sequences cluster with HIV-1 subtype B tat
            sequences.
BASE COUNT      101 a     72 c     78 g     55 t
ORIGIN       Start of tat cds
        1 ATGgagccag tagatcctaa actagagcca tggaagcatc caggaagtca gcctaagact
      tat ->
       61 gcttgtaaca attgctattg taaaaagtgt tgctttcatt gccaagtttg tttcacaaaa
      121 aaaggcttag gcatctccta tggcaggaag aagcggagac agcgaagaag agctcctcaa
      181 gacagtcaga ctcatcaagc ttctctatca aagcaacccg cctcccagcc cagaggggac
      241 ccgacaggcc cgacggaacc gaagaagaag gtggagagag agacagagac agatccgtac
      301 gatTAG
             <- tat
```

```
----
CONSENSUS  ATGGAGCCAGTAGATCCTAAACTAGAGCCCTGGAAGCATCCAGGAAGTCAGCCTAAGACTGCTTGTAACA    70
HIV3202A11 ----------------------------A-------------------------------------    70
HIV3202A12 ------------------------------------------------------------------    70
HIV3202A21 ------------------------------------------------------------------    70
HIV32031   ------------------------------------------------------------------    70

CONSENSUS  ATTGCTATTGTAAAAAGTGTTGCTTTCATTGCCAAGTTTGTTTCACAAAAAAAGGCTTAGGCATCTCCTA   140
HIV3202A11 ------------------------------------------------------------------   140
HIV3202A12 ------------------------------------------------------------------   140
HIV3202A21 ------------------------------------------------------------------   140
HIV32031   ------------------------------------------------------------------   140

CONSENSUS  TGGCAGGAAGAAGCGGAGACAGCGAAGAAGAGCTCCTCAAGACAGTCAGACTCATCAAGCTTCTCTATCA   210
HIV3202A11 ------------------------------------------------------------------   210
HIV3202A12 ------------------------------------------------------------------   210
HIV3202A21 -------------------------C----------------------------------T---------   210
HIV32031   ------------------------------------------------------------------   210

CONSENSUS  AAGCAACCCGCCTCCCAGCCC?GAGGGGACCCGACAGGCCCGACGG.A?CGAAGAAGAAGGTGGAGAGAG   278
HIV3202A11 ---------------------A-------------------------C--------------------   280
HIV3202A12 ---------------------A-------------------------C--------------------   280
HIV3202A21 ---------------------C----------------------A----T--------------------   280
HIV32031   ---------T-----------C---------T-----------------T---------------------   280

CONSENSUS  AGACAGAGACAGATCCGTACGATTAG        304
HIV3202A11 -------------------------        306
HIV3202A12 -------------------------        306
HIV3202A21 ----------------GT--------        306
HIV32031   -------------------------        306
```

```
LOCUS       HIVA012       276 bp ss-mRNA            VRL       01-JUL-1992
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, sample A01-2, partial env
            cds (V3 region).
ACCESSION   M91819
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), sample A01-2,
            genomic RNA.
REFERENCE   1  (bases 1 to 276)
  AUTHORS   Wolfs,T.F., Zwart,G., Bakker,M. and Goudsmit,J.
  TITLE     HIV-1 genomic RNA diversification following sexual and parenteral
            virus transmission
  JOURNAL   Virology 189, 103-110 (1992)
COMMENT     Seven presumed donor-recipient pairs were studied directly following
            sexual (6/7) or parenteral (1/7) transmission. Recipients and their
            transmitters are A01, A02; A03, A04; A05, A06; A07, A08; A09, A10;
            A11, A12; A13, A14. Other accession numbers are M91820-M91847,
            M91849-M91908, and M91910-M91926. Six env sequence pairs cluster
            with HIV-1 subtype B env sequences (average interpatient distance
            of 11%). The largest distance observed between two sibling sequences
            was 11% [1].  A12 was a Zairean woman who apparently infected
            her partner, A11, with a D subtype virus. With pairs A01, A02 and
            A03, A04, large distances cast doubt upon the postulated
            epidemiologic linkage.  An alignment of these sequences is shown
            below.
BASE COUNT      132 a     39 c     45 g     60 t
ORIGIN      852 bp downstream from beginning of env cds
        1 atagtaatta gatctgacaa tatcacagac aatgctaaaa ccataatagt acaactaaaa
     env ->
       61 gaagctgtac aaattaattg tacaagaccc aacaacaata caagaaaaag tatacatata
                  V3 loop ->
      121 ggaccaggaa aagcatttta tgcaacagga gaaataatag gagatataag acaagcacat
      181 tgtaaccta gtagagtaga ctgggaggac actttaaaac agatagctga aaaattaaga
             <- V3 loop
      241 gaacaattta ggaataaaac aatagtcttt aatcaa
                                          env ->
```

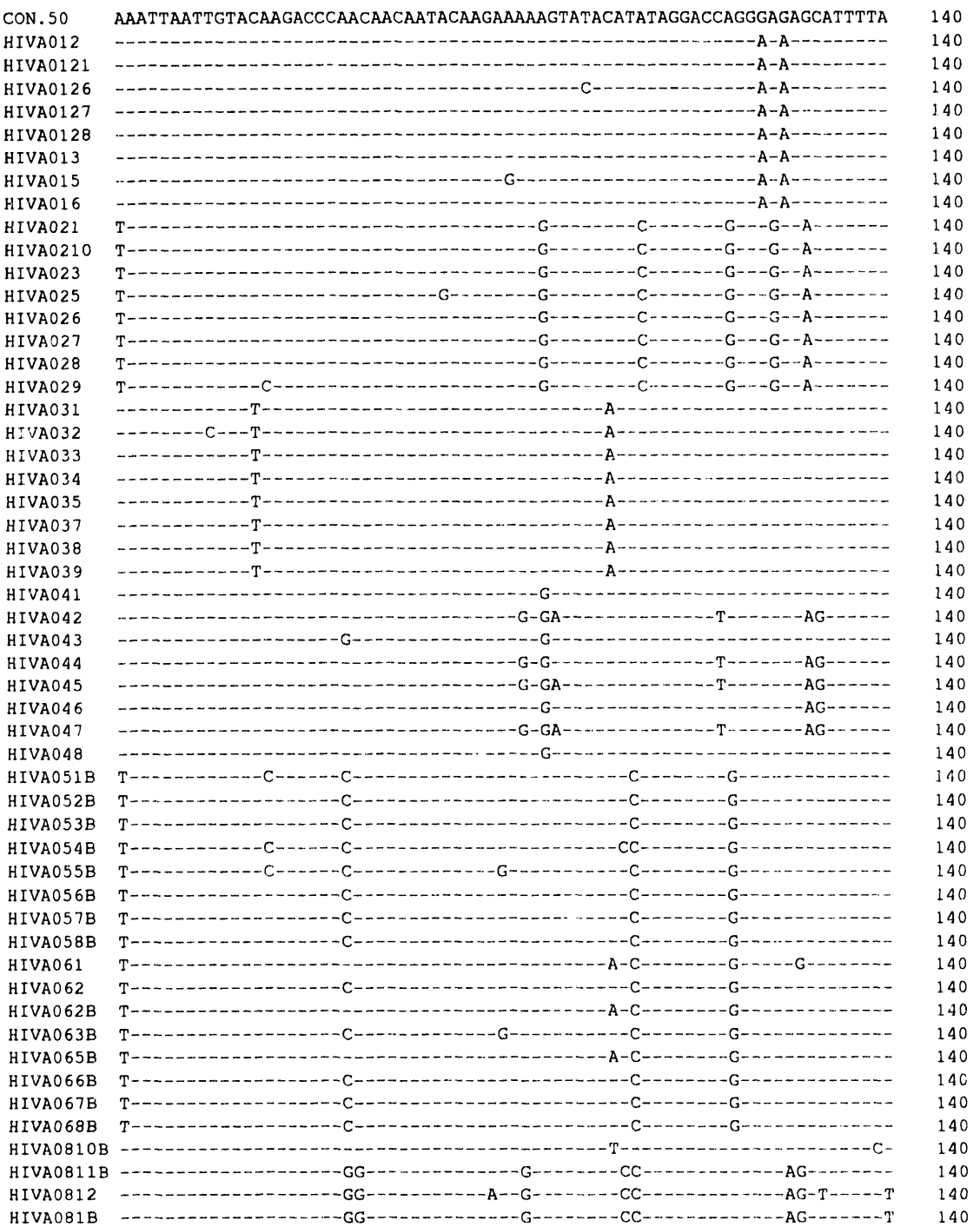
```
----
CON.50    GTAGTAATTAGATCTGAAAATTTCACGGACAATGCTAAAACCATAATAGTACAGCTGAATGAATCTGTAG    70
HIVA012   A----------------C---A----A----------------------A--A--A---G-----C    70
HIVA0121  A----------------C---A----A----------------------A--A--A---G-----C    70
HIVA0126  A----------------C---A----A----------------------A--A--A---G-----C    70
HIVA0127  A----------------C---A----A----------------------A--A--A---G-----C    70
HIVA0128  A----------------C---A----A----------------------A--A--A---G-----C    70
HIVA013   A----------------C---A----A----------------------A--A--A---G-----C    70
HIVA015   A----------------C---A----A----------------------A--A--A---G-----C    70
HIVA016   A----------------C---A----A------T----------------A--A--A---G-----C    70
HIVA021   ----------------------AA------------------G-----------G---C------    70
HIVA0210  ----------------------AA------------------G-----------G---C------    70
HIVA023   ---------------------- -AA------------------G-----------G---C------    70
HIVA025   ----------------------AA------------------G-----------G---C------    70
HIVA026   ----------------------AA------------------G---------G-G---C------    70
HIVA027   ----------------------AA------------------G-----------G---C------    70
HIVA028   ----------------------AA------------------G-----------G---C------    70
HIVA029   ----------------------AA------------------G-----------G---C------    70
HIVA031   ----C----------AGC-----------------------------G-------------------    70
HIVA032   ----C----------AGC-----------------------------G----------G-------    70
HIVA033   ----C----------AGC-----------------------------G--------C ---------    70
HIVA034   ----C----------AGC-----------------------------G-------------------    70
HIVA035   ----C----------AGC-----------------------------G-------------------    70
HIVA037   ----C----------AGC-----------------------------G-----------C------    70
HIVA038   ----C----------AGC-----------------------------G-------------------    70
HIVA039   ----C----------AGC--------A--------------------G-------------------    70
HIVA041   A----------G-------------------------------------------A----------    70
HIVA042   A----------G----------C----A----------------------A-----A---C------    70
HIVA043   ----------G------------------------------ ------ --------A----------    70
HIVA044   --------C--G---------------A------------ -- ---- ----------A---C------    70
```

HIVA012


HIVA045 A----------G--------------A-----------------------------A---C------ 70
HIVA046 A----------G---A---------- 70
HIVA047 A----------G-------------------------G-------------------A---C------ 70
HIVA048 -----------G---A---------- 70
HIVA051B ---------------------------A-- 70
HIVA052B ---------------------------A-- 70
HIVA053B ---------------------------A-- 70
HIVA054B ---------------------------A--------------------C--------------------- 70
HIVA055B ---------------------------A---------G-------------------------------- 70
HIVA056B ---------------------------A-- 70
HIVA057B ---------------------------A-- 70
HIVA058B ---------------------C-----A-- 70
HIVA061 ---------------------------A-- 70
HIVA062 ---------------------------A-- 70
HIVA062B ---------------------------A-----------------------------C---------- 70
HIVA063B ---------------------------A-- 70
HIVA065B -- 70
HIVA066B ---------------------------A---C---- 70
HIVA067B ---------------------------A-- 70
HIVA068B ---------------------------A-- 70
HIVA0810B ---------------------------A-----------------------T--A------------ 70
HIVA0811B ---------------------------A-------------T--------------A------A------ 70
HIVA0812 ---------------------------A---------T------------------A------A------ 70
HIVA081B ---------------------------A-------------T--------------A------A------ 70

```
CON.50    GTAGTAATTAGATCTGAAAATTTCACGGACAATGCTAAAACCATAATAGTACAGCTGAATGAATCTGTAG    70
HIVA082   ----------------------------A------------T--------------A------A------    70
HIVA082B  ----------------------------A---G--------T--------------A------A------    70
HIVA083B  ----------------------------A------------T--------------A------A------    70
HIVA089B  ----------------------------A------------T--------------A------A------    70
HIVA091   ----------------C-----------------------------------------------------    70
HIVA092   ----------------C-----------------------------------------------------    70
HIVA093   ----------------C-----------------------------------------------------    70
HIVA094   ----------------C-----------------------------------------------------    70
HIVA095   ----------------C-----------------------------------------------------    70
HIVA096   ----------------C-----------------C-----------------------------------    70
HIVA097   ----------------C-----------------------------------------------------    70
HIVA098   ----------------C-----------------------------------------------------    70
HIVA101   ----------------C--------T--------------------------------------------    70
HIVA102   --------C-------C--------------G------------T-------------------------    70
HIVA103   ----------------C-----------------------------------------------------    70
HIVA104   ----------------C-----------------------------------------------------    70
HIVA105   ----------------C--------T--------------------------------------------    70
HIVA106   ----------------C-----------------------------------------------------    70
HIVA107   ----------------C--------T--------------------------------------------    70
HIVA108   ----------------C-----------------------------------------------------    70
HIVA1110  A--A----C------C-----A--T-A--T---A-A----------------C--T------A-----C    70
HIVA1112  A--A----C------C-----A--T-A--T---A-A----------------C--T------A-----C    70
HIVA113   A--A----C------C-----A--T-A--T---A-A----------------C--T------A-----C    70
HIVA114   A--A----C------C-----A--T-A--T---A-A----------------C--T------G-----C    70
HIVA115   A--A----C------C-----A--T-A--T---A-A----------------C--T------A-----C    70
HIVA116   A--A----C------C-----A--T-A--T---A-A----------------C--T------A-----C    70
HIVA118   A--A----C------C-----A--T-A--T---A-A----------------C--T------A-----C    70
HIVA119   A--A----C------C-----A--T-A--T---A-A----------------C--T------A-----C    70
HIVA121   A--A----C------C-----A--T-A--T---A-A----------------C--T------A-----C    70
HIVA1210  A--A----C------C-----A--T-A--T---A-A----------------C--T------A-----C    70
HIVA122   A--A----C------C-----A--T-A--T---A-A----------------C--T------A----GC    70
HIVA123   A--A----C------C-----A--T-A--T---A-A----------------C--T------A-----C    70
HIVA124   A--A----C------C-----A--T-A--T---A-A----------------C--T------A-----C    70
HIVA125   A--A----C------C-----A--T-A--T---A-A----------------C--T------A-----C    70
HIVA126   A--A----C------C-----A--T-A--T---A-A----------------C--T------A-----C    70
HIVA128   A--A----C------C-----A--T-A--T---A-A----------------C--T------A-----C    70
HIVA13A   ---A----------CC---------A-------------------------------CA---------    70
HIVA13B   ---A----------CC---------A-------------------------------CA---------    70
HIVA1410  ---A----------CC---------A-------------------------------CA---------    70
HIVA1412  ---A----------CC---------A-------------------------------CA---------    70
HIVA143   ---A----------CC---------A-----------------------------A--CA---------    70
HIVA144   ---A----------CC----------T----------------------------CA---------    70
HIVA145   ---A----------CC---------A-------------------------------CA---------    70
HIVA146   ---A----------CC---------A----------G------------------CA---------    70
HIVA147   ---A----------CC---------A-------------------------------CA---------    70
HIVA148   ---A----------CC---------A-------------------------------CA---------    70
HIVA710B  ----------------------------A-------------------------A------A------    70
HIVA711B  ----------------------------A-------------------------A------A------    70
HIVA712B  ----------------------------A--------------------G-----A------A------    70
HIVA75B   ----------------------------A-------------------------A------A------    70
HIVA76B   ----------------------------A-------------------------A------A------    70
HIVA77B   ----------------------------A-------------------------A.-----A------    69
HIVA78B   ----------------------------A-------------------------A------A------    70
HIVA79B   ----------------------------A-------------------------A------A------    70
```

HIVA012


CON.50 AAATTAATTGTACAAGACCCAACAACAATACAAGAAAAAGTATACATATAGGACCAGGGAGAGCATTTTA 140
HIVA012 A-A 140
HIVA0121 A-A 140
HIVA0126 C A-A 140
HIVA0127 A-A 140
HIVA0128 A-A 140
HIVA013 A-A 140
HIVA015 G A-A 140
HIVA016 A-A 140
HIVA021 T G C G G A 140
HIVA0210 T G C G G A 140
HIVA023 T G C G G A 140
HIVA025 T G G C G G A 140
HIVA026 T G C G G A 140
HIVA027 T G C G G A 140
HIVA028 T G C G G A 140
HIVA029 T C G C G G A 140
HIVA031 T A 140
HIVA032 C T A 140
HIVA033 T A 140
HIVA034 T A 140
HIVA035 T A 140
HIVA037 T A 140
HIVA038 T A 140
HIVA039 T A 140
HIVA041 G 140
HIVA042 G GA T AG 140
HIVA043 G G 140
HIVA044 G G T AG 140
HIVA045 G GA T AG 140
HIVA046 G AG 140
HIVA047 G GA T AG 140
HIVA048 G 140
HIVA051B T C C C G 140
HIVA052B T C C G 140
HIVA053B T C C G 140
HIVA054B T C C CC G 140
HIVA055B T C C G C G 140
HIVA056B T C C G 140
HIVA057B T C C G 140
HIVA058B T C C G 140
HIVA061 T A C G G 140
HIVA062 T C C G 140
HIVA062B T A C G 140
HIVA063B T C G C G 140
HIVA065B T A C G 140
HIVA066B T C C G 140
HIVA067B T C C G 140
HIVA068B T C C G 140
HIVA0810B T C- 140
HIVA0811B GG G CC AG 140
HIVA0812 GG A G CC AG T T 140
HIVA081B GG G CC AG T 140

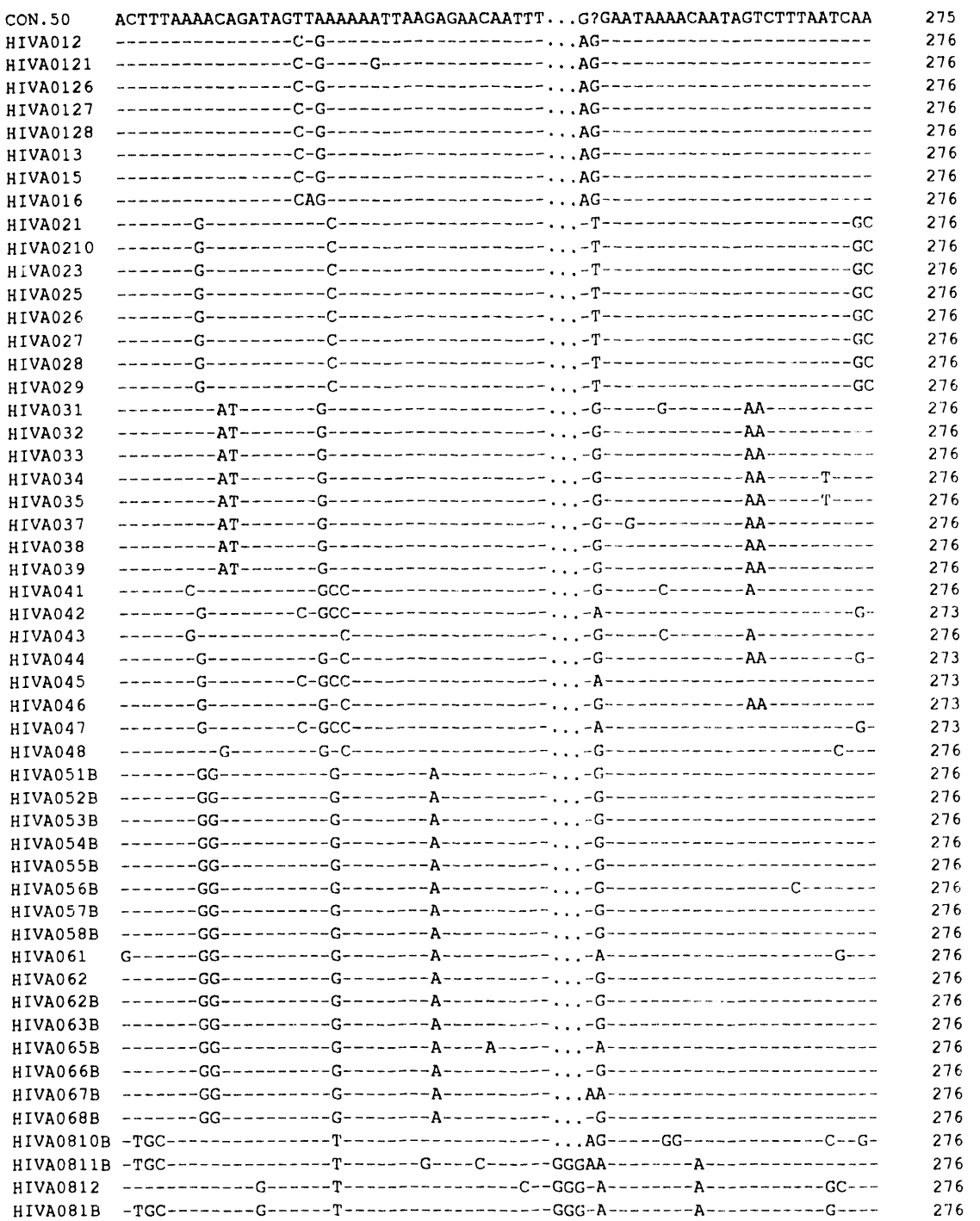
```
CON.50    AAATTAATTGTACAAGACCCAACAACAATACAAGAAAAAGTATACATATAGGACCAGGGAGAGCATTTTA   140
HIVA082   --------------------GG-------------G--------CC-------------AG--------   140
HIVA082B  --------------------GG-------------G--------CC-------------AG-------T   140
HIVA083B  --------------------GG-------------G--------CC-------------AG-------T   140
HIVA089B  --------------------GG-------------G--------CC-------------AG-T-----T   140
HIVA091   ------------------------------------------------C-------T--------------   140
HIVA092   ---C---------------------------------------------C-------T--------------   140
HIVA093   ------------------------------------------------C-------T--------------   140
HIVA094   ------------------------------------------------C-------T--------------   140
HIVA095   -------------C------------------------------------C-------T--------------   140
HIVA096   --------------------------G------------------C-------T----G----------   140
HIVA097   ------------------------------------------------C-------T--------------   140
HIVA098   ------------------------------------------------C-------T--------------   140
HIVA101   ------------------------------------------------C--------------C--------   140
HIVA102   ------------------------------------------------C--------------C--------   140
HIVA103   ------------------------------------------------C-------T--------------   140
HIVA104   G-----------------------------------------------C--------------C--------   140
HIVA105   -G----------------------------------------------GC-------------C--------   140
HIVA106   ------------------------------------------------C-------T--------------   140
HIVA107   ------------------------------------------------C--------------C--------   140
HIVA108   ------------------------------------------------C-------T--------------   140
HIVA1110  -G-------------G-------------------G----------G----------ACA------C--   140
HIVA1112  -G-------------G-------------------G----------G----------ACA------C--   140
HIVA113   -G-------------G-------------------G----------G----------ACA------C--   140
HIVA114   -G-----------C--G-------------------G----------G----------ACA------C--   140
HIVA115   -G-------------G-------------------G----------G----------ACA------C--   140
HIVA116   -G-----------C--G-------------------G----------G----------ACA------C--   140
HIVA118   -G-------------G-------------------G----------G----------ACA------C--   140
HIVA119   -G-----------------------------------G----------G----------ACA------C--   140
HIVA121   -G-------------G-------------------G----------G----------ACA------C--   140
HIVA1210  -G-------------G-------------------G----------G----------ACA------C--   140
HIVA122   -G-----------C--G-------------------G----------G----------ACA------C--   140
HIVA123   -G-------------G-------------------G----------G----------ACA------C--   140
HIVA124   -G-------------G-------------------G----------G----------ACA------C--   140
HIVA125   -G-------------G-------------------G----------G----------ACA------C--   140
HIVA126   -G-------------G-------------------G----------G----------ACA------C--   140
HIVA128   -G-------------G-------------------G----------G----------ACA------C--   140
HIVA13A   ------------------------------------------GG--AC---G-------------T--GG--   140
HIVA13B   ------------------------------------------GG--AC---G-------------T--GG--   140
HIVA1410  ------------------------------------------GG--AC---G-------------T--GG--   140
HIVA1412  ----------------------------------------------A-------------------------   140
HIVA143   ------------------------------------------GG--AC---G-------------T--GG--   140
HIVA144   ----------------------------------------------A-------------------------   140
HIVA145   ------------------------------------------GG--AC---G-------------T--GG--   140
HIVA146   ------------------------------------------GG--AC---G-------------T--GG--   140
HIVA147   ------------------------------------------GG--AC---G-------------T--GG--   140
HIVA148   ----------------------G---------------GG--AC---G-------------T--GG--   140
HIVA710B  --------------------GG-------------G--------CC-------------AG-------T   140
HIVA711B  G-------------------GG-------------G--------CC-------------AG-------T   140
HIVA712B  --------------------GG-------------G--------CC-------------AG-------T   140
HIVA75B   --------------------GG-------------G--------CC-------------AG-------T   140
HIVA76B   --------------------GG-------------G--------CC-------------AG-------T   140
HIVA77B   --------------------GG-------------G--------CC-------------AG-------T   139
HIVA78B   --------------------GG-------------G--------CC-------------AG-------T   140
HIVA79B   --------------------GG-------------G--------CC-------------AG-------T   140
```

HIVA012

```
CON.50     TACAACAGGAGAAATAATAGGAGATATAAGACAAGCACATTGTAACATTAGTAGAGCAAAATGGAATAAC  210
HIVA012    -G----------C---------T-G-C---G-GG--                                  210
HIVA0121   -G----------C---------T-G-C---G-GG--                                  210
HIVA0126   -G----------C---------T-G-C---G-GG--                                  210
HIVA0127   -G----------C---------T-G-C---G-GG--                                  210
HIVA0128   -G----------C---------T-G-C---G-GG--                                  210
HIVA013    -G----------C---------T-G-C---G-GG--                                  210
HIVA015    -G----------C---------T-G-C---G-GG--                                  210
HIVA016    -G----------C---------T-G-C---G-GG--                                  210
HIVA021    -G----------C--------TA----------G--                                  210
HIVA0210   -G----------C--------TA----------G--                                  210
HIVA023    -G----------C--------TA----------G--                                  210
HIVA025    -G----------C--------TA----------G--                                  210
HIVA026    -G----------C--------TA----------G--                                  210
HIVA027    -G----------G----------C--------TA----G------G--                      210
HIVA028    -G----------C--------TA---------- G--                                 210
HIVA029    -G----------C--------TA-C---------G--                                 210
HIVA031    ----------C----------G--------------G-                               210
HIVA032    ----------C----------G----G------C---G-                              210
HIVA033    ----------C----------G--------------G-                               210
HIVA034    ----------C----------G--------------G-                               210
HIVA035    ----------C----------G--------------G-                               210
HIVA037    ----------C----------G--------------G-                               210
HIVA038    ----------C----------G--------------G-                               210
HIVA039    ----------C----------G--------------G-                               210
HIVA041    -G----------C----------G---------------------------------------------- 210
HIVA042    ----...A-GA-G---------------------------------------------------------- 207
HIVA043    -G----------C---------------------------------------------------------- 210
HIVA044    ----...A--A-G----------------------------------------G----------------- 207
HIVA045    ----...A-GA-G---------------------------------------------------------- 207
HIVA046    ---G...A--A-G---------------------------------------------------------- 207
HIVA047    ----...A-GA-G---------------------------------------------------------- 207
HIVA048    -G----------C---------------------------------------------------------- 210
HIVA051B   ----------C-------T-T-------------                                     210
HIVA052B   ----------C-------T-T-------------                                     210
HIVA053B   ----------C-------T-T-------------                                     210
HIVA054B   ----------C-------T-T-------------                                     210
HIVA055B   ----------C-------T-TG---------G--                                    210
HIVA056B   ----------C-------T-T-------------                                     210
HIVA057B   ----------C-------T-T-------------                                     210
HIVA058B   ----------C-------T-TG------------                                    210
HIVA061    ----------C-------T-T-------------                                     210
HIVA062    ----------C-------T-T-------------                                     210
HIVA062B   ----------C-------T-T-------------                                     210
HIVA063B   ----------G----------C-------T-T-------------                         210
HIVA065B   ----------C-------T-T-----T-C-----                                    210
HIVA066B   ----------G----------C-------T-T----------G--                         210
HIVA067B   ----------C-------T-T-------------                                     210
HIVA068B   ----------G----------C-------T-T-------------                         210
HIVA0810B  --------ACAG----------G-------------                                   210
HIVA0811B  ----...AC----------A--G-------------                                   207
HIVA0812   ----...AC----------G--A-------------                                   207
HIVA081B   ----...AC-A----------A--A-------------                                 207
```

```
CON.50     TACAACAGGAGAAATAATAGGAGATATAAGACAAGCACATTGTAACATTAGTAGAGCAAAATGGAATAAC  210
HIVA082    ----...AC----------------------------------------------A--G----------  207
HIVA082B   ----...AC-A--------------------------------------------A--G----------  207
HIVA083B   ----...AC----------------------------------------------G--A----------  207
HIVA089B   ----...AC----------------------------------------------A--AC---------  207
HIVA091    ------G-----T-----------------------------------------G--A----------  210
HIVA092    ----------T-------------------------------------------G--A----------  210
HIVA093    ----------T-------------------------------------------G--A----------  210
HIVA094    ----------T-------------------------------------------G--A----------  210
HIVA095    ----------T-------------------------------------------G--A----------  210
HIVA096    ----------T-------------------------------------------G--A----------  210
HIVA097    ----------T-------------------------------------------G--A----------  210
HIVA098    ----------T-------------------------------------------G--A----------  210
HIVA101    ----------T-------------------------------------------A----------  210
HIVA102    ----------T-------------------------------------------A----------  210
HIVA103    ----------T-------------------------------------------A---------G----  210
HIVA104    ----------T-------------------------------------------A----------  210
HIVA105    ----------T-------------------------------------------A----------  210
HIVA106    ----------T-------------------------------------------A----------  210
HIVA107    ----------T-------------------------------------------A----------  210
HIVA108    ----------T-------------------------------------------A----------  210
HIVA1110   -G-------T--T---------A-C------A-G----------------A-G-----C----------A  210
HIVA1112   -G-------T--T---------A-C------A-G----------------A-G--A--C----------A  210
HIVA113    -G-------T--T---------A-C------A-G----------------A-G--A--C----------A  210
HIVA114    -G-------T--T---------A-C------A-G----------------A-G--A--C----------A  210
HIVA115    -G-------T--T---------A-C------A-G----------------A-G--A--C----------A  210
HIVA116    -G-------T--T---------A-C------A-G----------------A-G--A--C----------A  210
HIVA118    -G-------T--T---------A-C------A-G----------------A-G--A--C----------A  210
HIVA119    -G-------T--T---------A-C------A-G----------------A-G--A--C----------A  210
HIVA121    -G-------T--T-------A-A-C------A-G---------G------A-G--A--C----------A  210
HIVA1210   -G-------T--T---------A-C------A-G---------G------A-G--A--C----------A  210
HIVA122    -G-------T--T---------A-C------A-G---------G------A-G--A--C----------A  210
HIVA123    -G-------T--T---------A-C------A-G---------G-T----A-G--A--C----------A  210
HIVA124    -G-------T--T---------A-C------A-G---------G------A-G--A--C----------A  210
HIVA125    -G-------T--T---------A-C------A-G---------G------A-G--A--C----------A  210
HIVA126    -G-------T--T---------A-C------A-G----------------A-G--A--C----------A  210
HIVA128    -G-------T--T---------A-C------A-G---------G------A-G--A--C----------A  210
HIVA13A    ----------------------A------A----------------C----------G-----G-G---  210
HIVA13B    ----------------------A------A----------------C----------G-----G-G---  210
HIVA1410   ----------------------A------A----------------C----------G-----G-G---  210
HIVA1412   ----------------------------A----------------C--G--------G-------G---  210
HIVA143    ----------------------A------A----------------C----------G-----G-G---  210
HIVA144    ----------------------------A----------------C----------G-------G---  210
HIVA145    ----------------------A------A----------------C----------G-----G-G---  210
HIVA146    ----------------------A------A----------------C----------G-----G-G---  210
HIVA147    ----------------------A------A----------------C----------G-----G-G---  210
HIVA148    ----------------------A------A----------------C----------G-----G-G---  210
HIVA710B   ----...AC----------------------------------------------A--G----C-------  207
HIVA711B   ----...AC----------------------------------------------A--G----------  207
HIVA712B   ----...AC--------------------------------C-------------A--G----------  207
HIVA75B    ----...AC----------------------------------------------A--G--G---------  207
HIVA76B    ----...AC----------------------------------------------A--G----------  207
HIVA77B    ----...AC----------------------------------------------A--G----------  206
HIVA78B    ----...AC----------------------------------------------A--G----------  207
HIVA79B    ----...AC----------------------------------------------A--G----------  207
```

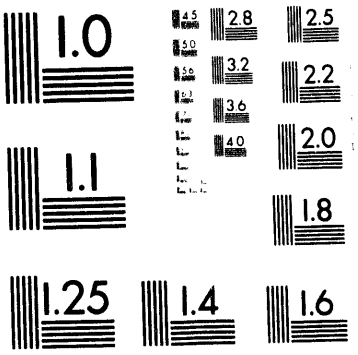
HIVA012


CON.50 ACTTTAAAACAGATAGTTAAAAAATTAAGAGAACAATTT...G?GAATAAAACAATAGTCTTTAATCAA 275
HIVA012 ----------C-G----------...AG---------- 276
HIVA0121 ----------C-G----G----------...AG---------- 276
HIVA0126 ----------C-G----------...AG---------- 276
HIVA0127 ----------C-G----------...AG---------- 276
HIVA0128 ----------C-G----------...AG---------- 276
HIVA013 ----------C-G----------...AG---------- 276
HIVA015 ----------C-G----------...AG---------- 276
HIVA016 ----------CAG----------...AG---------- 276
HIVA021 -------G----------C----------...-T----------GC 276
HIVA0210 -------G----------C----------...-T----------GC 276
HIVA023 -------G----------C----------...-T----------GC 276
HIVA025 -------G----------C----------...-T----------GC 276
HIVA026 -------G----------C----------...-T----------GC 276
HIVA027 -------G----------C----------...-T----------GC 276
HIVA028 -------G----------C----------...-T----------GC 276
HIVA029 -------G----------C----------...-T----------GC 276
HIVA031 ---------AT-------G----------...-G-----G-------AA---------- 276
HIVA032 ---------AT-------G----------...-G----------AA---------- 276
HIVA033 ---------AT-------G----------...-G----------AA---------- 276
HIVA034 ---------AT-------G----------...-G----------AA-----T---- 276
HIVA035 ---------AT-------G----------...-G----------AA-----T---- 276
HIVA037 ---------AT-------G----------...-G--G----------AA---------- 276
HIVA038 ---------AT-------G----------...-G----------AA---------- 276
HIVA039 ---------AT-------G----------...-G----------AA---------- 276
HIVA041 ------C----------GCC----------...-G-----C-------A---------- 276
HIVA042 -------G--------C-GCC----------...-A----------G- 273
HIVA043 ------G----------C----------...-G-----C-------A---------- 276
HIVA044 -------G----------G-C----------...-G----------AA--------G- 273
HIVA045 -------G--------C-GCC----------...-A---------- 273
HIVA046 -------G----------G-C----------...-G----------AA---------- 273
HIVA047 -------G--------C-GCC----------...-A----------G- 273
HIVA048 ---------G--------G-C----------...-G----------C--- 276
HIVA051B -------GG----------G--------A----------...-G---------- 276
HIVA052B -------GG----------G--------A----------...-G---------- 276
HIVA053B -------GG----------G--------A----------...-G---------- 276
HIVA054B -------GG----------G--------A----------...-G---------- 276
HIVA055B -------GG----------G--------A----------...-G---------- 276
HIVA056B -------GG----------G--------A----------...-G----------C------- 276
HIVA057B -------GG----------G--------A----------...-G---------- 276
HIVA058B -------GG----------G--------A----------...-G---------- 276
HIVA061 G------GG----------G--------A----------...-A----------G--- 276
HIVA062 -------GG----------G--------A----------...-G---------- 276
HIVA062B -------GG----------G--------A----------...-G---------- 276
HIVA063B -------GG----------G--------A----------...-G---------- 276
HIVA065B -------GG----------G--------A----A-----...-A---------- 276
HIVA066B -------GG----------G--------A----------...-G---------- 276
HIVA067B -------GG----------G--------A----------...AA---------- 276
HIVA068B -------GG----------G--------A----------...-G---------- 276
HIVA0810B -TGC----------T----------...AG-----GG----------C--G- 276
HIVA0811B -TGC----------T-------G----C------GGGAA--------A---------- 276
HIVA0812 ----------G------T----------C--GGG-A--------A----------GC--- 276
HIVA081B -TGC--------G------T----------GGG-A--------A----------G---- 276

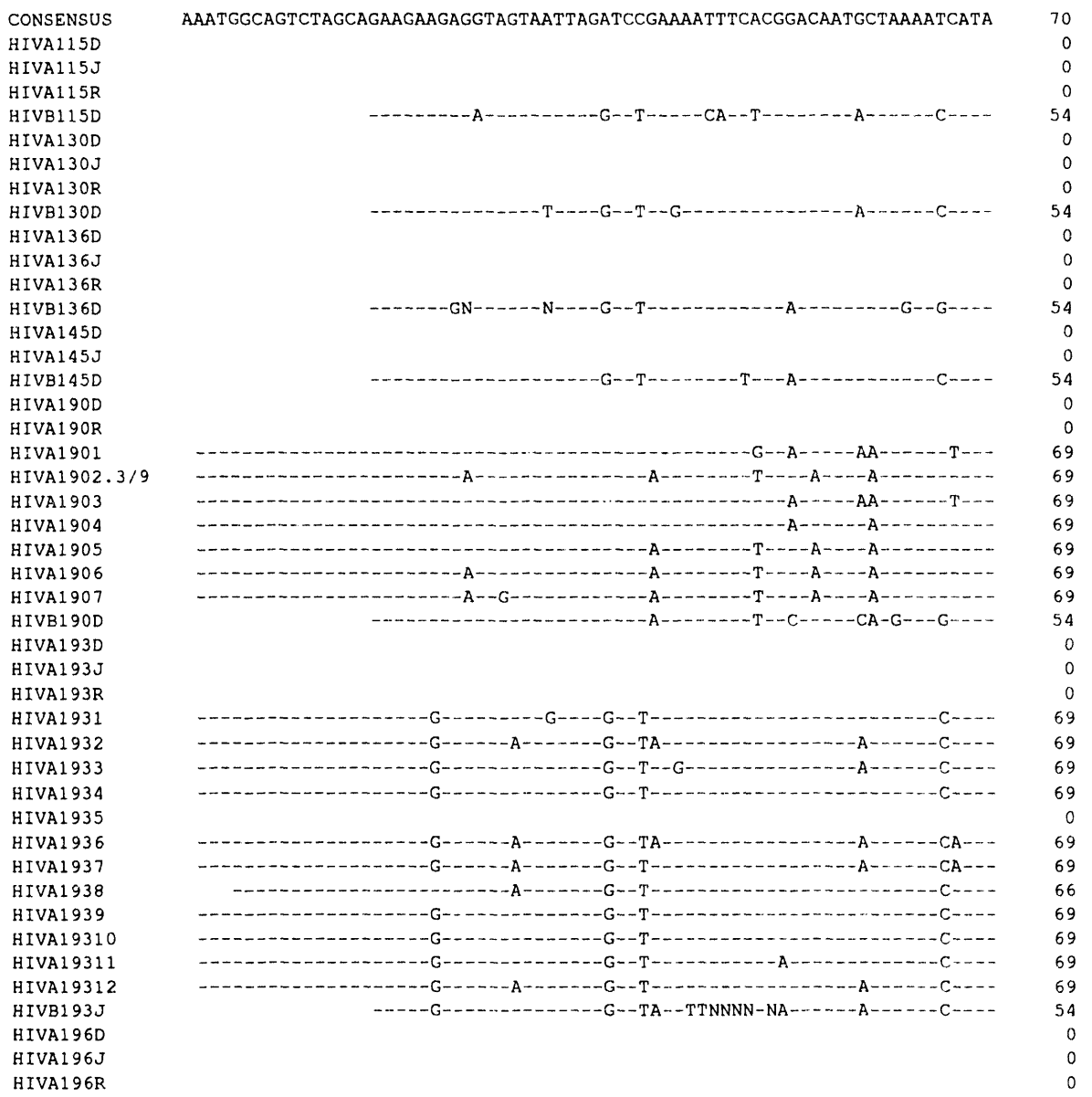
```
CON.50    ACTTTAAAACAGATAGTTAAAAAATTAAGAGAACAATTT...G?GAATAAAACAATAGTCTTTAATCAA   275
HIVA082   -TGC--G-----G------T------------------GGG-A--------A----------------   276
HIVA082B  -TGC---------------T-------G-----------GGG-A--------A----------------   276
HIVA083B  ------------G------T------------------GGG-A--------A----------G----   276
HIVA089B  -TGC--------G------T------------------GGG-A--------A----------------   276
HIVA091   ------C-------------------------------...AAC-----------------C------   276
HIVA092   ------C----------------------AG-------...AAC-----------------C------   276
HIVA093   ------C-------------------------------...AAC--------------A--C------   276
HIVA094   ------C-------------------------------...AAC-----------------C------   276
HIVA095   ------C----------------------G--------...AAC--------------A--C------   276
HIVA096   ------C-------------------------------...AAC--------------A--C------   276
HIVA097   ------C-------------.-----------------...AAC-----------------C------   275
HIVA098   ------C-------------------------------...AAC-----------------C------   276
HIVA101   ------C-------------------------------...AAC-----------------C----G-   276
HIVA102   ------C-------------------------------...AAC-----------------C------   276
HIVA103   ------C-------------------------------...AAC--------------A--C------   276
HIVA104   ------C----------------------------C--...AAC-----------------C------   276
HIVA105   ------C-------------------------------...AAT----G------------CG-----   276
HIVA106   ------C----------------T--------------...AAC-----------------C------   276
HIVA107   ------C-------------------------------...AAC-----------------C------   276
HIVA108   ------C-------------------------------...AAC-----------------C------   276
HIVA1110  ------G-----G--AAA--C--G----AG-CT--T--C...CCT------------CAG-----C---   276
HIVA1112  G-----G-----G--AAA--C--G----AG-CT--T--C...CCT------------CAG-----C---   276
HIVA113   ------G-----G--AAA--C--G----AG-CT--T--C...CCT------------CAG-----C---   276
HIVA114   ------G-----G--AAA--C--G----AG-CT--T--C...CCT------------CAG-----C---   276
HIVA115   ------G-----G--AAA--C--G----AG-CT--T--C...CCT------------CAG-----C---   276
HIVA116   ------G-----G--AAA--C--G----AG-CT--T--C...CCT------------CAG-----C---   276
HIVA118   ------G-----G--AAA--C--G----AG--T--TA-C...CCT------------CAG-----C---   276
HIVA119   ------G-----G--AAA--C--G----AG-CT--T--C...CCT------------CAG-----C---   276
HIVA121   ------G-----G--AAA--C--G----AGACT--T--C...CCT------------CAA-----C---   276
HIVA1210  ------G-----G--AAA--C--G----AGACT--T--C...CCT------------CAA-----C---   276
HIVA122   ------G-----G--AAA--C--G----AG-CT--T--C...CCT------------CAA-----C---   276
HIVA123   ------G-----G--AAA--C--G----AG-CT--T--C...CCT------------CAA-----C---   276
HIVA124   ------G-----G--AAA--C--G----AG-CT--T--C...CCT------------CAA-----C---   276
HIVA125   ------G-----G--AAA--C--G----AGACT--T--C...CCT------------CAA-----C---   276
HIVA126   ------G-----G--AAA--C--G----AGACT--T--C...CCT------------CAA-----C---   276
HIVA128   ------G-----G--AAA--C--G----AGACT--T--C...CCT------------CAA-----C---   276
HIVA13A   ------------G---C-G------------G-------GGGAAT------------C------C---   279
HIVA13B   ------------G---C-G------------G-------GGGAAT------------C------C---   279
HIVA1410  ------------G---C-G------------G-------GGGAAT------------C------C---   279
HIVA1412  ------G---------C----------------------GGGAAT------------------TC---   279
HIVA143   ------------G-----G-----------AG-------GGGAAT------------C------C---   279
HIVA144   ------G---------C----------------------GGGAAT------------------TC---   279
HIVA145   --------G---G---C-G------------G-------GGGAAT------------C------C---   279
HIVA146   ------------G---C-G------------G-------GGGAAT------------C------C---   279
HIVA147   ------------G---C-G------------G-------GGGAAT------------C------C---   279
HIVA148   ------------G---C-G------------G-------GGGAAT------------C------C---   279
HIVA710B  -TGC--------G------T------------------GGG-A--------A----------------   276
HIVA711B  -TGC---G----G------T------------------GGG-A--------A----------------   276
HIVA712B  -TGC---G----G------T------------------GGG-A--------A----------------   276
HIVA75B   -TGC--------G------T------------------GGG-A--------A----------------   276
HIVA76B   -TGC--------G------T------------------GGG-A--------A----------------   276
HIVA77B   -TGC--------G------T------------------GGG-A--------A----------------   275
HIVA78B   -TGC--------G------T------------------GGG-A--------A----------------   276
HIVA79B   -TGC--------G------T------------------GGG-A--------A----------------   276
```

HIVA115D

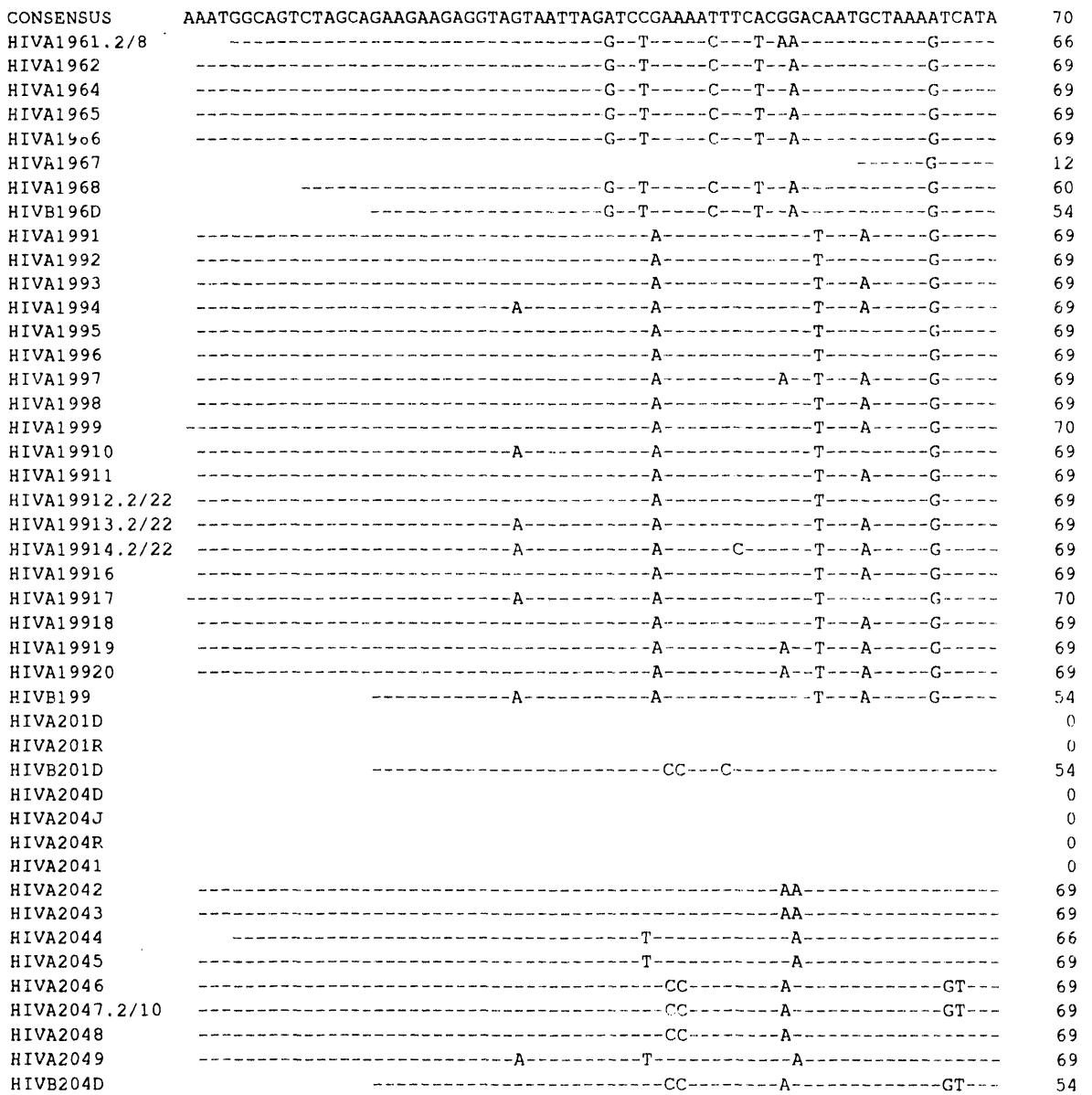
```
LOCUS       HIVA115D      123 bp ds-DNA             VRL       11-MAR-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, sample A115/2758 from mother,
            env V3 loop cds.
ACCESSION   L08287
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (individual isolate A 115/2758),
            proviral DNA.
REFERENCE   1  (bases 1 to 123)
  AUTHORS   Scarlatti,G., Leitner,T., Halapi,E., Wahlberg,J., Marchisio,P.,
            Clerici-Schoeller,M.A., Wigzell,H., Fenyo,E.M., Albert,J., Uhlen,M.
            and Rossi,P.
  TITLE     Comparison of V3 sequences from HIV-1 infected children to the RNA
            and DNA virus population of their mothers
  JOURNAL   Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 90, 1721-1725 (1993)
COMMENT     This set includes 95 sequences from 10 HIV-1 infected mother-child
            pairs (Genbank accession numbers L08277-L08372).  The study shows
            that the infected infants, in contrast to the mothers, harbor
            homogeneous virus populations; however, no evidence is found for
            selection of minor virus variants or for cell-free vs. cell-
            associated virus during transmission. All sequences in
            this set group with subtype B envelope sequences.  An alignment of
            all unique sequences from this set is presented below.
BASE COUNT       55 a     15 c     20 g     24 t      9 others
ORIGIN      envelope V3 loop cds
        1 gaaattaatt gtayaagacc carcaacaat acaagaaraa gtatacatat aggaccaggr
 V3 loop ->
       61 agagcatttt atacaacagg agmmataaya ggaratataa gacaagcaya ttgtaacatt
      121 agt
           <- V3 loop
```

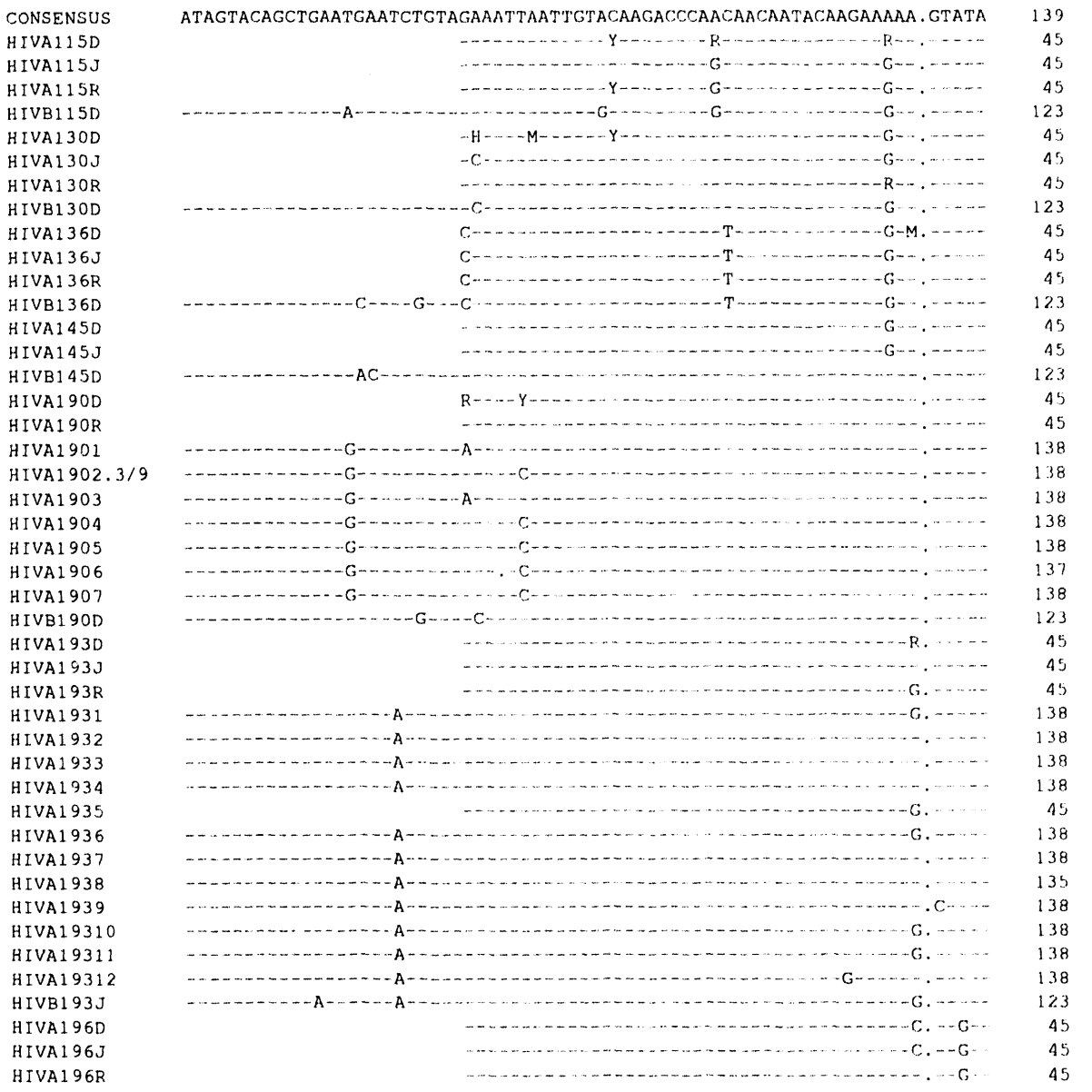

1.0
1.1
1.25
1.4
1.6
1.8
2.0
2.2
2.5
2.8
3.2
3.6
4.0
4.5
5.0
5.6
6.3

9 of 11

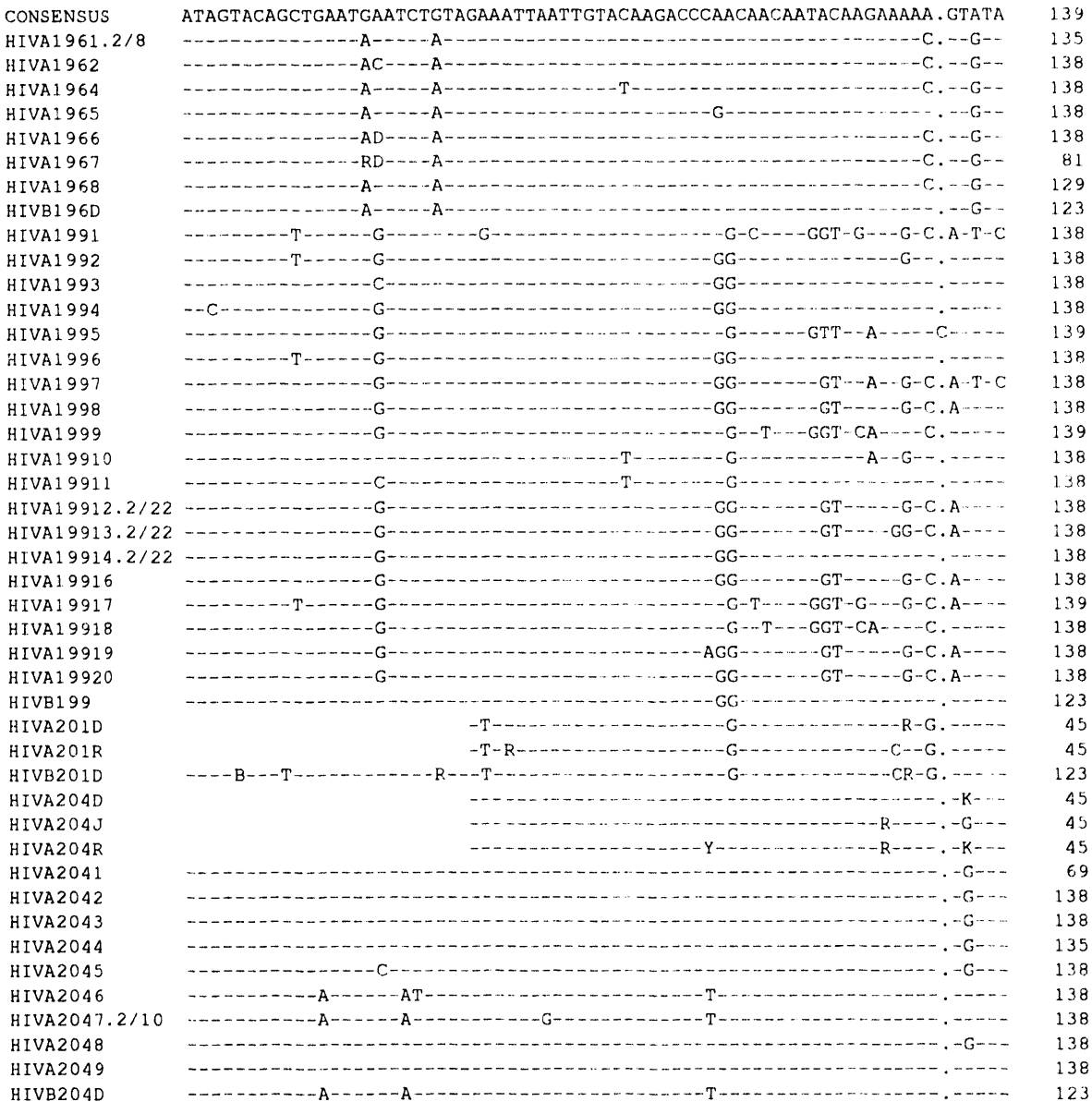

CONSENSUS AAATGGCAGTCTAGCAGAAGAAGAGGTAGTAATTAGATCCGAAAATTTCACGGACAATGCTAAAATCATA 70
HIVA115D 0
HIVA115J 0
HIVA115R 0
HIVB115D ---------A----------G--T-----CA--T--------A------C---- 54
HIVA130D 0
HIVA130J 0
HIVA130R 0
HIVB130D ---------------T----G--T--G---------------A------C---- 54
HIVA136D 0
HIVA136J 0
HIVA136R 0
HIVB136D -------GN------N----G--T-------------A----------G--G---- 54
HIVA145D 0
HIVA145J 0
HIVB145D --------------------G--T--------T---A------------C---- 54
HIVA190D 0
HIVA190R 0
HIVA1901 ----------G--A-----AA------T--- 69
HIVA1902.3/9 ----------A---------------A--------T----A----A---------- 69
HIVA1903 ----------A-----AA------T--- 69
HIVA1904 ----------A------A---------- 69
HIVA1905 ----------A--------T----A----A---------- 69
HIVA1906 ----------A---------------A--------T----A----A---------- 69
HIVA1907 ----------A--G------------A--------T----A----A---------- 69
HIVB190D ----------A--------T--C-----CA-G---G---- 54
HIVA193D 0
HIVA193J 0
HIVA193R 0
HIVA1931 ----------G---------G----G--T----------C---- 69
HIVA1932 ----------G-------A-------G--TA----------A------C---- 69
HIVA1933 ----------G---------------G--T--G---------A------C---- 69
HIVA1934 ----------G---------------G--T----------C---- 69
HIVA1935 0
HIVA1936 ----------G------A-------G--TA----------A------CA--- 69
HIVA1937 ----------G------A-------G--T----------A------CA--- 69
HIVA1938 ----------A-------G--T----------C---- 66
HIVA1939 ----------G---------------G--T----------C---- 69
HIVA19310 ----------G---------------G--T----------C---- 69
HIVA19311 ----------G---------------G--T----------A----------C---- 69
HIVA19312 ----------G------A-------G--T----------A------C---- 69
HIVB193J -----G---------------G--TA--TTNNNN-NA------A------C---- 54
HIVA196D 0
HIVA196J 0
HIVA196R 0

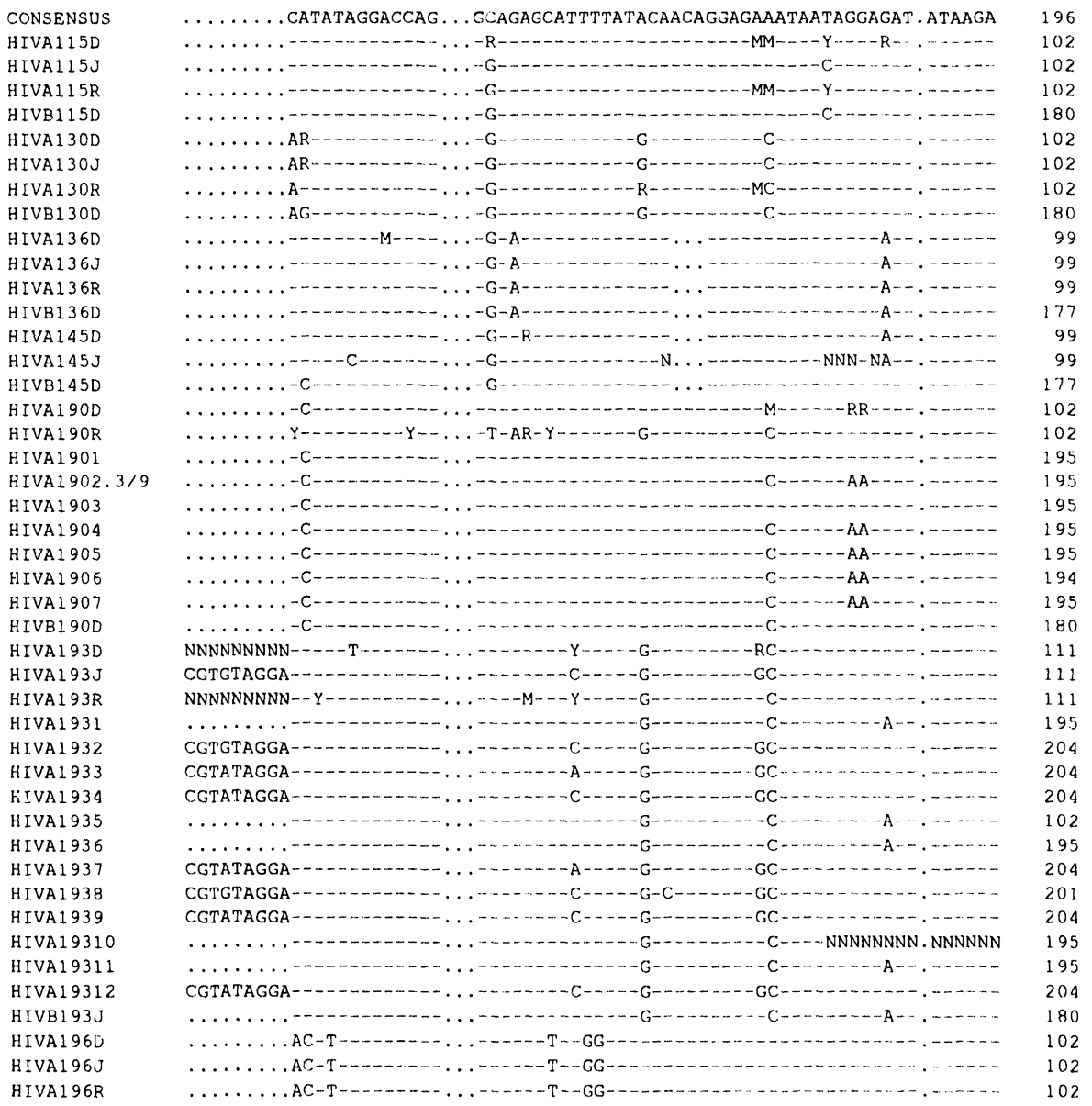
HIVA115D


CONSENSUS AAATGGCAGTCTAGCAGAAGAAGAGGTAGTAATTAGATCCGAAAATTTCACGGACAATGCTAAAATCATA 70
HIVA1961.2/8 66
HIVA1962 69
HIVA1964 69
HIVA1965 69
HIVA1966 69
HIVA1967 12
HIVA1968 60
HIVB196D 54
HIVA1991 69
HIVA1992 69
HIVA1993 69
HIVA1994 69
HIVA1995 69
HIVA1996 69
HIVA1997 69
HIVA1998 69
HIVA1999 70
HIVA19910 69
HIVA19911 69
HIVA19912.2/22 69
HIVA19913.2/22 69
HIVA19914.2/22 69
HIVA19916 69
HIVA19917 70
HIVA19918 69
HIVA19919 69
HIVA19920 69
HIVB199 54
HIVA201D 0
HIVA201R 0
HIVB201D 54
HIVA204D 0
HIVA204J 0
HIVA204R 0
HIVA2041 0
HIVA2042 69
HIVA2043 69
HIVA2044 66
HIVA2045 69
HIVA2046 69
HIVA2047.2/10 69
HIVA2048 69
HIVA2049 69
HIVB204D 54

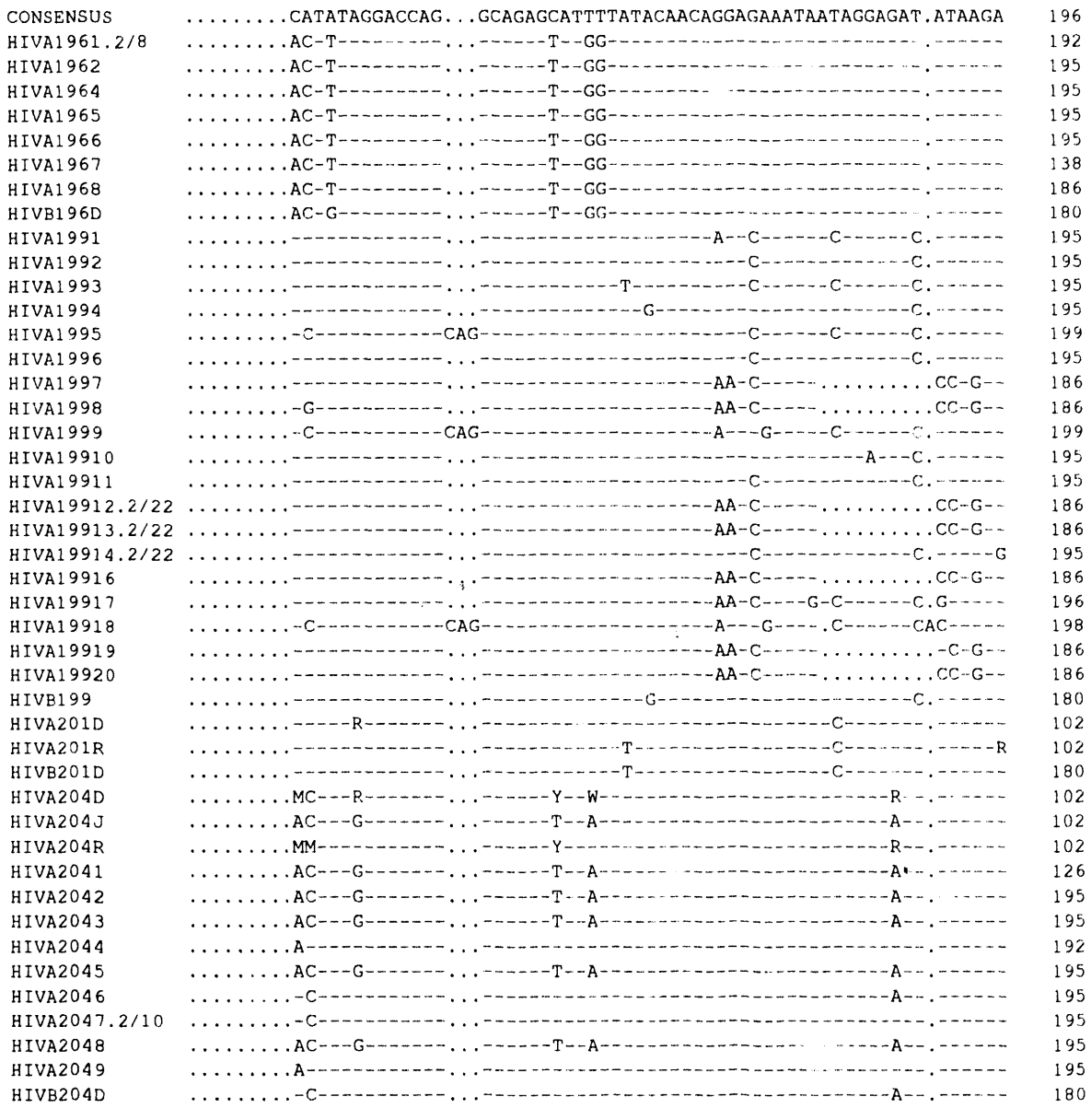

CONSENSUS ATAGTACAGCTGAATGAATCTGTAGAAATTAATTGTACAAGACCCAACAACAATACAAGAAAAA.GTATA 139
HIVA115D 45
HIVA115J 45
HIVA115R 45
HIVB115D 123
HIVA130D 45
HIVA130J 45
HIVA130R 45
HIVB130D 123
HIVA136D 45
HIVA136J 45
HIVA136R 45
HIVB136D 123
HIVA145D 45
HIVA145J 45
HIVB145D 123
HIVA190D 45
HIVA190R 45
HIVA1901 138
HIVA1902.3/9 138
HIVA1903 138
HIVA1904 138
HIVA1905 138
HIVA1906 137
HIVA1907 138
HIVB190D 123
HIVA193D 45
HIVA193J 45
HIVA193R 45
HIVA1931 138
HIVA1932 138
HIVA1933 138
HIVA1934 138
HIVA1935 45
HIVA1936 138
HIVA1937 138
HIVA1938 135
HIVA1939 138
HIVA19310 138
HIVA19311 138
HIVA19312 138
HIVB193J 123
HIVA196D 45
HIVA196J 45
HIVA196R 45

HIVA115D


CONSENSUS ATAGTACAGCTGAATGAATCTGTAGAAATTAATTGTACAAGACCCAACAACAATACAAGAAAAA.GTATA 139
HIVA1961.2/8 135
HIVA1962 138
HIVA1964 138
HIVA1965 138
HIVA1966 138
HIVA1967 81
HIVA1968 129
HIVB196D 123
HIVA1991 138
HIVA1992 138
HIVA1993 138
HIVA1994 138
HIVA1995 139
HIVA1996 138
HIVA1997 138
HIVA1998 138
HIVA1999 139
HIVA19910 138
HIVA19911 138
HIVA19912.2/22 138
HIVA19913.2/22 138
HIVA19914.2/22 138
HIVA19916 138
HIVA19917 139
HIVA19918 138
HIVA19919 138
HIVA19920 138
HIVB199 123
HIVA201D 45
HIVA201R 45
HIVB201D 123
HIVA204D 45
HIVA204J 45
HIVA204R 45
HIVA2041 69
HIVA2042 138
HIVA2043 138
HIVA2044 135
HIVA2045 138
HIVA2046 138
HIVA2047.2/10 138
HIVA2048 138
HIVA2049 138
HIVB204D 123

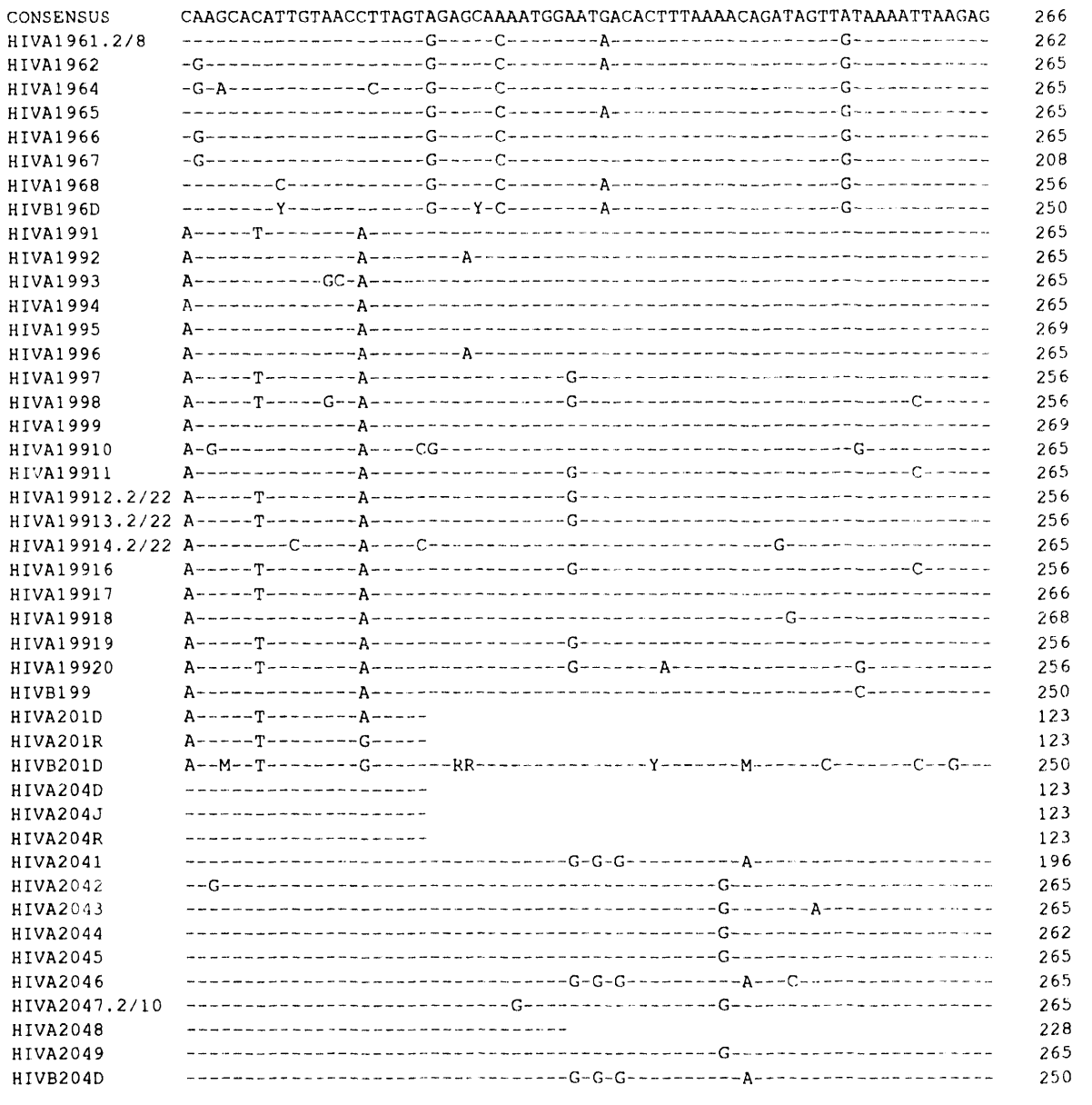

CONSENSUS .....CATATAGGACCAG...GCAGAGCATTTTATACAACAGGAGAAATAATAGGAGAT.ATAAGA 196
HIVA115D .....-----...-R-----MM----Y----R--.------ 102
HIVA115J .....-----...-G-----C-------.------ 102
HIVA115R .....-----...-G-----MM----Y-------.------ 102
HIVB115D .....-----...-G-----C-------.------ 180
HIVA130D .....AR-----...-G-----G----------C----------.------ 102
HIVA130J .....AR-----...-G-----G----------C----------.------ 102
HIVA130R .....A-----...-G-----R---------MC----------.------ 102
HIVB130D .....AG-----...-G-----G----------C----------.------ 180
HIVA136D .....--------M-----...-G-A----------...----------A--.------ 99
HIVA136J .....-----...-G-A----------...----------A--.------ 99
HIVA136R .....-----...-G-A----------...----------A--.------ 99
HIVB136D .....-----...-G-A----------...----------A--.------ 177
HIVA145D .....-----...-G--R----------...----------A--.------ 99
HIVA145J .....-----C-------...-G----------N...----------NNN-NA--.------ 99
HIVB145D .....-C-----...-G----------...----------.------ 177
HIVA190D .....-C-----...----------M------RR----.------ 102
HIVA190R .....Y---------Y--...-T-AR-Y-------G----------C----------.------ 102
HIVA1901 .....-C-----...----------.------ 195
HIVA1902.3/9 .....-C-----...----------C------AA----.------ 195
HIVA1903 .....-C-----...----------.------ 195
HIVA1904 .....-C-----...----------C------AA----.------ 195
HIVA1905 .....-C-----...----------C------AA----.------ 195
HIVA1906 .....-C-----...----------C------AA----.------ 194
HIVA1907 .....-C-----...----------C------AA----.------ 195
HIVB190D .....-C-----...----------C----------.------ 180
HIVA193D NNNNNNNNN-----T-------...--------Y-----G---------RC----------.------ 111
HIVA193J CGTGTAGGA-----...--------C-----G---------GC----------.------ 111
HIVA193R NNNNNNNNN--Y-----...----M---Y-----G---------C----------.------ 111
HIVA1931 .....-----...----------G---------C---------A--.------ 195
HIVA1932 CGTGTAGGA-----...--------C-----G---------GC----------.------ 204
HIVA1933 CGTATAGGA-----...--------A-----G---------GC----------.------ 204
HIVA1934 CGTATAGGA-----...--------C-----G---------GC----------.------ 204
HIVA1935 .....-----...----------G---------C---------A--.------ 102
HIVA1936 .....-----...----------G---------C---------A--.------ 195
HIVA1937 CGTATAGGA-----...--------A-----G---------GC----------.------ 204
HIVA1938 CGTGTAGGA-----...---------C-----G-C-------GC----------.------ 201
HIVA1939 CGTATAGGA-----...---------C-----G---------GC----------.------ 204
HIVA19310 .....-----...----------G---------C----NNNNNNNN.NNNNNN 195
HIVA19311 .....-----...----------G---------C---------A--.------ 195
HIVA19312 CGTATAGGA-----...--------C-----G---------GC----------.------ 204
HIVB193J .....-----...----------G---------C---------A--.------ 180
HIVA196D .....AC-T---------...------T--GG----------.------ 102
HIVA196J .....AC-T---------...------T--GG----------.------ 102
HIVA196R .....AC-T---------...------T--GG----------.------ 102

HIVA115D


CONSENSUS .....CATATAGGACCAG...GCAGAGCATTTTATACAACAGGAGAAATAATAGGAGAT.ATAAGA 196
HIVA1961.2/8 .....AC-T---------...------T--GG---------- 192
HIVA1962 .....AC-T---------...------T--GG---------- 195
HIVA1964 .....AC-T---------...------T--GG---------- 195
HIVA1965 .....AC-T---------...------T--GG---------- 195
HIVA1966 .....AC-T---------...------T--GG---------- 195
HIVA1967 .....AC-T---------...------T--GG---------- 138
HIVA1968 .....AC-T---------...------T--GG---------- 186
HIVB196D .....AC-G---------...------T--GG---------- 180
HIVA1991 .....---------...----------A--C------C------C. 195
HIVA1992 .....---------...----------C----------C. 195
HIVA1993 .....---------...----------T----------C------C------C. 195
HIVA1994 .....---------...----------G----------C. 195
HIVA1995 .....-C----------CAG----------C------C------C. 199
HIVA1996 .....---------...----------C----------C. 195
HIVA1997 .....---------...----------AA-C-----.....CC-G-- 186
HIVA1998 .....-G---------...----------AA-C-----.....CC-G-- 186
HIVA1999 .....-C----------CAG----------A---G-----C------C. 199
HIVA19910 .....---------...----------A---C. 195
HIVA19911 .....---------...----------C----------C. 195
HIVA19912.2/22 .....---------...----------AA-C-----.....CC-G-- 186
HIVA19913.2/22 .....---------...----------AA-C-----.....CC-G-- 186
HIVA19914.2/22 .....---------...----------C----------C.-----G 195
HIVA19916 .....---------...----------AA-C-----.....CC-G-- 186
HIVA19917 .....---------...----------AA-C----G-C------C.G----- 196
HIVA19918 .....-C----------CAG----------A---G----.C------CAC----- 198
HIVA19919 .....---------...----------AA-C-----.....-C-G-- 186
HIVA19920 .....---------...----------AA-C-----.....CC-G-- 186
HIVB199 .....---------...----------G----------C. 180
HIVA201D .....-----R-------...----------C-------. 102
HIVA201R .....---------...----------T----------C-------.-----R 102
HIVB201D .....---------...----------T----------C-------. 180
HIVA204D .....MC---R-------...------Y--W----------R--.----- 102
HIVA204J .....AC---G-------...------T--A----------A--. 102
HIVA204R .....MM----------...------Y----------R--. 102
HIVA2041 .....AC---G-------...------T--A----------A--. 126
HIVA2042 .....AC---G-------...------T--A----------A--.----- 195
HIVA2043 .....AC---G-------...------T--A----------A--. 195
HIVA2044 .....A---------...----------. 192
HIVA2045 .....AC---G-------...------T--A----------A--. 195
HIVA2046 .....-C----------...----------A--. 195
HIVA2047.2/10 .....-C----------...----------. 195
HIVA2048 .....AC---G-------...------T--A----------A--. 195
HIVA2049 .....A---------...----------. 195
HIVB204D .....-C----------...----------A--. 180

```
CONSENSUS       CAAGCACATTGTAACCTTAGTAGAGCAAAATGGAATGACACTTTAAAACAGATAGTTATAAAATTAAGAG   266
HIVA115D        ------Y--------A-----                                                   123
HIVA115J        M-----Y--------A-----                                                   123
HIVA115R        ------Y--------A-----                                                   123
HIVB115D        ---------------A---------A---------A---------G--------C-GGT----------  250
HIVA130D        ---------------M-----                                                   123
HIVA130J        ---------------A-----                                                   123
HIVA130R        ---------------M-----                                                   123
HIVB130D        ---------------A-----GA-------------A-------------------A-------G---  250
HIVA136D        -R------------------C                                                   120
HIVA136J        --------------------C                                                   120
HIVA136R        --------------------C                                                   120
HIVB136D        --------------------C---------G---G--------------AG-----C-GAC-------  247
HIVA145D        -----------C---A-----                                                   120
HIVA145J        -----------C---A-----                                                   120
HIVB145D        -----------C---A----------------------T------------------GC----------  247
HIVA190D        --R-----------------                                                    123
HIVA190R        --------------------                                                    123
HIVA1901        ------------------------------A--------------C--------C--G-----------  265
HIVA1902.3/9    ------------------------------A--------------C--------C--G-----------  265
HIVA1903        --G---------------------C-------------------------------C--------------  265
HIVA1904        ------------------------------A--------------C--------C--G-----------  265
HIVA1905        ------------------------------A--------------C--------C--G-----------  265
HIVA1906        ------------------------------A--------------C--------C--G-----------  264
HIVA1907        ------------------------------A--------------C--------C--G-----------  265
HIVB190D        ------------------------------------------G--------C--------------  250
HIVA193D        ----------------------                                                  132
HIVA193J        ----------------------                                                  132
HIVA193R        ----------W-----------                                                  132
HIVA1931        ------------------------------------------------------------------A--  265
HIVA1932        ------------------------------------------------------------------A--  274
HIVA1933        ------------------------------------------------------------------A--  274
HIVA1934        ------------------------------------------------------------------A--  274
HIVA1935        ----------------------------------------------------------------------  172
HIVA1936        ----------------------------------------------------------------------  265
HIVA1937        ------------------------------------------------------------------A--  274
HIVA1938        ------------------------------------------------------------------A--  271
HIVA1939        ------------------------------------------------------------------A--  274
HIVA19310       ----------------------------                                            225
HIVA19311       ------------------------------------------------------                  252
HIVA19312       ------------------------------------------------------------------A--  274
HIVB193J        ------------------------------------------------------------------A--  250
HIVA196D        -R-------------------                                                   123
HIVA196J        -G-------------------                                                   123
HIVA196R        --------------T------                                                   123
```

HIVA115D


CONSENSUS CAAGCACATTGTAACCTTAGTAGAGCAAAATGGAATGACACTTTAAAACAGATAGTTATAAAATTAAGAG 266
HIVA1961.2/8 262
HIVA1962 265
HIVA1964 265
HIVA1965 265
HIVA1966 265
HIVA1967 208
HIVA1968 256
HIVB196D 250
HIVA1991 265
HIVA1992 265
HIVA1993 265
HIVA1994 265
HIVA1995 269
HIVA1996 265
HIVA1997 256
HIVA1998 256
HIVA1999 269
HIVA19910 265
HIVA19911 265
HIVA19912.2/22 256
HIVA19913.2/22 256
HIVA19914.2/22 265
HIVA19916 256
HIVA19917 266
HIVA19918 268
HIVA19919 256
HIVA19920 256
HIVB199 250
HIVA201D 123
HIVA201R 123
HIVB201D 250
HIVA204D 123
HIVA204J 123
HIVA204R 123
HIVA2041 196
HIVA2042 265
HIVA2043 265
HIVA2044 262
HIVA2045 265
HIVA2046 265
HIVA2047.2/10 265
HIVA2048 228
HIVA2049 265
HIVB204D 250

```
CONSENSUS       AACAATTT...AAGAATAAAACAATAATCTTTAA?CAATCCTCAGGA1GG1ACCCAGAAATTGGGGATCC  330
HIVB115D        --------...G--------------G-------T---K--------G--                     297
HIVB130D        --------...GT-------------G-------T--C---------G--                     297
HIVB136D        ------A-...G--------------G-------T------------G--                     294
HIVB145D        --------...C--------------G-------T------------G--                     294
HIVA1901        --------...---------------G-------T------------                        309
HIVA1902.3/9    --------...---------------G-------T------------                        309
HIVA1903        --------...--T...----------G-------T------------                       306
HIVA1904        --------...---------------G-------T------------                       309
HIVA1905        --------...---------------G-------T------------                       309
HIVA1906        --------...---------------G-------T--G---------                       308
HIVA1907        --------...---------------G-------T------------                       309
HIVB190D        --------...--T...----------G-------T------------G--                   294
HIVA1931        --------...GG-------------GC------G-----TG-----                       309
HIVA1932        --------...GG-------------GC------A---C--G-----                       318
HIVA1933        --------...GG-------------GC------A---C--G---AG                       318
HIVA1934        --------...GG-------------GC------A---C--G-----                       318
HIVA1935        --------...GG-------------GC------A-M-C--G-----                       216
HIVA1936        --------...                                                           273
HIVA1937        --                                                                    276
HIVA1938        --------...GG-------------GC------A---C--G-----                       315
HIVA1939        --------...GG-------------GC------A---C--G---AG                       318
HIVA19312       --------...GG-------------GC------A---C--G---AG                       318
HIVB193J        --------...GG-------------GC------A---C--G-----G--                    297

CONSENSUS       AACAATTT...AAGAATAAAACAATAATCTTTAA?CAATCCTCAGGA1GG1ACCCAGAAATTGGGGATCC  330
HIVA1961.2/8    --------GGA----------------------G---C--------                        309
HIVA1962        --------GGA----------------------G---C--------                        312
HIVA1964        --------GGA----------------------G---C--------                        312
HIVA1965        --------GGA----------------------G---C--------                        312
HIVA1966        --------GGA--A-------T-----------G---C--------                        312
HIVA1967        --------GGA--A--------------------G---C--------                        255
HIVA1968        --------GGA----------------------G---C--------                        303
HIVB196D        --------GGA----------------------G---C--------G--                    300
HIVA1991        ------A-...----------------A-----A------------                        309
HIVA1992        ------A-...G---------------G-----A------------                        309
HIVA1993        ------A-...----------------A-----A------------                        309
HIVA1994        ------A-...----------------------A------------                        309
HIVA1995        ------A-...----------------------A------------                        313
HIVA1996        ------A-...G----A----------G-----A------------                        309
HIVA1997        ------A-...----------------A-----A------------                        300
HIVA1998        ------A-...----------------------A------------                        300
HIVA1999        ------A-...---------G-------A-----A------------G                      314
HIVA19910       ------A-...----------------------A------------                        309
HIVA19911       ------A-...----------------A-----A------------                        309
HIVA19912.2/22  ------A-...----------------A-----A------C-----                        300
HIVA19913.2/22  ------A-...----------------A-----A------------                        300
HIVA19914.2/22  ------A-...G-------------TC------G-C----------                        309
HIVA19916       ------A-...----------------A-----A------------                        300
HIVA19917       -----                                                                 271
HIVA19918       ------A-...---------G-------A-----A------------G--G------------------ 335
HIVA19919       ------A-...----------------A-----A------------                        300
HIVA19920       ------A-...----------------A-----A------------                        300
HIVB199         ------A-...G----------------------A------------G--                    297
HIVB201D        --------...----------------GY------T------------G--                   297
HIVA2041        --------...----------------C------T------------                       240
HIVA2042        --------...-----G----------A-----CT------------                       309
HIVA2043        --------...----------------C------T------------                       309
HIVA2044        --------...----------------A-----CT------------                       306
HIVA2045        --------...----------------A-----CT------------                       309
HIVA2046        --------...----------------A-----CT------------                       309
HIVA2047.2/10   --------...----------------A-----CT------------                       309
HIVA2049        --------...----------------A-----CT------------                       309
HIVB204D        --------...----------------A-----CT------------G--                   297
```

HIVG1439E

```
LOCUS       HIVG1439E     174 bp
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone G1439E, partial gag
            gene cds.
ACCESSION   M64001
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone G1439E.
REFERENCE   1  (bases 1 to 174)
  AUTHORS   Ayehumie,S., Johansson,B., Salminen,M., Leinikki,P.,
            Soennerborg,A., Zewdie,D.-W., Britton,S. and Strannegard,E.
  TITLE     Rapid and simple characterization of in vivo HIV-1 sequences using
            solid-phase direct sequencing
  JOURNAL   AIDS Res. Hum. Retroviruses 8, 1733-1742 (1992)
COMMENT     ;
BASE COUNT       68 a     32 c     44 g     30 t
ORIGIN      1091 bp downstream from beginning of gag cds
        1 ctgaggcaat gagccaagta aacagtccac acataatgat gcagagaaac aattttaaag
    gag ->
       61 gccctagaag aattattaaa tgtttcaact gtggcaagga agggcaccta gccagaaact
      121 gcagggcccc taggaaaaga ggctgttgga aatgtggaaa aggaagacac caaa
                                                              gag ->
```

```
CON50     .....................?.CCAAG?A??CAAT?CA...AACATAATGATGCAGAAAAGCAAT     36
HIVG1439E .............CTGAGGCAATGAG-----T-AA--G-C--...C----------G--A----     53
HIVG1520E ..........TTGGCTGAGGCAATGAG-----C-AG----GT-...----------------------     57
HIVG1727E AGCAAGGGTGTTGGCTCAGGCAATGAG-----C-AA----A--...----------------------     67
HIVG1729E .............TTGGCTGAGGCAATGAGCCA-GC----A--...--------C--C----------     54
HIVG1733E ..........TTGGCTGAGGCAATGAG-----C-AG----GT-...----------------------     57
HIVG2018E ..................................---A--...----------------------     30
HIVG2222E ..................................---A--...----------------------     30
HIVG2228E ........................-----T-CA----A--...----------------------     40
HIVG2261E .......................GAG-----C-AA----G--...----------G-------     43
HIVG1351S ..................................C--ACT-C----------G-----     31
HIVG1668S ......................AATGAG-----T-ACA---T--GCT-C----------G-----     49
HIVG1670S ..................................-T--GCT-C----------G-G-----     31
HIVG1742S ................................CA---T--GCT-C-----------G-----     35
HIVG1754S ..................................-T--GCT-C----------G-----     31

CON50     TTTAAGGGCCCTAGAAGAACTATTAAATGTTTCAA?TGTGGCAAGGAAGGGCACCTAGCCAGAAATTGCA    105
HIVG1439E -----A----------T----------C----------C----    123
HIVG1520E ----------T----------T----------AT----------    127
HIVG1727E ----------C----------    137
HIVG1729E ----------A----------C----------    124
HIVG1733E ----------T----------T----------G----------    127
HIVG2018E ----------C----------    100
HIVG2222E ----------C----------    100
HIVG2228E ----------C----------    105
HIVG2261E ----------C----------    113
HIVG1351S ----G-AA--AA----AG-T-CC---G--------T--------A---------A----------    101
HIVG1668S ----G-AA--AA----AG---G----G--------T--------A---------A----------    119
HIVG1670S ----G-AA--AA--G-A--A-G----G--------T--------A---------A----------    101
HIVG1742S ----G-AA--AA----AG-T-CC---G--------T--------A---------A----------    105
HIVG1754S ----G-AA--AA----A--A-G----G--------T--------A---------A------A---    101
```

```
CON50      GGGCCCCTAGGAAAAA?GGCTGTTGGAAATGTGGAAGGGAAGGACACCAAATGAAAGATTGTACTGAGAG    174
HIVG1439E ----------------GA--------------------AA-G-A----------                  174
HIVG1520E ------                                                                    133
HIVG1727E ----------------A-----------------------------------                     188
HIVG1729E --------------                                                            138
HIVG1733E ----------------A---                                                      147
HIVG2018E ----------------A----------------                                         133
HIVG2222E -                                                                         101
HIVG2261E --------------                                                            127
HIVG1351S ---------------                                                           116
HIVG1668S ----------------G--G-------------------------------------------------     189
HIVG1670S ----------------G---------                                                127
HIVG1742S ----------------G------------                                             134
HIVG1754S ----------------G---------                                                127

CON50      ACAGGCTAATTT          186
HIVG1668S ------------          201
```

HIVJ5H10A

```
LOCUS       HIVJ5HC10A    105 bp
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone J5H-C10, partial
            env cds, v3 region.
ACCESSION   L02235 L02225
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone J5H-C10.
REFERENCE   1  (bases 1 to 105)
  AUTHORS   Connor,R.I., Notermans,D.W., Mohri,H., Cao,Y. and Ho,D.D.
  TITLE     Biological cloning of functionally diverse quasispecies of HIV-1
  JOURNAL   AIDS Res. Hum. Retroviruses 9, 541-546 (1993)
COMMENT     This sequence and ten additional clones from patient J5H are
            shown in alignment below.
BASE COUNT       48 a     17 c     23 g     17 t
ORIGIN      876 bp downstream from beginning of envelope cds (V3 region)
        1 tgtgcaagac ccaacaacaa tacaagaaaa ggtatacata taggaccggg gagagcaatt
     env ->
       61 tatacagcaa gaagaataat agagagacata agacaagcac attgt
                                                    env ->
```

```
CON50       TGTGCAAGACCCAACAACAATACAAGAAAAGGTATACATATAGGACCGGGGAGAGCAATTTATACAGCAA     70
HIVJ5HC10A ----------------------------------------------------------------------     70
HIVJ5HC1A   ---AT-------C----------------A--G--------- C---A-------------------A -G     70
HIVJ5HC2A   ----------------------------------------------------------------------A---     70
HIVJ5HC3A   ----------------------------------------------------------------------     70
HIVJ5HC4A   ---AT-------C----------------A--G---------C----------------------A--G     70
HIVJ5HC6A   ----------------T-----------------------------------------------------     70
HIVJ5HC7A   ----------------------------------------------------------------------     70
HIVJ5HC8A   ---AT-------C----------------A--G---------C----------------------A--G     70
HIVJ5HC9A   ---AT-------C----------------A--G---------C---A------------------A--G     70
HIVJ5HP1A   ----------------T-----------------------------------------------------     70
HIVJ5HUEA   ----------------T-----------------------------------------------------     70

CON50       GAAAAATAATAGGAGATATAAGACAAGCACATTGT        105
HIVJ5HC10A ---G----------C----------------         105
HIVJ5HC1A   --C-----------------------------         105
HIVJ5HC2A   ----------------C----------------         105
HIVJ5HC3A   ---G----------C----------------         105
HIVJ5HC4A   --C-----------------------------         105
HIVJ5HC6A   -------------------------------          105
HIVJ5HC7A   ----------------C----------------         105
HIVJ5HC8A   --C-----------------------------         105
HIVJ5HC9A   --C-----------------------------         105
HIVJ5HP1A   -------------------------------          105
HIVJ5HUEA   -------------------------------          105
```

```
LOCUS       HIVN70C1X     105 bp ss-RNA             VRL       08-SEP-1992
DEFINITION  Human Immunodeficiency Virus type 1, clone N70-C1, partial env
            cds, v3 region.
ACCESSION   L01258
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone N70-C1.
REFERENCE   1  (bases 1 to 105)
  AUTHORS   Connor,R.I., Notermans,D.W., Mohri,H., Cao,Y. and Ho,D.D.
  TITLE     Biological cloning of functionally diverse quasispecies of HIV-1
  JOURNAL   AIDS Res. Hum. Retroviruses 9, 541-546 (1993)
COMMENT     This sequence and 10 other clones of patient N70 are shown below
            in alignment.
BASE COUNT       42 a     20 c     24 g     19 t
ORIGIN      876 bp downstream from beginning of envelope cds (V3 region)
        1 tgtacaagac cccacaacaa tacaagaaaa agtatacata tgggaccggg gggagcattc
     env ->
       61 tttgcaacag gagccataat aggagatata agacaagcac attgt
                                                      env ->
```

```
CON50       TGTACAAGACCCCACAACAATACAAGAAAAAGTATACATATGGGACCGGGGGGAGCATTCTTTGCAACAG     70
HIVN70C1X   ----------------------------------------------------------------------     70
HIVN70C10X  ----------------------------------------------------------------------     70
HIVN70C2X   ----------------------------------------------------------------------     70
HIVN70C3X   ----------------------------------------------------------------------     70
HIVN70C4X   ----------A-----------------------------------------------------------     70
HIVN70C5X   ----------------------------------------------------------------------     70
HIVN70C6X   ----------------------------------------------------------------------     70
HIVN70C8X   ----------------------------------------------------------------------     70
HIVN70C9X   ----------------------------------------------------------------------     70
HIVN70P1X   ----------A-----------------------------A---------A-------T-----------     70
HIVN70PXX   ----------------------------------------------------------------------     70

CON50       GAGCCATAATACGAGATATAAGACAAGCACATTGT       105
HIVN70C1X   -------------------------------       105
HIVN70C10X  -------------------------------       105
HIVN70C2X   ---A---------------------------       105
HIVN70C3X   ---A---------------------------       105
HIVN70C4X   -------------------------------       105
HIVN70C5X   -------------------------------       105
HIVN70C6X   -------------------------------       105
HIVN70C8X   -------------------------------       105
HIVN70C9X   ---AT---------A---------------       105
HIVN70P1X   ---------------G---------------       105
HIVN70PXX   -------------------------------       105
```

HIVTAITC1

```
LOCUS       HIVTAITC1      562 bp
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, partial gag, sample TAITC1
            from Taiwan.
ACCESSION   L23104
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), amplified DNA from
            Taiwanese sample TAITC1.
REFERENCE   1  (bases 1 to 562)
  AUTHORS   Guo,H.G., Reitz,M.S., Gallo,R.C., Ko,Y.C. and Chang,K.S.S.
  TITLE     A new subtype of HIV-1 gag sequence detected in Taiwan
  JOURNAL   AIDS Res. Hum. Retroviruses 9, 925-927 (1993)
COMMENT     This sequence was taken from an Taiwanese infant infected by her
            mother <HIVTAITM1>.  The mother was presumably infected by a
            European bisexual man.  This highly divergent gag sequence clusters
            with HIV-1 subtype gag sequences also found in Zaire and Gabon (1).
BASE COUNT      223 a    112 c    129 g     98 t
ORIGIN      278 bp downstream from beginning of gag cds
        1 atgtaaaaga caccaaagaa gctctagagg aagtggaaaa agcacaaagg aacagtcagc
     gag ->
       61 aaaaaacaca gcaggcagca agtgagaaag gaaacagcag ccaagtcagt caaaattacc
      121 ctatagtgca gaatccaagg gcaaccgata caccaggcca tatcacctag aactttgaat
      181 gcatgggtaa aagtagtaga agaaaaggcc ttcagtccag aagtaatacc catgttttca
      241 gcattatcag aaggggccac cccacaagat ttaaacacta tgctaaacac agtgggggg
      301 catcaagcag ctatgcaaat gctaaaggat acaatcaatg aggaagctgc agagtgggac
      361 aggatacatc caccacaagc agggcctatt gcaccaggtc agataagaga tccaagggga
      421 agtgatatag caggaactac tagtacccta caggaacaaa taagatggat gaccagcaat
      481 ccacctatcc cagtaggaga aatttataaa agatggataa tcctgggatt aaataaaata
      541 gtaagaatgt atagccctgt ta
                               gag ->
```

```
LOCUS       HIVTAITM1     562 bp
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, partial gag sequence, sample
            TAITM1, from Taiwan.
ACCESSION   L23105 S56177
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), amplified DNA from
            Taiwanese sample TAITM1.
REFERENCE   1  (bases 1 to 562)
  AUTHORS   Guo,H.G., Reitz,M.S., Gallo,R.C., Ko,Y.C. and Chang,K.S.S.
  TITLE     A new subtype of HIV-1 gag sequence detected in Taiwan
  JOURNAL   AIDS Res. Hum. Retroviruses 9, 925-927 (1993)
REFERENCE   2  (bases 1 to 200)
  AUTHORS   Guo,H.G. and Chang,K.S.
  TITLE     A vertically transmitted HIV-1 gag-subtype variant detected in
            Taiwan
  JOURNAL   Jpn J Med Sci Biol 45, 127-136 (1992)
COMMENT     This sequence was taken from an Taiwanese woman, presumably
            infected by a European bisexual man;, she then transmitted the
            virus to her infant <HIVTAITC1>. This highly divergent gag sequence
            clusters with HIV-1 gag sequences also found in Zaire and Gabon (1).
BASE COUNT      238 a    113 c    114 g     97 t
ORIGIN      278 bp downstream from the beginning of gag cds
        1 tgtaaaagac accaaagaag ctctagaaga agtagaaaaa gcacaaaaga acagtcagca
     gag ->
       61 aaaaacacag caggcagcaa gtgaggaaag aaacagcagc caagtcagtc aaaattaccc
      121 tatagtgcag aatcggcaag ggcaaccgta caccaggcca tatcacctag aactttgaat
      181 gcataggtaa aagtagtaga agaaaaggcc ttcagtccag aagtaatacc catgttttca
      241 gcattatcag aaggggccac cccacaagat ttaaacacta tgctaaacac agtaggaagg
      301 catcaagcag ctatacaaat gctaaaagat acaatcaatg aagaagctgc agagtaggac
      361 aggatacatc caccacaagc agggcctatt gcaccaggtc agataagaga tccaagagga
      421 agtgatatag caggaactac tagtacccta caggaacaaa taagatagat gaccagcaat
      481 ccacctatcc cagtagaaga aatttataaa agatagataa tcctaagatt aaataaaata
      541 gtaagaatgt atagccctgt ca
                              gag ->
```

HIVP102A13

```
LOCUS       HIVP102A13    630 bp
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, sample P102A13, nef cds
ACCESSION   L15476
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), sample P102A13.
REFERENCE   1  (bases 1 to 630)
  AUTHORS   Shugars,D.C., Smith,M.S., Glueck,D.H., Nantermet,P.V.,
            Seillier-Moiseiwitsch,F. and Swanstrom,R.
  TITLE     Analysis of the human immunodeficiency virus type 1 nef gene
            sequences present in vivo
  JOURNAL   J. Virol. 67,4639-4650 (1993)
COMMENT     This sequence, along with five additional sequences <HIVP102B33
            C34, D35, E36, and F41> from patient 102, is shown in alignment
            below.  See genbank acccession numbers L15477-15481.  There are
            eleven additional patients, 164, 166, 171, 175, 179, 192, 226,
            227, 233, 248, and 357, and a total of 54 sequences associated
            with this study of symptomatic patients undergoing AZT therapy (1).
            These nef sequences cluster with HIV-1 subtype B nef sequences.
BASE COUNT      193 a    129 c    181 g    127 t
ORIGIN      Start of nef cds
        1 ATGggtggca agtggtcaaa acctagggtg agtggatggt ctgctgtaag ggaaagaatg
  nef cds ->
       61 agacgagctg agccagctga accagcagca gaggggggtgg gagcagtatc tcggaacttg
      121 gaaagacatg gagcaatcac aagtagcaat acagcaagta ctaatgctgc ctgtgcttgg
      181 ctggaagcac aagaggagga ggaggtgggt tttccagtca gacctcaggt acctttaaga
      241 ccaatgactt acaaggcagc ggttgatctt agccactttt taaaagaatt gggggactg
      301 gaagggctaa ttcactccca aagaagacaa gaaatccttg atctgtgggt ctaccacaca
      361 caaggctatt tccctgattg gcagaattac acaccagggc cagggatcag atatccactg
      421 acctttggat ggtgcttcaa gctagtacca gttgagccag aggaggtaga aaaggccact
      481 gaaggagaga acaactgctt attacaccct atgaaccagc atgggatgga tgacccagag
      541 aaagaagtgt taatgtggaa gtttgacagc cgcctagcat tctatcacac ggcccgagag
      601 aagcatccgg agtactacaa agactgcTGA
                                      <- nef end
```

```
HIVP102.CON ATGGGTGGCAAGTGGTCAAAACCTAGGGTGAGTGGATGGTCTGCTGTAAGGGAAAGAATGAGAAGAGCTG    70
HIVP102A13  ----------------------------------------------------------C-------    70
HIVP102B33  ----------------------------------------------------------------------    70
HIVP102C34  ----------------G---------------------------------------------------    70
HIVP102D35  ----------------------------------------------------------------------    70
HIVP102E36  ----------------------------------------------------------------------    70
HIVP102F41  ----------------------------------------------------------------------    70

HIVP102.CON AGCCAGCTGAACCAGCAGCAGAGGGGGTGGGAGCAGTATCTCGGGACTTGGAAAGACATGGAGCAATCAC   140
HIVP102A13  ------------------------------------------A-----------------------   140
HIVP102B33  ----------------------A-----------------------------------------   140
HIVP102C34  ----------------------A-------------------A----------A---------   140
HIVP102D35  G---------------------------------------------A-------------------   140
HIVP102E36  G-------------------------------------------------A-----------------   140
HIVP102F41  ----------------------A-----------------------------------------   140

HIVP102.CON AAGTAGCAATACAGCAAGTACTAATGCTGACTGTGCTTGGCTAGAAGCACAAGAGGAGGAGGAGGTGGGT   210
HIVP102A13  ----------------------------C-------------G---------------------   210
HIVP102B33  ----------------------------------------------------------------   210
HIVP102C34  ----------------------------------------T-----------------------   210
HIVP102D35  ------T---------------------------------------------------------   210
HIVP102E36  ------T---------------------------------------------------------   210
HIVP102F41  ----------------------------C-----------------------------------   210
```

```
HIVP102.CON TTTCCAGTCAGACCTCAGGTACCTTTAAGACCAATGACTTACAAGGCAGCGGTTGATCTTAGCCACTTTT  280
HIVP102A13  ------------------------------------------------------------------------  280
HIVP102B33  ------------------------------------------------------------------------  280
HIVP102C34  ----------------------------------GT-----T--------T-----------------  280
HIVP102D35  ------------------------------------------------------------------------  280
HIVP102E36  ------------------------------------------------------------------------  280
HIVP102F41  ------------------------------------------------------------------------  280

HIVP102.CON TAAAAGAAATGGGGGGACTGGAAGGGCTAATTCACTCCCAAAGAAGACAAGAGATCCTTGATCTGTGGGT  350
HIVP102A13  --------T---------------------------------------------A-----------------  350
HIVP102B33  ---------C-------------------------------A----------C-----------------  350
HIVP102C34  ------------------------------------------------------------------------  350
HIVP102D35  ---------C-------------------------------A--------------------------  350
HIVP102E36  ---------C-------------------------------A--------------------------  350
HIVP102F41  ------------------------------------------------A---------------------  350

HIVP102.CON CTACCACACACAAGGCTACTTCCCTGATTGGCAGAATTACACACCAGGGCCAGGGATCAGATATCCACTG  420
HIVP102A13  ------------------T-----------------------------------------------  420
HIVP102B33  ------------------------------------------------------------------------  420
HIVP102C34  ------------------------------------------------------------------------  420
HIVP102D35  ------------------------------------------------------------------------  420
HIVP102E36  ------------------------------------------------------------------------  420
HIVP102F41  ------------------------------------------------------------------------  420

HIVP102.CON ACCTTTGGATGGTGCTTCAAGCTAGTACCAGTTGAGCCAGAGGAGGTAGAAAAGGCCACTGAAGGAGAGA  490
HIVP102A13  ------------------------------------------------------------------------  490
HIVP102B33  ------------------------------------------------------------------------  490
HIVP102C34  ------------------------------------------------------------A-----------  490
HIVP102D35  ------------------------------------------------------------------------  490
HIVP102E36  ------------------------------------------------------------------------  490
HIVP102F41  ------------------------------------------------------------------------  490

HIVP102.CON ACAACTGCTTATTACACCCTATGAACCAGCATGGGATGGATGACCCAGAGAAAGAAGTGTTAATGTGGAA  560
HIVP102A13  ------------------------------------------------------------------------  560
HIVP102B33  ------------------------------------------------------------A-----------  560
HIVP102C34  ------------------------G-----------------------------------------------  560
HIVP102D35  -------T-----------CT--------------------------------------------------  560
HIVP102E36  -------T-----------CT--------------------------------------------------  560
HIVP102F41  -------T-----------G-----------------------------------A-----------  560

HIVP102.CON GTTTGACAGCCGCCTAGCATTCTATCACACGGCCCGAGAGAAACATCCGGAGTACTACAAAGACTGCTGA  630
HIVP102A13  ----------------------------------------G-------------------------  630
HIVP102B33  ----------------------TC-A----T-----------------------------------  630
HIVP102C34  ------------------------------------------------------------------  630
HIVP102D35  ------------------------------------------------------------T-------  630
HIVP102E36  ------------------------------------------------------------T-------  630
HIVP102F41  ----------------------TC-G----T-----------------------------------  630
```

HIVP164A22

```
LOCUS       HIVP164A22    621 bp ds-DNA            VRL       30-JUN-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, sample P164A22, nef cds
ACCESSION   L15482
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), sample P164A22.
REFERENCE   1  (bases 1 to 621)
  AUTHORS   Shugars,D.C., Smith,M.S., Glueck,D.H., Nantermet,P.V.,
            Seillier-Moiseiwitsch,F. and Swanstrom,R.
  TITLE     Analysis of the human immunodeficiency virus type 1 nef gene
            sequences present in vivo
  JOURNAL   J. Virol. 67, 4639-4650 (1993)
COMMENT     This sequence, along with five additional sequences <HIVP164A22,
            B26, C27, D28, E29, and F03> from patient 164, is shown in alignment
            below.  See genbank accession numbers L15483-L15487.  There are
            eleven additional patients, 102, 166, 171, 175, 179, 192, 226,
            227, 233, 248, and 357, and a total of 54 sequences associated with
            this study of symptomatic patients undergoing AZT therapy (1). These
            nef sequences cluster with HIV-1 subtype B nef sequences.
BASE COUNT      200 a    125 c    172 g    124 t
ORIGIN      Start of nef cds
        1 ATGggtggca agtggtcaaa acgtctgctg agtggatggg ctactgtaag ggaaagaatg
  nef cds ->
       61 agacaagctg agccagcagc agaaggggtg ggagcagcat ctagagactt ggaaaaacat
      121 ggagcaatca caagtagcaa tacagcagct actaatgctg cttgtgcctg gctagaagca
      181 caagaagagg aggaggtggg ttttctagtc aggcctcagg tacctttaag accaatgact
      241 tacaaagcag ctatagatat gagccacttt ttaaaagaaa agggggggact ggatgggcta
      301 atttactccc agaaaagaca agaaatcctt gatctgtggg tctaccacac acaaggctac
      361 ttccctgatt ggcagaatta cacaccaggg ccaggggtca gatacccact gacctttgga
      421 tggtgctaca agctagtacc agttgatcaa gagcaagtag aaaaggccga tgaaggagag
      481 aacaacagct tgttacaccc tataagcctg catggaatgg atgacccgga gggagaagtg
      541 ttaatgtgga agtttgacag ccgcctagca tttcatcaca tagcccgaga gaaacatccg
      601 gagtactaca aagactgcTG A
                              <- nef

------------------
HIVP164.CON ATGGGTGGCAAGTGGTCAAAACGTC...TGAGTGGATGGGCTACTGTAAGGGAAAGAATGAGACAAGCTG     67
HIVP164A22  -------------------------TGC-------------------------------------------     70
HIVP164B26  -------------------------A...-------------------------------------G-----     67
HIVP164C27  -------------------------...-------------------------------------------     67
HIVP164D28  -------------------------...-------------------------------------------     67
HIVP164E29  -------------------------...-------------------------------------G----     67
HIVP164F03  -------------------------A...-------------------------------------G----     67

HIVP164.CON AGCCAGCAGCAGAAGGGGTGGGAGCAGCATCTAGAGACTTGGAAAAACATGGAGCAATCACAAGTAGCAA    137
HIVP164A22  ------------------------------------------------------------------------    140
HIVP164B26  --------------------------------C-----------------------------------------    137
HIVP164C27  ------------------------------------------------------------------------    137
HIVP164D28  ------------------------------------------------------------------------    137
HIVP164E29  --------------------------------C-----------------------------------------    137
HIVP164F03  --------------------------------C-----------------------------------------    137

HIVP164.CON TACAGCAGCTACTAATGCTGCTTGTGCCTGGCTAGAAGCACAAGAAGAGGAGGAGGTGGGTTTTCTAGTC    207
HIVP164A22  ------------------------------------------------------------------------    210
HIVP164B26  ------------------------------------------------------------------C----    207
HIVP164C27  ------------------------------------------------------------------------    207
HIVP164D28  ------------------------------------------------------------------------    207
HIVP164E29  ------------------------------------------C---------------------C----    207
HIVP164F03  ------------------------------------------C---------------------C----    207
```

```
HIVP164.CON AGGCCTCAGGTACCTTTAAGACCAATGACTTACAAAGCAGCTATAGATATGAGCCACTTTTTAAAAGAAA  277
HIVP164A22  ------------------------------------------------------------------------  280
HIVP164B26  ----------------------------------------------C-------------------------  277
HIVP164C27  --A-------------------------------------------A-------------------------  277
HIVP164D28  --A-------------------------------------------A-------------------------  277
HIVP164E29  ---------------C------------------------------------------------------------  277
HIVP164F03  ------------------------------------------------------------------------  277

HIVP164.CON AGGGGGGACTGGATGGGCTAATTTACTCCCAGAAAAGACAAGAAATCCTTGATCTGTGGGTCTACCACAC  347
HIVP164A22  ------------------------------------------------------------------------  350
HIVP164B26  ------------------------------------------G-------------------------------  347
HIVP164C27  ------------------------------------------G-------------------------------  347
HIVP164D28  ------------------------------------------------------------------------  347
HIVP164E29  ------------------------------------------------------------------------  347
HIVP164F03  ------------------------------------------------------------------------  347

HIVP164.CON ACAAGGCTACTTCCCTGATTGGCAGAATTACACACCAGGGCCAGGGGTCAGATACCCACTGACCTTTGGA  417
HIVP164A22  ------------------------------------------------------------------------  420
HIVP164B26  ------------T-------------------------------AA-------------------------  417
HIVP164C27  ------------------------------------------------------------------------  417
HIVP164D28  ------------T-------------------------------------------------------------  417
HIVP164E29  --------------------------C-----------------AA-------------------------  417
HIVP164F03  --------------------------C-----------------AA----------T-------------  417

HIVP164.CON TGGTGCTACAAGCTAGTACCAGTTGATCAAGAGCAAGTAGAAAAGGCCAATGAAGGAGAGAACAACAGCT  487
HIVP164A22  ----------------------------------------------G-------------------------  490
HIVP164B26  ------------------------------------------------------------------------  487
HIVP164C27  ---C--------------------------------------------------------------------  487
HIVP164D28  ------------------------------------------------------------------------  487
HIVP164E29  ----------------------------------------------------G-------------------  487
HIVP164F03  ------------------------------------------------------------------------  487

HIVP164.CON TGTTACACCCTATAAGCCTGCATGGAATGGATGACCCGGAGGGAGAAGTGTTAATGTGGAAGTTTGACAG  557
HIVP164A22  ------------------------------------------------------------------------  560
HIVP164B26  -------------G----------------------------------------------------------  557
HIVP164C27  ------------------------------------------------------------------------  557
HIVP164D28  -------------G----------------------------------------------------------  557
HIVP164E29  -------------G----------------------------------------------------------  557
HIVP164F03  ------------------------------------------------------------------------  557

HIVP164.CON CCGCCTAGCATTTCATCACATAGCCCGAGAGAAACATCCGGAGTACTACAAAGACTGCTGA  618
HIVP164A22  ------------------------------------------------------------  621
HIVP164B26  ------------------------------------------------------------  618
HIVP164C27  ------------------------------------------------------------  618
HIVP164D28  ------------------------------------------------------------  618
HIVP164E29  ------------------------------------------------------------  618
HIVP164F03  ------------------------------------------------------------  618
```

HIVP166A10

```
LOCUS       HIVP166A10    651 bp
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, sample P166A10, nef cds.
ACCESSION   L15488
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), sample P166A10.
REFERENCE   1  (bases 1 to 651)
  AUTHORS   Shugars,D.C., Smith,M.S., Glueck,D.H., Nantermet,P.V.,
            Seillier-Moiseiwitsch,F. and Swanstrom,R.
  TITLE     Analysis of the human immunodeficiency virus type 1 nef gene
            sequences present in vivo
  JOURNAL   J. Virol. 67, 4639-4650 (1993)
COMMENT     This sequence, along with four additional sequences <HIVP166B12,
            C03, D07, and E08> from patient 166 is shown in alignment below.
            See genbank accession numbers L15489-L15492.  There are eleven
            additional patients, 102, 164, 171, 175, 179, 192, 226, 227, 233,
            248, and 357, and a total of 54 sequences associated with this
            study of symptomatic individuals undergoing AZT therapy (1). These
            nef sequences cluster with HIV-1 subtype B nef sequences.
BASE COUNT      206 a    131 c    187 g    127 t
ORIGIN    start of nef
        1 ATGggtggca agtggtcaaa aacgtattgg gatggatggc atgttgtaag ggaaagaatg
  nef cds ->
       61 agacgaattg aaccagcagc agaaagaggg agacgagctg agccagcagc agaaggggtg
      121 ggagcagcat ctcgagacct agaaagacat ggagcaatca caagtagcaa tacaacagct
      181 accaatgctg attgtgcctg gctagaagca caagaggatg gcgaggaggt gggttttcca
      241 gtcagacctc aggtaccttt aagaccaatg acttacaagg cagctataga tcttagccac
      301 tttttaaaag aaaagggggg actggaaggg ctaatttact gccaacaaag acaagatatc
      361 cttgatctgt gggtctatca cacacaaggc tacttccctg attggcagaa ctacacacca
      421 gggccaggga tcagatatcc cctgaccttt ggatggtgct tcaagctagt accagttgag
      481 caagagaagg tagaagaggc cactgaagga gagaacaact gcttgttaca ccctataagc
      541 cagcatggga tggaagaccc ggagagagaa gtattagtgt ggaggtttga cagtcgccta
      601 gcatttcatc acgtggcccg agagctgcat ccggagtact acaagaacTG A
                                                                <- nef

-------------
HIVP166.CON ........ATGGGTGGCAAGTGGTCAAAACGTC...TGGGAGGATGGCCTGCTGTAAGGGATAGAATGAG    59
HIVP166A10  ........--------------------ACGTATTG--AT-------A--T---------A--------    62
HIVP166B12  ........-------------------------...-------------------------------    59
HIVP166C03  TCGTTTCC-------------------------...----------------C-----------------    67
HIVP166D07  ........-------------------------...-------------------------------    59
HIVP166E08  ........-----A------------------TGTA----T--G-------------------------    62

HIVP166.CON ACGAGCTGAGCCAGCAGCAG..................AGCCAGCAGCAGCTGGGGTGGGAGCAGTATCT   111
HIVP166A10  ----AT---A----------AAAGAGGGAGACGAGCTG-----------AA-------------C----   132
HIVP166B12  --------------------..................--------------------------------   111
HIVP166C03  --------------------..................--------------------------------   119
HIVP166D07  --------------------..................--------------------------------   111
HIVP166E08  --------------------..................--------------------------------   114

HIVP166.CON CGAGACTTGGAAAAACATGGAGCAATCACAAGTAGCAATACAGCAGCTACTAATGCTGATTGTGCCTGGC   181
HIVP166A10  ------C-A----G----------------------------A-------C------------------   202
HIVP166B12  ---------------------------------------------C----------------------   181
HIVP166C03  ----------------------------------T---------------------------------   189
HIVP166D07  ----------------------------------T--------------------C-------------   181
HIVP166E08  --------------G---------G----T-------------------------A-------------   184

HIVP166.CON TAGAAGCACAAGAGGAGGAGGAGGTGG...GCTTTCCAGTCAGACCTCAGGTACCTTTAAGACCAATGAC   248
HIVP166A10  ----------------T-GC----A--TGG-T-------------------------------------   272
HIVP166B12  -G-------------------------...--------------------------------------   248
HIVP166C03  -G-------------------------...--------------------------------------   256
HIVP166D07  ---------------------A----...-------G----A----------------------C---   248
HIVP166E08  ----------------A----------...------------A--------------------------   251
```

```
HIVP166.CON CTACAAGGGAGCTTTAGATCTCAGCCACTTTTTAAAAGAAAAGGGGGGACTGGAAGGGCTAATTTACTCC   318
HIVP166A10  T-------C----A-------T-----------------------------------------------G-   342
HIVP166B12  ------------G-------------------------------------------------------   318
HIVP166C03  -------------------------------------------------------------------   326
HIVP166D07  -------------------------------------------------------------------   318
HIVP166E08  -------------------------------------------------------------------   321

HIVP166.CON CAGAAAAGACAAGACATCCTTGATCTGTGGATCTACCACACACAAGGCTACTTCCCTGATTGGCAGAACT   388
HIVP166A10  --AC----------T---------------G----T-------------------------------   412
HIVP166B12  -------------------------------------------------------------------   388
HIVP166C03  ----------G--------------------------------------------------------   396
HIVP166D07  -------------------------A-----------------------------------------   388
HIVP166E08  -------------------------------------------------------------------   391

HIVP166.CON ACACACCAGGGCCAGGGATCAGATATCCACTGACCTTTGGATGGTGCTTCAAGCTAGTACCAGTTGAGCC   458
HIVP166A10  ----------------------------C-------------------------------------A   482
HIVP166B12  -------------------------------------------------------------------   458
HIVP166C03  ---------------------------------------------T---------------------   466
HIVP166D07  -------------------------------------------------------------------   458
HIVP166E08  -------------------------------------------------------------------   461

HIVP166.CON AGAGCAGGTAGAAGAGGCCAATACAGGAGAGAACAACTGCTTGTTACACCCTATGGCCCAGCATGGGATG   528
HIVP166A10  ----A---------------C-GA-------------------------------AAG-----------   552
HIVP166B12  -----------------------------------A-------------------------------   528
HIVP166C03  -------------------------------------------------------------------   536
HIVP166D07  -------------------------------------------------------------------   528
HIVP166E08  -----------------------------------A-------------------------------   531

HIVP166.CON GATGACCCGGAGAAAGAAGTATTAGTGTGGAGGTTTGACAGCCGCCTAGCATTTCATCACATGGCCCGAG   598
HIVP166A10  --A----------G-------------------------T-----------------G---------   622
HIVP166B12  -------------------------------------------------------------------   598
HIVP166C03  -------------------------------------------------------------------   606
HIVP166D07  --------A----------------------------------------------------------   598
HIVP166E08  -------------------------------------------------------------------   601

HIVP166.CON AGAAGCATCCGGAGTACTACAAAGACTGCTGA              630
HIVP166A10  --CT-----------------GA----A                 651
HIVP166B12  ------------------------------               630
HIVP166C03  ------------------------------               638
HIVP166D07  ------------------------------               630
HIVP166E08  ------------------------------               633
```

HIVP171A10

```
LOCUS       HIVP171A10    618 bp ds-DNA              VRL       30-JUN-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, sample P171A10, nef cds
ACCESSION   L15493
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), sample P171A10.
REFERENCE   1  (bases 1 to 618)
  AUTHORS   Shugars,D.C., Smith,M.S., Glueck,D.H., Nantermet,P.V.,
            Seillier-Moiseiwitsch,F. and Swanstrom,R.
  TITLE     Analysis of the human immunodeficiency virus type 1 nef gene
            sequences present in vivo
  JOURNAL   J. Virol. 67, 4639-4650 (1993)
COMMENT     This sequence, along with two additional sequences <HIVP102B06
            and C08> from patient 171, is shown in alignment below.  See
            genbank acccession numbers L15494 and L15495.  There are eleven
            additional patients, 102, 164, 166, 175, 179, 192, 226, 227,
            233, 248, and 357, and a total of 54 sequences associated with
            this study of symptomatic individuals undergoing AZT therapy (1).
            These nef sequences cluster with HIV-1 subtype B nef sequences.
BASE COUNT      200 a    125 c    167 g    126 t
ORIGIN    Start of nef cds
        1 ATGggtggca agtggtcaaa acatagtagg gttgaatggt ctaaagtaag ggaaagaatg
       61 ataagaactg agccagcagc agatggggtg ggagcagtat ctcgagatct ggaaaaacat
      121 ggagcaatca caagtagcaa tacagcagct actaatgctg attgtgcctg gctagaagca
      181 caagaggatg aggaaatagg ctttccagtc aaaccccagg tacctttaag accaatgact
      241 tacaagggag ctgtagatct tagccacttt ttaaaagaaa aggggggact ggaagggcta
      301 atttactccc aaaaaagaca agatatcctt gatctctgga tccaccacac acaaggctac
      361 ttccctgatt ggcagaacta cacaaaaggg ccaggggtca gatatccact gacctttgga
      421 tggtgcttct agctagtacc agtggagcca gataaggtag aagaggccaa gtcaggagaa
      481 aacaccaact tgttacaccc tatgagcctg catgggatgg atgacccaga gggagaagtg
      541 ttaatgtggg agtttgacag ccgcctagca tttcatcacg tggcccgaga gctgcatccg
      601 gagtactaca agaacTGA
                          <- nef
```

```
------------
HIVP171.CON ATGGGTGGCAAGTGGTCAAAACATAGTAGGGTTGAATGGTCTAAAGTAAGGGAAAGAATGATAAGAACTG    70
HIVP171A10  ------------------------------------------------------------------    70
HIVP171B06  --------T---------------------------------------------------------    70
HIVP171C08  ----------------------------------------CA----------------------------    70

HIVP171.CON AACCAGCAGCAGATGGGGTGGGAGCAGTATCTCGAGACCTGGAAAAACATGGAGCAATCACAGGTAGCAA   140
HIVP171A10  -G--------------------------------T-------------------A--------   140
HIVP171B06  ------------------------------------------------------------------   140
HIVP171C08  ------------------------------------------------------------------   140

HIVP171.CON TACAGCAGCTACTAATGCTGATTGTGCCTGGCTAGAAGCACAAGAGGATGAGGAAATAGGCTTTCCAGTC   210
HIVP171A10  ------------------------------------------------------------------   210
HIVP171B06  ------------------------------------------------------------------   210
HIVP171C08  ------------------------------------------------------------------   210

HIVP171.CON AAACCCCAGGTACCTTTAAGACCAATGACTTACAAGGGAGCTGTAGATCTTAGCCACTTTTTAAAAGAAA   280
HIVP171A10  ------------------------------------------------------------------   280
HIVP171B06  ------------------------------------------------------------------   280
HIVP171C08  ------------------------------------------------------------------   280

HIVP171.CON AGGGGGGACTGGAAGGGCTAATTTACTCCCAAAAAAGACAAGATATCCTTGATCTATGGATGTACCACAC   350
HIVP171A10  ----------------------------------------------------C-----CC--------   350
HIVP171B06  ------------------------------------------------------------------   350
HIVP171C08  ------------------------------------------------------------------   350

HIVP171.CON ACAAGGCTACTTCCCTGATTGGCAGAACTACACACCAGGGCCAGGGGTCAGATATCCACTGACCTTTGGA   420
HIVP171A10  ----------------------------------AA--------------------------------   420
HIVP171B06  ------------------------------------------------------------------   420
HIVP171C08  ------------------------------------------------------------------   420
```

```
HIVP171.CON TGGTGCTTCAAGCTAGTACCAGTTGAGCCAGATAAGGTAGAAGAAGCTAATGCAGGAGAGAACACCAACC   490
HIVP171A10  ---------T-------------G--------------------G--C--GT-------A---------T   490
HIVP171B06  ------------------------------------------------------------------------   490
HIVP171C08  ------------------------------------------------------------------------   490

HIVP171.CON TGTTACACCCTATGAGCCTGCATGGGATGGATGACCCAGAGGGAGAAGTGTTAATGTGGAAGTTTGACAG   560
HIVP171A10  ------------------------------------------------------------G----------   560
HIVP171B06  ------------------------------------------------------------------------   560
HIVP171C08  ------------------------------------------------------------------------   560

HIVP171.CON CCGCCTAGCATTTCATCACGTGGCCCGAGAGCTGCATCCGGAGTACTACAAGAACTGA                  618
HIVP171A10  ------------------------------------------------------------            618
HIVP171B06  ------------------------------------------------------------            618
HIVP171C08  ------------------------------------------------------------            618
```

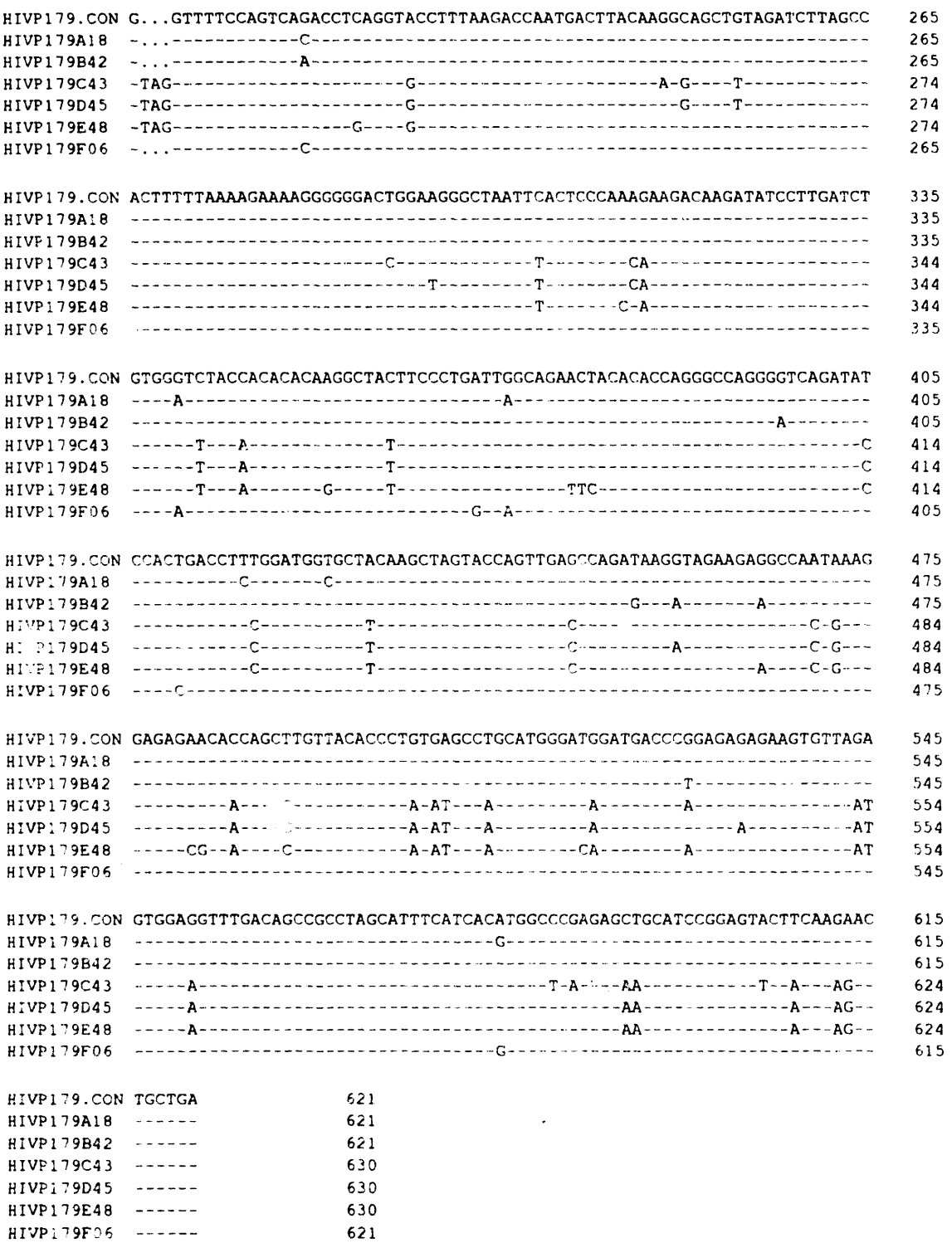
HIVP175A01

```
LOCUS       HIVP175A01    651 bp ds-DNA             VRL       30-JUN-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, sample P175A01, nef cds.
ACCESSION   L15496
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), sample P175A01.
REFERENCE   1  (bases 1 to 651)
  AUTHORS   Shugars,D.C., Smith,M.S., Glueck,D.H., Nantermet,P.V.,
            Seillier-Moiseiwitsch,F. and Swanstrom,R.
  TITLE     Analysis of the human immunodeficiency virus type 1 nef gene
            sequences present in vivo
  JOURNAL   J. Virol. 67, 4639-4650 (1993)
COMMENT     This sequence, along with an additional sequence <HIVP175B07>
            from patient 175, is shown in alignment below (acc. no. L15497).
            There are eleven additional patients, 102, 164, 166, 171, 179,
            192, 226, 227, 233, 248, and 357, and a total of 54 sequences
            associated with this study of symptomatic individuals undergoing
            AZT therapy (1). These nef sequences cluster with HIV-1 subtype B
            nef sequences.
BASE COUNT      206 a    127 c    189 g    129 t
ORIGIN    Start of nef cds
        1 ATGggtggca agtggtcaaa aacgtattgg gatggatgga atattgtaag ggaaagaatg
  nef cds ->
       61 agacgaattg aaccagcagc agaaagaagg agacgagctg agccagcagc agaaggggtg
      121 ggagcagcat ctcgagacct ggaaagacat ggagcaatca caagtagcaa tacagcagct
      181 accaatgctg attgtgcctg gctagaagca caagaggatg gtgaggaggt gggttttcca
      241 gtcagacctc aggtaccttt aagaccaatg acttacaagg cagctataga tcttagccac
      301 ttttaaaag aaaaggggg actggaaggg ctaatttact gtcaacaaag acaagatatc
      361 cttgatatgt gggtctatca cacacaaggc tacttccctg attggcagaa ctacacacca
      421 gggccagggg tcagatatcc actgaccttt ggatggtgct tcaagctagt accagttgag
      481 caagagaagg tagaagaggc ctctgaagga gagaacaact gcttgttaca ccctataagc
      541 cagcatcgga tggaggactc ggagagagaa gtactagtgt ggaggtttga cagccgccta
      601 gcatttcatc agctggcccg agagctgcat ccggagtact acaagaacTG A
                                                              <- nef
---------------
HIVP175A01 ATGGGTGGCAAGTGGTCAAAAACGTATTGGGATGGATGGAATATTGTAAGGGAAAGAATGAGACGAATTG     70
HIVP175B07 --------------------CGTAT-G----------C--G----------------------------     70

HIVP175A01 AACCAGCAGCAGAAAGAAGGAGACGAGCTGAGCCAGCAGCAGAAGGGGTGGGAGCAGCATCTCGAGACCT    140
HIVP175B07 ----------------G-------------------------------------------------    140

HIVP175A01 GGAAAGACATGGAGCAATCACAAGTAGCAATACAGCAGCTACCAATGCTGATTGTGCCTGGCTAGAAGCA    210
HIVP175B07 A-----------------------------------A-----------------------------    210

HIVP175A01 CAAGAGGATGGTGAGGAGGTGGGTTTTCCAGTCAGACCTCAGGTACCTTTAAGACCAATGACTTACAAGG    280
HIVP175B07 ----------C-------------------------------------------------------    280

HIVP175A01 CAGCTATAGATCTTAGCCACTTTTTAAAAGAAAAGGGGGGACTGGAAGGGCTAATTTACTGTCAACAAAG    350
HIVP175B07 ------------------------------------------------------------C--------    350

HIVP175A01 ACAAGATATCCTTGATATGTGGGTCTATCACACACAAGGCTACTTCCCTGATTGGCAGAACTACACACCA    420
HIVP175B07 ----------------C-------------------------------------------------    420

HIVP175A01 GGGCCAGGGGTCAGATATCCACTGACCTTTGGATGGTGCTTCAAGCTAGTACCAGTTGAGCAAGAGAAGG    490
HIVP175B07 ---------A----------C-------------------------------------------    490

HIVP175A01 TAGAAGAGGCCTCTGAAGGAGAGAACAACTGCTTGTTACACCCTATAAGCCAGCATGGGATGGAGGACTC    560
HIVP175B07 ---- ------A-------------------------------------------------C-    560

HIVP175A01 GGAGAGAGAAGTACTAGTGTGGAGGTTTGACAGCCGCCTAGCATTTCATCAGCTGGCCCGAGAGCTGCAT    630
HIVP175B07 ----------T-----------------T----------CG----------------------    630

HIVP175A01 CCGGAGTACTACAAGAACTGA                                                651
HIVP175B07 --------------------                                                651
```

```
LOCUS       HIVP179A18    621 bp ds-DNA             VRL       30-JUN-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, sample P179A18, nef cds.
ACCESSION   L15498
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), sample P179A18.
REFERENCE   1  (bases 1 to 621)
  AUTHORS   Shugars,D.C., Smith,M.S., Glueck,D.H., Nantermet,P.V.,
            Seillier-Moiseiwitsch,F. and Swanstrom,R.
  TITLE     Analysis of the human immunodeficiency virus type 1 nef gene
            sequences present in vivo
  JOURNAL   J. Virol. 67, 4639-4650 (1993)
COMMENT     This sequence, along with five additional sequences <HIVP179B42,
            C43, D45, E48, and F06> from patient 179, is shown in alignment
            below.  See genbank accession numbers L15499-L15503.  There are
            eleven additional patients, 102, 164, 166, 171, 175, 192, 226,
            227, 233, 248, and 357, and a total of 54 sequences associated
            with this study of symptomatic individuals undergoing AZT therapy
            (1). These nef sequences cluster with HIV-1 subtype B nef sequences.
BASE COUNT      188 a    134 c    176 g    123 t
ORIGIN      Start of nef cds
        1 ATGggtggca agtggtcaaa aagtagtgtg attggatggc ctactgtaag ggaaagattg
  nef cds ->
       61 agacgagctg agccagcagc agatagggtg ggagcagcat ctcgagacct ggaaaaacat
      121 ggagcaatca caagtagcaa tacagcagct accaatgctg cttgtgcctg gctagaagca
      181 caagaggagg aggaggtggg ttttccagtc acacctcagg taccttttaag accaatgact
      241 tacaaggcag ctgtagatct tagccacttt ttaaaagaaa aggggggact ggaagggcta
      301 attcactccc aaagaagaca agatatcctt gatctgtgga tctaccacac acaaggctac
      361 ttccctgatt agcagaacta cacaccaggg ccaggggtca gatatccact gacctctgga
      421 tggcgctaca agctagtacc agttgagcca gataaggtag aagaggccaa taaaggagag
      481 aacaccagct tgttacaccc tgtgagcctg catgggatgg atgacccgga gagagaagtg
      541 ttagagtgga ggtttgacag ccgcctagca tttcatcacg tggcccgaga gctgcatccg
      601 gagtacttca agaactgcTG A
                                <- nef
```

```
-------------
HIVP179.CON ATGGGTGGCAAGTGGTCAAAAAGTAGTGTGATTGGATGGCCTACTGTAAGGGAAAGAATGAGACGAGCTG     70
HIVP179A18  ----------------------------------------------------------T----------     70
HIVP179B42  ----------------------------------------------------------------------     70
HIVP179C43  ------------------------AGA--GG---G---T-------------------C--A--A---     70
HIVP179D45  ------------------------AGA--GG---G---T-------------------C-----A---     70
HIVP179E48  ------------------------AGA--GG---G---T-------------------C-----A---     70
HIVP179F06  ----------------------------------------------------------------------     70

HIVP179.CON AGCCAGCAGCAG............AGGGGGTGGGAGCAGCATCTCGAGACCTGGAAAAACATGGAGCAAT    128
HIVP179A18  ------------............-TA------------------------------------------    128
HIVP179B42  ------------............----------------------------------------------    128
HIVP179C43  -----CG-A-T-AGCCAGCAGCAG----------------T-----------------G------------    140
HIVP179D45  -----CA-A-T-AGCCAGCAGCAG----------------T-----------------G------------    140
HIVP179E48  -----CG-A-T-AGCCAGCAGCAG-A--------------T---C-------------G------------    140
HIVP179F06  ------------............-TA------------------------------------------    128

HIVP179.CON CACAAGTAGCAATACAGCAGCTAACAATGCTGCTTGTGCCTGGCTAGAAGCACAAGAGGAGGAGGAGGTG    198
HIVP179A18  ----------------------C----------------------------------------------    198
HIVP179B42  ----------------------------------------------------------------------    198
HIVP179C43  ------------C-......T---T-----------------G------------A--A-G-----A-    204
HIVP179D45  ------------C-......T---T-----------------G----------------A-G-----A-    204
HIVP179E48  ------------C-......T---T-----------------G----------------A-G-----AA    204
HIVP179F06  ----------------------C----------------------------------------------    198
```

HIVP179A18


HIVP179.CON G...GTTTTCCAGTCAGACCTCAGGTACCTTTAAGACCAATGACTTACAAGGCAGCTGTAGATCTTAGCC 265
HIVP179A18 -...-----------C---------- 265
HIVP179B42 -...-----------A---------- 265
HIVP179C43 -TAG---------------------G----------A-G----T---------- 274
HIVP179D45 -TAG---------------------G----------G----T---------- 274
HIVP179E48 -TAG----------------G----G---------- 274
HIVP179F06 -...-----------C---------- 265
HIVP179.CON ACTTTTTAAAAGAAAAGGGGGGACTGGAAGGGCTAATTCACTCCCAAAGAAGACAAGATATCCTTGATCT 335
HIVP179A18 ---------- 335
HIVP179B42 ---------- 335
HIVP179C43 ----------C----------T--------CA---------- 344
HIVP179D45 ----------T----------T--------CA---------- 344
HIVP179E48 ----------T-------C-A---------- 344
HIVP179F06 ---------- 335
HIVP179.CON GTGGGTCTACCACACACAAGGCTACTTCCCTGATTGGCAGAACTACACACCAGGGCCAGGGGTCAGATAT 405
HIVP179A18 ----A----------A---------- 405
HIVP179B42 ----------A-------- 405
HIVP179C43 ------T---A----------T----------C 414
HIVP179D45 ------T---A----------T----------C 414
HIVP179E48 ------T---A-------G-----T----------TTC----------C 414
HIVP179F06 ----A----------G--A---------- 405
HIVP179.CON CCACTGACCTTTGGATGGTGCTACAAGCTAGTACCAGTTGAGCCAGATAAGGTAGAAGAGGCCAATAAAG 475
HIVP179A18 ----------C-------C---------- 475
HIVP179B42 ----------G---A-------A---------- 475
HIVP179C43 ----------C----------T----------C---- ----------C-G--- 484
HIVP179D45 ----------C----------T----------C---------A----------C-G--- 484
HIVP179E48 ----------C----------T----------C----------A----C-G--- 484
HIVP179F06 ----C---------- 475
HIVP179.CON GAGAGAACACCAGCTTGTTACACCCTGTGAGCCTGCATGGGATGGATGACCCGGAGAGAGAAGTGTTAGA 545
HIVP179A18 ---------- 545
HIVP179B42 ----------T---------- 545
HIVP179C43 ---------A---[illegible]----------A-AT---A---------A--------A----------AT 554
HIVP179D45 ---------A---[illegible]----------A-AT---A---------A----------A----------AT 554
HIVP179E48 -----CG--A----C----------A-AT---A--------CA--------A----------AT 554
HIVP179F06 ---------- 545
HIVP179.CON GTGGAGGTTTGACAGCCGCCTAGCATTTCATCACATGGCCCGAGAGCTGCATCCGGAGTACTTCAAGAAC 615
HIVP179A18 ----------G---------- 615
HIVP179B42 ---------- 615
HIVP179C43 -----A----------T-A-[illegible]-AA----------T--A---AG-- 624
HIVP179D45 -----A----------AA----------A---AG-- 624
HIVP179E48 -----A----------AA----------A---AG-- 624
HIVP179F06 ----------G---------- 615
HIVP179.CON TGCTGA 621
HIVP179A18 ------ 621
HIVP179B42 ------ 621
HIVP179C43 ------ 630
HIVP179D45 ------ 630
HIVP179E48 ------ 630
HIVP179F06 ------ 621

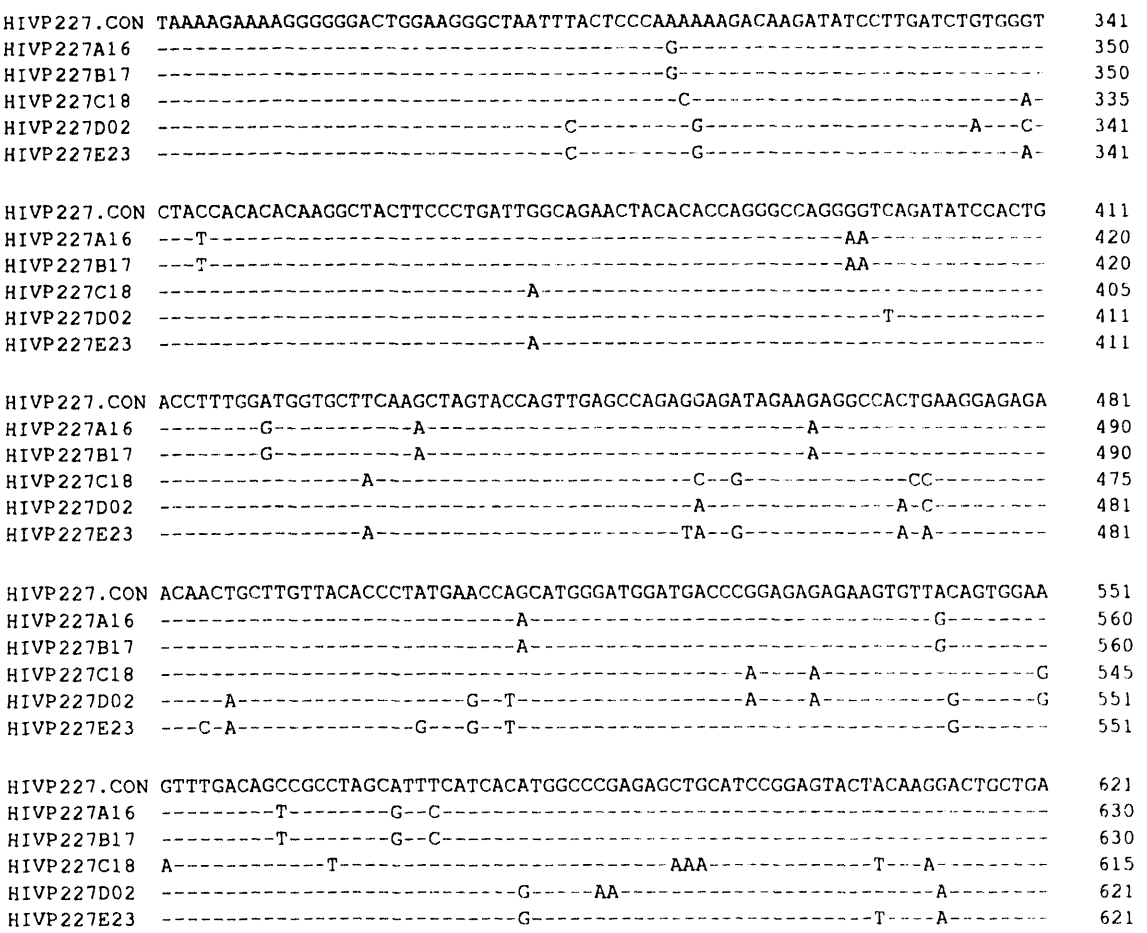
```
LOCUS       HIVP192A13    651 bp ds-DNA             VRL       30-JUN-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, sample P192A13, nef cds.
ACCESSION   L15504
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), sample P192A13.
REFERENCE   1  (bases 1 to 651)
  AUTHORS   Shugars,D.C., Smith,M.S., Glueck,D.H., Nantermet,P.V.,
            Seillier-Moiseiwitsch,F. and Swanstrom,R.
  TITLE     Analysis of the human immunodeficiency virus type 1 nef gene
            sequences present in vivo
  JOURNAL   J. Virol. 67, 4639-4650 (1993)
COMMENT     This sequence, along with three additional sequences <HIVP192B14,
            C15, and D14> from patient 192, is shown in alignment below. See
            genbank accession numbers L15505-L15507.  There are eleven
            additional patients, 102, 164, 166, 171, 175, 179, 226, 227, 233,
            248, and 357, and a totasl of 54 sequences associated with this
            study of symptomatic individuals undergoing AZT therapy (1). These
            nef sequences cluster with HIV-1 subtype B nef sequences.
BASE COUNT      202 a    132 c    191 g    126 t
ORIGIN    Start of nef cds
        1 ATGggtggca agtggtcaaa acgtattggg gatggatggc atattgtaag ggaaagaatg
  nef cds ->
       61 agacgaattg aaccagcagc agaaagaggg agacgagctg agccagcagc agaaggggtg
      121 ggagcagcat ctcgagacct ggaaagacat ggagcaatca caagtagcaa tacagcagct
      181 accaatgctg attgtgcctg gctagaagca caagaggatg gtgaggaggt gggttttcca
      241 gtcagacctc aggtaccttt aagaccaata acttacaagg cagctctgga tcttagccac
      301 tttttaaaag aaaaggggag actggaaggg ctggtttact gccaacaaag acaagatatc
      361 ctagatctgt gggtctatca cacacaaggc tacttccctg attggcagaa ctacacacca
      421 gggccaggga tcagatatcc cctgaccttt ggatggtgct tcaagctagt accagttgag
      481 caagagaagg tagaagaggc cactgaagga gagaacaact gcttgttaca ccctataagc
      541 cagcatggga tggaggaccc ggagagagaa gtattagtgt ggaggtttga cagccgccta
      601 gcatttcatc acgtggcccg agaactgcat ccggagtact acaagaacTG A
                                                                  <- nef
-----------------
HIVP192.CON ATGGGTGGCAAGTGGTCAAAACGTATTGGGGATGGATGGCATATTGTAAGGGAAAGAATGAGACGAATTG     70
HIVP192A13  ------------------------------------------------------------------------  70
HIVP192B14  ----------------------ACGTA-T----------A-----------------------------  70
HIVP192C15  ----------------------ACGTA-T--------------G---------------------------  70
HIVP192D14  ------------------------------------C-G-------------------------------  70

HIVP192.CON AACCAGCAGCAGAAAGAGGGAGACGAGCTGAGCCAGCAGCAGAAGGGGTGGGAGCAGCATCTCGAGACCT    140
HIVP192A13  ------------------------------------------------------------------------  140
HIVP192B14  ------------------A-----------------------------------------------------  140
HIVP192C15  ------------------------------------------------------------A-----------  140
HIVP192D14  ------------------------------------------------------------------------  140

HIVP192.CON GGAAAGACATGGAGCAATCACAAGTAGCAATACAGCAGCTACCAATGCTGATTGTGCCTGGCTAGAAGCA    210
HIVP192A13  ------------------------------------------------------------------------  210
HIVP192B14  A-----------------------------------------------------------------------  210
HIVP192C15  ---------------- ------------------------------------------ ------------  210
HIVP192D14  ------------------------------------------------------------------------  210

HIVP192.CON CAAGAGGATGGTGAGGAGGTGGGTTTTCCAGTCAGACCTCAGGTACCTTTAAGACCAATGACTTACAAGG    280
HIVP192A13  ------------------------------------------------------------A-----------  280
HIVP192B14  ------------------------------------------------------------------------  280
HIVP192C15  ------------------------------------------------------------------------  280
HIVP192D14  --G---------------------------------------------------------------------  280

HIVP192.CON CAGCTCTAGATCTTAGCCACTTTTTAAAAGAAAAGGGGGGACTGGAAGGGCTAATTTACTGCCAACAAAG    350
HIVP192A13  -------G----------------------------------------------GG----------------  350
HIVP192B14  -----A------------------------------------------------------------------  350
HIVP192C15  -----A------------------------------------------------------------------  350
HIVP192D14  ------------------------------------------------------------------------  350
```

HIVP192A13

```
HIVP192.CON ACAAGATATCCTTGATCTGTGGGTCTATCACACACAAGGCTACTTCCCTGATTGGCAGAACTACACACCA   420
HIVP192A13  ------------A-------------------------------------------------------   420
HIVP192B14  ----------------A---------------------------------------------------   420
HIVP192C15  -----------------------------------------------------------------------   420
HIVP192D14  --------------------T---------------------------------------------------   420

HIVP192.CON GGGCCAGGGATCAGATATCCACTGACCTTTGGATGGTGCTTCAAGCTAGTACCAGTTGAGCAAGAGAAGG   490
HIVP192A13  --------------------C---------------------------------------------------   490
HIVP192B14  -----------------------------------------------------------------------   490
HIVP192C15  -----------------------------------------------------------------------A   490
HIVP192D14  -----------------------------------------------------------------------   490

HIVP192.CON TAGAAGAGGCCACTGAAGGAGAGAACAACTGCTTGTTACACCCTATAAGCCAGCATGGGATGGAGGACCC   560
HIVP192A13  -----------------------------------------------------------------------   560
HIVP192B14  -------A----------------------C-------T----------------A-----------   560
HIVP192C15  -----------------------------------------------------------------------   560
HIVP192D14  ----------------G------------------------------------------------------   560

HIVP192.CON GGAGAGAGAAGTATTAGTGTGGAGGTTTGACAGCCGCCTAGCATTTCATCACGTGGCCCGAGAACTGCAT   630
HIVP192A13  -----------------------------------------------------------------------   630
HIVP192B14  ----G-------C----------------------T-----C------------------G------   630
HIVP192C15  -----------------------------------------------------------------------   630
HIVP192D14  ---------------------------------G--------------------T--G-------   630

HIVP192.CON CCGGAGTACTACAAGAACTGA              651
HIVP192A13  --------------------              651
HIVP192B14  --------------------              651
HIVP192C15  --------------------              651
HIVP192D14  --------------------              651
```

```
LOCUS       HIVP226A12     615 bp ds-DNA              VRL       30-JUN-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, sample P226A12, nef cds.
ACCESSION   L15508
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), sample P226A12.
REFERENCE   1  (bases 1 to 615)
  AUTHORS   Shugars,D.C., Smith,M.S., Glueck,D.H., Nantermet,P.V.,
            Seillier-Moiseiwitsch,F. and Swanstrom,R.
  TITLE     Analysis of the human immunodeficiency virus type 1 nef gene
            sequences present in vivo
  JOURNAL   J. Virol. 67, 4639-4650 (1993)
COMMENT     This sequence, along with an additional sequence <HIVP226B13>
            from patient 226, is shown in alignment below (acc. no. L15509).
            There are eleven additional patients, 102, 164, 166, 171, 175,
            179, 192, 227, 233, 248, and 357, and a total of 54 sequences
            associated with this study of symptomatic individuals undergoing
            AZT therapy (1). These nef sequences cluster with HIV-1 subtype
            B nef sequences.
BASE COUNT      193 a    127 c    167 g    128 t
ORIGIN    Start of nef cds
        1 ATGggtggca agtggtcaaa acctaagata tttggatggc cttctgtaag agaaagaatg
  nef cds ->
       61 agacgagctg agccagcagc agatggggtg ggagcagtat ctcgagacct ggaaaagcat
      121 ggagcaatca caagcagcaa tactaataat gctgcctgtg tctgggtaga agcacaagag
      181 gaggaggagg tgggttttcc agtcagacct caggtacctt taagaccaat gacttacaag
      241 gcagctgtag atcttagcca ctttttaaaa gaaatggggg gactggaagg gatgattcac
      301 tcccaacaaa gacaagatat acttgatcta tgggtctacc acacacaagg ttacttccct
      361 gattggcaga actacacacc agggccagga atcagatatc cactgacctt tggatggtgc
      421 ttcaagctag taccagttga gccagagcag gtagaagagg ccacccaagg agagaacaac
      481 tgcttgttac accctatgaa ccagcatggg atggatgacg cagagaaaga agtgttacag
      541 tggagatttg acagccgctt agcatttcat ctcatggccc gagagaaaca tccggagtac
      601 ttcaaagact gcTGA
                        <- nef
-----------
HIVP226A12 ATGGGTGGCAAGTGGTCAAAACCTAAGATATTTGGATGGCCTTCTGTAAGAGAAAGAATGAGACGAGCTG     70
HIVP226B13 ------------------------------------------------------------------------     70

HIVP226A12 AGCCAGCAGCAGATGGGGTGGGAGCAGTATCTCGAGACCTGGAAAAGCATGGAGCAATCACAAGCAGCAA    140
HIVP226B13 ------------------------------------------------------------------------    140

HIVP226A12 TACTAATAATGCTGCCTGTGTCTGGGTAGAAGCACAAGAGGAGGAGGAGGTGGGTTTTCCAGTCAGACCT    210
HIVP226B13 ------------------------------------------------------------------------    210

HIVP226A12 CAGGTACCTTTAAGACCAATGACTTACAAGGCAGCTGTAGATCTTAGCCACTTTTTAAAAGAAATGGGGG    280
HIVP226B13 ------------------G-----------------------------------------------------    280

HIVP226A12 GACTGGAAGGGATGATTCACTCCCAACAAAGACAAGATATACTTGATCTATGGGTCTACCACACACAAGG    350
HIVP226B13 -------------------------------G-----------------G--------------------    350

HIVP226A12 TTACTTCCCTGATTGGCAGAACTACACACCAGGGCCAGGAATCAGATATCCACTGACCTTTGGATGGTGC    420
HIVP226B13 ------------------------------------------------------------------------    420

HIVP226A12 TTCAAGCTAGTACCAGTTGAGCCAGAGCAGGTAGAAGAGGCCACCCAAGGAGAGAACAACTGCTTGTTAC    490
HIVP226B13 ------------------------------------------------------G-------------    490

HIVP226A12 ACCCTATGAACCAGCATGGGATGGATGACGCAGAGAAAGAAGTGTTACAGTGGAGATTTGACAGCCGCTT    560
HIVP226B13 ----------------------------C-------------------------------G-------    560

HIVP226A12 AGCATTTCATCTCATGGCCCGAGAGAAACATCCGGAGTACTTCAAAGACTGCTGA                   615
HIVP226B13 ---------A-A-------------------------------------C-----                   615
```

```
LOCUS       HIVP227A16    630 bp ds-DNA              VRL       30-JUN-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, sample P277A16, nef cds.
ACCESSION   L15510
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), sample P227A16.
REFERENCE   1  (bases 1 to 630)
  AUTHORS   Shugars,D.C., Smith,M.S., Glueck,D.H., Nantermet,P.V.,
            Seillier-Moiseiwitsch,F. and Swanstrom,R.
  TITLE     Analysis of the human immunodeficiency virus type 1 nef gene
            sequences present in vivo
  JOURNAL   J. Virol. 67, 4639-4650 (1993)
COMMENT     This sequence, along with four additional sequences <HIVP227B17,
            C18, D02, and E23> from patient 227, is shown in alignment below.
            See genbank accession numbers L15511-L15514.  There are eleven
            additional patients, 102, 164, 166, 171, 175, 179, 192, 226, 233,
            248, and 357, and a total of 54 sequences associated with this
            study of symptomatic individuals undergoing AZT therapy (1). These
            nef sequences cluster with HIV-1 subtype B nef sequences.
BASE COUNT      192 a    131 c    181 g    126 t
ORIGIN    Start of nef cds
        1 ATGggtggca agtggtcaaa acctaggatg agtggatggt ctgctgtaag ggaaagaatg
  nef cds ->
       61 agacgagctg agccagctga accagcagca gagggggtgg gagcagtatc tcgggacttg
      121 gaaaaacatg gagcacttac aagtagcaac acagcagcta acaatgctgc ttgtgcctgg
      181 ctagaagcac gagaggagga ggaagtgggt tttccagtca gacctcaggt acctttaaga
      241 ccaatgactt acaagggagc attagatctt agccactttt taaaagaaaa ggggggactg
      301 gaagggctaa tttactccca gaaaagacaa gatatccttg atctgtgggt ctatcacaca
      361 caaggctact tccctgattg gcagaactac acaccagggc caggaatcag atatccactg
      421 acctttgggt ggtgcttcaa actagtacca gttgagccag aggagataga aaaggccact
      481 gaaggagaga acaactgctt gttacaccct atgaaccaac atgggatgga tgacccggag
      541 agagaagtgt tgcagtggaa gtttgacagt cgcctagcgt tccatcacat ggcccgagag
      601 ctgcatccgg agtactacaa ggactgcTGA
                                        <- nef
--------
HIVP227.CON ATGGGTGGCAAGTGGTCAAAACCTAGGATGATTGGATGGCCTGCTGTAAGGGAAAGAATGAGACGAGCTG     70
HIVP227A16  ----------------------------G-------T-----------------------------------     70
HIVP227B17  ------------------------------G-------T-----------------------------------     70
HIVP227C18  -------------------------A---AT-----------T-------A-------------------     70
HIVP227D02  ---------------------TG---TGA-G-------------------A-----------G-------     70
HIVP227E23  ---------------------AG---TG--------------A-----------------------------     70

HIVP227.CON AGCCAG.........CAGCAGAGGGGGTGGGAGCAGTATCTCGGGACCTGGAAAAACATGGAGCAATTAC    131
HIVP227A16  ------CTGAACCAG--------------------------------T-----------------C----    140
HIVP227B17  ------CTGAACCAG--------------------------------T-----------------C----    140
HIVP227C18  ------.........-------T--------------------A-----------G-----------C--    131
HIVP227D02  ------.........----------A-----------------A-------------------------    131
HIVP227E23  ------.........-------TA------------C-------------------------------C--    131

HIVP227.CON AAGTAGCAATACAGCAGCTAACAATGCTGCTTGTGCCTGGCTAGAAGCACAAGAGGAGGAGGAGGTGGGT    201
HIVP227A16  ---------C-----------------------------------------G------------A------    210
HIVP227B17  ---------C-----------------------------------------G------------A------    210
HIVP227C18  ---C--------.......---T-------------------------------------------------    195
HIVP227D02  ----------------CA------------------------------G-------------------------    201
HIVP227E23  --------------------C-------------------------------------------------    201

HIVP227.CON TTTCCAGTCAGACCTCAGGTACCTTTAAGACCAATGACTTACAAGGGAGCTTTAGATCTTAGCCACTTTT    271
HIVP227A16  ------------------------------------------------A-------------------    280
HIVP227B17  ------------------------------------------------A-------------------    280
HIVP227C18  ----------C---------G----------------------A------C------------------    265
HIVP227D02  ----------A-----------------------------------------G-----A------------    271
HIVP227E23  --C-------C-----------------------------------C----G------------------    271
```


HIVP227.CON TAAAAGAAAAGGGGGGACTGGAAGGGCTAATTTACTCCCAAAAAAGACAAGATATCCTTGATCTGTGGGT 341
HIVP227A16 ----------G---------- 350
HIVP227B17 ----------G---------- 350
HIVP227C18 ----------C----------A- 335
HIVP227D02 ----------C---------G----------A---C- 341
HIVP227E23 ----------C---------G----------A- 341
HIVP227.CON CTACCACACACAAGGCTACTTCCCTGATTGGCAGAACTACACACCAGGGCCAGGGGTCAGATATCCACTG 411
HIVP227A16 ---T----------AA---------- 420
HIVP227B17 ---T----------AA---------- 420
HIVP227C18 ----------A---------- 405
HIVP227D02 ----------T---------- 411
HIVP227E23 ----------A---------- 411
HIVP227.CON ACCTTTGGATGGTGCTTCAAGCTAGTACCAGTTGAGCCAGAGGAGATAGAAGAGGCCACTGAAGGAGAGA 481
HIVP227A16 --------G----------A----------A---------- 490
HIVP227B17 --------G----------A----------A---------- 490
HIVP227C18 ----------A----------C--G----------CC---------- 475
HIVP227D02 ----------A----------A----------A-C---------- 481
HIVP227E23 ----------A----------TA--G----------A-A---------- 481
HIVP227.CON ACAACTGCTTGTTACACCCTATGAACCAGCATGGGATGGATGACCCGGAGAGAGAAGTGTTACAGTGGAA 551
HIVP227A16 ----------A----------G--------- 560
HIVP227B17 ----------A----------G--------- 560
HIVP227C18 ----------A----A----------G 545
HIVP227D02 -----A----------G--T----------A----A----------G------G 551
HIVP227E23 ---C-A----------G---G--T----------G--------- 551
HIVP227.CON GTTTGACAGCCGCCTAGCATTTCATCACATGGCCCGAGAGCTGCATCCGGAGTACTACAAGGACTGCTGA 621
HIVP227A16 ---------T--------G--C---------- 630
HIVP227B17 ---------T--------G--C---------- 630
HIVP227C18 A----------T----------AAA----------T---A---------- 615
HIVP227D02 ----------G-----AA----------A---------- 621
HIVP227E23 ----------G----------T----A---------- 621

HIVP233A17

```
LOCUS       HIVP233A17    621 bp ds-DNA             VRL       30-JUN-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, sample P233A17, nef cds.
ACCESSION   L15515
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), sample P233A17.
REFERENCE   1  (bases 1 to 621)
  AUTHORS   Shugars,D.C., Smith,M.S., Glueck,D.H., Nantermet,P.V.,
            Seillier-Moiseiwitsch,F. and Swanstrom,R.
  TITLE     Analysis of the human immunodeficiency virus type 1 nef gene
            sequences present in vivo
  JOURNAL   J. Virol. 67, 4639-4650 (1993)
COMMENT     This sequence, along with two additional sequences <HIVP179B20,
            and C23> from patient 233, is shown in alignment below.  See
            genbank accession numbers L15516 and L15517.  There are eleven
            additional patients, 102, 164, 166, 171, 175, 179, 192, 226, 227,
            248, and 357, and a total of 54 sequences associated with this study
            of symptomatic individuals undergoing AZT therapy (1). These nef
            sequences cluster with HIV-1 subtype B nef sequences.
BASE COUNT      189 a    133 c    176 g    123 t
ORIGIN    Start of nef cds
        1 ATGggtggca agtggtcaaa aagtagtgtg attggatggc ctactgtaag ggaaagaatg
  nef cds ->
       61 agacgagctg agccagcagc agatagggtg ggagcagcat ctcgggacct ggaaaaacat
      121 ggagcaatca caagtagcaa tacagcagct accaatgctg cttgtgcctg gctagaagca
      181 caagaggagg aggaggtggg tttcccagtc acacctcagg tacctttaag accaatgact
      241 tacaaggcag ctgtagatct tagccacttt ttaaaagaaa aggggggact ggaagggcta
      301 attcactccc aaagaagaca agatatcctt gatctgtgga tctaccacac acaaggctac
      361 ttccctgatt agcagaacta cacaccaggg ccaggggtca gatatccact gacctttgga
      421 tggtgctaca agctagtacc agttgagcca gataaggtag aagaggccaa taaaggagag
      481 aacaccagct tgttacaccc tgtgagcctg catgggatgg atgacccgga gagagaagtg
      541 ttagagtgga agtttgacag ccgcctagca tttcatcacg tggcccgaga gctgcatccg
      601 gagtacttca agaactgcTG A
                               <- nef
------------
HIVP233.CON ATGGGTGGCAAGTGGTCAAAAAGTAGTGTGATTGGATGGCCTACTGTAAGGGAAAGAATGAGACGAGCTGAG     72
HIVP233A17  ------------------------------------------------------------------------     72
HIVP233B20  ----------------------C---------G---------G-G----------T-------------     72
HIVP233C23  ----------------------T--------G--------------------A----------A-------     72

HIVP233.CON CCAGCAGCAG............ATGGGGTGGGAGCAGCATCTCGAGACTTGGAAAAACATGGAGCAATCACA    132
HIVP233A17  ----------............--A------------------G---C----------------------    132
HIVP233B20  ----------AACCAGCAGCAG-G-------------T-------------------------------    144
HIVP233C23  ----------............-------------------------------------C-T---    132

HIVP233.CON AGTAGCAATACAGCAGCTACCAATGCTGCTTGTGCCTGGCTAGAAGCACAAGAGGAGGAGGAGGTGGGTTTT    204
HIVP233A17  ------------------------------------------------------------------------C    204
HIVP233B20  ----------------------------A-------------------------------------------    216
HIVP233C23  -------------T-----A-----------------------------------------A--A---------    204

HIVP233.CON CCAGTCAGACCTCAGGTACCTTTAAGACCAATGACTTACAAGGCAGCTGTAGATCTTAGCCACTTTTTAAAA    276
HIVP233A17  -------C----------------------------------------------------------------    276
HIVP233B20  -----------------G--------------------T-------------------------------    288
HIVP233C23  ----------------------------------------A-G---AT--------C---------------    276

HIVP233.CON GAAAAGGGGGGACTGGAAGGGCTAATTTACTCCCAAAAAAGACAAGATATCCTTGATCTGTGGATCTACCAC    348
HIVP233A17  ---------------------------C---------G--------------------------------    348
HIVP233B20  ---C--------------------G----------G-----------A----------------------    360
HIVP233C23  ----------------------T-------------------------------------G---------    348

HIVP233.CON ACACAAGGCTACTTCCCTGATTGGCAGAACTACACACCAGGGCCAGGGGTCAGATATCCACTGACCTTTGGA    420
HIVP233A17  ----------------------A-------------------------------------------------    420
HIVP233B20  G-------------------------------------------------------------C------    432
HIVP233C23  ------------------------------------------AA----------------------G    420
```

```
HIVP233.CON TGGTGCTTCAAGCTAGTACCAGTTGAGCCAGATAAGGTAGAAAAGGCCAATGAAGGAGAGAACAACTGCTTG   492
HIVP233A17  -------A----------------------------------G--------A-----------C-A-----   492
HIVP233B20  -------------------------T-----CC-------------------------------------   504
HIVP233C23  -----------A-------------------GG--A----------------G-------------------   492

HIVP233.CON TTACACCCTATGAGCCAGCATGGGATGGATGACCCAGAGAGAGAAGTGTTAGAGTGGAAGTTTGACAGCCGC   564
HIVP233A17  ---------G------T------------------G-----------------------------------   564
HIVP233B20  C-------------------------------------A------A----T----------------AAA   576
HIVP233C23  -----------------A---------------------------------C----------------T---   564

HIVP233.CON CTAGCATTTCATCACATGGCCCGAGAGCTGCATCCGGAGTACTTCAAGAACTGCTGA                621
HIVP233A17  ---------------G-----------------------------------------                621
HIVP233B20  ------------------------------------------A---AG--------                633
HIVP233C23  ------A-C-------------------------------------------------                621
```

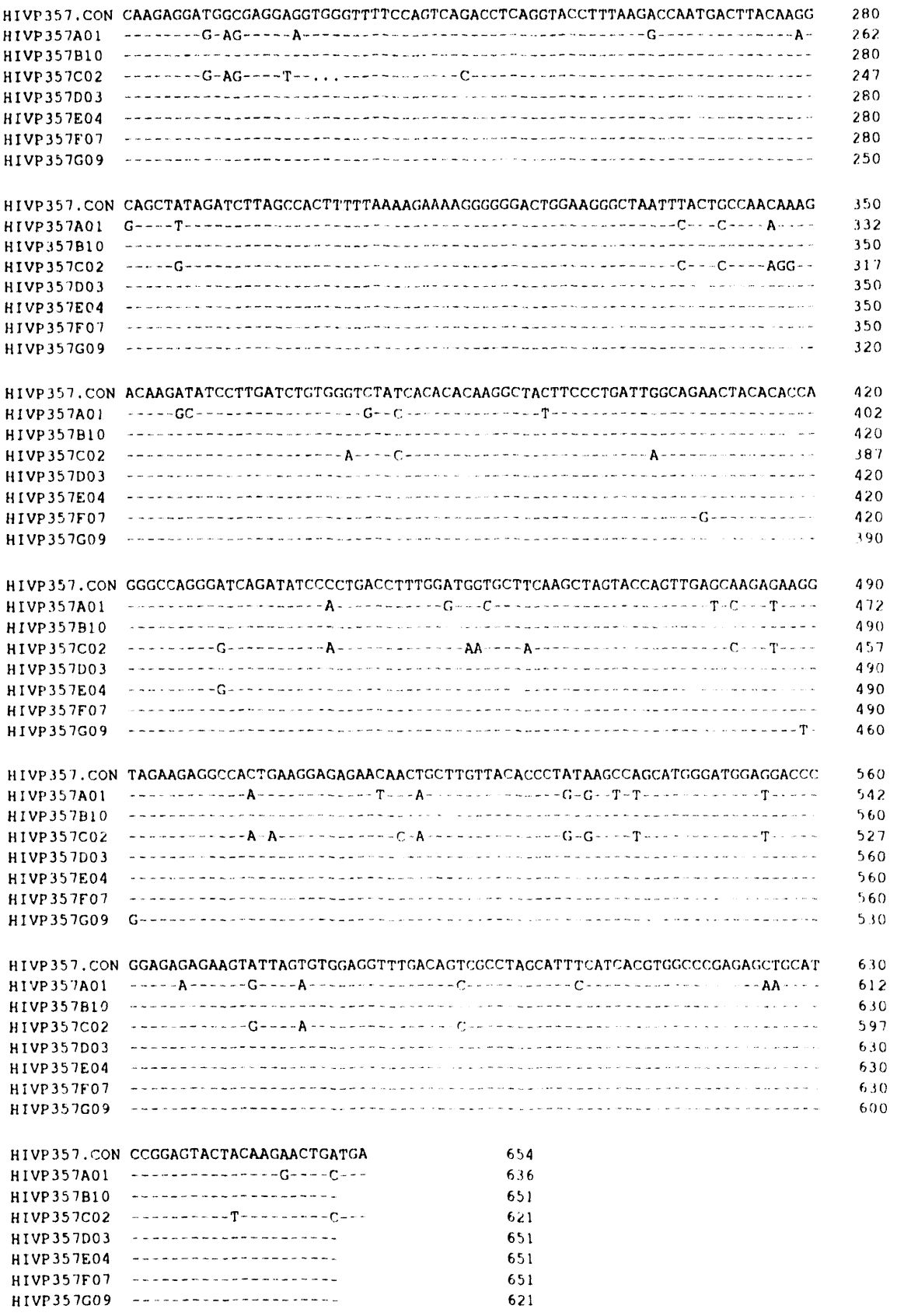
HIVP248A01

```
LOCUS       HIVP248A01    627 bp
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, sample P248A01, nef cds.
ACCESSION   L15518
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), sample P248A01.
REFERENCE   1  (bases 1 to 627)
  AUTHORS   Shugars,D.C., Smith,M.S., Glueck,D.H., Nantermet,P.V.,
            Seillier-Moiseiwitsch,F. and Swanstrom,R.
  TITLE     Analysis of the human immunodeficiency virus type 1 nef gene
            sequences present in vivo
  JOURNAL   J. Virol. 67, 4639-4650 (1993)
COMMENT     This sequence, along with four additional sequences <HIVP179B10,
            C11, D03, and E05> from patient 248, is shown in alignment below.
            See genbank accession numbers L15519-L15522.  There are eleven
            additional patients, 102, 164, 166, 171, 175, 179, 192, 226, 227,
            233, and 357, and a total of 54 sequences associated with this
            study of symptomatic individuals undergoing AZT therapy (1). These
            nef sequences cluster with HIV-1 subtype B nef sequences.
BASE COUNT      200 a    130 c    171 g    126 t
ORIGIN    Start of nef cds
        1 ATGggtggca agtggtcaaa acgtagtaaa aatgaatggc ctgctgtaag ggaaagaatg
  nef cds ->
       61 caacgagctg agccagcagc agatggggtg ggagcagcat ctcgagacct ggaaaaacat
      121 ggagcaatca caagcagcaa tacagcagct actaatgctg gttgtgcctg gctagaagca
      181 caagaggagg aggaggtggg ctttccagtc agacctcagg taccttttaag accaatgact
      241 tacaaggcag ctgtagatct tagccacttt ttaaaagaaa aggggggact ggatgggcta
      301 atttactccc aaaaaagaca agatatcctt gatctgtggg tttaccacac acaaggctac
      361 ttccctgatt ggcagaacta cacaccaggg ccagggatca gatatccact gacctttgga
      421 tggtgcttca agttagtacc agttgagcca gataaggtag aagaggccaa tgaaaaagag
      481 accaacagat tgttacaccc tataagcctg catgggatgg atgacccgga gaaagaagtg
      541 ttacagtgga agtttgacag ccgcctggca tttcatcaca tggcccgaga gctgcatccg
      601 gagtactaca aaaactgaga ctgcTGA
                                    <- nef
```

```
HIVP248.CON ATGGGTGGCAAGTGGTCAAAACGTAGTAAAAATGAATGGCCTGCTGTAAGGGAAAGAATGCAACGAGCTG     70
HIVP248A01  ------------------------------------------------------------------     70
HIVP248B10  ------------------------------------------------------G-----------     70
HIVP248C11  ----------------------------------T-------------------A----------     70
HIVP248D03  ----------------------GTG-G--G----------A--------AGG--------------     70
HIVP248E05  ---------------------A-----GTG-T--G--------C-------A----------AGG--------     70

HIVP248.CON AGCCAGCAGCAGATGGGGTGGGAGCAGTATCTCGAGACCTGGAAAAACATGGAGCAATCACAAGCAGCAA    140
HIVP248A01  ----------------------------C-------------------------------------    140
HIVP248B10  ------------------------------------------------------------------    140
HIVP248C11  ---------------------------------------------T--------------------    140
HIVP248D03  -------------G--A-------------------------------------T-----T------    140
HIVP248E05  -------------G--A-------------------------------------T-----T------    140

HIVP248.CON TACAGCAGCTACTAATGCTGATTGTGCCTGGCTAGAAGCACAAGAGGAGGAGGAGGTGGGTTTTCCAGTC    210
HIVP248A01  --------------------G-----------------------------------C----------    210
HIVP248B10  ------------------------------------------------------C----------    210
HIVP248C11  ------------------------------------------------------------------    210
HIVP248D03  -------CA--AC-------C-------------------G--------------------------    210
HIVP248E05  -------CA--AC-------C-------------------G--------------------------    210

HIVP248.CON AGACCTCAGGTACCTTTAAGACCAATGACTTACAAGGCAGCTGTAGATCTTAGCCACTTTTTAAAAGAAA    280
HIVP248A01  ------------------------------------------------------------------    280
HIVP248B10  ------------------------------------------------C-----------------    280
HIVP248C11  ------------------------------------------------------------------    280
HIVP248D03  -A-----------------------------------G----------A--------------------    280
HIVP248E05  -A-----------------------------------G----------A--------------------    280
```

```
HIVP248.CON AGGGGGGACTGGAAGGGCTAATTCACTCCCAAAAAAGACAAGATATCCTTGATCTGTGGATCTACCACAC   350
HIVP248A01  -------------T---------T-----------------------------------G-T--------   350
HIVP248B10  -----------------------T-----------------------------------T--------   350
HIVP248C11  -----------------A--G----T-------------------------------------------   350
HIVP248D03  ---------------------------------G---------------------A---C----------   350
HIVP248E05  ---------------------------------G---------------------A---C----------   350

HIVP248.CON ACAAGGCTACTTCCCTGATTGGCAGAACTACACACCAGGGCCAGGGGTAAGATATCCACTGACCTTTGGA   420
HIVP248A01  ----------------------------------------------A-----------------------   420
HIVP248B10  ----------------------------------------------A-----------------------   420
HIVP248C11  --------------------A--------------------------C----------------------   420
HIVP248D03  ------------------------------------------------T----------------------   420
HIVP248E05  ------------------------------------------------T----------------------   420

HIVP248.CON TGGTGCTTCAAGCTAGTACCAGTTGAGCCAGATAAGGTAGAAGAGGCCAATGAAGGAGAGAACAACAGCT   490
HIVP248A01  ------------T-----------------------------------------AA-----C------A-   490
HIVP248B10  ------------T-----------------------------------------AA-----C------A-   490
HIVP248C11  -------A-------------------------------------------A------------C-----   490
HIVP248D03  --------------------------------G---A--------------C------------------   490
HIVP248E05  --------------------------------G---A--------------C------------------   490

HIVP248.CON TGTTACACCCTATGAGCCTGCATGGGATGGATGACCCGGAGAAAGAAGTGTTAGAGTGGAGGTTTGACAG   560
HIVP248A01  -------------A---------------------------------------C------A---------   560
HIVP248B10  -------------A---------------------------------------C------A---------   560
HIVP248C11  -----------G------------------------------G-------------------------   560
HIVP248D03  ------------------------------------A-------------------------------   560
HIVP248E05  ------------------------------------A-------------------------------   560

HIVP248.CON CCGCCTAGCATTTCATCACGTGGCCCGAGAGCTGCATCCGGAGTACTACAAAAACTGCTGATGCTGA      627
HIVP248A01  ------G------------A-------------------------------------AGAC------      627
HIVP248B10  ------G------------A-------------------------------------A             618
HIVP248C11  ----------------------------------------------T---G---------            621
HIVP248D03  -------------------------AA-------------------------G--------            621
HIVP248E05  -------------------------AA-------------------------G---------            621
```

```
LOCUS       HIVP357A01     636 bp ds-DNA              VRL       30-JUN-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, sample P357A01, nef cds.
ACCESSION   L15523
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), sample P357A01.
REFERENCE   1  (bases 1 to 636)
  AUTHORS   Shugars,D.C., Smith,M.S., Glueck,D.H., Nantermet,P.V.,
            Seillier-Moiseiwitsch,F. and Swanstrom,R.
  TITLE     Analysis of the human immunodeficiency virus type 1 nef gene
            sequences present in vivo
  JOURNAL   J. Virol. 67, 4639-4650 (1993)
COMMENT     This sequence, along with six additional sequences <HIVP357B10,
            C02, D03, E04, F07, and G09> from patient 357, is shown in alignment
            below.  See genbank accession numbers L15524-L15529.  There are
            eleven additional patients, 102, 164, 166, 171, 175, 179, 192, 226,
            227, 233, and 248, and a total of 54 sequences associated with this
            study of symptomatic individuals undergoing AZT therapy (1). These
            nef sequences cluster with HIV-1 subtype B nef sequences.
BASE COUNT      192 a    134 c    186 g    124 t
ORIGIN    Start of nef cds
        1 ATGggtggca agtggtcaaa aagaagtgtg cctggatggt ctactataag ggaaagaatg
  nef cds ->
       61 agacgagctg agccagcagc tgagccagca gcagatgggg tgggagcagc atctcgagac
      121 ctggaaagac atggagcact cacaactagc aatacaccag ggaccaatgc tgcttgtgcc
      181 tggctagaag cacaagagga ggaggaggaa gtgggttttc cagtcagacc tcaggtacct
      241 ttaaggccaa tgacttacaa aggagcttta gatcttagcc actttttaaa agaaaagggg
      301 ggactggaag ggctaattca ctcccaaaaa agacaaggca tccttgatct gtgggtgtac
      361 cacacacaag gctatttccc tgattggcag aactacacac cagggccagg gatcagatat
      421 ccactgacct ttgggtggcg cttcaagcta gtaccagttg atccagataa ggtagaagag
      481 gccaatgaag gagagaataa cagcttgtta caccctgtga gtctgcatgg gatggatgac
      541 ccggagaaag aagtgttaga gtggaggttt gacagccgcc tagcattcca tcacgtggcc
      601 cgagagaagc atccggagta ctacaaggac tgcTGA
                                                <- nef
------------
HIVP357.CON ATGGGTGGCAAGTGGTCAAAACGTAGTGGGGATGGATGGCATGTTGTAAGGGAAAGAATGAGACGAATTG     70
HIVP357A01  ---------------------A-A----T-CC-------TC-AC-A---------------------GC--     70
HIVP357B10  -------------------------T-------------------------------------------     70
HIVP357C02  ---------------------A------T-AT----C---C-AC-----------------------GC--     70
HIVP357D03  -----------TGT-G------TGTA-T-------------------------------------------     70
HIVP357E04  ---------------------ACGTA-T-------------------------------------------     70
HIVP357F07  -------------------------T-------------------------------------------     70
HIVP357G09  ---------------------A----A---T--A----TC-AAA-------------T-A---C--     70

HIVP357.CON AACCAGCAGCAGAAAGAGGGAGACGAGCTGAGCCAGCAGCAGAAGGGGTGGGAGCAGCATCTCGAGACCT    140
HIVP357A01  -G--------T-.................-------------T-----------------------    122
HIVP357B10  ------------------------------------------------------------------    140
HIVP357C02  -G----------.............................TA-------------------------    110
HIVP357D03  ------------------------------------------------------------------    140
HIVP357E04  ------------------------------------------------------------------    140
HIVP357F07  ------------------------------------------------------------------    140
HIVP357G09  -G----------.............................T-------------T----------T--    110

HIVP357.CON AGAAAGACATGGAGCAATCACAAGTAGCAATACAACAGCTACCAATGCTGATTCTGCCTGGCTAGA[illegible]A    210
HIVP357A01  G---------------C------C----------C---GG----------C-------------------    192
HIVP357B10  ------------------------------------------------------------------    210
HIVP357C02  G----A---C-----------------------G---------------C-------------------    180
HIVP357D03  ------------------------------------------------------C-------------    210
HIVP357E04  ------------------------------------------------------------------    210
HIVP357F07  ------------------------------------------------------G-------------    210
HIVP357G09  G----A---------------------------G-------------------------------    180
```


HIVP357.CON CAAGAGGATGGCGAGGAGGTGGGTTTTCCAGTCAGACCTCAGGTACCTTTAAGACCAATGACTTACAAGG 280
HIVP357A01 --------G-AG-----A----------G---------A- 262
HIVP357B10 ---------- 280
HIVP357C02 --------G-AG----T--...----------C---------- 247
HIVP357D03 ---------- 280
HIVP357E04 ---------- 280
HIVP357F07 ---------- 280
HIVP357G09 ---------- 250
HIVP357.CON CAGCTATAGATCTTAGCCACTTTTTAAAAGAAAAGGGGGGACTGGAAGGGCTAATTTACTGCCAACAAAG 350
HIVP357A01 G----T----------C---C----A---- 332
HIVP357B10 ---------- 350
HIVP357C02 -----G----------C---C----AGG-- 317
HIVP357D03 ---------- 350
HIVP357E04 ---------- 350
HIVP357F07 ---------- 350
HIVP357G09 ---------- 320
HIVP357.CON ACAAGATATCCTTGATCTGTGGGTCTATCACACACAAGGCTACTTCCCTGATTGGCAGAACTACACACCA 420
HIVP357A01 -----GC----------G--C----------T---------- 402
HIVP357B10 ---------- 420
HIVP357C02 ----------A----C----------A---------- 387
HIVP357D03 ---------- 420
HIVP357E04 ---------- 420
HIVP357F07 ----------G---------- 420
HIVP357G09 ---------- 390
HIVP357.CON GGGCCAGGGATCAGATATCCCCTGACCTTTGGATGGTGCTTCAAGCTAGTACCAGTTGAGCAAGAGAAGG 490
HIVP357A01 ----------A----------G---C----------T-C---T---- 472
HIVP357B10 ---------- 490
HIVP357C02 ---------G----------A----------AA----A----------C---T---- 457
HIVP357D03 ---------- 490
HIVP357E04 ---------G---------- 490
HIVP357F07 ---------- 490
HIVP357G09 ----------T- 460
HIVP357.CON TAGAAGAGGCCACTGAAGGAGAGAACAACTGCTTGTTACACCCTATAAGCCAGCATGGGATGGAGGACCC 560
HIVP357A01 ----------A----------T---A----------G-G--T-T----------T----- 542
HIVP357B10 ---------- 560
HIVP357C02 ----------A-A----------C-A----------G-G----T----------T----- 527
HIVP357D03 ---------- 560
HIVP357E04 ---------- 560
HIVP357F07 ---------- 560
HIVP357G09 G---------- 530
HIVP357.CON GGAGAGAGAAGTATTAGTGTGGAGGTTTGACAGTCGCCTAGCATTTCATCACGTGGCCCGAGAGCTGCAT 630
HIVP357A01 -----A------G----A----------C----------C----------AA---- 612
HIVP357B10 ---------- 630
HIVP357C02 ----------G----A----------C---------- 597
HIVP357D03 ---------- 630
HIVP357E04 ---------- 630
HIVP357F07 ---------- 630
HIVP357G09 ---------- 600
HIVP357.CON CCGGAGTACTACAAGAACTGATGA 654
HIVP357A01 ----------G----C--- 636
HIVP357B10 ---------- 651
HIVP357C02 ----------T---------C--- 621
HIVP357D03 ---------- 651
HIVP357E04 ---------- 651
HIVP357F07 ---------- 651
HIVP357G09 ---------- 621

HIVAT11S

```
LOCUS       HIVAT11S2     675 bp ss-RNA             VRL       14-SEP-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone t1-1, ADC sample A,
            partial env cds, c2v5 region.
ACCESSION   L21224
SEGMENT     2 of 4
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), sample A, clone t1-1.
REFERENCE   1  (bases 1 to 675)
  AUTHORS   Zhu,T., Mo,H., Wang,N., Nam,D.S., Cao,Y., Koup,R.A. and Ho,D.D.
  TITLE     Genotypic and phenotypic characterization of HIV-1 in patients
            with primary infection
  JOURNAL   Science 261, 1179-1181 (1993)
COMMENT     This sample has been taken from patient A, one of the seven
            patients (A,M,L,F,C,V,R), in the study(1).  Patient A had
            samples taken at seven different time intervals (T1, T2, etc.).
            All patients had acute, self-limited symptomatic illness with
            measurable viremia followed by seroconversion.  Patient A acquired
            the infection from homosexual contacts whose partners were
            unavailable for comparative studies.  The authors report that the
            sequences in this study are found to be uniformly macrophage-tropic
            and non-syncytium-inducing.  These env sequences cluster with HIV-1 B
            subtype sequences. See also L21224-L21591 and L24161, L24162.  An
            alignment of patient A c2v5 sequences follows.
BASE COUNT      271 a    107 c    137 g    160 t
ORIGIN      778 bp downstream from beginning of env cds
        1 gtatcaactc aactgctgtt aaatggcagt ctagcagaag aagagataat aattagatct
     env ->
       61 gccaatttca gtgacaatgc taaaaccata atagtacagc taaatgaatc tgtagcaatt
      121 aattgtacaa gacccaacaa caatacaaga aaaagtatac ctataggacc agggagagca
      181 ttttatacaa cagaagacat aataggagat ataagacaag cacattgtaa cattagtaga
      241 gcaaattgga ctaacacttt aaaacagata gttgaaaaat taggagaaca atttgagaat
      301 gcaacaacaa tagtctttaa tcaatcctca ggaggggacc cagaaattgt aacgcacagc
      361 tttaattgtg caggggaatt tttctactgt aatacaacaa aactgtttaa tagtacttgg
      421 actcggaatg atagtaattg gacttggaat ggtactgaag ggttaaatga cactgaagaa
      481 aatattaata tcacactcac atgcagaata aaacaaatta taaacatgtg gcaggaagta
      541 ggaaaagcga tgtatgcccc tcccatcaga ggacaaatta gatgttcatc aaatattaca
      601 gggctgctat taacaagaga tggtggtaat aacggtaata acgagagcag cgagaccttc
      661 agacctggag gagga
                     env ->
```

```
CONSENSUS  GTATCAACTCAACTGCTGTTAAATGGCAGTCTAGCAGAAGAAGAGATAATAATTAGATCTGCCAATTTCAGTG  73
HIVAT11S2  ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT110S2 ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT12S2  ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT13S2  ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT14S2  ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT15S2  ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT16S2  ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT17S2  ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT18S2  ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT19S2  ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT21S2  ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT210S2 ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT211S2 ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT212S2 ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT213S2 ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT214S2 ------------------------------------------------------------------T---  73
HIVAT215S2 ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT22S2  ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT23S2  ------------------------------------------------------------------T---  73
HIVAT24S2  ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT25S2  ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT26S2  ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT27S2  ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT28S2  ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT29S2  ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT31S2  ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT310S2 ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT311S2 ----------------------G-------------------------------A----------------  73
HIVAT312S2 ------------------------------------------------------------C-----------  73
HIVAT313S2 ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT314S2 ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT315S2 ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT316S2 ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT32S2  ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT33S2  ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT34S2  ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT35S2  ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT36S2  ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT37S2  ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT38S2  ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT39S2  ------------------------------------------------------------------------  73
HIVAT41S2  ----------------------------------------G-------------------------------  73
HIVAT410S2 ----------------------------------------G-------------------------------  73
HIVAT411S2 ----------------------------------------G-------------------------------  73
HIVAT412S2 ----------------------------------------G-------------------------------  73
HIVAT413S2 ----------------------------------------G-------------------------------  73
HIVAT414S2 ----------------------------------------C-------------------------------  73
HIVAT42S2  ----------------------------------------G-------------------------------  73
HIVAT43S2  ----------------------------------------G-------------------------------  73
HIVAT44S2  ------------------------------G-------G-------------------------------  73
HIVAT45S2  ----------------------------------------G-------------------------------  73
HIVAT46S2  ------------------------------------------C-----------------------------  73
HIVAT47S2  ----------------------------------------G-------------------------------  73
HIVAT48S2  ----------------------------------------G-------------------------------  73
HIVAT49S2  ----------------------------------------G-------------------------------  73
```

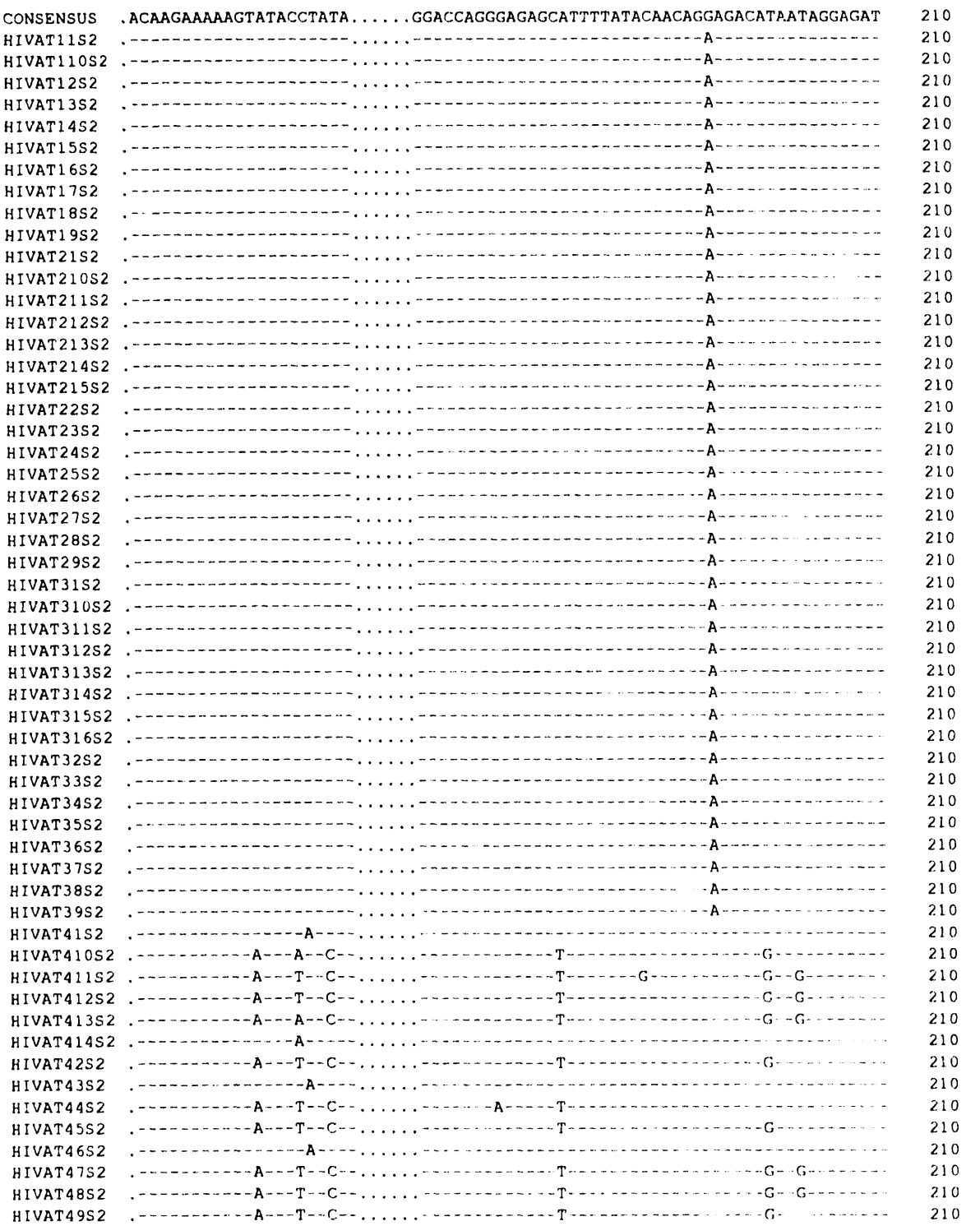
HIVAT11S

```
CONSENSUS  GTATCAACTCAACTGCTGTTAAATGGCAGTCTAGCAGAAGAAGAGATAATAATTAGATCTGCCAATTTCAGTG   73
HIVAT51S2  ----------------------------------------------------G---C----------------C-   73
HIVAT510S2 ----------------------------------------------------G---C----------------C-   73
HIVAT511S2 ----------------------------------------------------G---C----------------C-   73
HIVAT512S2 ----------------------------------------------------G---C----------------C-   73
HIVAT513S2 ------------------------------------------G-----------------------------------   73
HIVAT514S2 ------------------------------------------C-----------------------------------   73
HIVAT519S2 ------------------------------------------C-----------------------------------   73
HIVAT52S2  ------------------------------------------C-----------------------------------   73
HIVAT520S2 ------------------------------------------G-----------------------------------   73
HIVAT525S2 ----------------------------------------------G---C----------------C-          73
HIVAT526S2 ------------------------------------------G-----------------------------------   73
HIVAT53S2  ------------------------------------------C-----------------------------------   73
HIVAT530S2 ------------------------------------------G-----------------------------------   73
HIVAT534S2 ------------------------------------------G-----------------------------------   73
HIVAT54S2  ----------  ----------C----------------------G---C----------------C-          73
HIVAT55S2  ----------------------------------------------C----------------C-              73
HIVAT56S2  ------------------------------------------G----------------------C-------      73
HIVAT57S2  ----------------------------------------------G---C----------------C-          73
HIVAT58S2  ------------------------------------------G----- ----------------------------   73
HIVAT59S2  ------------------------------------------C-----------------------------------   73
HIVAT61S2  ------------------------------------------G---G---------------------------     73
HIVAT610S2 ------------------------------------------G-----------------------------------   73
HIVAT611S2 ------------------------------------------G-----------------------------------   73
HIVAT612S2 ----------------------G-------------------G-----------------------------------   73
HIVAT613S2 ------------------------------------------G-----------------------------------   73
HIVAT614S2 ------------------------------------------G-----------G-----------------------   73
HIVAT62S2  ------------------------------------------G-----------------------------------   73
HIVAT63S2  ------------------------------------------G-----------------------------------   73
HIVAT64S2  ------------------------------------------G-----------------------------------   73
HIVAT65S2  ----------------------------C-------------G-----------------------------------   73
HIVAT66S2  ------------------------------------------G-----------------------------------   73
HIVAT67S2  ------------------------------------------G-----------------------------------   73
HIVAT68S2  ------------------------------------------G-----------------------------------   73
HIVAT69S2  ------------------------------------------G-----------------------------------   73
HIVAT713S2 ------------------------------------------G-----------------------------------   73
HIVAT716S2 ------------------------------------------G-----------------------------------   73
HIVAT717S2 ------------------------------------------G-----------------------------------   73
HIVAT719S2 ----------------------------------------------C------C-----------------------   73
HIVAT720S2 ----------------------------------A------GA-----------------------------------   73
HIVAT724S2 ------------------------------------------G-----------------------------------   73
HIVAT727S2 ------------------------------------------G-----------------------------------   73
HIVAT729S2 ------------------------------------------G-----------------------------------   73
HIVAT74S2  ------------------------------------------G---------C---------------------     73
HIVAT75S2  ------------------------------------------G---------C---------------------     73
HIVAT76S2  ----------------------------C-------------G-----------------------------------   73
HIVAT78S2  ------------------------------------------G-----------------------------------   73
```

```
CONSENSUS  ACAATGCTAAAACCATAATAGTACAGCTAAATGCATCTGTAGCAATTAATTGTACAAGACCCAACAACAAT..  144
HIVAT11S2  ----------------------------------A-------------------------------------..  144
HIVAT110S2 ----------------------------------A-------------------------------------..  144
HIVAT12S2  ----------------------------------A-------------------------------------..  144
HIVAT13S2  ----------------------------------A-------------------------------------..  144
HIVAT14S2  ----------------------------------A-------------------------------------..  144
HIVAT15S2  ----------------------------------A-------------------------------------..  144
HIVAT16S2  ----------------------------------A-------------------------------------..  144
HIVAT17S2  ----------------------------------A-------------------------------------..  144
HIVAT18S2  ----------------------------------A-------------------------------------..  144
HIVAT19S2  ----------------------------------A-------------------------------------..  144
HIVAT21S2  ----------------------------------A-------------------------------------..  144
HIVAT210S2 ----------------------------------A-------------------------------------..  144
HIVAT211S2 ----------------------------------A-------------------------------------..  144
HIVAT212S2 ----------------------------------A-------------------------------------..  144
HIVAT213S2 ----------------------------------A-------------------------------------..  144
HIVAT214S2 ------------------------------------------------------------G-------------..  144
HIVAT215S2 ----------------------------------A-------------------------------------..  144
HIVAT22S2  ----------------------------------A-------------------------------------..  144
HIVAT23S2  ------------------------------------------------------------G-------------..  144
HIVAT24S2  ----------------------------------A-------------------------------------..  144
HIVAT25S2  ----------------------------------A-------------------------------------..  144
HIVAT26S2  ----------------------------------A-------------------------------------..  144
HIVAT27S2  ----------------------------------A-------------------------------------..  144
HIVAT28S2  ----------------------------------A-------------------------------------..  144
HIVAT29S2  ----------------------------------A-------------------------------------..  144
HIVAT31S2  ---------------G-------------------------------------------------------..  144
HIVAT310S2 ------------------------------------------------------------------------..  144
HIVAT311S2 ------------------------------------------------------------T-------------..  144
HIVAT312S2 ------------------------------------------------------------------------..  144
HIVAT313S2 ------------------------------------------------------------------------..  144
HIVAT314S2 --------------------A---------------------------------------------------..  144
HIVAT315S2 ----------------------------------A-------------------------------------..  144
HIVAT316S2 ------------------------------------------------------------------------..  144
HIVAT32S2  ------------------------------------------------------------------------..  144
HIVAT33S2  ------------------------------------------------------------------------..  144
HIVAT34S2  ------------------------------------------------------------------------..  144
HIVAT35S2  ------------------------------------------------------------------------..  144
HIVAT36S2  ----------------------------------A-------------------------------------..  144
HIVAT37S2  ------------------------------------------------------------------------..  144
HIVAT38S2  -------------T----------------------------------------------------------..  144
HIVAT39S2  ------------------------------------------------------------------------..  144
HIVAT41S2  ------------------------------------------------------------------------..  144
HIVAT410S2 ------------------------------------------------------------------------..  144
HIVAT411S2 -------------T----------------GG-A-------------------------------------..  144
HIVAT412S2 ------------------------------G-------------------------------------..  144
HIVAT413S2 ------------------------------G-------------------------------------..  144
HIVAT414S2 ------------------------------------------------------------------------..  144
HIVAT42S2  ------------------------------G- ------------------------------------..  144
HIVAT43S2  ------------------------------------------------------------------------..  144
HIVAT44S2  ------------------------------G-------------------------------------..  144
HIVAT45S2  ------------------------------G-------------------------------------..  144
HIVAT46S2  ------------------------------G-------------------------------------..  144
HIVAT47S2  ------------T----------------G-------------------------------------..  144
HIVAT48S2  ------------------------------G-------------------------------------..  144
HIVAT49S2  ------------------------------G-------------------------------------..  144
```

HIVAT11S

```
CONSENSUS  ACAATGCTAAAACCATAATAGTACAGCTAAATGCATCTGTAGCAATTAATTGTACAAGACCCAACAACAAT..  144
HIVAT51S2  ------------------------------------------------------------------------..  144
HIVAT510S2 ------------------------------------------------------------------------..  144
HIVAT511S2 ----------G-------------------------------------------------------T---..  144
HIVAT512S2 ------------------------------------------------------------------------..  144
HIVAT513S2 ------------------------------------------------------------------------..  144
HIVAT514S2 --------G---------------------------------------------------------------..  144
HIVAT519S2 ------------------------------------------------------------------T---..  144
HIVAT52S2  ------------------------------------------------------------------------..  144
HIVAT520S2 ----------------------------G-------------------------------------------..  144
HIVAT525S2 ------------------------------------------------------------------------..  144
HIVAT526S2 ----------------------------G-------------------------------------------..  144
HIVAT53S2  ------------------------------------------------------------------------..  144
HIVAT530S2 ------------------------------------------------------------------------..  144
HIVAT534S2 ----------------------------G----G-------------------------------------..  144
HIVAT54S2  --------G---------------------------------------------------------------..  144
HIVAT55S2  ------------------------------------------------------------------------..  144
HIVAT56S2  ----------------------------G-------------------------------------------..  144
HIVAT57S2  ------------------------------------------------------------------------..  144
HIVAT58S2  ------------------------------------------------------------------------..  144
HIVAT59S2  ------------------------------------------------------------------T---..  144
HIVAT61S2  ----------------------------G-------------------------------------------..  144
HIVAT610S2 ----------------------------G-------------------------------------------..  144
HIVAT611S2 ----------------------------G-------------------------------------------..  144
HIVAT612S2 ----------------------------G----------A--------------------------------..  144
HIVAT613S2 ----------------------------G--A-----------------------------------------..  144
HIVAT614S2 ----------------------------G-------------------------------------------..  144
HIVAT62S2  ----------------------------G----------A--------------------------------..  144
HIVAT63S2  ----------------------------G-------------------------------------------..  144
HIVAT64S2  ----------------------------G-------------------------------------------..  144
HIVAT65S2  ----------------------------G----------A--------------------------------..  144
HIVAT66S2  ----------------------------G-------------------------------------------..  144
HIVAT67S2  ----------------------------G-------------------------------------------..  144
HIVAT68S2  ----------------------------G-------------------------------------------..  144
HIVAT69S2  ----C----------------------G----------A--------------------------------..  144
HIVAT713S2 ---G----------------------G---------------G----------------------------..  144
HIVAT716S2 ----------------------------G-------------------------------------------..  144
HIVAT717S2 ----------------------------G-------------------------------------------..  144
HIVAT719S2 ----------------------------G--A-----------------------------------------..  144
HIVAT720S2 ----------------------------G-------------------------------------------..  144
HIVAT724S2 ----------------------------G-------------------------------------------..  144
HIVAT727S2 ----------------------------G-------------------------------------------..  144
HIVAT729S2 ----------------------------G---------------G----------------------------..  144
HIVAT74S2  ----------------------------G-------------------------------------------..  144
HIVAT75S2  ----------------------------G-------------------------------------------..  144
HIVAT76S2  ----------------------------G--A--------A-------------------------------..  144
HIVAT78S2  ----------------------------G-------------------------------------------..  144
```


CONSENSUS .ACAAGAAAAAGTATACCTATA.....GGACCAGGGAGAGCATTTTATACAACAGGAGACATAATAGGAGAT 210
HIVAT11S2 210
HIVAT110S2 210
HIVAT12S2 210
HIVAT13S2 210
HIVAT14S2 210
HIVAT15S2 210
HIVAT16S2 210
HIVAT17S2 210
HIVAT18S2 210
HIVAT19S2 210
HIVAT21S2 210
HIVAT210S2 210
HIVAT211S2 210
HIVAT212S2 210
HIVAT213S2 210
HIVAT214S2 210
HIVAT215S2 210
HIVAT22S2 210
HIVAT23S2 210
HIVAT24S2 210
HIVAT25S2 210
HIVAT26S2 210
HIVAT27S2 210
HIVAT28S2 210
HIVAT29S2 210
HIVAT31S2 210
HIVAT310S2 210
HIVAT311S2 210
HIVAT312S2 210
HIVAT313S2 210
HIVAT314S2 210
HIVAT315S2 210
HIVAT316S2 210
HIVAT32S2 210
HIVAT33S2 210
HIVAT34S2 210
HIVAT35S2 210
HIVAT36S2 210
HIVAT37S2 210
HIVAT38S2 210
HIVAT39S2 210
HIVAT41S2 210
HIVAT410S2 210
HIVAT411S2 210
HIVAT412S2 210
HIVAT413S2 210
HIVAT414S2 210
HIVAT42S2 210
HIVAT43S2 210
HIVAT44S2 210
HIVAT45S2 210
HIVAT46S2 210
HIVAT47S2 210
HIVAT48S2 210
HIVAT49S2 210

HIVAT11S

```
CONSENSUS  .ACAAGAAAAAGTATACCTATA.....GGACCAGGGAGAGCATTTTATACAACAGGAGACATAATAGGAGAT   210
HIVAT51S2  .-----------A---T-----.....--------------------G-----A--A--G----------   210
HIVAT510S2 .-----------A---T-----.....-------------T------------------G----------   210
HIVAT511S2 .----------------A---.....--------------------------------------------   210
HIVAT512S2 .-----------A---T--C--.....-------------T------------------G----------   210
HIVAT513S2 .----------------A---.....-T------------------------------G----------   210
HIVAT514S2 .-----------A---T-----.....-------------T------------------------------   210
HIVAT519S2 .-----------A---T-----.....-------------T------------------G--G--------   210
HIVAT52S2  .-----------A---T--C--.....-------------T------------------G----------   210
HIVAT520S2 .-----------A---A--C--.....-------------T------------------G--G--------   210
HIVAT525S2 .-----------A---T--C--.....-------------T------------------G----------   210
HIVAT526S2 .-----------A---T--C--.....-------------T------------------G----------   210
HIVAT53S2  .-----------A---T--C--.....-------------T------------------G----------   210
HIVAT530S2 .----------------A---.....--------------------------------------------   210
HIVAT534S2 .-----------A---A--C--.....-------------T------------------G----------   210
HIVAT54S2  .-----------A---T--C--.....-------------T------------------G----------   210
HIVAT55S2  .-----------A---T--C--.....-------------T------------------G----------   210
HIVAT56S2  .-----------A---T--C--.....-------------T------------------G----------   210
HIVAT57S2  .-----------A---T--C--.....-------------T------------------G----------   210
HIVAT58S2  .----------------A---.....--------------------------------------------   210
HIVAT59S2  .-----------A---T-----.....-------------T------------------G--G--------   210
HIVAT61S2  .-----------A---A--C--.....-------------T------------------G--G--------   210
HIVAT610S2 .-----------A---A--C--.....-------------T------------------G--G--------   210
HIVAT611S2 .----------------A---.....--------------------------------------------   210
HIVAT612S2 .-----------A---A--C--.....-------------T------------------G--G--------   210
HIVAT613S2 .----------------A---.....----A---------------------------------------   210
HIVAT614S2 .----------------A---.....--------------------------------------------   210
HIVAT62S2  .-----------A---A--C--.....-------------T------------------------------   210
HIVAT63S2  .----------------A---.....--------------------------------------------   210
HIVAT64S2  .-T-------------A---.....--------------------------------------------   210
HIVAT65S2  .----------------A---.....--------------------------------------------   210
HIVAT66S2  .-----------A---A--C--.....-------------T------------------G--G--------   210
HIVAT67S2  .-----------A---T--C--.....-------------T------------------G--G--------   210
HIVAT68S2  .-----------A---A--C--.....-------------T------------------G--G--------   210
HIVAT69S2  .-----------A---A--C--.....-------------T------------------G--G -------   210
HIVAT713S2 .-----------A---A--C--.....-------------T-G----------------G----------   210
HIVAT716S2 .----------------A---G.....----A---------------------------------------   210
HIVAT717S2 .-----------A---A--C--.....-------------T------------------TG----------   210
HIVAT719S2 .----------------A---G.....----A---------------------------------------   210
HIVAT720S2 .----------------A---G.....----A---------------------------------------   210
HIVAT724S2 .----------------A---G.....----A---------------------------------------   210
HIVAT727S2 .-----------A---A--C--.....-------------T------------------G--G--------   210
HIVAT729S2 .--T-----------TAA----.....----A---------------------------------------   210
HIVAT74S2  .----------------A---G.....----A---------------------------------------   210
HIVAT75S2  .-----------A---A--C--.....-------------T------------------G--G--------   210
HIVAT76S2  .----------------A---.....----A---------------------------------------   210
HIVAT78S2  .----------------A---G.....----A---------------------------------------   210
```

```
CONSENSUS  ATAAGAAAAGCACATTGTAACATTAGTAGAGCAGAATGGAATAACACTTTAAAACAGATAGTTGGAAAATTAG  283
HIVAT11S2  ------C----------A-T----C----------A--------  283
HIVAT110S2 ------C----------A-T----C----------A--------  283
HIVAT12S2  ------C----------A-T----C----------A--------  283
HIVAT13S2  ------C----------A-T----C----------A--------  283
HIVAT14S2  ------C----------A-T----C----------A--------  283
HIVAT15S2  ------C----------A-T----C----------A--------  283
HIVAT16S2  ------C----------A-T----C----------A--------  283
HIVAT17S2  ------C----------A-T----C----------A--------  283
HIVAT18S2  ------C----------A-T----C----------A--------  283
HIVAT19S2  ------C----------A-T----C----------A--------  283
HIVAT21S2  ------C----------A-T----C----------A--------  283
HIVAT210S2 ------C----------A-T----C----------A--------  283
HIVAT211S2 ------C----------A-T----C----------A--------  283
HIVAT212S2 ------C----------A-T----C----------A--------  283
HIVAT213S2 ------C----------A-T----C----------A--------  283
HIVAT214S2 ----------------------------------------A--------  283
HIVAT215S2 ------C----------A-T----C----------A--------  283
HIVAT22S2  ------C----------A-T----C----------A--------  283
HIVAT23S2  ----------------------------------------A--------  283
HIVAT24S2  ------C----------A-T----C----------A--------  283
HIVAT25S2  ------C----------A-T----C----------A--------  283
HIVAT26S2  ------C----------A-T----C----------A--------  283
HIVAT27S2  ------C----------A-T----C----------A--------  283
HIVAT28S2  ------C----------A-T----C----------A--------  283
HIVAT29S2  ------C----------A-T----C----------A--------  283
HIVAT31S2  ----------------------------------------A--------  283
HIVAT310S2 ----------------------------------------A--------  283
HIVAT311S2 ----------C------G----------A--------  283
HIVAT312S2 ----------------------------------------A--------  283
HIVAT313S2 ------C----------A-T----C----------  283
HIVAT314S2 ------C----------A-T----C----------  283
HIVAT315S2 ----------C------G----------A--------  283
HIVAT316S2 ------C----------A-T----C----------  283
HIVAT32S2  ----------C------G----------A--------  283
HIVAT33S2  ------C----------A-T----C----------C----------  283
HIVAT34S2  ------C----------A-T----C----------  283
HIVAT35S2  ----------C------G----------A--------  283
HIVAT36S2  ------C----------A-T----C----------  283
HIVAT37S2  ----------  283
HIVAT38S2  ----------C------G----------A--------  283
HIVAT39S2  ----------C------G----------A--------  283
HIVAT41S2  ----------A-T----C----------A--------  283
HIVAT410S2 ----------  283
HIVAT411S2 ----------  283
HIVAT412S2 ----------  283
HIVAT413S2 ----------  283
HIVAT414S2 ----------A-T----C----------A--------  283
HIVAT42S2  ----------  283
HIVAT43S2  ----------A-T----C----------A--------  283
HIVAT44S2  ------C----------A-T----C----------  283
HIVAT45S2  ----------  283
HIVAT46S2  ----------  283
HIVAT47S2  ----------  283
HIVAT48S2  ----------  283
HIVAT49S2  ----------  283
```

HIVAT11S

```
CONSENSUS  ATAAGAAAAGCACATTGTAACATTAGTAGAGCAGAATGGAATAACACTTTAAAACAGATAGTTGGAAAATTAG  283
HIVAT51S2  ----------------------------------------------------------A---------  283
HIVAT510S2 ----------------------------------------------------------  283
HIVAT511S2 ----------------------------------------------------------G-  283
HIVAT512S2 --------------------------------A-T----C----------C---------A---------  283
HIVAT513S2 --------------------------------A-T----C----------------------A---------  283
HIVAT514S2 ----------------------------A----------C------G---------------A---------  283
HIVAT519S2 --------------------------------A-T----C----------------------------------  283
HIVAT52S2  ----------------------------------------------------------  283
HIVAT520S2 ----------------------------------------------------------  283
HIVAT525S2 ----------------------------------------------------------  283
HIVAT526S2 ----------------------------------------------------------  283
HIVAT53S2  ----------------------------------------------------------  283
HIVAT530S2 ----------------------------A-----------------------------------------  283
HIVAT534S2 ----------------------------------------------------------  283
HIVAT54S2  ----------------------------------------------------------  283
HIVAT55S2  ----------------------------------------------------------  283
HIVAT56S2  ------------------------------T---------------------------------------  283
HIVAT57S2  ----------------------------------------------------------  283
HIVAT58S2  ----------------------------A----------C------G---------------A---------  283
HIVAT59S2  --------------------------------A-T----C----------------------------------  283
HIVAT61S2  ----------------------------------------------------------  283
HIVAT610S2 ----------------------------------------------------------  283
HIVAT611S2 ------------------------------------------A-----------------------------  283
HIVAT612S2 ----------------------------------------------------------  283
HIVAT613S2 ----------------------------------------------------------  283
HIVAT614S2 --------------------------------A-T----C----------------------------------  283
HIVAT62S2  ----------------------------------------------------------  283
HIVAT63S2  ----------------------------------------------------------  283
HIVAT64S2  ----------------------------G-----------------------------------A---------  283
HIVAT65S2  ----------------------------------------------------------  283
HIVAT66S2  ----------------------------------------------------------  283
HIVAT67S2  ----------------------------------------------------------  283
HIVAT68S2  ----------------------------------------------------------  283
HIVAT69S2  ----------------------------------------------------------  283
HIVAT713S2 ----------------------------------------------------------  283
HIVAT716S2 ----------------------------------------------------------  283
HIVAT717S2 --------------C-----T-------------------------------------------------  283
HIVAT719S2 --------------------------------A-T----C----------------------------------  283
HIVAT720S2 ------------------------------------------G---------------------------  283
HIVAT724S2 ----------------------------------------------------------  283
HIVAT727S2 ----------------------------------------------------------  283
HIVAT729S2 ----------------------------------------G-----------------------------  283
HIVAT74S2  ----------------------------------------------------------A---------  283
HIVAT75S2  ----------------------------------------------------------  283
HIVAT76S2  --------------C-------------------------------------------------------  283
HIVAT78S2  ----------------------------------------------------------  283
```

```
CONSENSUS  GAGAA......CAATTT..............GAGAATGCAACAACAATAGTCTTTAATCGATCCTCAGGAGG    335
HIVAT11S2  -----......------..............----------------------------A------------    335
HIVAT110S2 -----......------..............----------------------------A------------    335
HIVAT12S2  -----......------..............----------------------------A------------    335
HIVAT13S2  -----......------..............----------------------------A------------    335
HIVAT14S2  -----......------..............----------------------------A------------    335
HIVAT15S2  -----......------..............----------------------------A------------    335
HIVAT16S2  -----......------..............----------------------------A------------    335
HIVAT17S2  -----......------..............----------------------------A------------    335
HIVAT18S2  -----......------..............----------------------------A------------    335
HIVAT19S2  -----......------..............----------------------------A------------    335
HIVAT21S2  -----......------..............----------------------------A------------    335
HIVAT210S2 -----......------..............----------------------------A------------    335
HIVAT211S2 -----......------..............----------------------------A------------    335
HIVAT212S2 -----......------..............----------------------------A------------    335
HIVAT213S2 -----......------..............----------------------------A------------    335
HIVAT214S2 -----......------AGGAATAATAAAACAACA----A----------------C--A------------    350
HIVAT215S2 -----......------..............----------------------------A------------    335
HIVAT22S2  -----......------..............----------------------------A------------    335
HIVAT23S2  -----......------AGGAATAATAAAACAACA----A----------------C--A------------    350
HIVAT24S2  -----......------..............----------------------------A------------    335
HIVAT25S2  -----......------..............----------------------------A------------    335
HIVAT26S2  -----......------..............----------------------------A------------    335
HIVAT27S2  -----......------..............----------------------------A------------    335
HIVAT28S2  -----......------..............----------------------------A------------    335
HIVAT29S2  -----......------..............----------------------------A------------    335
HIVAT31S2  -----......------AGGAATAATAAAACAACA----A----------------C--A------------    350
HIVAT310S2 -----......------AGGAATAATAAAACAACA----A----------------C--A------------    350
HIVAT311S2 -----......------.............AGGA-T---A--GA----------------A------------    338
HIVAT312S2 -----......------AGGAATAATAAAACAACA----A----------------C--A------------    350
HIVAT313S2 -----......------..............----------------------------TC-TCA-------    335
HIVAT314S2 -----......------..............----------------------------TC-TCA-------    335
HIVAT315S2 -----......------.............AGGA-T---A--T---A----------A------------    338
HIVAT316S2 -----......------..............----------------------------TC-TCA-------    335
HIVAT32S2  -----......------.............AGGA-T---A--GA----------------A------------    338
HIVAT33S2  -----......------..............A----C-----------------------------------    335
HIVAT34S2  -----......------..............A----C-----------------------------------    335
HIVAT35S2  -----......------.............AGGA-T---A--GA----------------A------------    338
HIVAT36S2  -----......------..............A-------------------------------------------    335
HIVAT37S2  -----......------AGGAATAATAAAACAACA----A---G----------C--A------------    350
HIVAT38S2  -----......------.............AGGA-T---A--GA----------------A------------    338
HIVAT39S2  -----......------.............AGGA-T---A--GA----------------A------------    338
HIVAT41S2  -----......------..............G-------------------------------------------    335
HIVAT410S2 -----......------..............-------------------------------------------    335
HIVAT411S2 -----......------..............----------A--------------------------------    335
HIVAT412S2 -----......------..............-------------------------------------------    335
HIVAT413S2 -----......------..............----------A--------------------------------    335
HIVAT414S2 -----......------..............-G-----------------------------------------    335
HIVAT42S2  -----......------..............---------G--------------------------------    335
HIVAT43S2  -----......------ATGAATAATAAAACAACA----A---G----------C--A------------    350
HIVAT44S2  -----......------..............------A-----------------------------------    335
HIVAT45S2  -----......------..............----------A--------------------------------    335
HIVAT46S2  -----......------.............A-------------------------------------------    335
HIVAT47S2  -----......------..............-------------------------------------------    335
HIVAT48S2  -----......------..............----------A--------------------------------    335
HIVAT49S2  -----......------..............----------A--------------------------------    335
```

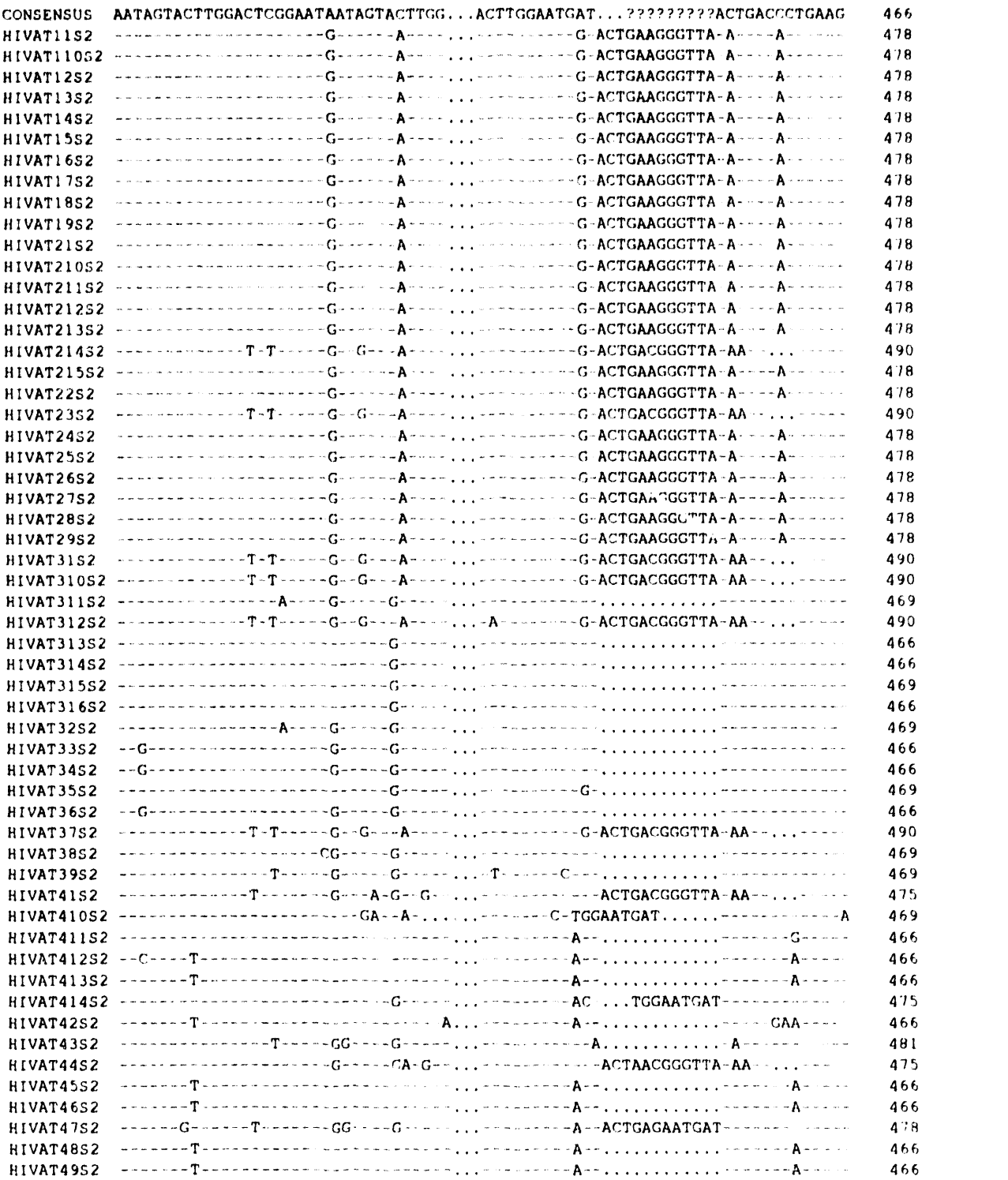
HIVAT11S

```
CONSENSUS  GAGAA......CAATTT..............GAGAATGCAACAACAATAGTCTTTAATCGATCCTCAGGAGG   335
HIVAT51S2  -----.....------..............-------T------------------------------   335
HIVAT510S2 -----.....------..............--------------------------------------   335
HIVAT511S2 ----G.....------..............A-------------------------------------   335
HIVAT512S2 -----.....------..............-G-----A-------------------A----------   335
HIVAT513S2 -----.....------..............-G-----A-------------------A----------   335
HIVAT514S2 -----.....------..............--------------------------------------   335
HIVAT519S2 -----.....------..............A -----T------------------------------   335
HIVAT52S2  -----.....------..............--------------------------------------   335
HIVAT520S2 -----.....------..............A-------------------------------------   335
HIVAT525S2 -----.....------..............--------------------------------------   335
HIVAT526S2 -----.....------..........----------A------------------------------   335
HIVAT53S2  -----.....------..............----------A------------------------------   335
HIVAT530S2 -----.....------..............A----------A----------A----------   335
HIVAT534S2 -----.....------..............--------------------------------------   335
HIVAT54S2  -----.....------..............--------------------------------------   335
HIVAT55S2  -----.....------..............--------------------------------------   335
HIVAT56S2  -----.....------..............--------------------------------------   335
HIVAT57S2  -----.....------..............--------------------------------------   335
HIVAT58S2  -----.....------..............----------...CAC----------------------   332
HIVAT59S2  -----.....------..............-------T------------------------------   335
HIVAT61S2  -----.....------..............----------A------------------------------   335
HIVAT610S2 -----.....------..............----------A------------------------------   335
HIVAT611S2 -----.....------..............A----------A----------A----------   335
HIVAT612S2 -----.....------..........GGGA-T---A--G---A----------------------   338
HIVAT613S2 --A--.....------..............A----------A----------A----------   335
HIVAT614S2 -----.....------..........GGGA-T---A--G---A----------A----------   338
HIVAT62S2  -----.....------..............A-------------------------------------   335
HIVAT63S2  -----.....------..............A----------A----------A----------   335
HIVAT64S2  -----.....------..............A-------------------------------------   335
HIVAT65S2  -----.....------..............A-------------------------------------   335
HIVAT66S2  -----.....------..........GGGA-T---A--G---A----------------------   338
HIVAT67S2  -----.....------..............--------------------------------------   335
HIVAT68S2  -----.....------..............----------A------------------------------   335
HIVAT69S2  -----.....------..........GGGA-T---A--G---A----------------------   338
HIVAT713S2 -----.....------..............----------A----------C----------   335
HIVAT716S2 -----.....------..............A----------TT-----------------------   335
HIVAT717S2 -----.....------..............--------------------------------------   335
HIVAT719S2 -----.....------..............A----------A----------A----------   335
HIVAT720S2 -----.....------..............A----------A----------A----------   335
HIVAT724S2 -----.....------..............----------A------------------------------   335
HIVAT727S2 -----.....------..........GGGA-T---A--G---A----------------------   338
HIVAT729S2 -----.....------..............C---C--------A----------C----------   335
HIVAT74S2  -----.....------..............A----------A----------   335
HIVAT75S2  -----.....------..............----------A----------C----------   335
HIVAT76S2  -----.....-----C..............A----------A----------   335
HIVAT78S2  -----.....------..............A----------A----------A----------   335
```

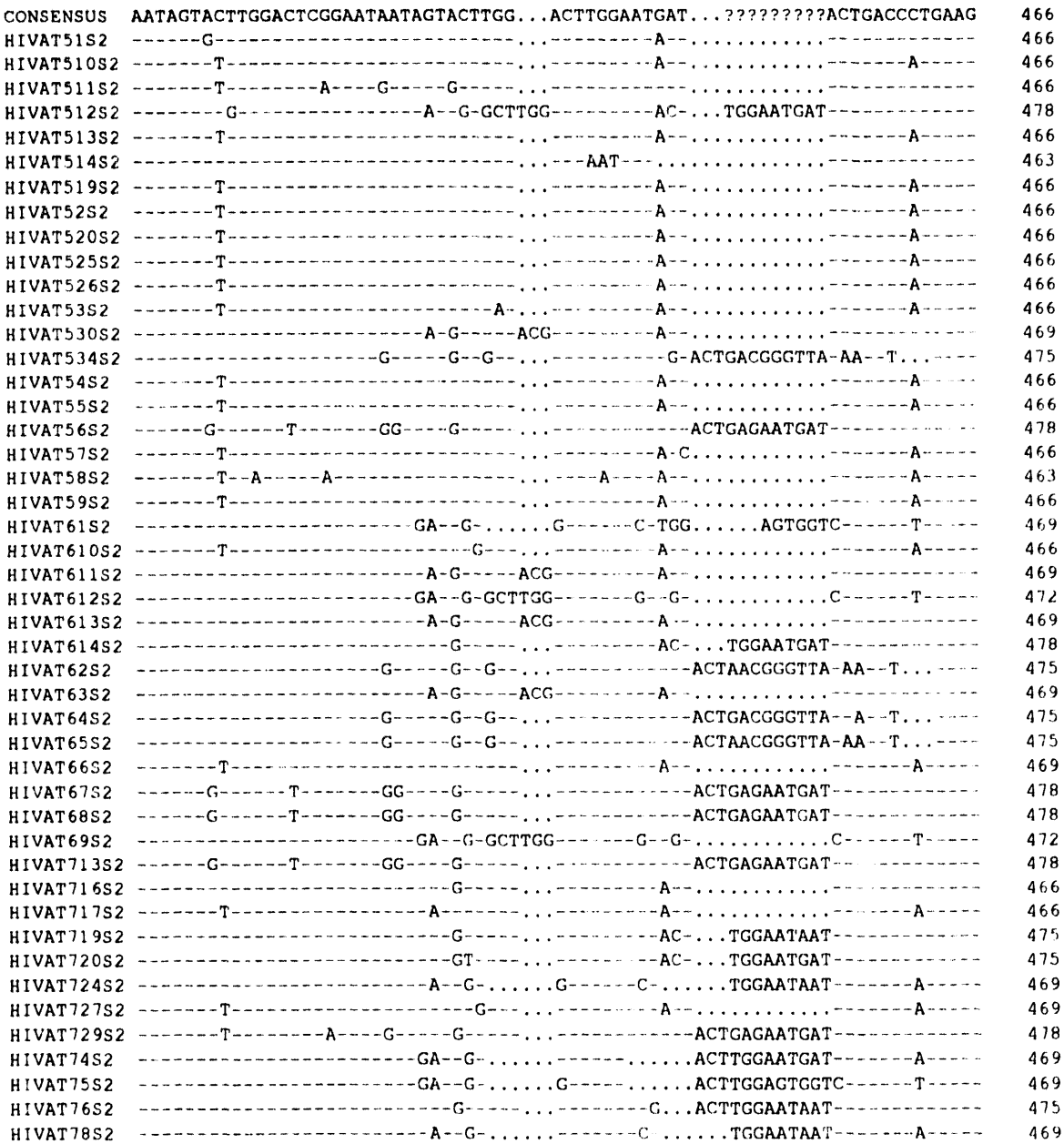
```
CONSENSUS  GGACCCAGAAATTGTAACGCACAGTTTTAATTGTGGAGGGGAATTTTTCTACTGTAATACAACAAAACTGTTT  408
HIVAT11S2  ----------------------C----------C-------------------------------------  408
HIVAT110S2 ----------------------C----------C-------------------------------------  408
HIVAT12S2  ----------------------C----------C-------------------------------------  408
HIVAT13S2  ----------------------C----------C-------------------------------------  408
HIVAT14S2  ----------------------C----------C-------------------------------------  408
HIVAT15S2  ----------------------C----------C-------------------------------------  408
HIVAT16S2  ----------------------C----------C-------------------------------------  408
HIVAT17S2  ----------------------C----------C-------------------------------------  408
HIVAT18S2  ----------------------C----------C-------------------------------------  408
HIVAT19S2  ----------------------C----------C-------------------------------------  408
HIVAT21S2  ----------------------C----------C-------------------------------------  408
HIVAT210S2 ----------------------C----------C-------------------------------------  408
HIVAT211S2 ----------------------C----------C-------------------------------------  408
HIVAT212S2 ----------------------C----------C-------------------------------------  408
HIVAT213S2 ----------------------C----------C-------------------------------------  408
HIVAT214S2 ------------------------------------------------------------CG-------  423
HIVAT215S2 ----------------------C----------C-------------------------------------  408
HIVAT22S2  ----------------------C----------C-------------------------------------  408
HIVAT23S2  ------------------------------------------------------------CG-------  423
HIVAT24S2  ----------------------C----------C-------------------------------------  408
HIVAT25S2  ----------------------C----------C-------------------------------------  408
HIVAT26S2  ----------------------C----------C-------------------------------------  408
HIVAT27S2  ----------------------C----------C-------------------------------------  408
HIVAT28S2  ----------------------C----------C-------------------------------------  408
HIVAT29S2  ----------------------C----------C-------------------------------------  408
HIVAT31S2  ------------------------------------------------------------CG-----C-  423
HIVAT310S2 ------------------------------------------------------------CG-----C-  423
HIVAT311S2 ------------------------------------------------------------------------  411
HIVAT312S2 ----------------------------------------------------------C------CG-------  423
HIVAT313S2 ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT314S2 ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT315S2 ------------------------------------------------------------------------  411
HIVAT316S2 ------------------------------------------------------------T-----------  408
HIVAT32S2  ------------------------------------------------------------------------  411
HIVAT33S2  ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT34S2  ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT35S2  ------------------------------------------------------------------------  411
HIVAT36S2  ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT37S2  ------------------------------------------------------------CG-------  423
HIVAT38S2  ------------------------------------------------------------------------  411
HIVAT39S2  ------------------------------------------------------------------------  411
HIVAT41S2  ----------------------------------------------------G-------------------  408
HIVAT410S2 ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT411S2 ----------------------------------------------------C-------------------  408
HIVAT412S2 ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT413S2 ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT414S2 ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT42S2  ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT43S2  ------------------------------------------------------------------------  423
HIVAT44S2  ------------------------------------------------------------------T---  408
HIVAT45S2  ----------------------------------------------------------TT-----------  408
HIVAT46S2  ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT47S2  ------------------------------------A-----------------------------------  408
HIVAT48S2  ----------G-------------------------------------------------------------  408
HIVAT49S2  ------------------------------------------------------------------------  408
```

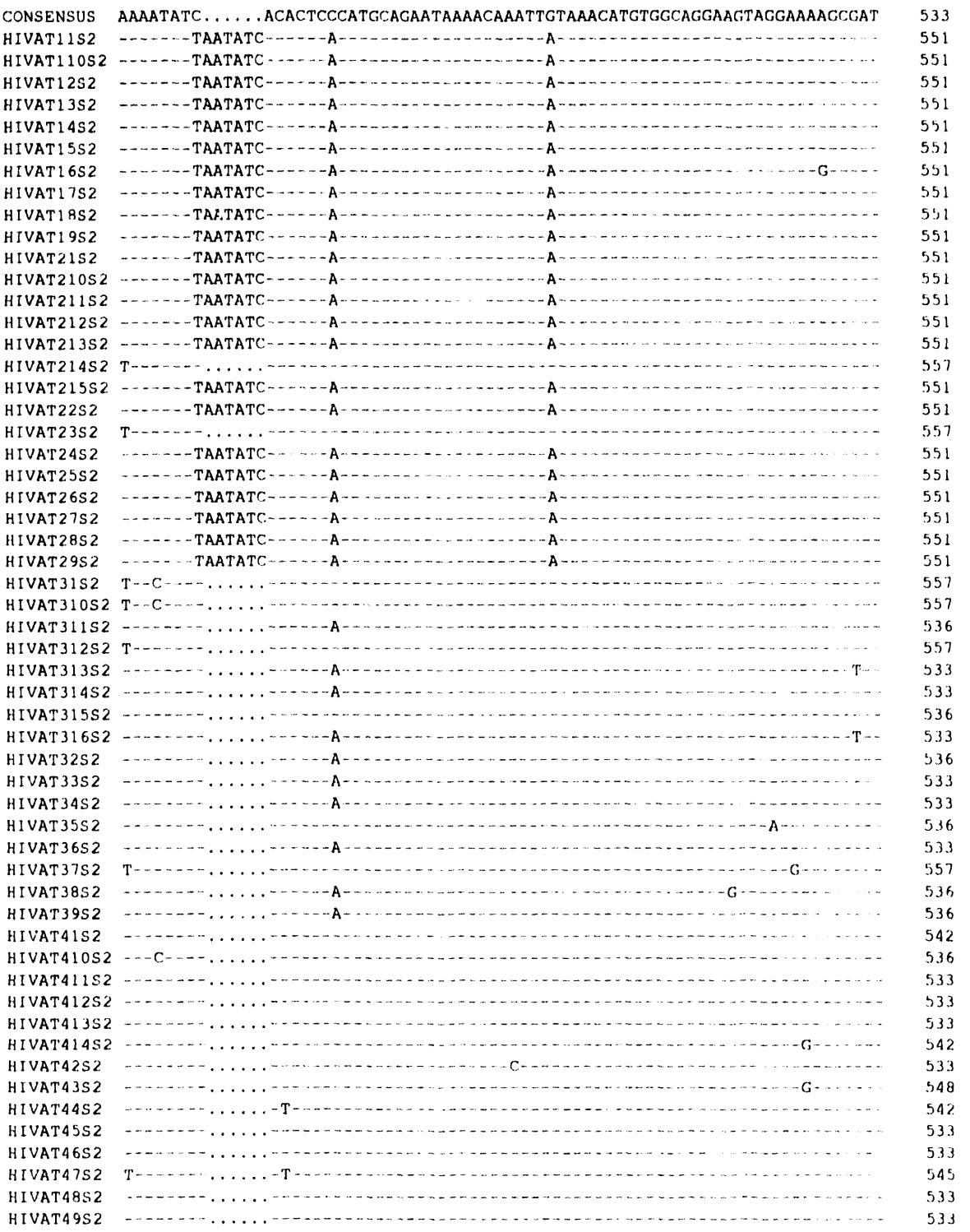
HIVAT11S

```
CONSENSUS  GGACCCAGAAATTGTAACGCACAGTTTTAATTGTGGAGGGGAATTTTTCTACTGTAATACAACAAAACTGTTT  408
HIVAT51S2  ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT510S2 ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT511S2 ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT512S2 ---------------------------------------------------------G----------------  408
HIVAT513S2 ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT514S2 ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT519S2 ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT52S2  -------A------------------------------------------------------------------  408
HIVAT520S2 ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT525S2 ---------------------------------------------------------G----------------  408
HIVAT526S2 ---------------------------------------------------------G----------------  408
HIVAT53S2  ------------C-----------------------------------------------------------  408
HIVAT530S2 ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT534S2 ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT54S2  ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT55S2  ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT56S2  ---------G-------------  ---------------A------------------------------  408
HIVAT57S2  ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT58S2  ----------------------GA------------------------------------------------  405
HIVAT59S2  ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT61S2  ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT610S2 ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT611S2 ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT612S2 ------------------------------------------------------------------------  411
HIVAT613S2 ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT614S2 ------------------------------------------------------------------------  411
HIVAT62S2  ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT63S2  ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT64S2  ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT65S2  ------------------------------------------------------------------A-----  408
HIVAT66S2  ---------------------------------------------------C--------------------  411
HIVAT67S2  ---------------------------------------A------------------------------  408
HIVAT68S2  ---------------------------------------A------------------------------  408
HIVAT69S2  ------------------------------------------------------------------------  411
HIVAT713S2 --------------------G-----------------A------------------------------  408
HIVAT716S2 ----------------T-------------------------------------------------------  408
HIVAT717S2 ---------------------------------------------------------T--------------  408
HIVAT719S2 ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT720S2 ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT724S2 ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT727S2 ------------------------------------------------------------------------  411
HIVAT729S2 --------------------G---------------------------------------------------  408
HIVAT74S2  ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT75S2  ------------------------------------------------------------------------  408
HIVAT76S2  ----------------T-------------------------------------------------------  408
HIVAT78S2  ------------------------------------------------------------------------  408
```



HIVAT11S


CONSENSUS AATAGTACTTGGACTCGGAATAATAGTACTTGG...ACTTGGAATGAT...?????????ACTGACCCTGAAG 466
HIVAT51S2 466
HIVAT510S2 466
HIVAT511S2 466
HIVAT512S2 478
HIVAT513S2 466
HIVAT514S2 463
HIVAT519S2 466
HIVAT52S2 466
HIVAT520S2 466
HIVAT525S2 466
HIVAT526S2 466
HIVAT53S2 466
HIVAT530S2 469
HIVAT534S2 475
HIVAT54S2 466
HIVAT55S2 466
HIVAT56S2 478
HIVAT57S2 466
HIVAT58S2 463
HIVAT59S2 466
HIVAT61S2 469
HIVAT610S2 466
HIVAT611S2 469
HIVAT612S2 472
HIVAT613S2 469
HIVAT614S2 478
HIVAT62S2 475
HIVAT63S2 469
HIVAT64S2 475
HIVAT65S2 475
HIVAT66S2 469
HIVAT67S2 478
HIVAT68S2 478
HIVAT69S2 472
HIVAT713S2 478
HIVAT716S2 466
HIVAT717S2 466
HIVAT719S2 475
HIVAT720S2 475
HIVAT724S2 469
HIVAT727S2 469
HIVAT729S2 478
HIVAT74S2 469
HIVAT75S2 469
HIVAT76S2 475
HIVAT78S2 469


CONSENSUS AAAATATC.....ACACTCCCATGCAGAATAAAACAAATTGTAAACATGTGGCAGGAAGTAGGAAAAGCGAT 533
HIVAT11S2 -------TAATATC------A----------A---------- 551
HIVAT110S2 -------TAATATC------A----------A---------- 551
HIVAT12S2 -------TAATATC------A----------A---------- 551
HIVAT13S2 -------TAATATC------A----------A---------- 551
HIVAT14S2 -------TAATATC------A----------A---------- 551
HIVAT15S2 -------TAATATC------A----------A---------- 551
HIVAT16S2 -------TAATATC------A----------A----------G----- 551
HIVAT17S2 -------TAATATC------A----------A---------- 551
HIVAT18S2 -------TAATATC------A----------A---------- 551
HIVAT19S2 -------TAATATC------A----------A---------- 551
HIVAT21S2 -------TAATATC------A----------A---------- 551
HIVAT210S2 -------TAATATC------A----------A---------- 551
HIVAT211S2 -------TAATATC------A----------A---------- 551
HIVAT212S2 -------TAATATC------A----------A---------- 551
HIVAT213S2 -------TAATATC------A----------A---------- 551
HIVAT214S2 T-------.....---------- 557
HIVAT215S2 -------TAATATC------A----------A---------- 551
HIVAT22S2 -------TAATATC------A----------A---------- 551
HIVAT23S2 T-------.....---------- 557
HIVAT24S2 -------TAATATC------A----------A---------- 551
HIVAT25S2 -------TAATATC------A----------A---------- 551
HIVAT26S2 -------TAATATC------A----------A---------- 551
HIVAT27S2 -------TAATATC------A----------A---------- 551
HIVAT28S2 -------TAATATC------A----------A---------- 551
HIVAT29S2 -------TAATATC------A----------A---------- 551
HIVAT31S2 T--C----.....---------- 557
HIVAT310S2 T--C----.....---------- 557
HIVAT311S2 --------.....------A---------- 536
HIVAT312S2 T-------.....---------- 557
HIVAT313S2 --------.....------A----------T- 533
HIVAT314S2 --------.....------A---------- 533
HIVAT315S2 --------.....---------- 536
HIVAT316S2 --------.....------A----------T-- 533
HIVAT32S2 --------.....------A---------- 536
HIVAT33S2 --------.....------A---------- 533
HIVAT34S2 --------.....------A---------- 533
HIVAT35S2 --------.....----------A---------- 536
HIVAT36S2 --------.....------A---------- 533
HIVAT37S2 T-------.....----------G---------- 557
HIVAT38S2 --------.....------A----------G---------- 536
HIVAT39S2 --------.....------A---------- 536
HIVAT41S2 --------.....---------- 542
HIVAT410S2 ---C----.....---------- 536
HIVAT411S2 --------.....---------- 533
HIVAT412S2 --------.....---------- 533
HIVAT413S2 --------.....---------- 533
HIVAT414S2 --------.....----------G---------- 542
HIVAT42S2 --------.....----------C---------- 533
HIVAT43S2 --------.....----------G---------- 548
HIVAT44S2 --------.....-T---------- 542
HIVAT45S2 --------.....---------- 533
HIVAT46S2 --------.....---------- 533
HIVAT47S2 T-------.....-T---------- 545
HIVAT48S2 --------.....---------- 533
HIVAT49S2 --------.....---------- 533

HIVAT11S

```
CONSENSUS  AAAATATC......ACACTCCCATGCAGAATAAAACAAATTGTAAACATGTGGCAGGAAGTAGGAAAAGCGAT  533
HIVAT51S2  --------......------------------------C------T----------------------A--  533
HIVAT510S2 T-------......------------------------------------------------------------  533
HIVAT511S2 --------......------A------------------------------------------------------  533
HIVAT512S2 --------......------------------------------------------------------------  545
HIVAT513S2 --------......------------------------------------------------------------  533
HIVAT514S2 --------......------------------------------------------------------------  530
HIVAT519S2 T-------......------------------------------------------------------------  533
HIVAT52S2  T-------......------------------------------------A---------------------  533
HIVAT520S2 --------......------------------------------------------------------------  533
HIVAT525S2 T-------......------------------------------------------------------------  533
HIVAT526S2 --------......------------------------------------------------------------  533
HIVAT53S2  T-------......------------------------------------------------------------  533
HIVAT530S2 --------......-T------T---------------------------------------------------  536
HIVAT534S2 ----A---......------------------------------------------------------------  542
HIVAT54S2  --------......------------------------------------------------------------  533
HIVAT55S2  T-------......------------------------------------------------------------  533
HIVAT56S2  T-------......--T---------------------------------------------------------  545
HIVAT57S2  --------......------------------------------------------------------A--  533
HIVAT58S2  --------......----------------------------------------A-----------------  530
HIVAT59S2  T-------......------------------------------------------------------------  533
HIVAT61S2  --------......------------------------------------------------------A----  536
HIVAT610S2 --------......------------------------------------------------------------  533
HIVAT611S2 --------......-T------T---------------------------------------------------  536
HIVAT612S2 --------......------------------------------------------------------------  539
HIVAT613S2 --------......-T------T---------------------------------------------------  536
HIVAT614S2 --------......-T----------------------------------------------------------  545
HIVAT62S2  --------......-T----------------------------------------------------------  542
HIVAT63S2  --------......-T------T---------------------------------------------------  536
HIVAT64S2  --------......-T----------------------G-----------------G----------------  542
HIVAT65S2  --------......-T----------------------------------------------------------  542
HIVAT66S2  --------......------------------------------------------------------------  536
HIVAT67S2  T-------......--T----------------------------------------------------------  545
HIVAT68S2  T-------......--T----------G-----------------------------------------------  545
HIVAT69S2  --------......----------G--------------------------------------------------  539
HIVAT713S2 T-------......--T----------------------------------------------------------  545
HIVAT716S2 -------A.....------T-------------------------------------------------A--  530
HIVAT717S2 --------......-G----------------------------------------------------------  533
HIVAT719S2 --------......-T------T---------------------------------------------------  542
HIVAT720S2 --------......-T----------------------------------------------------------  542
HIVAT724S2 --------......-T----------------------------------------------------------  536
HIVAT727S2 --------......--T---------------------------------------------------------  536
HIVAT729S2 --------......-T----------------------------------------------------------  545
HIVAT74S2  --------......-T------T---------------------------------------------------  536
HIVAT75S2  --------......------------------------------------------------------------  536
HIVAT76S2  --------......-T----------------------------------------------------------  542
HIVAT78S2  --------......-T----------------------------------------------------------  536
```

```
CONSENSUS  GTATGCCCCTCCCATCAGAGGACAAATTAGATGTTCATCAAATATTACAGGGCTGCTATTAACAAGAGATGGT  606
HIVAT11S2  ------------------------------------------------------------------------  624
HIVAT110S2 ------------------------------------------------------------------------  624
HIVAT12S2  ------------------------------------------------------------------------  624
HIVAT13S2  ------------------------------------------------------------------------  624
HIVAT14S2  ------------------------------------------------------------------------  624
HIVAT15S2  ------------------------------------------------------------------------  624
HIVAT16S2  ------------------------------------------------------------------------  624
HIVAT17S2  ------------------------------------------------------------------------  624
HIVAT18S2  ------------------------------------------------------------------------  624
HIVAT19S2  ------------------------------------------------------------------------  624
HIVAT21S2  ------------------------------------------------------------------------  624
HIVAT210S2 ------------------------------------------------------------------------  624
HIVAT211S2 ------------------------------------------------------------------------  624
HIVAT212S2 ------------------------------------------------------------------------  624
HIVAT213S2 ------------------------------------------------------------------------  624
HIVAT214S2 ------------------------------------------------------------------------  630
HIVAT215S2 ------------------------------------------------------------------------  624
HIVAT22S2  ------------------------------------------------------------------------  624
HIVAT23S2  ------------------------------------------------------------------------  630
HIVAT24S2  ------------------------------------------------------------------------  624
HIVAT25S2  ------------------------------------------------------------------------  624
HIVAT26S2  ------------------------------------------------------------------------  624
HIVAT27S2  ------------------------------------------------------------------------  624
HIVAT28S2  ------------------------------------------------------------------------  624
HIVAT29S2  ------------------------------------------------------------------------  624
HIVAT31S2  ------------------------------------------------------------------------  630
HIVAT310S2 ------------------------------------------------------------------------  630
HIVAT311S2 ------------------------------------------------------------------------  609
HIVAT312S2 ------------------------------------------------------------------------  630
HIVAT313S2 ------------------------------------------------------------------------  606
HIVAT314S2 ------------------------------------------------------------------------  606
HIVAT315S2 ------------------------------------------------------------------------  609
HIVAT316S2 ------------------------------------------------------------------------  606
HIVAT32S2  ------------------------------------------------------------------------  609
HIVAT33S2  ------------------------------------------------------------------------  606
HIVAT34S2  ------------------------------------------------------------------------  606
HIVAT35S2  ------------------------------------------------------------------------  609
HIVAT36S2  ------------------------------------------------------------------------  606
HIVAT37S2  ------------------------------------------------------------------------  630
HIVAT38S2  ------------------------------------------------------------------------  609
HIVAT39S2  ------------------------------------------------------------------------  609
HIVAT41S2  ------------------------------------------------------------------------  615
HIVAT410S2 ------------------------------------------------------------------------  609
HIVAT411S2 ------------------------------------------------------------------------  606
HIVAT412S2 ----------------A-------------------------------------------------------  606
HIVAT413S2 ------------------------------------------------------------------------  606
HIVAT414S2 ------------------------------------------------------------------------  615
HIVAT42S2  ------T----------A-------------------------------------------------------  606
HIVAT43S2  ------------------------------------------------------------------------  621
HIVAT44S2  ----------------------G-------------------------------------------------  615
HIVAT45S2  ------------------------------------------------------------------------  606
HIVAT46S2  ------------------------------------------------------------------------  606
HIVAT47S2  ------------------------------------------------------------------------  618
HIVAT48S2  ------------------------------------------------------------------------  606
HIVAT49S2  ----------------A-------------------------------------------------------  606
```

HIVAT11S

```
CONSENSUS  GTATGCCCCTCCCATCAGAGGACAAATTAGATGTTCATCAAATATTACAGGGCTGCTATTAACAAGAGATGGT   606
HIVAT51S2  ------------------------------------------------------------------------   606
HIVAT510S2 ------------------------------------------------------------------------   606
HIVAT511S2 ------------------------------------------------------------------------   606
HIVAT512S2 ------------------------------------------------------------------------   618
HIVAT513S2 ------------------------------------------------------------------------   606
HIVAT514S2 ------------------------------------------------------------------------   603
HIVAT519S2 ------------------------------------------------------------------------   606
HIVAT52S2  ------------------------------------------------------------------------   606
HIVAT520S2 ------------------------------------------------------------------------   606
HIVAT525S2 ------------------------------------------------------------------------   606
HIVAT526S2 ----------------A-------------------------------------------------------   606
HIVAT53S2  ------------------------------------------------------------------------   606
HIVAT530S2 ------------------------------------------------------------------------   609
HIVAT534S2 ------------------------------------------------------------------------   615
HIVAT54S2  ------------------------------------------------------------------------   606
HIVAT55S2  ------------------------------------------------------------------------   606
HIVAT56S2  ------------------------------------------------------------------------   618
HIVAT57S2  ------------------------------------------------------------------------   606
HIVAT58S2  ----------------------------------------------A-------------------A--   603
HIVAT59S2  ------------------------------------------------------------------------   606
HIVAT61S2  ----------------A-------------------------------------------------------   609
HIVAT610S2 ----------------A-------------------------------------------------------   606
HIVAT611S2 ------------------------------------------------------------------------   609
HIVAT612S2 ----------------A-------------------------------------------------------   612
HIVAT613S2 ------------------------------------------------------------------------   609
HIVAT614S2 ------------------------------------------------------------------------   618
HIVAT62S2  ----------------A-----------------G-------------------------------------   615
HIVAT63S2  ------------------------------------------------------------------------   609
HIVAT64S2  --------------C---------------------------------------------------------   615
HIVAT65S2  ----------------------------------------------T-------------------------   615
HIVAT66S2  ------------------------------------------------------------------------   609
HIVAT67S2  ----------------A-------------------------------------------------------   618
HIVAT68S2  ----------------A-------------------------------------------------------   618
HIVAT69S2  ----------------A-------------------------------------------------------   612
HIVAT713S2 ----------------A-------------------------------------------------------   618
HIVAT716S2 ----------------A-------------------------------------------------------   603
HIVAT717S2 ----------------A-------------------------------------------------------   606
HIVAT719S2 ------------------------------------------------------------------------   615
HIVAT720S2 ----------------A-------------------------------------------------------   615
HIVAT724S2 ------------------------------------------------------------------------   609
HIVAT727S2 --------------G--A-------------------------------------------------------   609
HIVAT729S2 ----------------A-------------------------------------------------------   618
HIVAT74S2  ----------------A-------------------------------------------------------   609
HIVAT75S2  ----------------A- ---------------------G-------------------------------   609
HIVAT76S2  ------------------------------------------------------------------------   615
HIVAT78S2  ------------------------------------ ---------------------G--------------   609
```

```
CONSENSUS  GGT?AGAGCAACAGGACT...GAGAGCAACAGGACTGAGATCTTCAGACCTGGAGGAGGAGAT  665
HIVAT11S2  ---...-AT---G-T-A-AAC-------G-.....----C------------------  675
HIVAT110S2 ---...-AT---G-T-A-AAC-------G-.....----C------  662
HIVAT12S2  ---...-AT---G-T-A-AAC-------G-.....----C------  662
HIVAT13S2  ---...-AT---G-T-A-AAC-------G-.....----C------  662
HIVAT14S2  ---...-AT---G-T-A-AAC-------G-.....----C------  662
HIVAT15S2  ---...-AT---G-T-A-AAC-------G-.....----C------  662
HIVAT16S2  ---...-AT---G-T-A-AAC-------G-.....----C------  662
HIVAT17S2  ---...-AT---G-T-A-AAC-------G-.....----C------  662
HIVAT18S2  ---...-AT---G-T-A-AAC-------G-.....----C------  662
HIVAT19S2  ---...-AT---G-T-A-AAC-------G-.....----C------  662
HIVAT21S2  ---...-AT---G-T-A-AAC-------G-.....----C------------------  675
HIVAT210S2 ---...-AT---G-T-A-AAC-------G-.....----C------------------  675
HIVAT211S2 ---...-AT---G-T-A-AAC-------G-.....----C------------------  675
HIVAT212S2 ---...-AT---G-T-A-AAC-------G-.....----C------------------  675
HIVAT213S2 ---...-AT---G-T-A-AAC-------G-.....----C------------------  675
HIVAT214S2 ---.........--T---AAC--A-----G...--A----C------------------  678
HIVAT215S2 ---...-AT---G-T-A-AAC-------G-.....----C------------------  675
HIVAT22S2  ---...-AT---G-T-A-AAC-------G-.....----C------------------  675
HIVAT23S2  ---.........--T---AAC--A-----G...--A----C------------------  678
HIVAT24S2  ---...-AT---G-T-A-AAC-------G-.....----C------------------  675
HIVAT25S2  ---...-AT---G-T-A-AAC-------G-.....----C------------------  675
HIVAT26S2  ---...-AT---G-T-A-AAC-------G-.....----C------------------  675
HIVAT27S2  ---...-AT---G-T-A-AAC-------G-.....----C------------------  675
HIVAT28S2  ---...-AT---G-T-A-AAC-------G-.....----C------------------  675
HIVAT29S2  ---...-AT---G-T-A-AAC-------G-.....----C------------------  675
HIVAT31S2  ---G-------------AAT-----------------------------------------  690
HIVAT310S2 ---G-------------AAT-----------------------------------------  690
HIVAT311S2 ---G-------------AAT-----------------------------------------  669
HIVAT312S2 ---A-------------.............----------------------------  672
HIVAT313S2 ---.........--T---AAC--A-A-...-A---A----C------------------  654
HIVAT314S2 ---.........--T-T-AAC--A---...-AA--A----C------------------  654
HIVAT315S2 ---.........--T---AAC--A---...GA---A----C----------A-------  657
HIVAT316S2 ---.........--T---AAC--A-A-...-A---A----C------------------  654
HIVAT32S2  ---G-------------AAT-----------------------------------------  669
HIVAT33S2  ---.........--T---AAC--A-A-...-A---A----C------------------  654
HIVAT34S2  ---.........--T---AAC--A-A-...-A---A----C------------------  654
HIVAT35S2  ---A-------------.............----------------------------  651
HIVAT36S2  ---.........--T---AAC--A-A---G.....A----C------------------  654
HIVAT37S2  ---G-------------AAT-----------------------------------------  690
HIVAT38S2  ---.........--T---AAC--AG-TG-G...--A----C------------------  657
HIVAT39S2  ---.........--T---AAC--A-A---G...--A----C------------------  657
HIVAT41S2  ---.............---------------------------------------------  657
HIVAT410S2 ---G----------G--...-----T-------------------------------  666
HIVAT411S2 ---G----------G--...-----T-------------------------------  663
HIVAT412S2 ---G-------------...-----T-------------------------------  663
HIVAT413S2 ---G-------------...---------------------------------------  663
HIVAT414S2 ---A------------C.....-C---------------T-----G-----------  669
HIVAT42S2  ---G-------------...-----T-------------------------------  663
HIVAT43S2  ---G----------A---...---------------------------------------  678
HIVAT44S2  ---G-------------...-----T-------------------------------  672
HIVAT45S2  ---G-------T------...---------------------------------------  663
HIVAT46S2  ---G-------T------...---------------------------------------  663
HIVAT47S2  ---G-------------...---------------------------------------  675
HIVAT48S2  ---G-------------...-G---T---------A----------------------  663
HIVAT49S2  ---G-------------...---------------------------------------  663
ls
```

HIVAT11S

```
CONSENSUS  GGT?AGAGCAACAGGACT...GAGAGCAACAGGACTGAGATCTTCAGACCTGGAGGAGGAGAT  665
HIVAT51S2  ---G--------------...-----T---------A----------------------  663
HIVAT510S2 ---G--------------...-------------------------------------  663
HIVAT511S2 ---.........--T---AAC...GAA--------A----C------G-----------  654
HIVAT512S2 ---G--------------...-----T-------------------------------  675
HIVAT513S2 ---G--------------...-----T-------------------------------  663
HIVAT514S2 ---G--------------...-------------------------------------  660
HIVAT519S2 ---G--------------...-------------------------------------  663
HIVAT52S2  ---G----T--T------...-------------------------------------  663
HIVAT520S2 ---G--------------...-------------------------------------  663
HIVAT525S2 ---G--------------...-------------------------------------  663
HIVAT526S2 ---G--------------...-------------------------------------  663
HIVAT53S2  ---G--------------...-----------------------------------A-----  663
HIVAT530S2 ---A--------------...-----T-------------------------------  666
HIVAT534S2 ---G-A------------...-------------------------------------  672
HIVAT54S2  ---G--------------...-----T-------------------------------  663
HIVAT55S2  ---G--------------...-------------------------------------  663
HIVAT56S2  ---G--------------...-------------------------------------  675
HIVAT57S2  ---G--------------...-----T-------------------------------  663
HIVAT58S2  ---A--------------...-----T-------------------------------  660
HIVAT59S2  ---G--------------...-------------------------------------  663
HIVAT61S2  ---G----T---------...-----T-------------------------------  666
HIVAT610S2 ---G----T---------...-----T-------------------------------  663
HIVAT611S2 ---A--------------...-----T-----------------------------------  669
HIVAT612S2 ---G---AT---------...-------------------------------------  669
HIVAT613S2 ---A--------------...-----T-------------------------------  666
HIVAT614S2 ---A--------------...-----T---------A----------------------  675
HIVAT62S2  ---G----T---------...-----T-------------------------------  672
HIVAT63S2  ---A--------------...-----T-------------------------------  666
HIVAT64S2  ---A---AT---------...----T-------------------------------  672
HIVAT65S2  ---A--------------...----------A---A----C-----------------  672
HIVAT66S2  ---G--------------...-----T-------------------------------  666
HIVAT67S2  ---G----T---------...-----T-------------------------------  675
HIVAT68S2  ---G---AT---------...-------------------------------------  675
HIVAT69S2  ---G--------------...----C---------------------------------  669
HIVAT713S2 ---G--------------...-----T-------------------------------  675
HIVAT716S2 ---A--------------...-----T-------------------------------  660
HIVAT717S2 ---G--------------...-----T-------------------------------  663
HIVAT719S2 ---A--------------...-----T-------------------------------  672
HIVAT720S2 ---A--------------...-----T-------------------------------  672
HIVAT724S2 ---A--------------...-----T-------------------------------  666
HIVAT727S2 ---GG---T---------...-----T-------------------------------  666
HIVAT729S2 ---A--------------...-----T-------------------------------  675
HIVAT74S2  ---A--------------...-----T-------------------------------  666
HIVAT75S2  ---G--------------...-----T-------------------------------  666
HIVAT76S2  ---A--------------...-------------------------------------  672
HIVAT78S2  ---A--------------...-------------------------------------  666
```

```
LOCUS       HIVC4S1       303 bp ss-RNA             VRL       13-JUL-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 4, ADC sample C, partial
            gag cds, p17 region.
ACCESSION   L21354
SEGMENT     1 of 4
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 4, ADC sample C.
REFERENCE   1  (bases 1 to 303)
  AUTHORS   Zhu,T., Mo,H., Wang,N., Nam,D.S., Cao,Y., Koup,R.A. and Ho,D.D.
  TITLE     Genotypic and phenotypic characterization of HIV-1 in patients
            with primary infection
  JOURNAL   Science 261, 1179-1181 (1993)
COMMENT     This sample has been taken from patient C, one of the seven
            patients (A,M,L,F,C,V,R), in the study(1).  All patients had
            acute, self-limited symptomatic illness with measurable viremia
            followed by seroconversion.  Patient C was a chronically infected
            male who subsequently transmitted the virus to patient L.  The
            authors report that the sequences in this study are found to be
            uniformly macrophage-tropic and non-syncytium-inducing. The sequence
            for sample C clone 4, along with other patient C clones 1-3, and 5-12,
            is shown in alignment below.  These gag sequences cluster with
            HIV-1 B subtype sequences.  See also L21224-L21591 and L24161,
            L24162.
BASE COUNT      128 a     61 c     61 g     53 t
ORIGIN      190 bp downstream from beginning of gag cds
        1 ctacaaccat cccttcagac aggatcagaa gaacttagat cattatttaa tacagtagca
     gag ->
       61 accctctatt gtgtacatca aaagatagag ataaaagaca ccaaggaagc tttagagaag
      121 atagaggaag agcaaaacaa aagcaagaaa aaggcacagc aagcagcagc tgacacagga
      181 aacagcagcc aggtcagcca aaattaccct atagtacaga acatccaggg acaaatggta
      241 catcaagcca tatcacctag aactttaaat gcatgggtaa aagtagtaga agagaaggct
      301 ttc
          gag ->

CONSENSUS CTACAACCATCTCTTCAGACAGGATCAGAAGAACTTAGATCATTATTTAATACAGTAGCAACCCTCTATT     70
HIVC10S1  -----------------------------------------------------------------------     70
HIVC11S1  -----------------------------------------------------------------------     70
HIVC12S1  ---------------A-------------------------------------------------------     70
HIVC1S1   ----------C-------------------------------------------------------------     70
HIVC2S1   ----------C-------------------------------------------------------------     70
HIVC3S1   -----------------------------------------------------------------------     70
HIVC4S1   ----------C-------------------------------------------------------------     70
HIVC5S1   -----------------------------------------------------------------------     70
HIVC6S1   -----------------------------------------------------------------------     70
HIVC7S1   ------------------------------------------A----------------------------     70
HIVC8S1   --------------------G-------------------------------------------------     70
HIVC9S1   ----------GC-------T--------------------------A----------------------     70

CONSENSUS GTGTGCATCAAAAGATAGAGATAAAAGACACCAAGGAAGCTTTAGAGAAGATAGAGGAAGAGCAAAACAA    140
HIVC10S1  -----------------------------------------------------------------------    140
HIVC11S1  ----A-------------------------------------------G-----------------------    140
HIVC12S1  -----------------------------------------------------------------------    140
HIVC1S1   ----A-------------------------------------------------------------------    140
HIVC2S1   ----T--------------------------C-----------------------------------------    140
HIVC3S1   -----------------------------------------------------------------------    140
HIVC4S1   ----A-------------------------------------------------------------------    140
HIVC5S1   -----------------------------------------------------------------------    140
HIVC6S1   -----------------------------------------------------------------------    140
HIVC7S1   -----------------------------------------------------------------------    140
HIVC8S1   ---------------C-------------------------------------------------------    140
HIVC9S1   ----A-------------------------------------------------------------------    140
```

HIVC4S1

```
CONSENSUS AAGCAAGAAAAAGGCACAGCAAGCAGCAGCTGACACAGGAAACAGCAGCCAGGTCAGCCAAAATTACCCT   210
HIVC10S1  ------------------------------------------------------------------------   210
HIVC11S1  ------------------------A-----------------------------------------------   210
HIVC12S1  ------------------------------------------------------------------------   210
HIVC1S1   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVC2S1   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVC3S1   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVC4S1   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVC5S1   ----------------------G-------------------------------------------------   210
HIVC6S1   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVC7S1   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVC8S1   ----------G-------------------------------------------------------------   210
HIVC9S1   ------------------------------------------------------------------------   210

CONSENSUS ATAGTACAGAACATCCAGGGACAAATGGTACATCAAGCCATATCACCTAGAACTTTAAATGCATGGGTAA   280
HIVC10S1  ------------------------------------------------------------------------   280
HIVC11S1  ------------------------------------------T-----------------------------   280
HIVC12S1  ---A---------------------------------------------------------------------   280
HIVC1S1   ------------------------------------------------------------------------   280
HIVC2S1   ------------------------------------------------------------------------   280
HIVC3S1   ---A---------------------------------------------------------------------   280
HIVC4S1   ------------------------------------------------------------------------   280
HIVC5S1   ---A--------------------------------------------------A-------------------   280
HIVC6S1   ------------------------------------------------------------------------   280
HIVC7S1   ---A---------------------------------------------------------------------   280
HIVC8S1   ------------------------------------------------------------------------   280
HIVC9S1   ------------------------------------------------------------------------   280

CONSENSUS AAGTAGTAGAAGAGAAGGCTTTC              303
HIVC10S1  -----------------------              303
HIVC11S1  -----------------------              303
HIVC12S1  -----------------------              303
HIVC1S1   -----------------------              303
HIVC2S1   -----------------------              303
HIVC3S1   -----------------------              303
HIVC4S1   -----------------------              303
HIVC5S1   -----------------------              303
HIVC6S1   -----------------------              303
HIVC7S1   -----------------------              303
HIVC8S1   -----------------------              303
HIVC9S1   -----------------------              303
```

```
LOCUS       HIVC34S2      645 bp ss-RNA             VRL       13-JUL-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 34, ADC sample C, partial
            env cds, c2v5 region.
ACCESSION   L21348
SEGMENT     2 of 4
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 34, ADC sample C.
REFERENCE   1  (bases 1 to 645)
  AUTHORS   Zhu,T., Mo,H., Wang,N., Nam,D.S., Cao,Y., Koup,R.A. and Ho,D.D.
  TITLE     Genotypic and phenotypic characterization of HIV-1 in patients with
            primary infection
  JOURNAL   Science 261, 1179-1181 (1993)
COMMENT     This sample has been taken from patient C, one of the seven
            patients (A,M,L,F,C,V,R), in the study(1).  All patients had acute,
            self-limited symptomatic illness with measurable viremia followed
            by seroconversion.  Patient C was a chronically infected male who
            subsequently transmitted  the virus to patient L.  The authors
            report that the sequences in this study are found to be uniformly
            macrophage-tropic and non-syncytium-inducing. The sequence for sample
            C, along with other patient C clones 7, 9, 11, 14-17, 19, 22, 28, 29,
            32, and 33, is shown in alignment below. These env sequences cluster
            with HIV-1 B subtype sequences.  See also L21224-L21591 and L24161,
            L24162.
BASE COUNT      258 a    104 c    131 g    152 t
ORIGIN      778 bp downstream from beginning of env cds
        1 gtatcaactc aactgctgtt aaatggcagt ctagcagaag aagagatagt aattagatct
     env ->
       61 gacaatttca cggacaatgc taaaaccata atagtacagc tgaatgaatc tgtaatcatt
      121 aattgtacaa gacccaacaa caatacaaga aaaggtatac ctataggacc agggagagca
      181 ttttatacaa caggacaaat aataggtgat ataagaaaag cacattgtaa cattagtaga
      241 gcaaaatgga ataacacttt agaaaagata gttagaaaat taagagaaca atttaggaat
      301 aaaacaatag tctttaatca ctcctcagga ggggacccag aaattgaaat gcacagtttt
      361 aattgtggag gggaattttt ctactgtaat tcaacacaac tattcagtag tacttggtat
      421 gataatggta ctaggaatgg tactgaaggg tcagataaca tcacactccc ctgcagaata
      481 aaacaaatta taaacatgtg gcaggaagta ggaaaagcaa tgtatgcccc tcccatcagc
      541 ggacaaatta aatgtacatc aaatattaca gggctgctat taacaagaga tggtggtaat
      601 aacaataacg agagcaagcc cgaggtcttc agacctggag gagga
                                                      env ->
```

```
CONSENSUS GTATCAACTCAACTGCTGTTAAATGGCAGTCTAGCAGAAGAAGAGATAGTAATTAGATCTGACAATTTCA  70
HIVC11S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVC14S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVC15S2  ----------------------------------A-----------------------------------  70
HIVC17S2  ----------------------------------------------------------C-----------  70
HIVC19S2  ----------------------------------A-----------------------------------  70
HIVC22S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVC28S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVC29S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVC32S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVC33S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVC34S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVC16S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVC7S2   ----------------------------------------------------C-C---------------  70
HIVC9S2   ----------------------------------------------------------------------  70
```

HIVC34S2

```
CONSENSUS CGGACAATGCTAAAACCATAATAGTACAGCTGAATGAATCTGTAATCATTAATTGTACAAGACCCAACAA  140
HIVC11S2  ----------------------------------GAC--------GA-----C-----------------  140
HIVC14S2  ----------------------------------A---------A-----C-----------------  140
HIVC15S2  -A--------T-------------------------------------------------------------  140
HIVC17S2  -------------------------G-------------------------------------------------  140
HIVC19S2  -A--------T-------------------------------------------------------------  140
HIVC22S2  -------------------------------------------------------------------------  140
HIVC28S2  ---------------------------------------------G-----C-----T---------------  140
HIVC29S2  ----------------------------------A---------A----GC-------------------  140
HIVC32S2  ----------------------------------A--------G-A-----C-------------------  140
HIVC33S2  ----------------------------------A---------A-----C-------------------  140
HIVC34S2  -------------------------------------------------------------------------  140
HIVC16S2  -------------------------------------------------------------------------  140
HIVC7S2   -------------------------------------------------------------------------  140
HIVC9S2   -------------------------------------------------------------------------  140

CONSENSUS CAATACAAGAAAAGGTATACATATAGGACCAGGGAGAGCATTTTATACAACAGGACAAATAATAGGTGAT  210
HIVC11S2  -----------------------------------------------------------G-----------A--  210
HIVC14S2  -----------------------------------------------------------A-----------A--  210
HIVC15S2  --------------------C-------------------------------------------------  210
HIVC17S2  -------------------------------------------------------------------------  210
HIVC19S2  --------------------C-------------------------------------------------  210
HIVC22S2  -------------------------------------------------------------------------  210
HIVC28S2  -----------------------------------------------------------G-----------A-G  210
HIVC29S2  -----------------------------------------------------------A-----------A--  210
HIVC32S2  -----------------------------------------------------------A-----------A--  210
HIVC33S2  -----------------------------------------------------------A-----------A--  210
HIVC34S2  --------------------C-------------------------------------------------  210
HIVC16S2  -------------------------------------------------------------------------  210
HIVC7S2   -------------------------------------------------------------------------  210
HIVC9S2   -------------------------------------------------------------------------  210

CONSENSUS ATAAGAAAAGCACATTGTAACATTAGTAGAGCAAAATGGAAT?ACACTTTAGAACAGATAGTTAGAAAAT  279
HIVC11S2  ------C-----------------------AA---T-------G---------G-----------------  280
HIVC14S2  ------C-----------------------------------G-------------------------------  280
HIVC15S2  -------------------------------------------G-----------A-----------------  280
HIVC17S2  ---------------------------------C---------A-----------A----------C-----  280
HIVC19S2  -------------------------------------------G-----------A-----------------  280
HIVC22S2  ---------------------------------C---------A--A--------G-----------T-----  280
HIVC28S2  ------C-------------------------G---------A-----------A-----------------  280
HIVC29S2  ------C-----------------------------------G-------------------------------  280
HIVC32S2  ------C----------------------G-----------G-------------------------------  280
HIVC33S2  ------C-----------------------------------G-------------------------------  280
HIVC34S2  -----------------------------------------A----------A-----------------  280
HIVC16S2  ---------------------------------GC--------A---------A-----------G------  280
HIVC7S2   ---------------------------------C---------A----C-------A-----------------  280
HIVC9S2   -----------------C---------------GG--------A---------AG-----------A------  280
```

```
CONSENSUS TAAGAGAACAATTTGGGAATAAAACAATAGTCTTTAATCACTCCTCAGGAGGGGACCCAGAAATTGTAAT   349
HIVC11S2  ------------------------------------------------------------------------   350
HIVC14S2  ------------------------------------------------------------------------   350
HIVC15S2  ------------------------------------------------------------------------G   350
HIVC17S2  --------------A-----------------------------------------------------A---   350
HIVC19S2  ------------------------------------------------------------------------G   350
HIVC22S2  ------------------------------------------------------------------------A---   350
HIVC28S2  ------------------------------------------------------------------------   350
HIVC29S2  ------------------------------------------------------------------------   350
HIVC32S2  ------------------------------------------------------------------------   350
HIVC33S2  ------------------------------------------------------------------------   350
HIVC34S2  --------------A-----------------------------------------------------A---   350
HIVC16S2  ---------------------------C--------------------------------------A---   350
HIVC7S2   ---------------A-----------------------------------------------------G   350
HIVC9S2   -G---A-----------------------------------------------------------------G   350

CONSENSUS GCACAGTTTTAATTGTGGAGGGGAATTTTTCTACTGTAATTCAACACAACTGTTCAATAGTACTTGG?AT   418
HIVC11S2  ------------------------------------------------------------------------A--   420
HIVC14S2  ------------------------------------------------------------------C---A--   420
HIVC15S2  ------------------------------------G-----------------G----------T--   420
HIVC17S2  -----A-----------------------------------------------------------A--A--   420
HIVC19S2  ------------------------------------G-----------------------------T--   420
HIVC22S2  ------------------------------------------------------------------------T--   420
HIVC28S2  ------------------------------------------------------------------------A--   420
HIVC29S2  ------------------------------------------------------------------------A--   420
HIVC32S2  ------------------------------------------------------------------------A--   420
HIVC33S2  ------------------------------------------------------------------------A--   420
HIVC34S2  ---------------------------------------------------A----G----------T--   420
HIVC16S2  ------------------------------------------------------G----------T--   420
HIVC7S2   ------------------------------------G-----------------G----------T--   420
HIVC9S2   ------------------------------------G-----------------G----------T--   420

CONSENSUS GTTAATGGTACTAGGAATGGTACTGAAGGGTCAGAGAACATCACACTCCCCTGCAGAATAAAACAAATTA   488
HIVC11S2  ------------T-----------A-----C--A-----------------------------------   490
HIVC14S2  ------------T---TC-A----A-----C-------------------------------------   490
HIVC15S2  -A----------------------------------CAG-----------------------------   490
HIVC17S2  -C----------------------------------T-------------------------------   490
HIVC19S2  -A------------A----------------------C-------------------------------   490
HIVC22S2  ---------------------------------T----------------------------------   490
HIVC28S2  -C---------------------A-----C------T-----------------A--------------   490
HIVC29S2  ------------T------A----A-----C-------------------------------------   490
HIVC32S2  ------------T------A----A-----C-------------------------------------   490
HIVC33S2  ------------T------A----A-----C-------------------------------------   490
HIVC34S2  -A--------------------------------T---------------------------------   490
HIVC16S2  ---------------------------------T----------------------------------   490
HIVC7S2   -A----------------------------------------------------------------------   490
HIVC9S2   -A--------------------------------A-CAG-----------------------------   490
```

HIVC34S2

```
CONSENSUS TAAACATGTGGCAGGAAGTAGGAAAAGCAATGTATGCCCCTCCCATCAGCGGACAAATTAAATGTTCATC   558
HIVC11S2  ------------------------------------------------------------------------   560
HIVC14S2  ------------------------------------------------------------------------   560
HIVC15S2  ----T-------------------------------------------------------------------   560
HIVC17S2  ---------------------------------------T--------------------------------   560
HIVC19S2  ----T-------------------------------------------------------------------   560
HIVC22S2  ------------------------------------------------------------------------   560
HIVC28S2  ------------------------------------------------------------------A-----   560
HIVC29S2  ------------------------------------------------------------------------   560
HIVC32S2  ------------------------------------------------------------------------   560
HIVC33S2  ------------------------------------------------------------------------   560
HIVC34S2  ------------------------------------------------------------------A-----   560
HIVC16S2  ------------------------------------------------------------------------   560
HIVC7S2   ----T--------------G----------------------------------------------------   560
HIVC9S2   ------------------------------------------------------------------A-----   560

CONSENSUS AAATATTACAGGGCTGCTATTAACAAGAGATGGTGGTAATAAC...?.?GAGAGC?AGCCCGAGGTCTTC   621
HIVC11S2  ------------------------------------------------.......------G--------------   624
HIVC14S2  ------------------------------------------------.......------G--------------   624
HIVC15S2  ---------------A---C-----------------------ACTAAC------A--------------   630
HIVC17S2  ------------------------------------G----T...AAC------A-------------   627
HIVC19S2  ---------------A---C-----------------------ACTAAC------A--------------   630
HIVC22S2  ---------------A---C----------------------TAATAAC------A--------------   630
HIVC28S2  ------------------------------------G---.......A-----G--------------   624
HIVC29S2  ------------------------------------------------.......------G--------------   624
HIVC32S2  ------------------------------------------------.......------G--------------   624
HIVC33S2  ------------------------------------------------.......------G--------------   624
HIVC34S2  ------------------------------------------------AATAAC------A--------------   630
HIVC16S2  ---------------A---C----------------------TAATAAC------A--------------   630
HIVC7S2   ---------------------------------------C----.......-C----G--T-----A-----   624
HIVC9S2   ------------------C-----------------------T...AGC------A--------------   627

CONSENSUS AGACCTGGAGGAGGA              636
HIVC11S2  ---------------              639
HIVC14S2  ---------------              639
HIVC15S2  ---------------              645
HIVC17S2  ---------------              642
HIVC19S2  ---------------              645
HIVC22S2  ---------------              645
HIVC28S2  ---------------              639
HIVC29S2  ---------------              639
HIVC32S2  ---------------              639
HIVC33S2  ---------------              639
HIVC34S2  ---------------              645
HIVC16S2  ---------------              645
HIVC7S2   ---------------              639
HIVC9S2   ---------------              642
```

```
LOCUS       HIVC10S3      411 bp ss-RNA             VRL       13-JUL-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 10, ADC sample C, partial
            env cds, gp41 region.
ACCESSION   L21325
SEGMENT     3 of 4
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 10, ADC sample C.
REFERENCE   1  (bases 1 to 411)
  AUTHORS   Zhu,T., Mo,H., Wang,N., Nam,D.S., Cao,Y., Koup,R.A. and Ho,D.D.
  TITLE     Genotypic and phenotypic characterization of HIV-1 in patients
            with primary infection
  JOURNAL   Science 261, 1179-1181 (1993)
COMMENT     This sample has been taken from patient C, one of the seven
            patients (A,M,L,F,C,V,R), in the study(1).  All patients had acute,
            self-limited symptomatic illness with measurable viremia followed
            by seroconversion.  Patient C was a chronically infected male who
            subsequently transmitted the virus to patient L.  The authors
            report that the sequences in this study are found to be uniformly
            macrophage-tropic and non-syncytium-inducing. The sequence for sample
            C clone 10, along with other patient C clones 1-9, is shown in align-
            ment below. These env sequences cluster with HIV-1 B subtype sequences.
            See also L21224-L21591 and L24161, L24162.
BASE COUNT      116 a     85 c    118 g     92 t
ORIGIN      2176 bp downstream from beginning of env cds
        1 ctcccagccc cgaggggacc cgacaggccc gaaggaatcg aagaagaagg tggagagaga
     env ->
       61 gacagagaca gatccggtcc attagtgaat ggattcttag caatcatctg ggtcgatctg
      121 cggagcctgt gcctcttcag ctaccaccgc ttgagagact tactcttgat tgtaacgagg
      181 gttgtggaac ttctgggacg cagggggtgg gagatcctca agtattggtg gaacatccta
      241 caatattgga gtcaggaact aaagaatagt gctgttagct tgctcaatgc cacggccata
      301 gcagtagctg aggggacaga taggattata ggagcattac aaagagcttt tagagctgtt
      361 ctccacattc ctagaagaat aagacagggc ttcgaaagag ctttgctaTA A
    <- env
```

```
CONSENSUS CTCCCAGCCCCGAGGGGACCCGACAGGCCCGAAGGAATCGAAGAAGAAGGTGGAGAGAGAGACAGAGACA    70
HIVC10S3  ----------------------------------------------------------------------    70
HIVC15S3  ----------------------------------------------------------------------    70
HIVC1S3   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVC2S3   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVC3S3   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVC4S3   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVC5S3   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVC6S3   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVC7S3   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVC8S3   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVC9S3   ----------------------------------------------------------------------    70

CONSENSUS GATCCGGTCAATTAGTGAATGGATTCTTAGCAATCATCTGGGTCGATCTGCGGAGCCTGTGCCTCTTCAG   140
HIVC10S3  ---------C----------------------------------------------------------   140
HIVC15S3  -------A--------------------------------------------------------C   140
HIVC1S3   ------A----------------------------------------------------------   140
HIVC2S3   ---------CG---------------------------------------------------------   140
HIVC3S3   ----------------------------------------------------------------------   140
HIVC4S3   ---T-----C----------------------------------------------------------   140
HIVC5S3   ----------------------------------------------------------------------   140
HIVC6S3   ------A----------------------------------------------------------C   140
HIVC7S3   ---------C----------------------------------------------------------   140
HIVC8S3   ---------C----------------------------------------------------------   140
HIVC9S3   ----------------------------------------------------------------------   140
```

HIVC10S3

```
CONSENSUS CTACCACCGCTTGAGAGACTTACTCTTGATTGTAACGAGGGTTGTGGAACTTCTGGGACGCAGGGGGTGG   210
HIVC10S3  ------------------------------------------------------------------------   210
HIVC15S3  ------------------------------------------------------------A-----------   210
HIVC1S3   ------------------------------------------------------------------T---   210
HIVC2S3   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVC3S3   ------------------------------------------------------------------T---   210
HIVC4S3   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVC5S3   ------------------------------------------------------------------T---   210
HIVC6S3   ------------------------------------------------------------A-----------   210
HIVC7S3   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVC8S3   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVC9S3   ------------------------------------------------------------------T---   210

CONSENSUS GAGATCCTCAAATATTGGTGGAATATCCTACAATATTGGAGTCAGGAACTAAAGAATAGTGCTGTTAGCT   280
HIVC10S3  -----------G-----------C------------------------------------------------   280
HIVC15S3  ------------------------G-----------------------------------------------   280
HIVC1S3   --------T----------------------T.-----------------------------------------   279
HIVC2S3   ----------------------C-----------------------------------------------   280
HIVC3S3   ------------------------------------------------------------------------   280
HIVC4S3   ----------------------C-------------------------------------------C-----   280
HIVC5S3   ------------------------------------------------------------------------   280
HIVC6S3   ------------------------G-----------------------------------------------   280
HIVC7S3   ----------------------C-----------------------------------------------   280
HIVC8S3   ----------------------C-----------------------------------------------   280
HIVC9S3   ------------------------------------------------------------------------   280

CONSENSUS TGCTCAATGCCACGGCCATAGCAGTAGCTGAGGGGACAGATAGGATTATAGGAGCATTACAAAGAGCTTT   350
HIVC10S3  ------------------------------------------------------------------------   350
HIVC15S3  --------------------T-------------------------------G-----------------   350
HIVC1S3   ------------------------------------------------------------------------   349
HIVC2S3   ------------------------------------------------------------------------   350
HIVC3S3   ------------------------------------------------------------------------   350
HIVC4S3   ------------------------------G-----------------------------------------   350
HIVC5S3   ------------------------------------------------------------------------   350
HIVC6S3   --------------------T---------------------------------------------------   350
HIVC7S3   ------------------------------------------------------------------------   350
HIVC8S3   ------------------------------------------------------------------------   350
HIVC9S3   ------------------------------------------------------------------------   350

CONSENSUS TAGAGCTATTCTCCACATACCTAGAAGAATAAGACAGGGCTTAGAAAGAGCTTTGCTATAA            411
HIVC10S3  -------G----------T----------------------C------------------            411
HIVC15S3  ----------------------GT-------------------------------------            411
HIVC1S3   -----------G--------------------------A--------------------            410
HIVC2S3   -------G----------T----------------------C------------------            411
HIVC3S3   ----------------------GT-------------------------------------            411
HIVC4S3   -------G----------T----------------------C------------------            411
HIVC5S3   -----------G--------------------------A--------------------            411
HIVC6S3   ----------------------GT-------------------------------------            411
HIVC7S3   -------G----------T----------------------C------------------            411
HIVC8S3   -------G----------T----------------------C------------------            411
HIVC9S3   -----------G--------------------------A--------------------            411
```

```
LOCUS       HIVC5S4        237 bp ss-RNA              VRL        13-JUL-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 5, ADC sample C, partial
            nef cds.
ACCESSION   L21356
SEGMENT     4 of 4
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 5, ADC sample C.
REFERENCE   1  (bases 1 to 237)
  AUTHORS   Zhu,T., Mo,H., Wang,N., Nam,D.S., Cao,Y., Koup,R.A. and Ho,D.D.
  TITLE     Genotypic and phenotypic characterization of HIV-1 in patients
            with primary infection
  JOURNAL   Science 261, 1179-1181 (1993)
COMMENT     This sample has been taken from patient C, one of the seven
            patients (A,M,L,F,C,V,R), in the study(1).  All patients had
            acute, self-limited symptomatic illness with measurable viremia
            followed by seroconversion. Patient C was a chronically infected
            male who subsequently transmitted  the virus to patient L.  The
            authors report that the sequences in this study are  uniformly
            macrophage-tropic and non-syncytium-inducing.  The sequence for
            sample C clone 5, along with other patient C clones 1-4, 6-10,
            and 15, is shown in alignment below.  These nef sequences cluster
            with HIV-1 B subtype sequences.  See also L21224-L21591 and L24161,
            L24162.
BASE COUNT       79 a      40 c      76 g      42 t
ORIGIN      nef cds start
        1 ATGggtggca agtggtcaaa aagtagtgta gttggatggc ctgctataag ggaaagaatg
nef start ->
       61 agacgagctg aaccagcagc agatagacga gctgagccag cagcagatgg ggtgggagca
      121 gtatctcgag acctagaaaa acatggagca atcacaagta gcaatacagc agctaccaat
      181 agtgattgtg cctggctaga agcacaagag gatgaggagg tgggttttcc agtcaaa
       nef ->

CONSENSUS ATGGGTGGCAAGTGGTCAAAAAGTAGTGTAGTTGGATGGCCTGCTATAAGGGAAAGAATGAGA...CGAG     67
HIVC10S4  ------------------------------------------------------------------...----     67
HIVC15S4  ------------------------------------------------------------G------..CT---     68
HIVC2S4   ------------------------------------------------------------------...----     67
HIVC3S4   ------------------------------------------------------------G------...----     67
HIVC4S4   ------------------------------------------------------------------...----     67
HIVC5S4   ------------------------------------------------------------------...----     67
HIVC6S4   ------------------------------------------------------------G------...----     67
HIVC7S4   ------------------------------------------------------------------...----     67
HIVC8S4   ------------------------------------------------------------------...----     67
HIVC9S4   ------------------------------------------------------------------...----     67
HIVC1S4   ------------------------------------------------------------------...----     67

CONSENSUS CTGAACCAGCAGCAGATAGACGAG?TGAGCCAGCAGCAGAT.......................GGGGT    112
HIVC10S4  -----------------------AA ----G-----------.........................----    113
HIVC15S4  ----G---------A--.......................................................--    90
HIVC2S4   -----------------------T-----------------.........................----    113
HIVC3S4   ----G---------A--.......................................................---    89
HIVC4S4   -----------------------C-----------------.........................----    113
HIVC5S4   -----------------------C-----------------.........................----    113
HIVC6S4   ----G---------A--.......................................................---    89
HIVC7S4   -----------------------T-----------------.........................----    113
HIVC8S4   -----------------------T-----------------.........................----    113
HIVC9S4   -----------------------C-----------------.........................----    113
HIVC1S4   -C----------------------C-----------------.........................----    113
```

HIVC5S4

```
CONSENSUS GGGAGCAGTATCTCGAGACCTAGAAAAACATGGAGCAATCACAAGTAGCAATACAGCAGCTACCAATAGT   182
HIVC10S4  ------------------------------------------------------------------------   183
HIVC15S4  ---------------------------------------------------C------------------   160
HIVC2S4   ------------------------------------------------------------------------   183
HIVC3S4   ---------------------------------------------------C------------------   159
HIVC4S4   -----.------------------------------------------------------------------   182
HIVC5S4   ------------------------------------------------------------------------   183
HIVC6S4   ---------------------------------------------------C------------------   159
HIVC7S4   ------------------------------------------------------------------------   183
HIVC8S4   ------------------------------------------------------------------------   183
HIVC9S4   ------------------------------------------------------------------------   183
HIVC1S4   ------------------------------------------------------------------------   183

CONSENSUS GATTGTGCCTGGCTAGAAGCACAAGAGGATGAGGAGGTGGGTTTTCCAGTCAAA                   236
HIVC10S4  ------------------------------------------------------                   237
HIVC15S4  --------------------------AA--------------------------                   214
HIVC2S4   ------------------------------------------------------G-                   237
HIVC3S4   --------------------------AA--------------------------                   213
HIVC4S4   ------------------------------------------------------                   236
HIVC5S4   ------------------------------------------------------                   237
HIVC6S4   ------------------------------------------------------                   213
HIVC7S4   ------------------------------------------------------G-                   237
HIVC8S4   --------T-------------------------------------------G-                   237
HIVC9S4   ------------------------------------------------------                   237
HIVC1S4   ------------------------------------------------------                   237
```

```
LOCUS       HIVL6S1   303 bp ss-RNA              VRL       09-SEP-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 6, ADC sample L, partial
            gag cds, p17 region.
ACCESSION   L21456
SEGMENT     1 of 4
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 6, ADC sample L.
REFERENCE   1  (bases 1 to 303)
  AUTHORS   Zhu,T., Mo,H., Wang,N., Nam,D.S., Cao,Y., Koup,R.A. and Ho,D.D.
  TITLE     Genotypic and phenotypic characterization of HIV-1 in patients
            with primary infection
  JOURNAL   Science 261, 1179-1181 (1993)
COMMENT     This sample has been taken from patient L, one of the seven
            patients (A,M,L,F,C,V,R), in the study(1).  All patients had acute,
            self-limited symptomatic illness with measurable viremia followed
            by seroconversion.  Patient L was infected by patient C via sexual
            transmission.  The authors report that the sequences in this study
            are unusual because the viral phenotype was found to be uniformly
            macrophage-tropic and non-syncytium-inducing.  The sequence for
            sample C clone 6, along with other patient C clones 1-5, and 7-12,
            is shown in alignment below.  These gag sequences cluster with
            HIV-1 B subtype sequences.  See also L21224-L21591 and L24161,
            L24162.
BASE COUNT      128 a     60 c     62 g     53 t
ORIGIN      190 bp downstream from beginning of gag cds
        1 ctacaaccat cccttcagac aggatcagaa gaacttagat cattatataa tacagtagca
     gag ->
       61 accctctatt gtgtgcatca aaagatagag ataaaagaca ccaaggaagc tttagagaag
      121 atagaggaag agcaaaacaa aagcaagaaa aaggcacagc aagcagcagc tgacacagga
      181 aacagcagcc aggtcagcca aaattaccct atagtacaga acatctaggg acaaatggta
      241 catcaagcca tatcacctag aactttaaat gcatgggtaa aagtagtaga agagaaggct
      301 ttc
          gag ->
```

```
CONSENSUS CTACAACCATCCCTTCAGACAGGATCAGAAGAACTTAGATCATTATATAATACAGTAGCAACCCTCTATT    70
HIVL10S1  ----------------------------------------------------------------------    70
HIVL11S1  ----------------------------------------------------------------------    70
HIVL12S1  --------------------A-------------------------------------------------    70
HIVL1S1   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVL2S1   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVL3S1   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVL4S1   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVL5S1   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVL6S1   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVL7S1   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVL8S1   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVL9S1   ----------------------------------------------------------------------    70

CONSENSUS GTGTGCATCAAAAAATAGAGATAAAAGACACCAAGGAAGCTTTAGAGAAGATAGAGGAAGAGCAAAACAA  140
HIVL10S1  ----------------------------------------------------------------------  140
HIVL11S1  ------------------------------------------------G---------------------  140
HIVL12S1  ----------------------------------------------------------------------  140
HIVL1S1   ------------------------G---------------------------------------------  140
HIVL2S1   ----------------------------------------------------------------------  140
HIVL3S1   ------------------------------------------------G---------------------  140
HIVL4S1   ----------------------------------------------------------------------  140
HIVL5S1   ----------------------------------------------------------------------  140
HIVL6S1   -------------G--------------------------------------------------------  140
HIVL7S1   ----------------------------------------------------------------------  140
HIVL8S1   A-------------------------------------------------A--------------------  140
HIVL9S1   ------------------------------------G---------------------------------  140
```

HIVL6S1

```
CONSENSUS AAGCAAGAAAAAGGCACAGCAAGCAGCAGCTGACACAGGAAACAGCAGCCAGGTCAGCCAAAATTACCCT   210
HIVL10S1  ------------------------------------------------------------------------   210
HIVL11S1  ----------------------------------------G-------------------------------   210
HIVL12S1  ------------------------------------------------------------------------   210
HIVL1S1   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVL2S1   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVL3S1   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVL4S1   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVL5S1   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVL6S1   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVL7S1   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVL8S1   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVL9S1   ------------------------------------------------------------------------   210

CONSENSUS ATAGTACAGAACATCCAGGGACAAATGGTACATCAAGCCATATCACCTAGAACTTTAAATGCATGGGTAA   280
HIVL10S1  ------------------------------------------------------------------------   280
HIVL11S1  ------------------------------------------------------------------------   280
HIVL12S1  ------------------------------------------------------------------------   280
HIVL1S1   ------------------------------------------------------------------------   280
HIVL2S1   ------------------------------------------------------------------------   280
HIVL3S1   ------------------------------------------------------------------------   280
HIVL4S1   ------------------------------------------------------------------------   280
HIVL5S1   ------------------------------------------------------------------------   280
HIVL6S1   ---------------T--------------------------------------------------------   280
HIVL7S1   ------------------------------------------------------------------------   280
HIVL8S1   ------------------------------------------------------------------------   280
HIVL9S1   ------------------------------------------------------------------------   280
CONSENSUS AAGTAGTAGAAGAGAAGGCTTTC              303
HIVL10S1  -------------------------            303
HIVL11S1  -------------------------            303
HIVL12S1  -------------------------            303
HIVL1S1   -------------------------            303
HIVL2S1   -------------------------            303
HIVL3S1   -------------------------            303
HIVL4S1   -------------------------            303
HIVL5S1   -------------------------            303
HIVL6S1   -------------------------            303
HIVL7S1   -------------------------            303
HIVL8S1   -----------A-------------            303
HIVL9S1   -------------------------            303
```

```
LOCUS       HIVL10S2      642 bp ss-RNA             VRL       09-SEP-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 10, ADC sample L, partial
            env cds, c2v5 region.
ACCESSION   L21421
SEGMENT     2 of 4
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 10, ADC sample L.
REFERENCE   1  (bases 1 to 642)
  AUTHORS   Zhu,T., Mo,H., Wang,N., Nam,D.S., Cao,Y., Koup,R.A. and Ho,D.D.
  TITLE     Genotypic and phenotypic characterization of HIV-1 in patients with
            primary infection
  JOURNAL   Science 261, 1179-1181 (1993)
COMMENT     This sample has been taken from patient L, one of the seven
            patients (A,M,L,F,C,V,R), in the study(1).  All patients had acute,
            self-limited symptomatic illness with measurable viremia followed
            by seroconversion.  Patient L was infected by patient C via sexual
            transmission.  The authors report that the sequences in this study
            are unusual because the viral phenotype was found to be uniformly
            macrophage-tropic and non-syncytium-inducing.  The sequence for
            sample L clone 10, along with other patient L clones 5-7, 9, 10,
            12-15, 17, 19 ,20, and 23, is shown in alignment below.  These
            env sequences cluster with HIV-1 B subtype sequences.  See also
            L21224-L21591 and L24161, L24162.
BASE COUNT      246 a    107 c    136 g    153 t
ORIGIN      778 bp downstream from beginning of env cds
        1 gtatcaactc aactgctgtt aaatggcagt ctagcagaag aagagatagt aattagatct
     env ->
       61 gccaatttca cggacaatgc taaaaccata atagtacagc tgaatgaatc tgtaatcatt
      121 aattgtacaa gacccaacaa caatacaaga aaaggtatac atataggacc agggagagca
      181 ttttatacaa caggacacat aataggtgat ataagaaaag cacattgtaa cattagtaga
      241 gcacaatgga atggcacttt agaaaagata gttagaaaat taagagagca atttaggaat
      301 aaaacaatag tctttaatca ctcctcagga ggggacccag aagttgtaat gcacagtttt
      361 aattgtggag gggaattttt ctactgtaat tcaacacaac tgttcaatag tacttggaat
      421 gctaatggta ctaggaatgg tactgaaggg ttagcgatca tcacactccc ctgcaaaata
      481 aaacaaatta taaacatgtg gcaggaagta ggaaaagcaa tgtatgcccc tcccatcagc
      541 ggacaaatta aatgtacatc aaatattaca gggctgctct taacaagaga tggtggtgat
      601 aataacgaga gcaagcccga ggtcttcaga cctggaggag ga
                                                    env ->

CONSENSUS GTATCAACTCAACTGCTGTTAAATGGCAGTCTAGCAGAAGAAGAGATAGTAATTAGATCTGCCAATTTCA    70
HIVL10S2  ----------------------------------------------------------------------    70
HIVL12S2  ----------------------------------------------------------------------    70
HIVL13S2  ----------------------------------------A---C-----------------------    70
HIVL14S2  ----------------------------------------------------------------------    70
HIVL15S2  ----------------------------------------------------------------------    70
HIVL17S2  ----------------------------------------------------------------------    70
HIVL19S2  ----------------------------------------------------------------------    70
HIVL20S2  ----------------------------------------------------------------------    70
HIVL23S2  ----------------------------------------------------------------------    70
HIVL5S2   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVL6S2   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVL7S2   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVL9S2   ----------------------------------------G-----------------------------    70
```

HIVL10S2

```
CONSENSUS CGGACAATGCTAAAACCATAATAGTACAGCTGAATGAATCTGTAATCATTAATTGTACAAGACCCAACAA  140
HIVL10S2  ------------------------------------------------------------------  140
HIVL12S2  ------------------------------------------------------------------  140
HIVL13S2  ------------------------------------------------------------------  140
HIVL14S2  ------------------------------------------------------------------  140
HIVL15S2  ------------------------------------------------------------------  140
HIVL17S2  ------------------------------------------------------------------  140
HIVL19S2  ------------------------------------------------------------------  140
HIVL20S2  ------------------------------------------------------------------  140
HIVL23S2  ------------------------------------------------------------------  140
HIVL5S2   ------------------------------------------------------------------  140
HIVL6S2   ------------------------------------------------------------------  140
HIVL7S2   ------------------------------------------------------------------  140
HIVL9S2   ------------------------------------------------------------------  140

CONSENSUS CAATACAAGAAAAGGTATACATATAGGACCAGGGAGAGCATTTTATACAACAGGACAAATAATAGGTGAT  210
HIVL10S2  ----------------------------------------------------C-------------  210
HIVL12S2  ------------------------------------------------------------------  210
HIVL13S2  ------------------------------------------------------------------  210
HIVL14S2  ------------------------------------------------------------------  210
HIVL15S2  ------------------------------------------------------------------  210
HIVL17S2  ------------------------------------------------------------------  210
HIVL19S2  ------------------------------------------------------------------  210
HIVL20S2  ------------------------------------------------------------------  210
HIVL23S2  ------------------------------------------------------------------  210
HIVL5S2   ------------------------------------------------------------------  210
HIVL6S2   ------------------------------------------------------------------  210
HIVL7S2   ------------------------------------------------------------------  210
HIVL9S2   ------------------------------------------------------------------  210

CONSENSUS ATAAGAAAAGCACATTGTAACATTAGTAGAGCACAATGGAATGGCACTTTAGAAAAGATAGTTAGAAAAT  280
HIVL10S2  ------------------------------------------------------------------  280
HIVL12S2  ------------------------------------------------------------------  280
HIVL13S2  ------------------------------------------------------------------  280
HIVL14S2  ------------------------------------------------------------------  280
HIVL15S2  ------------------------------------------------------------------  280
HIVL17S2  ------------------------------------------------------------------  280
HIVL19S2  ------------T-----------------------------------------------------  280
HIVL20S2  ------------------------------------------------------------------  280
HIVL23S2  ------------------------------------------------------------------  280
HIVL5S2   ------------------------------------------------------------------  280
HIVL6S2   ------------------------------------------------------------------  280
HIVL7S2   ------------------------------------------------------------------  280
HIVL9S2   ------------------------------------------------------------------  280

CONSENSUS TAAGAGAGCAATTTAGGAATAAAACAATAGTCTTTAATCACTCCTCAGGAGGGGACCCAGAAGTTGTAAT  350
HIVL10S2  ------------------------------------------------------------------  350
HIVL12S2  ------------------------------------------------------------------  350
HIVL13S2  ------------------------------------------------------------------  350
HIVL14S2  ------------------------------------------------------------------  350
HIVL15S2  ------------------------------------------------------------------  350
HIVL17S2  ------------------------------------------------------------------  350
HIVL19S2  ------------------------------------------------------------------  350
HIVL20S2  ------------------------------------------------------------------  350
HIVL23S2  ------------------------------------------------------------------  350
HIVL5S2   ------------------------------------------------------------------  350
HIVL6S2   ------------------------------------------------------------------  350
HIVL7S2   ------------------------------------------------------------------  350
HIVL9S2   ------------------------------------------------------------------  350
```

```
CONSENSUS GCACAGTTTTAATTGTGGAGGGGAATTTTTCTACTGTAATTCAACACAACTGTTCAATAGTACTTGGAAT  420
HIVL10S2  ------------------------------------------------------------------------  420
HIVL12S2  ------------------------------------------------------------------------  420
HIVL13S2  ------------------------------------------------------------------------  420
HIVL14S2  ------------------------------------------------------------------------  420
HIVL15S2  ------------------------------------------------------------------------  420
HIVL17S2  ------------------------------------------------------------------------  420
HIVL19S2  ------------------------------------------------------------------------  420
HIVL20S2  ------------------------------------------------------------------------  420
HIVL23S2  ------------------------------------------------------------------------  420
HIVL5S2   ------------------------------------------------------------------------  420
HIVL6S2   ------------------------------------------------------------------------  420
HIVL7S2   ------------------------------------------------------------------------  420
HIVL9S2   ------------------T-----------------------------------------------------  420

CONSENSUS GCTAATGGTACTAGGAATGGTACTGAAGGGTCAGCGATCATCACACTCCCCTGCAAAATAAAACAAATTA  490
HIVL10S2  ----------------------------T-------------------------------------------  490
HIVL12S2  -G--------------------------------------------------------------------  490
HIVL13S2  ------------------------------------------------------------------------  490
HIVL14S2  ------------------------------------------------------------------------  490
HIVL15S2  ------------------------------------------------------------------------  490
HIVL17S2  ------------------------------------------------------------------------  490
HIVL19S2  ------------------------------------------------------------------------  490
HIVL20S2  ------------------------------------------------------------------------  490
HIVL23S2  ------------------------------------------------------------------------  490
HIVL5S2   ------------------------------------------------------------------------  490
HIVL6S2   ------------------------------------------------------------------------  490
HIVL7S2   ------------------------------------------------------------------------  490
HIVL9S2   ------------------------------------------------------------------------  490

CONSENSUS TAAACATGTGGCAGGAAGTAGGAAAAGCAATGTATGCCCCTCCCATCAGCGGACAAATTAAATGTACATC  560
HIVL10S2  ------------------------------------------------------------------------  560
HIVL12S2  --------------------------T---------------------------------------------  560
HIVL13S2  ------------------------------------------------------------------------  560
HIVL14S2  ------------------------------------------------------------------------  560
HIVL15S2  ------------------------------------------------------------------------  560
HIVL17S2  ------------------------------------C-----------------------------------  560
HIVL19S2  ------------------------------------------------------------------------  560
HIVL20S2  ------------------------------------------------------------------------  560
HIVL23S2  ------------------------------------------------------------------------  560
HIVL5S2   ------------------------------------------------------------------------  560
HIVL6S2   ------------------------------------------------------------------------  560
HIVL7S2   ------------------------------------------------------------------------  560
HIVL9S2   ------------------------------------------------------------------------  560

CONSENSUS AAATATTACAGGGCTGCTCTTAACAAGAGATGGTGGTGATAAT...AACGAGAGCAAGCCCGAGGTCTTC  627
HIVL10S2  ----------------------------------------...----------------------------  627
HIVL12S2  ----------------------------------------...----------------------------  627
HIVL13S2  ----------------------------------------...----------------------------  627
HIVL14S2  ----------------------------------------...----------------------------  627
HIVL15S2  ----------------------------------------...----------------------------  627
HIVL17S2  ----------------------------------------...----------------------------  627
HIVL19S2  ----------------------------------------...----------------------------  627
HIVL20S2  ----------------------------------------...----------------------------  627
HIVL23S2  ----------------------------------------...----------------------------  627
HIVL5S2   ----------------------------------------...----------------------------  627
HIVL6S2   ----------------------------------------...----------------------------  627
HIVL7S2   ----------------------------------------...----------------------------  627
HIVL9S2   ------------------A---------------------...----------------------------  627
```

HIVL10S2

```
CONSENSUS AGACCTGGAGGAGGA          642
HIVL10S2  ---------------          642
HIVL12S2  ---------------          642
HIVL13S2  ---------------          642
HIVL14S2  ---------------          642
HIVL15S2  ---------------          642
HIVL17S2  ---------------          642
HIVL19S2  ---------------          642
HIVL20S2  ---------------          642
HIVL23S2  ---------------          642
HIVL5S2   ---------------          642
HIVL6S2   ---------------          642
HIVL7S2   ---------------          642
HIVL9S2   ---------------          642
```

```
LOCUS       HIVL1S3    411 bp ss-RNA              VRL       09-SEP-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 1, ADC sample L, partial
            env cds, gp41 region.
ACCESSION   L21437
SEGMENT     3 of 4
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 1, ADC sample L.
REFERENCE   1  (bases 1 to 411)
  AUTHORS   Zhu,T., Mo,H., Wang,N., Nam,D.S., Cao,Y., Koup,R.A. and Ho,D.D.
  TITLE     Genotypic and phenotypic characterization of HIV-1 in patients
            with primary infection
  JOURNAL   Science 261, 1179-1181 (1993)
COMMENT     This sample has been taken from patient L, one of the seven
            patients (A,M,L,F,C,V,R), in the study(1).  All patients had acute,
            self-limited symptomatic illness with measurable viremia followed
            by seroconversion.  Patient L was infected by patient C via sexual
            transmission.  The authors report that the sequences in this study
            are unusual because the viral phenotype was found to be uniformly
            macrophage-tropic and non-syncytium-inducing.  The sequence for
            sample L clone 1, along with other patient L clones 2-6, 8-10, 12,
            and 14, is shown in alignment below.  These env sequences cluster
            with HIV-1 B subtype sequences.  See also L21224-L21591 and L24161,
            L24162.
BASE COUNT      117 a     86 c    118 g     90 t
ORIGIN      2176 bp downstream from beginning of env cds
        1 ctcccagccc cgaggggacc cgacaggccc gaaggaatcg aagaagaagg tggagagaga
     env ->
       61 gacagagaca gatccggtcc attagtgaat ggattcttag caatcatctg ggtcgatctg
      121 cggagcctgt gcctcttcag ctaccaccgc ttgagagact tactcttgat tgtaacgagg
      181 gttgtggaac ttctgggacg caggggggtgg gagatcctca aatattggtg gaacgtccta
      241 caatattgga gtcaggaact aaagaatagt gctgttagct tgctcaatgc cacggccata
      301 gcagtagctg aggggacaga taggattata gaagcattac gaagagcctt tagagctgtt
      361 ctccacatac ctagaagaat aagacagggc ttcgaaagag ctttgctaTA A
             <- env
```

```
CONSENSUS CTCCCAGCCCCGAGGGGACCCGACAGGCCCGAAGGAATCGAAGAAGAAGGTGGAGAGAGAGACAGAGACA   70
HIVL10S3  ----------------------------------------------------------------------   70
HIVL12S3  ----------------------------------------------------------------------   70
HIVL14S3  ----------------------------------------------------------------------   70
HIVL1S3   ----------------------------------------------------------------------   70
HIVL2S3   ----------------------------------------------------------------------   70
HIVL3S3   ----------------------------------------------------------------------   70
HIVL4S3   ----------------------------------------------------------------------   70
HIVL5S3   ----------------------------------------------------------------------   70
HIVL6S3   ----------------------------------------------------------------------   70
HIVL8S3   ----------------------------------------------------------------------   70
HIVL9S3   ----------------------------------------------------------------------   70

CONSENSUS GATCCGGTCCATTAGTGAATGGATTCTTAGCAATCATCTGGGTCGATCTGCGGAGCCTGTGCCTCTTCAG  140
HIVL10S3  ----------------------------------------------------------------------  140
HIVL12S3  ----------------------------------------------------------------------  140
HIVL14S3  ----------------------------------------------------------------------  140
HIVL1S3   ----------------------------------------------------------------------  140
HIVL2S3   ----------------G-----------------------------------------------------  140
HIVL3S3   ----------------------------------------------------------------------  140
HIVL4S3   ----------------------------------------------------------------------  140
HIVL5S3   ----------------------------------------------------------------------  140
HIVL6S3   ----------------------------------------------------------------------  140
HIVL8S3   ----------------------------------------------------------------------  140
HIVL9S3   ----------------------------------------------------------------------  140
```

HIVL1S3

```
CONSENSUS CTACCACCGCTTGAGAGACTTACTCTTGATTGTAACGAGGGTTGTGGAACTTCTGGGACGCAGGGGGTGG   210
HIVL10S3  ------------------------------------------------------------------------   210
HIVL12S3  ------------------------------------------------------------------------   210
HIVL14S3  ------------------------------------------------------------------------   210
HIVL1S3   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVL2S3   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVL3S3   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVL4S3   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVL5S3   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVL6S3   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVL8S3   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVL9S3   ------------------------------------------------------------------------   210

CONSENSUS GAGATCCTCAAATATTGGTGGAACGTCCTACAATATTGGAGTCAGGAACTAAAGAATAGTGCTGTTAGCT   280
HIVL10S3  ------------------------------------------------------------.................   264
HIVL12S3  ------------------------------------------------------------------------   280
HIVL14S3  ------------------------------------------------------------------------   280
HIVL1S3   ------------------------------------------------------------------------   280
HIVL2S3   ------------------------------------------------------------------------   280
HIVL3S3   ------------------------------------------------------------------------   280
HIVL4S3   ------------------------------------------------------------------------   280
HIVL5S3   ------------------------------------------------------------------------   280
HIVL6S3   ------------------------------------------------------------------------   280
HIVL8S3   ------------------------------------------------------------------------   280
HIVL9S3   ------------------------------------------------G-----------------------   280

CONSENSUS TGCTCAATGCCACGGCCATAGCAGTAGCTGAGGGGACAGATAGGATTATAGAAGCATTACGAAGAGCCTT   350
HIVL10S3  ..................................------------------------------------   299
HIVL12S3  ------------------------------------------------------------------------   350
HIVL14S3  ------------------------------------------------------------------------   350
HIVL1S3   ------------------------------------------------------------------------   350
HIVL2S3   ------------------------------------------------------------------------   350
HIVL3S3   ------------------------------------------------------------------------   350
HIVL4S3   ------------------------------------------------------------------------   350
HIVL5S3   ------------------------------------------------------------------------   350
HIVL6S3   ------------------------------------------------------------------------   350
HIVL8S3   ------------------------------------------------------------------------   350
HIVL9S3   ------------------------------------------------------------------------   350

CONSENSUS TAGAGCTGTTCTCCACATACCTAGAAGAATAAGACAGGGCTTCGAAAGAGCTTTGCTATAA            411
HIVL10S3  ------------------------------------------------------------             360
HIVL12S3  ------------------------------------------------------------             411
HIVL14S3  ---G--------------------------------------------------------             411
HIVL1S3   ------------------------------------------------------------             411
HIVL2S3   ------------------------------------------------------------             411
HIVL3S3   ------------------------------------------------------------             411
HIVL4S3   ------------------------------------------------------------             411
HIVL5S3   ------------------------------------------------------------             411
HIVL6S3   ------------------------------------------------------------             411
HIVL8S3   ------------------------------------------------------------             411
HIVL9S3   ------------------------------------------------------------             411
```

```
LOCUS       HIVL5S4       261 bp ss-RNA            VRL       09-SEP-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 5, ADC sample L, partial
            nef cds.
ACCESSION   L21451
SEGMENT     4 of 4
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 5, ADC sample L.
REFERENCE   1  (bases 1 to 261)
  AUTHORS   Zhu,T., Mo,H., Wang,N., Nam,D.S., Cao,Y., Koup,R.A. and Ho,D.D.
  TITLE     Genotypic and phenotypic characterization of HIV-1 in patients with
            primary infection
  JOURNAL   Science 261, 1179-1181 (1993)
COMMENT     This sample has been taken from patient L, one of the seven
            patients (A,M,L,F,C,V,R), in the study(1).  All patients had acute,
            self-limited symptomatic illness with measurable viremia followed
            by seroconversion.  Patient L was infected by patient C via sexual
            transmission.  The authors report that the sequences in this study
            are unusual because the viral phenotype was found to be uniformly
            macrophage-tropic and non-syncytium-inducing.  The sequence for
            sample L clone 5, along with other patient L clones 1, 2, 6, 8-10,
            12, and 14, is shown in alignment below.   These nef sequences
            cluster with HIV-1 B subtype sequences.  See also L21224-L21591
            and L24161, L24162.
BASE COUNT       88 a     47 c     82 g     44 t
ORIGIN      nef cds start
        1 ATGggtggca agtggtcaaa aagtagtgta gttggatggc ctactataag ggaaagaatg
nef start ->
       61 agacgagctg aaccagcagc agatagacga gctgaaccag cagcagatag acgagctgag
      121 ccagcagcag ctggggtggg agcagtatct cgagacctag aaaaacatgg agcaatcaca
      181 agtagcaata cagcagctac caatagtgat tgtgcctggc tagaagcaca agaggatgag
      241 gaggtgggtt ttccagtcaa a
     nef ->

CONSENSUS ATGGGTGGCAAGTGGTCAAAAAGTAGTGTAGTTGGATGGCCTACTATAAGGGAAAGAATGAGA...CGAG     67
HIVL10S4  ------------------------------------------------------------...----     67
HIVL12S4  ------------------------------------------------------------...----     67
HIVL14S4  ------------------------------------------------------------T...----     67
HIVL1S4   ------------------------------------------------------------...----     67
HIVL2S4   ------------------------------------------------------------...----     67
HIVL5S4   ------------------------------------------------------------...----     67
HIVL6S4   ------------------------------------------------------------...----     67
HIVL8S4   ------------------------------------------------------------...----     67
HIVL9S4   ------------------------------------------------------------...----     67

CONSENSUS CTGAACCAGCAGCAGATAGACGAGCTGAACCAGCAGCAGATAGACGAGCTGAGCCAGCAGCAGCTGGGGT    137
HIVL10S4  ------------------------------------------------------------------    137
HIVL12S4  ------------------------------------------------------------------    137
HIVL14S4  ------------------------------------------------------------------    137
HIVL1S4   ------------------------------------------------------------------    137
HIVL2S4   ------------------------------------------------------------------    137
HIVL5S4   ------------------------------------------------------------------    137
HIVL6S4   ------------------------------------------------------------------    137
HIVL8S4   ----G----------C-.............................................-----     89
HIVL9S4   ------------------------------------------------------------T---------    137
```

HIVL5S4

```
CONSENSUS GGGAGCAGTATCTCGAGACCTAGAAAAACATGGAGCAATCACAAGTAGCAATACAGCAGCTACCAATAGT   207
HIVL10S4  -------------------------------------------------------------------   207
HIVL12S4  -------------------------------------------------------------------   207
HIVL14S4  -------------------------------------------------------------------   207
HIVL1S4   -------------------------------------------------------------------   207
HIVL2S4   -------------------------------------------------------------------   207
HIVL5S4   -------------------------------------------------------------------   207
HIVL6S4   -------------------------------------------------------------------   207
HIVL8S4   -------------------------------------------------------------------   159
HIVL9S4   -------------------------------------------------------------------   207

CONSENSUS GATTGTGCCTGGCTAGAAGCACAAGAGGATGAGGAGGTGGGTTTTCCAGTCAAA                 261
HIVL10S4  ---------------------------------------------------                   261
HIVL12S4  ---------------------------------------------------                   261
HIVL14S4  ---------------------------------------------------                   261
HIVL1S4   ---------------------------------------------------                   261
HIVL2S4   ---------------------------------------------------                   261
HIVL5S4   ---------------------------------------------------                   261
HIVL6S4   ---------------------------------------------------                   261
HIVL8S4   ---------------------------------------------------                   213
HIVL9S4   ----------------- ---------------------------------                   261
```

```
LOCUS       HIVM2S1   303 bp ss-RNA              VRL       09-SEP-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 2, ADC sample M, partial
            gag cds, p17 region.
ACCESSION   L21492
SEGMENT     1 of 4
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 2, ADC sample M.
REFERENCE   1  (bases 1 to 303)
  AUTHORS   Zhu,T., Mo,H., Wang,N., Nam,D.S., Cao,Y., Koup,R.A. and Ho,D.D.
  TITLE     Genotypic and phenotypic characterization of HIV-1 in patients
            with primary infection
  JOURNAL   Science 261, 1179-1181 (1993)
COMMENT     This sample has been taken from patient M, one of the seven
            patients (A,M,L,F,C,V,R), in the study(1).  All patients had acute,
            self-limited symptomatic illness with measurable viremia followed
            by seroconversion.  Patient M was a chronically infected male who
            subsequently transmitted the virus to patient F.  The authors
            report that the sequences in this study are unusual because the
            viral phenotype was found to be uniformly macrophage-tropic and
            non-syncytium-inducing.  The sequence for sample M clone 2, along
            with other patient M clones 1, 3-9, 11, and 12, is shown in
            alignment below.  These gag sequences cluster with HIV-1 B subtype
            sequences.  See also L21224-L21591 and L24161, L24162.
BASE COUNT      125 a     61 c     62 g     55 t
ORIGIN      190 bp downstream from beginning of gag cds
        1 ctacaaccat cccttcagac aggatcagaa gaacttagat ccttatataa tacaatagca
     gag ->
       61 gtcctctatt gtgtgcatca aaagatagat gtaaaagaca ccaaagaagc tttagagaag
      121 atagaggaag agcaaaacaa aagtaagaaa aaggcacagc aagcagcagc tgacacagca
      181 aacagcagcc aggtcagcca aaattaccct atagtgcaga acatccaggg gcaaatggta
      241 catcaggcca tatcacctag aactttaaat gcataggtaa aagtagtaga agagaaggct
      301 ttc
         gag ->
```

```
CONSENSUS CTACAACCATCCCTTCAGACAGGATCAGAAGAACTTAGATCATTATATAATACAGTAGCAGTCCTCTATT    70
HIVM11S1  ----------------------------------------C------------A----------------    70
HIVM12S1  ----------------------------------------C------------A----------------    70
HIVM1S1   ---------G----------------------------------------------------------    70
HIVM2S1   ----------------------------------------C------------A----------------    70
HIVM3S1   ---------G----------------------------------T-------------AC--------    70
HIVM4S1   ------------------------------------------------------------AC--------    70
HIVM5S1   ------------------------------------------------------------AC--------    70
HIVM6S1   ------------------------------------------------------------AC--------    70
HIVM7S1   ----------------------------------C------------A----------------    70
HIVM8S1   ----------------------------------C----------------------------    70
HIVM9S1   ------------------------------------------------------------AC--------    70

CONSENSUS GTGTGCATCAAAAGATAGATGTAAAAGACACCAAAGAAGCTTTAGAGAAGATAGAGGAAGAGCAAAACAA   140
HIVM11S1  ----------------------------------------------------------------------   140
HIVM12S1  ----------------------------------------C-----------------------------   140
HIVM1S1   ----------------------------------------------------------------------   140
HIVM2S1   ----------------------------------------------------------------------   140
HIVM3S1   --------------------------------G-G-----------------------------------   140
HIVM4S1   ------------G------GA-------------G-----------------------------------   140
HIVM5S1   ------------G------GA-------------G-----------------------------------   140
HIVM6S1   ------------G------GA-------------G-----------------------------------   140
HIVM7S1   ----------------------------------------------------------------------   140
HIVM8S1   ----------------------------------------------------------------------   140
HIVM9S1   ------------G------GA-------------G-----------------------------------   140
```

HIVM2S1

```
CONSENSUS AAGTAAGAAAAAAGCACAGCAA.........GCAGCAGCTGACACAGGAAACAGCAGCCAGGTCAGCCAA   201
HIVM11S1  ----------------------GCACAGCAA-----G----G---------------------------   210
HIVM12S1  ----------------------GCACAGCAA-----G----G-----------A-----------------   210
HIVM1S1   ------------G---------.........----------------C--G--------------------   201
HIVM2S1   ------------G---------.........----------------C-----------------------   201
HIVM3S1   ----------------------.........-----GA---G-----A-----------------------   201
HIVM4S1   ----------------------.........----------------C------A-----------------   201
HIVM5S1   ----------------------.........----------------C------A-----------------   201
HIVM6S1   ----------------------.........----------------C------A-----------------   201
HIVM7S1   ----------------------GCACAGCAA-----G----G---------T-------------------   210
HIVM8S1   ----------------------GCACAGCAA-----G----G---------T-------------------   210
HIVM9S1   ----------------------.........----------------C------A-----------------   201

CONSENSUS AATTACCCTATAGTGCAGAACATCCAGGGGCAAATGGTACATCAGGCCATATCACCTAGAACTTTAAATG   271
HIVM11S1  ------------------------------------------------C-----------------------   280
HIVM12S1  ------------------------------------------------C-----------------------   280
HIVM1S1   ------------------------------------------------C-----------------------   271
HIVM2S1   ------------------------------------------------------------------------   271
HIVM3S1   ------------------------------------------------------------------------   271
HIVM4S1   ------------------------------------------------------------------------   271
HIVM5S1   ------------------------------------------------------------------------   271
HIVM6S1   ------------------------------------------------------------------------   271
HIVM7S1   ------------------------------------------------C-----------------------   280
HIVM8S1   ------------------------------------------------C-T---------------------   280
HIVM9S1   ------------------------------------------------------------------------   271

CONSENSUS CATGGGTAAAAGTAGTAGAAGAGAAGGCTTTC              303
HIVM11S1  -------------------------------              312
HIVM12S1  -------------------------------              312
HIVM1S1   -------------------------------              303
HIVM2S1   ---A---------------------------              303
HIVM3S1   -------------------------------              303
HIVM4S1   -------------------------------              303
HIVM5S1   -------------------------------              303
HIVM6S1   -------------------------------              303
HIVM7S1   -------------------------------              312
HIVM8S1   -------------------------------              312
HIVM9S1   -------------------------------              303
```

```
LOCUS       HIVM6S2   639 bp ss-RNA              VRL       09-SEP-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 6, ADC sample M, partial
            env cds, c2v5 region.
ACCESSION   L21505
SEGMENT     2 of 4
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 6, ADC sample M.
REFERENCE   1  (bases 1 to 639)
  AUTHORS   Zhu,T., Mo,H., Wang,N., Nam,D.S., Cao,Y., Koup,R.A. and Ho,D.D.
  TITLE     Genotypic and phenotypic characterization of HIV-1 in patients
            with primary infection
  JOURNAL   Science 261, 1179-1181 (1993)
COMMENT     This sample has been taken from patient M, one of the seven
            patients (A,M,L,F,C,V,R), in the study(1).  All patients had acute,
            self-limited symptomatic illness with measurable viremia followed
            by seroconversion.  Patient M was a chronically infected male who
            subsequently transmitted the virus to patient F.  The authors
            report that the sequences in this study are unusual because the
            viral phenotype was found to be uniformly macrophage-tropic and
            non-syncytium-inducing.  The sequence for sample M clone 6, along
            with other patient M clones 1, 2, 7-9, 11, 12, 14, 15, 17-23, and
            32-34, is shown in alignment below.  These env sequences cluster
            with HIV-1 B subtype sequences.  See also L21224-L21591 and L24161,
            L24162.
BASE COUNT      266 a    103 c    123 g    147 t
ORIGIN      778 bp downstream from beginning of env cds
        1 gtatcaactc acttactgtt aaatggcagt ctagcagaag aagaggtagt aattagatcc
     env ->
       61 aaaaatttca cggacaatac taaaatcata atagtacaac taaatgaaac tgtagaaatt
      121 aattgtacaa gacccagcaa caatacaaga agaagtatac atattggact aggcagggca
      181 ttttatacaa caggagacat aataggagat ataagacaag cacattgcaa cattagtaga
      241 gaaaaatgga ataacacttt aaaaaagata gttactaaat taagagaaca atatgagaat
      301 aaaataataa tctttaagcc atcctcagga ggggacccag aaattgtaat gcacagtttt
      361 aattgtggag gggaattttt ctactgtaat acaacacaac tgtttaatag agcttggaat
      421 ggtactgaag agttaaatag cactaaagga agtgacacaa tcacacccct atgcagaata
      481 aaacaattta taaacatgtg gcaggaagta ggaaaagcaa cgtatccccc tcccatcaga
      541 ggacaaatta gatgctcatc aaatattaca ggattgctat taacaagaga tggtggtaat
      601 aacactggca acaacgagac cttcagacct ggaggagga
                                              env ->
```

```
CONSENSUS GTATCAACTCACTTACTGTTAAATGGCAGTCTAGCAGAAGAAGAGGTAGTAATTAGATCCAAAAATTTCA  70
HIVM1S2   ----------------------------------------------------------------------  70
HIVM11S2  ----------AC-G--------------------------------------------G-C---------  70
HIVM12S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVM14S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVM15S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVM17S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVM18S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVM19S2  ----------AC-G--------------------------------------------G-C---------  70
HIVM2S2   ----------------------------------------------------------------------  70
HIVM20S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVM21S2  ----------AC-G--------------------------------------------G-C---------  70
HIVM22S2  ----------------------------------C-----------------------------------  70
HIVM23S2  ----------------------------------------------------------G-----------  70
HIVM32S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVM33S2  ----------------------------------------------------------G-----------  70
HIVM34S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVM6S2   ----------------------------------------------------------------------  70
HIVM7S2   ----------C-G--------------------------------------------G-C---------  70
HIVM8S2   ----------------------------------------------------------------------  70
HIVM9S2   ----------------------------------------------------------------------  70
```

HIVM6S2

```
CONSENSUS CGGACAATACTAAAATCATAATAGTACAGCTGAATGAAACTGTAGAAATTAATTGTACAAGACCCAACAA   140
HIVM1S2   ---------------------------------G--GT-------C----------T------------   140
HIVM11S2  --------G-----------------------------T------------------------------   140
HIVM12S2  ----------------T-----------A--A----------------------------------G---   140
HIVM14S2  ------------------------------------------------C--------------------   140
HIVM15S2  ----------------------------A--A----------------------------------G---   140
HIVM17S2  -----G----------------------------G---T-------C----------T------------   140
HIVM18S2  ----------------------------A--A----------------------------------G---   140
HIVM19S2  --------G-----------------------------T-------------C-----------------   140
HIVM2S2   ----------------------------A-------------------------------------G---   140
HIVM20S2  ------------------------------------------------C--------------------   140
HIVM21S2  --------G-----------------------------T------------------------------   140
HIVM22S2  ------------------------------------------------C--------------------   140
HIVM23S2  ----------------------------A--A----------------------------------G---   140
HIVM32S2  ------------------------------------------------C--------------------   140
HIVM33S2  ----------------------------A--A-----------------------------G----G---   140
HIVM34S2  ----------------------------A-------------------------------------G---   140
HIVM6S2   ----------------------------A--A----------------------------------G---   140
HIVM7S2   --------G-----------------------------T------------------AC-----------   140
HIVM8S2   ----------------T----------------------------G--------------------G---   140
HIVM9S2   ------------------------------------------------C--------------------   140

CONSENSUS CAATACAAGAAGAAGTATACATATGGGACTAGGCAGGGCATTTTATACAACAGGAGACATAATAGGAGAT   210
HIVM1S2   -----------C------------------------------C---T-----------------------   210
HIVM11S2  -----------A------------A----C------A--------------------A------------   210
HIVM12S2  ------------------------------------------------------------------------   210
HIVM14S2  ---------------------------------------------C----------CA-----------C   210
HIVM15S2  ------------------------------------------------------------------------   210
HIVM17S2  -----------A-----------------------------------G-----------------------   210
HIVM18S2  ------------------------------------------------------------------------   210
HIVM19S2  -----------A------------A----C------A--------------------A------------   210
HIVM2S2   ------------------------------------------------------G---------------   210
HIVM20S2  ---------------------------------------------C----------CA-----------C   210
HIVM21S2  -----------A------------A----C-----------------------A------------   210
HIVM22S2  -----------A------------------------------G-----------------------   210
HIVM23S2  ------------------------------------------------------------------------   210
HIVM32S2  ---C-----------------------------------------C----------CA-----------C   210
HIVM33S2  ---------------------------------------------C-----------------------C   210
HIVM34S2  ------------------------------------------------------------------------   210
HIVM6S2   ------------------------T-------------------------------------------   210
HIVM7S2   -----------A------------A----C------A--------------------A------------   210
HIVM8S2   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVM9S2   ---------------------------------------------C----------CA-----------C   210
```

```
CONSENSUS ATAAGACAAGCACATTGCAACATTAGTAGAGCAAAATGGAATAACACTTTAAAACAGATAGTTACAAAAT  280
HIVM1S2   --------------------------------C-----------------------------------  280
HIVM11S2  ----------------T---C----------------------G------------------T-----  280
HIVM12S2  ------------------------------A----------------------A----------T----  280
HIVM14S2  --------------------------A-------------------------------------G------  280
HIVM15S2  ------------------------------A----------------------A----------T----  280
HIVM17S2  ----------T-----------------------------------------------------G------  280
HIVM18S2  ------------------------------A-------------------------------------  280
HIVM19S2  ----------------T---C----------------------G------------------T-----  280
HIVM2S2   ---------------------------------------------------A----------T----  280
HIVM20S2  ------------------------A-------------------------------------G------  280
HIVM21S2  ----------------T---C----------------------G------------------T-----  280
HIVM22S2  ---------------------------------------------------------------T-----  280
HIVM23S2  ------------------------------A----------------------A----------T----  280
HIVM32S2  ------------------------A-----------------------------------------  280
HIVM33S2  ------------------------------A----------------------A----------T----  280
HIVM34S2  ---------------------------------------------------------------------  280
HIVM6S2   ------------------------------A----------------------A----------T----  280
HIVM7S2   ----------------T---C----------------------G------------------T-----  280
HIVM8S2   ------------------------------A----------------------A----------T----  280
HIVM9S2   --------------------------A-------------------------------------G------  280

CONSENSUS TAAGAGAACAATATGAGAATAAAA?AATA?TCTTTAAGCCATCCTCAGGAGGGGACCCAGAAATTGTAAT  348
HIVM1S2   ---A--------T-A---------C----GC-------------------------------------  350
HIVM11S2  ----------T-----------C----G-------T-A--T-------------------------C  350
HIVM12S2  ------------------------T----A-----------------------------------------  350
HIVM14S2  ---------------G---C----C----GC-----------------------------------------  350
HIVM15S2  ------------------------T----A-----------------------------------------  350
HIVM17S2  ---------------G--------C----GC-------------------------------------G--  350
HIVM18S2  ------------------------T----A-----------------------------------------  350
HIVM19S2  ----------T-----------C----G-------T-A-------------------------------C  350
HIVM2S2   ------------------------T----A-----------------------------------------  350
HIVM20S2  ---------------G---C----C----GC-----------------------------------------  350
HIVM21S2  ----------T-----------C----G-------T-A-------------------------------C  350
HIVM22S2  ----------T-A--G------T----A-----------------------------------------  350
HIVM23S2  ------------------------T----A-----------------------------------------  350
HIVM32S2  ---------------G---C----C----GC-----------------------------------------  350
HIVM33S2  ------------------------T----A-----------------------------------------  350
HIVM34S2  ---------------G---C----C----GC------T-A-C-------------------------------  350
HIVM6S2   ------------------------T----A-----------------------------------------  350
HIVM7S2   ----------T-----------C----G-------T-A-------------------------------C  350
HIVM8S2   ------------------------T----AC----------------------------------------  350
HIVM9S2   ------------------------T----A-----------------------------------------  350
```

HIVM6S2

```
CONSENSUS GCACAGTTTTAATTGTGGAGGGGAATTTTTCTACTGTAATACAACACAACTGTTTAATAGT?CTTGG...   414
HIVM1S2   ----------------------------------------------------------AG-----...   417
HIVM11S2  ----------------------------------------------------------G-----...   417
HIVM12S2  ----------------------------------------------------------G-----...   417
HIVM14S2  --------------------A---------------------------T----------A-----...   417
HIVM15S2  ----------------------------------------------------------G-----...   417
HIVM17S2  ------------------------------------T--------T----------A-----...   417
HIVM18S2  ----------------------------------------------------------A-C---...   417
HIVM19S2  ------------------------------------T--------------------A-----ACT   420
HIVM2S2   -T--------------------------------------------------------AG-----...   417
HIVM20S2  --------------------A---------------------------T----------A-----...   417
HIVM21S2  ------------------------------------CT---------------------A-C---ACT   420
HIVM22S2  ----------------------------------------------------------G-----...   417
HIVM23S2  ----------------------------------------------------------GG----...   417
HIVM32S2  --------------------A---------------------------T----------A-----...   417
HIVM33S2  ----------------------------------------------------------G-----...   417
HIVM34S2  ----------------------------------------------------------A-----...   417
HIVM6S2   ----------------------------------------------------------AG-----...   417
HIVM7S2   ------------------------------------T--------------------A-----ACT   420
HIVM8S2   ----------------------------------------------------------G-----...   417
HIVM9S2   ------------------------------------------------T----------A-----...   417

CONSENSUS ...AATGGTACTGAAGAGTTAAATAGCACTAAAGGAAGTGACACAATCACACTCCCATGCAGAATAAAAC   481
HIVM1S2   ...--------------A------G---------------C-C---------C----------------   484
HIVM11S2  ...------------------------------------------------C----------------   484
HIVM12S2  ...------------------------------------------------C----------------   484
HIVM14S2  ...----A-------A---C----G-----G-----------------------------------   484
HIVM15S2  ...-------------------------------------------------------------   484
HIVM17S2  ...----A-------A---C-GT-G--G--G-----GA----G-------------------------   484
HIVM18S2  ...---------A---G----G--G-------------------------------------------   484
HIVM19S2  TGG----T--------G--C----------G------A-------C---T-----------------   490
HIVM2S2   ...------------------------------------------------C----------------   484
HIVM20S2  ...----A-------A---C----G-----G-----------------------------------   484
HIVM21S2  TGG----T--------G--C----------G------A-------C---T-----------------   490
HIVM22S2  ...--------------------A---------------------------------------------   484
HIVM23S2  ...--------------------A---------------------------------------------   484
HIVM32S2  ...----A-------A---C----G-----G---------------------------------------   484
HIVM33S2  ...-------------------------------------------------------------   484
HIVM34S2  ...-------------G--C----------------AG----------T-----------------   484
HIVM6S2   ...------------------------------------------------C----------------   484
HIVM7S2   TGG----T--------G--C----------G------A-------C---T-----------------   490
HIVM8S2   ...-------------------------------------------------------------   484
HIVM9S2   ...----A-------A---C----G-----G-------------------C----------------   484
```

```
CONSENSUS AATTTATAAACATGTGGCAGGAAGTAGGAAAAGCAATGTATGCCCCTCCCATCAGAGGACAAATTAGATG    551
HIVM1S2   ----------------------------------------C-----------------------------    554
HIVM11S2  ----------------------------------------C-----------------------------    554
HIVM12S2  ------------------------------------------------------------------------    554
HIVM14S2  --------------------G---------------------------------------------------    554
HIVM15S2  ------------------------------------------------------------------------    554
HIVM17S2  ------------------------------------------------------------------------    554
HIVM18S2  ------------------------------------------------------------------------    554
HIVM19S2  --A---------------------------------------------------------------------    560
HIVM2S2   ----------------------------------------C-----------------------------    554
HIVM20S2  --------------------G---------------------------------------------------    554
HIVM21S2  --A---------------------------------------------------------------------    560
HIVM22S2  ------------------------------------------------------------------------    554
HIVM23S2  ------------------------------------------------------------------------    554
HIVM32S2  ------------------------------------------------------------------------    554
HIVM33S2  ------------------------------------------------------------------------    554
HIVM34S2  ------------------------------------------------------------------------    554
HIVM6S2   ----------------------------------C----C-----------------------------    554
HIVM7S2   --A---------------------------------------------------------------------    560
HIVM8S2   ------------------------------------------------------------------------    554
HIVM9S2   -----G-----------------------------------C-----------------------------    554

CONSENSUS TTCATCAAATATTACAGGGTTGCTATTAACAAGAGATGGTGGTAATAACACTGGCAACAAC.........    612
HIVM1S2   -----T----------C---------------C----------G-AC---T---GATAGCAAC    624
HIVM11S2  C----------------A-----------------------------------T------.........    615
HIVM12S2  C----------------A--------------------------GC----------.........    615
HIVM14S2  --T------------------------------G-------A-----C----------.........    615
HIVM15S2  C----------------A-----------------------------------T------.........    615
HIVM17S2  ------------------CATA----------------------TGA-AA---T--AAGAATA...    621
HIVM18S2  ------------------C--T----------C---------G-T-A-AC---T.............    612
HIVM19S2  ------------------C--------------------------C-GA-AA--CG-C-.........    621
HIVM2S2   C----------------A-----------------------------------T------.........    615
HIVM20S2  --T---------------------------------------A-----C----------.........    615
HIVM21S2  ------------------C--------------------------C-GA-AA--CG-C-.........    621
HIVM22S2  C-T--------------A-------------------------------------------.........    615
HIVM23S2  C-T--------------A-------------------------------------------.........    615
HIVM32S2  --T---------------------------------------A-----C----------.........    615
HIVM33S2  C----------------A-----------------------------------T------.........    615
HIVM34S2  ----------------A-----------------------------------T------.........    615
HIVM6S2   C----------------A-------------------------------------------.........    615
HIVM7S2   ------------------C--------------------------C-GA-AA--CG-C-.........    621
HIVM8S2   --------------------------------G----------GC----------.........    615
HIVM9S2   --------------------------------G-------A-----C----------.........    615
```

HIVM6S2

```
CONSENSUS ...GAGACCTTCAGACCTGGAGGAGGA          636
HIVM1S2   CCC----T-------------------          651
HIVM11S2  ...-------------------------          639
HIVM12S2  ...-------------------------          639
HIVM14S2  ...-------------------------          639
HIVM15S2  ...-------------------------          639
HIVM17S2  ...-------------------------          645
HIVM18S2  ...-------------------------          636
HIVM19S2  ...----T-----------A-------          645
HIVM2S2   ...-------------------------          639
HIVM20S2  ...-------------------------          639
HIVM21S2  ...----T-------------------          645
HIVM22S2  ...-------------------------          639
HIVM23S2  ...-------------------------          639
HIVM32S2  ...-------------------------          639
HIVM33S2  ...-------------------------          639
HIVM34S2  ...-------------------------          639
HIVM6S2   ...-------------------------          639
HIVM7S2   ...----T-------------------          645
HIVM8S2   ...-------------------------          639
HIVM9S2   ...-------------------------          639
```

```
LOCUS       HIVM4S3    411 bp ss-RNA              VRL       09-SEP-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 4, ADC sample M, partial
            env cds, gp41 region.
ACCESSION   L24162
SEGMENT     3 of 4
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 4, ADC sample M.
REFERENCE   1  (bases 1 to 411)
  AUTHORS   Zhu,T., Mo,H., Wang,N., Nam,D.S., Cao,Y., Koup,R.A. and Ho,D.D.
  TITLE     Genotypic and phenotypic characterization of HIV-1 in patients
            with primary infection
  JOURNAL   Science 261, 1179-1181 (1993)
COMMENT     This sample has been taken from patient M, one of the seven
            patients (A,M,L,F,C,V,R), in the study(1). All patients had acute,
            self-limited symptomatic illness with measurable viremia followed
            by seroconversion. Patient M was a chronically infected male who
            subsequently transmitted the virus to patient F. The authors
            report that the sequences in this study are unusual because the
            viral phenotype was found to be uniformly macrophage-tropic and
            non-syncytium-inducing. The sequence for sample M clone 4, along
            with other patient M clones 1-3, 5-7, and 9-12, is shown in
            alignment below. These env sequences cluster with HIV-1 B subtype
            sequences. See also L21224-L21591 and L24161.
BASE COUNT      118 a     88 c    116 g     89 t
ORIGIN      2176 bp downstream from beginning of env cds
        1 ctcccaaccc cgaggggacc cgacaggccc gaaggaatcg acgaagaagg tggagagaga
     env ->
       61 gacagagaca catccggaca attagtggat ggattcttag cagttatctg ggtcgacctg
      121 cggagcctgt tcctcttcag ctaccaccgc ttgagagact tactcttgat tgtaacgagg
      181 attgtggaac ttctgggacg cagagggtgg gaagtcctca agtattggtg gaatctcctg
      241 cagtattgga gtcaggaact aaagaatagt gctattagct tgctcaacgc caccgccata
      301 gcagtagctg aagggacaga taggattata gaagtattgc aaagagctgg tagagctatt
      361 ctccacatac ctacaagaat aagacagggc ttggaaaggg ctctgctaTA A
  <- env
```

```
CONSENSUS CTCCCAACCCCGAGGGGACCCGACAGGCCCGAAGGAATCGACGAAGAAGGTGGAGAGAGAGACAGAGACA  70
HIVM10S3  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVM11S3  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVM12S3  ----------------------------------------------------C-------------------  70
HIVM1S3   ----------------------------------------------------------A-----------  70
HIVM2S3   ------GT---------CA----------------------------------------------------  70
HIVM3S3   ----------T------------------------------------------------------------  70
HIVM4S3   ----------------------------------------------------------------------  70
HIVM5S3   ------GT---------CA----------------------T-----------------------------  70
HIVM6S3   ----------T-----------------------------T-----------------------------  70
HIVM7S3   ------GT---------CA----------------------------------------------------  70
HIVM9S3   ----------------------------------------------------------------------  70

CONSENSUS CATCCGGACAATTAGTGGATGGATTCTTAGCAATTATCTGGGTCGACCTGCGGAGCCTGTTCCTCTTCAG  140
HIVM10S3  ---------C------------------------------------------------------------  140
HIVM11S3  ---------C-----------------------------------------------------T------  140
HIVM12S3  ---------C------------------------------------------------------------  140
HIVM1S3   ---------C-----C------------------------------------------------------  140
HIVM2S3   ----------------------------------------------------------T-----------  140
HIVM3S3   --------------------------------G---------------------------------------  140
HIVM4S3   --------------------------------G---------------------------------------  140
HIVM5S3   --------------------------------G---------------------------------------  140
HIVM6S3   --------------------------------G---------------------------------------  140
HIVM7S3   ----------------------------------------------------------T-----------  140
HIVM9S3   ----------------------------------------------------------T-----------  140
```

HIVM4S3

```
CONSENSUS CTACCACCGCTTGAGAGACTTACTCTTGATTGTAACGAGGATTGTGGAACTTCTGGGA...CGCAGGGGG   207
HIVM10S3  --------------------C-----------------------------------...------A---   207
HIVM11S3  --------------------------------G-------------G----------...---------   207
HIVM12S3  ------------------------------------------------------------...------A---   207
HIVM1S3   ------------------------------------------------------------...---------   207
HIVM2S3   ------------------------------------------------------------..A---------   208
HIVM3S3   ------------------------------------------------------------...---------   207
HIVM4S3   ------------------------------------------------------------...------A---   207
HIVM5S3   ------------------------------------------------------------...------A---   207
HIVM6S3   ------------------------------------------------------------...------A---   207
HIVM7S3   ------------------------------------------------------------..A---------   208
HIVM9S3   ------------------------------C---------------------------...---------   207

CONSENSUS TGGGAAGTCCTCAAGTATTGGTGGAATCTCCTGCAGTATTGGAGTCAGGAACTAAAGAATAGTGCTATTA   277
HIVM10S3  ------------------------------------------------------------------------   277
HIVM11S3  -----G-C------A-----------------A-----------C--------------------G---   277
HIVM12S3  ------------------------------------------------------------------------   277
HIVM1S3   ---------------------------------------------C--------------------------   277
HIVM2S3   --------------A-----------------------------C--------------------------   278
HIVM3S3   --------------A-----------------------------C--------------------------   277
HIVM4S3   ------------------------------------------------------------------------   277
HIVM5S3   ------------------------------------------------------------------------   277
HIVM6S3   ------------------------------------------------------------------------   277
HIVM7S3   --------------A-----------------------------C--------------------------   278
HIVM9S3   --------------A---------------------A----------------------C----------   277

CONSENSUS GCTTGCTCAACGCCACAGCCATAGCAGTAGCTGAGGGGACAGATAGGGTTATAGAAGTATTGCAAAGAGC   347
HIVM10S3  ----------------C----------------A-----------A----------------------   347
HIVM11S3  -----------------------------------A----------------------A---------   347
HIVM12S3  ----------------C----------------A-----------A----------------------   347
HIVM1S3   ------------------------------------------------------------------------   347
HIVM2S3   ------------------------------------------------------------A---------   348
HIVM3S3   ------------------------------------------------------------A---------   347
HIVM4S3   ----------------C----------------A-----------A----------------------   347
HIVM5S3   ----------------C----------------A-----------A----------------------   347
HIVM6S3   ----------------C----------------A-----------A----------------------   347
HIVM7S3   ------------------------------------------------------------A---------   348
HIVM9S3   ------------------------------------------------------------G-A---------   347

CONSENSUS TGGTAGAGCTATTCTCCACATACCTACAAGAATAAGACAGGGCTTGGAAAGGGCTTTGCTATAA          411
HIVM10S3  ------------------------------------------------------------          411
HIVM11S3  ------------------------------------------------------------          411
HIVM12S3  ------------------------------------------------------------          411
HIVM1S3   ----------------A-----------------------------A----------------          411
HIVM2S3   -T------------------------------------------------------------          412
HIVM3S3   -T------------------------------------------------------------          411
HIVM4S3   ---------------------------------------------------------C--------          411
HIVM5S3   ------------------------------------------------------------          411
HIVM6S3   --------------------------------G-----------------------------          411
HIVM7S3   -T------------------------------------------------------------          412
HIVM9S3   -T-----------------------------------------A----------------G          411
```

```
LOCUS       HIVM1S4   216 bp ss-RNA              VRL       09-SEP-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 1, isolate M, partial
            nef cds.
ACCESSION   L21483
SEGMENT     4 of 4
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 1, isolate M.
REFERENCE   1  (bases 1 to 216)
  AUTHORS   Zhu,T., Mo,H., Wang,N., Nam,D.S., Cao,Y., Koup,R.A. and Ho,D.D.
  TITLE     Genotypic and phenotypic characterization of HIV-1 in patients
            with primary infection
  JOURNAL   Science 261, 1179-1181 (1993)
COMMENT     This sample has been taken from patient M, one of the seven
            patients (A,M,L,F,C,V,R), in the study(1).  All patients had acute,
            self-limited symptomatic illness with measurable viremia followed
            by seroconversion.  Patient M was a chronically infected male who
            subsequently transmitted the virus to patient F.  The authors
            report that the sequences in this study are unusual because the
            viral phenotype was found to be uniformly macrophage-tropic and
            non-syncytium-inducing.  The sequence for isolate M clone 1, along
            with other isolate M clones 2-12, is shown in alignment below.
            These nef sequences cluster with HIV-1 B subtype sequences.  See
            also L21224-L21591 and L24161, L24162.
BASE COUNT       67 a     40 c     72 g     35 t      2 others
ORIGIN      nef cds start
        1 ATGggtggta agtggtcaaa aagtgtggga tggcctacta taagggaaag aatgagacga
nef start ->
       61 actgcgccan ncgagccagc agcagagggg gtgggagcag catctcgaga cctggaaaaa
      121 catggagcac tcacaagtag caatacagca gctaacaatg ctgcttgtgc ctggctagaa
      181 gcacaagagg aggaggaggt gggttttcca gtcaga
          nef ->

CONSENSUS .ATGGGTGGTAAGTGGTCAAAAAGTGTGGGATGGCCTACTATAAGGGAAAGAATGAGACGAACTGCGCCA     69
HIVM10S4  .-------------------------------------------------------------------     69
HIVM11S4  .----------------------A--------------------------------------------     69
HIVM12S4  .-------------------------------------------------------------------     69
HIVM1S4   .-------------------------------------------------------------------     69
HIVM2S4   .-----------------------------------------------------------A----     69
HIVM3S4   .-----------------------------------------------------------A----     69
HIVM4S4   .-------------------------------------------------------------------     69
HIVM5S4   .-----------------G-------------------------------------------------     69
HIVM6S4   .-------------------------------------------------------------------     69
HIVM7S4   .-----------------------------------------------------------A----     69
HIVM9S4   .-------------------------------------------------------------------     69

CONSENSUS ..CGAGCCAGCAGCAGAGGGGGTGGGAGCAGCATCTCGAGACCTGGAAAAACATGGAGCACTCACAAGTA    137
HIVM10S4  ..------------------------------------------------------------------    137
HIVM11S4  ..------------------------------------------------------------------    137
HIVM12S4  ..------------------------------------------------------------------    137
HIVM1S4   ..------------------------------------------------------------------    137
HIVM2S4   GCA-----------------------------------------------------------------    139
HIVM3S4   GCA-------------------------------C---------------------------------    139
HIVM4S4   ..-----------------------------------------------------------A--    137
HIVM5S4   ..-------------------------------------------------------A---------    137
HIVM6S4   ..-----------------------------------------------------------A--    137
HIVM7S4   GCA-------------------------------------------------------A---------    139
HIVM9S4   ..-------------------------------------------------------A---------    137
```

HIVM1S4

```
CONSENSUS GCAATACAGCAGCTAACAATGCTGCTTGTGCCTGGCTAGAAGCACAAGAGGAGGAGGAGGTGGGTTTTCC   207
HIVM10S4  ----------------------T----------------------------------------------   207
HIVM11S4  ----------------------T----------------------------------------------   207
HIVM12S4  ----------------------T----------------------------------------------   207
HIVM1S4   ----------------------------------------------------------------------   207
HIVM2S4   ----------------------------------------------------------A-----------   209
HIVM3S4   ----------------------------------------------------------------------   209
HIVM4S4   ----------------------------------------------------------A-----------   207
HIVM5S4   ----------------------------------------------------------------------   207
HIVM6S4   ----------------------------------------------------------A-----------   207
HIVM7S4   ----------------------------------------------------------------------   209
HIVM9S4   ----------------------T----------------------------------------------   207

CONSENSUS AGTCAGA              214
HIVM10S4  -------              214
HIVM11S4  -------              214
HIVM12S4  -----A-              214
HIVM1S4   -------              214
HIVM2S4   -------              216
HIVM3S4   -------              216
HIVM4S4   -------              214
HIVM5S4   -------              214
HIVM6S4   -------              214
HIVM7S4   -------              216
HIVM9S4   -------              214
```

```
LOCUS       HIVF10S1   309 bp ss-RNA              VRL       09-SEP-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 10, ADC sample F, partial
            gag cds, p17 region.
ACCESSION   L21375
SEGMENT     1 of 4
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 10, ADC sample F.
REFERENCE   1  (bases 1 to 309)
  AUTHORS   Zhu,T., Mo,H., Wang,N., Nam,D.S., Cao,Y., Koup,R.A. and Ho,D.D.
  TITLE     Genotypic and phenotypic characterization of HIV-1 in patients
            with primary infection
  JOURNAL   Science 261, 1179-1181 (1993)
COMMENT     This sample has been taken from patient F, one of the seven
            patients (A,M,L,F,C,V,R), in the study(1). All patients had acute,
            self-limited symptomatic illness with measurable viremia followed
            by seroconversion. Patient F was infected by patient M via sexual
            transmission. The authors report that the sequences in this study
            are found to be uniformly macrophage-tropic and nonsyncytium-
            inducing. The sequence for sample F clone 10, along with other patient
            F clones 1-9, 11, and 12, is shown in alignment below. These gag
            sequences cluster with HIV-1 B subtype sequences. See also L21224-
            L21591 and L24161, L24162.
BASE COUNT      128 a     64 c     62 g     55 t
ORIGIN      190 bp downstream from beginning of gag cds
        1 ctacaaccat  cccttcagac aggatcagaa gaacttagat ccttatataa tacaatagca
     gag ->
       61 gtcctctatt gtgtgcatca aaagatagat gtaaaagaca ccaaagaagc tttagagaag
      121 atagaggaag agcaaaacaa aagtaagaaa aaagcacagc aagcaacagc agcagctgac
      181 acagcaaaca gcagccaggt cagccaaaat taccctatag tgcagaacat ccaggggcaa
      241 atggtacatc agcccatatc acctagaact ttaaatgcat gggtaaaagt agtagaagag
      301 aaggctttc
               gag ->

CONSENSUS CTACAACCATCCCTTCAGACAGGATCAGAAGAACTTAGATCCTTATATAATACAATAGCAGTCCTCTATT     70
HIVF10S1  -----------------------------------------------------------------     70
HIVF11S1  -----------------------------------------------------------------     70
HIVF12S1  ----------------------------------C------------------------------     70
HIVF1S1   -----------------------------------------------------------------     70
HIVF2S1   -----------------------------------------------------------------     70
HIVF23S1  -----------------------------------------------------------------     70
HIVF4S1   -----------------------------------------------------------------     70
HIVF6S1   -----------------------------------------------------------------     70
HIVF7S1   -----------------------------------------------------------------     70
HIVF8S1   -----------------------------------------------------------------     70
HIVF9S1   -----------------------------------------------------------------     70
HIVF5S1   -----------------------------------------------------------------     70

CONSENSUS GTGTGCATCAAAAGATAGATGTAAAAGACACCAAAGAAGCTTTAGAGAAGATAGAGGAAGAGCAAAACAA    140
HIVF10S1  -----------------------------------------------------------------    140
HIVF11S1  -----------------------------------------------------------------    140
HIVF12S1  -----------------------------------------------------------------    140
HIVF1S1   -------------------------------------------A---------------------    140
HIVF2S1   -----------------------------------------------------------------    140
HIVF23S1  ----------------------------------------------G--------------------    140
HIVF4S1   -----------------------------------------------------------------    140
HIVF6S1   -----------------------------------------------------------------    140
HIVF7S1   -----------------------------------------------------------------    140
HIVF8S1   -----------------------------------------------------------------    140
HIVF9S1   -----------------------------------------------------------------    140
HIVF5S1   ----------------------------------G------------------------------    140
```

HIVF10S1

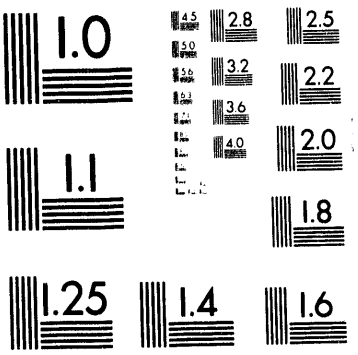
```
CONSENSUS AAGTAAGAAAAAAGCACAGCAA...GCAACAGCAGCAGCTGACACAGCAAACAGCAGCCAGGTCAGCCAA   207
HIVF10S1  ----------------------...----------------------------------------------   207
HIVF11S1  ----------------------...----------------------------------------------   207
HIVF12S1  ----------G-----------...----------------------------------------------   207
HIVF1S1   ----------------------...----------------------------------------------   207
HIVF2S1   ----------------------...----------------------------------------------   207
HIVF23S1  ----------------------...----------------------------------------------   207
HIVF4S1   ----------------------...----------------------------------------------   207
HIVF6S1   ----------------------...----------------------------------------------   207
HIVF7S1   ----------------------...----------------------------------------------   207
HIVF8S1   ----------------------...----------------------------------G-----------   207
HIVF9S1   ----------------------...----------------------------------------------   207
HIVF5S1   ----------------------...----------------------------------------------   207

CONSENSUS AATTACCCTATAGTGCAGAACATCCAGGGGCAAATGGTACATCAGCCCATATCACCTAGAACTTTAAATG   277
HIVF10S1  ----------------------------------------------------------------------   277
HIVF11S1  ------------------G---------------------------------------------------   277
HIVF12S1  ----------------------------------------------------------------------   277
HIVF1S1   ----------------------------------------------------------------------   277
HIVF2S1   ----------------------------------------------------------------------   277
HIVF23S1  ----------------------------------------------------------------------   277
HIVF4S1   ----------------------------------------------------------------------   277
HIVF6S1   ----------------------------------------------------------------------   277
HIVF7S1   ----------------------------------------------------------------------   277
HIVF8S1   ----------------------------------------------------------------------   277
HIVF9S1   ----------------------------------------------------------------------   277
HIVF5S1   ----------------------------------------------------------------------   277

CONSENSUS CATGGGTAAAAGTAGTAGAAGAGAAGGCTTTC              309
HIVF10S1  -------------------------------              309
HIVF11S1  -------------------------------              309
HIVF12S1  -------------------------------              309
HIVF1S1   -------------------------------              309
HIVF2S1   -------------------------------              309
HIVF23S1  -------------------------------              309
HIVF4S1   -------------------------------              309
HIVF6S1   -------------------------------              309
HIVF7S1   -------------------------------              309
HIVF8S1   -------------------------------              309
HIVF9S1   -------------------------------              309
HIVF5S1   -------------------------------              309
```

```
LOCUS       HIVF1S2   639 bp ss-RNA              VRL       09-SEP-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 1, ADC sample F, partial
            env cds, c2v5 region.
ACCESSION   L21388
SEGMENT     2 of 4
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 1, ADC sample F.
REFERENCE   1  (bases 1 to 639)
  AUTHORS   Zhu,T., Mo,H., Wang,N., Nam,D.S., Cao,Y., Koup,R.A. and Ho,D.D.
  TITLE     Genotypic and phenotypic characterization of HIV-1 in patients
            with primary infection
  JOURNAL   Science 261, 1179-1181 (1993)
COMMENT     This sample has been taken from patient F, one of the seven
            patients (A,M,L,F,C,V,R), in the study(1).  All patients had acute,
            self-limited symptomatic illness with measurable viremia followed
            by seroconversion.  Patient F was infected by patient M via sexual
            transmission.  The authors report that the sequences in this study
            are found to be uniformly macrophage-tropic and nonsyncytium-inducing.
            The sequence for sample F clone 1, along with other patient F clones
            2-15, and 17, is shown in alignment below. These env sequences cluster
            with HIV-1 B subtype sequences.  See also L21224-L21591 and L24161,
            L24162.
BASE COUNT      266 a     98 c    125 g    150 t
ORIGIN    720 bp downstream from beginning of env cds
        1 gtatcaactc acttactgtt aaatggcagt ctagcagaag aagaggtagt aattagatcc
     env ->
       61 aaaaatttca cggacaatac taaaattata atagtacaac taaatgaaac tgtagaaatt
      121 aattgtacaa gacccagcaa caatacaaga agaagtatac atatgggact aggcagggca
      181 ttttatacaa caggagacat aataggagat ataagacaag cacattgcaa cattagtaga
      241 gaaaaatgga ataacacttt aaaaaagata gttactaaat taagagaaca atatgagaat
      301 aaaataataa tctttaagcc atcctcagga ggggacccag aaattgtaat gcacagtttt
      361 aattgtggag gggaattttt ctactgtaat acaacacaac tgtttaatag tgcttggaat
      421 ggtactgaag agttaaaaag cactaaagga agtgacacaa tcacactccc atgcagaata
      481 aaacaattta taaacatgtg gcaggaagta ggaaaagcaa tgtatgcccc tcccatcaga
      541 ggacaaatta gatgcttatc aaatattaca ggattgctat taacaagaga tggtggtaat
      601 aacactggca acaacgagac cttcagacct ggaggagga
                                              env ->

CONSENSUS GTATCAACTCACTTACTGTTAAATGGCAGTCTAGCAGAAGAAGAGGTAGTAATTAGATCCAAAAATTTCA     70
HIVF1S2   -----------------------------------------------------------------------     70
HIVF10S2  -----------------------------------------------------------------------     70
HIVF11S2  -----------------------------------------------------------------------     70
HIVF12S2  -----------------------------------------------------------------------     70
HIVF13S2  ------------------C----------------------------------------------------     70
HIVF14S2  ------------------C----------------------------------------------------     70
HIVF15S2  -----------------------------------------------------------------------     70
HIVF17S2  -----------------------------------------------------------------------     70
HIVF2S2   ----------------------------------G------------------------------------     70
HIVF3S2   -----------------------------------------------------------------------     70
HIVF4S2   -----------------------------------------------------------------------     70
HIVF5S2   -----------------------------------------------------------------------     70
HIVF6S2   -----------------------------------------------------------------------     70
HIVF7S2   ---------------------------------------------------------G---------     70
HIVF9S2   -----------------------------------------------------------------------     70
```

HIVF1S2

```
CONSENSUS CGGACAATACTAAAATTATAATAGTACAACTAAATGAAACTGTAGAAATTAATTGTACAAGACCCAGCAA  140
HIVF1S2   ------------------------------------------------------------------------  140
HIVF10S2  ------------------------------------------------------------------------  140
HIVF11S2  ------------------------------------------------------------------------  140
HIVF12S2  ------------------------------------------------------------------------  140
HIVF13S2  ------------------------------------------------------------------------  140
HIVF14S2  ------------------------------------------------------------------------  140
HIVF15S2  ------------------------------------------------------------------------  140
HIVF17S2  ------------------------------------------------------------------------  140
HIVF2S2   ------------------------------------------------------------------------  140
HIVF3S2   ------------------------------------------------------------------------  140
HIVF4S2   ------------------------------------------------------------------------  140
HIVF5S2   ------------------------------------------------------------------------  140
HIVF6S2   ------------------------------------------------------------------------  140
HIVF7S2   ------------------------------------------------------------------------  140
HIVF9S2   ----------G-------------------------------------------------------------  140

CONSENSUS CAATACAAGAAGAAGTATACATATGGGACTAGGCAGGGCATTTTATACAACAGGAGACATAATAGGAGAT  210
HIVF1S2   ------------------------------------------------------------------------  210
HIVF10S2  ------------------------------------------------------------------------  210
HIVF11S2  ------------------------------------------------------------------------  210
HIVF12S2  ------------------------------------------------------------------------  210
HIVF13S2  ------------------------------------------------------------------------  210
HIVF14S2  ------------------------------------------------------------------------  210
HIVF15S2  ------------------------------------------------------------------------  210
HIVF17S2  ------------------------------------------------------------------------  210
HIVF2S2   ------------------------------------------------------------------------  210
HIVF3S2   ------------------------------------------------------------------------  210
HIVF4S2   ------------------------------------------------------------------------  210
HIVF5S2   ------------------------------------------------------------------------  210
HIVF6S2   ------------------------------------------------------------------------  210
HIVF7S2   ------------------------------------------------------------------------  210
HIVF9S2   ------------------------------------------------------------------------  210

CONSENSUS ATAAGACAAGCACATTGCAACATTAGTAGAGAAAAATGGAATAACACTTTAAAAAAGATAGTTACTAAAT  280
HIVF1S2   ------------------------------------------------------------------------  280
HIVF10S2  ------------------------------------------------------------------------  280
HIVF11S2  ------------------------------------------------------------------------  280
HIVF12S2  --------------------------G---------------------------------------------  280
HIVF13S2  ------------------------------------------------------------------------  280
HIVF14S2  ----------------------------------------------------G-------------------  280
HIVF15S2  ------------------------------------------------------------------------  280
HIVF17S2  ----------------------------------------------------G-------------------  280
HIVF2S2   ------------------------------------------------------------------------  280
HIVF3S2   ------------------------------------------------------------------------  280
HIVF4S2   ------------------------------------------------------------------------  280
HIVF5S2   ------------------------------------------------------------------------  280
HIVF6S2   ------------------------------------------------------------------------  280
HIVF7S2   ------------------------------------------------------------------------  280
HIVF9S2   ------------------------------------------------------------------------  280
```

```
CONSENSUS TAAGAGAACAATATGAGAATAAAATAATAATCTTTAAGCCATCCTCAGGAGGGGACCCAGAAATTGTAAT  350
HIVF1S2   ------------------------------------------------------------------------  350
HIVF10S2  ------------------------------------------------------------------------  350
HIVF11S2  ------------------------------------------------------------------------  350
HIVF12S2  ------------------------------------------------------------------------  350
HIVF13S2  ------------------------------------------------------------------------  350
HIVF14S2  ------------------------------------------------------------------------  350
HIVF15S2  ------------------------------------------------------------------------  350
HIVF17S2  ------------------------------------------------------------------------  350
HIVF2S2   ------------------------------------------------------------------------  350
HIVF3S2   ------------------------------------------------------------------------  350
HIVF4S2   ------------------------------------------------------------------------  350
HIVF5S2   ------------------------------------------------------------------------  350
HIVF6S2   ------------------------------------------------- ----------------------  350
HIVF7S2   ------------------------------------------------------------------------  350
HIVF9S2   ------------------------------------------------------------------------  350

CONSENSUS GCACAGTTTTAATTGTGGAGGGGAATTTTTCTACTGTAATACAACACAACTGTTTAATAGTGCTTGG...  417
HIVF1S2   ------------------------------------------------------------------...  417
HIVF10S2  ------------------------------------------------------------------...  417
HIVF11S2  ------------------------------------------------------------------...  417
HIVF12S2  ------------------------------------------------------------------...  417
HIVF13S2  ------------------------------------------------------------------...  417
HIVF14S2  ------------------------------------------------------------------...  417
HIVF15S2  ------------------------------------------------------------------...  417
HIVF17S2  ------------------------------------------------------------------...  417
HIVF2S2   ------------------------------------------------------------------...  417
HIVF3S2   ------------------------------------------------------------------...  417
HIVF4S2   ------------------------------------------------------------------...  417
HIVF5S2   ------------------------------------------------------------------...  417
HIVF6S2   ------------------------------------------------------------------...  417
HIVF7S2   ------------------------------------------------------------------...  417
HIVF9S2   ------------------------------------------------------------------...  417

CONSENSUS ...AATGGTACTGAAGAGTTAAAAAGCACTAAAGGAAGTGACACAATCACACTCCCATGCAGAATAAAAC  484
HIVF1S2   ...------------------------------------------------------------------  484
HIVF10S2  ...------------------------------------------------------------------  484
HIVF11S2  ...----------------------------------------------------G-------------  484
HIVF12S2  ...------------------------------------------------------------------  484
HIVF13S2  ...------------------------------------------------------------------  484
HIVF14S2  ...------------------------------------------------------------------  484
HIVF15S2  ...----------------------------------------------------T-------------  484
HIVF17S2  ...------------------G-----------------------------------T-------------  484
HIVF2S2   ...------------------------------------------------------------------  484
HIVF3S2   ...------------------------------------------------------------------  484
HIVF4S2   ...------------------------------------------------------------------  484
HIVF5S2   ...---------------------------------------------------- ---------------  484
HIVF6S2   ...------------------------------------------------------------------  484
HIVF7S2   ...------------------------------------------------------------------  484
HIVF9S2   ...-----------------------------------------T------------------------  484
```


1.0
1.1
1.25
1.4
1.6
1.8
2.0
2.2
2.5
2.8
3.2
3.6
4.0
4.5
5.0
5.6
6.3
7.1

HIVF1S2

```
CONSENSUS AATTTATAAACATGTGGCAGGAAGTAGGAAAAGCAATGTATGCCCCTCCCATCAGAGGACAAATTAGATG   554
HIVF1S2   ------------------------------------------------------------------------   554
HIVF10S2  ------------------------------------------------------------------------   554
HIVF11S2  ------------------------------------------------------------------------   554
HIVF12S2  ------------------------------------------------------------------------   554
HIVF13S2  ------------------------------------------------------------------------   554
HIVF14S2  ------------------------------------------------------------------------   554
HIVF15S2  ------------------------------------------------------------------------   554
HIVF17S2  ------------------------------------------------------------------------   554
HIVF2S2   ------------------------------------------------------------------------   554
HIVF3S2   ------------------------------------------------------------------------   554
HIVF4S2   ------------------------------------------------------------------------   554
HIVF5S2   -----------------------------------------------------------------------A   554
HIVF6S2   ------------------------------------------------------------------------   554
HIVF7S2   ------------------------------------------------------------------------   554
HIVF9S2   ------------------------------------------------------------------------   554

CONSENSUS CTTATCAAATATTACAGGATTGCTATTAACAAGAGATGGTGGTAATAACACTGGCAACAAC.........   615
HIVF1S2   ------------------------------------------------------------.........   615
HIVF10S2  ------------------------------------------------------------.........   615
HIVF11S2  ------------------------------------------------------------.........   615
HIVF12S2  ------------------------------------------------------------.........   615
HIVF13S2  ------------------------------------------------------------.........   615
HIVF14S2  ------------------------------------------------------------.........   615
HIVF15S2  ------------------------------------------------------------.........   615
HIVF17S2  ------------------------------------------------------------.........   615
HIVF2S2   ------------------------------------------------------------.........   615
HIVF3S2   ------------------------------------------------------------.........   615
HIVF4S2   ------------------------------------------------------------.........   615
HIVF5S2   ------------------------------------------------------------.........   615
HIVF6S2   ------------------------------------------------------------.........   615
HIVF7S2   ------------------------------------------------------------.........   615
HIVF9S2   ------------------------------------------------------------.........   615

CONSENSUS ...GAGACCTTCAGACCTGGAGGAGGA              639
HIVF1S2   ...------------------------              639
HIVF10S2  ...C-----------------------              639
HIVF11S2  ...------------------------              639
HIVF12S2  ...------------------------              639
HIVF13S2  ...------------------------              639
HIVF14S2  ...------------------------              639
HIVF15S2  ...------------------------              639
HIVF17S2  ...------------------------              639
HIVF2S2   ...------------------------              639
HIVF3S2   ...------------------------              639
HIVF4S2   ...------------------------              639
HIVF5S2   ...------------------------              639
HIVF6S2   ...------------------------              639
HIVF7S2   ...------------------------              639
HIVF9S2   ...------------------------              639
```

```
LOCUS       HIVF2S3    411 bp ss-RNA              VRL       09-SEP-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 2, ADC sample F, partial
            env cds, gp41 region.
ACCESSION   L21394
SEGMENT     3 of 4
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 2, ADC sample F.
REFERENCE   1  (bases 1 to 411)
  AUTHORS   Zhu,T., Mo,H., Wang,N., Nam,D.S., Cao,Y., Koup,R.A. and Ho,D.D.
  TITLE     Genotypic and phenotypic characterization of HIV-1 in patients
            with primary infection
  JOURNAL   Science 261, 1179-1181 (1993)
COMMENT     This sample has been taken from patient F, one of the seven
            patients (A,M,L,F,C,V,R), in the study(1).  All patients had acute,
            self-limited symptomatic illness with measurable viremia followed
            by seroconversion.  Patient F was infected by patient M via sexual
            transmission.  The authors report that the sequences in this study
            are found to be uniformly macrophage-tropic and nonsyncytium-inducing.
            The sequence for sample F clone 2, along with other patient F clones
            1, and 3-12, is shown in alignment below. These env sequences cluster
            with HIV-1 B subtype sequences.  See also L21224-L21591 and L24161,
            L24162.
BASE COUNT      118 a     88 c    115 g     90 t
ORIGIN      2176 bp downstream from beginning of env cds
        1 ctcccaaccc cgaggggacc cgacaggccc gaaggaatcg acgaagaagg tggagagaga
     env ->
       61 gacagagaca catccggacc attagtggat ggattcttag caattatctg ggtcgacctg
      121 cggagcctgt tcctcttcag ctaccaccgc ttgagagact tactcttgat tgtaacgagg
      181 attgtggaac ttctgggacg cagagggtgg gaagtcctca agtattggtg gaatctcctg
      241 cagtattgga gtcaggaact aaagaatagt gctattagct tgctcaacgc caccgccata
      301 gcagtagctg aagggacaga taggattata gaagtattgc aaagagctgg tagagctatt
      361 ctccacatac ctacaagaat aagacagggc ttggaaaggg ctttgctaTA A
        <- env

CONSENSUS CTCCCAACCCCGAGGGGACCCGACAGGCCCGAAGGAATCGACGAAGAAGGTGGAGAGAGAGACAGAGACA  70
HIVF10S3  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVF11S3  ----------------------------------------G-----------------------------  70
HIVF12S3  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVF1S3   ----------------------------------------------------------------------  70
HIVF2S3   ----------------------------------------------------------------------  70
HIVF3S3   ----------T-----------------------------------------------------------  70
HIVF4S3   ----------------------------------------------------------------------  70
HIVF5S3   ----------------------------------------------------------------------  70
HIVF7S3   ----------------------------------------------------------------------  70
HIVF8S3   ----------------------------------------------------------------------  70
HIVF9S3   ----------------------------------------------------------------------  70

CONSENSUS CATCCGGACCATTAGTGGATGGATTCTTAGCAATTATCTGGGTCGACCTGCGGAGCCTGTTCCTCTTCAG  140
HIVF10S3  ----------------------------------------------------------------------  140
HIVF11S3  ----------------------------------------------------------------------  140
HIVF12S3  ----------------------------------------------------A-----------------  140
HIVF1S3   ----------G-----------------------------------------------------------  140
HIVF2S3   ----------------------------------------------------------------------  140
HIVF3S3   ----------------------------------------------------------------------  140
HIVF4S3   ----------------------------------------------------------------------  140
HIVF5S3   ----------------------------------------G-----------------------------  140
HIVF7S3   ----------------------------------------------------------------------  140
HIVF8S3   ----------------------------------------------------------------------  140
HIVF9S3   ----------------------------------------T-----------------------------  140
```

HIVF2S3

```
CONSENSUS CTACCACCGCTTGAGAGACTTACTCTTGATTGTAACGAGGATTGTGGAACTTCTGGGA...CGCAGAGGG   207
HIVF10S3  ----------------------------------------------T---------...----------   207
HIVF11S3  --------------   ----------------------------------------...----------   207
HIVF12S3  ------------------------------------------------------------...----------   207
HIVF1S3   ------------------------------------------------------------...----------   207
HIVF2S3   ------------------------------------------------------------...----------   207
HIVF3S3   ------------------------------------------------------------...----------   207
HIVF4S3   ------------------------------------------------------------...----------   207
HIVF5S3   ----------------------------------------------------A-------...----------   207
HIVF7S3   ------------------------------------------------------------...----------   207
HIVF8S3   ------------------------------------------------------------...----------   207
HIVF9S3   ------------------------------------------------------------...----------   207

CONSENSUS TGGGAAGTCCTCAAGTATTGGTGGAATCTCCTGCAGTATTGGAGTCAGGAACTAAAGAATAGTGCTATTA   277
HIVF10S3  ------------------------------------------------------------------------   277
HIVF11S3  -------C----------------------------------------------------------------   277
HIVF12S3  ------------------------------------------------------------------------   277
HIVF1S3   ------------------------------------------------------------------------   277
HIVF2S3   ------------------------------------------------------------------------   277
HIVF3S3   ------------------------------------------------------------------------   277
HIVF4S3   ------------------------------------------------------------------------   277
HIVF5S3   ------------------------------------------------------------------------   277
HIVF7S3   ------------------------------------------------------------------------   277
HIVF8S3   ------------------------------------------------------------------------   277
HIVF9S3   ------------------------------------------------------------------------   277

CONSENSUS GCTTGCTCAACGCCACCGCCATAGCAGTAGCTGAAGGGACAGATAGGATTATAGAAGTATTGCAAAGAGC   347
HIVF10S3  ------------------------------------------------------------------------   347
HIVF11S3  ------------------------------------------------------------------------   347
HIVF12S3  ------------------------------------------------------------------------   347
HIVF1S3   ------------------------------------------------------------------------   347
HIVF2S3   ------------------------------------------------------------------------   347
HIVF3S3   ------------------------------------------------------------------------   347
HIVF4S3   ------------------------------------------------------------------------   347
HIVF5S3   ------------------------------------------------------------------------   347
HIVF7S3   ------------------------------------------------------------------------T  347
HIVF8S3   ------------------------------------------------------------------------   347
HIVF9S3   ------------------------------------------------------------------------   347

CONSENSUS TGGTAGAGCTATTCTCCACATACCTACAAGAATAAGACAGGGCTTGGAAAGGGCTTTGCTATAA         411
HIVF10S3  ----------------------------------------------------------------         411
HIVF11S3  ----------------------------------------------------------------         411
HIVF12S3  ----------------------------------------------------------------         411
HIVF1S3   ----------------------------------------------------------------         411
HIVF2S3   ----------------------------------------------------------------         411
HIVF3S3   ----------------------------------------------------------------         411
HIVF4S3   ----------------------------------------------------------------         411
HIVF5S3   ----------------------------------------------------------------         411
HIVF7S3   ------------------------------------------T---------------------         411
HIVF8S3   ------------------------------------------C---------------------         411
HIVF9S3   ----------------------------------------------------------------         411
```

```
LOCUS       HIVF10S4   216 bp ss-RNA              VRL       09-SEP-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 10, ADC sample F, partial
            nef cds.
ACCESSION   L21374
SEGMENT     4 of 4
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 10, ADC sample F.
REFERENCE   1  (bases 1 to 216)
  AUTHORS   Zhu,T., Mo,H., Wang,N., Nam,D.S., Cao,Y., Koup,R.A. and Ho,D.D.
  TITLE     Genotypic and phenotypic characterization of HIV-1 in patients
            with primary infection
  JOURNAL   Science 261, 1179-1181 (1993)
COMMENT     This sample has been taken from patient F, one of the seven
            patients (A,M,L,F,C,V,R), in the study(1).  All patients had acute,
            self-limited symptomatic illness with measurable viremia followed
            by seroconversion.  Patient F was infected by patient M via sexual
            transmission.  The authors report that the sequences in this study
            are found to be uniformly macrophage-tropic and nonsyncytium-inducing.
            The sequence for sample F clone 10, along with other patient F clones
            1-9, 11, and 12, is shown in alignment below. These nef sequences
            cluster with HIV-1 B subtype sequences.  See also L21224-L21591 and
            L24161, L24162.
BASE COUNT       67 a     40 c     72 g     35 t      2 others
ORIGIN      nef cds start
        1 ATGggtggta agtggtcaaa aagtgtggga tggcctacta taagggaaag aatgagacga
nef start ->
       61 actgcgccan ncgagccagc agcagagggg gtgggagcag catctcgaga cctggaaaaa
      121 catggagcac tcacaagtag caatacagca gctaacaatg ctgcttgtgc ctggctagaa
      181 gcacaagagg aggaggaggt gggttttcca gtcaga
     nef ->
```

```
CONSENSUS .ATGGGTGGTAAGTGGTCAAAAAGTGTGGGATGGCCTACTATAAGGGAAAGAATGAGACGAACTGCGCCA     69
HIVF10S4  .-----------------------------------------------------------------     69
HIVF11S4  G----------------------------------------A------------------------     70
HIVF12S4  .-----------------------------------------------------------------     69
HIVF1S4   .-----------------------------------------------------------------     69
HIVF2S4   .-----------------------------------------------------------------     69
HIVF3S4   .----------------------------------------------------------------G     69
HIVF4S4   .-----------------------------------------------------------------     69
HIVF5S4   .-----------------------------------------------------------------     69
HIVF7S4   G-----------------------------------------------------------------     70
HIVF8S4   .-----------------------------------------------------------------     69
HIVF9S4   .----------------------------G------------------------------------     69

CONSENSUS ..CGAGCCAGCAGCAGAGGGGGTGGGAGCAGCATCTCGAGACCTGGAAAAACATGGAGCACTCACAAGTA    137
HIVF10S4  ..----------------------------------------------------------------    137
HIVF11S4  ..----------------------------------------------------------------    138
HIVF12S4  ..----------------------------------------------------------------    137
HIVF1S4   ..----------------------------------------------------------------    137
HIVF2S4   ..----------------------------------------------------------------    137
HIVF3S4   GCA---------------------------------------------------------------    139
HIVF4S4   ..----------------------------------------------------------------    137
HIVF5S4   ..----------------------------------------------------------------    137
HIVF7S4   ..----------------------------------------------------------------    138
HIVF8S4   ..----------------------------------------------------------------    137
HIVF9S4   ..----------------------------------------------------------------    137
```

HIVF10S4

```
CONSENSUS GCAATACAGCAGCTAACAATGCTGCTTGTGCCTGGCTAGAAGCACAAGAGGAGGAGGAGGTGGGTTTTCC  207
HIVF10S4  -------------------------------------------------------------------------  207
HIVF11S4  -------------------------------------------------------------------------  208
HIVF12S4  -------------------------------------------------------------------------  207
HIVF1S4   -------------------------------------------------------------------------  207
HIVF2S4   -------------------------------------------------------------------------  207
HIVF3S4   -------------------------------------------------------------------------  209
HIVF4S4   -------------------------------------------------------------------------  207
HIVF5S4   -------------------------------------------------------------------------  207
HIVF7S4   -------------------------------------------------------------------------  208
HIVF8S4   -------------------------------------------------------------------------  207
HIVF9S4   -------------------------------------------------------------------------  207

CONSENSUS AGTCAGA              214
HIVF10S4  -------              214
HIVF11S4  -------              215
HIVF12S4  -------              214
HIVF1S4   -------              214
HIVF2S4   -------              214
HIVF3S4   -------              216
HIVF4S4   -------              214
HIVF5S4   -------              214
HIVF7S4   -------              215
HIVF8S4   -------              214
HIVF9S4   -------              214
```

```
LOCUS       HIVR9S2   660 bp ss-RNA              VRL       09-SEP-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 9, ADC sample R, partial
            env cds, c2v5 region.
ACCESSION   L21553
SEGMENT     1 of 3
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 9, ADC sample R.
REFERENCE   1  (bases 1 to 660)
  AUTHORS   Zhu,T., Mo,H., Wang,N., Nam,D.S., Cao,Y., Koup,R.A. and Ho,D.D.
  TITLE     Genotypic and phenotypic characterization of HIV-1 in patients
            with primary infection
  JOURNAL   Science 261, 1179-1181 (1993)
COMMENT     This sample has been taken from patient R, one of the seven
            patients (A,M,L,F,C,V,R), in the study(1).  All patients had acute,
            self-limited symptomatic illness with measurable viremia followed
            by seroconversion.  Patient R acquired the infection from
            homosexual contacts whose partners were unavailable for comparative
            studies.  The authors report that the sequences in this study are
            unusual because the viral phenotype was found to be uniformly
            macrophage-tropic and non-syncytium-inducing.  The sequence for
            sample R clone 9, along with other patient R clones 1-3, 6, 8,
            10-14, 16, and 17, is shown in alignment below.  These env sequences
            cluster with HIV-1 B subtype sequences.  See also L21224-L21552,
            L21554-L21591 and L24161, L24162.
BASE COUNT      258 a    114 c    133 g    155 t
ORIGIN      778 bp downstream from beginning of env cds
        1 gtatcaactc aactgctgtt aaatggcagt ctagcagaag gagaggtagt aatcagatct
     env ->
       61 gaaaatttca cgaacaatgc taagaccata atagtacagc tgaaccagtc tgtagtaatt
      121 aattgtacaa gacccaacaa caatacaaga agaagtatac ctataggacc agggagagca
      181 ttttatacaa caggacaaat aataggagat ataagacaag cacattgtaa ccttagcgga
      241 atacaatgga ataacacttt agaacagata attagaaaat taagagaaaa atttgggaat
      301 aataaaacaa taatctttat tcaatcctca ggaggggacc cagaaattac aacgcacagt
      361 tttaattgtg gaggggaatt tttctactgt aatacaacaa aactgtttaa tagtacttgg
      421 agtgatggta cttggattgg tactaattac actgaaggaa atggcacact cacactccca
      481 tgcagaataa aacagattat aaacatgtgg caggaagtag gaaaagcaat gtatgccccc
      541 cccatcagag gacaaattag atgttcatca aatattacag ggctgctgtt aacaagagat
      601 ggtggtactg acaatagcac taccactacc actaacgaga ccttcagacc tggaggagga
                                                                    env ->
```

```
CONSENSUS GTATCAACTCAACTGCTGTTAAATGGCAGTCTAGCAGAAGGAGAGGTAGTAATCAGATCTGAAAATTTCA   70
HIVR1     ----------------------------------------------------------------------   70
HIVR10    ----------------------------------------------------------------------   70
HIVR11    ----------------------------------------------------------------------   70
HIVR12    ----------------------------------------------------------------------   70
HIVR13    ----------------------------------------------------------------------   70
HIVR14    ----------------------------------------------------------------------   70
HIVR16    ----------------------------------------------------------------------   70
HIVR17    ----------------------------------------------------------------------   70
HIVR2     ---------- ----------------------------------------------------------   70
HIVR6     ----------------------------------------------------------------------   70
HIVR3     ----------------------------------------------------------------------   70
HIVR8     ----------------------------------------------------------------------   70
HIVR9     ----------------------------------------------------------------------   70
```

HIVR9S2

```
CONSENSUS CGAACAATGCTAAGACCATAATAGTACAGCTGAACCAGTCTGTAGTAATTAATTGTACAAGACCCAACAA  140
HIVR1     ------------------------------------------------------------------------  140
HIVR10    ----------------------------C-------------------------------------------  140
HIVR11    ------------------------------------------------------------------------  140
HIVR12    ------------------------------------------------------------------------  140
HIVR13    ------------------------------------------------------------------------  140
HIVR14    ------------------------------------------------------------------------  140
HIVR16    ------------------------------------------------------------------------  140
HIVR17    ------------------------------------------------------------------------  140
HIVR2     ------------------------------------------------------------------------  140
HIVR6     ------------------------------------------------------------------------  140
HIVR3     ------------------------------------------------------------------------  140
HIVR8     ------------------------------------------------------------------------  140
HIVR9     ------------------------------------------------------------------------  140

CONSENSUS CAATACAAGAAGAAGTATACCTATAGGACCAGGGAGAGCATTTTATACAACAGGACAAATAATAGGAGAT  210
HIVR1     ------------------------------------------------------------------------  210
HIVR10    ------------------------------------------------------------------------  210
HIVR11    ------------------------------------------------------------------------  210
HIVR12    ------------------------------------------------------------------------  210
HIVR13    --------A---------------------------------------------------------------  210
HIVR14    ------------------------------------------------------------------------  210
HIVR16    ------------------------------------------------------------------------  210
HIVR17    ------------------------------------------------------------------------  210
HIVR2     ------------------------------------------------------------------------  210
HIVR6     ------------------------------------------------------------------------  210
HIVR3     ------------------------------------------------------------------------  210
HIVR8     ---C--------------------------------------------------------------------  210
HIVR9     ------------------------------------------------------------------------  210

CONSENSUS ATAAGACAAGCACATTGTAACCTTAGCGGAATACAATGGAATAACACTTTAGAACAGATAGTTAGAAAAT  280
HIVR1     ------------------------------------------------------------------------  280
HIVR10    ------------------------------------------------------------------------  280
HIVR11    ------------------------------------------------------------------------  280
HIVR12    ----------------------T-------------------------------------------------  280
HIVR13    ------------------------------------------------------------------------  280
HIVR14    ------------------------------------------------------------------------  280
HIVR16    ------------------------------------------------------------------------  280
HIVR17    ------------------------------------------------------------------------  280
HIVR2     ------------------------------------------------------------------------  280
HIVR6     ------------------------------------------------------------------------  280
HIVR3     ------------------------------------------------------------------------  280
HIVR8     ----------------C-------------------------------------------------------  280
HIVR9     ------------------------------------------------------------A-----------  280

CONSENSUS TAAGAGAAAAATTTGGGAATAATAAAACAATAATCTTTACTCAATCCTCAGGAGGGGACCCAGAAATTAC  350
HIVR1     ------------------------------------------------------------------------  350
HIVR10    ----------------A-------------------------------------------------------  350
HIVR11    ------------------------------------------------------------------------  350
HIVR12    ------------------------------------------------------------------------  350
HIVR13    ------------------------------------------------------------------------  350
HIVR14    ------------------------------------------------------------------------  350
HIVR16    ------------------------------------------------------------------------  350
HIVR17    ------------------------------------------------------------------------  350
HIVR2     ------------------------------------------------------------------------  350
HIVR6     ------------------------------------------------------------------------  350
HIVR3     ------------------------------------------------------------------------  350
HIVR8     ------------------------------------------------------------------------  350
HIVR9     ------------------------------------T-----------------------------------  350
```

```
CONSENSUS AACGCACAGTTTTAATTGTGGAGGGGAATTTTTCTACTGTAATACAACAAAACTGTTTAATAGTACTTGG  420
HIVR1     ------------------------------------------------------------------------  420
HIVR10    ------------------------------------------------------------------------  420
HIVR11    ------------------------------------------------------------------------  420
HIVR12    ----------------------------------------------G-------------------------  420
HIVR13    ------------------------------------------------------------------------  420
HIVR14    ------------------------------------------------------------------------  420
HIVR16    ------------------------------------------------------------------------  420
HIVR17    ------------------------------------------------------------------------  420
HIVR2     ------------------------------------------------------------------------  420
HIVR6     ------------------------------------------------------------------------  420
HIVR3     ------------------------------------------------------------------------  420
HIVR8     ------------------------------------------------------------------------  420
HIVR9     ------------------------------------------------------------------------  420

CONSENSUS AGTGATGGTACTTGGATTGGTACTAATTACACTGAAGGAAATGGCACACTCACACTCCCATGCAGAATAA  490
HIVR1     ------------------------------------------------------------------------  490
HIVR10    ------------------------------------------------------------------------  490
HIVR11    ------------------------------------------------------------------------  490
HIVR12    ------------------------------------------------------------------------  490
HIVR13    ------------------------------------------------------------------------  490
HIVR14    ------------------------------------------------------------------------  490
HIVR16    ------------------------------------------------------------------------  490
HIVR17    ------------------------------------------------------------------------  490
HIVR2     ------------------------------------------------------------------------  490
HIVR6     ------------C---------T-------------------------------------------------  490
HIVR3     ------------------------------------------------------------------------  490
HIVR8     ------------------------------------------------------------------------  490
HIVR9     ------------------------------------------------------------------------  490

CONSENSUS AACAGATTATAAACATGTGGCAGGAAGTAGGAAAAGCAATGTATGCCCCTCCCATCAGAGGACAAATTAG  560
HIVR1     ----------------------------------A----A------------------------------  560
HIVR10    --------------------------------G---------------------------------------  560
HIVR11    ----A-----------------------A---------------------------------------------  560
HIVR12    ------------------------------------------------------------------------  560
HIVR13    ----------T-------------------------------------------------------------  560
HIVR14    ------------------------------------------------------------------------  560
HIVR16    ----------------------------------G---------------------------------------  560
HIVR17    ------------------------------------------------------------------------  560
HIVR2     ------------------------------------------------------------------------  560
HIVR6     ------------------------------------------------------------------------  560
HIVR3     ------------------------------------------------------------------------  560
HIVR8     ------------------------------------------------------------------------  560
HIVR9     ------------------------------------------------------------------------  560

CONSENSUS ATGTTCATCAAATATTACAGGGCTGCTATTAACAAGAGATGGTGGTACTGACAATAGCACTACCACTACC  630
HIVR1     ------------------------------------------------------------------------  630
HIVR10    ------------------------------------------------------------------------  630
HIVR11    ------------------------------------------------------------------------  630
HIVR12    ------------------------------------------------------------------------  630
HIVR13    ------------------------------------------------------------------------  630
HIVR14    ------------------------------------------------------------------------  630
HIVR16    ------------------------------------------------------------------------  630
HIVR17    ------------------------------------------------------------------------  630
HIVR2     ------------------------------------------------------------------------  630
HIVR6     ------------------------------------------------------------------------  630
HIVR3     ------------------------------------------------------------------------  630
HIVR8     ------------------------------------------------------------------------  630
HIVR9     ------------------------G-----------------------------------------------  630
```

HIVR9S2

```
CONSENSUS ACTAACGAGACCTTCAGACCTGGAGGAGGA          660
HIVR1     ------------------------------          660
HIVR10    ------------------------------          660
HIVR11    ------------------------------          660
HIVR12    ------------------------------          660
HIVR13    ------------------------------          660
HIVR14    ------------------------------          660
HIVR16    ------------------------------          660
HIVR17    ------------------------------          660
HIVR2     ------------------------------          660
HIVR6     ------------------------------          660
HIVR3     ------------------------------          660
HIVR8     ------------------------------          660
HIVR9     ------------------------------          660
```

```
LOCUS       HIVR11S3    364 bp ss-RNA              VRL       09-SEP-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 11, ADC sample R, partial
            env cds, gp41 region.
ACCESSION   L21523
SEGMENT     2 of 3
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 11, ADC sample R.
REFERENCE   1  (bases 1 to 364)
  AUTHORS   Zhu,T., Mo,H., Wang,N., Nam,D.S., Cao,Y., Koup,R.A. and Ho,D.D.
  TITLE     Genotypic and phenotypic characterization of HIV-1 in patients
            with primary infection
  JOURNAL   Science 261, 1179-1181 (1993)
COMMENT     This sample has been taken from patient R, one of the seven
            patients (A,M,L,F,C,V,R), in the study(1).  All patients had acute,
            self-limited symptomatic illness with measurable viremia followed
            by seroconversion.  Patient R acquired the infection from
            homosexual contacts whose partners were unavailable for comparative
            studies.  The authors report that the sequences in this study are
            unusual because the viral phenotype was found to be uniformly
            macrophage-tropic and non-syncytium-inducing.  The sequence for
            sample R clone 11, along with other patient R clones 1-10, and 12,
            is shown in alignment below.  These env sequences cluster with
            HIV-1 B subtype sequences.  See also L21224-L21591 and L24161,
            L24162.
BASE COUNT      103 a     65 c    101 g     95 t
ORIGIN      2224 bp downstream from beginning of env cds
        1 ggtggagaga gagacagaga cagatccagt acattagtgg gaggattctt gacacttatc
     env ->
       61 tgggtcgacc tgtggagcct gtgccgcttc agctacctcc gcttgagaga cttactcttg
      121 attgtaacga ggattgtgga acttctggga cgcagggggt gggagatcct caaatattgg
      181 tggaatctcc tacagtactg gagtcaggaa ctaaagaata gtgctgttag cttgctcaat
      241 gctacagcca tagcagttgc tgaggaggaca gatagggttt tagaactatt acaaagagtt
      301 tttagagctt ttatccacat acctagaaga ataagacagg gcttagaaag ggctttgcta
      361 TAAa
           <- env

CONSENSUS GGTGGAGAGAGAGACAGAGACAGATCCAGTACATTAGTGGGAGGATTCTTGACACTTATCTGGGTCGACC   70
HIVR10S3  -----NN-------------------------------------------------------------   70
HIVR11S3  -------------------------------------------------------------------   70
HIVR12S3  -------------------------------------------------------------------   70
HIVR1S3   -------------------------------------------------------------------   70
HIVR2S3   -------------------------------------------------------------------   70
HIVR3S3   -------------------------------------------------------------------   70
HIVR4S3   -------------------------------------------------------------------   70
HIVR5S3   -------------------------------------------------------------------   70
HIVR6S3   -------------------------------------------------------------------   70
HIVR7S3   ---------------------------T-------------------------------C-------   70
HIVR8S3   -------------------------------------------------------------------   70
HIVR9S3   -------------------------------------------------------------------   70

CONSENSUS TGTGGAGCCTGTGCCGCTTCAGCTACCTCCGCTTGAGAGACTTACTCTTGATTGTAACGAGGATTGTGGA  140
HIVR10S3  -------------------------------------------------------------------  140
HIVR11S3  -------------------------------------------------------------------  140
HIVR12S3  -------------------------------------------------------------------  140
HIVR1S3   -------------------------------------------------------------------  140
HIVR2S3   -------------------------------------------------------------------  140
HIVR3S3   -------------------------------------------------------------------  140
HIVR4S3   -------------------------------------------------------------------  140
HIVR5S3   -------------------------------------------------------------------  140
HIVR6S3   -------------------------------------------------------------------  140
HIVR7S3   -------------------------------------------------------------------  140
HIVR8S3   -------------------------------------------------------------------  140
HIVR9S3   -------------------------------------------------------------------  140
```

HIVR11S3

```
CONSENSUS ACTTCTGGGACCCAGGGGGTGGGAGATCCTCAAATATTGGTGGAATCTCCTACAGTACTGGAGTCAGGAA  210
HIVR10S3  ------------------------------------------------------------------  210
HIVR11S3  ------------------------------------------------------------------  210
HIVR12S3  ------------------------------------------------------------------  210
HIVR1S3   ------------------------------------------------------------------  210
HIVR2S3   ------------------------------------------------------------------  210
HIVR3S3   ------------------------------------------------------------------  210
HIVR4S3   ------------------------------------------------------------------  210
HIVR5S3   ------------------------------------------------------------------  210
HIVR6S3   ------------------------------------------------------------------  210
HIVR7S3   ------------------------------------------------------------------  210
HIVR8S3   ------------------------------------------------------------------  210
HIVR9S3   ------------------------------------------------------------------  210

CONSENSUS CTAAAGAATAGTGCTGTTAGCTTGCTCAATGCTACAGCCATAGCAGTTGCTGAGAGGACAGATAGGGTTT  280
HIVR10S3  -----A-----G-----------.....................................................  234
HIVR11S3  ------------------------------------------------------------------  280
HIVR12S3  ------------------------------------------------------------------  280
HIVR1S3   ------------------------------------------------------------------  280
HIVR2S3   -----A----------------.....................................................  234
HIVR3S3   ------------------------------------------------------------------  280
HIVR4S3   -----A--------A---------.....................................................  234
HIVR5S3   -----A-----G-----------.....................................................  234
HIVR6S3   ------------------A-------------------------------------------------  280
HIVR7S3   ------------------------------------------------------------------  280
HIVR8S3   -----A--------------------------------------------------------------  280
HIVR9S3   ------------------------------------------------------------------  280

CONSENSUS TAGAACTATTACAAAGAGTTTTTAGAGCTTTTATCCACATACCTAGAAGAATAAGACAGGGCTTAGAAAG  350
HIVR10S3  .....................................................................NN  236
HIVR11S3  ------------------------------------------------------------------  350
HIVR12S3  ------------------------------------------------------------------  350
HIVR1S3   ------------------------------------------------------------------  350
HIVR2S3   .....................................................................NN  236
HIVR3S3   ------------------------------------------------------------------  350
HIVR4S3   .....................................................................NN  236
HIVR5S3   .....................................................................NN  236
HIVR6S3   ------------------------------------------------------------------  350
HIVR7S3   ------------------------------------------------------------------  350
HIVR8S3   ----------------------------------T-------------------------------  350
HIVR9S3   ------------------------------------------------------------------  350

CONSENSUS GGCTTTGCTATAAA              364
HIVR10S3  --------------              250
HIVR11S3  --------------              364
HIVR12S3  --------------              364
HIVR1S3   --------------              364
HIVR2S3   --------------              250
HIVR3S3   --------------              364
HIVR4S3   --------------              250
HIVR5S3   --------------              250
HIVR6S3   --------------              364
HIVR7S3   --------------              364
HIVR8S3   --------------              364
HIVR9S3   --------------              364
```

```
LOCUS       HIVR1S4   213 bp ss-RNA              VRL       09-SEP-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 1, ADC sample R, partial
            nef cds.
ACCESSION   L21534
SEGMENT     3 of 3
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 1, ADC sample R.
REFERENCE   1  (bases 1 to 213)
  AUTHORS   Zhu,T., Mo,H., Wang,N., Nam,D.S., Cao,Y., Koup,R.A. and Ho,D.D.
  TITLE     Genotypic and phenotypic characterization of HIV-1 in patients
            with primary infection
  JOURNAL   Science 261, 1179-1181 (1993)
COMMENT     This sample has been taken from patient R, one of the seven
            patients (A,M,L,F,C,V,R), in the study(1).  All patients had acute,
            self-limited symptomatic illness with measurable viremia followed
            by seroconversion.  Patient R acquired the infection from
            homosexual contacts whose partners were unavailable for comparative
            studies.  The authors report that the sequences in this study are
            unusual because the viral phenotype was found to be uniformly
            macrophage-tropic and non-syncytium-inducing.  The sequence for
            sample R clone 1, along with other patient R clones 2-12, is shown
            in alignment below.  These nef sequences cluster with HIV-1 B
            subtype sequences.  See also L21224-L21533, L21535-L21591, and
            L24161, L24162.
BASE COUNT       70 a     37 c     70 g     36 t
ORIGIN      nef cds start
        1 ATGggtggca agtggtcaaa aagtagtgtg gttggatggc ctactataag ggaaagaatg
nef start ->
       61 aaacgagctg agccagcagc agatggggtg ggagcagcat cacgagacct ggaaaaacat
      121 ggagcaatca caagtagcaa tacagcaact aacaatgctg cttgtgcctg gctagaagca
      181 caagaggagg aggaggtggg ctttccagtc aga
  nef ->
```

```
CONSENSUS ATGGGTGGCAAGTGGTCAAAAAGTAGTGTGGTTGGATGGCCTACTATAAGGGAAAGAATGAAACGAGCTG    70
HIVR10S4  ----------------------------------------------------------------------    70
HIVR11S4  ----------------------------------------------------------------------    70
HIVR12S4  -----C----------------------------------------------------------------    70
HIVR1S4   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVR2S4   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVR3S4   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVR4S4   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVR5S4   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVR6S4   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVR7S4   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVR8S4   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVR9S4   ----------------------------------------------------------------------    70

CONSENSUS AGCCAGCAGCAGATGGGGTGGGAGCAGCATCACGAGACCTGGAAAAACATGGAGCAATCACAAGTAGCAA   140
HIVR10S4  ----------------------------------------------------------------------   140
HIVR11S4  ----------------------------------------------------------------------   140
HIVR12S4  ----------------------------------------------------------------------   140
HIVR1S4   ----------------------------------------------------------------------   140
HIVR2S4   ----------------------------------------------------------------------   140
HIVR3S4   ----------------------------------------------------------------------   140
HIVR4S4   ----------------------------------------------------------------------   140
HIVR5S4   ----------------------------------------------------------------------   140
HIVR6S4   ----------------------------------------------------------------------   140
HIVR7S4   ----------------------------------------------------------------------   140
HIVR8S4   ----------------------------------------------------------------------   140
HIVR9S4   ----------------------------------------------------------------------   140
```

HIVR1S4

```
CONSENSUS TACAGCAACTAACAATGCTGCTTGTGCCTGGCTAGAAGCACAAGAGGAGGAGGAGGTGGGCTTTCCAGTC    210
HIVR10S4  ------------------------------------------------------------------------    210
HIVR11S4  ------------------------------------------------------------------------    210
HIVR12S4  ------------------------------------------------------------------------    210
HIVR1S4   ------------------------------------------------------------------------    210
HIVR2S4   ------------------------------------------------------------------------    210
HIVR3S4   ------------------------------------------------------------------------    210
HIVR4S4   ------------------------------------------------------------------------    210
HIVR5S4   ------------------------------------------------------------------------    210
HIVR6S4   ------------------------------------------------------------------------    210
HIVR7S4   ------------------------------------------------------------------------    210
HIVR8S4   ------------------------------------------------------------------------    210
HIVR9S4   ------------------------------------------------------------------------    210

CONSENSUS AGA             213
HIVR10S4  --T             213
HIVR11S4  ---             213
HIVR12S4  ---             213
HIVR1S4   ---             213
HIVR2S4   ---             213
HIVR3S4   ---             213
HIVR4S4   ---             213
HIVR5S4   ---             213
HIVR6S4   ---             213
HIVR7S4   ---             213
HIVR8S4   ---             213
HIVR9S4   ---             213
```

```
LOCUS       HIVV12S2  627 bp ss-RNA              VRL       09-SEP-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 12, ADC sample V, partial
            env cds, c2v5 region.
ACCESSION   L21561
SEGMENT     1 of 3
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 12, ADC sample V.
REFERENCE   1  (bases 1 to 627)
  AUTHORS   Zhu,T., Mo,H., Wang,N., Nam,D.S., Cao,Y., Koup,R.A. and Ho,D.D.
  TITLE     Genotypic and phenotypic characterization of HIV-1 in patients
            with primary infection
  JOURNAL   Science 261, 1179-1181 (1993)
COMMENT     This sample has been taken from patient V, one of the seven
            patients (A,M,L,F,C,V,R), in the study(1).  All patients had acute,
            self-limited symptomatic illness with measurable viremia followed
            by seroconversion.  Patient V acquired the infection from
            homosexual contacts whose partners were unavailable for comparative
            studies.  The authors report that the sequences in this study are
            unusual because the viral phenotype was found to be uniformly
            macrophage-tropic and non-syncytium-inducing.  The sequence for
            sample V clone 12, along with other patient V clones 11, and 13-27,
            is shown in alignment below.  These env sequences cluster with HIV-1
            B subtype sequences.  See also L21224-L21560, L21562-L21591, and
            L24161, L24162.
BASE COUNT      250 a    100 c    130 g    147 t
ORIGIN      778 bp downstream from beginning of env cds
        1 gtgtcaactc aactgctgct aaatggcagt ctagcagaag aaaagttagt gattagatct
     env ->
       61 gaaaatttca cggacaatgc taaaaacata atagtacagc tgaacgaatc tgtagaaatt
      121 gattgtataa gacccaacaa caatacaaga aaaagtataa ctatgggacc agggaaagta
      181 ttctatgtaa cagacataat aggagatata agacaagcac agtgtaccct taatagaaca
      241 aaatggaaca acaccttaga acagatagct aaaaaattaa gagaacaatt taataagaca
      301 atagtcttta atcaatcctc aggaggggac ccagaaattg taatgcacag ttttaattgt
      361 ggaggggagt ttttctactg tgattcaaca ccactgttta ataatacttg gaatggtact
      421 gcatggtcaa ataaagtcga aggagaaaat atcacactcc catgcagaat aaaacaaatt
      481 ataaacatgt ggcaggaagt aggaaaagca atgtatgccc ctcccatcag agggctaatt
      541 agctgtttat caaatattac agggctgata ttaacaagag atggtggtaa aaacaagagc
      601 agtgagacct tcagacctgg gggagga
                                  env ->
```

```
CONSENSUS GTGTCAACTCAACTGCTGCTAAATGGCAGTCTAGCAGAAGAAAAGTTAGTGATTAGATCTGAAAATTTCA  70
HIVV11S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVV12S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVV13S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVV14S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVV15S2  -----G----------------------------------------------------------------  70
HIVV16S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVV17S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVV18S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVV19S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVV20S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVV21S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVV22S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVV23S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVV24S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVV25S2  ----------------------------------------------------------------------  70
HIVV26S2  ----------------------------------------------------------------------  70
```

HIVV12S2

```
CONSENSUS CGGACAATGCTAAAAACATAATAGTACAGCTGAACGAATCTGTAGAAATTGATTGTATAAGACCC...AA   137
HIVV11S2  ------------------------------------------------------------...--   137
HIVV12S2  ------------------------------------------------------------...--   137
HIVV13S2  ------------------------------------------------------------...--   137
HIVV14S2  ------------------------------------------------------------...--   137
HIVV15S2  ------------------------------------------------------------...--   137
HIVV16S2  ------------------------------------------------------------...--   137
HIVV17S2  ----------------------G-------------------------------------...--   137
HIVV18S2  ------------------------------------------------------------...--   137
HIVV19S2  ------------------------------------------------------------...--   137
HIVV20S2  ------------------------------------------------------------...--   137
HIVV21S2  ------------------------------------------------------------...--   137
HIVV22S2  ------------------------------------------------------------...--   137
HIVV23S2  ------------------------------------------------------------...--   137
HIVV24S2  ------------------------------------------------------------...--   137
HIVV25S2  ------------------------------------------------------------...--   137
HIVV26S2  ------------------------------------------------------------...--   137

CONSENSUS CAACAATACAAGAAAAAGTATAACTATG.........GGACCAGGGAAAGTATTCTATGTAACA...GAC   195
HIVV11S2  ----------------------------.........----------------------------...---   195
HIVV12S2  ----------------------------.........----------------------------...---   195
HIVV13S2  ----------------------------.........----------------------------...---   195
HIVV14S2  ----------------------------.........----------------------------...---   195
HIVV15S2  ----------------------------.........----------------------------...---   195
HIVV16S2  ----------------------------.........----------------------------...---   195
HIVV17S2  ----------------------------.........----------------------------...---   195
HIVV18S2  ----------------------------.........----------------------------...---   195
HIVV19S2  ----------------------------.........----------------------------...---   195
HIVV20S2  ----------------------------.........----------------------------...---   195
HIVV21S2  ----------------------------.........----------------------------...---   195
HIVV22S2  ----------------------------.........----------------------------...---   195
HIVV23S2  ----------------------------.........----------------------------...---   195
HIVV24S2  ----------------------------.........----------------------------...---   195
HIVV25S2  ----------------------------.........----------------------------...---   195
HIVV26S2  ----------------------------.........----------------------------...---   195

CONSENSUS ATAATAGGAGATATAAGACAAGCACAGTGTACCCTTAATAGAACAAAATGGAACAACACCTTAGAACAGA   265
HIVV11S2  ------------------------------------------------------------------   265
HIVV12S2  ------------------------------------------------------------------   265
HIVV13S2  ------------------------------------------------------------------   265
HIVV14S2  ------------------------------------------------------------------   265
HIVV15S2  ------------------------------------------------------------------   265
HIVV16S2  ------------------------------------------------------------------   265
HIVV17S2  ------------------------------------------------------------------   265
HIVV18S2  ------------------------------------------------------------------   265
HIVV19S2  ------------------------------------------------------------------   265
HIVV20S2  ------------------------------------------------------------------   265
HIVV21S2  ------------------------------------------------------------------   265
HIVV22S2  ------------------------------------------------------------------   265
HIVV23S2  ------------------------------------------------------------------   265
HIVV24S2  ------------------------------------------------------------------   265
HIVV25S2  ------------------------------------------------------------------   265
HIVV26S2  ------------------------------------------------------------------   265
```

```
CONSENSUS TAGCTAAAAAATTAAGAGAACAATTT......AATAAGACA......ATAGTCTTTAATCAATCCTCAGG    323
HIVV11S2  ------------------------.......---------.......----------------------    323
HIVV12S2  ------------------------.......---------.......----------------------    323
HIVV13S2  ------------------------.......---------.......----------------------    323
HIVV14S2  ------------------------.......---------.......----------------------    323
HIVV15S2  ------------------------.......---------.......----------------------    323
HIVV16S2  ------------------------.......---------.......----------------------    323
HIVV17S2  ------------------------.......---------.......----------------------    323
HIVV18S2  ------------------------.......---------.......----------------------    323
HIVV19S2  ------------------------.......---------.......----------------------    323
HIVV20S2  ------------------------.......---------.......----------------------    323
HIVV21S2  ------------------------.......---------.......----------------------    323
HIVV22S2  ------------------------.......---------.......----------------------    323
HIVV23S2  ------------------------.......---------.......----------------------    323
HIVV24S2  ------------------------.......---------.......----------------------    323
HIVV25S2  ------------------------.......---------.......----------------------    323
HIVV26S2  ------------------------.......---------.......----------------------    323

CONSENSUS AGGGGACCCAGAAATTGTAATGCACAGTTTTAATTGTGGAGGGGAGTTTTTCTACTGTGATTCAACACCA    393
HIVV11S2  ------------------------------------------------------------------------    393
HIVV12S2  ------------------------------------------------------------------------    393
HIVV13S2  ------------------------------------------------------------------------    393
HIVV14S2  ------------------------------------------------------------------------    393
HIVV15S2  ------------------------------------------------------------------------    393
HIVV16S2  ----------------------T-------------------------------------------------    393
HIVV17S2  ------------------------------------------------------------------------    393
HIVV18S2  ------------------------------------------------------------------------    393
HIVV19S2  ------------------------------------------------------------------------    393
HIVV20S2  ------------------------------------------------------------------------    393
HIVV21S2  ------------------------------------------------------------------------    393
HIVV22S2  ------------------------------------------------------------------------    393
HIVV23S2  ------------------------------------------------------------------------    393
HIVV24S2  ------------------------------------------------------------------------    393
HIVV25S2  ------------------------------------------------------------------------    393
HIVV26S2  ------------------------------------------------------------------------    393

CONSENSUS CTGTTTAATAATACTTGG...........AATGGTACTGCATGGTCAAATAAAGTCGAAGGAGAAAAT.    450
HIVV11S2  ------------------..........----------------------------------------.    450
HIVV12S2  ------------------..........----------------------------------------.    450
HIVV13S2  ------------------..........----------------------------------------.    450
HIVV14S2  ------------------..........----------------------------------------.    450
HIVV15S2  ------------------..........----------------------------------------.    450
HIVV16S2  ------------------..........----------------------------------------.    450
HIVV17S2  ------------------..........----------------------------------------.    450
HIVV18S2  ------------------..........----------------------------------------.    450
HIVV19S2  ------------------..........----------------------------------------.    450
HIVV20S2  ------------------..........----------------------------------------.    450
HIVV21S2  ------------------..........----------------------------------------.    450
HIVV22S2  ------G-----------..........----------------------------------------.    450
HIVV23S2  ------------------..........----------------------------------------.    450
HIVV24S2  ------------------..........----------------------------------------.    450
HIVV25S2  ------------------..........----------------------------------------.    450
HIVV26S2  ------------------..........----------------------------------------.    450
```

HIVV12S2

```
CONSENSUS .............ATCACACTCCCATGCAGAATAAAACAAATTATAAACATG.TGGCAGGAAGTAGGA.   504
HIVV11S2  .............-----------------------------------.----------.   504
HIVV12S2  .............-----------------------------------.----------.   504
HIVV13S2  .............-----------------------------------.----------.   504
HIVV14S2  .............-----------------------------------.----------.   504
HIVV15S2  .............-----------------------------------.----------.   504
HIVV16S2  .............-----------------------------------.----------.   504
HIVV17S2  .............-----------------------------------.----------.   504
HIVV18S2  .............-----------------------------------.----------.   504
HIVV19S2  .............-----------------------------------.----------.   504
HIVV20S2  .............-----------------------------G-A.----------.   504
HIVV21S2  .............-----------------------------------.----------.   504
HIVV22S2  .............-----------------------------------.----------.   504
HIVV23S2  .............-----------------------------------.----------.   504
HIVV24S2  .............-----------------------------------.----------.   504
HIVV25S2  .............-----------------------------------.----------.   504
HIVV26S2  .............-----------------------------------.----------.   504

CONSENSUS ..AAAGCAATGTATGCCCCTCCCATCAGAGGGCTAATTAGCTGTTTATCAAATATTACAGGGCTGATATT   572
HIVV11S2  ..-------------------------------------------------------------------   572
HIVV12S2  ..-------------------------------------------------------------------   572
HIVV13S2  ..-------------------------------------------------------------------   572
HIVV14S2  ..-------------------------------------------------------------------   572
HIVV15S2  ..-------------------------------------------------------------------   572
HIVV16S2  ..-------------------------------------------------------------------   572
HIVV17S2  ..-------------------------------------------------------------------   572
HIVV18S2  ..-------------------------------------------------------------------   572
HIVV19S2  ..-----------------------------------------A-------------------------   572
HIVV20S2  ..-------------------------------------------------------------------   572
HIVV21S2  ..-------------------------------------------------------------------   572
HIVV22S2  ..-------------------------------------------------------------------   572
HIVV23S2  ..-------------------------------------------------------------------   572
HIVV24S2  ..-------------------------------------------------------------------   572
HIVV25S2  ..-------------------------------------------------------------------   572
HIVV26S2  ..-------------------------------------------------------------------   572

CONSENSUS AACAAGAGATGGTGGTAAAAAC.........AAGAGCAGT...GAGACCTTCAGACCTGGGGGAGGA     627
HIVV11S2  ----------------------.........---------...------------------------   627
HIVV12S2  ----------------------.........---------...------------------------   627
HIVV13S2  ----------------------.........---------...------------------------   627
HIVV14S2  ----------------------.........---------...------------------------   627
HIVV15S2  ----------------------.........---------...------------------------   627
HIVV16S2  ----------------------.........---------...------------------------   627
HIVV17S2  ----------------------.........---------...------------------------   627
HIVV18S2  ----------------------.........---------...------------------------   627
HIVV19S2  ----------------------.........---------...------------------------   627
HIVV20S2  ----------------------.........---------...------------------------   627
HIVV21S2  ----------------------.........---------...------------------------   627
HIVV22S2  ----------------------.........---------...------------------------   627
HIVV23S2  ----------------------.........---------...------------------------   627
HIVV24S2  ----------------------.........---------...------------------------   627
HIVV25S2  ----------------------.........---------...------------------------   627
HIVV26S2  ----------------------.........---------...------------------------   627
```

```
LOCUS       HIVV2S3    439 bp ss-RNA              VRL       09-SEP-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 2, ADC sample V, partial
            env cds, gp41 region.
ACCESSION   L21578
SEGMENT     2 of 3
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 2, ADC sample V.
REFERENCE   1  (bases 1 to 439)
  AUTHORS   Zhu,T., Mo,H., Wang,N., Nam,D.S., Cao,Y., Koup,R.A. and Ho,D.D.
  TITLE     Genotypic and phenotypic characterization of HIV-1 in patients
            with primary infection
  JOURNAL   Science 261, 1179-1181 (1993)
COMMENT     This sample has been taken from patient V, one of the seven
            patients (A,M,L,F,C,V,R), in the study(1).  All patients had acute,
            self-limited symptomatic illness with measurable viremia followed
            by seroconversion.  Patient V acquired the infection from
            homosexual contacts whose partners were unavailable for comparative
            studies. The authors report that the sequences in this study are
            unusual because the viral phenotype was found to be uniformly
            macrophage- tropic and non-syncytium-inducing.  The sequence for
            sample V clone 2, along with other patient V clones 1, 3-8, 10,
            and 11, is shown in alignment below.  These env sequences cluster
            with HIV-1 B subtype sequences.  See also L21224-L21577,
            L21579-L21591, and L24161, L24162.
BASE COUNT      121 a     98 c    123 g     97 t
ORIGIN      2145 bp downstream from beginning of env cds
        1 gggatactca ccattatcgt ttcagacccg cctcccaacc ccgagggacc cgacagcccg
     env ->
       61 aagaatcgaa ggagaaggtg gagagagaga cagagacaca tccattcgat tagtggatgg
      121 cttcttagca ctcatctggg acgatctgcg gagcctgtgc ctcttcagct accgccctct
      181 gagaaactta ctcttgattg cagcgaggac tgtggaactt ctgggacgca ggggggtggga
      241 agcctcaaat attggtggaa tctcctgcag tattggagtc aggaactaaa gaatagtgct
      301 gttagcttgc tcgacgccac agccatagca gtagctgagg ggacagatag ggttatagaa
      361 gtcttacaaa gaattggtag aggtatcctc cacatacctg taagaataag acagggctta
      421 gaaagggctt tgctaTAAg
                          <- env
```

```
CONSENSUS GGGATACTCACCATTATCGTTTCAGACCCGCCTCCCAACCCCGAGGGACCCGNACAGNCCCGNAAGAATC   70
HIVV10S3  -----------------------------------------------------------------------   70
HIVV11S3  -----------------------------------------------------------------------   70
HIVV1S3   -----------------------------------------------------------------------   70
HIVV2S3   -----------------------------------------------------------------------   70
HIVV3S3   -----------------------------------------------------------------------   70
HIVV4S3   -----------------------------------------------------------------------   70
HIVV5S3   -----------------------------------------------------------------------   70
HIVV6S3   -----------------------------------------------------------------------   70
HIVV7S3   -----------------------------------------------------------------------   70
HIVV8S3   -----------------------------------------------------------------------   70

CONSENSUS GAAGGAGAAGGTGGAGAGAGAGACAGAGACACATCCATTCGATTAGTGGATGGCTTCTTAGCACTCATCT  140
HIVV10S3  -----------------------------------------------------------------------  140
HIVV11S3  -----------------------------------------------------------------------  140
HIVV1S3   -----------------------------------------------------------------------  140
HIVV2S3   -----------------------------------------------------------------------  140
HIVV3S3   -----------------------------------------------------------------------  140
HIVV4S3   -----------------------------------------------------------------------  140
HIVV5S3   -----------------------------------------------------------------------  140
HIVV6S3   -----------------------------------------------------------------------  140
HIVV7S3   -----------------------------------------------------------------------  140
HIVV8S3   -----------------------------------------------------------------------  140
```

HIVV2S3

```
CONSENSUS GGGACGATCTGCGGAGCCTGTGCCTCTTCAGCTACCGCCTCTTGAGAAACTTACTCTTGATTGCAGCGAG  210
HIVV10S3  ------------------------------------------------------------------------  210
HIVV11S3  ------------------------------------------------------------------------  210
HIVV1S3   ----------T-------------------------------------------------------------  210
HIVV2S3   ------------------------------------------------------------------------  210
HIVV3S3   ------------------------------------------------------------------------  210
HIVV4S3   ----------T-------------------------------------------------------------  210
HIVV5S3   ----------T-------------------------------------------------------------  210
HIVV6S3   ------------------------------------------------------------------------  210
HIVV7S3   ------------------------------------------------------------------------  210
HIVV8S3   ------------------------------------------------------------------------  210

CONSENSUS GACTGTGGAACTTCTGGGACGCAGGGGGTGGGAAGCCNTCAAATATTGGTGGAATCTCCTGCAGTATTGG  280
HIVV10S3  ------------------------------------------------------------------------  280
HIVV11S3  ------------------------------------------------------------------------  280
HIVV1S3   ------------------------------------------------------------------------  280
HIVV2S3   ------------------------------------------------------------------------  280
HIVV3S3   ------------------------------------------------------------------------  280
HIVV4S3   ------------------------------------------------------------------------  280
HIVV5S3   ------------------------------------------------------------------------  280
HIVV6S3   ------------------------------------------------------------------------  280
HIVV7S3   ------------------------------------------------------------------------  280
HIVV8S3   ----------------------------------N-------------------------------------  280

CONSENSUS AGTCAGGAACTAAAGAATAGTGCTGTTAGCTTGCTCGACGCCACAGCCATAGCAGTAGCTGAGGGGACAG  350
HIVV10S3  ------------------------------------------------------------------------  350
HIVV11S3  ------------------------------------------------------------------------  350
HIVV1S3   ------------------------------------------------------------------------  350
HIVV2S3   ------------------------------------------------------------------------  350
HIVV3S3   ------------------------------------------------------------------------  350
HIVV4S3   ------------------------------------------------------------------------  350
HIVV5S3   ------------------------------------------------------------------------  350
HIVV6S3   ------------------------------------------------------------------------  350
HIVV7S3   ------------------------------------------------------------------------  350
HIVV8S3   ------------------------------------------------------------------------  350

CONSENSUS ATAGGGTTATAGAAGTCTTACAAAGAATTGGTAGAGGTATCCTCCACATACCTGTAAGAATAAGACAGGG  420
HIVV10S3  ------------------------------------------------------------------------  420
HIVV11S3  ------------------------------------------------------------------------  420
HIVV1S3   ------------------------------------------------------------------------  420
HIVV2S3   ------------------------------------------------------------------------  420
HIVV3S3   ------------------------------------------------------------------------  420
HIVV4S3   ------------------------------------------------------------------------  420
HIVV5S3   ------------------------------------------------------------------------  420
HIVV6S3   ------------------------------------------------------A---------T---    420
HIVV7S3   ------------------------------------------------------------------------  420
HIVV8S3   ------------------------------------------------------A-----------------  420

CONSENSUS CTTAGAAAGGGCTTTGCTATAAG              443
HIVV10S3  -----------------------               443
HIVV11S3  -----------------------               443
HIVV1S3   -----------------------               443
HIVV2S3   -----------------------               443
HIVV3S3   -----------------------               443
HIVV4S3   -----------------------               443
HIVV5S3   -----------------------               443
HIVV6S3   ----------C------------               443
HIVV7S3   -----------------------               443
HIVV8S3   -----------------------               443
```

```
LOCUS       HIVV5S4   213 bp ss-RNA              VRL       09-SEP-1993
DEFINITION  Human immunodeficiency virus type 1, clone 5, ADC sample V, partial
            nef cds.
ACCESSION   L21585
SEGMENT     3 of 3
SOURCE      Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1), clone 5, ADC sample V.
REFERENCE   1  (bases 1 to 213)
  AUTHORS   Zhu,T., Mo,H., Wang,N., Nam,D.S., Cao,Y., Koup,R.A. and Ho,D.D.
  TITLE     Genotypic and phenotypic characterization of HIV-1 in patients
            with primary infection
  JOURNAL   Science 261, 1179-1181 (1993)
COMMENT     This sample has been taken from patient V, one of the seven
            patients (A,M,L,F,C,V,R), in the study(1).  All patients had acute,
            self-limited symptomatic illness with measurable viremia followed
            by seroconversion.  Patient V acquired the infection from
            homosexual contacts whose partners were unavailable for comparative
            studies.  The authors report that the sequences in this study are
            unusual because the viral phenotype was found to be uniformly
            macrophage-tropic and non-syncytium-inducing.  The sequence for
            sample V clone 5, along with other patient V clones 1-4, and 6-11,
            is shown in alignment below.  These nef sequences cluster with HIV-1
            B subtype sequences.  See also L21224-L21584, L21586-L21591,
            and L24161, L24162.
BASE COUNT       67 a     35 c     70 g     41 t
ORIGIN      nef cds start
        1 ATGggtggca agtggtcaaa aagtagtata gttggatggc ctgctgtaag ggaaagactg
nef start ->
       61 agaagagctg agccagcagc agttggggtg ggagcagtat ctcgagacct ggaaaaacat
      121 ggagcaatta caagtagcaa tacagcagct actaatgctg attgtgcctg gctagaagca
      181 caagaggagg aggaagtggg ctttccagtc aca
  nef ->
```

```
CONSENSUS ATGGGTGGCAAGTGGTCAAAAAGTAGTATAGTTGGATGGCCTGCTGTAAGGGAAAGACTGAGAAGAGCTG    70
HIVV10S4  ----------------------------------------------------------------------    70
HIVV11S4  ----------------------------------------------------------------------    70
HIVV1S4   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVV2S4   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVV3S4   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVV4S4   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVV5S4   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVV6S4   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVV7S4   ----------------------------------------------------------------------    70
HIVV8S4   ----------------------------------------------------------------------    70

CONSENSUS AGCCAGCAGCAGTTGGGGTGGGAGCAGTATCTCGAGACCTGGAAAAACATGGAGCAATTACAAGTAGCAA   140
HIVV10S4  ----------------------AC------------------------------------------   140
HIVV11S4  ----------------------AC------------------------------------------   140
HIVV1S4   ----------------------------------------------------------------------   140
HIVV2S4   ----------------------------------------------------------------------   140
HIVV3S4   ----------------------------------------------------------------------   140
HIVV4S4   ----------------------------------------------------------------------   140
HIVV5S4   ----------------------------------------------------------------------   140
HIVV6S4   ----------------------------------------------------------------------   140
HIVV7S4   ----------------------------------------------------------------------   140
HIVV8S4   ------------G---------------------------------------------------------   140
```

HIVV5S4

```
CONSENSUS TACAGCAGCTACTAATGCTGATTGTGCCTGGCTAGAAGCACAAGAGGAGGAGGAAGTGGGCTTTCCAGTC   210
HIVV10S4  ------------------------------------------------------------------------   210
HIVV11S4  ------------------------------------------------------------------------   210
HIVV1S4   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVV2S4   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVV3S4   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVV4S4   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVV5S4   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVV6S4   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVV7S4   ------------------------------------------------------------------------   210
HIVV8S4   ------------------------------------------------------------------------   210

CONSENSUS ACA              213
HIVV10S4  ---              213
HIVV11S4  ---              213
HIVV1S4   ---              213
HIVV2S4   ---              213
HIVV3S4   ---              213
HIVV4S4   ---              213
HIVV5S4   ---              213
HIVV6S4   ---              213
HIVV7S4   ---              213
HIVV8S4   ---              213
```

III

ANALYSIS

PART III Analysis

A. HIV-1 Sequence Subtypes and Phylogenetic Trees III-2

ENV Trees 3

GAG Trees 6

B. HIV-1 Consensus Sequences and Patterns

GAG III-10

GAG p17 Amino acid sequence signatures 17

GAG p24 Amino acid sequence signatures 23

POL 31

VIF 38

VPR 40

TAT 41

REV 42

REV Summary (Pavlakis) 43

VPU 50

ENV 51

ENV gp 120 structure (Moore, Sodroski, et al.) 58

ENV V1-V2 60

ENV V3 Summary (Korber) 67

NEF 93

NEF Summary (Wain-Hobson) 95

C. HIV-2/SIV Consensus Sequences and Patterns

GAG III-103

POL 105

VIF 109

VPX 110

VPR 111

TAT 112

REV 113

ENV 114

NEF 118

D. HIV-1 Comp Strand Orf III-119

E. Country Codes III-123

A. HIV-1 SEQUENCE SUBTYPES AND PHYLOGENETIC TREES

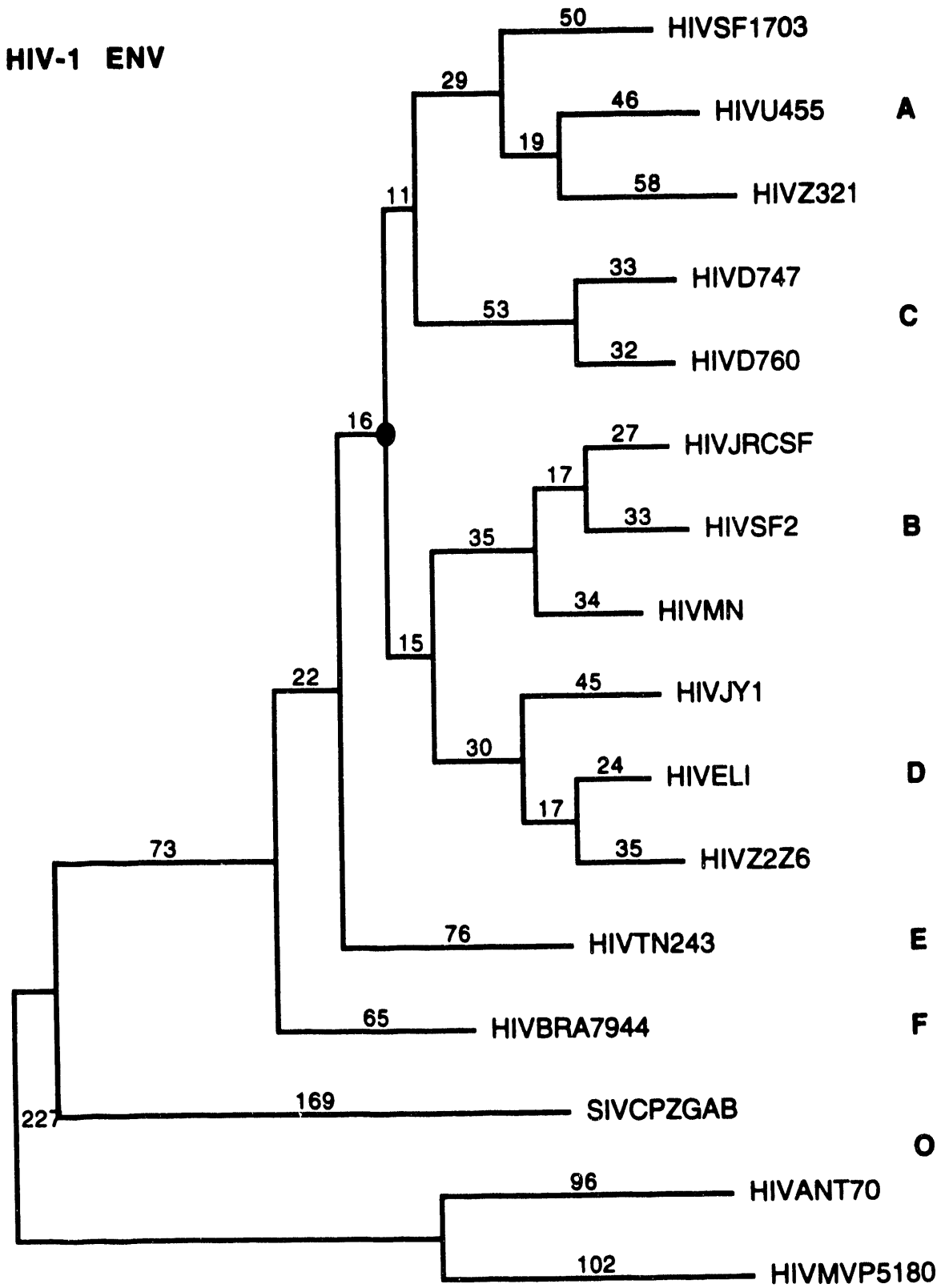
In the 1992 database compendium we put forward five HIV-1 sequence subtypes on the basis of an equidistance criterion using envelope coding sequences. New sequences substantiate this "cladistic" classification and also support the addition of a sixth subtype, F, found in Brazil and Romania (B7944 sequences on pp. I-A-271-276 and RA sequences on pp. I-A-283-284, respectively). Dr. Marsha Kalish and her colleagues at the CDC, Atlanta, have generously made available for tree analysis approximately 1 kb of unpublished sequence for the Brazilian 7944 envelope cds, the prototypical F subtype. The six subtypes are represented in the accompanying PAUP-generated tree based upon 883 total sites in the gp120. The fact that the six clades have average nucleotide percent distances of 10% to 13% to a common ancestral node, shown in the figure, is evidence for a "star phylogeny." These subtypes may have arisen from a common ancestral virus coincident with the pandemic.

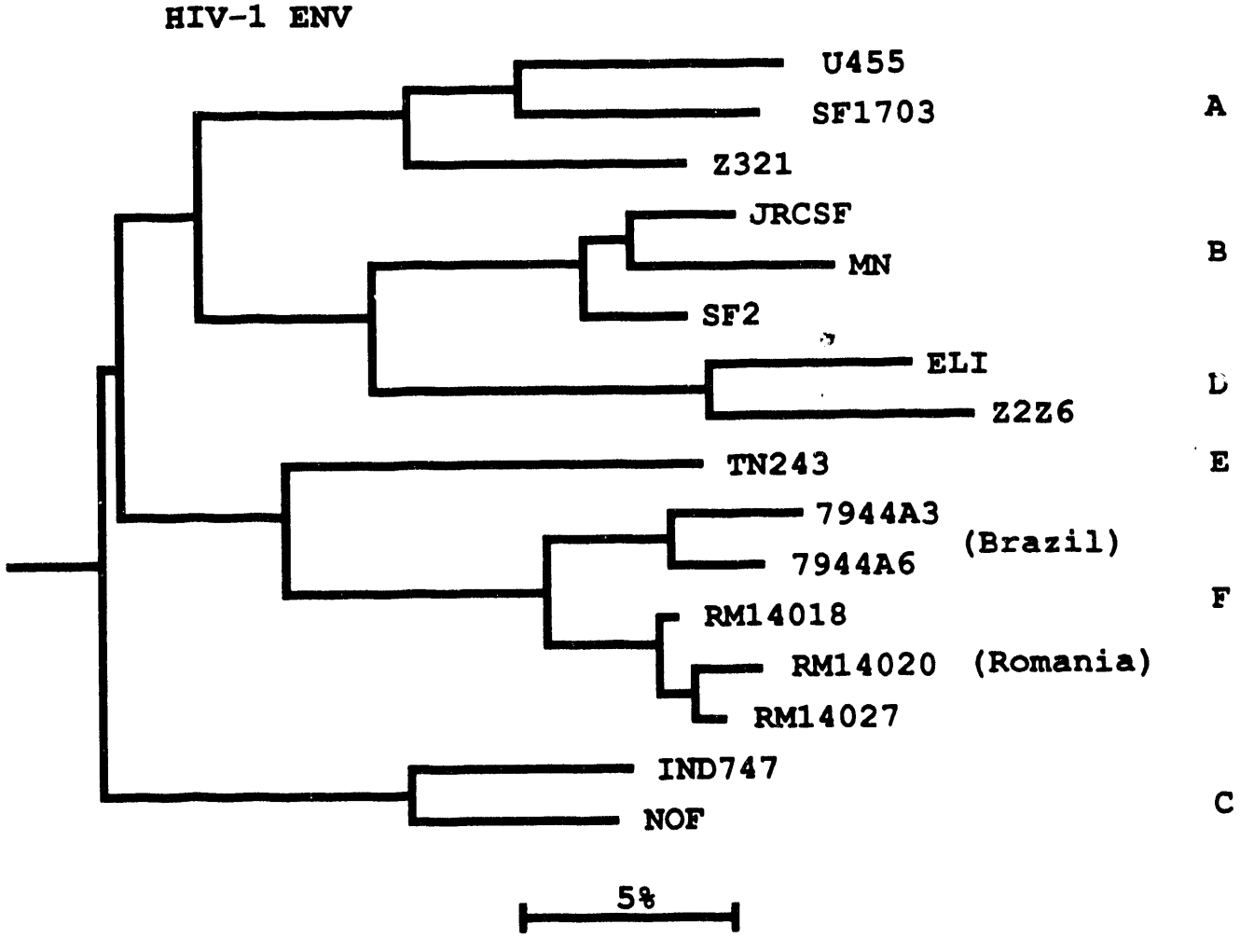
Due to the "star" relationship among the env sequence subtypes, the exact branching order of the clades becomes indefinite when shorter sequences are analyzed. Thus analysis of 314 sites in the env C2-V3 cds leads to many equally parsimonious trees, one of which is shown below. This tree further supports the existence of the sixth env clade, the F subtype, which includes the above-mentioned Romanian and Brazilian sequences.

A seventh HIV-1 subtype that is not a member of this "star" has been designated subtype O: it comprises the newly reported ANT70 and MVP5180 sequences from Cameroon as well as the chimpanzee viruses, CPZgab and CPZant (not shown in the env trees).

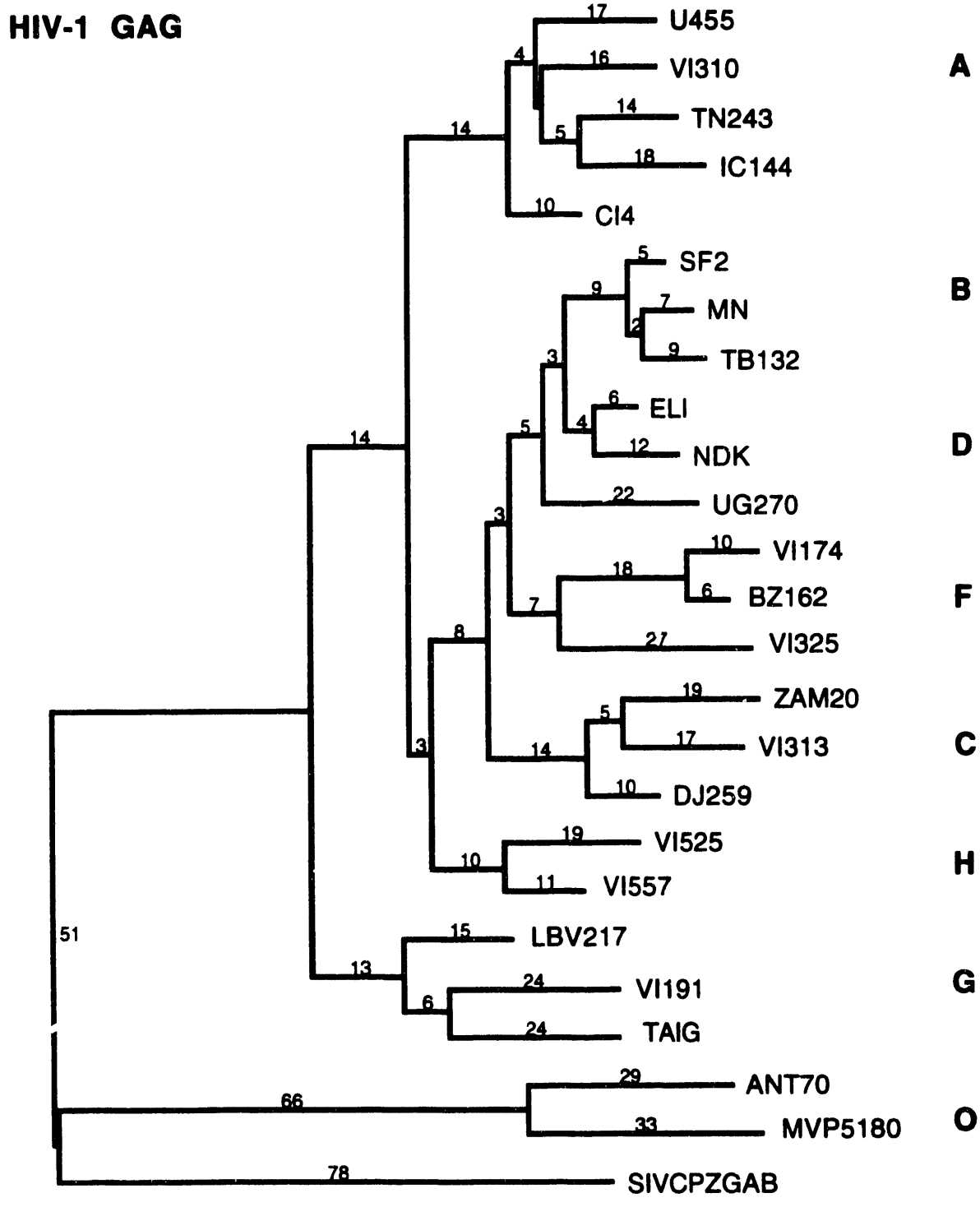
Six of the seven HIV-1 sequence subtypes, A, B, C, D, F and O, are immediately apparent in the PAUP-generated gag tree shown below, based upon 507 total sites. The env subtype E is not seen in gag coding sequences, as Thai E and CAR E subtype sequences cluster with A subtype sequences in gag (Louwagie et al., *AIDS* 7:769-780, 1993; Murphy et al., *AIDS Res Hum Retroviruses* 9:997-1006,1993). Subsequent to naming Brazilian gag sample sequences "E" (Louwagie et al., *AIDS* 7:769-780, 1993 and *AIDS Res Hum Retroviruses* 9,s1:S147-S150, 1993), work at the Henry M. Jackson Foundation and WRAIR has shown that "gag E" sequences belong with "env F" sequences (Louwagie et al., *AIDS Res Hum Retro*, in press). Sequences formerly identified as "gag F" and "gag G" are called "gag G" and "gag H" respectively, herein and in Louwagie et al, *AIDS Res Hum Retro* (in press). Thus the Taiwan gag sequences (Guo et al., *AIDS Res Hum Retro* 9:925-927, 1993 and I-A-324,325) are no longer "gag F" sequences but rather "gag G" sequences. A summary of the current state of subtype designations follows, with exemplary sequences indicated:

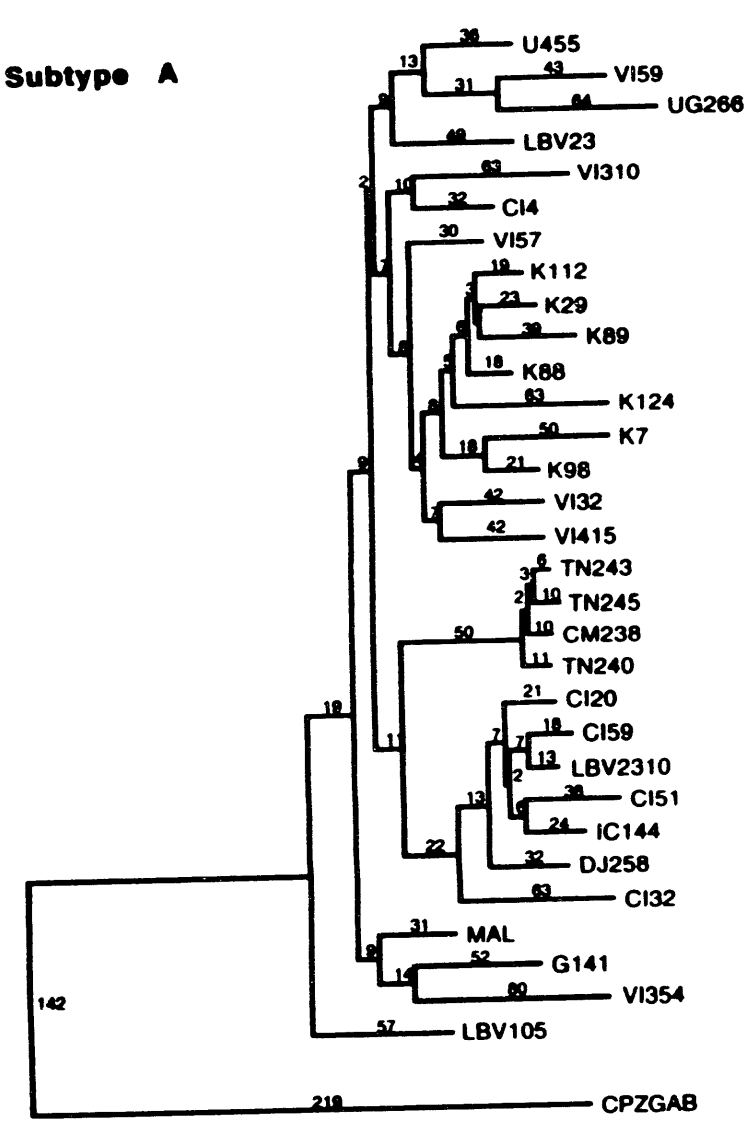
ENV SUBTYPE	GAG SUBTYPE	TYPICAL LOCALE
A (U455,Z321)	A (U455,TN243,VI310)	Central Africa
B (MN,SF2)	B (MN,SF2,TB132)	U.S., Europe, South America, Thailand, etc.
C (NOF,D747,ZAM20)	C (ZAM20,VI313)	Southern Africa, India
D (ELI, NDK)	D (ELI,NDK,UG270)	Central Africa
E (TN243)	A (TN243)	Thailand, CAR, India
F (7944)	F (BZ162,VI174,VI325;formerly gag E)	Brazil, Romania, Zaire
pending	G (VI191,LBV217; formerly gag F)	Zaire, Gabon, Taiwan
pending	H (VI525,VI557; formerly gag G)	Zaire, Gabon
O (ANT70, MVP5180)	O (ANT70, MVP5180)	Cameroon, Gabon

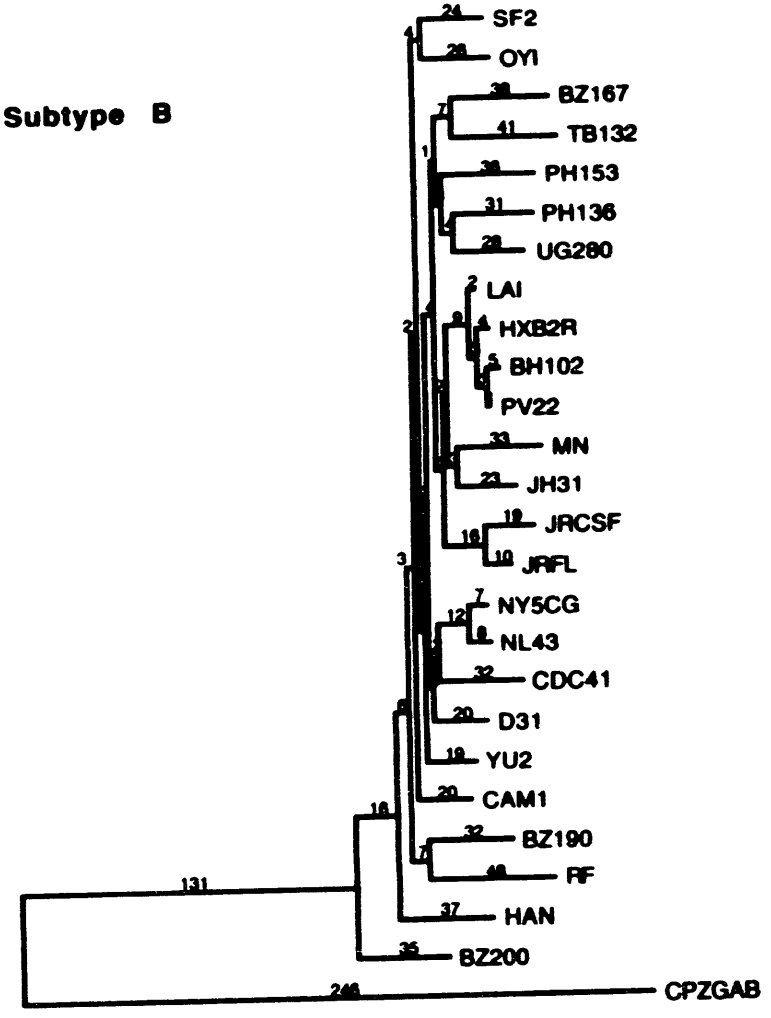

HIV-1 ENV
50
HIVSF1703
29
46
HIVU455
A
19
58
HIVZ321
11
33
HIVD747
53
C
32
HIVD760
16
27
HIVJRCSF
17
33
HIVSF2
B
35
34
HIVMN
15
22
45
HIVJY1
30
24
HIVELI
D
17
73
35
HIVZ2Z6
76
HIVTN243
E
65
HIVBRA7944
F
169
227
SIVCPZGAB
O
96
HIVANT70
102
HIVMVP5180

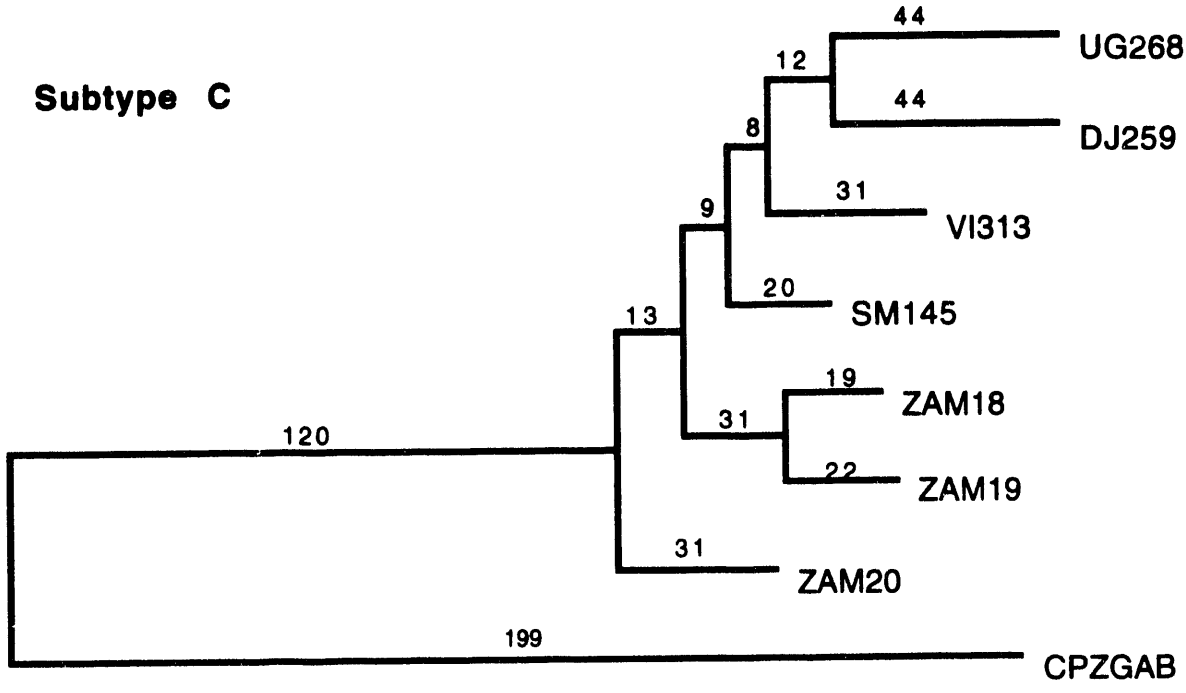

HIV-1 ENV
U455
SF1703
Z321
JRCSF
MN
SF2
ELI
Z2Z6
TN243
7944A3
7944A6
(Brazil)
RM14018
RM14020
(Romania)
RM14027
IND747
NOF
A
B
D
E
F
C
5%

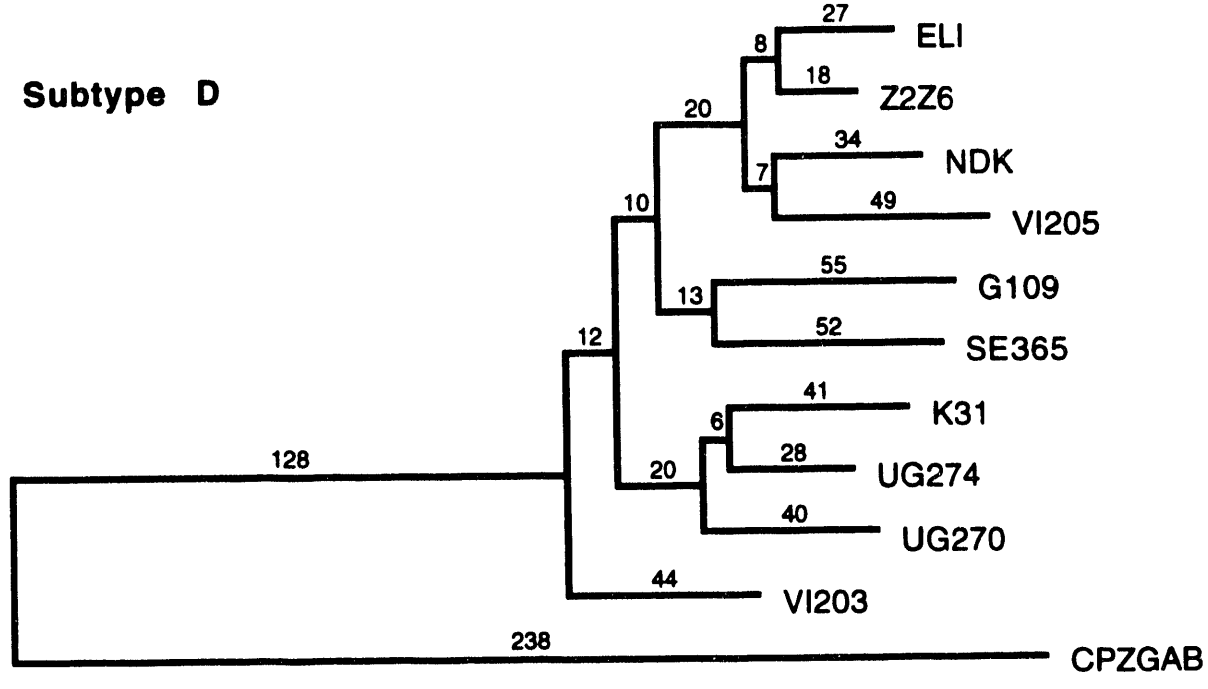
In addition to the HIV-1 gag tree shown below, trees based upon just gag A (1374 total sites), gag B (1413 total sites), gag C (1212 total sites) and gag D (1419 total sites) sequences are shown. Excepting recombination, one can imagine env trees that are approximately congruent with these. All of these gag subtype trees, as well as the env tree and the larger gag tree, were rooted upon the midpoint of the greatest patristic branch. The PAUP-generated env tree is congruent with trees generated over the same sites by maximum likelihood and neighbor-joining algorithms (Korber and Myers, submitted for publication). A graph of the similarity relationships for 284 nt in gag p17-p24 versus longer sequences, 870 nt, in gag (minus the 284 nt fragment) strongly argues for the validity of cluster analyses based upon PCR-generated fragments ($r = 0.977$).


HIV-1 GAG
U455
VI310
TN243
IC144
CI4
SF2
MN
TB132
ELI
NDK
UG270
VI174
BZ162
VI325
ZAM20
VI313
DJ259
VI525
VI557
LBV217
VI191
TAIG
ANT70
MVP5180
SIVCPZGAB
A
B
D
F
C
H
G
O

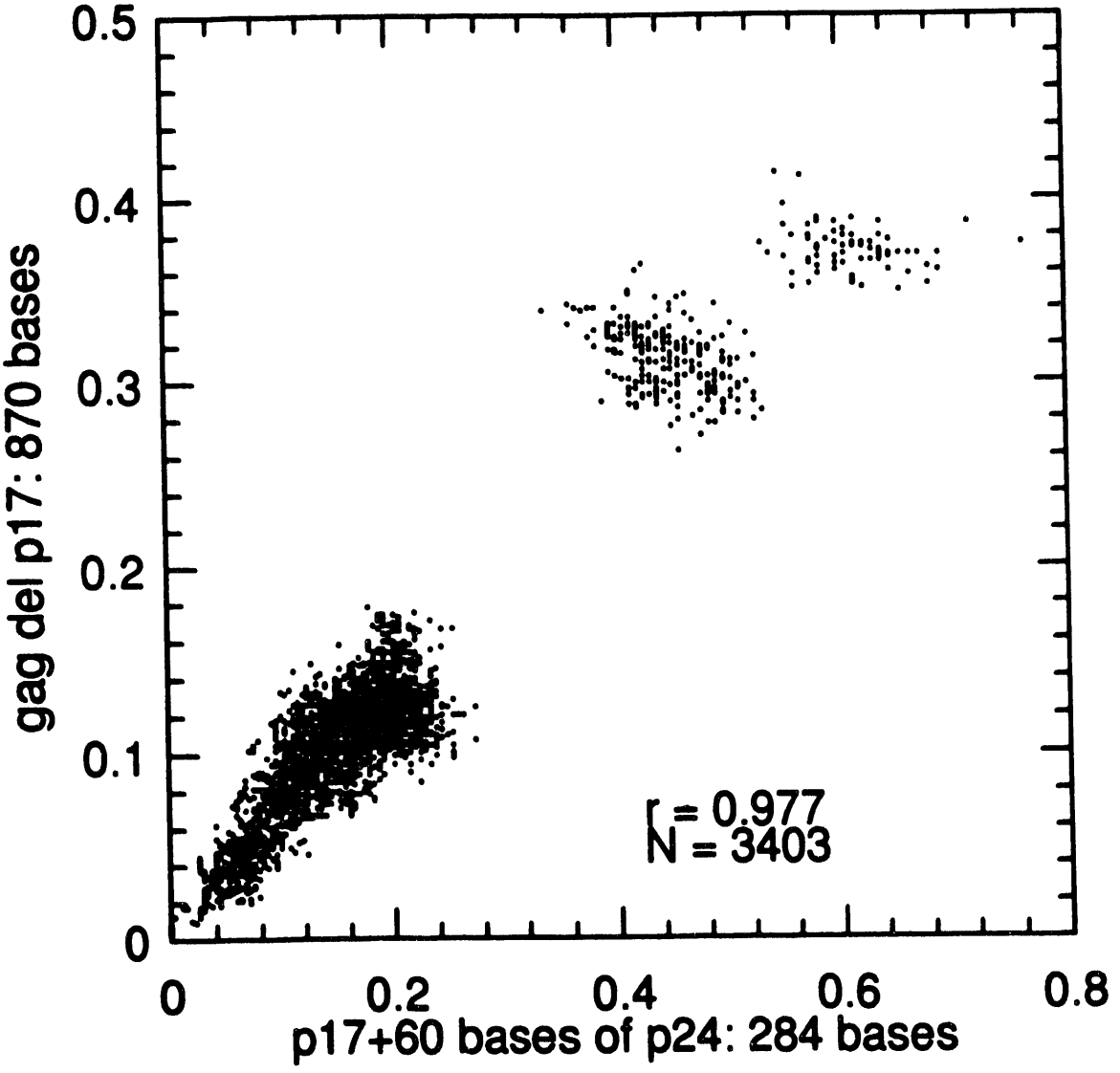

Subtype A
U455
VI59
UG266
LBV23
VI310
CI4
VI57
K112
K29
K89
K88
K124
K7
K98
VI32
VI415
TN243
TN245
CM238
TN240
CI20
CI59
LBV2310
CI51
IC144
DJ258
CI32
MAL
G141
VI354
LBV105
CPZGAB
142
219


Subtype B
SF2
OYI
BZ167
TB132
PH153
PH136
UG280
LAI
HXB2R
BH102
PV22
MN
JH31
JRCSF
JRFL
NY5CG
NL43
CDC41
D31
YU2
CAM1
BZ190
RF
HAN
BZ200
CPZGAB
131
246


Subtype C
44
12
UG268
44
8
DJ259
31
9
VI313
20
13
SM145
19
31
ZAM18
120
22
ZAM19
31
ZAM20
199
CPZGAB


Subtype D
27
8
ELI
18
Z2Z6
20
34
NDK
7
49
10
VI205
55
13
G109
52
12
SE365
41
6
K31
128
28
20
UG274
40
UG270
44
VI203
238
CPZGAB

Pairwise Sequence Distances



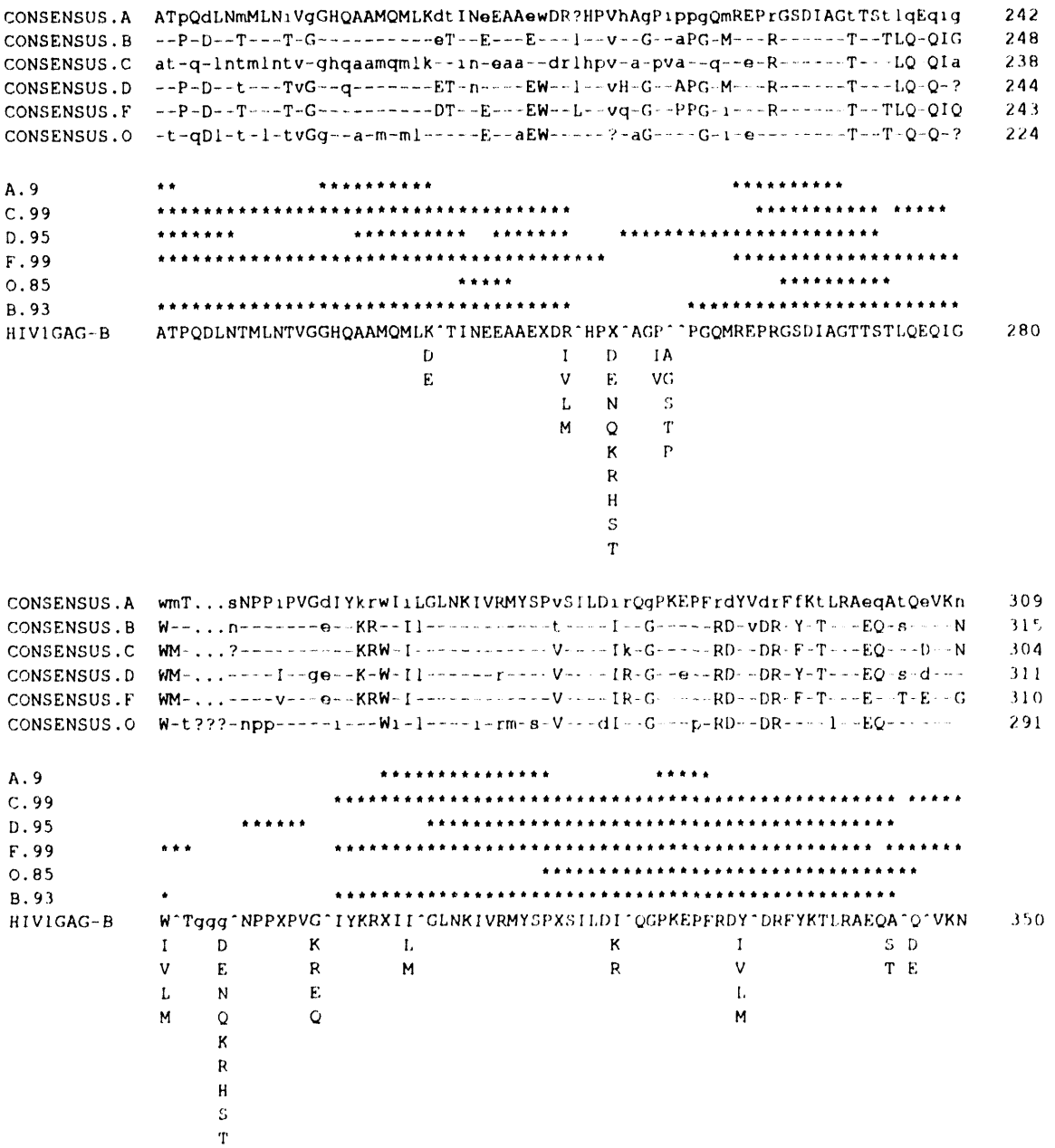
HIV-1 GAG

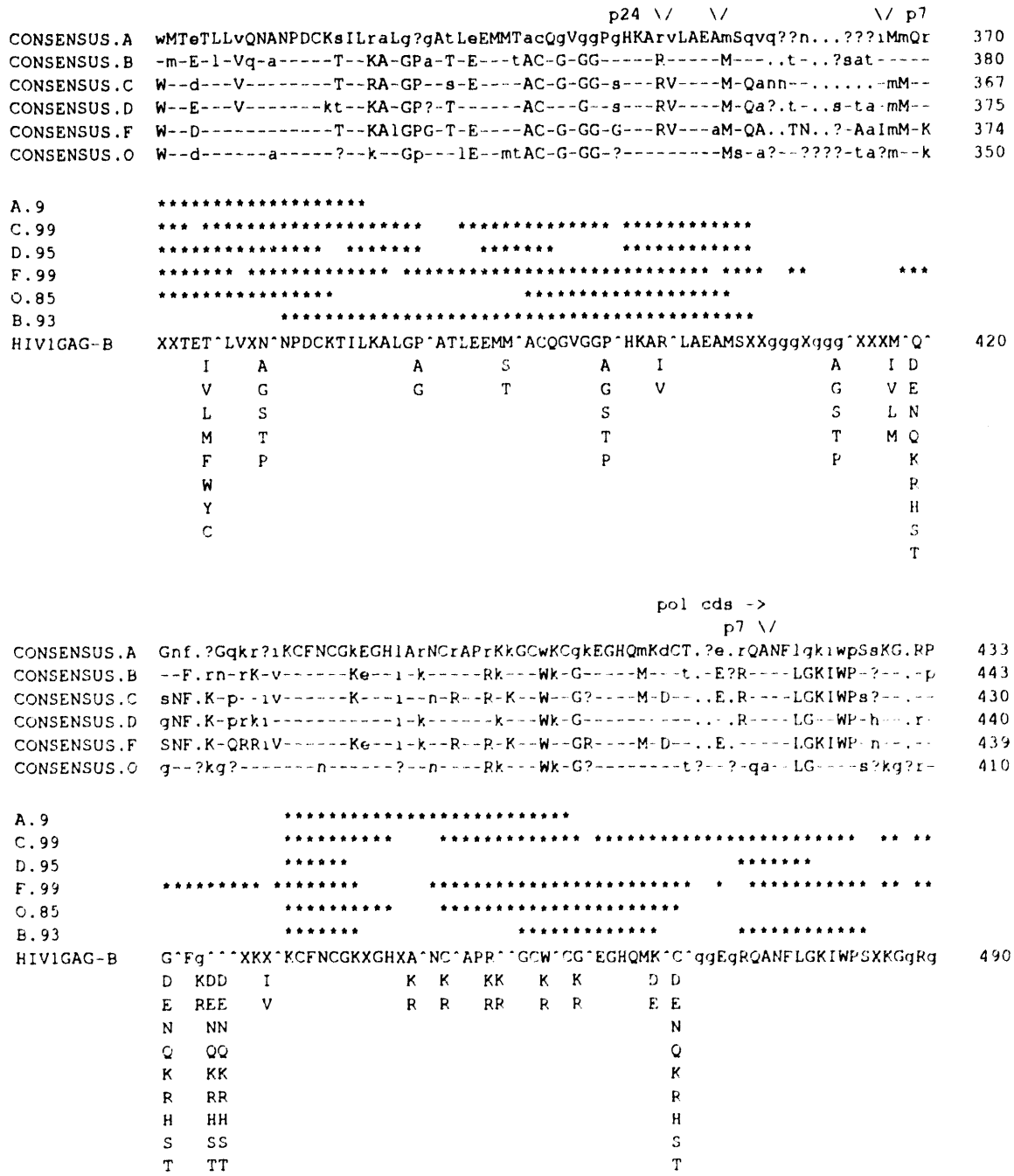
The HIV1GAG pattern represents subtype B only. Information dense stretches determined by separate analyses of the patterns for each subtype are indicated by ****. The number of amino acid equivalents used as a threshold to determine information dense stretches for each subtype pattern is indicated after the letter representing that subtype. For instance, the line beginning with 'D.95' presents the information dense stretches containing at least 0.95 amino acid equivalents for the subtype D pattern (pattern not shown). Ordinary consensus sequences (taken from Part II) are shown above the pattern summaries. Lower case 'g' in the patterns indicates 'gap' (not glycine; for further discussion of the patterns, see Part II). Consensus "F," found in Brazil, had formerly been designated gag subtype E by Louwagie et al., AIDS 7:769-780 (1993) and AIDS Res Hum Retro 9,s1:S147-S150, 1993) but now has been identified as F in both gag and env by Louwagie et al., AIDS Res Hum Retro (in press); for further discussion of gag subtypes, see III-2. Annotation of CTL epitopes was greatly facilitated by Table 1 of a review written by R.P.Johnson and B.D.Walker, of Harvard Medical School: this review will appear in Current Clinical Topics in Microbiology and Immunology (M.B.A. Oldstone,ed.).

```
CONSENSUS.A  mGARaSvLsggkLDawekIrLRPgGkKkYrlKHlvwAsreLerFaLnPslLeT?egcqqimeQlqsalkT    69
CONSENSUS.B  M---A-V-S-Ge--rW---R-----K---kL--iVW-SR--ER-Av--gL-Ets-GCR-Ilg-L-PsLq-    70
CONSENSUS.C  M---A-i-rG-K--?WE----r-G---h-Mi--LVW-SRE----A--pgL-E-s-GCk-IikqL-P--Q-    69
CONSENSUS.D  M---A-V--GG---?WE------Gg--K-?L--i-W-SRE--Rf-lN-GL-E-s-GCkQIig-L-P-iqt    68
CONSENSUS.F  M---A-V-SGGK--AWEK-----G---K--m--L-W-SRE-ER-Aid-GL-E-sEGCrKIIG-LQpSLQ-    70
CONSENSUS.O  M--rA-V--G-----WE-iR-r-Gg--------LVW---E---fAl-pgLl-t-EG-?-???-L-P---t    65

A.9
C.99         ******                          **********
D.95         ********                            ******     *******
F.99         ******************** *****          **********  ******     ******* ****
O.85                                         ******
B.93         *********          *****       ********* *****
HIV1GAG-B    MGARASVLSˆGˆLDˆWˆˆIRLRPXGKKXYˆLKHˆVWASRˆLERFAˆˆPˆLLEˆˆXGCRˆIˆXQLXPˆLˆT    70
                     A K  K KD           K   I     K     ID A   SA    K I     A K
                     G R  R RE           R   V     R     VN G   TG    R V     G R
                       E    EN           E         E        S    S    E L     S E
                       Q    QQ           Q         Q        T    T    Q M     T Q
                            K                               P    P              P
                            R
                            H
                            S
                            T
```

```
CONSENSUS.A  g?eElkSLfNtvatLyCvHqrIdvkDtKeA..ldkiEei.qnkskqk..tqq...aaA???????.....   118
CONSENSUS.B  GsE--r--y---A--Y---Q--e---T-E-..L-K--EE.Q--S-kK..a--.??-Aad...........   121
CONSENSUS.C  GT--Lr--?--V-----V-??-e-r-T-E-..LD--eEE.QNK?QQK??T--..ak?ad...........   116
CONSENSUS.D  Gs-e----?-T-AT-Y-V-e--eV-dT-E-..-eKm-EE.--KSKkK.?aQQ???-t-D...........   118
CONSENSUS.F  GSE-LR--y-T--V-YfV-Q-VE-K-T-E-..LeKL-EE.QNKSQQK..--Q...?A-D...........   120
CONSENSUS.O  -s-e-?----??-v-w-----i?i--Tk--??-?-l?-??-??-q--..?--..??t?-------?????   103

A.9
C.99                                  *****  **   ** **
D.95                      *******
F.99         ********                ******  * *************         ***
O.85
B.93                                  ************** *
HIV1GAG-B    G^EEX^SL^N^^AXLYCXHQ^I^^^DTKEAggL^K^EEEgQXXSX^KggggXgggXAXXgggggggggg   140
             S   D  F AI        D DIK        D I         K
             T   E  W GV        E EVR        E V         R
                 N  Y S         N                        E
                 Q  H T         Q                        Q
                 K    P         K
                 R              R
                 H              H
                 S              S
                 T              T

                                p17 \/ p24
CONSENSUS.A  ....Tgnss?????....kvSqNYPIVQNaQgQm?hQ?lSPrTLnAwVKviEekaFspEVIPmFsaLSEG   173
CONSENSUS.B  .???t----.........qV-Q------nlqG-MVH-ai--R--N-W--Vv-EKA-SP----M--A-s--   178
CONSENSUS.C  ....?-............-V-Q-y-----L-G-MvH-ai--R--N-W--VI--KAfS-e?ip-ft-lseg   168
CONSENSUS.D  ....tr---.........QV-Q-------L-G-MVH-ai--R--N-W-kVI-EK---P--i-M--A----   175
CONSENSUS.F  ....KG............V-Q-------L-G-MVH-aI--R--N-W--VI-EKA-SP----M-SA----   173
CONSENSUS.O  ????k-???-----????q-s----ivqn-qGq-vH-ais-R--N-W---v-EK---P-v--M--A-se-   157

A.9                                  *******          **********                 ****
C.99                                   **********     *************        **********
D.95                             *******************  ********* *****           *****
F.99             **               ****************** ********************************
O.85                                                  *********        *******
B.93                              *********   ******  ********************************
HIV1GAG-B    ggggXX^X^gggggggggg^VSQNYPIVQ^^^GQMVHQ^^SPRTLNAWVKV^EEKAFSPEVIPMF^AL^EG   210
                  D D         K         DIE      AI           I             A  A
                  E E         R         EVQ      GV           V             G  G
                  N N         E         NL       SL                         S  S
                  Q Q         Q         QM       TM                         T  T
                  K K                   K        P                          P  P
                  R R                   R
                  H H                   H
                  S S                   S
                  T T                   T
```

HIV-1 GAG


CONSENSUS.A ATpQdLNmMLNıVgGHQAAMQMLKdtINeEAAewDR?HPVhAgPıppgQmREPrGSDIAGtTStlqEqıg 242
CONSENSUS.B --P-D--T---T-G----------eT--E---E---l--v--G--aPG-M---R------T--TLQ-QIG 248
CONSENSUS.C at-q-lntmlntv-ghqaamqmlk--ın-eaa--drlhpv-a-pva--q--e-R------T---LQ QIa 238
CONSENSUS.D --P-D--t---TvG--q-------ET-n----EW--l--vH-G--APG-M---R------T---LQ-Q-? 244
CONSENSUS.F --P-D--T---T-G----------DT--E---EW--L--vq-G--PPG-ı---R------T--TLQ-QIQ 243
CONSENSUS.O -t-qDl-t-l-tvGg--a-m-ml-----E--aEW-----?-aG----G-ı-e---------T--T-Q-Q-? 224
A.9
C.99
D.95
F.99
O.85
B.93
HIV1GAG-B ATPQDLNTMLNTVGGHQAAMQMLK^TINEEAAEXDR^HPX^AGP^^PGQMREPRGSDIAGTTSTLQEQIG 280
D I D IA
E V E VG
L N S
M Q T
K P
R
H
S
T
CONSENSUS.A wmT...sNPPıPVGdIYkrwIılGLNKIVRMYSPvSILDırQgPKEPFrdYVdrFfKtLRAeqAtQeVKn 309
CONSENSUS.B W--...n-------e--KR--Il----------t----I--G-----RD-vDR-Y-T---EQ-s-----N 315
CONSENSUS.C WM-...?----------KRW-I----------V----Ik-G-----RD--DR-F-T---EQ---D--N 304
CONSENSUS.D WM-...----I--ge--K-W-Il------r----V----IR-G--e--RD--DR-Y-T---EQ-s-d--- 311
CONSENSUS.F WM-...----v---e--KRW-I----------V----IR-G-----RD--DR-F-T---E--T-E--G 310
CONSENSUS.O W-t???-npp-----ı---Wı-l----ı-rm-s-V---dI--G---p-RD--DR-----l--EQ------ 291
A.9
C.99
D.95
F.99
O.85
B.93
HIV1GAG-B W^Tgqg^NPPXPVG^IYKRXII^GLNKIVRMYSPXSILDI^QGPKEPFRDY^DRFYKTLRAEQA^Q^VKN 350
I D K L K I S D
V E R M R V T E
L N E L
M Q Q M
K
R
H
S
T


p24 \/ \/ \/ p7
CONSENSUS.A wMTeTLLvQNANPDCKsILraLg?gAtLeEMMTacQgVggPgHKArvLAEAmSqvq??n...???ıMmQr 370
CONSENSUS.B -m-E-l-Vq-a-----T--KA-GPa-T-E---tAC-G-GG-----R-----M---..t-..?sat----- 380
CONSENSUS.C W--d---V--------T--RA-GP--s-E----AC-G-GG-s---RV----M-Qann--.....-mM-- 367
CONSENSUS.D W--E---V-------kt--KA-GP?-T------AC---G--s---RV----M-Qa?.t-..s-ta-mM-- 375
CONSENSUS.F W--D----------T--KAlGPG-T-E----AC-G-GG-G---RV---aM-QA..TN..?-AaImM-K 374
CONSENSUS.O W--d------a-----?--k--Gp---lE--mtAC-G-GG-?---------Ms-a?--????-ta?m--k 350
A.9 ********** ********** **********

```
                \/ p6                          \/ (minor)              \/ (minor)
CONSENSUS.A  gNFpQsRp..............EPtAPpAE?f?gmgeeit.s?...?pkqeqkd..??ke??ppl?SlKS    474
CONSENSUS.B  ---l----?????????..???--T---ees-.rf---t-tPs???-qKQEpiD....--lY?--asLrs    469
CONSENSUS.C  G--L---Peptap?????????e---p---SF.rf?E-tT.Pa....--QEp--??--?---?PLtsLk-    476
CONSENSUS.D  G--l-S--...............--T--P-eSF.GFGE---.Ps....qKQE-K-??---Ely.P-asLk-    485
CONSENSUS.F  G--L---P..............-----P--SF.GFrEEI-.PS....PKQEQK?....EGLyPPLA-L--    484
CONSENSUS.O  G-fl-?r??............?e----Pa--?.-??E-??.?-....----?-?..--?-ly?P---L--    441

A.9                                                                          **
C.99         *****                  *********                                 *
D.95                               ******* ** ****                            *
F.99         *****                    ******* **      **    ******        ********
O.85                                                                       ****
B.93                               *****
HIV1GAG-B    XNFXQ^R^gggggggggggggEPTAP^X^X^gXXXXggg^PXggggXKQEXXDgggg^XXYg^X^^L^X    560
                 D A                  A K I        A                K    A AA K
                 E G                  G R V        G                R    G GG R
                 N S                  S E L        S                E    S SS
                 Q T                  T Q M        T                Q    T TT
                 K P                  P   F        P                     P PP
                 R                        W
                 H                        Y
                 S                        C
                 T

                    / p6 terminus (80%)
CONSENSUS.A  lFGNDpLSQ*    483
CONSENSUS.B  L--n-Ps-q-    498
CONSENSUS.C  L----P*       482
CONSENSUS.D  L----Pls--    494
CONSENSUS.F  *             484
CONSENSUS.O  ?--t-qS---    449

A.9          *****
C.99         ******
D.95         ******
F.99
O.85         ***
B.93
HIV1GAG-B    LFG^DPXSX-    569
               D
               E
               N
               Q
               K
               R
               H
               S
               T
```

HIV1GAG:1 MGARASVLS

Myristoylation site (Schultz et al., Ann. Rev. Cell Biol. 4: 611-47, 1988).

Together with the following peptide, IRLRP, a 23-residue peptide with a potential amidated C-terminus appears to mimic a gonadoliberin molecule (Glass, J. Theor. Biol., in press, 1991).

HIV1GAG:18 IRLRP

"IRLR" is part of a conformational neutralization epitope. Papsidaro et al., J. Virol. 63:267-272 (1989). Immediately followed by a CTL epitope studied by Phillips et al., Nature 354:453-459 (1991). See also Jassoy et al., J.Immunol. 149: 3113-3119 (1992).

See above; the LRPG is common to all known gonadoliberin peptides.

HIV1GAG:30 LKHaVWASR

HIV1GAG:40 LERFA

HIV1GAG:85 LYCVH

"YCVH" is part of the peptide HGP-30, which can serve as a neutralizing antibody epitope (Sarin et al., Science 232: 1135-37 (1986) and Naylor et al., PNAS 84:2951-55 (1987)), and as a cytotoxic T-cell epitope (Achour et al., PNAS 87: 7045-49 (1990)).

HIV1GAG:95 DTKEALkKaEEEQ

The fragment 'DTKEA' is part of the peptide HGP-30, which can serve as a neutralizing antibody epitope (Sarin et al., Science 232: 1135-37 (1986) and Naylor et al., PNAS 84:2951-55 (1987)), and as a cytotoxic T-cell epitope (Achour et al., PNAS 87: 7045-49 (1990)).

This p17 fragment also shows similarity to thymosin alpha one (Sarin et al., Science 232: 1135-37, 1986) and to the human heavy neurofilament subunit (Myers, Korber and Nelson, T-Division, LANL, unpublished).

HIV1GAG:131 VSQNYPIVQ

The p17/p24 cleavage site is located within this peptide Henderson et al., J. Virol. 62:2587-95, 1988).

HIV1GAG:143 GQMVHQ

Part of a CTL epitope studied by Littaua et al., J.Virol. 66:608-611 (1992).

HIV1GAG:151 SPRTLNAWVKVaEEKAFSPEVIPMFjALjEGATPQDLNTMLNTVGGHQAAMQMLKkTINEEAAE

This fragment is contained within a large conserved pattern of HIV2, that also contains the following two HIV1 patterns, GAG:175 and GAG:189. The HIV-2 pattern is: TLNAWVKLvEeKKFG AEVVpGFQALSEGCtPYDINQMLNCVGdHQAAMQIIReIINeEAA.

An insertion in the "EAAE" causes a dominant mutation in p24 which impairs cellular capacity to support HIV replication of wild-type virus. Trono et al., Cell 59:113-120 (1989). Contains a cytotoxic T-cell epitope. Claverie et al., Eur. J. Immunol. 12:1547-53 (1990). See also Johnson et al., J.Immunol. 147:1512-1521 (1991), Buseyne et al., J.Virol. 67:694-702 (1993), Nixon et al., AIDS 5:1049-1059 (1991).

HIV1GAG:228 PGQMREPRGSDIAGTTSTLQEQIGW

An insertion in the "TST" causes a dominant mutation in p24 which impairs cellular capacity to support HIV replication of wild-type virus. Trono et al., Cell 59:113-120 (1989).

"PGQMREPRG" is part of a cytotoxic T-cell epitope. Claverie et al., Eur. J. Immunol. 12:1547-53 (1990). This fragment contains a region identical to a conserved pattern in HIV2, "GSDIAGTTS".

HIV-1 GAG

HIV1GAG:255 PVGkIYnRWII
Part of this fragment is similar to a conserved pattern in HIV2, "IYRRWIQ?GLQKCVR".

Part of a CTL epitope studied by Gotch et al., Int. Immunol. 2:707-712 (1990), Johnson et al., J. Immunol. 147:1512-1521 (1991), Buseyne et al., J.Virol. 67:694-702 (1993).

HIV1GAG:273 GLNKIVRMYSP
"GLNKIVRMY" is part of a cytotoxic T-cell epitope. Nixon et al., Nature 336:484-487 (1988). See also Buseyne et al., J.Virol. 67: 694-702 (1993) and Johnson et al., J. Immunol. 147:1512-1521 (1991).
Part of this fragment is similar to a conserved pattern in HIV2, "IYRRWIQ?GLQKCVR".

HIV1GAG:285 SILDInQGPKEPFRDYcDRFYKTLRAEQA
This fragment contains a region identical to a conserved pattern in HIV2, "QGPKE".
Part of this fragment is similar to a conserved pattern in HIV2, "FQSYVDRFYKSLRAEQTDpAVKNWMTQTLL".
Both T- and B-cell epitopes are reported to be contained within this fragment by Chong et al., FEBS 264: 231-234, 1990. See also Johnson et al., J.Immunol. 147:1512-1521 (1991).

HIV1GAG:331 NPDCKTILKALGPhATLEEMMiACQGVGGPjHKARaLAEAMS
Contains a cytotoxic T-cell epitope. Gotch et al., Int. Immunol. 2:707-712 (1990). See also Johnson et al., J. Immunol. 147:1512-1521 (1991) and Nixon et al., AIDS 5:1049-1059 (1991).
Part of this fragment is similar to a conserved pattern in HIV2, "NPDCKLVLKGLG".

Contains the p24 C-terminus (Henderson et al., J. Virol. 62: 2587-95, 1988).
Part of this fragment is similar to a conserved pattern in HIV2, "NPTLEEMLT".

HIV1GAG:397 KCFNCGK
Crucial zinc finger motif in the p7 protein required for normal RNA packaging and infectivity (Gorelick et al., J. Virol. 64: 3207-11, 1990).
Part of this fragment is similar to a conserved pattern in HIV2, "WNCGK".

HIV1GAG:418 GCWnCGnEGHQMK
Part of this fragment is similar to a conserved pattern in HIV2, "PRRQGCWKCG".

HIV1GAG:437 RQANFLGKIWPS
This segment is in the region where a ribosomal frame shift occurs that allows the gag and pol genes to overlap in different reading frames. The shift occurs at the "L". Jacks et al., Nature 331:280-283 (1988).
"RQANF" is part of a cytotoxic T-cell epitope. Claverie et al., Eur. J. Immunol. 12:1547-53 (1990).
Part of this fragment is similar to a conserved pattern in HIV2, "RQAGFLG".

HIV1GAG:464 EPTAP
Part of a cytotoxic T-cell epitope -- peptide of Claverie et al., Eur. J. Immunol. 18:1547-1553 (1988).

HIV-1 GAG

GAG P17 amino acid sequence signatures were determined using VESPA (Korber and Myers, AIDS Res Hum Retro 8:1549-1560, 1992). Signatures are constituted of atypical residues, therefore they provide complementary information to the conserved and invariant patterns. Each line represents the majority rule signature for that particular sequence against a reference set containing all other sequences from the various subtypes in the data set. The consensus signatures constructed for each set of sequence subtype signatures are the putative "covarions' (coordinately variable codons) for that subtype.

```
CONSENSUS.A  .....................................................S....-...Q..ME...S..K.   6
HIVU455      ..........K...S..........N..............K.T........A...Q.............   7
HIVUG266     ....V....E.....-........E.....K.....-......K.....S....T...QR..E.........  10
HIVMAL       ...................................................G...Q..ME...ST.K.   7
HIVVI32      ............................M..........D......S....K......ME..ES..K.   9
HIVVI57      .....................................................S....T...Q...E......K.   5
HIVVI59      I........E.....-...........Q.........-..K.........S....T...Q..IE......K.  10
HIVVI310     ..............K............Q.....................S....T...Q..IE......K.   8
HIVVI354     ......I.........KR............QI..I.....K..K........K.A...Q..ME.. S..K.  15
HIVVI415     ........................R....M..........D...........A...Q...E......K.   7
HIVK7        I..........Q..R-..................................S....T.R.Q..ME...S..K.  11
HIVK29       ............................M..................S....T...Q..IE......K.   7
HIVK88       ............................M..........D......S....A...Q..ME...S..K.   9
HIVK89       ..............T..............K..................S....T...Q..ME......K.   8
HIVK98       ....T....................N.R.K...I..................T...Q..MK...S....  10
HIVK112      ............................I...........K.....S....T...Q..ME...S..K.   9
HIVK124      .....................................................S....T...Q..ME...SS.K.   8
HIVCI4       ............................M...I..G..........S....T...Q..MA...S..K.  10
HIVCI20      .....................................................S....AG..Q.LME...AH.R.  10
HIVCI32      ...........R.................K.................S.........Q.LIE.F.ST.G.  11
HIVCI51      ......I.......S..........R.Q.....................S....A...Q..IE...S..K.  11
HIVCI59      ...................................................AD..Q.LME...S..R.   8
HIVG141      ..............D....Q.....T.R.K...I............D.S........K..........K.  10
HIVTN238     ........T................R...KI.....................V...Q..IE...ST.K.  11
HIVTN243     ........................R....M.....................A...Q..IE...ST.K.   9
HIVTN240     ........................R.....................SF...A...Q..IE...ST.K.  10
HIVTN245     ........................R...KM.....................A..RQ..IR...ST.K.  11
HIVLBV105    ..............T..............M.....................A...Q...E....SVK.   8
HIVLBV23     ..................R............M.....................A...Q..M....T....   6
HIVLBV2310   ..............S.....................................A...Q.LME...S..R.   8
HIVIC144     .....................................................F...A...Q.LME...ST.K.   9
HIVDJ258     ..............S.....................................A...Q.LME...S..G.   8
```

HIV-1 GAG p17

```
CONSENSUS.B  ..........E..R.............K...I..........V..........R........S...    7
HIVSF2       ..........E..K.............K...I..........V..........R........S...    7
HIVBZ167     ..........E..R.................V..........V.......AA..R........S...    8
HIVBZ190     ..............K............R.Q...I..........V.......A...R........S...    8
HIVBZ200     ..........E..K............A.K...I..........V..........RK.I.....S...   10
HIVPH136     ..........E..R..R..........K...I..........V........G..R...E........    9
HIVPH153     ..............R.............Q...I..........V..........R......H.....    6
HIVTB132     ..........Q..R.K.................I..........V..........R........S...    7
HIVLAI       ..........E..R.............K...I..........V..........R........S...    7
HIVHXB2R     ..........E..R.............K...I..........V..........R........S...    7
HIVBH102     ..........E..R.............K...I..........V..........R........S...    7
HIVPV22      ..........E..R.............K...I..........V..........R........S...    7
HIVMN        ..........E..R..N..........K...V..........V..........R........S...    8
HIVJH31      ..........E..R.............K...I..........V..S.......R........S...    8
HIVJRCSF     ..........E..R.................I..........V......S....R........S.K.    8
HIVOYI       ..........E..K.............Q...I..........I..........R........S.K.    8
HIVNY5CG     ..........E..K............Q.....I..........V..........R...R....S...    8
HIVNL43      ..........E..K............Q.K...I..........V..........R........S...    8
HIVCDC41     ..........E..R............Q.....I.....K.....V........K..R........S...    9
HIVHAN       ..........E..K..............Q...I..........V..........R..M.....S...    8
HIVCAM1      ..........E..K..............K...I..........V..........R........S...    7
HIVRF        ..............K........R...R.K...I..........V..S....A...R...........    9
HIVD31       ..........E..R.................I..........V..........R........S...    6
HIVJRFL      ..............K.................I..........V......S....R......L...K.    7
HIVUG280     ..........E..R..............K...I..........V..........R...........    6
HIVYU2       .........A.E..K............Q.....I..........VD.........R........S...    9

CONSENSUS.C  ......I.R.....-............H.MI.........................K..IK........    8
HIVUG268     ........R.....T....K.......C.MM.........G.....S.........K..MK........   11
HIVSM145     ......I.R........R.........H.M..........................K..MK........    9
HIVZAM18     ......I.K.....T............H.MI.........................K..IK....SI..   11
HIVZAM19     ......I.-.................H.MI.........................K..IK........    7
HIVDJ259     ......I.R.E........K.....R.R.M............K.....S.........K..IR........   12
HIVVI313     ......I.R.....T..R.K.K.....H.MM..............D.......Q..RE.IKK.......   16

CONSENSUS.D  ..............-..............-...I.......................K..I......I..    4
HIVELI       ..............K.................I.........Y.............K..I......I..    6
HIVNDK       ..............T..R...........A....I.........T............K..I.....SI..    9
HIVZ226      ..................................................D..K..I......IR.    5
HIVVI203     ........T.....S.................I.......................K..IE....SI..    8
HIVVI205     ..............Q.........KS.......I.......K..............R..IE.....I..    9
HIVG109      ..........Q.....R...........Q...I..................A...K..IE..H.N..S   11
HIVK31       ..............E....Q.....H...K...I...........I.......P...K..M...H..I..   11
HIVUG274     ..............E..........N...K...I...........I...........K..M.......K.    8
HIVUG270     ..............E..........N...K.........................K..M.....SI..    7
HIVSE365     ..........Q..R..............K...I.......................R..I......I..    7

CONSENSUS.F  ............................M..............ID..........RK.I.....S...    7
HIVVI174     ..................Q.........M..............ID......P...RK.I....TS...   10
HIVVI69      ........................R...KM...I...........D..........RK.I.....S...    9
HIVBZ162     ..............................................I...........QK.I.....S...    5

CONSENSUS.O  ..................................................-....-.---.....K.    1
HIVVI191-U2  ........................Q..I...........K..........T...Q..MR........    7
HIVLBV217-U2 ..............E..............M.....................T...Q...Q....S...    6
HIVVI525-U3  ..........R..............Q.............................L..IE......K.    6
HIVVI557-U3  ..............................................D..D.A...L.LIE......K.    8
HIVVI325     ..............T..........S.....................S....T...R..IR....S...    8
HIVANT70     ...S....T.S......Q...K..S.....................C..E....A..NEKL.Q..E...K.   16
HIVMVP51     ........T.S......R......S..A..............Y.C.......A..TE.L.Q..E...K.   14
SIVCPZGAB    ........T.....R...V......R.R.MM..............CD...M.SK...TKL.Q..E...K.   18
```

```
CONSENSUS.A   .-...K..F.............D...............I...................-...........   10
HIVU455       .T...........V........D..........N....M....N..R...........N...........   15
HIVUG266      .A...........V.........I..............M...................N...........   15
HIVMAL        ....IK................D...............I.....R.............AQQAAAA.....   19
HIVVI32       .T..IK.......V.F......D...............I.K........A....................   18
HIVVI57       .T...K..F....V..............D.........I..K............................   12
HIVVI59       .T......F.A..V........DI..............M...................N...........   18
HIVVI310      .T......F..I.V........................I..........K......E.............   15
HIVVI354      .....K..F...........K.N...............I...................A...........   21
HIVVI415      .T..IK................D...............I.K..N..............G...........   15
HIVK7         .T.................RQ.................I...............................   15
HIVK29        .T......F.................A...........L...................A...........   12
HIVK88        .T......F.............D...............I...............................   13
HIVK89        .T......F......W....Q.N...............I....N..........................   15
HIVK98        .T....................D...............I..........E....................   14
HIVK112       .T. ....F.............D...............I...............................   13
HIVK124       .T..I...F.A..V........................M...............................   14
HIVCI4        .T....................D...............I.......-..-....................   13
HIVCI20       .....K..F..I...W......DI.............VI......--..---...T..A..........   20
HIVCI32       ...........I...W...R...I..............I..... .............AQAAAA......   22
HIVCI51       ........F......W......DI..............I..--......K........A...........   18
HIVCI59       .....K..F.AI.V.W......DI...........L..V...................A...........   19
HIVG141       .....K.............A...I..............I.......-..---......A...........   15
HIVTN238      .....K..F......W......................V.....Q.............G...........   17
HIVTN243      .....K..F......W......................V.....Q.............G...........   15
HIVTN240      .....K..F......W......................V.....Q.............G...........   16
HIVTN245      .....K..F...V..W......................V.....Q.............G...........   18
HIVLBV105     ........F...V..L........R.......I.....I...............................   14
HIVLBV23      .T...K..H....V........D...........R...I..K...HQ.......................   16
HIVLBV2310    .....K..F..I...W......D............L..I...................A...........   16
HIVIC144      ....VK..F..I.....I....DIR.............I...................V...........   19
HIVDJ258      E.K..K.....I.V.W......DI.............AV...................A...........   19

CONSENSUS.B   ............................................K...A....................    9
HIVSF2        ......................D..........E...........K...A...AA...G...........   14
HIVBZ167      ....................K.D.R........E.V.........E...A....A...............   16
HIVBZ190      .....K..F.A..V......Q.....................I..K........................   15
HIVBZ200      .............V...A..K.D..................D...K...A....................   17
HIVPH136      .....K..H...........K.D..........E...........K...A....................   16
HIVPH153      .T..................N............E..........NK...A....................   12
HIVTB132      ...........I.V......K............E...........K...A........N...........   14
HIVLAI        .......................I......................K...A....................   10
HIVHXB2R      .......................I......................K...A....................   10
HIVBH102      .......................I......................K...A....................   10
HIVPV22       .......................I......................K...A....................   10
HIVMN         .....K..............K..I.........E...........K...A....................   14
HIVJH31       .....K..F........................E...........K...A....................   13
HIVJRCSF      .....T.................I.........E.......T..MK...A....................   15
HIVOYI        ....I...............K........................K...A.....T..............   13
HIVNY5CG      ....R...F....V........D......................K...A....................   14
HIVNL43       ...........I.V........D......................K...A....................   13
HIVCDC41      .......................R....................K...A....................   12
HIVHAN        ....................K..............V......N..K...A.....E..............   14
HIVCAM1       ....................K.D..........E...........K...A........G...........   13
HIVRF         .....K....A.........N...R....................K...A....................   15
HIVD31        ........F.................................K...A.P.....R............   11
HIVJRFL       ................................E.......A...K...--E..................   11
HIVUG280      ........F.............D......................K...E........G...........   11
HIVYU2        ....................K............E...........K...A....................   13
```

HIV-1 GAG p17

```
CONSENSUS.C   .T......-..........--...R...................-Q.........AK-.............   13
HIVUG268      .TD................KG...R..................IQ.....--...ET.............   20
HIVSM145      .T......F..........EK...R...................Q.........AK..............   17
HIVZAM18      .T...K..F...V..W...ED.T.R.........RL........Q..TK.....AK..............   27
HIVZAM19      .T...K..H.A..V.....K-.T.R.........R........CQ.........AKE.............   21
HIVDJ259      .T.................A...IQ..................CQ......K..AET.............   22
HIVVI313      .TK..I..H..........EK..IR...........K.......Q.........A...............   27

CONSENSUS.D   .....K..-..........E.............E.M.........K...A......T.............   11
HIVELI        .T.................KG.D..........E.M.........K...A....................   14
HIVNDK        ....I..............E............VE.M.........K........................   15
HIVZ2Z6       ........F..........E.............E.M.........N..KA....................   12
HIVVI203      .T...K..F..........................L.........K...A......T.............   15
HIVVI205      ..K.IK..F..........K.............E.L.........K..RA....................   19
HIVG109       ...D.K.............N.............E.M.........K...A..AQQ.T.............   22
HIVK31        ....IK.............AG.K.TN...............T...K...A.....ET.............   23
HIVUG274      ....IK..F..........E..K.T................T...K...A......T.............   18
HIVUG270      ....VK..F..........E..K.A................T...K...A......T.............   17
HIVSE365      ...........I.......EK...........VE.M....R....K...V......T.............   17

CONSENSUS.F   .............V..F....V...........E.L........Q..........-..............   13
HIVVI174      ........F..IVV..Y....V.I.........E.L........Q..........-..............   20
HIVVI69       .............V..F...KV...........E.L........Q....K.....V..............   18
HIVBZ162      .............V..F....V.............L........Q.....K...................   11

CONSENSUS.O   .....-..F.--.V.W......-I.........-.L-.-..--.Q....-......-T-............    8
HIVVI191-U2   .T..IK.....I...........I...Q.....QEV.KA..K..Q......T...---E...........   22
HIVLBV217-U2  .T...K..F.A..V.W.I....G..........EEV.KR..KN.Q....I......--............   23
HIVVI525-U3   .T...Q..F.LL.V........DI.........S....V...NRQ...........T.............   20
HIVVI557-U3   .T...Q..F.LL..........D..........E.LK.A.....QNR.........TG............   23
HIVVI325      .....K..F...V..........IR..........L.............A.....ET.N...........   18
HIVANT70      ..DS.Q..W.AIVV.W...N.YKIG..QQ...IQ.LK.VM-GSR.SA..DAA...-KE............   48
HIVMVP51      ...D.K..W.AI.V.W...N.FDIR..QQ...IQ.LK.VM-ASR.SA..EAA...-KEE...........   45
SIVCPZGAB     ...G....F..L.V.W.I.SD.T.E..QK....EQLKR-.HHG----..E....SKTESNSG........   47
```

```
CONSENSUS.A     ................K.....    11
HIVU455         ......S--.........--....    16
HIVUG266        ........N.........K.....    17
HIVMAL          .....K...........S.....    21
HIVVI32         ........G.........K.....    20
HIVVI57         ................K.....    13
HIVVI59         ........N.........K.....    20
HIVVI310        .....-...........K..H..    17
HIVVI354        .....E...........K.....    23
HIVVI415        ................N.....    16
HIVK7           ................K.....    16
HIVK29          ................K.....    13
HIVK88          ................K.....    14
HIVK89          .......N.........K.....    17
HIVK98          ................K.....    15
HIVK112         .....ES..........K.....    16
HIVK124         ................K.....    15
HIVCI4          ........R...............    14
HIVCI20         ......-...........--....    20
HIVCI32         ......-.N.........--....    23
HIVCI51         ......-...........--....    18
HIVCI59         .......-.G.........--....    20
HIVG141         ......SR.........ST....    19
HIVTN238        ......S...........K.....    19
HIVTN243        ......S...........K.....    17
HIVTN240        ......S...........K.....    18
HIVTN245        ......S...........K.....    20
HIVLBV105       .......-..NKGSQ....N.....    20
HIVLBV23        .......G.........K.....    18
HIVLBV2310      ......-...........--....    16
HIVIC144        ......-...........--....    19
HIVDJ258        ......-...........--....    19

CONSENSUS.B     ........................     9
HIVSF2          ........................    14
HIVBZ167        ....A.T.................    18
HIVBZ190        .......N................    16
HIVBZ200        ................K.....    18
HIVPH136        .......K................    17
HIVPH153        ......SC................    14
HIVTB132        .....E..................    15
HIVLAI          ......H.................    11
HIVHXB2R        ......H.N...............    12
HIVBH102        ......H.................    11
HIVPV22         ......H.................    11
HIVMN           .TGNR...................    18
HIVJH31         ................K.....    14
HIVJRCSF        ........................    15
HIVOYI          ........................    13
HIVNY5CG        ........................    14
HIVNL43         .......N................    14
HIVCDC41        ........................    12
HIVHAN          ....A..RN...............    17
HIVCAM1         ........................    13
HIVRF           .......G................    16
HIVD31          ....A..N................    13
HIVJRFL         ........................    11
HIVUG280        ........................    11
HIVYU2          ........................    13
```

HIV-1 GAG p17

```
CONSENSUS.C   ....-.---.........K.....   14
HIVUG268      ....K.---.........K.....   22
HIVSM145      ....-.---.........K.....   18
HIVZAM18      ....-.---..............   27
HIVZAM19      ....-.---.........K.....   22
HIVDJ259      ....K.---.........K....F   25
HIVVI313      ....N.---.........K.....   29

CONSENSUS.D   .....R..................   12
HIVELI        .......N..............   15
HIVNDK        ....---..............   15
HIVZ2Z6       ....A..N..............   14
HIVVI203      .....R..................   16
HIVVI205      .....K..................   20
HIVG109       .....R..N..............   24
HIVK31        .....R..................   24
HIVUG274      .....R..................   19
HIVUG270      .....R..................   18
HIVSE365      ....S..N..............   19

CONSENSUS.F   ....K.---.........-.....   14
HIVVI174      ....K.---.........-.....   21
HIVVI69       ....K.---.........-.....   19
HIVBZ162      ....K.---.........-.....   12

CONSENSUS.O   ....K.---..............    9
HIVVI191-U2   ....E..................   23
HIVLBV217-U2  ....K.DN..............   26
HIVVI525-U3   ....KEKDK.........K.....   26
HIVVI557-U3   ....K..GN.........KI....   28
HIVVI325      ....K.---.........-.....   19
HIVANT70      .....S-AR..........AG...   53
HIVMVP51      .....S-PR..........T....   49
SIVCPZGAB     ....SREGGASQGASASAGI.G..   64
```

HIV-1 GAG

GAG P24 amino acid signatures were determined using VESPA (Korber and Myers, AIDS Res Hum Retro 8:1549-1560, 1992). Signatures are constituted of atypical residues, therefore they provide complementary information to the conserved and invariant patterns. Each line represents the majority rule signature for that particular sequence against a reference set containing all other sequences from the various subtypes in the data set. The consensus signatures constructed for each set of sequence subtype signatures are the putative "covarions" (coordinately variable codons) for that subtype.

CONSENSUS.A	.....A....-..-L.....M...I.....	4
HIVU455	.....A...P....L.....V.D.....M...V.....	7
HIVUG266	.....T.R..TY..L.....-...V.....S....M...V.E.....	10
HIVMAL	.....A....I.....M...I.....	4
HIVVI32	.....A....I..SL.....T.....M...I.....	7
HIVVI57	.....A....I...V.....M...I.....	5
HIVVI59	.....A...I....L..K....-...V.....E.....M...V.....	8
HIVVI310	.....A.....SL.....R.....M...I.....	6
HIVVI354	.....A.....M.....G.....N..I...I.K.....	7
HIVVI415	.....A....I.....M...I.....	4
HIVK7	.....A.R..I..NL.....-.....L.....V...I.....	8
HIVK29	.....A....T..SL.....M...I.....	6
HIVK88	.....A....I..TL.....M...I.....	6
HIVK89	.....A....IL.TL.....M...I.....	7
HIVK98	.....A....I..NL.....V...I.....	6
HIVK112	.....A....I..NL.....M...I.....	6
HIVK124	.....A....I..SL.....M...I.....	6
HIVCI4	.....A.....S.....M...I.....	4
HIVCI20	.....A....T..SM.....T.....M...I.....	7
HIVCI32	.....L.....T.....	2
HIVCI51	.....A....T..S.....A...R.....M...I.....	7
HIVCI59	.....A....T..PM.....T.....M...I.....	7
HIVG141	.....A.....M...I.....	3
HIVTN238	.....A.....PL.....V.K.G.N.....M...I.....	9
HIVTN243	.....A.....PL.....V...G.N.....M...I.....	8
HIVTN240	.....A....A..PL.....V...G.N.....M...I.....	9
HIVTN245	.....A....A..PL.....V...G.N.....M...I.....	9
HIVLBV105	.....V.....PV.....D.....G.N.....M...I.....	8
HIVLBV23	.....A....I...L.....A.....T.....M...I.....	7
HIVLBV2310	.....A....T..PM.....M...I.....	6
HIVIC144	.....A....T..P.....M...I.....	5
HIVDJ258	.....A.....PM.....T.....M...I.....	6

HIV-1 GAG p24

```
CONSENSUS.B   ........................V.........................................   1
HIVSF2        ........................V.........................................   1
HIVBZ167      .....M...................................................................   1
HIVBZ190      ........................V................A.........................   2
HIVBZ200      ........................V.........................................   1
HIVPH136      ....K.........L..........V.........................................   3
HIVPH153      .....I...................V.........................................   2
HIVTB132      .....M...................V.........................................   2
HIVLAI        .....I...................V.........................................   2
HIVHXB2R      .....I...................V.........................................   2
HIVBH102      .....I...................V.........................................   2
HIVPV22       .....I...................V.........................................   2
HIVMN         .....IE..................V.........................................   3
HIVJH31       .....I...................V.........................................   2
HIVJRCSF      ..........................................................................   0
HIVOYI        .............P...........V................A.........................   3
HIVNY5CG      ........................V.........................................   1
HIVNL43       ........................V.........................................   1
HIVCDC41      ......................................A...........................   1
HIVHAN        ........................V.........................................   1
HIVCAM1       ........................V.........................................   1
HIVRF         ........................V.........................................   1
HIVD31        .............P...........V.........................................   2
HIVJRFL       .....M...................V.........................................   2
HIVUG280      .....I...................V.........................................   2
HIVYU2        ........................V.........................................   1

CONSENSUS.C   ...................................-....T...........................   1
HIVUG268      ..............L........................T...........................   2
HIVSM145      ...................................I....T...........................   2
HIVZAM18      ..........I.................G......I....T...........................   4
HIVZAM19      ..........................-.....-------------------------------------   0
HIVDJ259      .............PL........................T...........................   3
HIVVI313      .............PM........................T...........................   3

CONSENSUS.D   ..........................................................................   0
HIVELI        ..........................................................................   0
HIVNDK        ..........................................................................   0
HIVZ2Z6       ..........................................................................   0
HIVVI203      ..............L.................N.....................................   2
HIVVI205      .......................E...........T........................H.......   3
HIVG109       ..............L.................N.......A.................A..........   4
HIVK31        .............VM.......................................................   2
HIVUG274      ......................................T...........................   1
HIVUG270      ...................................................A................   1
HIVSE365      ..............L...............D.........T...........................   3

CONSENSUS.F   ..........................................................................   0
HIVVI174      ..........................................................................   0
HIVVI69       ..........................................................................   0
HIVBZ162      .............S............................................................   1

CONSENSUS.O   .....A....................V.........................................   2
HIVVI191-U2   .....A.......PLT..............N.......................................   5
HIVLBV217-U2  .....A.......P............V.........................................   3
HIVVI525-U3   .....A....................V.........................A.............I..   4
HIVVI557-U3   .....A...P................V.........................A...I............   5
HIVVI325      .....M.......PL..........................AD........................   5
HIVANT70      ...S.A...................AV.....N..I....M......ISY.I.....AI....G.L.V..  16
HIVMVP51      ...T.A...................AV.....N..I....M......V.Y.I.....AI....G.L.V..  15
SIVCPZGAB     .L...A...................V...................L...V.....A.....G...V..   8
```

```
CONSENSUS.A   ............-........P.....................................D.........   6
HIVU455       ......................P..................V...........G.......D..R......  12
HIVUG266      .........-......Q.R..P..................V...VR-................R.-....  17
HIVMAL        ........D...V........P.....................................D.........   8
HIVVI32       DA......G............P..................P...................D.........  13
HIVVI57       ......................P..................P...................D.........   8
HIVVI59       .........-........R..P.......K...............R-.....G.......D..R......  15
HIVVI310      ............V...Q...VP..................................V.............  11
HIVVI354      ............I...Q....P.S.I..............T...........G.......K...K-....  16
HIVVI415      ......................P..................T....A......G...N...D.........  10
HIVK7         .........-...........P..................P...LQ..............D.........  13
HIVK29        ......................P..................P...........G.......D.........  10
HIVK88        ......................P..................P...................D.........   9
HIVK89        ......................P..................P...L...............D.........  11
HIVK98        ......................P..................P...LQ..............D.........  11
HIVK112       ......................P..................P...................D.........   9
HIVK124       N.....................P..................P...................D.........  10
HIVCI4        ....G.......V........PL................................V......R......  10
HIVCI20       ............V........P..................................V..........V..  11
HIVCI32       ............V................................A......N.................   5
HIVCI51       ............T........P..............V...................T.......K.....  12
HIVCI59       ............V...Q....P..................N...........................V..  12
HIVG141       ........D...T.......AP.................................................   7
HIVTN238      E...........V........P..............................N.......D.........  14
HIVTN243      E...........V........P..............................N.......D.........  13
HIVTN240      E...........V........P..............................N.......D.........  14
HIVTN245      E...........V........P..............................N.......D.........  14
HIVLBV105     ............T...R....P.........................I........V...D.........  14
HIVLBV23      D...........V...Q...YP...L...............A...Q..............D..RK.....  18
HIVLBV2310    ............V........P..................N...........................V..  10
HIVIC144      ............V........P..................N...-.......................V..   9
HIVDJ258      ............V........P.....................................D.........   9

CONSENSUS.B   E.................................................N.................   3
HIVSF2        E...........V......................................N.................   4
HIVBZ167      ..................................................N.......K.........   3
HIVBZ190      E.................................................N...............M.   5
HIVBZ200      E........-........................................N............-....   3
HIVPH136      E...................V..............................N...............M.   7
HIVPH153      E.................................................N.................   4
HIVTB132      E.............................................I....H.................   5
HIVLAI        E...........V......................................N.................   5
HIVHXB2R      E...........V......................................N.................   5
HIVBH102      E...........V......................................N.................   5
HIVPV22       E...........V......................................N.................   5
HIVMN         E....................T.............................N.................   6
HIVJH31       E..............AQ.................................................   5
HIVJRCSF      E.................................................N.................   2
HIVOYI        E.................................................N.................   5
HIVNY5CG      E.................................................H.................   3
HIVNL43       E.................................................H.................   3
HIVCDC41      E.................................................N...T.............   4
HIVHAN        E.................................................N.................   3
HIVCAM1       E.................................................N.................   3
HIVRF         E.................................................N.................   3
HIVD31        E.................................................N.................   4
HIVJRFL       E.................................................N.................   4
HIVUG280      E.................................................N.................   4
HIVYU2        E.................................................N.................   3
```

HIV-1 GAG p24

```
CONSENSUS.C   ....................V.......................A......-.......D.........   4
HIVUG268      ....................V.......................N.......................   4
HIVSM145      ................Q...V......D.................A.............D.........   7
HIVZAM18      ....................N....L...................A......N...V...D.........  10
HIVZAM19      -----------------------.....................A......N...V...D.........   4
HIVDJ259      ......................................N.....A.............D.........   6
HIVVI313      ................Q...V....I...................A......N.......D.........   9

CONSENSUS.D   E.........................................-.......................   1
HIVELI        E.........................................A......................V.   3
HIVNDK        E...D...............V.......................A.......................   4
HIVZ2Z6       E.........................................A.......................   2
HIVVI203      E.........................................................................   3
HIVVI205      E..I......................................A............KK.........   8
HIVG109       E.........................................A......A...........K...M.   9
HIVK31        E..............A...................................N.................   5
HIVUG274      E...........V.............................................................   3
HIVUG270      E......................................I....V.......................   4
HIVSE365      E.................................................N.................   5

CONSENSUS.F   ................Q....P...I...................Q..........V.............   5
HIVVI174      ................Q....P...I...................Q......N...V.............   6
HIVVI69       ....................NP......................Q.............D.........   4
HIVBZ162      ...............AQ....P...I...................Q..........V.............   7

CONSENSUS.O   ............-..-.....P...I...................-..............D.........   5
HIVVI191-U2   ............I..PQ....P...I...................R..............D.........  12
HIVLBV217-U2  ............I..QQ....P...I.D.................R.......................  10
HIVVI525-U3   ....................P.......................A......G..A....D.........   9
HIVVI557-U3   ............V........P.......................A.............D.........   9
HIVVI325      ....................P.......................T..........V.............   8
HIVANT70      EV.....V....T..PPV..LP...I...T..........Q....H.T...RP.Q.....D..RK..V..  37
HIVMVP51      EV..........T..PAM..LP...I...T..........Q....I.T...RGANS....D..RK..V..  37
SIVCPZGAB     EV.............T.........L....................T....A.......DV.R..V...  18
```

```
CONSENSUS.A   ..............................F.............................S..R...-     9
HIVU455       ..............................F..........D...................S..R....    16
HIVUG266      ..................E.....KE...K.F..........D...-...............S..R..R.    26
HIVMAL        ..............................F.................................      9
HIVVI32       ................K..............F............G................S..R....    18
HIVVI57       ................K..............F.V......S.D...................S..R...T    16
HIVVI59       ...............V..R.....K......F.I..........................S...R.RV    24
HIVVI310      ..............................F..........A...................S......T    15
HIVVI354      ........................E..N..F.....K........-...................RG..A    23
HIVVI415      ..........T....VK..............F.I...........G...................R...T    18
HIVK7         ..................R............F.A......S.D..G-...............S......T    21
HIVK29        ................K..............F............G.......I........S..R...A    17
HIVK88        ................VK..............F............G................S..R...T    16
HIVK89        ................K..............F..........D...................S..R...T    17
HIVK98        ................K..............F.A...........G................S......T    17
HIVK112       ................K..............F............G................S..RG..T    16
HIVK124       ................K..............F............G................S..R...A    16
HIVCI4        ..............................F.C...................I........S..R...T    16
HIVCI20       ..............................F.............................S..R....    14
HIVCI32       ......................................S.......................S.......     7
HIVCI51       ..............................F.............................S..R....    15
HIVCI59       ..............................F......-......................S..R....    15
HIVG141       ..............................F................................R....     9
HIVTN238      ..........I.....................................................S......T    17
HIVTN243      ..........I.....................................................S......T    16
HIVTN240      ..............................................................S......T    16
HIVTN245      ..............................................................S......S    16
HIVLBV105     ................K..............F..........D......D...............R....    19
HIVLBV23      ..............................F..........D......................R...A    22
HIVLBV2310    ..............................F.V...........................S..R....    14
HIVIC144      ..............................F........S.......................R....    12
HIVDJ258      ..............................F.............................S..R....    12

CONSENSUS.B   ..........T.............................S.............................     5
HIVSF2        ..........T.............................S.D...........................     7
HIVBZ167      ..........I.............................S.D...........................     6
HIVBZ190      ..........T.....K.......................S...............S.............     9
HIVBZ200      ..........T.............................S.............................     5
HIVPH136      ..........T.....K.......................S.............................    10
HIVPH153      ..........T.............................S.D...........................     7
HIVTB132      ..........T.............................S.............P...............     8
HIVLAI        ..........T.............................S.............................     7
HIVHXB2R      ..........T.............................S.............................     7
HIVBH102      ..........T.............................S.............................     7
HIVPV22       ..........T................L............S.............................     8
HIVMN         ..........S.............................S.....RT......................    10
HIVJH31       ..........S.............................S.............................     7
HIVJRCSF      ..............................................................................     2
HIVOYI        ..........T.....  ......................S.D...........................     8
HIVNY5CG      ..........T.............................S.............................     5
HIVNL43       ..........T.............................S.............................     5
HIVCDC41      ..........I.............................S.............................     6
HIVHAN        ..........T.....K.......................................................     5
HIVCAM1       ..........T.............................S.............................     5
HIVRF         ..........I.............................S.D........F..................     7
HIVD31        ..........T.............................................................     5
HIVJRFL       ..........T.............................S.............................     6
HIVUG280      ..........T.....K.......................S...............S.............     8
HIVYU2        ..........T.............................S.............................     5
```

HIV-1 GAG p24

```
CONSENSUS.C    ................K.............F..........D......D...............R....    9
HIVUG268       ................K.............F..........D......D...............R....    9
HIVSM145       ................K.............F..........D......D...............R....   12
HIVZAM18       ................K.............F..........D.....................R....   14
HIVZAM19       ...............................F..........D.....................R....    7
HIVDJ259       ...............................F........S.D......D...............R....   11
HIVVI313       ................K.............F..........D......D...............R....   14

CONSENSUS.D    ......................................S.D...........................    3
HIVELI         ......................................S.D...........................    5
HIVNDK         ......................................S.D...........................    6
HIVZ2Z6        ......................................S....G........................    4
HIVVI203       ......................................................................    3
HIVVI205       .....K...............K.................S.D...........................   12
HIVG109        ......................................S.D...........................   11
HIVK31         ......................................S.D...........................    7
HIVUG274       ......................................S.D.................R........    6
HIVUG270       ......................................S.D...........................    6
HIVSE365       ..................................................................N.......    6

CONSENSUS.F    ...............................F.............G...D....................    8
HIVVI174       ...............................F.............G...D....................    9
HIVVI69        ...............................F......E......G...D...I.............M..   10
HIVBZ162       ...............................F.............G...D....................   10

CONSENSUS.O    ...............................F.................D...................    7
HIVVI191-U2    ...............................F.............G...D...............R....   16
HIVLBV217-U2   ...............................F..........D......D....................   13
HIVVI525-U3    ................K..............F..........D......D............N......T   15
HIVVI557-U3    ...............................F.A...........G...D...............R...Q   15
HIVVI325       ................K.....S........F.................D....................   12
HIVANT70       ...M.K..........K.........................................Q...S...   42
HIVMVP51       ...M.K.................................................S.....Q.......   41
SIVCPZGAB      ...V....C..............................S........D............Q.......   23
```

```
CONSENSUS.A    ........................    9
HIVU455        ........................   16
HIVUG266       K...........R.R..S...Q..   31
HIVMAL         .................S......   10
HIVVI32        ........................   18
HIVVI57        .................S......   17
HIVVI59        R....................K..   26
HIVVI310       .................S....I.   17
HIVVI354       ....K.......E..E........   26
HIVVI415       ........................   18
HIVK7          .................S...K..   23
HIVK29         ..........S.............   18
HIVK88         ........................   16
HIVK89         ........................   17
HIVK98         ........................   17
HIVK112        .......................I.   17
HIVK124        ................ .S......   17
HIVCI4         ........................   16
HIVCI20        ........................   14
HIVCI32        ........................    7
HIVCI51        .........S..............   16
HIVCI59        ........................   15
HIVG141        ........................    9
HIVTN238       .................S......   18
HIVTN243       .................S......   17
HIVTN240       .................S......   17
HIVTN245       .................S......   17
HIVLBV105      ..S.....................   20
HIVLBV23       ........................   22
HIVLBV2310     A.......................   15
HIVIC144       ........................   12
HIVDJ258       .........S..............   13

CONSENSUS.B    A.......................    6
HIVSF2         A.......................    8
HIVBZ167       A.......................    7
HIVBZ190       A.......................   10
HIVBZ200       A.......S...............    7
HIVPH136       A................S......   12
HIVPH153       A.......................    8
HIVTB132       A.......................    9
HIVLAI         A.......................    8
HIVHXB2R       A.......................    8
HIVBH102       A.......................    8
HIVPV22        A.......................    9
HIVMN          A.......................   11
HIVJH31        A.......................    8
HIVJRCSF       A.......................    3
HIVOYI         A.......................    9
HIVNY5CG       A....... ...............    6
HIVNL43        ........................    5
HIVCDC41       A.......................    7
HIVHAN         A.......................    6
HIVCAM1        A.......................    6
HIVRF          A................S....I.   10
HIVD31         A.......................    6
HIVJRFL        A.......................    7
HIVUG280       A.......................    9
HIVYU2         A.......................    6
```

HIV-1 GAG p24

```
CONSENSUS.C     ..S.............S.....    11
HIVUG268        ..S.....................   10
HIVSM145        ..S.............A.....    14
HIVZAM18        A...............S.....    16
HIVZAM19        A...............S.....     9
HIVDJ259        ..S.............S.....    13
HIVVI313        ..S.....................   15

CONSENSUS.D     -...............S.....     4
HIVELI          Q...............S.....     7
HIVNDK          Q.....................     7
HIVZ2Z6         Q...............S.....     6
HIVVI203        ................S.....     4
HIVVI205        Q...K.......E....S.....    16
HIVG109         A...............S.....    13
HIVK31          .....................      7
HIVUG274        ................S.....     7
HIVUG270        A...............S.....     8
HIVSE365        ..............E.S.....     8

CONSENSUS.F     .....................      8
HIVVI174        .....................      9
HIVVI69         .....................     10
HIVBZ162        .....................     10

CONSENSUS.O     ................-.....     7
HIVVI191-U2     .....................     16
HIVLBV217-U2    ................S.....    14
HIVVI525-U3     ..SI............S.....    18
HIVVI557-U3     ..SI..............K..     18
HIVVI325        ..S.................I.    14
HIVANT70        ........V........T.....    44
HIVMVP51        E.......V........T...KI.   46
SIVCPZGAB       ................S.....    24
```

The HIV1POL pattern represents subtype B only. Information dense stretches (0.96 amino acid equivalents or greater) in B subtype sequences are indicated by ****. Ordinary consensus sequences (taken from Part II) are shown above this pattern. Lower case 'q' in the patterns indicates 'gap' (not glycine; for further discussion of the patterns, see Part II).

```
CONSENSUS.A FFRE.NLAFQQGEAREF.............SSE..QTRANSPTSRNLWDGGKDD..LP...CETGAER..Q      48
CONSENSUS.B ----.d---?--k-ref?????????????s-e..-t-----trrElqVWgrdnnSlS????-A-aD ..-      48
CONSENSUS.D ----.d---P--K-G-l.............se..---------- E-RVW-r-.NP-S....e-------      48
CONSENSUS.O -- e??la??q?ea-qL.............CA-???s??nsp dr?l??qqg?e????.???e?q?erg?e      33

                                                  *****
HIV1POL     FFREq^LAFXQG^Ag^^gggggggggggq^SXqqQ^RANSPX^^EX^VWXXqg^SXSqqqqEAGXDRqqQ      70
                D       K  KI             A       D       DK  K       D
                N       R  RV             G       E       ER  P       E
                        E  EL             S       N       N   E       N
                        Q  QM             T       Q       Q   Q       Q
                           F              P       K       K           K
                           W                      R       R           R
                           Y                      H       H           H
                           C                      S       S           S
                                                  T       T           T

                    \/ protease  <- gag cds end
CONSENSUS.A G...TDSFSFPQITLWQRPLVTVKIGGQLIEALLDTGADDTVLEDINLPGKWKPKIIGGIGGFIKVRQYD     115
CONSENSUS.B ...tV-fsf--i------l--ik------K---------- leeMn  qr---M---------r---     115
CONSENSUS.D ....-V--nf---------- tI------K---------- ----------Em---------M-----------     115
CONSENSUS.O ??????-??l-q-p--q--???v?v?-qlCea- --------?e? q-q ? --m------ k-kqyd      87

                        ******     ******************          ********** ***
HIV1POL     GgqqXVS^^^PQ^TLWQRP^VT^^IGGQLKEALLDTGADDTV^X^M^LPX^WKPKMIGGIGGFIKVXQYD     140
                  IDI  I       I  IK                  I D D   K
                  VEV  V       V  VR                  V E E   R
                  LNL          L                      L   N
                  MQM          M                      M   Q
                  FKF                                     K
                  WRW                                     R
                  YHY                                     H
                  CSC                                     S
                   T                                      T

                                          protease \/ p66, p51
CONSENSUS.A QILIEICGKKTIGTVLVGPTPVNIIGRNMLTQIGCTLNFPISPIETVPVKLKPEMDGPKVKQWPLTEEKI     185
CONSENSUS.B --lie---H-Ai-------------- ---L---i-------------------G-- -- -- -- ---     185
CONSENSUS.D --l-----?-Ai-------------- -------L---------- -- ------ G---------- ---     184
CONSENSUS.O nV?ie-egR?V?g---v--t------- i-t?L----n -- ?iet ----pG--- k ----Sk--      152

            **  ************************************************************
HIV1POL     QIX^XICGHKA^GTVLVGPTPVNIIGRNLLTQ^GCTLNFPISPIETVPVKLKPGMDGPKVKQWPLTEEKI     210
               I       I                    I
               V       V                    V
                                            L
                                            M
CONSENSUS.A KALTEICNEMEKEGKISKIGPENPYNTPVFAIKKKDSTKWRKLVDFRELNKRTQDFWEVQLGIPHTAGLK     255
CONSENSUS.B -a-v---T----------i-------------------------------kr-----------P-----     255
CONSENSUS.D --------Te--------Ri-------I-------------------------------------P-----     254
CONSENSUS.O e--te--qem-?-g---r---e-----l------ ?t ----------------d   v      Pa---     220

            ************************************************************************
HIV1POL     KXL^EICTEMEKEGKISK^GPENPYNTPVFAIKKKDSTKWRKLVDFRELN^^TQDFWEVQLGIPHPAGLK     280
               I                I                                KK
               V                V                                RR
```

```
CONSENSUS.A KKKSVTVLDVGDAYFSVPLDESFRKYTAFTIPSINNETPGVRYQYNVLPQGWKGSPSIFQSSMTKILEPF    325
CONSENSUS.B kk-----------------dkd-----------i-----gi---------------A---s---k-----    325
CONSENSUS.D --------------------eD---------p--------I---------------A-------------    324
CONSENSUS.O q-k-------------c---?D-----------v------i--q------------a---s------?--    288

            *******************   *********** *****  *******************     *****
HIV1POL     ^^KSVTVLDVGDAYFSVPL^^^FRKYTAFTIPSXNNETPXXRYQYNVLPQGWKGSPAIFQXSMT^ILEPF    350
            KK                  DKD                                         D
            RR                  ERE                                         E
            E                   NE                                          N
            Q                   QQ                                          Q
                                K                                           K
                                R                                           R
                                H                                           H
                                S                                           S
                                T                                           T

CONSENSUS.A RSQHPDIVIYQYMDDLYVGSDLEIGQHRAKIEELRAHLLSWGFITPDKKHQKEPPFLWMGYELHPDKWTV    395
CONSENSUS.B rK-N-div----------------g---t------q---r--fT-------------------------    395
CONSENSUS.D -K-N-Ei--------------------T---e--E---R---Tt-------------------------    394
CONSENSUS.O -?kn-??e-y-----------leit?--k?i-?--q--??--ft------------l-------------    350

                    ****************     ******        ***************************
HIV1POL     ^KQNP^^^IYQYMDDLYVGSDLEIXQHRXKIEELR^HLL^WG^TTPDKKHQKEPPFLWMGYELHPDKWTV    420
            K    DII                            K   K  I
            R    EVV                            R   R  V
                  L                             E      L
                  M                             Q      M
                                                       F
                                                       W
                                                       Y
                                                       C
CONSENSUS.A QPIQLPEKDSWTVNDIQKLVGKLNWASQIYAGIKVKQLCKLLRGAKALTDIVTLTEEAELELAENREILK    465
CONSENSUS.B ---v--------------------------a----kq-------t----EVip--e--------------    465
CONSENSUS.D -s-k----E--------k--gk--------p----r--------T----EViP-----------------    464
CONSENSUS.O  ?-q--ekdv---------i----------p--k?kq--k-I--t-s--dv-pltr------e--rei??    416

            *******************************       ******* ******     **************
HIV1POL     QPIXLPEKDSWTVNDIQKLVGKLNWASQIY^GIKV^^LCKLLRGXKALTEV^XLT^EAELELAENREILK    490
                                          A    KD              I   K
                                          G    RE              V   R
                                          S     N                  E
                                          T     Q                  Q
                                          P     K
                                                R
                                                H
                                                S
                                                T
```

```
CONSENSUS.A DPVHGVYYDPSKDLVAEIQKQGQDQWTYQIYQEPFKNLKTGKYARKRSAHTNDVKQLTEVVQKVSTESIV   535
CONSENSUS.B E---g--y------1a-1----qG------y-----n-------rmrGa----v-----A---1at-s--   535
CONSENSUS.D E-------------I--1----hG----------------------m-G----------a-a--kIs-----   534
CONSENSUS.O ?-------?-D-?-???-----??------y-eeh-n--t---a-q???---d1R--Aevv--1??---v   473

            ****    *******          ******* ***** *******          *********     **
HIV1POL     EPVHXVY^DPSKDL^XE^QKQG^GQWTYQI^QEPFKXLKTGKYA^X^G^HTND^KQLTEAVQK^^^E^IV   560
                  I       I  I     E       F              K K A     I          IAD A
                  v       V  V     Q       W              R R G     V          VGE G
                  L          L             Y                 S                SN S
                  M          M                               T                TQ T
                  F                                          P                PK P
                  W                                                            R
                  Y                                                            H
                  C                                                            S
                                                                               T

                                                                        p51 \/
CONSENSUS.A IWGKIPKFRLPIQKETWEAWWMEYWQATWIPEWEFVNTPPLVKLWYQLEKDPIAGAETFYVDGAANRETK   605
CONSENSUS.B ----t---k--------ea--te-wq--------f--------------ke--v-----------n---k   605
CONSENSUS.D ---kT---r---------T--?-------------------------E--I---------------     603
CONSENSUS.O ---k?---?--vtr-t-ea--ad-----------vn----1k---?-e?e--p?ae-y--------etk   538

            ****     ********         ******** **************     ***********
HIV1POL     IWGKXPKF^LPIQKETW^^WWX^YXXATWIPEWE^VNTPPLVKLWYQLE^^PI^GAETFYVDGAA^RET^   630
                  K        DA   D           I              DD  I           D   K
                  R        EG   E           V              EE  V           E   R
                            S               L              N               N
                            T               M              Q               Q
                            P               F              K               K
                                            W              R               R
                                            Y              H               H
                                            C              S               S
                                                           T               T

CONSENSUS.A LGKAGYVTDRGRQKVVSLTETTNQKTELHAIHLALQDSGSEVNIVTDSQYALGIIQAQPDRSESEIVNQI   675
CONSENSUS.B l-------dr------sltD--------Q--h-------L-----t-----l--------k----L-s--   675
CONSENSUS.D ----------------Pf-D--------Q--N-------L--------------------K----L-s--   673
CONSENSUS.O l-------d?-kqk11?-??----qA--?-1Ll--q--???---------a--v1qsq-dq---pl-?q-   599

             *******  ******   ********************************** ******** ******
HIV1POL     XGKAGYVT^^GRQKVV^^XDTTNQKTELQAI^LALQDSGLEVNIV^DSQYA^GIIQAQPD^SESELV^QI   700
                  DK       AI             F              S     I       K       D
                  ER       GV             W              T     V       R       E
                  N        SL             Y                    L       E       N
                  Q        TM             H                    M       Q       Q
                  K        P                                                   K
                  R                                                            R
                  H                                                            H
                  S                                                            S
                  T                                                            T
```

HIV-1 POL

```
CONSENSUS.A IEKLIEKEKVYLSWVPAHKGIGGNEQVDKLVSSGIRKVLFLDGIDKAQEDHEKYHCNWRAMASDFNLPPV   745
CONSENSUS.B --q--K------a---------------k---a--------d------ee-----S--r---s------v   745
CONSENSUS.D --Q--K------A-------------------Q----------------E-----N--------------   743
CONSENSUS.O -ee-ıKk-qı--s-------------qv-----?g--?----e---?---d-ek--S--kal-sefn---ı   666

            ********* ***************     ***************  ********     *******
HIV1POL     IE^LIKKEKVYL^WVPAHKGIGGNEQVDXLVS^GIRKVLFL^GIDKAQ^^HEKYHSNW^AMA^DFNLPP^   770
              E         A                   A        D      DD        K   D       I
              Q         G                   G        N      EE        R   E       V
                        S                   S                            N
                        T                   T                            Q
                        P                   P                            K
                                                                         R
                                                                         H
                                                                         S
                                                                         T

CONSENSUS.A VAKEIVASCNKCQLKGEAMHGQVDCSPGIWQLDCTHLEGKVILVAVHVASGYIEAEVIPAETGQETAYFI   815
CONSENSUS.B ---------D-----------------------------v-----------------a---------l   815
CONSENSUS.D ---------D-------------------------------------------------------------l   813
CONSENSUS.O -----ı-?-d--hv----?--------gı--v----l---v-I-----a--f-----ıpa---qe----L   734

            ************************************************************ *********
HIV1POL     VAKEIVASCDKCQLKGEAMHGQVDCSPGIWQLDCTHLEGK^ILVAVHVASGYIEAEVIPXETGQETAYF^   840
                                                    I                           I
                                                    V                           V
                                                                                L
                                                                                M

CONSENSUS.A LKLAGRWPVKVIHTDNGSNFTSAAVKAVCWWANIQQEFGIPYNPQSQGVVESMNKELKKIIGQVREQAEH   885
CONSENSUS.B ---------ktı-----s--tstT-k-A---aGıK--------------v----ke--k------D----   885
CONSENSUS.D ----------vV-----------a---A----G-K-----------------------------D----   883
CONSENSUS.O ----?-----t------p----aav--A----n-qq--------------sm--e--?--g-v-D---h   802

            *********   *****          *****   ****************          ***********
HIV1POL     LKLAGRWPV^X^HTDNG^NFX^^TV^AACWW^G^KQEFGIPYNPQSQGV^ESMN^^LK^IIGQVRDQAEH   910
                      D I     A   AA  K     A I                I    DE  K
                      E V     G   GG  R     G V                V    EQ  R
                      N       S   SS        S                       N   E
                      Q       T   TT        T                       Q   Q
                      K       P   PP        P                       K
                      R                                             R
                      H                                             H
                      S                                             S
                      T                                             T
```

```
CONSENSUS.A LKTAVQMAVFIHNFKRKGGIGGYSAGERIIDIIATDIQTKELQKQISKIQNFRVYYRDSRDPIWKGPAKL    955
CONSENSUS.B --t-------------------------vd-------t-------T-----------srd-l---p---    955
CONSENSUS.D ----------------kg---------------------k------l----------------------    953
CONSENSUS.O -k---q---fi------------Ta-e--l--l-td---te--k--L-?qk---y-------l-----q-    871

            ** ************************** ******* ******************         ***
HIV1POL     LK^AVQMAVFIHNFKRKGGIGGYSAGERI^XIIATDIQXKELQKQITKIQNFRVYYRD^^^P^WKGXAKL    980
              D                            I                                DKD I
              E                            V                                ERE V
              N                                                             N N L
              Q                                                             Q   M
              K                                                             K   F
              R                                                             R   W
              H                                                             H   Y
              S                                                             S   C
              T                                                             T

                                    vif cds ->
CONSENSUS.A LWKGEGAVVIQDNSDIKVVPRRKAKIIRDYGKQMAGDDCMAGRQDED              1002
CONSENSUS.B -------------sd--------a-l-------mag---V-s-----              1002
CONSENSUS.D ------------n----------V---------------V-S-----              1000
CONSENSUS.O ------------?G??------------?-------?-??-S?-?-??SVEQPSEIP    917

            ************* ********   *******   ***** *****
HIV1POL     LWKGEGAVVIQDN^^IKVVPRRKXK^IRDYGKQX^^DDCVA^RQDED              1027
                        DD          I        AA     A
                        EE          V        GG     G
                        N                     S      S
                        Q                     T      T
                        K                     P      P
                        R
                        H
                        S
                        T
```

HIV1POL:24 RANSP

HIV1POL:64 TLWQRP
Part of a cytotoxic T-cell epitope. Hosmalin et al., PNAS 87:2344-2348 (1990).

Immediately C-terminal to the protease NH2-terminus.

HIV1POL:75 IGGQLKEALLDTGADDTV
The "DTG" is a conserved feature of retroviral aspartic proteases, with D being a catalytic residue. Weber et al. Science 243:928-30 (1989).

HIV1POL:102 WKPKMIGGIGGFIKV

HIV1POL:118 QYDQi

HIV1POL:126 ICGHKAaGTVLVGPTPVNIIGRNLLTQcGCTLNFPISPIETVPVKLKPGMDGPKVKQWPLTEEKIKXLa
                                                  * *
EICTEMEKEGKISKaGPENPYNTPVFAIKKKDSTKWRKLVDFRELNnnTQDFWEVQLGIPHPAGLKpn

KSVTVLDVGDAYFSVPL
Part of a cytotoxic T-cell epitope -- peptide 40 of Walker et al., PNAS 86:9514-18 (1989).

Mutational analyses -- Louis et al., BBRC: 164, 30-38, 1989; Loeb et al., Nature 340: 397-400, 1989.

The protease/p66,51 cleavage site is between F and P in TLNFPI (Lightfoote et al., J. Virol. 60: 771-5, 1986 and di Marzo Veronese et al., Science 231: 1289-91, 1986).

*Sites that can contribute to AZT resistance when mutated. Larder and Kemp, Science 246:1155-58 (1989).

HIV1POL:283 FRKYTAFTIPS

HIV1POL:295 NNETP

HIV1POL:302 RYQYNVLPQGWKGSPAIFQ

HIV1POL:326 ILEPF
Part of a cytotoxic T-cell epitope -- peptide 49 of Walker et al., PNAS 86:9514-18 (1989).

HIV1POL:339 IYQYMDDLYVGSDLEI
Part of a cytotoxic T-cell epitope -- peptide 50 of Walker et al., PNAS 86:9514-18 (1989).
HIV1POL:360 KIEELR

*

HIV1POL:374 TTPDKKHQKEPPFLWMGYELHPDKWTVQPIXLPEKDSWTVNDIQKLVGKLNWASQIY
*Site that can contribute to AZT resistance when mutated. Larder and Kemp, Science 246:1155-58 (1989).
HIV1POL:438 LCKLLRG

HIV1POL:446 KALTEV

HIV1POL:457 EAELELAENREILKEPVH
Part of a cytotoxic T-cell epitope -- peptide 57 of Walker et al., PNAS 86:9514-18 (1989).
HIV1POL:479 DPSKDL

HIV1POL:494 GQWTYQI
Part of a cytotoxic T-cell epitope -- peptide 59 of Walker et al., PNAS 86:9514-18 (1989).
HIV1POL:502 QEPFK

HIV1POL:508 LKTGKYA
Part of a cytotoxic T-cell epitope -- peptide 59 of Walker et al., PNAS 86:9514-18 (1989).
HIV1POL:525 KQLTEAVQK

HIV1POL:539 IVIWGK

HIV1POL:550 LPIQKETW

HIV1POL:567 ATWIPEWE

HIV1POL:576 VNTPPLVKLWYQLE

HIV1POL:595 GAETFYVDGAA

HIV1POL:612 GKAGYVT

HIV1POL:621 GRQKVV

HIV1POL:630 DTTNQKTELQAIeLALQDSGLEVNIV1DSQYA

HIV1POL:663 GIIQAQPD

HIV1POL:672 SESELV

HIV1POL:684 LIKKEKVYL

HIV1POL:694 WVPAHKGIGGNEQVD

HIV1POL:714 GIRKVLFL1GIDKAQ

HIV1POL:731 HEKYHSNW

HIV1POL:744 DFNLPPaVAKEIVASCDKCQLKGEAMHGQVDCSPGIWQLDCTHLEGKaILVAVHVASGYIEAEVIP

HIV1POL:811 ETGQETAYF

HIV1POL:821 LKLAGRWPV

HIV1POL:833 HTDNG

HIV1POL:847 AACWW

HIV1POL:855 KQEFGIPYNPQSQGV

HIV1POL:880 IIGQVRDQAEHLK

HIV1POL:894 AVQMAVFIHNFKRKGGIGGYSAGERI

HIV1POL:922 IIATDIQ

HIV1POL:930 KELQKQITKIQNFRVYYRD
Part of a helper T-cell epitope -- peptide pol3 of Schrier et al.,
J. Immunol. 142:1166-76 (1989).

HIV1POL:958 AKLLWKGEGAVVIQDN

HIV1POL:976 IKVVPRRK

HIV1POL:987 IRDYGKQ

HIV1POL:997 DDCVA

HIV1POL:1003 RQDED

HIV-1 VIF

The HIV1VIF pattern represents subtype B only. Information dense stretches (0.8 amino acid equivalents or greater) in B subtype sequences are indicated by ****. Ordinary consensus sequences (taken from Part II) are shown above this pattern. Lower case 'g' in the patterns indicates 'gap' (not glycine; for further discussion of the patterns, see Part II).

```
                          <- pol cds
CONSENSUS.A MENRWQVMIVWQVDRMKIRTWNSLVKHHMYVSKKAQGWFYRHHYESRHSRVSSEVHIPLGE..ARLVVRT     68
CONSENSUS.B ----wq--i---v---R-rt-ks-----m-i-?--kgwf-r-----thPri----h--l-d..ar--iT-     67
CONSENSUS.D ----------------R-?--K----h--------nR-------d-p-PKI----------..-r--vk-     67
CONSENSUS.O -enrwq-?i---v--mrik?-n----y-?y?skka?n-?-----esrnPkvssevh--?????a?lv-tt     58

                ************     *****           ****************          *****
HIV1VIF     MENRXXVM^VWQXDRMRI^^W^^LVKHH^YXSXKA^XXXY^HHYES^^P^^SSEV^IPXG^gqX^LV^TT     70
                I          DA DD     I       K     K      AD KI     D     D    D  I
                V          EG EE     V       R     R      GE RV     E     E    E  V
                           NS NN     L       E            SN        N          N
                           QT QQ     M       Q            TQ        Q          Q
                           KP KK                          PK        K          K
                           R  RR                           R        R          R
                           H  HH                           H        H          H
                           S  SS                           S        S          S
                           T  TT                           T        T          T

CONSENSUS.A YWGLHTGEKDWHLGHGVSIEWRLKRYSTQVDPDLADHLIHLHYFDCFSESAIRRAILGQIVRPRCEYQAG    138
CONSENSUS.B ------geRd-h--q-vsi--rkkr-s-----d---q---ly------e---rnail-?ivS-r--yq--    136
CONSENSUS.D --------re----Q-------KR--------G---Q---MY-----s-s---K----h--Spr------    137
CONSENSUS.O y-g-?p--r?w--------e-r?k?-?--?--et--rm--l?--?--?es-i-?----qrvlt?-e-??-    115

            ***********                 *****          **********                **
HIV1VIF     YWGLHTG^R^W^LG^GX^^EW^^^XY^TQVDPXLAD^LIHX^YFDCFS^SAI^^^X^GXXXSPXCE^XAG    140
                  K D D  D  AI  KDK  D         D    F       D   KDA I         F
                  R E E  E  GV  RER  E         E    W       E   REG V         W
                  E   N  N  SL   N   N         N    Y           NS L         Y
                  Q   Q  Q  TM   Q   Q         Q    H           QT M
                      K  K  P    K   K         K                KP
                      R  R       R   R         R                R
                      H  H       H   H         H                H
                      S  S       S   S         S                S
                      T  T       T   T         T                T
                                        vpR cds ->
CONSENSUS.A HNKVGSLQYLAL.KAL...VTPTRAKPPLPSVKKLTEDRWNKPQKTRGHRGSRTLNRH1    192
CONSENSUS.B -n-v-s------.a--...itpKki-----s-?----------q--K--r--h-mnG-1    189
CONSENSUS.D -n----------.t--...iA-KkI-------R----------k-k-hr--H M-G-1    191
CONSENSUS.O -sq--t--?--l?kal??????k??rppl--v?k--------p?r?r?h??s??m-G-1    155

            ************            *****   ******************
HIV1VIF     H^K^G^LQYLALg^ALgqgXX^K^XKPPLPXVXKLTEDRWNKP^KTKGH^GS^T^^GH1    198
             D I A       A       A K                 K     K  D ID
             E V G       G       G R                 R     R  E VE
             N   S       S       S E                 E        N LN
             Q   T       T       T Q                 Q        Q MQ
             K   P       P       P                            K  K
             R                                                R  R
             H                                                H  H
             S                                                S  S
             T                                                T  T


HIV1VIF:6 VMaVWQXDRMRI

HIV1VIF:23 LVKHH
```

HIV1VIF:39 YnHHYESjrPnaSSEV

HIV1VIF:64 LVaTTYWGLHTGpRkW

HIV1VIF:96 TQVDP

HIV1VIF:111 YFDCFSkSAI

HIV1VIF:137 AGHrKaGjLQYLAL
This fragment is similar to a conserved pattern in HIV2, "VPSLQyLAL"
(and in all known lentiviral vif or Q orf proteins).

HIV1VIF:162 KPPLP

HIV1VIF:170 KLTEDRWNKPpKTKGHnGS

HIV-1 VPR

The HIV1VPR pattern represents subtype B only. Information dense stretches (0.81 amino acid equivalents or greater) in B subtype sequences are indicated by ****. Ordinary consensus sequences (taken from Part II) are shown above this pattern. Lower case 'g' in the patterns indicates 'gap' (not glycine; for further discussion of the patterns, see Part II).

```
                          <- vif cds
CONSENSUS.A MEQAPEDQGPQREPYAEXALELLEELKHEDVRHFPRQWLHGLGQHIYNTYGDTWEGVEAIIRILQQLLFI    70
CONSENSUS.B ---a--------e-yNeWt----ee--s-A------i--hs-g-h--E------a----i--i-------    70
CONSENSUS.D -----e---------N-Wt--------S-A------I---S---h--E------a----i----------    70
CONSENSUS.O ----pedq--?r--?n-W?--l---l-?-A-----rpw-h?lg-?iyet-gdtw?gv?aiiril-qllfi    62

            ************************************         *************************
HIV1VPR     MEQ^PEDQGPQR^P^NXW^LELL^^LK^EAVRHFPRXWLXXLXQ^IYETYGDTWXGVEA^IRXLQQLLFI    70
               A         E F   A     KK  D                F               I
               G         Q W   G     RR  E                W               V
               S           Y   S     EE  N                Y               L
               T           H   T     QQ  Q                H               M
               P               P         K
                                         R
                                         H
                                         S
                                         T

                          tat cds ->
CONSENSUS.A HFRIGCQHSRIGIIP...GRRG.RNGASRSi                                        96
CONSENSUS.B --rigcqh--i-itr...q--a?---a---1                                        96
CONSENSUS.D -----------g-tR...Q--A.---S---1                                        96
CONSENSUS.O -?rig-qh-----lp?????-g?r--Ss--1                                        85

            **********              *******
HIV1VPR     HF^XX^^^SR^G^XXggg^RR^gRNG^SRS1                                       100
              K  IDD  I I     K  A    A
              R  VEE  V V     R  G    G
              E  LNN  L       E  S    S
              Q  MQQ  M       Q  T    T
                 FKK             P    P
                 WRR
                 YHH
                 CSS
                  TT
```

```
HIV1VPR:0 MEQjPEDQGPQRoPeNXWjLELLppLKrEAVRHFPR
See Tristem et al., Nature 347:341-1, 1990.
The fragment 'EAVRHFPR' is similar to a conserved pattern in HIV2, "EALkHFDP".

HIV1VPR:45 IYETYGDTWXGVEAcIRXLQQLLFIHFRIGCpHSR
        This fragment contains a region similar to a conserved pattern in HIV2,
        "LQRAL".

HIV1VPR:90 RNGjSRS
```

The HIV1TAT pattern represents subtype B only. Information dense stretches (0.8 amino acid equivalents or greater) in B subtype sequences are indicated by ****. Ordinary consensus sequences (taken from Part II) are shown above this pattern. Lower case 'g' in the patterns indicates 'gap' (not glycine; for further discussion of the patterns, see Part II).

```
                                                    \/3'sj \/3'sj
                                                  rev cds ->
CONSENSUS.A M?PVDPNLEPW?HPGSQPTT?CS?CYCKVCC?HC??CFL?KGLGISYG?KKR..??RRG?PQ.??KDHQ?     52
CONSENSUS.B -e----r----k------ktactn----k--f--qv--tt-g-g----R----..RQ-rrapq.dSqt--v     67
CONSENSUS.D -D-----l-p-N------r---Nk-h--K--Y--qv--it--------R----..RQ--rPp-.GgQa---     65
CONSENSUS.O -D-v-pe?p--h--gsq-qtp-NN----r--Y--yv--tk------y-R-k-??--r-?aaa?ssp?n?D     61

            ******************      *******          ************  ***
HIV1TAT     M^PVDP^LEPW^HPGSQP^^XX^^CYCK^CC^HCXXCFX^K^L^ISYGRKKRggRQR^X^XXgXS^XHQX     70
             D    D    K       KA  DD    K  I       D A A             K A     K
             E    E    R       RG  EE    R  V       E G G             R G     R
                  N    E        S  NN    E  L       N   S             E S     E
                  Q    Q        T  QQ    Q  M       Q   T             Q T     Q
                  K             P  KK       F       K   P               P
                  R                RR       W       R
                  H                HH       Y       H
                  S                SS       C       S
                  T                TT               T

          exon \/ exon
CONSENSUS.A ?IPKQ??PQ?Q?V.??G??ESKKKVESKA?TDRF?*                                      75
CONSENSUS.B sLs--P-sqprGD.PtgPkes-kk--rEtEtdP?d?*                                      99
CONSENSUS.D P1-?-PSS-pRGD?PT-PKe?------E-E--P*                                         95
CONSENSUS.O pvpkqs-??-?-?.--?--kt?rkq?rqeEqe??VEK??GP?G?P????SC??CTR?S?Q*             92

HIV1TAT     ^L^KQP^^^X^GDgP^^P^^^K^^VEXE^E^^PXXQ*                                    106
            A A   AAD K    DA DKA KK    A AD
            G G   GGE R    EG ERG RR    G GE
            S S   SSN E    NS NES EE    S SN
            T T   TTQ Q    QT QQT QQ    T TQ
            P P   PPK      KP K P       P PK
                    R      R  R           R
                    H      H  H           H
                    S      S  S           S
                    T      T  T           T
```

HIV1TAT:1 MkPVDPrLEPWpHPGSQP

Acidic residues in the "k" and "D" (second and fifth) positions are required for full Tat activity. Rappaport et al., The New Biologist 1:101-110 (1989).

MAb -- Brake et al., J. Virol. 64:962-5, 1990.

HIV1TAT:25 CYCKpCC

HIV1TAT:41 KhLjISYGRKKRRQR

The "GRKKR" has been implicated in nuclear localization. Ruben et al., J. Virol. 63:1-8 (1989) and Hauber et al., J. Virol. 63:1181-87 (1989). Part of region III as defined by Green and Lowenstein, Cell:55, 1179-88, 1988.
MAb -- Brake et al., J. Virol. 64:962-5, 1990.
This fragment contains a region similar to a conserved pattern in HIV2, "KGLGI".

HIV-1 REV

The HIV1REV pattern represents subtype B only. Information dense stretches (0.8 amino acid equivalents or greater) in B subtype sequences are indicated by ****. Ordinary consensus sequences (taken from Part II) are shown above this pattern. Lower case 'g' in the patterns indicates 'gap' (not glycine; for further discussion of the patterns, see Part II). George Pavlakis prepared the mini-review of REV that begins on the following page.

```
            \/ 3'sj                exon\/exon
CONSENSUS.A MA?RSG??DE.?LLKA?RIIK?LYQSNP?P?P?G.SRQARKNRRRRWRARQRQIDS?SERILS?CLGRPA     57
CONSENSUS.B --Grsgdsde.ellktV-l--f------p-spe-.Trq--R-------e---q-rsi-ewilsty-g-sa     68
CONSENSUS.D --G---Ds--.d--k---L---------P-spE-?T----R-------------hsIq---lsTy---pe     66
CONSENSUS.O --G--E---??q--Q-iq---I--------s---.s-n--k-------r--a-vd?la?-v-ATvvhgpq     61

                                  ******          **********
HIV1REV     MAGRrGXSkpgkLcrjVRfIKXLYQSNPXPXXpGgTXrARRNRRRRWRXRQRrIrXfSXXccXXXLXRXX     70
                D   DK D IDA  I             K    D              D D I   II
                E   ER E VEG  V             R    E              E E V   VV
                N    E   LNS  L             E    N              N N L   LL
                Q    Q   MQT  M             Q    Q              Q Q M   MM
                K         KP  F                  K              K K F
                R         R   W                  R              R R W
                H         H   Y                  H              H H Y
                S         S   C                  S              S S C
                T         T                      T              T T

CONSENSUS.A EPVPLQLPP?ERL?LDCSE??GTS?TQQ?QG?ETGVG?PQ??VESSA?LGSGTK?                  100
CONSENSUS.B e--plq---le--t--cseDC-t-Gtq......?---s-qiLv--Pav-es-t-E                  116
CONSENSUS.D ---------L---n-N-s-DCgt-G--.....---s--Is--sP?v-e---EE?C                  114
CONSENSUS.O ?nn?vd--pLeq-sirdp--dql?gt??-??-?????-??--????til??g?k-?                  88

HIV1REV     rPVXfXLP?grRLrLDXrpDCGrSGjrgggggggGVGrPoaLXESPjaLXjGjKE                  125
            D   I     D  D   DK   D  AD          D EI     AI   A A
            E   V     E  E   ER   E  GE          E QV     GV   G G
            N   L     N  N   NE   N  SN          N        S    S S
            Q   M     Q  Q   QQ   Q  TQ          Q        T    T T
            K   F     K  K   K    K  PK          K        P    P P
            R   W     R  R   R    R   R          R
            H   Y     H  H   H    H   H          H
            S   C     S  S   S    S   S          S
            T         T  T   T    T   T          T
```

General

The Rev protein of HIV-1 is a rare but essential viral protein, the presence of which is difficult to demonstrate in infected cells. It is not found in the virion. It is a relatively small, positively charged, phosphorylated protein, typically 116 amino acids, which predict a protein of about 12 kD. However, Rev's mobility on SDS gels corresponds to 19kD; mutations in the "effector" domain (approximately aa 75-90; see below) drastically affect this abnormal mobility. Antibodies to Rev are not found in all HIV-1 infected individuals; rather, few people have detectable anti-Rev antibodies. In the absence of Rev, the majority of mRNAs are multiply spliced, resulting in low production of structural proteins: virions are not formed in absence of Rev.

Rev Variability

A comparison of eight complete type 1 viral genomic sequences reveals that Rev is as variable as any HIV-1 protein; an equivalent comparison of seven HIV-2 and SIV genomic sequences supports this conclusion (45).

Rev Function

Rev is an essential viral protein (38, 40). In the absence of Rev most of the viral mRNAs are multiply spliced, the production of the structural proteins is very low, and no virions are formed (12, 14-17, 26). Rev is an RNA binding protein: it binds specifically to a unique RNA element within the env coding region, named RRE (10, 11, 15, 16, 26, 43). Binding of Rev to RRE in the nucleus increases the apparent half-life of the unspliced viral RNA, and leads to efficient transport out of the nucleus and resulting translation to structural proteins (1, 9, 12, 15-17, 23, 26). HIV-1 mRNAs encoding structural proteins can be considered defective: they contain inhibitory/instability regions (INS or CRS) that prevent expression in the absence of Rev (7, 16, 35, 37). The INS/CRS sequences are multiple and can act independently (16, 36). Mutation of the INS sequences within gag result in Rev-independent expression (36). Rev is phosphorylated on serine residues, however, mutagenesis studies reveal that this modification is not essential for Rev function in vitro (5,24).

Localization of Rev

Rev is localized in the nucleus and primarily in the nucleolus of cells (6, 8, 15). In general, active Rev molecules localize in the nucleolus/nucleus while some inactive (mutant) molecules do not. It is clear that prevention of nuclear transport inhibits Rev function. Hope et al. (19) have shown that Rev, when fused to glucocorticoid receptor (Rev/GR), remains inactive in the cytoplasm. Mutations in the proposed RNA binding motif eliminate nucleolar localization and function. These mutations may affect the specificity of binding to RRE. The role of nucleolar localization for appropriate function has been uncertain. One possibility is that the association is not functionally significant and Rev is driven to the nucleolus to bind ribosomal RNA upon overexpression (15). Alternatively, Rev may associate with nucleolar protein B23 (13) or other components important for intracellular trafficking and function. It was shown that when Rev (or HTLV Rex) is tethered to a heterologous RNA binding site by the MS2 RNA binding coat protein, the RNA binding domain can be eliminated (28) (46); in one case (Rev41-43, see Table) the nucleolar localization is abolished.

Functional Domains of Rev

Rev has distinct functional domains identifiable by mutagenesis. Mutations in the region aa 18-56 result in a recessive negative phenotype (20, 24, 32). Mutations in the region aa 75 to 89 result in trans-dominant negative mutants (24, 29).

The region of aa 35-50 (RQARRNRRRRWRERQR) is very R-rich and is required for the nuclear/nucleolar localization and for RNA binding. The core sequence in this region is very conserved and is at least partially responsible for the RRE binding specificity. Clearly though, sequences outside of the core contribute to the specificity of binding (39). It has been reported that Rev 34-50 peptide binds specifically in vitro to RRE (21) and that the same peptide inhibits splicing in vitro (22). This is clearly not the case in vivo, because Rev requires the effector domain (aa 75-89) for function. Therefore, the in vitro results become difficult to interpret in terms of Rev function.

Additional sequences (aa 18-56), flanking the proposed core RNA binding site, are necessary for multimerization (discussed below). The 18-56 region, therefore, has multiple and, most likely, overlapping functions, namely nuclear/nucleolar localization, RNA binding, and multimerization. Hope et al. (20) propose that residues 14-20 contain an essential domain for Rev function in vivo, either for protein-protein interaction or for forming part of the RNA binding domain. One of the most conserved strings on Rev, (see HIV1REV:22, LYQSNP, followed by additional prolines) is located in this region. Surprisingly, this region of Rev is at the end of the first coding exon (aa 1-25), which under certain conditions may be dispensable for function. For example, the variant HIV-1 protein Tev (3) does not contain the first coding exon of Rev but it has Rev activity. On the contrary, other hybrid proteins containing the second exon of Rev (aa 26-116) are inactive; therefore, the nature of the sequences in the first exon are important for function. The conservation of the 22-27 region may reflect, in addition to protein constraints, the need to preserve the sequence of the RNA required for splicing in this region.

The Effector Domain

The region of aa 75 to 84 (LPPLERLTLD) constitutes the core of the Leu-rich effector domain. Leu-78, -81, and -83 are required for Rev function. Leu-75 and Glu-79 are also important for activity. Leu-75 is not essential according to Refs. 27 and 32. Venkatesh et al. (41) reported inactive Leu-75 mutants.

A consensus sequence for all lentiviruses, ZxxLJJLTLJ (where Z = any hydrophobic and J = any hydrophilic residue) has been proposed for the core element of the effector region (27). Given the results of Refs. 20, 29, 32, the effector domain may extend to Cys-89. The effector domain is the most COOH functional domain of Rev, since several COOH deletions of Rev are fully active, i.e., Rev1-102 and Rev1-91 (29, 32).

Trans-Dominant Mutants

Trans-dominant or dominant-negative mutants of Rev have been identified. The mechanism of function of such mutants is not entirely known, but they have generated a lot of interest since they may provide a potent and specific way to inhibit HIV-1 expression. The trans-dominant protein itself is not defective in multimerization or RNA binding. It does not affect the viral mRNA either negatively or positively when present alone in the cell (2). Clearly, multimerization is essential for the trans-dominant inhibition (18, 44). The most likely mechanisms of trans-dominant function are therefore the formation of inactive complexes or the competition for the binding of limiting cellular factors.

Most of the mutants in the effector region have a dominant negative phenotype, i.e., they inhibit the function of wild-type Rev in the same cell. References 24, 29, 27, and 41 reported trans-dominant mutants in the region 75-90 able to inhibit HIV-1 expression efficiently (see table).

Rev Multimerization

Rev tends to oligomerize efficiently both in vivo and in vitro. Chemical crosslinking (44) and gel filtration (30) indicate that Rev exists as a tetramer. Rev oligomerization is essential for function. It is not fully determined whether Rev multimerizes on the RRE in vivo or that it exists

as a multimer in the absence of RRE. The accumulated evidence favors the latter hypothesis, since Rev multimerizes very efficiently irrespective of the presence of RRE (18, 31, 44).

The mechanism of RNA binding and the consequences of such binding have been studied extensively, since they are expected to further our understanding of virus replication and to provide insights in basic cellular processes such as nucleocytoplasmic transport. Olsen and coworkers (31) propose that formation of RNA binding site is dependent on Rev multimerization. In other words, multimer formation is a prerequisite for RNA binding. This is in agreement with the data of Ref. 44, which proposes a dual function for the arginine-rich binding motif in oligomerization and RNA binding. On the contrary, Malim (25) proposes that Rev binds as a monomer and multimerizes on the template. The multimerization properties of Rev have led to the hypothesis that control of multimerization may lead to the regulation of HIV-1 expression (25, 33, 34). There is no solid experimental proof for the lack of Rev multimerization in such cases in vivo. On the other hand, there is evidence that possibly multiple cell type-specific factors are important for Rev function.

Summary Table

The following Table summarizes the properties of selected Rev mutants. The in vivo function, RNA binding activity, and oligomerization properties are given where available. These functions were studied using different methods, which may be responsible for some discrepancies. For example, M4 is reported to bind RNA well by Refs. 25 and 4, while Ref. 44 reports that it does not bind and does not oligomerize. In fact, in all the mutants examined by Ref. 44 (using RNAse protection/mobility shift assay) the Rev activity, RNA binding and oligomerization correlated very well. RNA binding experiments in Ref. 25 were conducted by mobility shift of GST-Rev proteins, while those by Ref.4 were done by a Northwestern method. RNAse protection/mobility shift assay may be a more stringent assay for RNA binding.

The numbers of crosses represent estimates of activity or binding relative to other mutants in some experiments, and cannot be used safely as an absolute measure of activity. NC, nucleolar localization; N, nuclear localization; C, cytoplasmic localization; OL-, no oligomerization on the RRE target; TD, transdominant Rev mutant.

Most of the mutagenesis experiments were performed using an HXB3-related Rev sequence. Other investigators have worked with the HXB2 Rev isolate (29), which differs by several amino acids (see Rev alignments).

TABLE III-1. Rev Mutants

Mutant	Position	Mutation (aa)	Rev Function *In vivo*	Rev Function *In vitro*	Localization
RevD2-36 (42)	2-36 del		-		NC/N
M2 (24)	8/9	SD/DL	+++	-	NC/N
16 (4)	11/12	DL/ED	+++		NC/N
REV14-16 (20, 44)	14-16	KAV/EED	-	OL-	
17 (4)	15/16	AV/DL	+++		NC/N
M3 (24)	17	RL/DI	+++	+++	NC/N
18 (4)	20/21	KF/DL	++		NC/N
M4 (24)	23-26	YQSN/DQDL	-	(+++) OL-	NC/N
19 (4)	23/24	YQ/DL	+	+++	NC/N
Rev27-29 (20, 44)	27-29	PPP/AAA	-	OL-	
20 (4)	29/30	PN/DL	+++	++	NC/N
20 (4)	29/30	PN/SS	+++	++	NC/N
21 (4)	33/34	GT/DL	+	-	N
RevD33 (42)	33 del		+		
22 (4)	34/35	TR/DL	-	-	C
RevD36 (42)	36 del		+		

M38 (32)	38	R/F	+/-		
M5 (24)	38/39	RR/DL	-	- OL-	C
Rev38,39 (20, 44)	38,39	RR/GG	-	OL-	
M6 (24)	40-44	NRRRR/KDL	-	- OL-	C
Rev41-43 (20, 44)	41-43	RRR/GGG	-	OL-	N
RevD41-44 (42)	41-44 del		-		NC/N
Rev44W (20, 44)	44	R/W	+/-	OL+	
Rev44G (20, 44)	44	R/G	+/-	OL+	
M44 (32)	44	R/M	-		
Rev45R (20, 44)	45	W/R	+/-	OL+	
Rev45G (20, 44)	45	W/G	-	OL-	
M45 (32)	45	W/R	-		
M46 (32)	46	R/E	-		
M47 (32)	47	E/K	-		
M48 (32)	48	R/I	-		
23 (4)	48/49	RQ/DL	-	-	C
Rev48,50 (20, 44)	48,50	RQR/GQG	-		
M49 (32)	49	Q/R	+/-		
RevD51 (42)	51		-		
24 (4)	51/52	QI/DL	+++	++	NC/N
M7 (24)	54-57	SISE/IE	-(+) +	OL-	NC/N
7 (4)	55	I/S	+++	++	NC/N
Rev1-60 (42)	61-116 del		-		
M8 (24)	61/62	ST/DL	+++	++	NC/N
M9 (24)	67/68	SA/DL	+++	++	NC/N
Rev1-73 (42)	74-116 del		-		NC/N
M75 (32)	75	L/R	+/-		
75s (41)	75	L/D	- TD		
M18 (27)	75/76	LP/DL	+		
76,77s (41)	76-77	PP/AA	+		
M27 (27)	78	L/A	- TD		
M10 (24)	78/79	LE/DL	- TD	+	NC/N
M32 (27)	78,81,83	LERLTL/AERATA	- TD		
80s (41)	80	R/D	+		
M28 (27)	81	L/A	- TD		
BL (29)	81	L/L(EDLP)	- TD		NC/N
SL (29)	81	L/F(PRGE)	- TD		NC/N
81s (41)	81	L/D	- TD		
M21 (27)	81/82	LT/DL	- TD		
M29 (27)	83	L/A	- TD		
M22 (27)	83/84	LD/DL	- TD		
HS (29)	84-88	DCNED/KCNKK	- TD		NC/N
M85 (32)	85	C/F	-		
Rev85,89 (20, 44)	85,89	CNEDC/RNEDK	-		
M11 (24)	91/92	TS/DL	+++	+	NC/N
Rev1-98 (42)	99-116 del		+		NC/N
M12 (24)	99/100	SP/DL	+++	++	NC/N
Rev1-102 (29)	103-116	del	+	+	NC/N
M13 (24)	106-109	SPTI/DLTV	+++	++	NC/N
M14 (24)	112/113	SG/DL	+++	++	NC/N

Note: The Rev mutants are listed on the left. The mutated positions in the protein and the introduced amino acid changes are listed in columns 2 and 3. The in vivo activity (usually p24 Gag production, column 4) and in vitro activity (column 5) are indicated. The subcellular localization is listed in column 6. ND, not determined; NC, nucleolar; N, nuclear; C, cytoplasmic; OL-, negative for oligomerization on RRE.

References

1. Arrigo, S. J., and I. S. Y. Chen. 1991. Rev is necessary for translation but not cytoplasmic accumulation of HIV-1 vif, vpr, and env/vpu 2 RNAs. *Genes Dev* 5:808-819.
2. Benko, D. M., R. Robinson, L. Solomin, M. Mellini, B. K. Felber, and G. N. Pavlakis. 1990. Binding of trans-dominant mutant rev protein of human immunodeficiency virus type 1 to the cis-acting rev responsive element does not affect the fate of viral mRNA. *New Biol* 2:1111-1122.
3. Benko, D. M., S. Schwartz, G. N. Pavlakis, and B. K. Felber. 1990. A novel human immunodeficiency virus type 1 protein, tev, shares sequences with tat, env, and rev proteins. *J Virol* 64:2505-2518.
4. Berger, J., C. Aepinus, M. Dobrovnik, B. Fleckenstein, J. Hauber, and E. Bo:hnlein. 1991. Mutational analysis of functional domains in the HIV-1 Rev trans-regulatory protein. *Virology* 183:630-635.
5. Cochrane, A., E. Golub, D. Volsky, S. Ruben, and C. Rosen. 1989. Functional significance of phosphorylation to the Human Immunodeficiency Virus Rev protein. *J Virol* 63:4438-4440.
6. Cochrane, A., R. Kramer, J. Levine, S. Ruben, and C. A. Rosen. 1989. The human immunodeficiency virus rev protein is a nuclear phosphoprotein. *Virology* 171:264-266.
7. Cochrane, A. W., K. S. Jones, S. Beidas, P. J. Dillon, A. M. Skalka, and C. A. Rosen. 1991. Identification and characterization of intragenic sequences which repress human immunodeficiency virus structural gene expression. *J Virol* 65:5305-5313.
8. Cullen, B. R., J. Hauber, K. Campbell, J. G. Sodroski, W. A. Haseltine, and C. A. Rosen. 1988. Subcellular localization of the human immunodeficiency virus trans-acting art gene product. *J Virol* 62:2498-2501.
9. D'Agostino, D. M., B. K. Felber, J. E. Harrison, and G. N. Pavlakis. 1992. The Rev protein of human immunodeficiency virus typel promotes polysomal association and translation of gag mRNA. *Mol Cell Biol* 12:1375-1386.
10. Daly, T. J., K. S. Cook, G. S. Gray, T. E. Maione, and J. R. Rusche. 1989. Specific binding of HIV-1 recombinant Rev protein to the Rev-responsive element in vitro. *Nature* 342:816-819.
11. Dayton, E. T., D. M. Powell, and A. I. Dayton. 1989. Functional analysis of CAR, the target sequence for the Rev protein of HIV-1. *Science* 246:1625-1629.
12. Emerman, M., R. Vazeux, and K. Peden. 1989. The rev gene product of the human immunodeficiency virus affects envelope-specific RNA localization. *Cell* 57:1155-1165.
13. Fankhauser, C., E. Izaurralde, Y. Adachi, P. Wingfield, and U. K. Laemmli. 1991. Specific complex of human immunodeficiency virus type 1 rev and nucleolar B23 proteins: dissociation by the Rev response element. *Mol Cell Biol* 11:2567-2575.
14. Feinberg, M. B., R. F. Jarrett, A. Aldovini, G. R. C, and F. Wong-Staal. 1986. HTLV-III expression and production involve complex regulation at the levels of splicing and translation of viral RNA. *Cell* 46:807-817.
15. Felber, B. K., M. Hadzopoulou-Cladaras, C. Cladaras, T. Copeland, and G. N. Pavlakis. 1989. rev protein of human immunodeficiency virus type 1 affects the stability and transport of the viral mRNA. *Proc Natl Acad Sci USA* 86:1495-1499.
16. Hadzopoulou-Cladaras, M., B. K. Felber, C. Cladaras, A. Athanassopoulos, A. Tse, and G. N. Pavlakis. 1989. The rev (trs/art) protein of human immunodeficiency virus type 1 affects viral mRNA and protein expression via a cis-acting sequence in the env region. *J Virol* 63:1265-1274.
17. Hammarskjo:ld, M. L., J. Heimer, B. Hammarskjo:ld, I. Sangwan, L. Albert, and D. Rekosh. 1989. Regulation of human immunodeficiency virus env expression by the rev gene product. *J Virol* 63:1959-1966.

18. Hope, T., N. Klein, M. Elder, and T. Parslow. 1992. trans-dominant inhibition of human immunodeficiency virus type 1 Rev occurs through formation of inactive protein complexes. *J Virol* 66:1849-55.

19. Hope, T. J., X. Huang, D. McDonald, and T. G. Parslow. 1990. Steroid-receptor fusion of the human immunodeficiency virus type 1 Rev transactivator: Mapping cryptic functions of the arginine-rich motif. *Proc Natl Acad Sci USA* 87:7787-7791.

20. Hope, T. J., D. McDonald, X. J. Huang, J. Low, and T. G. Parslow. 1990. Mutational analysis of the human immunodeficiency virus type 1 Rev transactivator: essential residues near the amino terminus. *J Virol* 64:5360-5366.

21. Kjems, J., B. J. Calnan, A. D. Frankel, and P. A. Sharp. 1992. Specific binding of a basic peptide from HIV-1 Rev. *Embo J* 11:1119-1129ga.

22. Kjems, J., A. D. Frankel, and P. A. Sharp. 1991. Specific regulation of mRNA splicing in vitro by a peptide from HIV-1 rev. *Cell* 67:169-178.

23. Lawrence, J. B., A. W. Cochrane, C. V. Johnson, A. Perkins, and C. A. Rosen. 1991. The HIV-1 Rev Protein: A Model System for Coupled RNA Transport and Translation. *New Biol* 3:1220-1232.

24. Malim, M. H., S. Bo:hnlein, J. Hauber, and B. R. Cullen. 1989. Functional dissection of the HIV-1 rev trans-activator- derivation of a trans-dominant repressor of rev function. *Cell* 58:205-214.

25. Malim, M. H., and B. R. Cullen. 1991. HIV-1 structural gene expression requires the binding of multiple Rev monomers to the viral RRE: implications for HIV-1 latency. *Cell* 65:241-248.

26. Malim, M. H., J. Hauber, S. Le, J. V. Maizel, and B. R. Cullen. 1989. The HIV-1 rev trans-activator acts through a structured target sequence to activate nuclear export of unspliced viral mRNA. *Nature* 338:254-257.

27. Malim, M. H., D. F. McCarn, L. S. Tiley, and B. R. Cullen. 1991. Mutational definition of the human immunodeficiency virus type 1 Rev activation domain. *J Virol* 65:4248-4254.

28. McDonald, D., T. J. Hope, and T. G. Parslow. 1992. Posttranscriptional Regulation by the Human Immunodeficiency Virus Type-1 Rev and Human T-Cell Leukemia Virus Type-I Rex Proteins Through a Heterologous RNA Binding Site. *J Virol* 66:7232-7238.

29. Mermer, B., B. K. Felber, M. Campbell, and G. N. Pavlakis. 1990. Identification of trans-dominant HIV-1 rev protein mutants by direct transfer of bacterially produced proteins into human cells. *Nucleic Acids Res* 18:2037-2044.

30. Nalin, C. M., R. D. Purcell, D. Antelman, D. Mueller, L. Tomchak, B. Wegrzynski, E. McCarney, V. Toome, R. Kramer, and M. C. Hsu. 1990. Purification and characterization of recombinant Rev protein of human immunodeficiency virus type 1. *Proc Natl Acad Sci USA* 87:7593-7.

31. Olsen, H. S., A. W. Cochrane, P. J. Dillon, C. M. Nalin, and C. A. Rosen. 1990. Interaction of the human immunodeficiency virus type 1 Rev protein with a structured region in env mRNA is dependent on multimer formation mediated through a basic stretch of amino acids. *Genes Dev* 4:1357-1364.

32. Perkins, A., A. Cochrane, S. Ruben, and C. Rosen. 1989. Structural and Functional Characterization of the Human Immunodeficiency Virus rev protein. *J Acquir Immune Defic Syndr* 2:256-263.

33. Pomerantz, R. J., T. Seshamma, and D. Trono. 1992. Efficient replication of human immunodeficiency virus type 1 requires a threshold level of Rev: potential implications for latency. *J Virol* 66:1809-13.

34. Pomerantz, R. J., D. Trono, M. B. Feinberg, and D. Baltimore. 1990. Cells nonproductively infected with HIV-1 exhibit an aberrant pattern of viral RNA expression: A molecular model for latency. *Cell* 61:1271-1276.

35. Rosen, C. A., E. Terwilliger, A. Dayton, J. G. Sodroski, and W. A. Haseltine. 1988. Intragenic cis-acting art gene-responsive sequences of the human immunodeficiency virus. *Proc Natl Acad Sci USA* 85:2071-2075.

36. Schwartz, S., M. Campbell, G. Nasioulas, J. Harrison, B. K. Felber, and G. N. Pavlakis. 1992. Mutational Inactivation of an Inhibitory Sequence in HIV-1 Results in Rev-Independent Gag Expression. *J Virol* 66:7176-7182.

37. Schwartz, S., B. K. Felber, and G. N. Pavlakis. 1992. Distinct RNA sequences in the gag region of HIV-1 decrease RNA stability and inhibit expression in the absence of Rev protein. *J Virol* 66:150-159.

38. Sodroski, J., W. C. Goh, C. Rosen, A. Dayton, E. Terwilliger, and W. Haseltine. 1986. A second post-transcriptional trans-activator gene required for HTLV-III replication. *Nature* 321:412-417.

39. Solomin, L., B. K. Felber, and G. N. Pavlakis. 1990. Different sites of interaction for Rev, Tev, and Rex proteins within the rev responsive element of human immunodeficiency virus type 1. *J Virol* 64:6010-6017.

40. Terwilliger, E., R. Burghoff, R. Sia, J. Sodroski, W. Haseltine, and C. Rosen. 1988. The art gene product of the human immunodeficiency virus is required for replication. *J Virol* 62:655-658.

41. Venkatesh, L. K., and G. Chinnadurai. 1990. Mutants in a conserved region near the carboxy-terminus of HIV-1 Rev identify functionally important residues and exhibit a dominant negative phenotype. *Virology* 178:327-330.

42. Venkatesh, L. K., S. Mohammed, and G. Chinnadurai. 1990. Functional domains of the HIV-1 rev gene required for trans-regulation and subcellular localization. *Virology* 176:39-47.

43. Zapp, M., and M. Green. 1989. Sequence-specific RNA binding by the HIV-1 rev protein. *Nature* 342:714-716.

44. Zapp, M. L., T. J. Hope, T. G. Parslow, and M. R. Green. 1991. Oligomerization and RNA binding domains of the type 1 human immunodeficiency virus Rev protein: a dual function for an arginine-rich binding motif. *Proc Natl Acad Sci USA* 88:7734-7738.

45. Myers, G. and G.N. Pavlakis. 1992. Evolutionary potential of complex retroviruses In: *The Retroviridae*, Vol. 1 (Levy, J.A., ed.); Plenum Press, N.Y., 1992; p. 85.

46. Venkatesh, S., S.M. Gerstberger, H. Park, S.M. Holland and Y.S. Nam (1992). Human Immunodeficincy Virus Type-1 Rev Activation Can Be Achieved Without Rev- Responsive Element RNA if Rev Is Directed to the Target as a Rev/MS2 Fusion Protein Which Tethers the MS2 Operator RNA. *J Virol* 66:7469-7480.

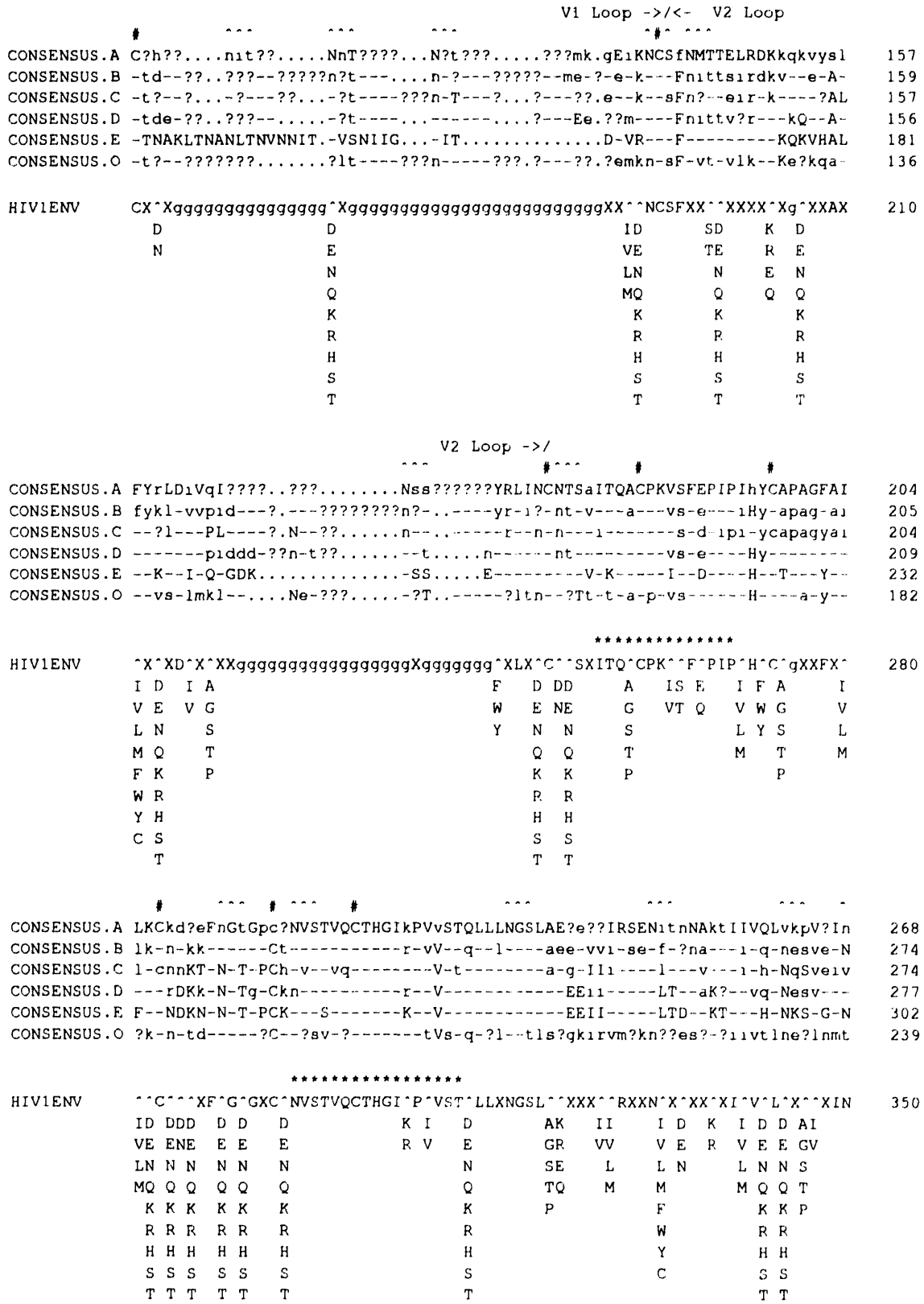
HIV-1 VPU

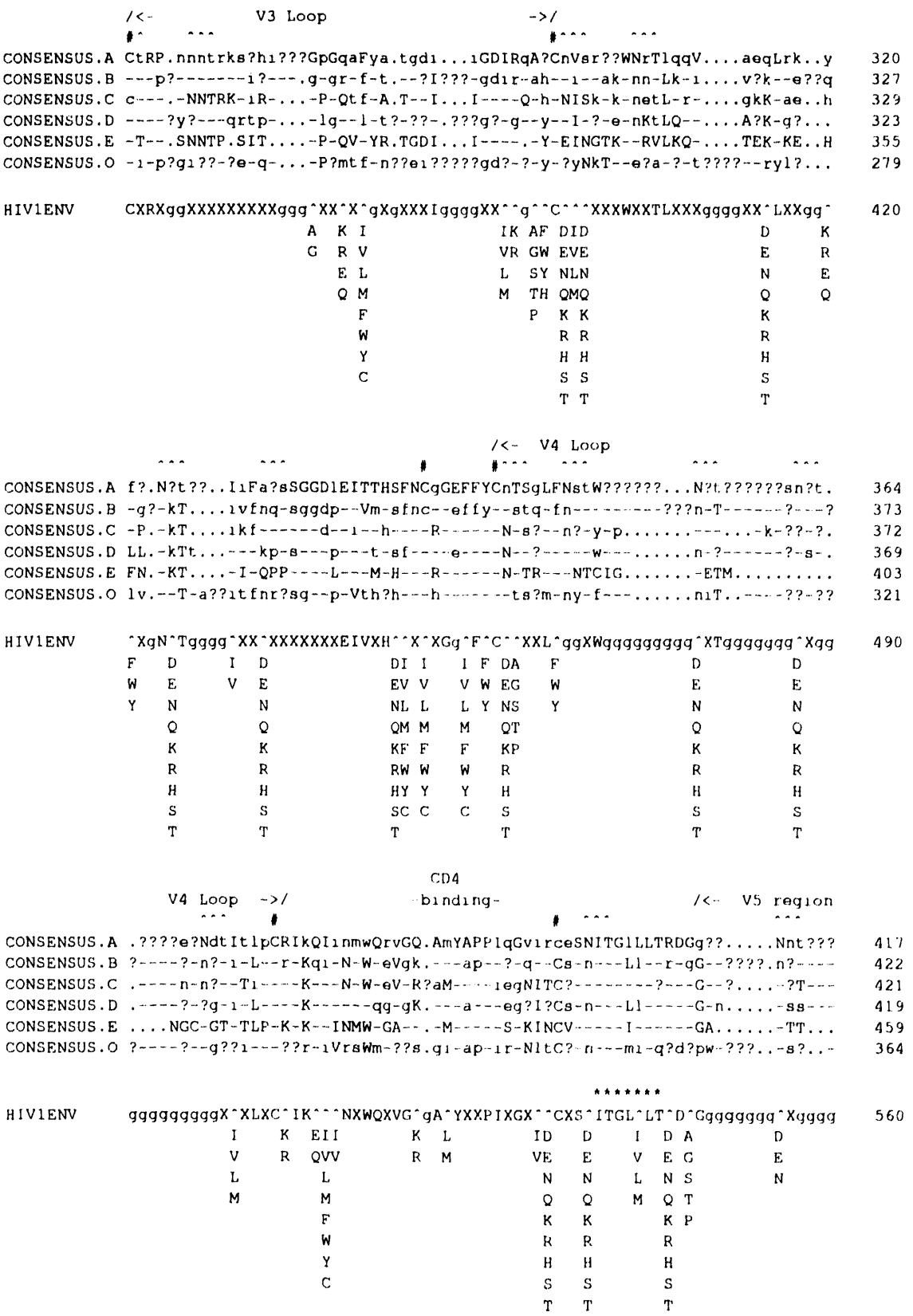
The HIV1VPU pattern represents subtype B only. (HIVCDC42 was removed from pattern analysis due to a premature stop in the coding region.) Information dense stretches (0.8 amino acid equivalents or greater) in B subtype sequences are indicated by ****. Ordinary consensus sequences (taken from Part II) are shown above this pattern. Lower case 'g' in the patterns indicates 'gap' (not glycine; for further discussion of the patterns, see Part II).

```
                                                                    env cds ->
CONSENSUS.B mqslqi?aivalvvaaiiaIvvWt.Iv?ieyRKilRQr......?kidRl?iDrirEraeDsGNeSeGdq     59
CONSENSUS.D MQP-?IIAIAALVVAiI-A-VV-T.-VfIEY-RIKr-R.......-IDC-.--RI--RAE-S--E-E--R     60
CONSENSUS.O -?????l-??--s?ll?-ni?iw??i?-???r?y??q-?????e-e-?r?.?r---e???d-??--ngee     35

                                ***** *                                ************
HIV1VPU     ^X^^X^g^IX^^VVXXI^XI^^W^gIXX^^^RKXXRQ^ggggggg^^^R^gID^^XE^AEDSGN^S^Ggg     70
            I AI I A  AI     I  II S    IKI      K       KID I   KI  K      D D
            V GV V G  GV     V  VV T    VRV      R       RVN V   RV  R      E E
            L SL   S  SL     L          LEL              E   L    L
            M TM   T  TM     M          MQM              Q   M    M
              P    P  P                  F
                                         W
                                         Y
                                         C

CONSENSUS.B ee.lSaL????vem?GH?APwdvdDl?l      78
CONSENSUS.D E-.L-K-....VEM.--H--WDiD-L1       80
CONSENSUS.O --e???l----???-gfan-m?f??--E1     48

HIV1VPU     ggg^SXLgggg^XXgGHXAPXX^^DX.1      96
               I       I          ID
               V       V          VN
               L       L
               M       M


HIV1VPU:20 IaaWiI

HIV1VPU:57 EnAEDSGNkSkG
           See Strebel et al., Science 241: 1221-4, 1988.
```

The HIV1ENV pattern represents subtype B only. Information dense stretches (0.8 amino acid equivalents or greater) in B subtype sequences are indicated by ****. Ordinary consensus sequences (taken from Part II) are shown above this pattern. In these, cysteine residues are indicated by # and frequently occurring potential N-glycosylation sites by ^^^. Lower case 'g' in the patterns indicates 'gap' (not glycine; for further discussion of the patterns, see Part II). Annotation of CTL epitopes was facilitated by Table 3 of a soon-to-be published review written by Johnson and Walker, Harvard Medical School; the review will appear in Current Clinical Topics in Microbiology and Immunology (M.B.A. Oldstone, ed.).

```
                                        <- vpu cds
                                   signal peptide/gp120
                                             #                    #
CONSENSUS.A   MrVmGiqmNyqnlwr........WGTmILG?lIICsAa?nLWVTVYYGVPVWKDAeTTLfcASDAKAY     58
CONSENSUS.B   --vkg-rkn-Qh-W-????????w-t-Ll-m-M-c-a?e?-------------eat---F---daka-     58
CONSENSUS.C   -R-R-ILR-CQQWWI.........--lLGFWMLM--NGVGD-------------E-K---FC-------     60
CONSENSUS.D   -Rvr?-er-cQ--Wk.........--i-L-g-LMtcS?-e?----------v--E-T---FC-----s-     56
CONSENSUS.E   -R-KETQM-WPNLWK.........---L---LV---S-SDN------------R--D---FC------H     60
CONSENSUS.O   -?vtmk?-?k?-?ks?......???ia??ilitpcl?s-qly?--yy-----ed-tPv-FC-sd-nlt     48

                                                  *************
HIV1ENV B     MAM^XXggX^g^QXgWXgggggggggXGX^L^GX^MIX^XXX^LWVTVYYGVPVWK^^XTTLFXAS^X^^Y     70
                D     D I                 L I   I    D    D              DA         D KA
                E     E V                 M V   V    E    E              EG         E RG
                N     N L                   L   L    N    N               S           S
                Q     Q M                   M   M    Q    Q               T           T
                K     K F                   F   F    K    K               P           P
                R     R W                   W   W    R    R
                H     H Y                   Y   Y    H    H
                S     S C                   C   C    S    S
                T     T                               T    T

                                                                                /<- V1 Loop
                          #                ^^^                          #      #
CONSENSUS.A   d?E?HNVWATHACVPTDPnPQEi?L??NVTEeFnMWKNNMVeQMH?DiISLWDQSLKPCVKLtPLCVTL?    121
CONSENSUS.B   -t-v--vw-th-c---d---q-vvl--n---n--m-k-nm----hE--is---q--------T----t-n    126
CONSENSUS.C   ET-V------h-----d-?---mV------eN-N--k-D--d---E-v-----------klT------n    127
CONSENSUS.D   et-a--I----------N-q-Iel.E----n-Nm-k----E---e-I------s-------------N    125
CONSENSUS.E   ET-V-------------N---IY-.E----N-N--N----E--QE-V-------------T------I    129
CONSENSUS.O   ST----i--?qa---t--?-?evp----vtd?--iw--y--?q-hE--is-wd--l---vk?T?l-vqmn    108

                                                  *****************
HIV1ENV       X^EXHN^^A^^AXVPT^P^P^E^X^gg^VTE^F^^W^N^^V^QM^ED^^^LWD^SLKPCVKLTPLCV^LX    140
                D    II DD     D D D I L  D   D DI D DI D  D  IID   E             D
                E    VV EE     N E E V M  E   E NV E EV E  E  VVE   Q             E
                N     L NN       N N L    N   N  L N NL N  N    N                 N
                Q     M QQ       Q Q M    Q   Q  M Q QM Q  Q    Q                 Q
                K     F KK       K K      K   K    K K  K  K    K                 K
                R     W RR       R R      R   R    R R  R  R    R                 R
                H     Y HH       H H      H   H    H H  H  H    H                 H
                S     C SS       S S      S   S    S S  S  S    S                 S
                T       TT       T T      T   T    T T  T  T    T                 T
```


V1 Loop ->/<- V2 Loop
CONSENSUS.A C?h??....n1t??.....NnT????...N?t???.....???mk.gE1KNCSfNMTTELRDKkqkvysl 157
CONSENSUS.B -td--??..???--?????n?t---....n-?---?????--me-?-e-k---Fn1tts1rdkv--e-A- 159
CONSENSUS.C -t?--?...~?---??...-?t----???n-T---?...?---??.e--k--sFn?--e1r-k----?AL 157
CONSENSUS.D -tde-??..???--.....-?t----...-------....?---Ee.??m----Fn1ttv?r---kQ--A- 156
CONSENSUS.E -TNAKLTNANLTNVNNIT.-VSNIIG...-IT.............D-VR---F---------KQKVHAL 181
CONSENSUS.O -t?--???????.......?lt----???n-----???.?---??.?emkn-sF-vt-v1k--Ke?kqa- 136
HIV1ENV CX^Xgggggggggggggggg^Xgggggggggggggggggggggggggg XX^^NCSFXX^^XXXX^Xg^XXAX 210
D D ID SD K D
N E VE TE R E
N LN N E N
Q MQ Q Q Q
K K K K
R R R R
H H H H
S S S S
T T T T
V2 Loop ->/
CONSENSUS.A FYrLD1VqI????..???........Nss??????YRLINCNTSaITQACPKVSFEPIPIhYCAPAGFAI 204
CONSENSUS.B fykl-vvp1d---?.---????????n?-..----yr-1?-nt-v---a---vs-e---1Hy-apag-a1 205
CONSENSUS.C --?l---PL----?.N--??.....n--..-----r--n-n---1-------s-d-1p1-ycapagya1 204
CONSENSUS.D -------p1ddd-??n-t??.....--t.....n-------nt---------vs-e----Hy-------- 209
CONSENSUS.E --K--I-Q-GDK.............-SS.....E---------V-K-----I--D----H--T---Y-- 232
CONSENSUS.O --vs-1mk1--....Ne-???.....-?T..-----?1tn--?Tt-t-a-p-vs------H----a-y-- 182
HIV1ENV ^X^XD^X^XXgggggggggggggggggXgggggggg^XLX^C^^SXITQ^CPK^^F^PIP^H^C^gXXFX^ 280
I D I A F D DD A IS E I F A I
V E V G W E NE G VT Q V W G V
L N S Y N N S L Y S L
M Q T Q Q T M T M
F K P K K P P
W R R R
Y H H H
C S S S
T T T
CONSENSUS.A LKCkd?eFnGtGpc?NVSTVQCTHGIkPVvSTQLLLNGSLAE?e??IRSENitnNAktIIVQLvkpV?In 268
CONSENSUS.B lk-n-kk------Ct----------r-vV--q--l----aee-vv1-se-f-?na---1-q-nesve-N 274
CONSENSUS.C l-cnnKT-N-T-PCh-v--vq--------V-t--------a-g-Ill----l---v---1-h-NqSve1v 274
CONSENSUS.D ---rDKk-N-Tg-Ckn----------r--V----------EE11-----LT--aK?--vq-Nesv--- 277
CONSENSUS.E F--NDKN-N-T-PCK---S-------K--V----------EEII-----LTD--KT---H-NKS-G-N 302
CONSENSUS.O ?k-n-td-----?C--?sv-?-------tVs-q-?l--tls?gk1rvm?kn??es?-?11vtlne?lnmt 239
HIV1ENV ^^C^^^XF^G^GXC^NVSTVQCTHGI^P^VST^LLXNGSL^^XXX^^RXXN^X^XX^XI^V^L^X^^XIN 350
ID DDD D D D K I D AK II I D K I D D AI
VE ENE E E E R V E GR VV V E R V E E GV
LN N N N N N SE L L N L N N S
MQ Q Q Q Q Q TQ M M M Q Q T
K K K K K K P F K K P
R R R R R R W R R
H H H H H H Y H H
S S S S S S C S S
T T T T T T T T


/<- V3 Loop ->/
CONSENSUS.A CtRP.nnntrks?h1???GpGqaFya.tgd1...1GDIRqA?CnVsr??WNrTlqqV....aeqLrk..y 320
CONSENSUS.B ---p?-------1?---.g-gr-f-t.--?I???-gd1r-ah--1--ak-nn-Lk-1....v?k--e??q 327
CONSENSUS.C c---.-NNTRK-1R-...-P-Qtf-A.T--I...I----Q-h-NISk-k-netL-r-....gkK-ae..h 329
CONSENSUS.D ----?y?---qrtp-...-lg--l-t?-??-.???g?-g--y--I-?-e-nKtLQ--....A?K-g?... 323
CONSENSUS.E -T--.SNNTP.SIT....-P-QV-YR.TGDI...I----.-Y-EINGTK--RVLKQ-....TEK-KE..H 355
CONSENSUS.O -1-p?g1??-?e-q-...-P?mtf-n??e1?????gd?-?-y-?yNkT--e?a-?-t????--ryl?... 279
HIV1ENV CXRXggXXXXXXXXXggg^XX^X^gXgXXXIggggXX^^g^^C^^^XXXWXXTLXXXggggXX^LXXgg^ 420
CONSENSUS.A f?.N?t??..I1Fa?sSGGD1EITTHSFNCgGEFFYCnTSgLFNstW??????...N?t??????sn?t. 364
CONSENSUS.B -g?-kT....1vfnq-sggdp--Vm-sfnc--effy--stq-fn----------???n-T------?---? 373
CONSENSUS.C -P.-kT....1kf------d--1--h----R------N-s?--n?-y-p.....---...-k-??-?. 372
CONSENSUS.D LL.-kTt...---kp-s---p---t-sf----e----N--?-----w-----.....n-?------?-s-. 369
CONSENSUS.E FN.-KT....-I-QPP----L---M-H---R------N-TR---NTCIG.....-ETM..... 403
CONSENSUS.O 1v.--T-a??1tfnr?sg--p-Vth?h---h-------ts?m-ny-f---.....n1T..----??-?? 321
/<- V4 Loop
HIV1ENV ^XgN^Tgggg^XX^XXXXXXXEIVXH^^X^XGg^F^C^^XXL^ggXWgggggggggg^XTgggggg^Xgg 490
V4 Loop ->/ CD4 -binding- /<- V5 region
CONSENSUS.A .????e?NdtItlpCRIkQI1nmwQrvGQ.AmYAPP1qGv1rceSNITG1LLTRDGg??.....Nnt??? 417
CONSENSUS.B ?----?-n?-1-L--r-Kq1-N-W-eVgk.---ap--?-q--Cs-n---L1--r-gG--????.n?---- 422
CONSENSUS.C .----n-n?--T1----K---N-W-eV-R?aM-----1egNITC?--------?---G--?....-?T--- 421
CONSENSUS.D .----?-?g-1-L----K------qg-gK.---a---eg?I?Cs-n---L1-----G-n.....-ss--- 419
CONSENSUS.E ....NGC-GT-TLP-K-K--INMW-GA--.-M-----S-KINCV------I------GA.....-TT... 459
CONSENSUS.O ?----?--g??1---??r-1VrsWm-??s.g1-ap-1r-N1tC?-n---m1-q?d?pw-???..-s?..- 364
HIV1ENV gggggggggX^XLXC^IK^^^NXWQXVG^gA^YXXPIXGX^^CXS^ITGL^LT^D^Gggggggq^Xgggg 560

```
     V5    ->/                                                  gp120/gp41
             ^^^
CONSENSUS.A ?nETFRPgGGdMRDNWrSELYKYKvVKIEPLGVAPtrAKRRVV....eREKRAvg?lGAvFlGFLgAAGS    481
CONSENSUS.B -?-i--p-----r---Rse-----Vvk--pl-v--Tk-k--vv....Q-ek-a---i-a?f----Ga---    484
CONSENSUS.C -?-i-r-G----rd--Rs------V-E-K---v--Tta-----....-r----VG-i--VfL---Ga---    484
CONSENSUS.D ----f--G--D-r--w-s------V-?---l-v--Tkak----....E--k--IG.L--m-L--------    482
CONSENSUS.E TN-----G--NIK---R-------V-Q-----I--TR------....E-----VG.I--MIF---G----    524
CONSENSUS.O g-vtfr-?gg-mk-i-Rte-yn-kV-rik-?S---Tk??-p?i?????hR?KRavg?lGmlFLGvLs-AG    422

                   *****************      ***********                    ********
HIV1ENV     ggEXFRX^GG^M^DNWR^^LYKYKV^^IEX^G^APT^A^RRV^ggggQR^^RAXgg^GXXXXGFLGAAGS    630
                  A  D K    DK      ID   I I   D K   I      KK     I
                  G  N R    ER      VE   V V   E R   V      RR     V
                            NE       N   L     N     L      E      L
                            QQ       Q   M     Q     M      Q      M
                            K        K         K
                            R        R         R
                            H        H         H
                            S        S         S
                            T        T         T

                                                                                #
CONSENSUS.A TMGAASITLTVQARqLLSGIVQQQsNLLrAIEAQQHLLKLTVWGIKQLQARvLAvERYLkDQQLLGIWGC    551
CONSENSUS.B --gaasmt-t--a---l-q-----n------ea--hl-q-----------------y------lgi---    554
CONSENSUS.C -mg---itl-vqa--l------qqS---R-------?-Q--v-------t-V--I----Kd-ql--i--c    553
CONSENSUS.D ----a-?t--v---Q-l----q--N---R-------l-Q---------------V-r-----q---i---    551
CONSENSUS.E --------------Q------.--S---R-.-------Q-----..-----V.-V----K--K-..GLW-    587
CONSENSUS.O STMG-Aat?Ltvqt??llkGIV--QdN-LrAI?a-Qh-L?LSvWG??QL?ARllA?Et?lq?-QlLsLWG    481

            ***                 *********         ********************************
HIV1ENV     TMGXg^X^LXVQ^RXL^SXIVQQQ^NLLXAI^^QQ^^L^LTVWGIKQLQAR^LA^ER^LXDQQL^X^WGC    700
                 A A    A   L       D      DA  DL E            I  I  F      L I
                 G G    G   M       E      EG  EM Q            V  V  W      M V
                 S S    S           N      N   N                  L  Y        L
                 T T    T           Q      Q   Q                  M           M
                 P P    P           K      K   K                              F
                                    R      R   R                              W
                                    H      H   H                              Y
                                    S      S   S                              C
                                    T      T   T

                 #      ^^^           ^^^      ^^^         ^^^
CONSENSUS.A SGKlICtT?VPWNSSW.........SNk?qsdIW?nMTWLqWdKEiSnYT?iIYnLIEESqnQQEkNEqd    608
CONSENSUS.B ---Li-T-a----a--.........--Ksl??iwn-m--me-er-Id---sl-yt-ieesQ---e--e-e    613
CONSENSUS.C ---L--T---------.........--RSQTD--DN---MQ-DR-I-N---T--R-L-D-QN---R--KD    612
CONSENSUS.D --kh--T---------.........--rSL?e--qN---me-Er-IdN--Gl--s---e-Qi---K--ke    610
CONSENSUS.E ---I--T-A-----T-.........--RSFEE-.WNNM-IE-.R-I-N--NQ--EILT--QN--DR--KD    646
CONSENSUS.O CkgKlvCyT?V?WNnsW???????????-??-sIWdnlTWQ?WDrl?sN?-??Iy?e?q?Aq?-QEkNek    525

            ****************
HIV1ENV     SGKL^CTT^VPWN^SWgggggggggSNK^^^X^XX^XTW^^W^^EI^^YTXXI^^L^^^^QXQQX^N^X^    770
                I   A    A              SLD I  D   IK DK  DD     FD IDDA     K E D
                V   G    G              TME V  E   VR ER  EE     WE VEEG     R Q E
                    S    S                N L  N   LE     NN     YN L NS     E
                    T    T                Q M  Q   MQ     QQ     HQ M QT     Q
                    P    P                K F  K          KK      K   KP
                                          R W  R          RR      R   R
                                          H Y  H          HH      H   H
                                          S C  S          SS      S   S
                                          T    T          TT      T   T
```

```
                                                                  \/ 3' sj
                          ^^^
CONSENSUS.A LLALDKWanLwnWFdIs?WLWYIriFimIVGGLIGLRIVFaVLsIINRVRQGYSPLSFQtltph?r?.pd    674
CONSENSUS.B --e-dk--s----f?-tnw--y-k--I--vg--v--riv--v-SiV-r---------f-T?lP?p-g.P-    679
CONSENSUS.C -----S-KN-WN--S-TN-----KI-I---------r-I-A----V---rq--------T-TPN-GG.PD    680
CONSENSUS.D --e----AS-WN--s-tk-----k--I-iv--------v----SlV-----------f-TLLPaPRG?PD    679
CONSENSUS.E --E----AS-WS--D-TN-----KI-IM----------I-.A-S-V-----------L-TPTHHQRE.LD    714
CONSENSUS.O ?-lELDeWaSlWNWfDITkWLWYIKI?i?iV-a??GlR?imivl??v?n?RQGYqPLSlQip?phqqe.a    583

                                    ********************************
HIV1ENV     LLXL^^WXXLX^WXXI^^WLWXI^^FI^I^^GL^GL^^^FX^LS^VN^VRQGYSPLS^QTXXPXXXXgP^    840
                DD     D    SD     KI  I IA  I  KII  I  I  D         I           D
                NE     E    TE     RV  V VG  V  RVV  V  V  E         V           E
                 N     N     N      L  L         L      L  N         L           N
                 Q     Q     Q      M  M         M      M  Q         M           Q
                 K     K     K                              K         F           K
                 R     R     R                              R         W           R
                 H     H     H                              H         Y           H
                 S     S     S                              S         C           S
                 T     T     T                              T                     T

              <- tat cds
                                                  #
CONSENSUS.A RP?RIEE?GGEQ?rDRSiRLVSGFLalAWDDLR?LCLFsyHRLRDfaLIaAR?VElL?rssl?glRlGWE    737
CONSENSUS.B r-egieee--eRdRdr-grl-?-f---i-d-lrs-cl--Yhrlr-Ll-iv?ri----......-?rr--e    740
CONSENSUS.C -LE---GG----DK---I---N---AL----CGACASS*                                  718
CONSENSUS.D --Egi--E---rGRd-----vN-fsALi-----n----SY-----li--A?-I--L-......G.-R--e    741
CONSENSUS.E --E----G----GRE--V-------AL------S----SY-----FIS-A--A--L-GHSSLKGL-R---    784
CONSENSUS.O ?tpg??ge?-Ge-dRprw?alp?GflpllytDLRtiilWtYhlLsnLasgi?r?i?yLglg-wi-gqk?i    642

HIV1ENV     ^PXXXXXXGGXRXRXXSXXXV^GXL^^^WXDgX^L^XFXY^^g^DL^LXXX^XVEXLgggggGgXXGWX    910
            K                    D   AII     D I    DD D  I    K
            R                    E   GVV     E V    EE E  V    R
            E                    N   SLL     N L    NN N  L
            Q                    Q   TMM     Q M    QQ Q  M
                                 K   P F     K F    KK K
                                 R     W     R W    RR R
                                 H     Y     H Y    HH H
                                 S     C     S C    SS S
                                 T           T      TT T

                                <- rev cds
                                      ^^^
CONSENSUS.A gLKYLwNLl....lYWGrELKnSAInLLDtvAiAVAgWtDRVIEigQ?igRAiLNIPRRIRQGlERALL*    801
CONSENSUS.B ?---w-n-L....qy-sq--k--avsllnat--a-aEgT--vievv-ra?-a-lh-pr-i----erall-    803
CONSENSUS.C
CONSENSUS.D al---Wn-L....Q--sq--kN-asS-ld-i-I---EgT--v---?qRac--v-hi-r-i------?---    804
CONSENSUS.E G----G--L....L---Q---I---S--NAT-I---G-T-K---VA-GAW--I-H--------F--S*      847
CONSENSUS.O e?cr?c?av?????QYWlqELknSAts-LDt?AvaVAnwTDg-I?-?Qrig?girnIP-RIRQGlER?-l*    699

HIV1ENV     XLKYXX^LLggggXYWX^EL^^SX^X^^^XXA^XV^EXTDRX^^XXQXXXR^^X^IXXR^RQG^^XXLX-    979
                 D          K  KD  I IID   I  A      IK       AI D    I   IK
                 E          R  RE  V VVN   V  G      VR       GV E    V   VR
                 N          E   N    LL       S      LE        L N        LE
                 Q          Q   Q    MM       T      MQ        M Q        MQ
                 K              K    FF       P                F K        F
                 R              R    WW                        W R        W
                 H              H    YY                        Y H        Y
                 S              S    CC                        C S        C
                 T              T                                T
```

HIV1ENV:32 LWVTVYYGVPaWiKkjXTTLFCAS

At NH-2 terminus of gp120. This fragment and fragment 111 below have been studied as potential CD4 binding sites (Syu et al., PNAS:87, 3695-9, 1990; See also Maddon et al., Cell 47:333-348, 1986; Cordonnier et al., J. Virol. 63:4464-8, 1989)

Studied as a CTL epitope by Dadaglio et al., J. Immunol. 147:2302-2309 (1991).

This fragment is similar to a conserved pattern in HIV2, "VTVFYGvPaWrNAtiPLfCa".

HIV1ENV:71 ACVPTlPNP

HIV1ENV:91 FlMWnNlMVkQMrEDaarLWDQrLKPCVKLTPLCV*

The peptide "HEDIISLWDQSLK" can serve as both a helper T-cell epitope and a cytotoxic T-cell epitope.

Helper T-cell: Cease et al., PNAS 84:4249-4253 (1987) and Berzofsky et al., Nature 334:706-08 (1988).
Cytotoxic T-cell: Clerici et al., J. Immunol. 146: 2214-19 (1991).
*The carboxyl end borders a site that is functionally linked to an N-linked glycosylation site that is shown below, as well as a site in the V3 loop. Willey et al., J. Virol. 62:139, 1988 and J. Virol. 63:3595-3600, 1989. See also Cordinnier et al., J. Virol. 63:4464-8, 1989).
A small insertion at "EQM" inhibits gp120/gp41 association. Kowalski et al., Science 237:1351-55 (1987).
This fragment is similar to a conserved pattern in HIV2, "QAakDVWrLFETSIKPCVKLiPLC".

HIV1ENV:186 ITQjCPKaiFoPIP

Just C-terminal to the "peptide T" region. Potential N-glycosylation site immediately upstream absent in noncytopathic variant (Stevenson et al., J. Virol. 64:3792-3803, 1990).

Studied as a CTL epitope by Dadaglio et al., J. Immunol. 147:2302-2309 (1991).

HIVENV:220 VSTVQCTHGInPaVSTrLLLNGSLAE

The peptide "CTHGIRPVVSTQLLLNGSLAE" can serve as a neutralizing antibody epitope. Ho et al., Science 239:1021-23 (1988).
Mutational analysis -- Willey et al., J. Virol. 63:3595-3600, 1989.

HIV1ENV:429 ITGLcLT

Immediately C-terminal to the CD4 binding site defined by Lasky et al., Cell 50: 975-85, 1987.

HIV1ENV:450 GGlMnDNWRrpLYKYKV

A small insertion at "GGD" inhibits gp120/CD4 interactions. Kowalski et al., Science 237:1351-55 (1987).

Part of a neutralizing antibody epitope. Charbit et al., AIDS 4:545-51 (1990).

See also Cordinnier et al., J. Virol. 63:4464-8, 1989.

HIV1ENV:473 GaAPTrAnRRV
Part of a neutralizing antibody epitope.
Charbit et al., AIDS 4 545-551 (1990),
Chanh et al., EMBO J. 5:30655-71 (1986) and
Ho et al., J. Virol. 61:2024-28 (1987).

Studied as a CTL epitope by Dadaglio et al., J. Immunol. 147:2302-2309 (1991)

HIV1ENV:500 GFLGAAGSTMG
The entire fragment is embedded in the fusogenic domain of gp41.
Freed et al., PNAS 87:4650-54 (1990).
The fragment is embedded in a region of gp41 that is important
for oligomeric assembly. Earl et al., PNAS 87:648-52 (1990),
and Doms et al., J. Virol. 64:3537-40 (1990).
"FLGFLGA" is part of a neutralizing antibody epitope.
Chanh et al., EMBO J. 5:3065-71 (1986) and
Ho et al. J. Virol. 61:2024-28 (1987).
A small insertion at "TMG" inhibits gp120/gp41 association.
Kowalski et al., Science 237:1351-55 (1987).
This fragment is similar to a conserved pattern in HIV2,
"fVLGFLGFLjTAGjAM".

HIV1ENV:527 IVQQQrNLL

*

HIV1ENV:545 LoLTVWGIKQLQARaLAcERdLXDQQLbXfWGCSGKLaCTTjVPWNjSW
A mutation in the indicated "A" can result in a neutralization
escape mutant. Reitz et al., Cell 54:57-63 (1988). That
"A" is the first residue of the so-called "AVERY" peptide
that separates this fragment from the following fragment.
The fragment is embedded in a region of gp41 that is important
for oligomeric assembly. Earl et al., PNAS 87:648-52 (1990),
and Doms et al., J. Virol. 64:3537-40 (1990).
This fragment is similar to a conserved pattern in HIV2,
"QQEbLRLTVWGjKNLQjRViA".

"WGCSG" is part of a 12 amino acid neutralizing antibody epitope.
Schrier et al., J. Virol. 62:2531-36 (1988). Also Gnann
et al., J. Virol. 61:2639-41, 1987 and Science 237:1346-9, 1987.
Antibody to "WGCSG" is cross-reactive with CNS tissue,
namely an astrocyte protein of 43 kD still to be identified
(Yamada et al., J. Virol. 65:1370-6, 1991).

CTL epitopes examined by Dai et al., J.Virol. 66:3151-3154 (1992),
Johnson et al., J.Exp.Med. 175:961-971 (1992), Hammond et al., J.
Immunol. 146:1470-1477 (1991).

HIV1ENV:665 FIcIahGLaGLncaFXaLScVNrVRQGYSPLS
Mutational study -- Helseth et al., J.Virol.64:6314-8, 1990.
This fragment is similar to a conserved pattern in HIV2, "NRDTWGT".

John Moore, of the Aaron Diamond AIDS Research Center, and Joseph Sodroski, of the Dana Farber Cancer Institute, have generously provided the accompanying color summary of Mab epitope exposure on monomeric gp120 glycoproteins. The figure has been taken from their article "Probing the Structure of the Human Immunodeficiency Virus Surface Glycoprotein gp120 with a Panel of Monoclonal Antibodies," which will appear in the January 1994 issue of *Journal of Virology*. The *Journal of Virology* has granted us permission to provide the figure in color.

Blocked colorless areas in the figure were found to be most exposed; no information was obtained for colorless areas that are not blocked (the stretch of amino acids 423 to 430 is a region of uncertain exposure). The degree of exposure diminishes as the color goes from green to red (poor exposure) to blue (buried regions). The reader is cautioned by Moore and colleagues with regard to the interpretation of "exposed" and "buried" regions insofar as these have been defined with respect to linear epitopes. Thus single amino acid residues within "buried" regions may nevertheless participate in discontinous (conformational) epitopes.

The schematic representation is based upon the structural model of Leonard et al., *J. Biol. Chem.* **265**:10373 (1990). See also Westervelt et al., *Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A.* **88**:3097 (1991).

HIV-1 ENV V1-V2

Considerable attention has been focused in 1993 upon the HIV-1 Env V1 and V2 regions. A few of the pertinent references are: Groenink et al., *Science* 260: 1513-1516; Sullivan et al., *J. Virol.* 67:3674-3679; Andeweg et al., *J. Virol.* 67:3232-3239; Boyd et al., *J. Virol.* 67:3649-3652; Lamers et al., *J. Virol.* 67:3951-3960; McKeating et al., *J. Virol.* 67:4932-4944; and Moore et al., *J. Virol.* 67:6136-6151. In light of this flurry of interest, we have attempted an alignment of the V1 and V2 regions, relying heavily upon conserved cysteines and potential N-linked glycosylation sites. Many unpublished sequences were taken into account in constructing the consensus sequences shown below, among which were numerous A, B, C, D, and E subtype sequences provided by the WHO Network (Osmanov and Esparza); approximately thirty distinct B subtype sequences provided by the Aaron Diamond Research Center (Ho and coworkers); another set of ten subtype B sequences from a single isolate also provided by David Ho and coworkers; a subtype B sequence provided by Jim Mullins; a set of twenty-one B subtype sequences submitted by Nancy Haigwood, Harold Burger, and Barbara Weiser; a set of thirty-five B subtype sequences from two brain and two spleen isolates provided by Flossie Wong-Staal; a subtype C sequence provided by Francine McCutchan; two subtype C sequences provided by Michael Becker; and a chimpanzee sequence (cpzANT) provided by Marleen Vanden Haesevelde.

```
                        /<-  V1 Loop ----------------------------------------------
                    *     ^*^                ^^^                 ^^^
CONSENSUS.A     P.LC.VTL.?C?.............NIT??....?.?.......NIT.................?     13
HIVSF1703       -.--.---.N-SH............---TH....NITTNNP...---.................K     26
HIVU455         -.--.---.D-H............---I.....NNTN......-N-....NIT...........D     24
HIVZ321         -.--.---.S-H............---IKD.............-N-....NVD...........T     22
HIVD687         -.--.---.N-SDVT.........-N-FS.............-VS..................Y     21

CONSENSUS.B     P.LC.VTL.NCTD??..........N?T......??.......N??.................???   13
HIVBCSG3        -.--.---.----ELK.........-A-..............-TTST..NTPS.........GSWK    29
HIVMA236        -.--.-S-.T---YVG.........-N-GG............-ST..................GE.   23
HIVMB293        -.--.---.---NANG.........-V-GGI...........-VT..................EE    24
HIVP896         -.--.---.---NL...........-I-K.....NTT.....-PTSSS..............WGM    27
BL.20con                                  -NT....NSSNT.....-SSS...............GEM    15
R.20con         -.--.---.----AN..........-A-NT............-NS..................SWG   23
PA.20con        -.--.---.----GLRNT.......-A-DS....TNI.....-NS..................SGG   29
LS.20con        -.--.---.----LQ..........-V-YA............-SS..................SER   23
F.20con         -.--.---.----AT..........-T-K.....N.......-TSSN..............SWE     25
A.10MA.20con    -.--.---.----YLGNA.NNTG....-A-NTG...NDT.....-TTSS..............SGE   36
B.5CH.20con     -.--.---.----T...........-V-TS....SGG.....-SS................WEG    25
B8.M2TB.20con   -.--.---.K---LE..........-A-.....NSSNT.....-SSS...............GEM    27
C3.LAI.20con    -.--.-I-.K---LE..........-A-NT....NSSNT.....-SSS...............GEM   29
HIVJRFL         -.--.---.--K-V...........-A-..............-TT....NDS...........EG     22
HIVJB01         -.--.---.----LT..........-A-..............-TTSS..............SGG     23
HIVYU2          -.--.---.----LR..........-A-..............-TTSS..............SWE     23
HIVBRVA         -.--.---.--H-F...........-A-..............-ATSN..............SGK     22
HIVSF33         -.--.---.----YLG.........-A-NT............-NS..................SGG   24
HIVA171RAW      -.--.---.----YLG.........-T-NT............-SS..................      21
HIVWM           -.--.---.----CVTS........-C-NLR...NVT.....-TKSS..............SKE     31
HIVBAL1         -.--.---.----LR..........-A-NG....NDT.....-TTSS..............SRG     28
HIVMN           -.--.---.----LR..........-T-NTN...NSTAN....-NSN..............SEG     30
HIVB2M2TB       -.--.-I-.K---LE..........-A-NT....NSSNT.....-NSS..............GEM    29
HIVLAI          -.--.-S-.K---LG..........-A-NT....NSSNT.....-SSS..............GEM    29
HIVHXB2R        -.--.-S-.K---LK..........-D-.....NT.....-SSS..............GRM       24
HIVNL43         -.--.-S-.K---LK..........-D-.....NT.....-SSS..............GRM       24
HIVMFA          -.--.-N-.K---LK..........-D-.....NT.....-SSN..............GRM       24
HIVD31          -.--.---.----LK..........-A-.....NT.....-NSSWTM..........TGEM      28
HIVC23DL        -.--.---.K--NLK..........-A-NT....NSTSS.....-SSS..............WG    28
HIVA151RW       -.--.---.D---LG..........-A-..............-SS..................WG    20
HIVALA1         -.--.---.H-I-YL..........-A-.....NTTSS.....-GT..................     23
HIVSF162        -.--.---.H--NLK..........-A-..............-TKSSN..............WK     23
HIVA161GM       -.--.-A-.---NLK..........-V-HTK...NDT.....-ITSSD..............WGG    30
HIVRJS          -.--.---.---NWK..........-D-DT....NTT.....-SS..................SGE   26
HIVSC           -.--.---.---NLR..........-D-ST....NAT.....-TTSSN..............RG.    28
HIVCAM1         -.--.---.I--NV...........-N-RT............-SSDWDR...........REGE.    27
HIVA81SE        -.--.---.---NANL.........-A-NLK...NAT.....-TTSSR..............SWG    31
HIVOYI          -.--.---.D---V...........-T-SSSLR.NAT.....-TTSS..............SWE     30
HIVCDC4         -.--.---.----LNT.........-N-T.............-TTELSII...........VVWE    29
HIVMA208        -.--.---.----ATIR.....TNT-T-NT............-SS..................GEV   28
HIVJH3          -.--.---.---I-WG.........-D-SP....NAT.....-TTSS..............GGE     28
HIVRF           -.--.---.----ANL.........-G-..............-VTSSS.............GGT     25
HIVADA          -.--.---.----LR..........-V-NI............-NS..................SE    22
HIVJFL          -.--.---.--INLK..........-V-NI............-NS..................WG    22
HIVNY5CG        -.--.---.----LT..........-A-YA............-GS..................SE    22
HIVSIMI84       -.--.---.---NWKSA........-S-SNT...........-SS..................LE    25
HIVACP1         -.--.---.----DLR.........-DW..................................EQ     18
HIVTB132        -.--.---.---NLR..........-D-..................................       15
HIVWMJ2         -.--.---.--I-.K..........-I-DWK...........-TT..................IIG   23
HIVSF2          -.--.---.----LG..........KA-NT............-SS..................NWK   23
HIVSF2B13       -.--.---.----LG..........KA-T.............-SN..................NWK   22
HIVACH9         -.--.---.----NL..........-S-NLG...........-NT..................      21
HIVGUN          -.--.---.---NLV..........-A-YS............-SS..................WE    22
HIVHAN          -.--.---.K---YN..........-A-..............-SS..................WG    20
HIVJM           -.--.---.--N-ASR...NVTKR...-D-NE....NATDSN....-GTATSGNKT.............  39
```

HIV-1 ENV V1-V2

```
CONSENSUS.C   P.LC.VTL.NCT??.............N?T?.....N?T.......N?T.....................   15
CHIVIND747    -.--.---.H--..............-A-YS....-S-Y......-S-YN.....................   23
HIVNOF        -.--.---.---DVKV..........-A-S.....-SN.......-M-.......................   23
HIVD760       -.--.---.E-GNV.....NAT.....-I-NNGEN.-P-.......-I-NNR...................   31
HIVD757       -.--.---.---NA............-V-YD....-G........-Y-.......................   21
HIVD1044      -.--.---.E-RQA............-F-......-A-..NAN..-A-.......................   23

CONSENSUS.D   P.LC.VTL.NCTD???..........N?T?.....N?........N?T.....................   15
U44342.20con  -.--.---.----EWG..........-Y-D?RW............-KAS................DSQT   27
HIVJY1        -.--.---.---NAGG..........-K-T.....-G........-N-TNQ..............EEQ   28
HIVNDK        -.--.---.----ELR..........-SKG..............-GK.....................   20
HIVMAL        -.--.---.---NV............-G-AV....-GTNAGS...-R-N................AEL   30
HIVELI        -.--.---.--S-ELRN.........-G-......MGN.......-V-T.....................   24
HIVZ2Z6       -.--.---.--I-EVME.........-V-MK....-N........-V-.......................   24

CONSENSUS.E   P.LC.VTL.?CTNA???N.........NIT......NVSNI...IGNITD.....................   25
HIVTN243      -.--.---.I----KLT-ANLTNVN..---.....-----..-------.....................   36

CONSENSUS.O   ?.LC.VQM.NCT??............N?T......?LT.......N?T.....................   14
HIVANT70      F.--.---.E--NIAGTT.....................................................   15
HIVMVP5180    F.--.---.--VDLQT..........-K-......G-L........-E-.....................   22
SIVCPZGAB     P.--.-TL.Q-SKA............-FSQAK...N--........-Q-.....................   23
```

```
                ------- V1 Loop ->/<- V2 Loop ----------------------------------------
                                ^#^ ^^^                                        ^^^
CONSENSUS.A     DM.K.GEIK.......NCSFNMTTELRDKKQKVYSLFYRLD?VQI??....N??.......NSS??....   52
HIVSF1703       Y-E..----.....---Y-----------------K--V-P-DK....-NGNN.....-IRTQ....   74
HIVU455         GV.R.E-M-.....-------------------------I---.....-KTD......-N-......   67
HIVZ321         E-.-.E---.....---Y---------QR-I--------I-P-GG....-SS.......-GDSSK...   69
HIVD687         --.-.----.....-------------R-IFT.-----V---D.............---SE....   62

CONSENSUS.B     ?ME?.GEIK.......NCSFNITTSIRDKVQKEYALFYKLDVVPID.....N?........N?S.....   52
HIVBCSG3        K--R.----.....-----V...LG--K--A-------------.....-DK.......-STK.....   71
HIVMA236        KI-G.----.....---------R---MRE---F-N---L---NDEG...........-K-......   67
HIVMB293        .-.R.----.....-------------K-------R--I---EDNE..-NSHSKN...-D-GS....   75
HIVP896         .--K.----.....----Y------N--K------NR------E.....-T........-NTK.....   70
BL.20con        M--K.----.....------S------------F-----I----.............-NTSTS...   59
R.20con         G--T.----.....---------R-N-M----------------.....-D........-T-......   66
PA.20con        ......--M-.....----K----------------T--I----KD...-.........-N-TT....   71
LS.20con        M--R.E-M-.....-------------------------I----DN...-NT.......-T-......   69
F.20con         T--K.----.....-----V------R----------------.....-EK.......-TTS.....   70
A.10MA.20con    T--K.----.....------------I---------------G.....SD........-T-......   79
B.5CH.20con     .-.K.----.....-----V---V----KN------R------EDD...KD........-S-YSS...   71
B8.M2TB.20con   M--K.----.....------S----N-------F-----I----.............-DTTS....   70
C3.LAI.20con    M--K.----.....------S----N-------F-----I----.............-DTTS....   72
HIVJRFL         T--R.----.....------------E----------------.....-.........-NTS.....   65
HIVJB01         T--G.----.....-------------------------I----.............-NTS.....   65
HIVYU2          T--K.----.....----------------------N-------.............-A-......   64
HIVBRVA         M--G.--M-.....-------------M----------I----.....-DKT.....-TR......   67
HIVSF33         TV-K.E---.....--------G-------A--Y----------DD...-T.........-T-......   69
HIVA171RAW      I--E.V-M-.....---------V----R-----L--Y-I----.....KD.........-TTR.....   65
HIVWM           I--K.----.....----Y------N-R-----T-----I----.....-DKD.......-T-......   76
HIVBAL1         MVGG.--M-.....--------N--G-------------IA---.............-N-NNR...   72
HIVMN           TIKG.--M-.....-------------M------L----I-S--.............-D-TS....   73
HIVB2M2TB       M--K.----.....------S----N-------F-----I----.............-DTTS....   72
HIVLAI          M--K.----.....------S----G-------F-----II---.............-DTTS....   72
HIVHXB2R        I--K.----.....------S----G-------F-----II---.............-DTTS....   67
HIVNL43         I--K.----.....------S------------F-----I----.............-T-......   65
HIVMFA          I--K.----.....------S----N-------F-----IR---.............-TT......   65
HIVD31          K...----.....-------------------H----------.....-D.........-T-......   68
HIVC23DL        K--K.----.....-----V--N-GN-M-----F----------.....K.........-NT......   70
HIVA151RW       K--R.----.....--------N-------V--T----------.....-.........-NTS.....   63
HIVALA1         K--R.----.....-------------M---S---H--------.....-.........-NTS.....   66
HIVSF162        E-DR.----.....----KV-----N-M----------------.....-D.........-T-......   66
HIVA161GM       K--E.--M-.....-----V-----N------------------.....-D.........-T-......   73
HIVRJS          K--E.----.....-----------N-L--G-------------.....-D.........-T-......   69
HIVSC           K--G.--MT.....-----------S------------------.....-D.........-T-......   69
HIVCAM1         K-.K.----.....-----V-----N--R---------------.....KA........-T-......   69
HIVA81SE        Q--T.----.....--------G-GN-KK-------N-----R-.....KA........-T-......   74
HIVOYI          T--K.--L-.....-----T-------M-EQ---------L---.....K.........-DTK.....   73
HIVCDC4         QRGK.--MR.....---------------R----------E---DNK..-TT........-NTK.....   77
HIVMA208        K.-R.E---.....--------N-K-RM--A--T-----I---G.....-DSTSNN...-T-NNYTS.   90
HIVJH3          K--K.--M-.....----------------H-----H-----N.....-STKDNIKND-STR.....   80
HIVRF           M--N.----.....----QV---R---T--K----------EKG...-ISPK.....-NTSNNTSY   79
HIVADA          G-.R.----.....-------------K-D-----R-------.....-D.........-T-......   64
HIVJFL          K--E.----.....-----T----KN-M-R-------------.....KD........-T-......   65
HIVNY5CG        ..-R.---R.....-----V--I--N-I--------R--I----.....KD........-T-......   63
HIVSIMI84       ..-K.----.....-----V----KN---T----------M--E.....DD........-T-......   66
HIVACP1         .--K.----.....----Y---N--N-M--Q----DR-----T-.....DD........-T-......   60
HIVTB132        .....S-M-.....----K--------L----------I---N.....-D.........-T-......   54
HIVWMJ2         G....--V-.....--------R----H-------------K.....GD........-N-SR....   65
HIVSF2          EEIK.----.....----------I---N---RN-------.....-ASTTT.....-YTN.....   71
HIVSF2B13       EEIK.----.....----Y--------I---N---RN-------.....-ASTTT.....-YTN.....   70
HIVACH9         .DIK.----.....--------RGG-M------L-----I---.....-STSN.....-YTS.....   67
HIVGUN          K-DR.---Q.....--------RK-N----Q---LNR--I----.............KT-......   63
HIVHAN          R--K.---Q.....----KV--N--------S-----T------N.....-KTSNRD...-TTS.....   70
HIVJM           M--KYA---.....--------NMGG-MK------NT-----V-NSN..-NSN.......-D-......   88
```

HIV-1 ENV V1-V2

```
CONSENSUS.C   .....EEIK.......NCSFN?TTEIRDKKQKV?ALFY?LDIVPL?.....N???......NSS.....   49
CHIVIND747    .....----.......-----T---L-------Q----K--V---.....-TTD.....---.....   63
HIVNOF        .....G---.......----YT----G------Y----KP-V---.....-ERN.............   60
HIVD760       .....----.......--P--A------RQ---Y----R------D.....-NN.....--T.....   71
HIVD757       .....----.......-----T---L--Q----A----K--V---DG....-D.....---.....   61
HIVD1044      .....---R........--T--A------R----H----K------D.....-ESK.....-D-SRN...   67

CONSENSUS.D   ??E?.G?MK.......NCSFN?TT?VRDKKKQVYALFYKLDVVQIDD?...N?T.......NS?N.....   53
U44342.20con  QM-K.-E--.....-----V--VI---R?--H----------.....-D-NTQA...-YSS.....   75
HIVJY1        MM-K.-E--.....-----I--VIS------H----R----P---DNSA-TSNT.....-YT-.....   80
HIVNDK        .V-EEEKR-.....----....N----RE----------I-P--NN...-R-.....--T-.....   63
HIVMAL        KM-I.-EV-.....-----I-P.-GSD-R-E--T--N--L-----SD.....--S.....   73
HIVELI        ..-E.KG--.....-----V--VLK---Q-------R--I-P--.....-DSST.....--T-.....   69
HIVZ2Z6       ..-E.IR--.....-----I--V----T---H----R--I-P--ND...-S-.....--T-.....   69

CONSENSUS.E   ......EVR.......NCSFNMTTELRDKKQKVHALFYKLDIVQIG.....D?.....NSSE.....   63
HIVTN243      ......---.....----------.....-K.....----.....   75

CONSENSUS.O   .???.NEMK.......NCSFNVTTVLKDKKE?KQALFYVSDLMKL......NE.....N?TN.....   51
HIVANT70      .NE..-L--.....K-E------I-----K----------E-.....--TSST....-K--SKM..   63
HIVMVP5180    ...I.---R.....----------T----Q----------S-V.....-DSNAV....-G-T.....   66
SIVCPZGAB     SSPP.L---.....--------E-R---KQVYS----E-VVN-G.....--.....-N-.....   66
```

```
                V2 Loop ->/
                          #^^^
CONSENSUS.A     ..YRLINCNTSAITQACPKVS      71
HIVSF1703       ..--------------------     93
HIVU455         ..---------T---------      86
HIVZ321         ..--------------------     88
HIVD687         ..--------------------     81

CONSENSUS.B     ..YRLISCNTSVITQACPKVS      71
HIVBCSG3        ..----------T------I-      90
HIVMA236        ..-I--H--------------      86
HIVMB293        ..--------------------     94
HIVP896         ..--NHR--------------      89
BL.20con        ..---------------*---      77
R.20con         ..--------------------     85
PA.20con        ..----N-----------M-       90
LS.20con        ..-------------GTDSN-      88
F.20con         ..-----------------I-      89
A.10MA.20con    ..--------------------     98
B.5CH.20con     ..----N-----------I-       90
B8.M2TB.20con   ..-T-T---------------      89
C3.LAI.20con    ..-T-T---------------      91
HIVJRFL         ..------D----------I-      84
HIVJB01         ..--------------------     84
HIVYU2          ..--------------------     83
HIVBRVA         ..------------------T      86
HIVSF33         ..----H--S-----T-----      88
HIVA171RAW      ..--------------------     84
HIVWM           ..--------------------     95
HIVBAL1         ..--------------------     91
HIVMN           ..-----------------I-      92
HIVB2M2TB       ..-T-T---------------      91
HIVLAI          ..-T-T---------------      91
HIVHXB2R        ..-K-T---------------      86
HIVNL43         ..--------------------     84
HIVMFA          ..--------------------     84
HIVD31          ..--------------------     87
HIVC23DL        ..-M--N--------------      89
HIVA151RW       ..-----------------I-      82
HIVALA1          .-I-----------------      85
HIVSF162        ..-K--N--------------      85
HIVA161GM       ..-T--N--------------      92
HIVRJS          ..-T--N--------------      88
HIVSC           ..-T--N--------------      88
HIVCAM1         ..-T--H--------------      88
HIVA81SE        ..-I--H----T---------      93
HIVOYI          ..F---H----T-------I-      92
HIVCDC4         ..----N--------------      96
HIVMA208        ..------D------------      99
HIVJH3          ..-----------------I-      99
HIVRF           GN-T--H--S-----------     100
HIVADA          ..----N----T---------      83
HIVJFL          ..-T--N----T---------      84
HIVNY5CG        ..-T--N-D------------      82
HIVSIMI84       ..-T--N--------------      85
HIVACP1         ..-K--N--------------      79
HIVTB132        ..---------I---------      73
HIVWMJ2         ..----N--------------      84
HIVSF2          ..----H--R-----------      90
HIVSF2B13       ..----H--R-----------      89
HIVACH9         ..--------------------     86
HIVGUN          ..-T--T--------------      82
HIVHAN          ..-M--H--R-----------      89
HIVJM           ..-I-T-------------I-     107
```

HIV-1 ENV V1-V2

```
CONSENSUS.C     ..YRLINCNTSAITQACPKVS     68
CHIVIND747      ..--------------------     82
HIVNOF          ..-I--H-----T---------     79
HIVD760         ..------------------T     90
HIVD757         ..--------------------     80
HIVD1044        ..------------------T     86

CONSENSUS.D     ..YRLINCNTS?ITQACPKV?     70
U44342.20con    ..----------A--------T     94
HIVJY1          ..----------A--------T     99
HIVNDK          ..-------D--T-------IS     82
HIVMAL          ..----------V--------T     92
HIVELI          ..----------A--------S     88
HIVZ2Z6         ..----------A--------S     88

CONSENSUS.E     ..YRLINCNTSVIKQACPKIS     82
HIVTN243        ..--------------------     94

CONSENSUS.O     ..Y?LTNCN?TTITQACPKVS     68
HIVANT70        ..-T------S-----------     82
HIVMVP5180      ..-M------S-I-K-------     85
SIVCPZGAB       ..-RII---T-A-------T-     85
```

IIIB. Global variation in the HIV-1 V3 region

Introduction: Due to the immunogenicity and functional importance of the V3 loop, there has been a great deal of interest in the V3 region of the envelope protein, resulting in a large international effort to obtain V3 region sequences. This section, which includes sequences from 410 individuals, attempts to phylogeneticly group the many PCR amplified fragments of DNA, which span the HIV-1 V3 loop and surrounding region, with the larger env gene sequences (Part II) that have clear subtype associations. These sequence subtypes (A-F) have been defined based on the phylogenetic relationships determined by using both gag and env genes when possible, are approximately genetically equidistant in envelope, and have multiple members (see section IIIA). An interesting exception to agreement in gag and env phylogenetic clustering is the E subtype: this subtype is equidistant from the other five subtypes in the env gene, but in the gag genes subtype A and E sequences cluster together (see the V3 E subtype section for discussion and references).

Sequences: To best summarize the spectrum of international HIV-1 variants, only one representative viral sequence was used per infected individual. A complete set of references accompanies the sequence alignments, and nomenclature was preserved from the original papers so individuals and isolates can be clearly identified. HIV1 was deleted from the locus names in this section, as all sequences included here are HIV1. Included with the references when available were brief descriptions of critical features of the sequences. This includes the health status of the individual from which the virus was derived, whether or not the virus was cultured, and the year the blood sample was taken. All sequences are prefaced by a two letter country code to identify the country that the individual resided in at the time of the blood draw; this code was developed for Internet (Copyright 1992, Lawrence H. Landwater and the Internet Society), and incorporated here based on a suggestion made by Dr. Francine McCutchan. Due to this change, the sequence locus names in this section vary slightly from those used in the 1992 compendium.

Sometimes only one viral sequence was available from a person: a clone from an isolate, or a direct sequence of PCR amplified peripheral blood DNA. For other individuals, up to 80 viral sequences from PCR amplified DNA or RNA from blood samples were available. When two sequences were available from a person, one of the two was randomly selected. When three or more sequences were generated from a person, all available sequences were aligned (without regard to different time points of sampling) and a consensus of the most common base found in each position in the alignment was generated. If there was a tie (e.g., 10 A's, 10 T's), the top base or amino acid in the alignment was used. If a set of sequences from two or more individuals was epidemiologically linked, and genetically very similar, only one sequence from the set was included. In the sequence description and references section, the short hand "PCR-direct, peripheral blood DNA" is used to signify that viral DNA was amplified from PBMCs, without culturing, and a single "direct" sequence was obtained from the amplification reaction products. The short hand "Consensus, PCR-clones, peripheral blood DNA" signifies that viral DNA was amplified from PBMCs and a set of clones was generated and sequenced from the PCR amplification products. The cloned sequences were aligned and a consensus was generated.

Phylogenetic clustering: Each sequence, or set of related sequences (e.g., a set of sequences that were all generated for the same study), was aligned with a set of "reference" or "probe" sequences that were used to determine the phylogenetic clustering patterns of the "test" sequences. Three well characterized reference sequences were selected to represent subtypes A-D: A: HIVSF170, HIVZ321, HIVU455; B: HIVMN, HIVSF2, HIVJRCSF; C: HIVNOF, HIVD747, HIVZAM20 (a sequence from Zambia that was provided by Dr. Francine McCutchan, Henry M. Jackson Foundation); D: HIVJY1, HIVELI, HIVZ2Z6. The E subtype was represented by HIVTN243, and the F subtype by the Brazilian isolate HIVBR7944, (1000 nucleotides of BR7944 sequence were provided by Dr. Marcia Kalish of the Centers for Disease Control). The CPZ-gab (chimpanzee) sequence was used as an outgroup. Alignments were gapstripped, meaning that any column that had a sequence with a deletion in it was removed from the alignment. Similarity matrices were generated using the similarity function of the MASE program (Faulkner DV, and Jurka J. TIBS 13:321-322 (1988)), and parsimony trees were created using PAUP (David Swofford, Illinois Natural History Survey). If classification was borderline, a maximum likelihood tree was also generated using DNAML program in the PHYLIP package (Joseph Felsenstein, University of Washington). All available sequence information was

used for phylogenetic analysis; longer sequences were trimmed to be approximately the same length as the majority of the PCR fragments in this region, for the purposes of presentation. Within the region shown here, intra-subtype differences at the nucleotide level were typically 7-20%, with lower values for Thai E and Romanian F intra-subtype sequence comparisons. Inter-subtype differences were typically 20-35%. Some sequences were difficult to classify, and are included in the "U", or unclassified, section.

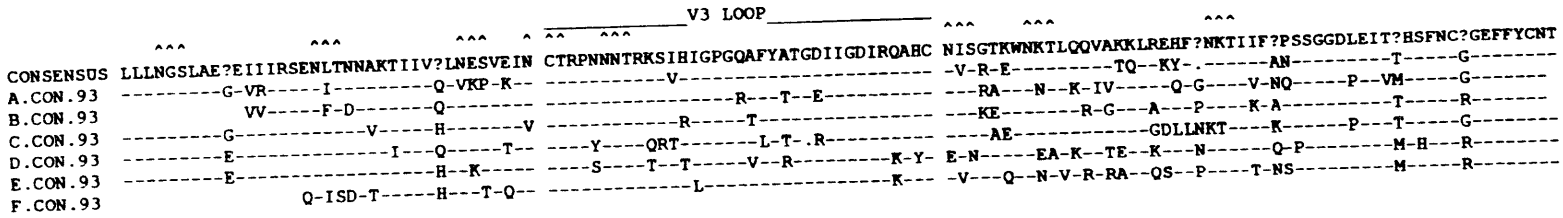
Limitations of phylogenetic analyses: There are at least three factors which limit the reliability of the phylogenetic classifications in this section. First, most of the PCR derived sequences contain a sub-optimal length for phylogenetic analyses, given the level of variability in this region - typically on the order of 250 to 300 nucleotides. Due to this limitation, many of the classifications in this section are uncertain; merely our best estimate given the available information. Control studies were performed to compare the phylogenetic clustering using available whole gp120 sequences, and 250 base pair V3 region fragments excised from them. In these cases, the subgroup classification remained very clear. Based on this, we were reasonably confident in making a genetic subtype classification when a minimum of 200 nucleotides remained after deleting all columns in the alignment that contained gaps. Sequences that were slightly too short to be classified, but that were part of PCR sets included in this study and seemed strongly associated with a particular subtype, are included but have the suffix "sh" added to their locus name to indicate that because of their shorter length we are less certain of their classification. None of the sequence sets which are limited to the 105 nucleotides that encode the V3 loop are included. Second, the set of reference sequences selected as the basis of classification could influence the relationships observed. Some of the ambiguities discussed above may have been settled if more trees had been generated including different sets of reference sequences. And third, the V3 loop is clearly a critical region for determining viral phenotype, which may impose constraints that obscure phylogenetic relationships. To attempt to overcome this possibility, the sequences analyzed here contained regions on either side of the V3 loop of approximately the same length as the V3 loop itself.

Geographic associations with subtype: The sequences presented in this study come from a broad range of geographic locals. The A subtype viral sequences were found primarily in people from Western and Central Africa. The B subtype sequences were found primarily in people from North and South America, Europe, and Asia. This is the subtype that has been most intensively studied due to early availability of viral isolates. The C subtype sequences have been found in Southern and Central Africa, and India. The D subtype sequences have been found in Central Africa. The E subtype sequences have been found in Thailand and Central Africa. The F subtype sequences have been found in Romania and Brazil.

Limitations of consensus sequences: The consensus sequences generated for each subtype have interesting features, however one should be wary about assuming that any of the consensus sequences may broadly represent their subtype. Certainly many V3 loop variants of in each of the subtypes are extremely divergent from the consensus sequences. These divergent forms may have very different biological and immunological characteristics from viruses which are similar to the consensus. Additionally, because of the relatively small sample size of most of the subtypes, consensus sequences can be dominated by a small group of highly similar sequences, which may be in turn a sampling artifact. Hence these consensus sequences are "evolving" as new sequences from each subtype become available.

Contents:

1. Subtype consensus sequences.
2. Amino acids found in the V3 loop of each subtype.
3. Analyses of variation at the immunogenic tip of the V3 loop.
4. Alignments of sequences by subtype.
5. Brief descriptions and references for all sequences included in the study.



Subtype consensus sequences. This V3 region alignment shows a consensus sequence generated for each of the six subtypes. The five subtype consensus sequences indicate the most common amino acid found in each position among the sequences associated with each subtype. The sequences are aligned to a 50% consensus based on the six subtype consensus sequences, that approximates a "global" consensus. It was generated in this way (rather than by using all 410 sequences) to avoid over-representation of the B subtype, which has by far the largest number of available sequences. As is the convention in this compendium, a dash (-) indicates concurrence with the top sequence in the alignment; a period (.) indicates a deletion. The carets show where the N-linked glycosylation sites are found in the consensus. The V3 loop is set off from the surrounding sequence by a space on either side to facilitate viewing. Interesting features of the consensus alignment are: 1) Only in the B subtype is GPGR the most common tip of the V3 loop; globally, GPGQ is more prevalent. 2) A highly conserved N-linked glycosylation site is constitutively absent in the C subtype, proximal to the first cysteine (C) in loop. 3) The D subtype consensus has 34 amino acids from cysteine (C) to cysteine (C) rather than the more common 35; at the point where the deletion occurs, it is not uncommon to find insertions of 2 to 4 amino acids, as can be observed in the sequence alignments. 4) The D subtype has two arginine (R) residues in the V3 loop that are uncharacteristic relative to the other consensus sequences; positively charged amino acids in these positions may result in a syncytia inducing, non-monocytropic phenotype (Fouchier RAM, et al., J. Virol. 66:3183-3187 (1992)). 5) A higher degree of variation is seen in the region just downstream of the V3 loop than within it. This difference is also observed internally among the sequences of the different subtypes.

V3 loop amino acids – following 3 pages. The "global" consensus sequence for all of the subtypes is shown at the top. Directly beneath the global consensus are shown aligned the subtype alternative amino acids that can be found in the six subtype consensus sequences at each position. For each subtype, the number of sequences which are currently available is indicated. The V3 loop consensus sequences (the most common amino acid found in each position among the sequences associated with each subtype), are shown. Written just above each consensus is the percentage of sequences that had the most common amino acid at each position (if a particular amino acid is perfectly conserved in a given position in a subtype, the 100% is not shown). Directly beneath the most common amino acid in each position are the other amino acids found in that position, listed from most common to least common. A dash (-) indicates a deletion; unusual insertions are not shown.

V3 consensus for subtypes A - F

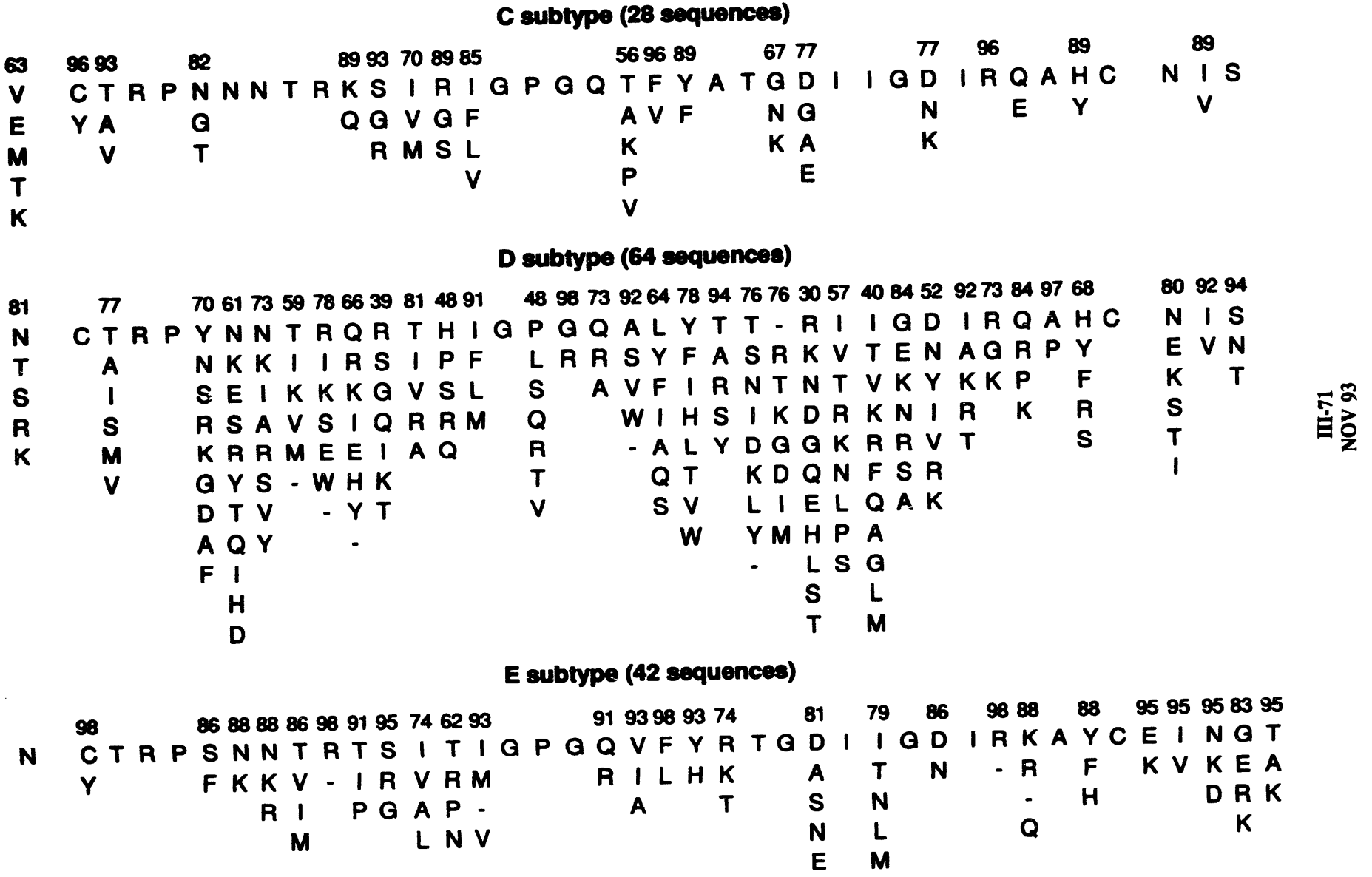
N C T R P N N N T R K S I H I G P G Q A F Y A T G D I I G D I R Q A H C N I S

A subtype (71 sequences)

88	78	99	75	99	96	94	94	59	79	62	48	92	97	96	86	55	94	97	92	87	89	64	91	91	74	79	99	73	81	81	83
N	C	T	R	P	N	N	N	T	R	K	S	V	H	I	G	P	G	Q	A	F	Y	A	T	G	D	I	I	G	D	I	R	Q	A	H	C	N	V	S
T		I		H	G	K	-	-	N	R	G	I	R	M	A	S		R	T	I	F	T	R	-	A	V	V		N			K	V	Y		T	I	N
S		S			S		Y	R	S	Q	N	M	S	L		R		K	V	L	H	-	A	D	E	N	L		S			R		Q		E	L	K
I		M			Y			K	-	T	R	Y	G	T					S	S		K	N	N	N	M	T		V			E		F				
		V			T			I		E	M	A	P						I			V	-		G		K											
											V								P						K													
																									R													
																									S													
																									-													

B subtype (186 sequences)

94	99	91	98	82	96	96	97	94	78	70	96	56	68	96	87	99	80	85	79	88	51	93	82	35	98	92	99	81	97	99	83	99	93	94	50	94
N	C	T	R	P	N	N	N	T	R	K	S	I	H	I	G	P	G	R	A	F	Y	T	T	G	E	I	I	G	D	I	R	Q	A	H	C	N	I	S
T	S	I		L	S	D	Y	K	S	R	G	V	P	M	A	W	R	K	T	W	F	A	R	E	D	V	V	E	N	V	K	K	P	Y		T	L	N
D		E			G	K	K	R	K	T	R	L	T	L		L		Q	V	L	H	R	I	-	Q		T	-	A	L		R		Q		I	V	
H		V			H	T	H	I	G	E	H	G	S	K		A		S	S	V	V	V	-	R	K		A		E	M		E				H		
I		L			Y	I	T	V	I	G	-		N	R		Q		G	G	I	D		A	K	G		-		H	-		L				S		
		S				Y			T	N			A	S		S			R	S	I		K	D	R		L		I									
										Q			Y	V		F			-	Y	R		P	Q	N		M		T									
													G			G				-	T		Y	S	A				-									
													Q												S													
													R																									
													-																									


C subtype (28 sequences)
D subtype (64 sequences)
E subtype (42 sequences)

F Subtype (10 sequences)

90												90			90			80	90	90								80			80	
N	C	T	R	P	N	N	N	T	R	K	S	I	H	L	G	P	G	Q	A	F	Y	A	T	G	D	I	I	G	D	I	R	K	A	H	C			N	V	S
T													Q					R					T	D	E									Y					N

U Subtype (9 sequences)

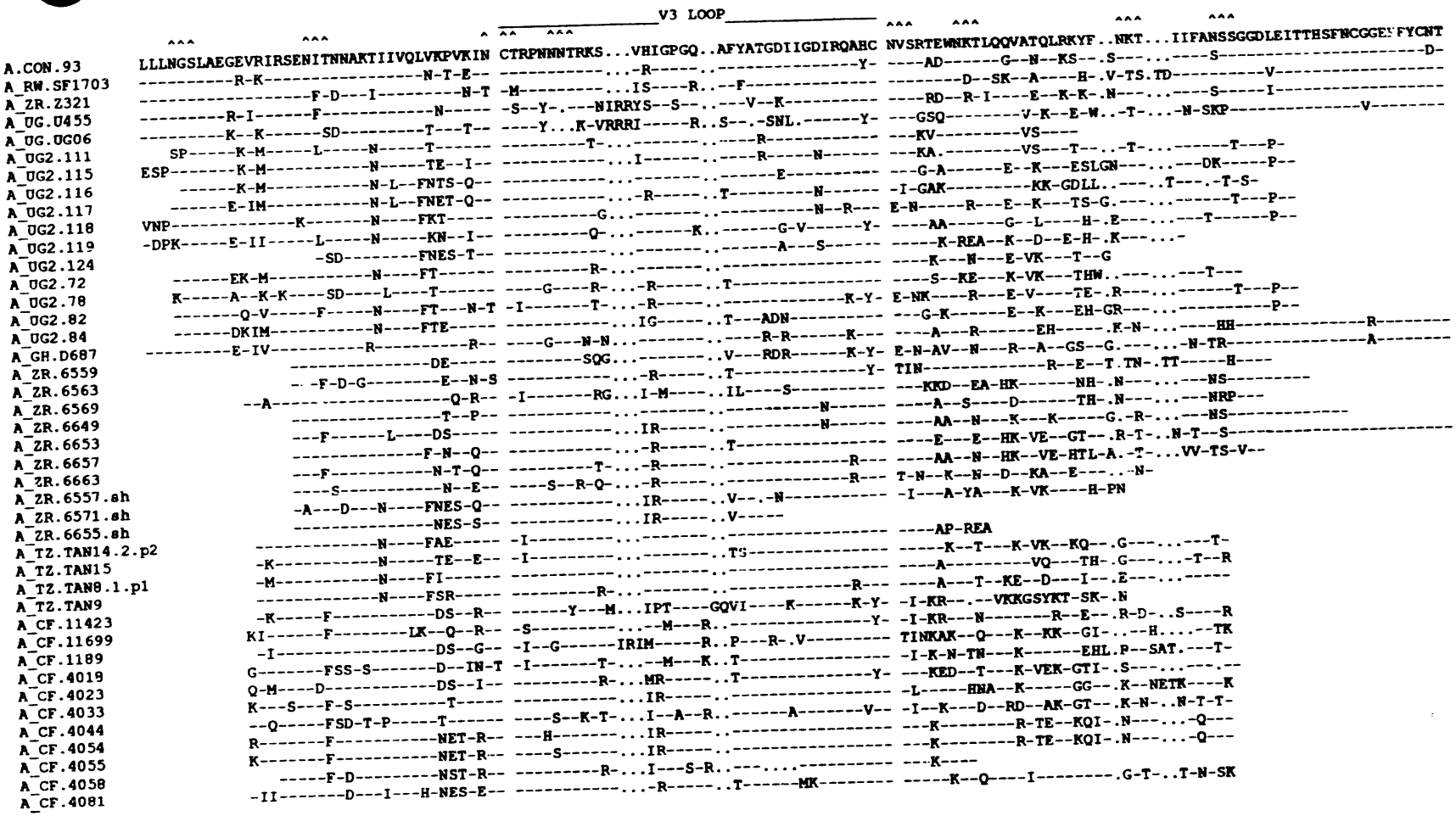
56		78			78	89	56	78	78	33	78	56	56	78		89		67	67	89	89	78	78	78	67	67	78			67	89	89	67		89			67	67	44
N	C	T	R	P	N	N	N	T	R	K	S	I	R	I	G	P	G	Q	A	F	Y	A	T	G	D	I	I	G	D	I	R	Q	A	H	C			N	I	S
T		I			G	S	D	R	N	R	R	V	H	L		S		R	T	I	T	T	K	-	K	-	-		N	T	G	K		Y			D	V	N
V							I	K	K	I		M		V				K	V				I	-	-	V			I								I		T
							T			T		T																									T		
							Y																																	

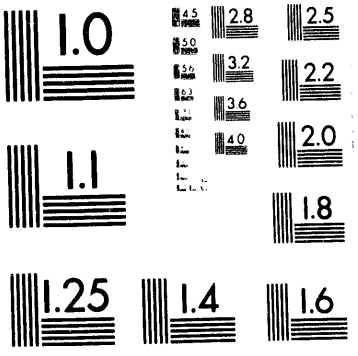
	Combined 410	A 71	B 186	C 28	D 64	E 42	F 10	U 9
GPGR	145	6	**118**		14	4	1	2
GPGQ	164	**58**	10	**28**	**16**	**38**	**9**	**5**
GPGK	18	2	15					1
GLGQ	16				**16**			
APGR	8	1	7					
GWGR	12		12					
GPGS	7		7					
GSGQ	8	1			6			1
GPGG	5		5					
GLGR	4		4					
GQGQ	5		1		4			
GQGR	2		1		1			
GSGR	3	1	2					
APGQ	1	1						
GAGR	1		1					
GARR	1		1					
GFGR	1		1					
GGGR	1		1					
GLRQ	1				1			
GRGQ	3	1			2			
GTGQ	2				2			
GVGR	1				1			
GPGA	1				1			

Summary of variations in the tetrameric tip of the V3 loop. This table is a tally of the 22 different tetramers observed at the tip of the V3 loop among the viruses found in the 410 individuals analyzed. This tip is thought to form a turn, and is the focal point of the potent neutralizing antibody epitopes that have been mapped to the V3 loop, as well as of T cell epitopes. Each column shows the number of occurences of a given tetramer in either the entire 410 sequences (combined), or in subsets consisting of subtypes A-F, the unclassified sequences (U). Underneath the column heading is the number of sequences in each category. The most common form found in each subtype is highlighted by bold lettering. In the B subtype, GPGR is the predominant form, however globally GPGQ tends to be more common.

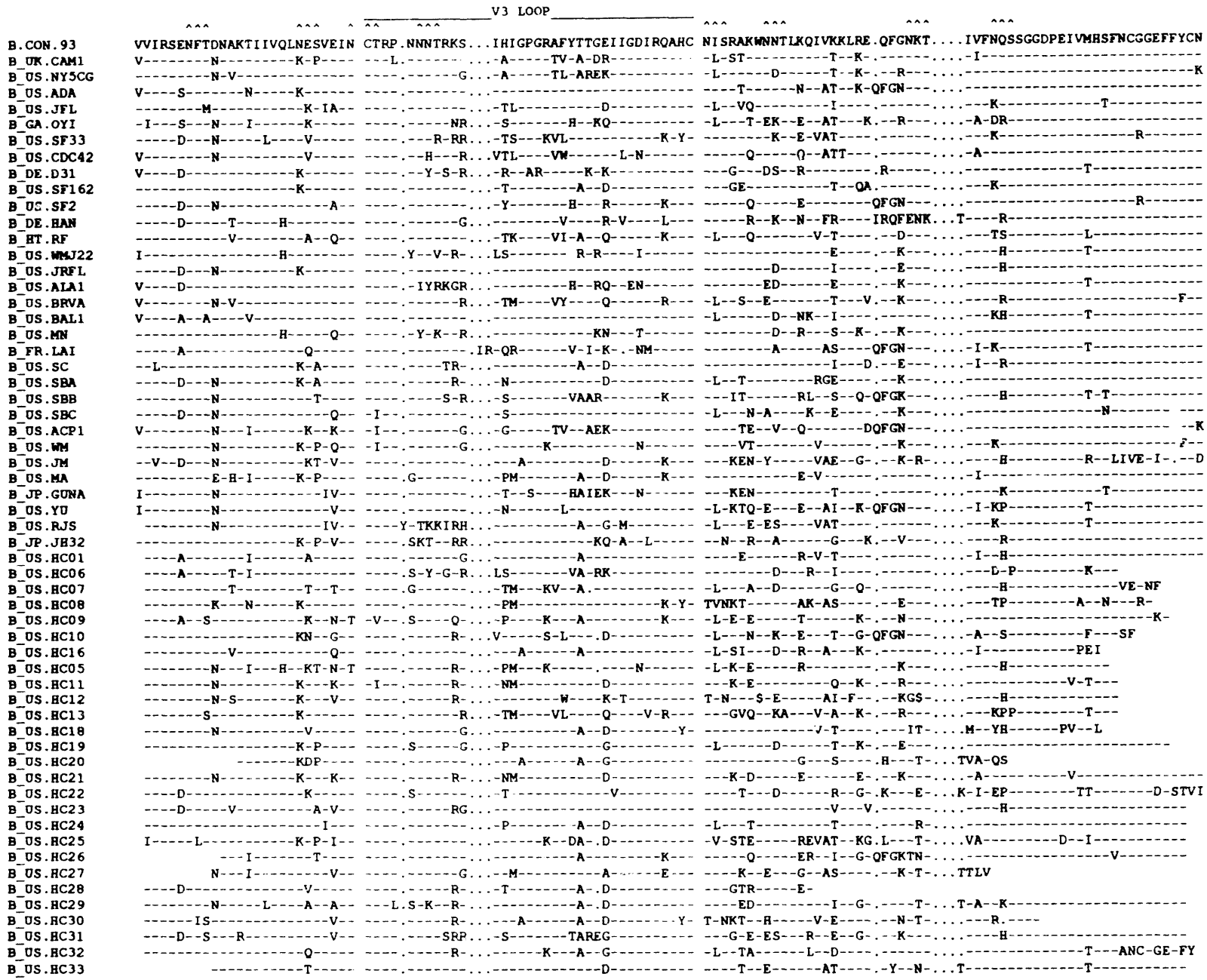
	Combined	A	B	C	D	E	F	U
	410	71	186	28	64	42	10	9
HIGPGRAF	44	1	**42**		1			
RIGPGQTF	30	**15**		**14**				1
RIGPGQAF	22	12	1	7				**2**
TIGPGQVF	20					**20**		
HIGPGQAF	17	**15**	1					1
PIGPGRAF	14	1	13					
SIGPGRAF	11	1	10					
PIGLGQAL	11				**11**			
HLGPGQAF	11	2					**9**	
HIGPGRAY	8				8			
RIGPGQVF	8	2		1		5		
HIAPGRAF	7	1	6					
TIGPGRAF	7		7					
HIGPGQAL	6				6			
HMGWGRAF	6		6					
NIGPGRAF	6		6					
HIGPGKAF	6	1	5					
HIGPGQTF	4	4						
HIGPGSAF	4		4					
HLGPGQAW	4		4					
NMGPGRAF	4		4					
RIGPGRVF	4					4		
PMGPGKAF	3		3					
PIGPGQAF	3				1	1	1	
PIGPGQVF	3					3		
NIGPGQVF	3					3		
PLGPGQAW	3		3					
HMGWGRTF	3		3					
AIGPGRTV	2		2					
GIGPGQTF	2	2						
HIGPGGAF	2		2					
HIGPGRSF	2	1	1					
HIGSGRAF	2	1	1					
HIGPGRTF	2		2					
HLGPGQAL	2				2			
HMGPGKAF	2		2					
HMGPGRAF	2	1	1					
HMGPGRAL	2				2			
PIGPGKAF	2		2					
PMGPGRAF	2		2					
TMGPGRVW	2		2					
YIGPGRAV	2		2					
HIGPGRAV	2		2					
HLGPGRAW	2		2					
HLGWGRAF	2		2					
TMGPGKVF	2		2					
GFGPGQAF	2			2				
TIGPGQIF	2					2		
HIGPGQAI	2				2			
RIGPGQAL	2				2			
SIGLGQAL	2				2			
PIGLGQAY	2				2			
unique	90	11	41	4	25	4	0	5

This table is a tally of the 142 different octamers found at the tip of the V3 loop among the 410 individuals analyzed here. The table is structured the same as the tetramer table on the previous page. Amino acid changes proximal to the tip can influence the specificity of anti-V3 neutralizing antibodies. The 90 forms that were only found once in the entire data set are not shown here, to save space, and are summarized in the row called "unique."

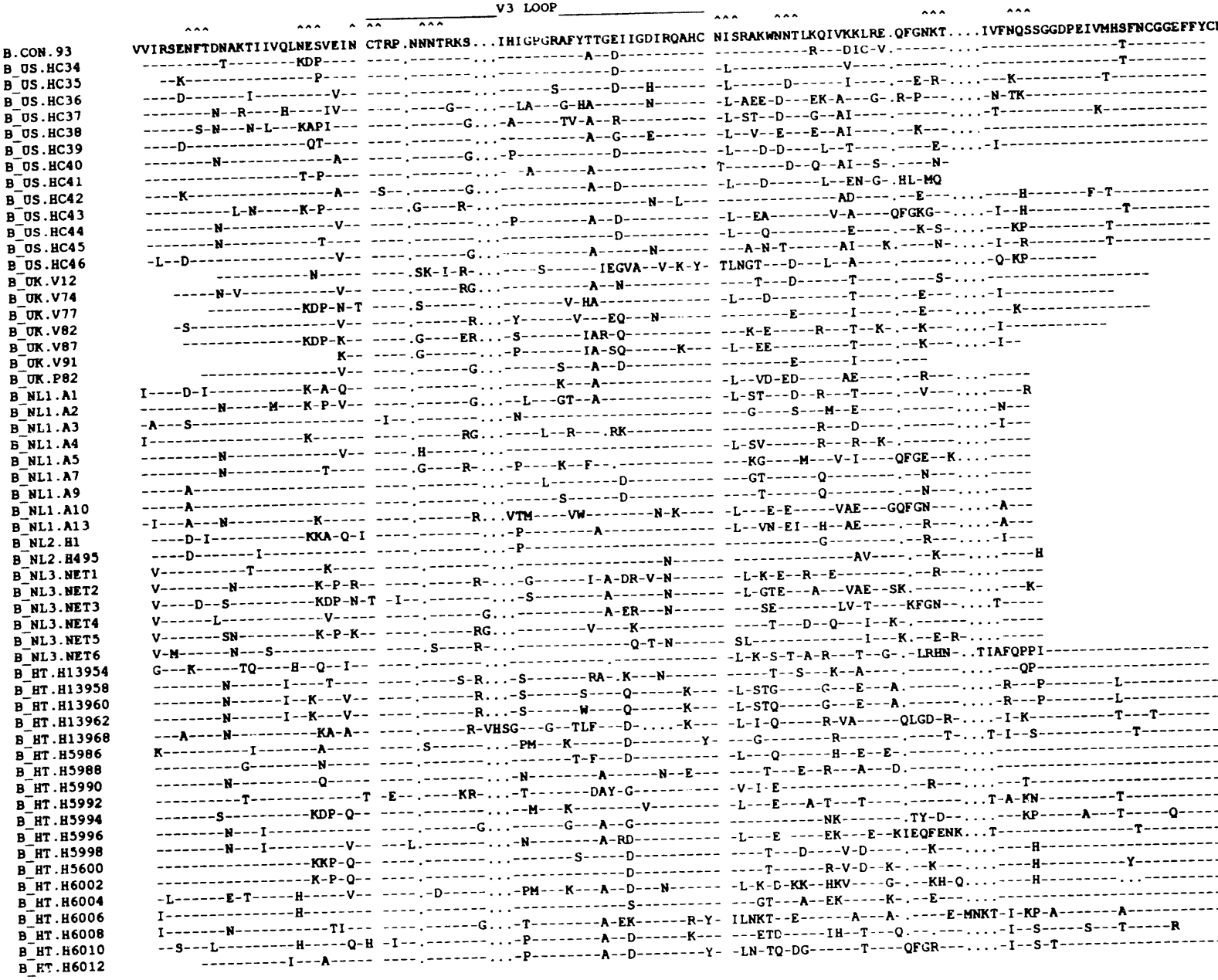

V3 LOOP
A.CON.93
A_RW.SF1703
A_ZR.Z321
A_UG.U455
A_UG.UG06
A_UG2.111
A_UG2.115
A_UG2.116
A_UG2.117
A_UG2.118
A_UG2.119
A_UG2.124
A_UG2.72
A_UG2.78
A_UG2.82
A_UG2.84
A_GH.D687
A_ZR.6559
A_ZR.6563
A_ZR.6569
A_ZR.6649
A_ZR.6653
A_ZR.6657
A_ZR.6663
A_ZR.6557.sh
A_ZR.6571.sh
A_ZR.6655.sh
A_TZ.TAN14.2.p2
A_TZ.TAN15
A_TZ.TAN8.1.p1
A_TZ.TAN9
A_CF.11423
A_CF.11699
A_CF.1189
A_CF.4019
A_CF.4023
A_CF.4033
A_CF.4044
A_CF.4054
A_CF.4055
A_CF.4058
A_CF.4081

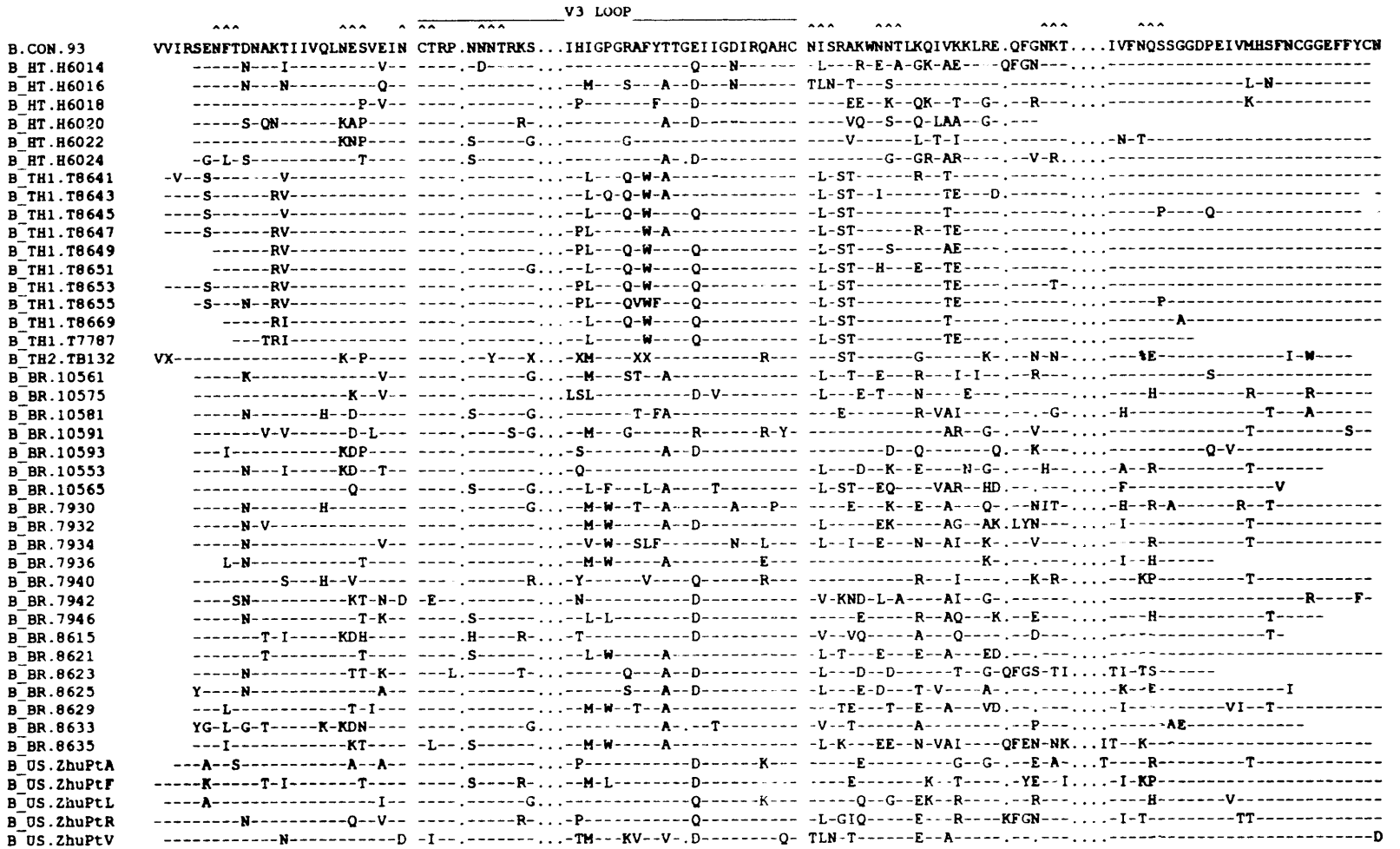

1.0
1.1
1.25
1.4
1.6
1.8
2.0
2.2
2.5
2.8
3.2
3.6
4.0
4.5
5.0

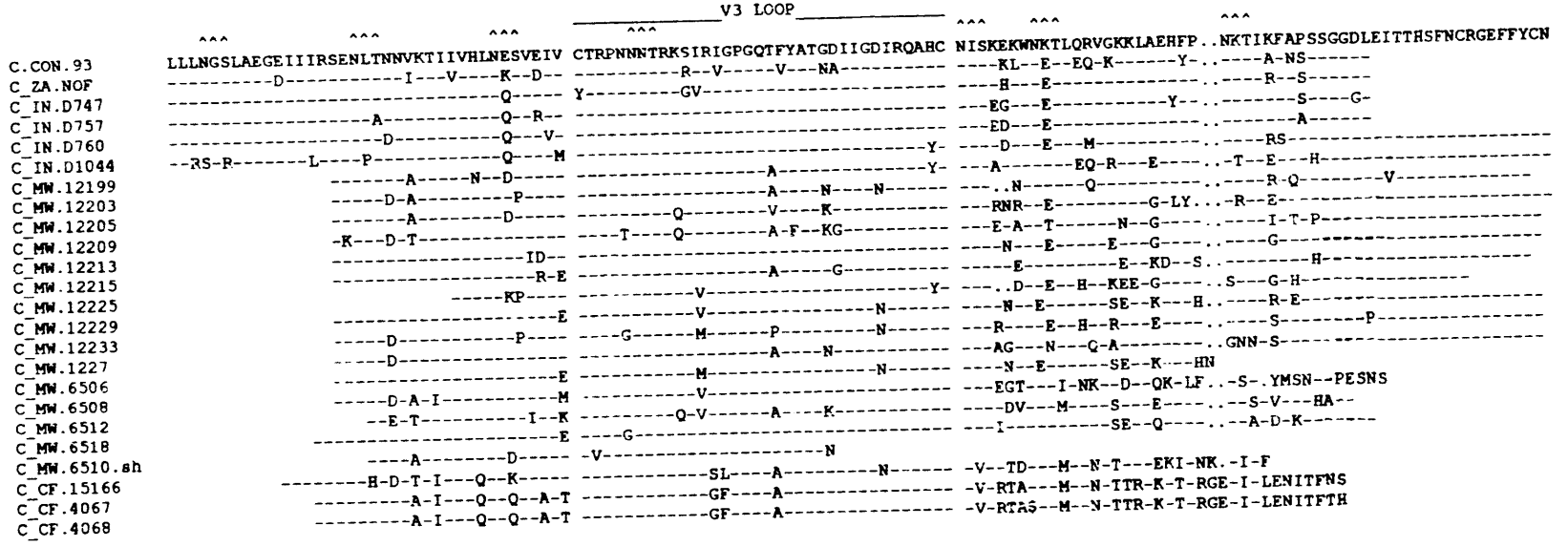
11 of 11

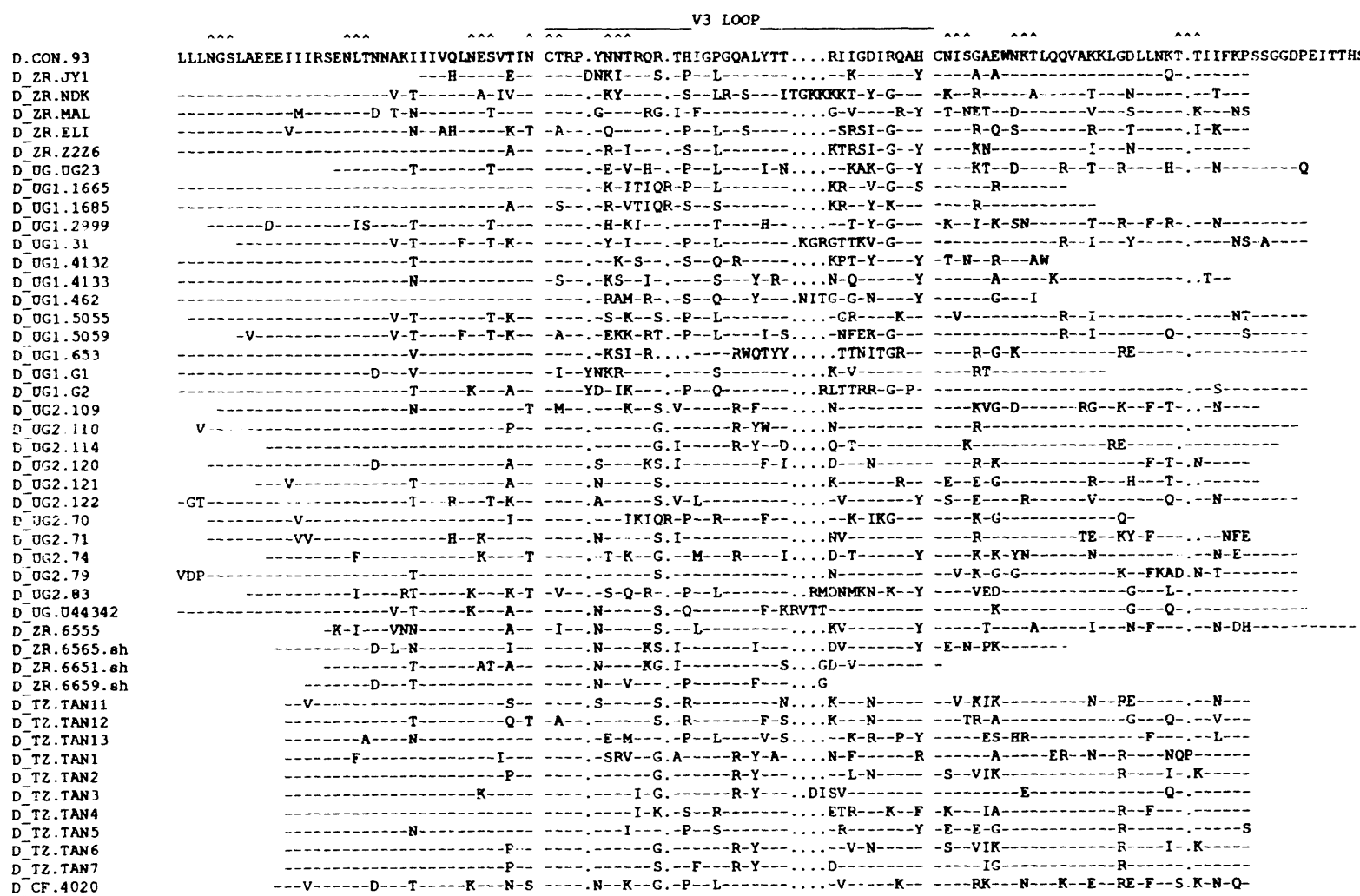


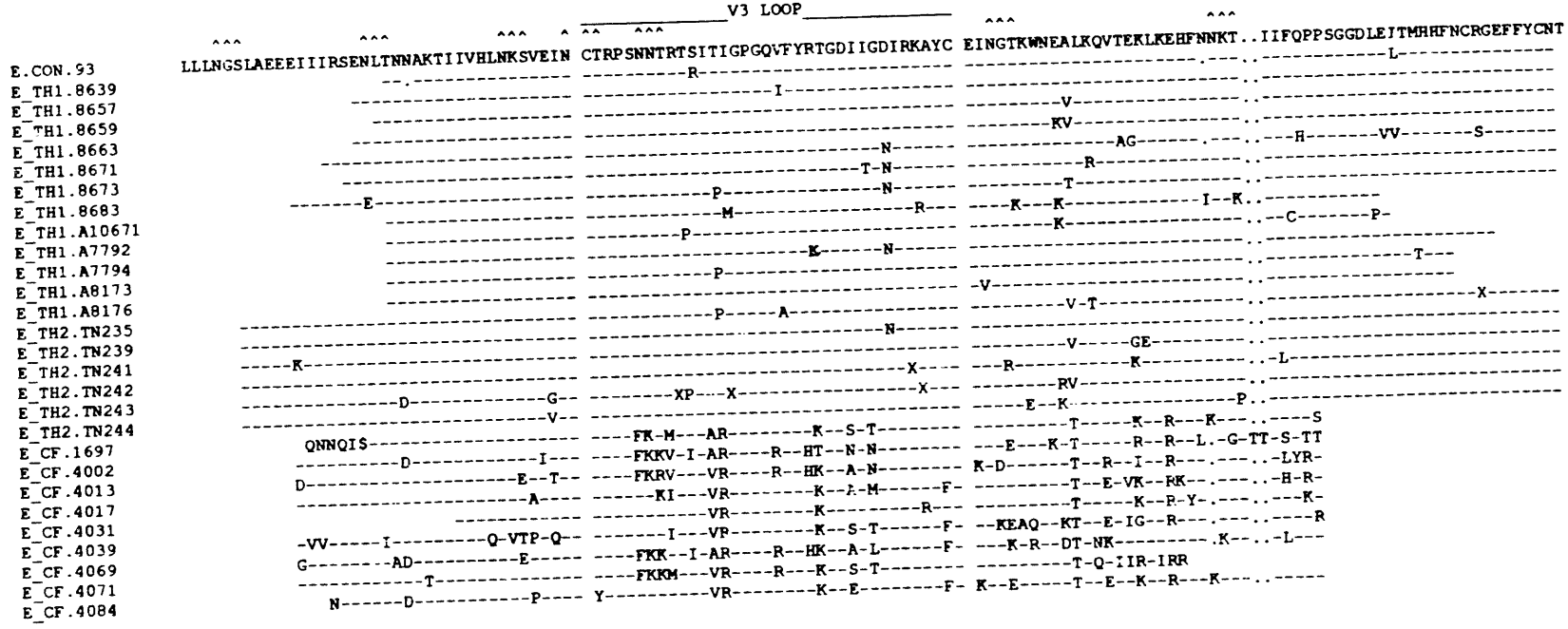
HIV-1 V3 Region

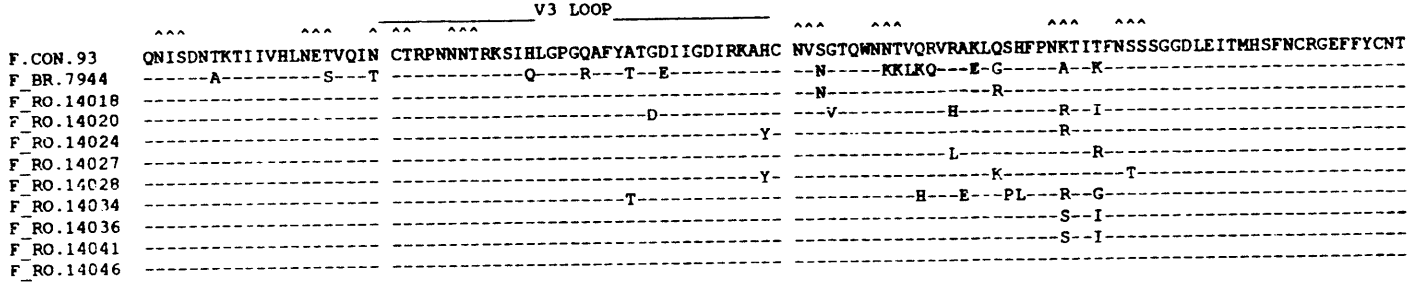

V3 LOOP
B.CON.93
B_US.HC34
B_US.HC35
B_US.HC36
B_US.HC37
B_US.HC38
B_US.HC39
B_US.HC40
B_US.HC41
B_US.HC42
B_US.HC43
B_US.HC44
B_US.HC45
B_US.HC46
B_UK.V12
B_UK.V74
B_UK.V77
B_UK.V82
B_UK.V87
B_UK.V91
B_UK.P82
B_NL1.A1
B_NL1.A2
B_NL1.A3
B_NL1.A4
B_NL1.A5
B_NL1.A7
B_NL1.A9
B_NL1.A10
B_NL1.A13
B_NL2.H1
B_NL2.H495
B_NL3.NET1
B_NL3.NET2
B_NL3.NET3
B_NL3.NET4
B_NL3.NET5
B_NL3.NET6
B_HT.H13954
B_HT.H13958
B_HT.H13960
B_HT.H13962
B_HT.H13968
B_HT.H5986
B_HT.H5988
B_HT.H5990
B_HT.H5992
B_HT.H5994
B_HT.H5996
B_HT.H5998
B_HT.H5600
B_HT.H6002
B_HT.H6004
B_HT.H6006
B_HT.H6008
B_HT.H6010
B_HT.H6012

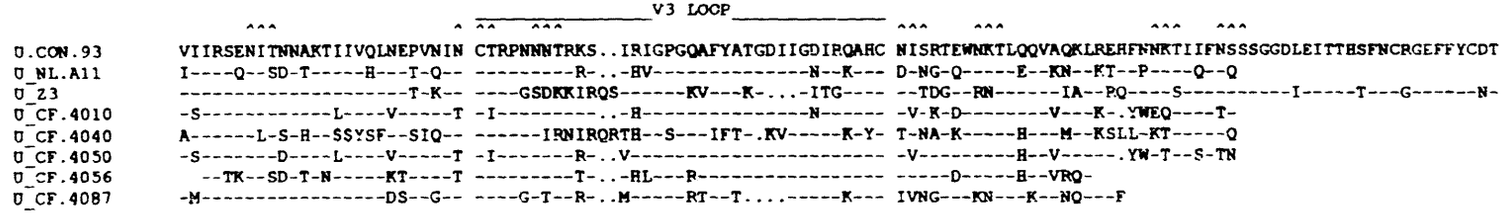

V3 LOOP
B.CON.93 VVIRSENFTDNAKTIIVQLNESVEIN CTRP.NNNTRKS...IHIGPGRAFYTTGEIIGDIRQAHC NISRAKWNNTLKQIVKKLRE.QFGNKT....IVFNQSSGGDPEIVMHSFNCGGEFFYCN
B_HT.H6014
B_HT.H6016
B_HT.H6018
B_HT.H6020
B_HT.H6022
B_HT.H6024
B_TH1.T8641
B_TH1.T8643
B_TH1.T8645
B_TH1.T8647
B_TH1.T8649
B_TH1.T8651
B_TH1.T8653
B_TH1.T8655
B_TH1.T8669
B_TH1.T7787
B_TH2.TB132
B_BR.10561
B_BR.10575
B_BR.10581
B_BR.10591
B_BR.10593
B_BR.10553
B_BR.10565
B_BR.7930
B_BR.7932
B_BR.7934
B_BR.7936
B_BR.7940
B_BR.7942
B_BR.7946
B_BR.8615
B_BR.8621
B_BR.8623
B_BR.8625
B_BR.8629
B_BR.8633
B_BR.8635
B_US.ZhuPtA
B_US.ZhuPtF
B_US.ZhuPtL
B_US.ZhuPtR
B_US.ZhuPtV


V3 LOOP
C.CON.93
C_ZA.NOF
C_IN.D747
C_IN.D757
C_IN.D760
C_IN.D1044
C_MW.12199
C_MW.12203
C_MW.12205
C_MW.12209
C_MW.12213
C_MW.12215
C_MW.12225
C_MW.12229
C_MW.12233
C_MW.1227
C_MW.6506
C_MW.6508
C_MW.6512
C_MW.6518
C_MW.6510.sh
C_CF.15166
C_CF.4067
C_CF.4068


V3 LOOP
D.CON.93 LLLNGSLAEEEIIIRSENLTNNAKIIIVQLNESVTIN CTRP.YNNTRQR.THIGPGQALYTT....RIIGDIRQAH CNISGAEWNKTLQQVAKKLGDLLNKT.TIIFKPSSGGDPEITTHSFNCGGEFFYCNT
D_ZR.JY1 ---H-----E-- ----DNKI---S.-P--L------....--K------Y ----A-A----------Q-.-------
D_ZR.NDK ----------V-T------A-IV-- -----.-KY----.-S--LR-S---ITGKKKKT-Y-G--- -K--R-----A----T---N-----.--T---
D_ZR.MAL ----------M-------D T-N-------T---- -----.G----RG.I-F----------....G-V----R-Y -T-NET--D-------V---S-----.K---NS
D_ZR.ELI ----------V----------N--AH-----K-T -A--.-Q-----.-P--L--S----....-SRSI-G--- ----R-Q-S-------R---T-----.I-K---
D_ZR.Z2Z6 ----------A-- -----.-R-I---.-S--L-------....KTRSI-G--Y ----KN----------I---N-----.------
D_UG.UG23 -------T-------T---- -----.-E-V-H-.-P--L----I-N....--KAK-G--Y ---KT--D----R--T--R----H-.--N--------Q
D_UG1.1665 ---------- -----.-K-ITIQR-P--L--------....KR--V-G--S ------R-------
D_UG1.1685 ----------A-- -S--.-R-VTIQR-S--S--------....KR--Y-K--- ----R-----------
D_UG1.2999 ------D--------IS----T-------T---- -----.-H-KI---.----T----H-....--T-Y-G--- -K--I-K-SN------T--R--F-R-.--N---------
D_UG1.31 ----------V-T----F--T-K-- -----.-Y-I---.-P--L--------.KGRGTTKV-G--- ----------R--I---Y-----.----NS-A----
D_UG1.4132 ----------T---------- -----.--K-S--.-S--Q-R-----....KPT-Y----Y -T-N--R---AW
D_UG1.4133 ----------N---------- -S--.-KS--I-.----S---Y-R-....N-Q------Y ------A-----K----------..T--
D_UG1.462 ---------- -----.-RAM-R-.-S--Q---Y---.NITG-G-N----Y ------G---I
D_UG1.5055 ----------V-T-------T-K-- -----.-S-K--S.-P--L--------....-GR----K-- --V----------R--I---------.----NT------
D_UG1.5059 -V----------V-T----F--T-K-- -A--.-EKK-RT.-P--L----I-S....-NFEK-G--- ----------R--I-------Q-.-----S------
D_UG1.653 ----------V---------- -----.-KSI-R....----RWQTYY.....TTNITGR-- ----R-G-K----------RE-----.----------
D_UG1.G1 ----------D---V---------- -I--YNKR----.----S--------....K-V------- ----RT----------
D_UG1.G2 ----------T-----K---A-- ----YD-IK---.-P--Q--------...RLTTRR-G-P- ----------.--S---------
D_UG2.109 ----------N----------T -M--.---K--S.V-----R-F--....N--------- ----KVG-D------RG--K--F-T-..-N----
D_UG2.110 V----------P-- ----.------G.------R-YW--....N--------- ----R----------.----------
D_UG2.114 ----------.------G.I-----R-Y--D....Q-T----------K----------RE-----.----------
D_UG2.120 ----------D----------A-- ----.S----KS.I--------F-I....D---N------ ---R-K----------F-T-.N-----
D_UG2.121 ---V----------T---------A-- -----.N-----S.----------....K------R-- -E--E-G---------R---H---T-..------
D_UG2.122 -GT----------T---R---T-K-- -----.A-----S.V-L----------....-V-------Y -S--E----R------V-------Q-.--N--------
D_UG2.70 ---------V----------I-- ----.---IKIQR-P--R----F--....--K-IKG--- ----K-G----------Q-
D_UG2.71 ---------VV----------H--K----- -----.N-----S.I----------....NV-------- ----R----------TE--KY-F---..--NFE
D_UG2.74 ---------F----------K----T ----.-T-K--G.--M---R----I....D-T------Y ----K-K-YN------N----------.--N-E------
D_UG2.79 VDP----------T---------- ----.------S.----------....N--------- --V-K-G-G----------K--FKAD.N-T--------
D_UG2.83 ----------I----RT-----K---K-T -V--.-S-Q-R-.-P--L--------..RMDNMKN-K--Y ----VED----------G---L-.----------
D_UG.U44342 ----------V-T-----K---A-- -----.N-----S.-Q-------F-KRVTT---------- ------K----------G---Q-.----------
D_ZR.6555 -K-I---VNN---------A-- -I--.N-----S.--L---------....KV-------Y -----T----A-----I---N-F---.--N-DH----------
D_ZR.6565.sh ----------D-L-N----------I-- -----.N----KS.I--------I---....DV-------Y -E-N-PK-------
D_ZR.6651.sh ---------T------AT-A-- ----.N----KG.I----------S...GD-V------- -
D_ZR.6659.sh -------D---T---------- -----.N--V---.-P-------F---...G
D_TZ.TAN11 --V----------S-- -----.S-----S.-R---------N....K---N----- --V-KIK---------N--PE-----.--N---
D_TZ.TAN12 ----------T---------Q-T -A--.-------S.-R-------F-S....K---N----- ---TR-A----------G---Q-.--V---
D_TZ.TAN13 --------A----N---------- -----.-E-M---.-P--L----V-S.....--K-R--P-Y -----ES-HR----------F---.--L---
D_TZ.TAN1 -------F----------I--- -----.-SRV--G.A-----R-Y-A-....N-F------R ------A-----ER--N--R----NQP------
D_TZ.TAN2 ----------P-- -----.------G.------R-Y---.....--L-N----- -S--VIK----------R----I-.K-----
D_TZ.TAN3 ----------K----- -----.----I-G.------R-Y----..DISV-------- ---------E----------Q-.------
D_TZ.TAN4 ---------- -----.----I-K.-S--R--------....ETR---K--F -K---IA----------R--F---.------
D_TZ.TAN5 ----------N---------- -----.---I----.-P--S--------....-R-------Y -E--E-G----------R------.-----S
D_TZ.TAN6 ----------P-- -----.------G.------R-Y---.....--V-N----- -S--VIK----------R----I-.K-----
D_TZ.TAN7 ----------P-- -----.------S.--F---R-Y---....D--------- -----IG----------R------.------
D_CF.4020 ---V------D---T-----K---N-S -----.N--K--G.-P--L--------....-V-----K-- ----RK---N---K--E--RE-F--S.K-N-Q-


V3 LOOP
E.CON.93
E_TH1.8639
E_TH1.8657
E_TH1.8659
E_TH1.8663
E_TH1.8671
E_TH1.8673
E_TH1.8683
E_TH1.A10671
E_TH1.A7792
E_TH1.A7794
E_TH1.A8173
E_TH1.A8176
E_TH2.TN235
E_TH2.TN239
E_TH2.TN241
E_TH2.TN242
E_TH2.TN243
E_TH2.TN244
E_CF.1697
E_CF.4002
E_CF.4013
E_CF.4017
E_CF.4031
E_CF.4039
E_CF.4069
E_CF.4071
E_CF.4084


V3 LOOP
F.CON.93 QNISDNTKTIIVHLNETVQIN CTRPNNNTRKSIHLGPGQAFYATGDIIGDIRKAHC NVSGTQWNNTVQRVRAKLQSHFPNKTIIFNSSSGGDLEITMHSFNCRGEFFYCNT
F_BR.7944 ------A---------S---T ----------Q----R---T--E---------- --N-----KKLKQ---E-G-----A--K----------
F_RO.14018 ---------- ---------- --N----------R----------
F_RO.14020 ---------- ----------D---------- ---V----------H---------R--I----------
F_RO.14024 ---------- ----------Y- ----------R----------
F_RO.14027 ---------- ---------- ----------L----------R----------
F_RO.14028 ---------- ----------Y- ----------K----------T----------
F_RO.14034 ---------- ----------T---------- ----------H---E---PL---R--G----------
F_RO.14036 ---------- ---------- ----------S--I----------
F_RO.14041 ---------- ---------- ----------S--I----------
F_RO.14046 ---------- ----------


V3 LOOP
U.CON.93 VIIRSENITNNAKTIIVQLNEPVNIN CTRPNNNTRKS..IRIGPGQAFYATGDIIGDIRQAHC NISRTEWNKTLQQVAQKLREHFNNKTIIFNSSSGGDLEITTHSFNCRGEFFYCDT
U_NL.A11 I----Q--SD-T-----H---T-Q-- ---------R-..-HV----------N--K--- D-NG-Q-----E--KN--KT--P----Q--Q
U_Z3 ----------T-K-- ----GSDKKIRQS------KV---K-...-ITG---- --TDG--RN------IA--PQ----S----------I-----T---G------N-
U_CF.4010 -S----------L----V-----T -I---------..-H----------N------ -V-K-D--------V---K-.YWEQ----T-
U_CF.4040 A------L-S-H--$SYSF--SIQ-- ------IRNIRQRTH--S---IFT-.KV-----K-Y- T-NA-K-----H---M--KSLL-KT-----Q
U_CF.4050 -S-------D----L----V-----T -I-------R-..V---------- -V---------H--V------.YW-T--S-TN
U_CF.4056 --TK--SD-T-N-----KT----T ---------T-..-HL---R---------- -----D-----H--VRQ-
U_CF.4087 -M----------DS--G-- ----G-T--R-..M-----RT--T....-----K--- IVNG---KN---K--NQ---F

A Subtype

At this time there are viral sequences from 71 HIV-1 infected individuals associated with HIV-1 subtype A. The A subtype consensus sequence (A.con) generated from these 71 sequences was based on the most common amino acid found in each position of an alignment. 41 of these sequences have been published and/or have been made available for printing in the database by their authors. Eight sequences that are too short for classification are closer to A than to other subtypes. The locus names (ID's) and sources of the sequences are:

1. **RW.SF170:** This sequence is from Rwandan isolate sf170, a biologically active clone reported to be macrophage-tropic. Cheng-Mayer C, Homsy J, Evans LA, and Levy J. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 85:2815-19 (1988); and, Evans, L, Higgins, D, Cheng-Mayer C and Levy J. unpublished (1990).
2. **ZR.Z321:** This sequence is from the 1976 Zairean isolate Z321. Srinivasan A, et al., AIDS Res. and Human Retroviruses 5:121-9 (1989).
3. **UG.U455:** This sequence is from the 1985 Ugandan isolate U455; the complete genomic sequence is available, hence it is the prototypical A subtype virus at this time. Oram JD, et al., AIDS Res. and Human Retroviruses 6:1073-1078 (1990).
4. **UG.UG06:** This sequence is from a Ugandan isolate. Atkin A, et al., AIDS Res. Human Retroviruses 9:351-356 (1993).
5. **UG2-ID#:** These 11 sequences are part of a set of sequences derived from 22 Ugandans who were attending an AIDS clinic, obtained in 1990. Consensus, PCR-clones, peripheral blood DNA. Albert J, et al., Virology 190:674-681 (1992).
6. **GH.D687:** A single sequence from an individual from Ghana, provided by Georg-Speyer Haus, Frankfurt, Germany (Dr. Ursula Dietrich).
7. **ZR.ID#:** These seven sequences are part of a set of 14 A and D sequences from women from Zaire; 8 were healthy, 4 showed minor signs of illness, and 2 had AIDS. PCR-direct, peripheral blood DNA. Potts KE, et al., AIDS Res. and Human Retroviruses 9:613-618 (1993).
8. **ZR.ID#-sh:** These three sequences are part of the set of 14 sequences from Zaire described above. They were shorter than the other Zairean sequences from this group, and left < 200 nucleotides for phylogenetic analyses. They appear closer to A subtype sequences than the other subtypes, however, so are shown here.
9. **TZ.TAN-ID#** These four sequences are from a set of 14 Tanzanian samples from symptomatic individuals, using serum samples taken in 1988 to generate PCR clones from viral pariticle RNA for sequencing. Zwart G, et al., AIDS 7:467-474 (1993).
10. **CF.ID#** These eleven sequences are from a set of sequences obtained from 27 symptomatic patients from the Central African Republic, from whom blood was drawn in 1990-1991. Consensus, PCR-clones, cell culture, DNA. Murphy E, et al., AIDS Res. and Human Retroviruses 9:997-1006 (1993).

The 30 A subtype sequences which are not yet published, and for which the authors have not yet given permission for release, are from the following sets:

1. Six sequences from individuals from Uganda. PCR-clone, peripheral blood DNA. These sequences were provided by the Centers for Disease Control, Atlanta GA, USA (Dr. Chin-Yih Ou).
2. Three sequences from individuals from Zaire, provided by the LTCB, NCI, NIH, Bethesda, MD, USA (Dr. Marvin Reitz).
3. Five sequences from individuals from the Ivory Coast. PCR-direct, peripheral blood DNA. These sequences were provided by the Centers for Disease Control, Atlanta GA, USA (Dr. Chin-Yih Ou).
4. Five additional sequences from individuals from the Ivory Coast set described above. They were shorter than the other Ivory Coast sequences from this group, and left < 200 nucleotides for phylogenetic analyses. Because of their length, hence their less certain classification, they were exlcuded from the consensus sequence generation. They appear to be closer to A subtype sequences than the other subtypes.
5. Three sequences from asymptomatic individuals from Uganda in 1992. Consensus, PCR-clones, cell-culture DNA and RNA. These sequences were provided by the WHO Global Programme on AIDS Vaccine Development Study.
6. Eight sequences from asymptomatic individuals from Rwanda in 1992. Consensus, PCR-clones, cell-culture DNA and RNA. These sequences were provided by the WHO Global Programme on AIDS Vaccine Development Study.

B Subtype

At this time there are viral sequences from 186 HIV-1 infected individuals associated with HIV-1 subtype B. The B subtype consensus sequence (B.CON) generated from these 163 sequences was based on the most common amino acid found in each position of an alignment. Please note that none of the studies which have published sequences of only the V3 loop sequences are included here, as the DNA sequences were deemed too short for phylogenetic analyses. (For example, LaRosa G, et al., Science 249:932-935 (1990) and Fouchier RAM, et al., J. Virol. 66:3183-3187 (1992)). The set of international V3 region sequences presented here is more diverse than the LaRosa et al. set. In particular, the GPGR sequence motif at the tip of the V3 loop is found in 85% of the LaRosa et al. sequences, and 64% of this set. This motif is central to the highly immunogenic tip of the V3 loop. Sequences from 151 of the 163 individuals have been published and/or have been made available for printing in the database by their authors; their locus names (ID's) and sources are:

1. **UK.CAM1:** This sequence is from the British isolate CAM1. McIntosh A, and Karpas A, Thesis (1991) Cambridge University, England.
2. **US.NY5CG:** This sequence is from the 1984 U.S. isolate NY5. Willey R.W., et al., Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 83:5038-5042 (1986).
3. **US.ADA:** This sequence is from the monocytropic U.S. isolate ADA. Westervelt P, Gendelman HE, and Ratner L, Proc. Natl. Acad. Med. Sci. U.S.A. 88:3097-3101 (1991).
4. **US.JFL:** This sequence is from a non-infectious clone from the monocytropic U.S. isolate JFL. McNearney T, et al., Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 87:1917-21 (1990).
5. **GA.OYI:** This sequence is from the Gabonese isolate OYI (designated elsewhere as isolate 397), isolated from a healthy HIV-1 infected individual. GA.OYI supplied the first viral sequence from Africa that phylogenetically clusters with North American viruses. Huet T, et al., AIDS 3:707-715 (1992).
6. **US.SF33:** This sequence is from an infectious clone from the 1984 U.S. isolate SF33. York-Higgins D, Cheng-Mayer C, Bauer D, Levy JA, and Dina D, J. Virol. 64:4016-4020 (1990).
7. **US.CDC42:** This sequence is from an infectious clone of the U.S. isolate CDC-451. Desai SM, et al., Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 83:8380-8384 (1986).
8. **DE.D31:** This sequence is from isolate D31. Kreutz A, et al., AIDS Res. and Hum. Retroviruses 8:1633-1643 (1992).
9. **US.SF162:** This sequence from an infectious clone from the U.S. isolate SF162, cultured from cerebrospinal fluid. Cheng-Mayer C, Quiroga M, Tung JW, Dina D, and Levy J, J. Virol. 64:4390-4398 (1990).
10. **US.SF2:** This sequence is from an infectious clone from the U.S. isolate ARV-2. Sanchez-Pescador R, et al., Science 227:484-492 (1985). HIVSF13 is a more infectious virus taken from the same patient (C. Cheng-Mayer, UCSF, San Francisco, CA, USA.)
11. **DE.HAN:** This sequence is from an infectious clone from the German isolate DE.HAN-2. Sauermann U, et al., AIDS Res. and Hum. Retroviruses 6:813-823 (1990)
12. **HT.RF:** This sequence is from the clone HAT-3, from Haitian isolate RF. Starcich BR, et al., Cell 45:637-648 (1986).
13. **US.WMJ22:** This sequence is from the isolate WMJ2, isolated from a person of Haitian descent living in the U.S. Hahn BH, et al., Science 232:1543-1553 (1986).
14. **US.JRFL:** This sequence is from an infectious clone of the 1986 U.S. macrophage-tropic isolate JRFL, derived from provirus taken from the brain of a patient who died with Kaposi's sarcoma and severe AIDS encephalopathy. O'Brien WA, et al., Nature 348, 69-73 (1990). Also see: Pang S, Vinters HV, Akashi T, O'Brien WA, and Chen ISY, J AIDS 4:1082-1092 (1991).
15. **US.ALA1:** This sequence is from an infectious clone of the 1985 U.S. isolate AL-1, taken from a patient with AIDS. Buckler-White A, Theodore T, et al., Unpublished (1988).
16. **US.BRVA:** This sequence is from U.S. isolate BRVA, which was taken from the brain tissue of a AIDS patient with neurological disorders. Anand R, et al., Virology 168:79-89 (1989).
17. **US.BAL1:** This sequence is from the macrophage tropic U.S. isolate BAL, harvested from lung alveolar tissue. Reitz M, et al., Unpublished (1990).
18. **US.MN:** This sequence is from 1984 U.S. isolate MN, taken from a pediatric AIDS patient. Gurgo C, et al., Virology 164:531-536 (1988).

19. **FR.LAI:** This sequence is from the French isolate LAI (formerly BRU). Wain-Hobson S, Sonigo P, Danos O, Cole S, and Alizon M. Cell 40:9-17 (1985). Also see: Alizon M, Wain-Hobson S, Montagnier L, and Sonigo P, Cell 46:63-74 (1986) and Wain-Hobson S, et al. Science 252:961-964 (1991).

20. **US.SC:** This sequence is from the 1984 U.S. isolate SC, from an AIDS patient. Gurgo C, et al., Virology 164:531-536 (1988).

21. **US.SB(A-C):** These three sequences are from 1988 U.S. isolates taken from a woman, her daughter and her sexual partner. The three vruses are epidemiologically linked, however the amino acids sequences appeared sufficiently divergent in this region to merit inclusion of all three samples. Sequences were directly sequenced from PCR amplification products after virus was briefly cultured. Burger H, et al., Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 88:11236-11240 (1991).

22. **US.ACP1:** This virus was cultured from a seronegative man with Kaposi's sarcoma. (See: Ho D, The American J. of Med., 86:349-351 (1989)). ACP1 was the sequenced after one passage in PBMCs. Ashkanazi, A, et al., Proc. Natl. Acad. Sci., USA 88:7056-7060 (1990).

23. **US.WM and US.JM:** These two sequences come from viral isolates after short term culture in PBMCs, PCR amplification, and cloning of PCR products. Both are from asymptomatic, seropositive individuals. Ashkanazi, A, et al., Proc. Natl. Acad. Sci., USA 88:7056-7060 (1990).

24. **US.MA:** This is a consensus of 35 sequences obtained either after viral culture or from PCR amplification products from patient PBMCs. Patient MA, from the US, was infected in 1984 or 1985, and had been experiencing neurological disorders prior to 1989 when the sample was taken. Kusumi K, et al., J. Virol. 66:875-885 (1992).

25. **JP.GUNA:** A Japanese 1989 isolate HIVGUN, infectious to T cells, was adapted to growth on fibroblast-like BT cells. A single amino acid change at the tip of the V3 loop was shown to be responsible for the change in tropism, GPGR to GSGR. Takeuchi Y, Akutsu M, Murayama K, Shimizu N, and Hoshino H. J. Virol. 65:1710-1718 (1991).

26. **US.YU:** This is a consensus sequence of eight lambda phage clones and 12 PCR amplified clones derived from the uncultured brain tissue of a patient with AIDS dementia complex. A macrophage tropic clone (YU-2) is almost identical to the consensus sequence of YU in this region, with only a single amino acid change (K to N) 10 amino acids from the carboxy-terminal end of the sequence. Li Y, et al., J. Virol. 65:3973-3985 (1991). Complete genomic sequences are available for two of the HIV1YU clones, along with biological characterizations of four of the HIV1YU clones: Li Y, et al., J. Virol. 66:6587-6600 (1991).

27. **US.RJS:** This is a consensus of six biologically characterized clones from isolate RJS, isolate 4. The HIV-1 infected individual had been infected for five years at the time of isolation. Complete env sequence is available. Daniels RS, Smith MH, and Fisher AG. J. Virol. 65:5574-5578 (1991) and Fisher AG et al., Nature 334:444-447 (1988).

28. **JP.JH32:** This is a sequence from a lambda clone of Japanese isolate JH3. Komiyama N, et al., AIDS Res. Hum. Retroviruses 5:411-419 (1989).

29. **US.HC-ID#:** These are forty 1990-1991 U.S. samples, from the study of the dentist who is thought to have been the source of HIV-1 infection of five of his patients. Only the dentist's viral sequence and the Florida control sequences are shown here; the five epidemiologically and genetically linked patients are excluded from this alignment as their viral sequences were very similar to the dentist's. All sequences were PCR amplified from patient PBMCs. Most are direct sequences from the amplification products, although some are consensus sequences of multiple clones of PCR products and one direct sequence, Ou, C-Y, et al., Science 256:1165-1171 (1992).

30. **UK.V-ID#:** A set of six sequences from a study of hemophiliacs from Scotland who were originally thought to have been infected by the same batch of factor VIII. (ScV12 is a sequence from a hemophiliac from the U.S., included as a control). All are consensus sequences of multiple direct PCR sequences obtained from limiting dilution of PBMCs. The Scottish hemophiliacs were infected in 1984 and the PBMCs were obtained for analysis in 1989. Although the samples were potentially related, they were deemed sufficiently divergent in this region for inclusion in this set. Simmonds P, Balfe P, Ludlam CA, Bishop JO, and Leigh Brown, AJ. J. Virol. 64:5840-5850 (1990), and Balfe P, Simmonds P, Ludlam CA, Bishop JO, and Leigh Brown, AJ. J. Virol. 64:6221-6233 (1990).

31. **UK.P82:** A single consensus sequence of 89 viral RNA sequences which were PCR amplified from single molecules, and directly sequenced. These samples were derived from serum samples taken over a period of seven years, 1984 to 1991. Holmes EC, Zhang LQ, Simmonds P, Ludlam CA, and Leigh Brown, AJ. Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89:4835-4839 (1992).

32. **NL1#:** These nine sequences are part of a study of presumed donor-recipient pairs from an HIV-1 transmission study conducted in the Netherlands. If pairs were extremely close or identical, only the "recipient" is included here. Recipient samples were from the first sample to be antibody positive, and are numbers 1,3,5,7,9, and 13. These sequences are consensus sequences of multiple clones from PCR amplified serum RNA. Wolfs TFW, Zwart G, Bakker M, and Goudmsit J. Virology 189:103-110 (1992).

33. **NL2#:** These two sequences are part of a Dutch study of mutations occurring over a five year period (starting in 1985) in two patients. Serum RNA was PCR amplified and multiple clones were sequenced. The consensus for each patient is shown. Wolfs TFW, Zwart G, Bakker M, Valk M, Kuiken CL, and Goudmsit J. Virology 185:195-205 (1991).

34. **NL3.NET-ID#** These six sequences from the Netherlands are samples from AIDS patients, using serum samples to generate PCR clones from viral pariticle RNA for sequencing. Zwart G, et al., AIDS 7:467-474 (1993).

35. **HT.H-ID#:** These 25 sequences are from Haitians. All sequences were PCR amplified from PBMCs including direct sequences of PCR amplification products, consensus sequences of multiple clones of PCR products plus one direct sequence, and single clones of PCR products. These sequences were provided by the Centers for Disease Control, Atlanta, GA USA (Dr. Chin-Yih Ou), and John Hopkins University School of Hygiene and Public Health, Balimore, MD USA (Dr. Neal Halsy), and the Centers for Development and Health, Complexe Medico Sociale de la Cite Soleil, Port-au-Prince, Haiti (Dr. Reginald Boulos).

36. **TH1.T-ID#:** These ten sequences are from individuals from Thailand. PCR-direct, peripheral blood PBMC DNA. Referred to as Thai subtype B in Ou et al. Ou C-Y et al., AIDS Res. and Human Retroviruses 8:1471-1472 (1992).

37. **TH2.TB132:** This sequence is from a set of isolates from HIV seropositive individuals from Thailand. PCR, PBMC co-culture, DNA. Full env sequence is available. McCutchan FE, et al., AIDS Res. and Human Retroviruses 8:1887-1895 (1992). Please note: the TB132 locus name in the database correspond to the McCutchan et al.'s "BK132" isolate.

38. **BR.ID#:** These 21 sequences represent the B env subtype sequences found among 22 Brazilian outpatients with varying degrees of disease progression. Consensus, PCR clones, peripheral blood PBMC DNA. Potts KE, et al., AIDS 7:1191-1197 (1993).

39. **US.ZhuPt-ID:** Sequences from five primary seroconverters; Consensus, PCR-clones, peripheral blood PBMC DNA. Although sequences were available from two of the donors, only sequences from five recipients are shown here. Science 261:1179-1181 (1993).

The 29 B subtype sequences which are not yet published, and for which the authors have not yet given permission for release, are from the following sets:

1. 10 sequences from individuals from the U.S. Consensus, PCR-clones, peripheral blood DNA. These sequences were provided by Northwestern University Medical School, Chicago IL, USA (Dr. Steven Wolinsky).

2. A single envelope sequence from Peru, provided by the Centers for Disease Control, Atlanta, GA, USA, the Walter Reed Research Institute.

3. A single sequence from the U.S. Consensus, PCR-clones. This sequence was provided by the Aaron Diamond AIDS Research Center, NY, NY, USA (Dr. David Ho).

4. 14 sequences from individuals from Brazil, 2 sequences from individuals from Thailand, and 1 sequence from an individual in Rwanda, 1992. Consensus, PCR-clones, cell-culture DNA and RNA. These sequences were provided by the WHO Global Programme on AIDS Vaccine Development Study.

C Subtype

At this time there are viral sequences from 28 HIV-1 infected individuals associated with HIV-1 subtype C. The C subtype consensus sequence (C.CON.93) generated from these 28 sequences was based on the most common amino acid found in each position of an alignment. One sequence that is too short for definite classification is closer to C than to other subtypes. 23 of these sequences have been published and/or have been made available for printing in the database by their authors; their locus names (ID's) and sources are:

1. **ZA.NOF:** This sequence is from a South African individual, Dietrich U et al., AIDS 7:23-27 (1993)
2. **IN.D-ID#:** These four sequences are from samples from high risk patients in India, PCR clones, DNA, PBMC culture. Dietrich U et al., AIDS 7:23-27 (1993)
3. **MW.ID#:** These 14 sequences are from pregnant women with risk factors from Malawi. PCR-direct, peripheral blood DNA. Orloff GM et al., AIDS Res. and Human Retroviruses 9:705-706 (1993).
4. **MW.ID#-sh:** This sequence is part of the set of sequences from Malawi described above. It was shorter than the other sequences from this group, and left < 200 nucleotides for phylogenetic analyses. It appears closer to C subtype sequences than the other subtypes, so is shown here. Orloff GM et al., AIDS Res. and Human Retroviruses 9:705-706 (1993).
5. **CF.ID#:** Three sequences from a set of sequences obtained from 27 symptomatic patients from the Central African Republic, from whom blood was drawn in 1990-1991. ponsensus, PCR clones, cultured virus, DNA. Murphy E, et al., AIDS Res. and Human Retroviruses 9:997-1006 (1993).

The five C subtype sequences which are not yet published, and for which the authors have not yet given permission for release, are from the following sets:

1. Two sequences from South Africa, provided by the Dept. of Med. Virology, University of Stellenbosch, Tygerberg, South Africa (Dr. Michael Becker).
2. One sequence from Zambia, provided by the Dept. of Med. Virology, University of Stellenbosch, Tygerberg, South Africa (Dr. Michael Becker).
3. One sequence from Zambia, provided by the Henry M. Jackson Foundation Research Laboratory, Rockville, MD, USA (Dr. Francine McCutchan).
4. One sequence from an asymptomatic individual from Brazil, 1992. Consensus, PCR-clones, cell-culture DNA and RNA. This sequences was provided by the WHO Global Programme on AIDS Vaccine Development Study.

D Subtype

At this time there are viral sequences from 64 HIV-1 infected individuals associated with HIV-1 subtype D. The D subtype consensus sequence (D.CON.93) generated from these 64 sequences was based on the most common amino acid found in each position of an alignment. 45 of these sequences have been published and/or have been made available for printing in the database by their authors. Five sequences were too short for definite classification but were closer to D than to other subtypes; these sequence names are followed by the suffix "sh". The locus names (ID's) and sources of the sequences are:

1. **ZR.JY1:** This sequence is from Zairean isolate Z-84, clone JY1. Yourno J, et al., AIDS Res. and Human Retroviruses 4:165-173 (1988).
2. **ZR.NDK:** This sequence is from an infectious clone of the Zairean isolate NDK. The molecular clone is highly cytopathic in vitro. Spire B, et al., Gene 81:275-284 (1989). The complete genomic sequence is available.
3. **ZR.MAL:** This sequence is from a non-infectious clone of the Zairean isolate MAL. Alizon M, Wain-Hobson S, Montagnier L, and Sonigo P. Cell 46:63-74 (1986). The complete genomic sequence and an infectious clone from the isolate MAL are available.
4. **ZR.ELI:** This sequence is from the Zairean isolate ELI. Alizon M, Wain-Hobson S, Montagnier L, and Sonigo P. Cell 46:63-74 (1986). The complete genomic sequence and an infectious clone are available.
5. **ZR.Z2Z6:** This sequence is from an infectious clone of Zairean isolate Z2. Theodore T, and Buckler-White A, unpublished, and Srinivasan A, et al., Gene 52:71-82 (1987). The complete genomic sequence is available.
6. **UG.UG23:** This sequence is from a Ugandan isolate. Atkin A, et al. and Pestano G, et al., unpublished. Andrew Atkin is at CUNY, NY, NY, USA.
7. **UG1-ID#:** These twelve sequences are from 1986-1987 Ugandan samples. Consensus, PCR-clones, peripheral blood DNA. Oram JD, et al., AIDS Res. and Hum. Retroviruses 7:605-614 (1991).
8. **UG2-ID#:** These 11 sequences are part of a set of sequences derived from 22 Ugandans who were attending an AIDS clinic, obtained in 1990. Consensus, PCR-clones, peripheral blood DNA. Albert J, et al., Virology 190:674-681 (1992).
9. **UG-U44342:** This sequence is from a Ugandan. Consensus of PCR-clones, peripheral blood DNA. Intact env seuqences are available. Bruce C, C Clegg, A Featherstone, J Smith and J Oram. AIDS Res. and Human Retroviruses 9:357-368.
10. **ZR-ID#:** This sequence is part of a set of 14 A and D sequences from women from Zaire; 8 were healthy, 4 showed minor signs of illness, and 2 had AIDS. PCR-direct, peripheral blood DNA. Potts KE, et al., AIDS Res. and Human Retroviruses 9:613-618 (1993).
11. **ZR-ID#.sh:** These three sequences are part of the set of 14 sequences from Zaire described above. They were shorter than the other Zairean sequences from this group, and left < 200 nucleotides for phylogenetic analyses. They appear closer to D subtype sequences than the other subtypes, so are included here.
12. **TZ.TAN-ID#** These ten sequences are from from a set of 14 Tanzanian samples from symptomatic individuals, using serum samples taken in 1988 to generate PCR clones from viral pariticle RNA for sequencing. Zwart G, et al., AIDS 7:467-474 (1993).
13. **CF.4020** This sample was the only D subtype from a set of sequences obtained from 27 symptomatic patients from the Central African Republic, from whom blood was drawn in 1990-1991. Consensus, PCR-clones, cell culture, DNA. Murphy E, et al., AIDS Res. and Human Retroviruses 9:997-1006 (1993).

The nineteen D subtype sequences which are not yet published, and for which the authors have not yet given permission for release, are from the following sets:

1. Five sequences from individuals from Uganda. PCR-direct, peripheral blood DNA. These sequences were provided by the Centers for Disease Control, Atlanta GA, USA (Dr. Chin-Yih Ou).
2. Two additional sequences from individuals from the Uganda set described above. They were shorter than the other Ugandan sequences from this set, and left < 200 nucleotides for phylogenetic analyses. They appear to be closer to D subtype sequences than the other subtypes.
3. Twelve sequences from asymptomatic individuals from Uganda in 1992. Consensus, PCR-clones, cell-culture DNA and RNA. These sequences were provided by the WHO Global Programme on AIDS Vaccine Development Study.

E Subtype

At this time there are viral sequences from 42 HIV-1 infected individuals associated with HIV-1 subtype E. The E subtype consensus sequence (E.con) generated from these 42 sequences was based on the most common amino acid found in each position of an alignment. 27 of these sequences have been published and/or have been made available for printing in the database by their authors. Additionally, two sequences that are too short for classification are closer to E than to other subtypes. The locus names (ID's) and sources of the sequences are:

1. **TH1.ID#:** These twelve sequences are from a set of 23 individuals from Thailand. PCR-direct, peripheral blood PBMC DNA. Referred to as Thai subtype A in Ou et al. Ou C-Y et al., AIDS Res. and Human Retroviruses 8:1471-1472 (1992).
2. **TH2.ID#:** These six sequences are from 16 isolates from HIV seropositive individuals from Thailand. PCR, PBMC co-culture, DNA. Full env sequence is available. McCutchan FE, et al., AIDS Res. and Human Retroviruses 8:1887-1895 (1992). Please note: the "TN-ID#" locus names in the database correspond to the McCutchan et al.'s "CM-ID#" isolates.
3. **CF-ID#** These nine sequences are from a set of sequences obtained from 27 symptomatic patients from the Central African Republic, from whom blood was drawn in 1990-1991. Consensus, PCR-clones, cell culture, DNA. Murphy E, et al., AIDS Res. and Human Retroviruses 9:997-1006 (1993).

The fifteen E subtype sequences which are not yet published, and for which the authors have not yet given permission for release, are from the following set:

1. Fifteen sequences from asymptomatic individuals from Thailand in 1992. Consensus, PCR-clones, cell-culture DNA and RNA. These sequences were provided by the WHO Global Programme on AIDS Vaccine Development Study.

NOTE:

1. While the sequences in this subtype tend were distinct over this region of env from the other four env subtypes, in the gag gene it is not possible to make a distinction between this subtype and subtype A. What this means is that the isolates for which both gag and env are sequenced which cluster together as the "A" subtype in gag, are very distinctive in env and are broken down into two subtypes. env "A" and env "E". This holds true for the E subtypes sequences that originated in Thailand, as well as the E subtype isolate from the Central African Republic for which gag sequence was obtained. McCutchan FE, et al., AIDS Res. and Human Retroviruses 8:1887-1895 (1992); McCutchan FE, et al., AIDS 7:769-780 (1993); and Murphy E, et al., AIDS Res. and Human Retroviruses 9:997-1006 (1993).
2. The relative lack of diversity in the Thai sequences shown this subtype relative to the other subtypes is likely to be a consequence of the short time span of the HIV-1 Subtype E epidemic in Thailand. McCutchan FE, et al., AIDS Res. and Human Retroviruses 8:1887-1895 (1992), and Ou C-Y et al., AIDS Res. and Human Retroviruses 8:1471-1472 (1992).

F Subtype

At this time there are viral sequences from 10 HIV-1 infected individuals associated with HIV-1 subtype F. The F subtype consensus sequence (F.con.93) generated from these 10 sequences was based on the most common amino acid found in each position of an alignment. All of these sequences have been published. The locus names (ID's) and sources of the sequences are:

1. **BR-7944:** This sequence represents the single env F subtype sequence found among 22 Brazilian outpatients with varying degrees of disease progression. It was identified by Potts et al. as the single sequence which did not cluster with North American sequences in phylogenetic analysis. Consensus, PCR clones, peripheral blood PBMC DNA. Potts KE, et al., AIDS 7:1191-1197 (1993).
2. **RM-ID#:** These nine sequences are from isolates from Romanian children. Dumitrescu O, ML Kalish, SC Kliks, CI Bandea, JA Levy. J. Infect. Dis., (in press 1993).

NOTE:

1. The relative lack of diversity in the sequences shown this subtype relative to the other subtypes is likely to be a consequence of the short time span of the HIV-1 Subtype F epidemic in Romania. Dumitrescu O, ML Kalish, SC Kliks, CI Bandea, JA Levy. J. Infect. Dis., (in press 1993).

Uncertain Classification

At this time there are viral sequences from 9 HIV-1 infected individuals that are not clearly associated with any of the six HIV-1 genetic subtypes used in this section (A-F). Seven of these sequences have been published. Most of these sequences are short PCR amplification products. Although they appeared distinct from the subtypes A-F in the short region of available sequence, an association might have been revealed if more sequence information was available or if a different set of sequences was included in the background set used to define subtype associations. Alternatively, these sequences may be representatives of subtypes as divergent as A-F, for which only these limited samples are available. Locus names (ID's) and sources of the sequences are:

1. **NL.A11:** This sequence is from of a Dutch study of presumed HIV-1 donor-recipient pairs. This sequence is from a recipient at the time of seroconversion; the donor was a Zairean woman living in the Netherlands. The sequences from both donor and recipient were extremely similar, so only the recipient is shown here. This sequence is a consensus sequences of multiple clones from PCR amplified serum RNA. Wolfs TFW, Zwart G, Bakker M, and Goudmsit J. Virology 189:103-110 (1992).
2. **ZR.Z3:** This sequence is from the 1983 Zairean isolate Z-3 (non-infectious, possibly due to frame-shift). Willey RW, et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 83:5038-5042 (1986).
3. **CF.ID#** These five sequences are from a set of sequences obtained from 27 symptomatic patients from the Central African Republic, from whom blood was drawn in 1990-1991. Consensus, PCR-clones, cell culture, DNA. Murphy E, et al., AIDS Res. and Human Retroviruses 9:997-1006 (1993).

The two sequences which are not associated with any subtype and are not yet published, and for which the authors have not yet given permission for release, are from the following sets:

1. Two sequences from individuals from Zaire, provided by the LTCB, NCI, NIH, Bethesda, MD, USA (Dr. Marvin Reitz).

The HIV1NEF pattern represents subtype B only. Information dense stretches (0.8 amino acid equivalents or greater) in B subtype sequences are indicated by ****. Ordinary consensus sequences (taken from Part II) are shown above this pattern. Lower case 'g' in the patterns indicates 'gap' (not glycine; for further discussion of the patterns, see Part II). Simon Wain-Hobson prepared the summary of NEF that follows this alignment.

```
CONSENSUS.A MGGKWSKKSRVEWPEVRKRMRET..............PAAAKGVGAVSQD.....LDKYGAVTSSNTSST     51
CONSENSUS.B ----w-k?s??g-ptv-e--rra??????????????Epa-dg---v-R-.....-ekH-ai-ss--aat     48
CONSENSUS.D ---k---S-i-G--AI-E-I-r-???.........??dP--D----v-R-.....-E-H--I-----as-     51
CONSENSUS.O --nkws-s???G-p?v-e-i-rt???.....??????pp?a?---av-?d?????-a??-ai?-s?tp?n     39

HIV1NEF     MGGKXSgggggXWXXaRrRMXpjgggggggggggggggEXjAXXVGAXSRDgggggLrnHGjcTrrNTjjr     70
                           I D   KA                A                DK  AI DD  AAD
                           V E   RG                G                ER  GV EE  GGE
                             N   ES                S                N   SL NN  SSN
                             Q   QT                T                Q   TM QQ  TTQ
                             K    P                P                K   P  KK  PPK
                             R                                      R      RR    R
                             H                                      H      HH    H
                             S                                      S      SS    S
                             T                                      T      TT    T

                                                        LTR ->
CONSENSUS.A NASCAWLEAQ..EEGDVGFPVRPQVPLRPMTYKAAFDLSFFLKEKGGLDGLIHSQKRQEILDLWVYHTQG    119
CONSENSUS.B --dca----q??-eEev----r---------yka-?-l-H-lkek---e-li?-qk--d-----vyh---    114
CONSENSUS.D -ad-------E.-SeE-----------------e-v---H--------E---W-K-----------N---    120
CONSENSUS.O -a?la?le???.??Ee-----r----l----y-g-----f--------d--iy-?k-q------v-h---    100

                             **************                      **************
HIV1NEF     NAXfjWLEAXggEXEkXGFPVrPQVPLRPMTXrhAXDcSHFfnprGGLkGcXeSXpRQkILDLWaerTQG    140
               IA          D     D          DA   I   IKKD   D I F  K  D     IFD
               VG          E     E          EG   V   VRRE   E V W  R  E     VWE
               LS                N          N    L   L EN     L Y  E         YN
               MT                Q          Q    M   M QQ     M H  Q         HQ
               FP                K          K        F  K                     K
               W                 R          R        W  R                     R
               Y                 H          H        Y  H                     H
               C                 S          S        C  S                     S
                                 T          T           T                     T

             -- max HIV2/SIV nef similarity --      -- LTR NFAT-1 region --
CONSENSUS.A FFPDWQNYTPGPGIRYPLTFGWCYKLVPVDPAEVE.EATGGENNSLLHPICQHGVDDEEKEVLMWKFDST    188
CONSENSUS.B Y-----ny-p-p-?-y--tf---f----vepekv-.eanegenns-l--msl--md-p-?ev-?-?--sr    179
CONSENSUS.D I----------------------fe------q---.-a-Eg-t-c----?--h-ME-p-Rq--k-R-N-R    188
CONSENSUS.O f----qn--p---t-f--t---cF----vs?eev-??aNtgennc----?cq--me-???-v-?-k--ss    162

            ******              ********
HIV1NEF     YFPDWQrXTjGgGXRdPLXXGWCdKLVPcXjkggEggggggrXXLXHPXXXHGXkDjEXXXLXWnFDrr    210
                 D  A     F       F    I AD          D            D A       K  DD
                 E  G     W       W    V GE          E            E G       R  EE
                 N  S     Y       Y    L S           N              S          NN
                 Q  T                  M T           Q              T          QQ
                 K  P                    P           K              P          KK
                 R                                   R                         RR
                 H                                   H                         HH
                 S                                   S                         SS
                 T                                   T                         TT
```

```
           -- NRF --
CONSENSUS.A LALKHRAYELHPEFY.KD1                                    205
CONSENSUS.B --fh-m-Rel---yy.-dc*                                   229
CONSENSUS.D --fE-K-R-m-----.-dcl                                   206
CONSENSUS.O -al?-?-re?---?y?-d?1                                   175

HIV1NEF     LAfrHXARkXHPEddgKlC*                                   262
              ID    D    FF  D
              VE    E    WW  N
              LN         YY
              MQ
              FK
              WR
              YH
              CS
               T


HIV1NEF:88 GFPVrPQVPLRPMT
        "QVPLRMT" is part of a cytotoxic T-cell epitope.
        Koenig et al., J. Immunol. 145:127-135 (1990) and
        Culmann et al. J. Immunol. 146: 1560-65 (1991).

HIV1NEF:127 RQkILDLWaerTQGYFPDWQ
        "YHTQGYFPDWQ" can serve as a cytotoxic T-cell epitope,
        and "NYTPGPG" is part of a cytotoxic T-cell epitope.
        Culmann et al. J. Immunol. 146: 1560-65 (1991).

        This fragment taken together with the following fragment
        is of interest as a putative "G" site (Guy et al.,
        Virology 176: 413-25, 1990).

        This fragment contains a region similar to a conserved pattern
        in HIV2, "GIipDWQ".

HIV1NEF:161 GWCdKLVP
        This fragment is part of a cytotoxic T-cell epitope.
        Culmann et al. J. Immunol. 146: 1560-65 (1991).

        Mutational analysis -- Guy et al., Virology 176:413-25,
        1990.

        This fragment contains a region similar to a conserved pattern
        in HIV2, "GWLWKLvpV".
```

NEF

Nef is the most 3′ of all open reading frames in the HIV/SIV genome. It is a unique coding sequence of the primate lentiviruses (HIV-1, HIV-2, SIVsmm/mac, SIVcpz, SIVagm, SIVmnd, and SIVsyk), all of which have CD4 T cell tropism. The T cell tropic feline immunodeficiency virus, FIV, which uses a molecule other than CD4, is devoid of a *nef* cds. Half of the *nef* cds overlaps the LTR while the 5′ part overlaps the 3′ of *env*, except for HIV-1 and SIVcpz (Fig. 1).

Nef is a 27 kDa N myristoylated protein (1, 10, 14) localized predominantly in the inner cytoplasmic membrane, cytoplasm, (10, 15) and can be detected within the nucleus (22). It can be phosphorylated, but the site seems to be too variable to prove phosphorylation necessary (14). *Nef* is translated from two early mRNAs: one is monocistronic, the other is a bicistronic *rev/nef* transcript (30,31).

The huge literature on *nef* reflects the very tortuous path of research. A recent multi-author overview can be found in Ref. 20. *Nef* probably plays little role in culture, however this could be due to negative selection *ex vivo* (9, 18, 23, 40). Some authors have noted a positive effect *ex vivo* with certain constructs (34, 39), or when using *nef* genes amplified from fresh uncultured lymphocytes (9, 39). For the SIVmac system, *in vivo nef* function correlates with high viral load and progression to AIDS (21). SIV *nef*-variants do replicate *in vivo*. *Nef* expression results in down-regulation of CD4 density at the cell surface (12), which requires the cytoplasmic domain of CD4 (11).

A number of amino acid sequence analogies have been described between *nef* and other proteins. These include scorpion neurotoxins (37), HLA class II proteins (35), interleukin 2 receptor (28), G proteins (14, 15), human transmembrane tyrosine specific kinase (32), ATP-specific protein kinases (27), spumaretrovirus Bel3 protein (25), thyrotropin receptor (4), non-DNA binding transcription proteins with leucine zipper motifs (27), yeast DNA binding protein RAP-1 (32) and *Bacillus subtilis* tetracycline resistant determinant (32). The diversity of such analogies suggests that none are significant; a good discussion is given in Ref. 32, and Wilson et al. discuss the structural meaning of fortuitous sequence analogies in diverse proteins of known 3D structure (38).

The disulphide bridging pattern is most labile, there being two forms for the two variants studied to date (40) (Fig. 2). Residue 54 can alter the disulphide bridging pattern (40, Fig. 2). There is considerable cysteine residue variation between HIV-1 variants as well as between HIV/SIVs (Fig. 3). None of the cysteines are conserved among all the HIV/SIV *nef* sequences (32).

There is tremendous sequence diversity within *nef* both at the intrapatient level (3%–20% for HIV-1, Refs. 8, 19, 32) and at the interpatient level (5%–47%). One study found no two *nef* sequences common within the same blood sample (8). A *nef* consensus sequence was shown to have the biological properties of other *nef* constructs studied to date (32). Amino acid substitutions are predominantly located at the amino terminus, as are small deletions. Proviruses carrying *in vivo* large deletions in *nef* have been described (8, 32).

Nef is immunogenic, but less so than the *gag* or *env* proteins. A large number of human B and T cell (CD4+ and CD8+) epitopes have been mapped along with the HLA restricting molecules (Tables 1 & 2).

References

1. Allan JS, JE Coligan, TH Lee, MF McLane, PJ Kanki, JE Groopman, M Essex. A new HTLV-III/LAV encoded antigen detected by antibodies from AIDS patients. *Science* **230**, 810–813, 1985.
2. Ameisen JC, B Guy, S Chamaret, M Loche, Y Mouton, JL Neyrinck, J Khalife, C Leprevost, G Beaucaire, C Boutillon, H Gras-Masse, M Maniez, MP Kieny, D Laustriat, A Berthier, B Mach, L Montagnier, JP Lecocq, A Capron. Antibodies to the *nef* protein and to *nef* peptides in HIV-1 infected seronegative individuals. *AIDS Res Hum Retroviruses* **5**, 279–291, 1989.
3. Blumberg, BM, LG Epstein, Y Saito, D Chen, LR Sharer, Anand R. Human immunodeficiency type 1 *nef* quasispecies in pathological tissue. *J Virol* **66**, 5256–5264, 1992.

4. Burch HB, EV Nagy, YG Lukes, WY Cai, L Wartofsky, KD Burman. Nucleotide and amino acid sequence homology between the human thyrotropin receptor and the HIV-1 *nef* protein: identification and functional analysis. *Biochem Biophys Res Commun* **181**, 498-505, 1991.

5. Choppin J, F Martinon, F Connan, E Gomard, JP Levy. Detection of seven HLA binding regions in the HIV-1 *nef* protein. *J Immunol* **147**, 569-574, 1991.

6. Culmann B, E Gomard, MP Kieny, B Guy, F Dreyfus, AG Saimot, D Sereni, JP Levy. An antigenic peptide of the HIV-1 *nef* protein recognized by cytotoxic T lymphocytes of seropositive individuals in association with different HLA-B molecules. *Eur J Immunol* **19**, 2383-2386, 1989.

7. Culmann B, E Gomard, MP Kieny, B Guy, F Dreyfus, AG Saimot, D Sereni, D Sicard, JP Levy. Six epitopes reacting with human cytotoxic CD8+ T cells in the central region of the HIV-1 *nef* protein. *J Immunol* **146**, 1560-1565, 1991.

8. Delassus S, R Cheynier, S Wain-Hobson. Evolution of human immunodeficiency virus type 1 *nef* and long terminal repeat sequences over 4 years *in vivo* and *in vitro*. *J Virol* **65**, 225-231, 1991.

9. De Ronde A, B Klaver, W Keulen, L Smit, J Goudsmit. Natural HIV-1 *nef* accelerates virus replication in primary human lymphocytes. *Virology* **188**, 391-395, 1992.

10. Franchini G, M Robert-Guroff, J Ghrayeb, NT Chang, F Wong-Staal. Cytoplasmic localization of the HTLV-III 3′ orf protein in cultured T cells. *Virology* **155**, 593-599, 1986.

11. Garcia JV, J Alfano, AD Miller. The negative effect of human immunodeficiency virus type 1 *nef* on cell surface CD4 expression is not species specific and requires the cytoplasmic domain of CD4. *J Virol* **67**, 1511-1516, 1993.

12. Garcia JV, AD Miller. Serine phosphorylation-independent down regulation of cell surface CD4 by nef. *Nature* **350**, 508-511, 1991.

13. Gombert FO, W Blecha, M Tahtinen, A Ranki, S Pfeifer, W Troger, R Braun, N Muller-Lantzsch, G Jung, H Rubsamen-Waigmann, K Krohn. Antigenic epitopes of *nef* proteins from different HIV-1 strains as recognized by sera from patients with manifest and latent HIV infection. *Virology* **176**, 458-466, 1990.

14. Guy B, MP Kieny, Y Riviere, C Le Peuch, K Dott, M Girard, L Montagnier, JP Lecocq. F/3′ orf encodes a phosphorylated GTP-binding protein resembling an oncogene product. *Nature* **330**, 266-269, 1987.

15. Guy B, Y Riviere, K Dott, A Regnault, JP Lecocq. Mutational analysis of the HIV *nef* protein. *Virology* **176**, 413-525, 1990.

16. Hadida F, A Parrot, MP Kieny, B Sadat-Sowti, C Mayaud, P Debre, B Autran. Carboxy-terminal and central regions of human immunodeficiency virus-1 *nef* recognized by cytotoxic T lymphocytes from lymphoid organs: an *in vitro* limiting dilution analysis. *J Clin Invest* **89**, 53-60, 1992.

17. Hadida F, A Samri, A Hosmalin, R Spohn, G Jung, P Debre, B Autran. Characterization of several promiscuous CTL epitopes in the C-terminal region of *nef*. 7th Int Conf on AIDS, Amsterdam, 1992.

18. Hammes SR, EP Dixon, MH Malim, BR Cullen, WC Greene. *Nef* protein of human immunodeficiency virus type 1: evidence against its role as a transcriptional inhibitor. *Proc Natl Acad Sci USA* **86**, 9549-9553, 1989.

19. Harris M, S Hislop, P Patsilinacos, JC Neil. In vivo derived HIV-1 *nef* gene products are heterogeneous and lack detectable nucleotide binding activity. *AIDS Res Hum Retroviruses* **8**, 537-543, 1992.

20. Hovanessian AG. Third forum in virology: on the HIV *nef* gene product. *Res Virol* **143**, 31-81, 1992.

21. Kestler III, HW, DJ Ringler, K Mori, DL Panicalli, PK Sehgal, MD Daniel, RC Desrosiers. Importance of the *nef* gene for maintenance of high viral loads and for development of AIDS. *Cell* 65, 651-662, 1991.

22. Kienzle N, M Bachmann, WEG Muller, N Muller-Lantzsch. Expression and cellular localization of the *nef* protein from human immunodeficiency virus-1 in stably transformed B cells. *Arch Virol* 124, 123-132, 1992.

23. Kim S, K Ikeuchi, R Bryn, J Groopman, D Baltimore. Lack of a negative influence on viral growth by the *nef* gene of human immunodeficiency virus type 1. *Proc Natl Acad Sci USA* 86, 9544-9548,1989.

24. Koenig S, TR Fuerst, LV Wood, RM Woods, JA Suzich, GM Jones, VF de la Cruz, RT Davey Jr, S Venkatesan, B Moss, WE Biddisonn, AS Fauci. Mapping the fine specificity of a cytotoxic T cell response to HIV-1 *nef* protein. *J Immunol* 145, 127-135, 1990.

25. Maurer B, RM Flugel. The 3'-orf protein of HIV-2 shows sequence homology with the bel3 gene of the human spumaretrovirus. *FEBS Lett* 218, 286-288, 1987.

26. Robert-Guroff M, M Popovic, S Gartner, P Markham, RC Gallo, M Reitz. Structure and expression of tat-, rev-, and nef-specific transcripts of human immunodeficiency virus type 1 in infected lymphocytes and macrophages. *J Virol* 64, 3391-3398, 1990.

27. Samuel KP, DR Hodge, YMA Chen, TS Papas. *Nef* proteins of HIV and SIV are structurally similar to leucine zipper transcriptional activation factors. *AIDS Res Hum Retroviruses* 7, 697-706, 1991.

28. Samuel KP, A Seth, A Konoptka, A Lutenberger, TS Papas. The 3'-orf protein of HIV shows structural homology with the phosphorylation domain of human interleukin 2 receptor and the ATP-binding site of the protein kinase family. *FEBS Lett* 218, 81-86, 1987.

29. Schneider T, HP Harthus, P Hildebrandt, M Niedrig, M Broker, W Weigelt, A Beck, G Pauli. Epitopes of the HIV-1 negative factor (nef) reactive with murine monoclonal antibodies and human HIV-1 positive sera. *AIDS Res Hum Retroviruses* 7, 37-44, 1991.

30. Schwartz S, BK Felber, DM Benko, EM Fenyo, GN Pavlakis. Cloning and functional analysis of multiply spliced mRNA species of human immunodeficiency virus type 1. *J Virol* 64, 2519-2529, 1990.

31. Schwartz S, BK Felber, GN Pavlakis. Mechanism of translation of monocistronic and multicistronic human immunodeficiency virus type 1 mRNAs. *Mol Cell Biol* 12, 207-219, 1992.

32. Shugars DC, MS Smith, DH Glueck, PV Nantermet, F Seillier-Moiseiwitsch, R Swanstrom. Analysis of human immunodeficiency virus type 1 *nef* gene sequences present *in vivo*. *J Virol* 67, 4639-4650, 1993.

33. Tahtinen M, F Gombert, ER Hyytinen, G Jung, A Ranki, KJE Krohn. Fine specificity of the B-cell epitopes recognized in HIV-1 *nef* by human sera. *Virology* 187, 156-164, 1992.

34. Terwilliger E, E Langhoff, D Gabuzda, E Zazopoulos, WA Haseltine. Allelic variation in the effects of the *nef* gene on replication of human immunodeficiency virus type 1. *Proc Natl Acad Sci USA* 88, 10971-10975, 1991.

35. Verga MA, R Guigo, TF Smith. Autoimmune response in AIDS. *Nature* 345, 26, 1990.

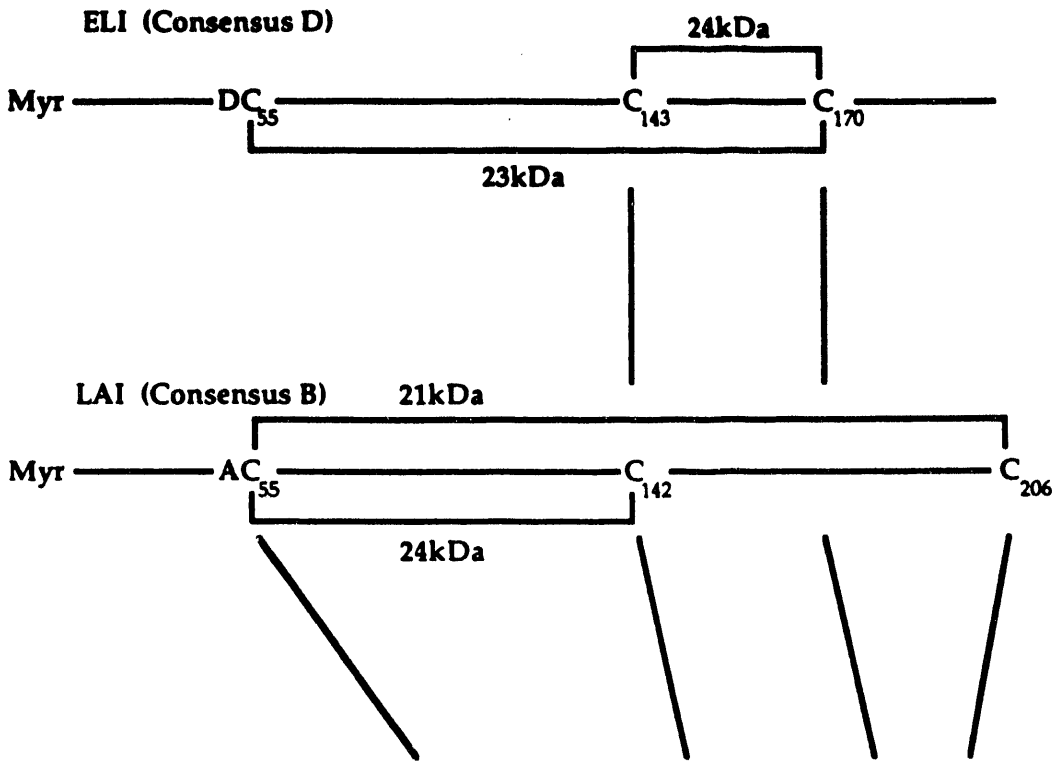
36. Wentworth PA, Abrignani, IC Bathurst, PH Feucht, B Doe, DJ Lee, KS Steimer. HIV-1 nef specific CD4+ T cell clones. *Vaccines 91*, Cold Spring Harbour Publications, 65-69, 1991.

37. Werner T, S Ferroni, T Saermark, R Brack-Werner, RB Banati, R Mager, L Steinaa, GW Kreutzberg, V Erfle. HIV-1 *nef* protein exhibits structural and functional similarity to scorpion peptides interacting with K+ channels. *AIDS* 5, 1301-1308, 1991.

38. Wilson IA, DH Haft, ED Getzoff, JA Tainer, RA Lerner, S Brenner. Identical short peptide sequences in unrelated proteins can have different conformations: a testing ground for theories of immune recognition. *Proc Natl Acad Sci USA* 82, 5255-5259, 1985.

39. Zazopoulos E, WA Haseltine. Mutational analysis of the human immunodeficiency virus type 1 Eli *nef* function. *Proc Natl Acad Sci USA* 89, 6634-6638, 1992.

40. Zazopoulos E, WA Haseltine. Disulphide bond formation in the human immunodeficiency virus type 1 *nef* protein. *J Virol* 6, 1676-1680, 1993.



	C_8	C_{27}	C_{40}	C_{55}	C_{126}	C_{138}	C_{142}	C_{163}	C_{169}	C_{206}
Consensus A	0	0	0	1/1	0	0	1/1	0	1/1	0
Consensus B	3/23	0	0	26/27	0	2/27	27/27	8/27	1/27	22/24
Consensus D	0	0	0	3/3	0	0	3/3	2/3	3/3	2/3
Consensus O	0	2/5	1/5	2/5	1/5	2/5	3/5	3/5	3/5	1/4

Position 54 polymorphisms (following LAI numbering)
LAI A54->D54 like ELI above ie C55/C206 and C142/C206
ELI D54->A54 like LAI above ie C55/C170 and C55/C142

Consensus A: position 54 S(1/1)
Consensus B: position 54 A(7/27) D(20/27)
Consensus D: position 54 T(1/3) D(2/3)
Consensus O: position 54 A(2/5) D(1/5) T(1/5) S(1/5)

Figure 1. Disulphide bridging patterns and cysteine residue distributions in HIV-1 nef sequences

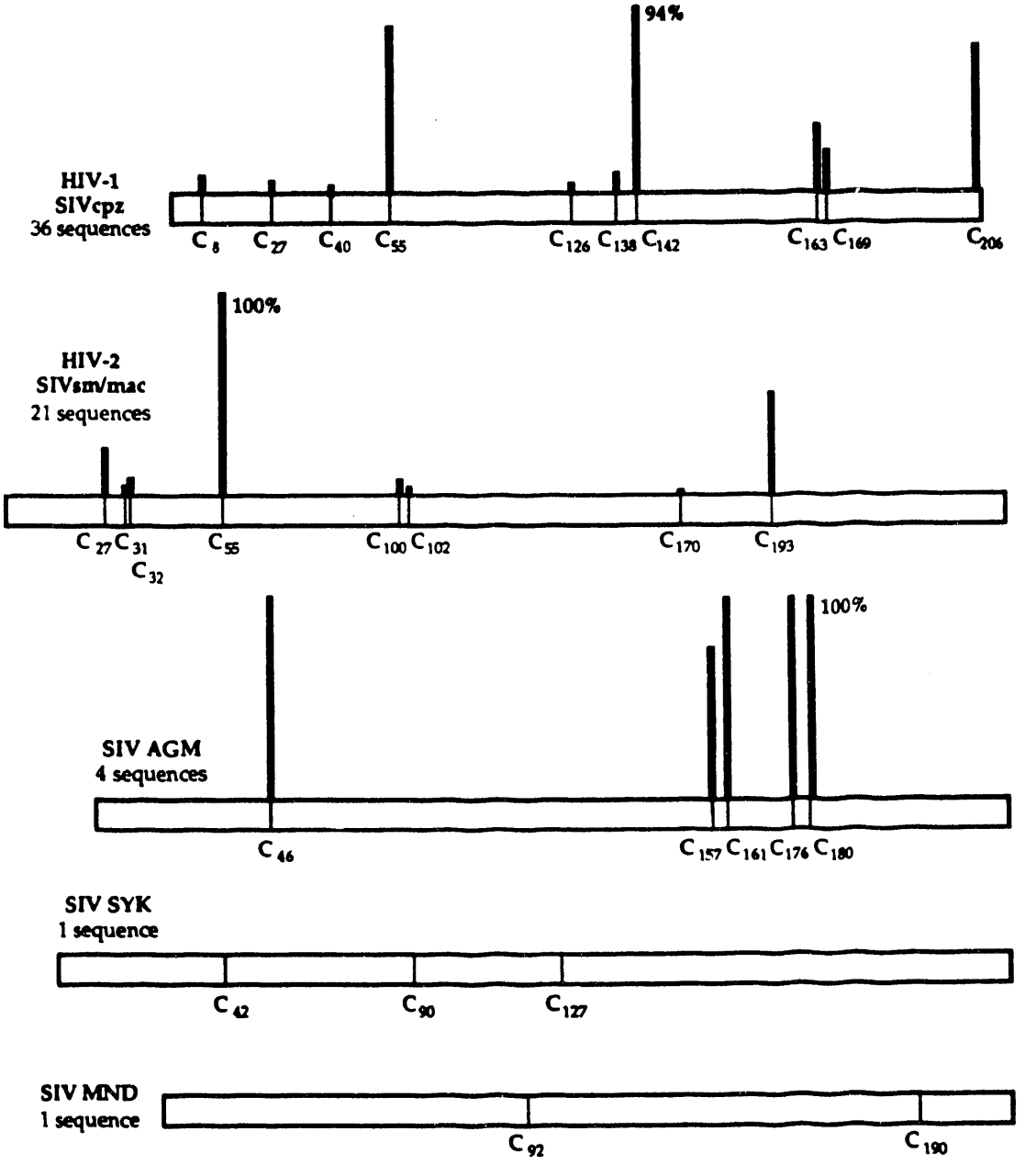


Figure 2 Distribution of cysteine residues in collections of HIV and SIV nef sequences. The sizes of the different nefs are to scale as are the frequencies of cys residues within any group

Epitope	Type, strain, ref	Epitope	Type, strain, ref
4-18	HLA class I binding ref 5	111-113	B cell Lai ref 33
5-7	B cell Lai ref 33	113-128	CD8 class I CTL ref 6
8-16	B cell Lai/SF2/Mal ref 13	114-117	B cell Lai ref 33
11-13	B cell Lai ref 33	115-125	CD8 class I CTL ref 7
11-24	B cell Lai ref 28	115-127	B cell Lai/SF2/Mal ref 13
13-23	CD4 class II ref 36	118-126	B cell Lai ref 33
15-22	B cell Lai ref 33	126-138	CD8 class I CTL ref 7
28-43	B cell Lai ref 28	126-155	HLA class I binding ref 5
45-69	B cell Lai ref 2	132-147	CD8 class I CTL ref 7
46-60	CD4 class II ref 36	136-147	B cell Lai/SF2/Mal ref 13
46-67	HLA class I binding ref 5	137-142	B cell Lai ref 33
52-60	B cell Lai/SF2/Mal ref 13	148-161	B cell Lai ref 2
55-59	B cell Lai ref 33	158-169	B cell Lai/SF2/Mal ref 13
69-82	CD4 class II ref 36	163-165	B cell Lai ref 33
73-82	CD8 class I CTL ref 7, 21	168-170	B cell Lai ref 33
73-94	HLA class I binding ref 5	179-188	B cell Lai ref 33
75-79	B cell Lai ref 33	180-190	B cell Lai/SF2/Mal ref 13
80-90	B cell Lai/SF2/Mal ref 13	180-193	CD4 class II ref 36
82-103	B cell Lai ref 28	182-198	HLA class I binding ref 5
83-94	CD8 class I CTL ref 7	192-206	HLA class I binding ref 5
88-92	B cell Lai ref 33	194-196	B cell Lai ref 33
97-101	B cell Lai/SF2/Mal ref 13	197-206	B cell Lai/SF2/Mal ref 13
103-108	B cell Lai ref 33	200-203	B cell Lai ref 33

Table 1. A collection of nef epitopes. Numbering depends on the strain and is given according to the references cited. A distinction has been made between those epitopes which bind to HLA class I molecules in an in vitor binding assay and those which have been mapped in a cytotoxic T cell assay. Normally a CD8 epitope is a nonamer (occasionally 8 or 10) while the length of CD4 epitopes may be longer. Many T cell epitopes have been established using peptides much longer than the class I or II binding site. They need to be confirmeded using shorter peptides

Sequence	Residues	HLA restricting molecule	Reference
VGFPVTPQVPLRPMT	66-80	A1	16
QVPLRPMTYK	73-82	A3 A3.1 A11 B35	6, 7, 24
AAVDLSHFLKEK	83-94	A11	6, 7
EKGGLEGLIHSQRR	93-106	A1	16
WIYHTQGYFPDWQNYT	113-128	A1	16
YHTQGYFPDWQ	115-125	B17	6, 7
TQGYFPDWQNYT	117-128	B17 B37	6, 7
NYTPGPGVRYPLT	126-138	A1 A11 B7 B18	6, 7
GVRYPLTFGWCYKLVP	132-147	A11 B7 B18	6, 7
EWRFDSRLAFHHVAREL	182-198	A1 A2 A24 B5 B35	16
AFHHVAREL	190-198	A2 B52	17
HHVARELHPEYFKNC	192-206	A1 A24	16

Table 2 HIV-1 nef peptides recognized by human CTL from seropositive individuals. Normally the epitope is a nonamer (occasionally 8 or 10). This has been precisely mapped for the 190-198 epitope. Others were established using longer peptides. They need to be confirmeded using nonamers.

The HIV2SIVGAG pattern represents both HIV2 and SIV sequences presented in the HIV2/SIV GAG protein alignment in Part II. Information dense stretches (0.9 amino acid equivalents or greater) in the sequences are indicated by ****. The ordinary consensus sequence (taken from Part II) is shown above this pattern. Lower case 'g' in the patterns indicates 'gap' (not glycine; for further discussion of the patterns, see Part II).

```
CONSENSUS  MGarnSVLsGKkaDELEkiRLRPgGKKkYmLKH?vWAaNeLDrFGLaESLLesKEGCqkIlsVLaPlVPT     69

                        **********                                          ***
HIV2SIVGAG MGX^XSVL^GK^^DELE^^RLRPXGKK^YXLKH^^WAXN^LD^FGL^ESLL^^KEGC^^I^^VLXP^VPT     70
              K    D  KA    KI        K     II    K  K   A    DD    DK ID    L
              R    E  RG    RV        R     VV    R  R   G    EE    ER VE    M
                   N  ES                          E      S     N    N  LN
                   Q  QT                          Q      T     Q    Q  MQ
                   K   P                                 P     K    K   K
                   R                                           R    R   R
                   H                                           H    H   H
                   S                                           S    S   S
                   T                                           T    T   T

                                                                      p16 \/ p28
CONSENSUS  GSENLKSL?NtvcViwCiHAEEKvK?TEeAKqivqRHLvaeTgtaekMP?tsrPTAPpSgrggNyPVQq?    135

           ********          *****
HIV2SIVGAG GSENLKSL^NXXXV^^C^HAEEKXK^TEXAK^XXXRHLXX^Tggg^XMPXX^^PTAPXSXgggN^PVQ^g    140
                   F     IF I       D     K        D    D     DK           F   D
                   W     VW V       E     R        E    E     ER           W   E
                   Y     LY L       N     E             N     N            Y   N
                         M  M       Q     Q                   Q                Q
                                    K                         K                K
                                    R                         R                R
                                    H                         H                H
                                    S                         S                S
                                    T                         T                T

CONSENSUS  ?gGNYvHlPLSPrTLNAWVKLvEeKKFGAEVVpGFQALSEGCtPyDINQmLNCVGdHQAAMQIIreIINe    204

                        ***********************************************************
HIV2SIVGAG X^GNYXH^PLSPXTLNAWVKL^E^KKFGAEVV^GFQALSEGCXPYDINQ^LNCVG^HQAAMQII^^IIN^    210
            A     I             I D        A                L     D        KD   D
            G     V             V E        G                M     E        RE   E
                  L                        S
                  M                        T
                                           P

CONSENSUS  EAAdWD?qHpqp?gPlpaGQLRePrGSDIAGTTStv?EQIqWMyRqqNP?PVGnIYrRWIQlGLQKCVRm    270

           ******                    *********                    ***************
HIV2SIVGAG EAA^WDXXHPXXg^PXXgGQLR^P^GSDIAGTTS^X^EQI^WM^RXXNP^PVG^IYRRWIQ^GLQKCVRX    280
              D         A        D D         S D   E  F     I   D       I
              E         G        E E         T E   Q  W     V   E       V
                                   N                  Y         N       L
                                   Q                            Q       M
                                   K                            K
                                   R                            R
                                   H                            H
                                   S                            S
                                   T                            T
```

HIV-2/SIV GAG

```
CONSENSUS  YNPtnILDvkQGPKEpFQSYVDRFYKSLRAEQtDpavKNWMTqTLLıQnaNPDCKLVLKGLgmNPTLEEM    340

                  **********************    ******        *********************
HIV2SIVGAG YNPX^ILD^^QGPKE^FQSYVDRFYKSLRAEQ^D^^VKNWMT^TLL^Qg^NPDCKLVLKGLGXNPTLEEM    350
              D   ID     A               A AA       K   I  A
              E   VE     G               G GG       R   V  G
              N    N     S               S SS       E      S
              Q    Q     T               T TT       Q      T
              K    K     P               P PP              P
              R    R
              H    H
              S    S
              T    T

                     p28 \/         p2     \/  p8
CONSENSUS  LTaCQGvgGPgQKaRLMAEALKeal?p?pıPFaAaQq?g??rk?ıkcwNCgKeGHsArQcraPRRqGCWK    404

           **********************                              *****          ********
HIV2SIVGAG LT^CQG^GGP^QKARLMAEALK^X^XXXX^PFAAXQ^gggg^XX^^^WNCGKXGH^A^Q^^^PRRQGCWK    420
             A   I   A           D I    I       K    K  IDI         S K IDA
             G   V   G           E V    V       R    R  VEV         T R VEG
             S       S             L    L       E       LNL             LNS
             T       T             M    M       Q       MQM             MQT
             P       P             F                    FKF             FKP
                                   W                    WRW             WR
                                   Y                    YHY             YH
                                   C                    CSC             CS
                                                         T               T

              pol cds ->
                       p8 \/     p1      \/ p6
CONSENSUS  CGk?gHvMakCPeRQaGFLGlGpwGKkprNFPmaqvpqGl?????????????????tPtApPedPavd    455

           **
HIV2SIVGAG CG^XXHXM^^CP^RQXGFLG^GXXGK^^^NFPXXXXXXG^gggggggggggggggggXP^APPX^PXX^    490
             K      AD  D       I      KAD          I                      S    D   D
             R      GE  E       V      RGE          V                      T    E   E
             E      SN  N       L      ESN          L
             Q      TQ          M      QTQ          M
                    PK          F       PK
                     R          W        R
                     H          Y        H
                     S          C        S
                     T                   T

           \/ HIV-2s only                      \/ HIV-2s only          /p6
CONSENSUS  lLk?YMq?Gk?QRE?q???rerPYKEv??????????????????TEDLLHLNSLFG?DQ*    489

                                                          ************
HIV2SIVGAG ^L^^YM^XG^^QREgggggg^X^PYKE^gggggggggggggggggggTEDLLHLNSLFGXDQ*    550
           L KD  D  KK         K D    I
           M RE  E  RR         R E    V
             EN  N   E           N    L
             QQ  Q   Q           Q    M
              K  K               K
              R  R               R
              H  H               H
              S  S               S
              T  T               T
```

The HIV2SIVPOL pattern represents both HIV2 and SIV sequences presented in the HIV2/SIV POL protein alignment in Part II. Information dense stretches (0.9 amino acid equivalents or greater) in the sequences are indicated by ****. The ordinary consensus sequence (taken from Part II) is shown above this pattern. Lower case 'g' in the patterns indicates 'gap' (not glycine; for further discussion of the patterns, see Part II).

```
CONSENSUS  VLELWe?gTLckamqspkKTg?LEmWkn???hg?mPrkTggFFR?wpmGKeapQfPhgpsasGadtnctp     63

           *****
HIV2SIVPOL VLELW^XXTLX^^^X^^^KTX^LE^W^XX^XXX^^PX^T^XFFRXX^XGKX^^Q^PXX^^X^G^^^XX^^     70
                K     KAI DAK   L  I D  A   KL  K A      A    AA I   AD A ADA  AA
                R     RGV EGR   M  V E  G   RM  R G      G    GG V   GE G GNG  GG
                E     ESL NSE      L N  S   E   E S      S     S L   SN S S S  SS
                Q     QTM QTQ      M Q  T   Q   Q T      T     T M   TQ T T T  TT
                       P  KP         K  P         P      P     P F   PK P P P  PP
                          R          R                          W    R
                          H          H                          Y    H
                          S          S                          C    S
                          T          T                               T

                                                                                <- gag cds
CONSENSUS  ?gsS?Gs??e?haag?k????aer??ret?qgg????????r??????q???drGfAaPQFSLWrRPvVt    103

                                                                  *********
HIV2SIVPOL XX^SXGXXX^XXXXXXXgggg^XXX^XXXX^XXgggggggggggggggggg^XG^A^PQFSLW^RP^V^    140
             A      D           A   D    E                      D  I A      K  I D
             G      E           G   E    Q                      N  V G      R  V E
             S      N           S   N                              L S           N
             T      Q           T   Q                              M T           Q
             P      K           P   K                              F P           K
                    R               R                              W             R
                    H               H                              Y             H
                    S               S                              C             S
                    T               T                                            T

CONSENSUS  A?iEgQpvEVLLDTgadDSIVaGieLG?nYtPKiVGGIGGFINTKEyKnveIeVlgKrvkaTIMTGDTPI    171

                   ******                 ***************              *********
HIV2SIVPOL AX^EXQ^XEVLLDTXX^DSIV^G^^LGX^YXPK^VGGIGGFINTKE^K^^^I^V^XKX^^^TIMTGDTPI    210
             I   A         D    A IE   D    I            I DID K I   IKA
             V   G         N    G VQ   E    V            V NVE R V   VRG
                 S              S      N                 L   N E L
                 T              T      Q                 M   Q Q M
                 P              P      K                 F   K
                                       R                 W   R
                                       H                 Y   H
                                       S                 C   S
                                       T                     T

CONSENSUS  NIFGRN?LtalgMsLNlPvAKvePiKvtLKPGKdGPklrQWPLskEKI?ALrEICEKMEkeGQLEeAPPT    239

           ******                      *****      ********* ********************
HIV2SIVPOL NIFGRN^LX^^XM^LN^P^AK^^P^KXXLKPGKXGP^X^QWPL^^EKIXAL^EICEKME^^GQLEEAPPT    280
                 I  AL  S  I I  ID I           K K    SK      K       KD
                 V  GM  T  V V  VE V           R R    TR      R       RE
                 L  S      L    L
                 M  T      M    M
                    P      F
                           W
                           Y
                           C
```

```
CONSENSUS  NPYNTPTFAIkkkDkNKWRmLIDFRELNkVTQDFTEvqlg1Phpag1AkkrRItv1DvGDAYFSIPLde?   308

           ************************************                    *********
HIV2SIVPOL NPYNTPTFAI^K^DXNKWR^LIDFRELN^VTQDFTE^^^X^Pg^XX^A^^^RI^^^D^GDAYFSIPLXXX   350
                   K K      I        K       IDI I  A  I KKK  SII I
                   R R      V        R       VEV V  G  V RRR  TVV V
                            L                 NL L  S  L E      L
                            M                 QM M  T  M Q      M
                                              KF F  P
                                              RW W
                                              HY Y
                                              SC C
                                              T

CONSENSUS  FRqYTAFTLPsvNNaEPgKRY1YKV1PQGWKGSpa1fqytmR?vLePFRkANpDv11QYMDDIL1ASDR   377

             *******        ******* *******                          ************
HIV2SIVPOL FRXYTAFTLP^^NNXEPXKRY^YKVXPQGWKGSX^I^Q^XMR^^L^PFR^ANXD^X^^QYMDDIL^ASDR   420
                   AI         I            A I F   DI D   K    I II       I
                   GV         V            G V W   EV E   R    V VV       V
                   S                       S L Y   N             L
                   T                       T M H   Q             M
                   P                       P F     K
                                             W     R
                                             Y     H
                                             C     S
                                                   T

CONSENSUS  tdLEHDrVV1Q1KELLN??GFStPeEKFQKDPPfqWMGyELWPtkWKLQk1qLPqke?WTVNdIQKLVGV   444

             *******   *****  **************                          *******
HIV2SIVPOL ^XLEHD^VVXQXKELLNX^GFS^P^EKFQKDPP^^WMG^ELWP^^WKLQ^^^LP^^^XWTVNXIQKLVGV   490
           S     K           I   S D       ID   I    DK    KIE  EKD
           T     R           V   T E       VE   V    ER    RVQ  QRE
                             L             LN   L    N      L
                             M             MQ   M    Q      M
                                           FK   F    K
                                           WR   W    R
                                           YH   Y    H
                                           CS   C    S
                                            T        T

CONSENSUS  LNWAAQ1ypGIKTkh1CrLIrGKMt1TEEVQWTE1AEAE1eENkII1sQeqEG?YYqE?kp1EAtv?K?q   510

           ******                    *************
HIV2SIVPOL LNWAAQ^^^GIKT^^^C^LI^GKM^XTEEVQWTE^AEAE^XEN^IIX^Q^XEGXYY^EXXX^EA^^XK^X   560
                IFA    KDI K  K   A        L    I   K   D K      K    I  AI  D
                VWG    REV R  R   G        M    V   R   E R      R    V  GV  E
                LYS     NL        S             L       N E      E    L  S   N
                M T     QM        T             M       Q Q      Q    M  T   Q
                  P     K         P             F       K                P   K
                        R                       W       R                    R
                        H                       Y       H                    H
                        S                       C       S                    S
                        T                               T                    T
```

```
CONSENSUS  dnQW?YK1HQe?k1LKvGK?aK1Knthtngvr LLAhVvQKIGKEA1vIWG?1PkFHLPVEre?WeQWWtd   575

                                                  *******          ******
HIV2SIVPOL X^QW^YK^HQXX^^LKXGK^XKXK^XXX^X^^LLA^V^QKIGKEA^^IgG^^PXFHLPVE^^XW^QWWX^   630
           D  A  I    KI     I    D   D ID   D I       II   KI        KD  D    D
           E  G  V    RV     V    E   E VE   E V       VV   RV        RE  E    N
           N  S              L    N   N  N   N         L    E
           Q  T              M    Q   Q  Q   Q         M    Q
           K  P              F    K   K  K   K
           R                 W    R   R  R   R
           H                 Y    H   H  H   H
           S                 C    S   S  S   S
           T                     T   T  T   T

CONSENSUS  YWQVTW1PeWDFvSTPPLvRLvfNLVkdP1?g?ETfYtDgSCnrqSkEGKAgYvTDRGkdkvkvLEqTtN   643

           ******   ************                                              *
HIV2SIVPOL YWQVTW^P^WDF^STPPL^RLX^NLVX^P^XXXET^YXDXSC^^XS^EGKAXY^TDRG^X^X^XLE^T^N   700
                I D   I     I   F    D I     F      DK  K      I    K K K   K S
                V E   V     V   W    E V     W      ER  R      V    R R R   R T
                  N             Y      L     Y      N                      E
                  Q                    M            Q                      Q
                  K                                 K
                  R                                 R
                  H                                 H
                  S                                 S
                  T                                 T

CONSENSUS  QQAELEaFamaltDSgPkaNI1VDSQYVMGIvagqPtEsEsrlVnqIIEeMIKKea1YVaWVPAHkg1Gg   713

           ******             ************                          ********
HIV2SIVPOL QQAELEXFX^^^XDSXP^XNI^VDSQYVMGIXX^XP^E^E^X^VX^IIE^MIKK^X^YV^WVPAH^G^GX   770
                   LAI     K   I          A  A S D I  K   D    D I  A     K I
                   MGV     R   V          G  G T E V  R   E    E V  G     R V
                    SL     E              S  S   N L  E   N    N             L
                    TM     Q              T  T   Q M  Q   Q    Q             M
                    P                     P  P   K        K    K
                                             R        R    R
                                             H        H    H
                                             S        S    S
                                             T        T    T

CONSENSUS  NQEvDHLVSQgIRQVLFLekIEPAQEEHeKYHsnvKeLvhKFg1P?1VArQIVntCdkcqqKGEa1HGQv   782

           ****,*****  *****************                              ********
HIV2SIVPOL NQE^DHLVSQXIRQVLFL^^IEPAQEEHXKYH^X^K^LX^KFX^PX^VA^QIV^^CX^^^XKGEA^HGQX   840
             I             KK           A I K  F   I  I  K   DS  DID      I
             V             RR           G V R  W   V  V  R   NT  EVE      V
                           E            S L E  Y   L  L           NLN
                           Q            T M Q  H   M  M           QMQ
                                        P                         KFK
                                                                  RWR
                                                                  HYH
                                                                  SCS
                                                                  T T
```

```
CONSENSUS  NaelGtWQMDcTHLEGKiiIVAVHVaSGFIEAEVIPqEtGRQTALFLLKLAsRWPiTHLHTDNGaNFtSq    852

                  ******************************************************
HIV2SIVPOL N^^^GXWQMD^THLEGK^^IVAVHV^SGFIEAEVIPQE^GRQTALFLLKLA^RWP^THLHTDNG^NF^SX    910
           ADI      I      II      A            S            A   I        A  A
           GEV      V      VV      G            T            G   V        G  G
           S L      L                                        S            S  S
           T M      M                                        T            T  T
           P        F                                        P            P  P
                    W
                    Y
                    C

CONSENSUS  eVKMvAWW?qIEqtFgVPYNPQSQgVVEAMNHHLKnQIdRiReQAns?ETiVLMAvHCmNFKrRGGiGDM    920

                       **********************            *******    ***********
HIV2SIVPOL ^VKMXAWWXGIE^^FGVPYNPQSQGVVEAMNHHLK^QI^R^R^QAX^^ET^VLMAXHC^NFK^RGG^GDM    980
           D           DS                    D  D I D   SI  I       I   K   I
           E           ET                    E  E V E   TV  V       V   R   V
           N           N                     N  N L      L          L       L
           Q           Q                     Q  Q M      M          M       M
           K           K                     K  K
           R           R                     R  R
           H           H                     H  H
           S           S                     S  S
           T           T                     T  T

CONSENSUS  TPaERliNMiTtEQEIQF?Q?KNskfknFrVYyREGRdQLWkGPGELLWKGeGAVi?KVGtdIKvvPRRK    987

           **          *******               ************************          ****
HIV2SIVPOL TPXER^^NM^T^EQEIQFXQXKNX^^^^F^VY^REGR^QLW^GPGELLWKG^GAV^^KVG^^IK^^PRRK   1050
                II  I A            DIKD K  F    D   K          D   II   AD  II
                VV  V G            EVRE R  W    N   R          E   VV   GE  VV
                LL    S            NLEN E  Y        E              LL   S
                MM    T            QMQQ Q           Q              MM   T
                      P            KF K                                 P
                                   RW R
                                   HY H
                                   SC S
                                   T  T

        vif cds ->
CONSENSUS  AKIIkdYGggke?Ds?shlEdtre?arEvA?s?qVPE??NKRPRGGALCSPPQGGMGMVDLQQGNIPTTR   1050

           ****                                 **********************************
HIV2SIVPOL AKII^^YG^X^X^DXg^^^EX^X^gXXE^AX^XQVPEXQNKRPRGGALCSPPQGGMGMVDLQQGNIPTTR   1120
              KD  A K I   ADL  A E    I  A
              RE  G R V   GEM  G Q    V  G
               N  S E L   SN   S      L  S
               Q  T Q M   TQ   T      M  T
               K  P       PK   P         P
               R          R
               H          H
               S          S
               T          T

CONSENSUS  KKSSRNTGILEPNTRKRMALLSCSKINLVYRKVLDRCYPRLCRHPNT*   1097

           ***********************************************
HIV2SIVPOL KKSSRNTGILEPNTRKRMALLSCSKINLVYRKVLDRCYPRLCRHPNT*   1167
```

The HIV2SIVVIF pattern represents both HIV2 and SIV sequences presented in the HIV2/SIV VIF protein alignment in Part II. Information dense stretches (0.75 amino acid equivalents or greater) in the sequences are indicated by ****. The ordinary consensus sequence (taken from Part II) is shown above this pattern. Lower case 'g' in the patterns indicates 'gap' (not glycine; for further discussion of the patterns, see Part II).

```
                                  <- pol cds
CONSENSUS  MeeekrWIvVPtWRiPgR?lErWHsLiKyLKy?TkdLqkvcYVPHhKVGWAWWTCSRvIFPL???shLEv     65

                                  ************          **********************     ***
HIV2SIVVIF M^XX^^WIgVPXWR^PXRg^E^WH^L^K^LK^^TX^L^XXXYVPH^KVGWAWWTCSR^IFPL^XX^XLE^     70
            D  KD        I     L K  A I F  FD  D D       F           I    D  A   I
            E  RE        V     M R  G V W  WE  E E       W           V    E  G   V
               N                    S   Y  YN    N       Y                N  S
               Q                    T   H  HQ    Q       H                Q  T
               K                    P      K     K                        K  P
               R                           R     R                        R
               H                           H     H                        H
               S                           S     S                        S
               T                           T     T                        T

CONSENSUS  QgYWnLtPEkGwLSsyaVRiTWYs?nFwtDvTPd?AD?LlHstYFpCFtagEVRraIRGEklLScC??p?    129

           ************************                                 *********
HIV2SIVVIF Q^YW^L^PE^G^LS^^^VR^TWY^^XF^^DXTP^^ADXL^H^^YF^CF^XXEVR^XIRGE^XLS^C^^^^    140
            A  D A  K F  DFA  I   DK  FS    DI    I AS  A  S     K     K   I DFAD
            G  E G  R W  EWG  V   ER  WT    EV    V GT  G  T     R     R   V EWGE
               N S    Y  NYS  L   NE  Y     NL    L S   S              E   L NYSN
               Q T       QHT  M   QQ        M     M T   T              Q   M Q TQ
               K P       K P      K         F       P   P                  F K PK
               R         R        R         W                              W R  R
               H         H        H         Y                              Y H  H
               S         S        S         C                              C S  S
               T         T        T                                          T  T

                  vpX cds ->
CONSENSUS  AHk?qVPSLQyLAL?Vv???v?rsQgen?trKQwRrd?rrglR?Arqnsr??kqrgseppa?ga?FPGlA    186

              *********                                                  *****
HIV2SIVVIF AH^X^VPSLQ^LALXV^g^XXgX^QX^X^^XKQXRXXXXX^^R^A^^^X^XX^XX^^^^X^XXXXFPG^A    210
             K K     F     I D    A  D AA          AI I DKD D  K  AAKA A       I
             R R     W     V E    G  E GG          GV V ERN E  R  GGRG G       V
             E E     Y       N    S  N SS          SL L NE  N  E  SSES S       L
             Q Q             Q    T  Q TT          TM M QQ  Q  Q  TTQT T       M
                             K    P  K PP          P    K   K     PP P P
                             R       R                    R   R
                             H       H                    H   H
                             S       S                    S   S
                             T       T                    T   T

CONSENSUS  kvLgILA*    193

           ***
HIV2SIVVIF ^VLXILA*    217
           K
           R
           E
           Q
```

HIV-2/SIV VPX

The HIV2SIVVPX pattern represents both HIV2 and SIV sequences presented in the HIV2/SIV VPX protein alignment in Part II. Information dense stretches (0.75 amino acid equivalents or greater) in the sequences are indicated by ****. The ordinary consensus sequence (taken from Part II) is shown above this pattern. Lower case 'g' in the patterns indicates 'gap' (not glycine; for further discussion of the patterns, see Part II).

```
                                                                  <- vif cds
CONSENSUS  M?dPREriPPGNSgEEtigeaFeWL?RTveeiNReAVNHipRELIFQVWqRsWeYWhdeqGMs?SYtKyR     67

             **********          ******     ****************              ***
HIV2SIVVPX MgXPRE^^PPGNSXEE^^X^AFXWL^RT^^X^NRXAVNHXPRELIFQVW^RXWXYW^^^XGM^XSYXKYR     70
               DI        AI K     D  ID I                  K      DDD   A
               EV        GV R     E  VE V                  R      EEE   G
               N         S  E     N   N L                  E      N     S
               Q         T  Q     Q   Q M                  Q      Q     T
               K         P        K   K                           K     P
               R                  R   R                           R
               H                  H   H                           H
               S                  S   S                           S
               T                  T   T                           T

CONSENSUS  YLcliQkA?fmH?kkgcrClgeghGagGw?rpGPPPPPPPGLal    107

           **                                 **********
HIV2SIVVPX YL^^^QXA^^XHX^^XX^CXXXXXGXXGXg^XGPPPPPPPGLX1    113
             III   IF   DK  D            D
             VVV   VW   ER  E            E
             LLL   LY   N   N            N
             MMM   M    Q   Q            Q
             F          K   K            K
             W          R   R            R
             Y          H   H            H
             C          S   S            S
                        T   T            T
```

The HIV2SIVVPR pattern represents both HIV2 and SIV sequences presented in the HIV2/SIV VPR protein alignment in Part II. Information dense stretches (0.65 amino acid equivalents or greater) in the sequences are indicated by ****. The ordinary consensus sequence (taken from Part II) is shown above this pattern. Lower case 'g' in the patterns indicates 'gap' (not glycine; for further discussion of the patterns, see Part II).

```
          <- vpX cds                                        tat cds ->
CONSENSUS  M?e???e?PPede?PqRepwdeWv?evleeikeeALkhFDPrLLtaLGnyIy?RHGDTlegAgeLIriLQ     62

                                                  ************************      ******
HIV2SIVVPR Mggggg^XPPX^XXPgR^XXXXW^X^X^X^^^XXAL^HFDPXLLX^LGX^I^XRHGDTXXXAXXLI^XLQ     70
                 D    D     D     I D L DIK    D        A   F F              K
                 E    N     E     V E M EVR    E        G   W W              R
                 N                  N    LE    N        S   Y Y
                 Q                  Q    MQ    Q        T   H H
                 K                  K          K        P
                 R                  R          R
                 H                  H          H
                 S                  S          S
                 T                  T          T

CONSENSUS  rALf?HfR?GC?hSRigq?gggnplsaipp?rgmll     92

           ***
HIV2SIVVPR XAL^XH^R^GCX^SRX^Q^XXXXP^^^XP^^RX^X1    105
              I  I A   D   A A     IAA  AA  I
              V  V G   E   G G     VGG  GG  V
              L  L S   N   S S     LSS  SS  L
              M  M T   Q   T T     MTT  TT  M
              F  F P   K   P P     FPP  PP
              W  W     R           W
              Y  Y     H           Y
              C  C     S           C
                       T
```

HIV-2/SIV TAT

The HIV2SIVTAT pattern represents both HIV2 and SIV sequences presented in the HIV2/SIV TAT protein alignment in Part II. Information dense stretches (0.75 amino acid equivalents or greater) in the sequences are indicated by ****. The ordinary consensus sequence (taken from Part II) is shown above this pattern. Lower case 'g' in the patterns indicates 'gap' (not glycine; for further discussion of the patterns, see Part II).

```
                                                                  <- vpR
CONSENSUS  MEtpLkeqEsSLessnepsSctse?da?t?e?anlgeEiLsQLyrpleaC?N?cyCKkCcyhCQ?CF1kK     63

                                                                                 *
HIV2SIVTAT MEXXL^XXEXSLX^X^XXXSXXXXXXXXXXXXX^XX^E^LXQL^^P^^XCXN^C^CKXCX^^CQXCFX^K     70
               K       A D                 D  D I    FK IK    D F     FD       D
               R       G E                 E  E V    WR VR    E W     WE       E
               E       S N                 N    L    YE LE    N Y     YN       N
               Q       T Q                 Q    M    HQ MQ    Q        Q       Q
                       P K                 K                  K        K       K
                         R                 R                  R        R       R
                         H                 H                  H        H       H
                         S                 S                  S        S       S
                         T                 T                  T        T       T
        rev cds ->               exon \/ exon
CONSENSUS  GLGIcYe????RrRtpkkaKa??ssasd?ksis?rtr?sQp?K?qK?tve??v?t?pglgrl    108

           ****
HIV2SIVTAT GLGIXYX^gggR^RXX^^^KXX^X^^^^g^X^^X^XXXXQ^XKX^K^^XXXXXX^XX^XG    131
                 D    K   KKA   A AAAD K IA D     A   K DD      A  A  D
                 E    R   RRG   G GGGN R VG E     G   R EE      G  G  E
                 N         S   S SSS  E LS N     S   E NN      S  S  N
                 Q         T   T TTT  Q MT Q     T   Q QQ      T  T  Q
                 K         P   P PPP     P K     P     KK      P  P  K
                 R                       R             RR            R
                 H                       H             HH            H
                 S                       S             SS            S
                 T                       T             TT            T
```

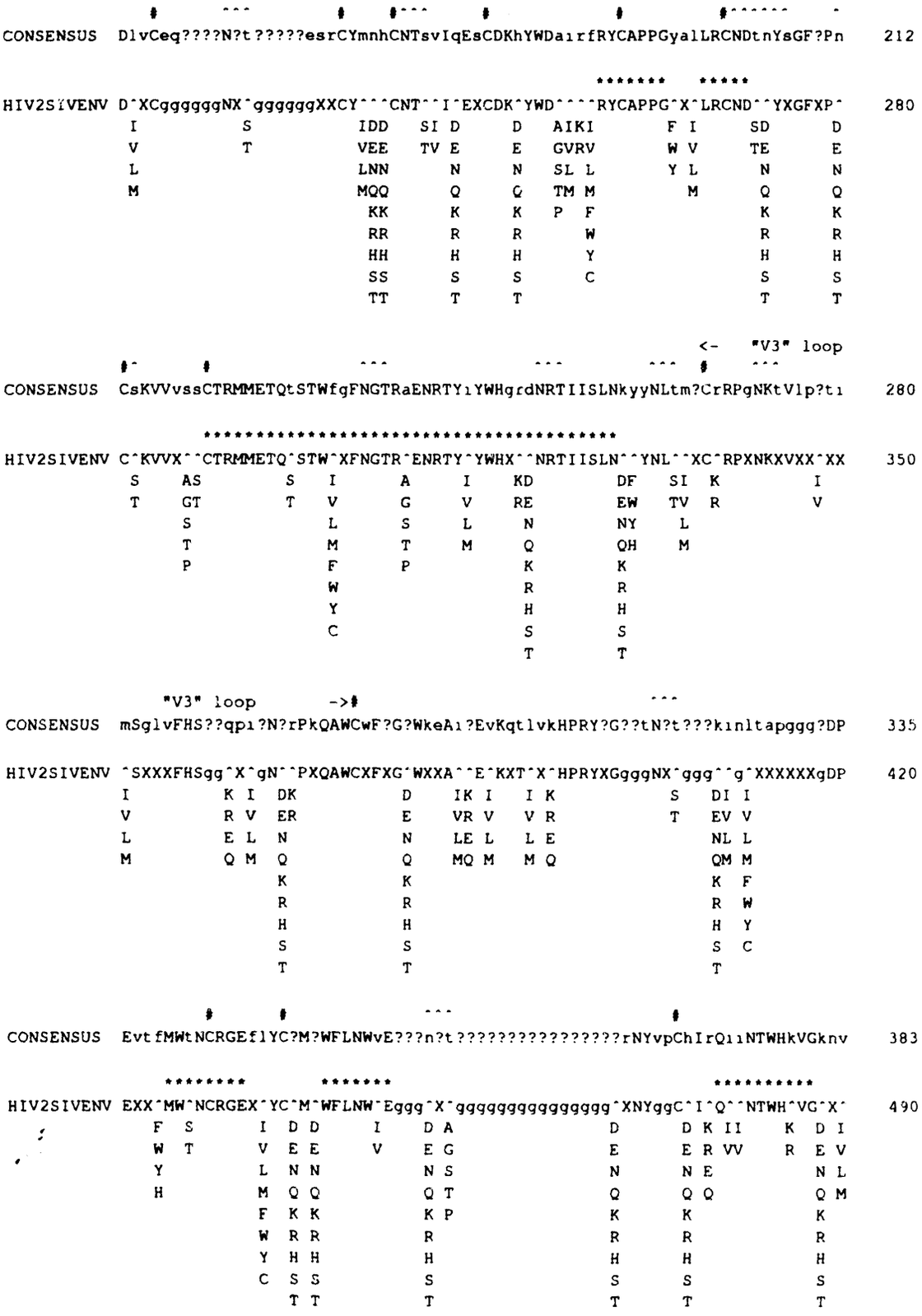
The HIV2SIVREV pattern represents both HIV2 and SIV sequences presented in the HIV2/SIV REV protein alignment in Part II. Information dense stretches (0.7 amino acid equivalents or greater) in the sequences are indicated by ****. The ordinary consensus sequence (taken from Part II) is shown above this pattern. Lower case 'g' in the patterns indicates 'gap' (not glycine; for further discussion of the patterns, see Part II).

```
                                exon \/ exon
CONSENSUS  Ms????eeelr?rLRLihlLHQt?npYp?gpGtAnQRRnrrRRwrrrw?qllAlAdriysfpdpPtdtPL     62

                                          ************
HIV2SIVREV M^XgggXXX^^XXLRL^^^LHQXg^^YP^^XG^A^QRR^^^RRX^^^XX^^^ALA^^^X^^^^^PX^XPL     70
            D       IK      IDI      DA  DA  S D   DKK   KKK  KII    DDI AIADA  D
            E       VR      VEV      NG  EG  T E   ERR   RRR  RVV    EEV GVGEG  E
            N       LE      LNL       S  NS    N   N     EEE  ELL    NNL SLSNS  N
            Q       MQ      MQM       T  QT    Q   Q     QQQ  QMM    QQM TMTQT  Q
            K               KF        P  KP    K   K                 KK  PFPKP  K
            R               RW           R     R   R                 RR   W R   R
            H               HY           H     H   H                 HH   Y H   H
            S               SC           S     S   S                 SS   C S   S
            T               T            T     T   T                 TT     T   T

CONSENSUS  dlaiQqLQ?L?ie?lPdPPtn?pe?l?????????spq??ae??RS?PS???G??R?SCE?R???M??SQ?     101

HIV2SIVREV ^XX^Q^LQXL^^^^^P^PP^^ggggggggggggggXXXXXXPRSXPS^^^G^XR^SCEXR^^XMX^SQ^     140
          D  I D    AIDDI D  AD                                ADK I  D     KD   A  K
          E  V E    GVEEV N  GE                                GER V  N     RE   G  R
          N    N    S NNL    SN                                SNE L        N   S  E
               Q    T QQM    TQ                                TQQ M        Q   T  Q
               K    P KK     PK                                PK  F        K   P
               R      RR      R                                 R  W        R
               H      HH      H                                 H  Y        H
               S      SS      S                                 S  C        S
               T      TT      T                                 T           T

CONSENSUS  ???SNHRDPQE?QTRT*    113

              *************
HIV2SIVREV ^^XSNHRDPQE^QTRT*    156
          DA          D
          EG          N
          NS
          QT
          KP
          R
          H
          S
          T
```

HIV-2/SIV ENV

The HIV2SIVENV pattern represents both HIV2 and SIV sequences presented in the HIV2/SIV ENV protein alignment in Part II. Information dense stretches (0.8 amino acid equivalents or greater) in the sequences are indicated by ****. The ordinary consensus sequence (taken from Part II) is shown above this pattern. In this, cysteine residues are indicated by # and potential N-glycosylation sites by ^^^. Lower case 'g' in the patterns indicates 'gap' (not glycine; for further discussion of the patterns, see Part II).

```
            #                   #                 ^^^    #            #
CONSENSUS  M?c?gnqLliaill?sa?giyc???qyVTVFYGvPaWrNAtiPLfCaTkNRDTWGTtQClPDNdDYsEia     63

                                        *****************     *******
HIV2SIVENV MgXggXXLX^XXX^X^XXXXXXXggX^VTVFYG^PXW^NA^^PL^CXT^NRDTWGTXQCXPDNXDY^E^X     70
                    I   I A          F      I   K  SI  I   D                 D I
                    V   V G          W      V   R  TV  V   E                 E V
                        L S          Y                 L   N                 N L
                        M T                            M   Q                 Q M
                        F P                            F   K                 K
                        W                              W   R                 R
                        Y                              Y   H                 H
                        C                              C   S                 S
                                                           T                 T

            ^^^      ^^^                    #      #    #        ^^^
CONSENSUS  lNvTEaFDAW?NtvTeQAieDVW?LFETSIKPCVKLtPLC?aMrC????????Nks??????????????    108

            ****************************************
HIV2SIVENV ^N^TE^FDAW^NX^T^QA^^DVW^LFETSIKPCVKL^PLC^^M^CgggggggNX^gggggggggggggg    140
           I I  A    D  I E  ID   D            S   IA D           D
           V V  G    E  V Q  VE   E            T   VG E           E
           L    S    N            N                 S N           N
           M    T                 Q                 T Q           Q
                P                 K                 P K           K
                                  R                   R           R
                                  H                   H           H
                                  S                   S           S
                                  T                   T           T

                                          #    ^#^         #  ^^^          ^^^
CONSENSUS  ????tttt??t?tt??????????inetspci??dnCtGle?E?m??CkFnMtGL?rDkkkeYnetWYs?    153

HIV2SIVENV ggggg^XXgggggggggggXgXg^X^^^XgXgX^^C^G^XXEXX^XCXFXM^GL^XD^X^XY^^^WYXX    210
                D                 I DDD     DD A I     I      D  D  K K  DDA
                E                 V EEE     NE G V     V      E  E  R R  EEG
                N                 L  NN      N S L     L      N  N  E    N S
                Q                 M  QQ      Q T M     M      Q  Q  Q    Q T
                K                    KK      K P              K  K       K P
                R                    RR      R                R  R       R
                H                    HH      H                H  H       H
                S                    SS      S                S  S       S
                T                    TT      T                T  T       T
```


CONSENSUS DlvCeq????N?t?????esrCYmnhCNTsvIqEsCDKhYWDa1rfRYCAPPGyalLRCNDtnYsGF?Pn 212
HIV2SIVENV D^XCgggggggNX^gggggggXXCY^^^CNT^^I^EXCDK^YWD^^^^RYCAPPG^X^LRCND^^YXGFXP^ 280
CONSENSUS CsKVVvssCTRMMETQtSTWfgFNGTRaENRTY1YWHgrdNRTIISLNkyyNLtm?CrRPgNKtVlp?t1 280
HIV2SIVENV C^KVVX^^CTRMMETQ^STW^XFNGTR^ENRTY^YWHX^^NRTIISLN^^YNL^^XC^RPXNKXVXX^XX 350
CONSENSUS mSg1vFHS??qp1?N?rPkQAWCwF?G?WkeA1?EvKqt1vkHPRY?G??tN?t???k1n1tapggg?DP 335
HIV2SIVENV ^SXXXFHSgg^X^gN^^PXQAWCXFXG^WXXA^^E^KXT^X^HPRYXGgggNX^ggg^^g^XXXXXXgDP 420
CONSENSUS EvtfMWtNCRGEf1YC?M?WFLNWvE???n?t??????????????????rNYvpCh1rQ11NTWHkVGknv 383
HIV2SIVENV EXX^MW^NCRGEX^YC^M^WFLNW^Eggg^X^gggggggggggggggg^XNYggC^I^Q^^NTWH^VG^X^ 490

```
                    #^^^                ^^^  ^^^                                  SU\/TM ?
CONSENSUS  yLPPReGdLtCnStVTSlIAnId?w?dgnqT??nItmSAevaELYRLELGDYKLvEiTPIgfAPT?vkRY    448

           *******     **********                    ******************
HIV2SIVENV YLPPR^G^L^CXS^VTS^IA^I^gggXg^^Tgg^I^XSA^X^ELYRLELGDYKL^E^TPI^^APTXX^RY    560
                E D A   S   I  D D     DD   D S   D A            I I   AI     K
                Q E G   T   V  E N     NE   E T   E G            V V   GV     R
                  N S       L  N        N   N       S                  SL
                  Q T       M           Q   Q       T                  TM
                  K P                   K   K       P                  PF
                  R                     R   R                           W
                  H                     H   H                           Y
                  S                     S   S                           C
                  T                     T   T

CONSENSUS  ?t???sRnkRGvfVLGFLGfLatAGsAMgaaSlTlsAQSRTLlaGIVQQQQqllDVVKRQQElLRLTVWG    514

                        ******                  ******  *******   ****************
HIV2SIVENV ^^gXXXRX^RGX^VLGFLG^L^XAGXAM^^XS^T^^AQSRTL^XGIVQQQQXX^DVVKRQQE^LRLTVWG    630
           SA      D   I      I A      AA  I IS      I          I        L
           TG      E   V      V G      GG  V VT      V          V        M
            S      N   L      L S      SS  L L       L          L
            T      Q   M      M T      TT  M M       M          M
            P      K   F      F P      PP            F
                   R   W      W                      W
                   H   Y      Y                      Y
                   S   C      C                      C
                   T

                                    #     #       ^^^      ^^^             ^^^
CONSENSUS  tKnLQtRVtAIEKYLkdQAqlNsWGCAFRQVCHTtVPwpNdsLtPdWnNmtWQeWE?kv?fLeaNIt?lL    581

           ************************************             ******     *********
HIV2SIVENV ^KXLQ^RV^AIEKYLX^QAXLN^WGCAFRQVCHT^VPXXNX^LXP^W^NXTWQ^WE^^^^XL^XNI^XXL    700
           A    A  S       D     A           S      D   D D     E  DKID  D   S
           G    G  T       E     G           T      E   E E     Q  ERVE  E   T
           S    S          N     S                  N   N N        NE N
           T    T          Q     T                  Q   Q Q        QQ Q
           P    P          K     P                  K   K K        K  K
                           R                        R   R R        R  R
                           H                        H   H H        H  H
                           S                        S   S S        S  S
                           T                        T   T T        T  T

CONSENSUS  EeAQiQQEkNmYELQKlNswDvfgNWfDltsWikYIqyGvyivvgvi?LRiviYivQmLarlRkGYRPVF    650

           ****************                                                  ******
HIV2SIVENV E^AQ^QQE^NXYELQK^N^WD^^^NW^D^^SW^XYI^^G^X^^X^^^XLR^X^Y^^Q^L^^^R^GYRPVF    770
            E  I   K       I D  IIA  I IA  I   DI I II AII   I I II L AKI K
            Q  V   R       V E  VVG  V VG  V   EV V VV GVV   V V VV M GRV R
               L           L N   LS  L LS  L   NL L L   L         L   S L E
               M           M Q   MT  M MT  M   QM M M   M         M   T M Q
                             K   FP  F FP      KF                     P F
                             R   W   W W       RW                       W
                             H   Y   Y Y       HY                       Y
                             S   C   C C       SC                       C
                             T                 T
```

```
                  / early stop                    <- tat cds          #
CONSENSUS  SSpP?y?qq1h1hkd??qPt?Egteedgg??gg??sWPwq1eY1hFL1rqL1rLLtwLys?cR?1Lsr??    707

           **
HIV2SIVENV SS^P^^XQgXXX^^XXXXPX^EX^^XXXXXXXXXXXgPWX^XYX^FL^^XLX^LLXXL^^X^RX^LX^gg    840
            A AI      DD      D  DK              I   D  ID   D     FD I  I  D
            G GV      EE      E  ER              V   E  VE   E     WE V  V  E
            S SL      NN      N  NE              L   N  LN   N     YN L  L  N
            T TM      QQ      Q  QQ              M   Q  MQ   Q      Q M  M  Q
            P PF      KK      K  K                  K  K    K      K F  F  K
              W       RR      R  R                  R  R    R      R W  W  R
              Y       HH      H  H                  H  H    H      H Y  Y  H
              C       SS      S  S                  S  S    S      S C  C  S
                      TT      T  T                  T  T    T      T       T

                           nef start ->
                               <- rev cds
                                       #
CONSENSUS  q1lqp1?q?ls??l?r1rev1Rl??ayLQYG??w?qEA?qa??r?arETlagawrdlwe?l?r?grgIlA    760

                                                                              *
HIV2SIVENV ggXXXXggg^ggggggggggX^RXXX^XLQYGXX^^^EAX^XXX^XXXET^^X^XXX^gXXXX^X^^XIXA    910
                     I          I    A       FID   K   K      IA A   I      K AK
                     V          V    G       WVE   R   R      VG G   V      R GR
                     L          L    S       YLN   E          LS S   L      E  E
                     M          M    T        MQ   Q          MT T   M      Q  Q
                     F               P        FK               P P   F
                     W                        WR                     W
                     Y                        YH                     Y
                     C                        CS                     C
                                               T

CONSENSUS  1prRIRQG1E1tLL*    774

           ********
HIV2SIVENV ^PRRIRQGXE^^LL*    924
           I          IA
           V          VG
                      LS
                      MT
                       P
```

HIV-2/SIV NEF

The HIV2SIVNEF pattern represents both HIV2 and SIV sequences presented in the HIV2/SIV NEF protein alignment in Part II. Information dense stretches (0.7 amino acid equivalents or greater) in the sequences are indicated by ****. The ordinary consensus sequence (taken from Part II) is shown above this pattern. Lower case 'g' in the patterns indicates 'gap' (not glycine; for further discussion of the patterns, see Part II).

```
                                                                  <- env cds
CONSENSUS  MG??gSkkrsk????LrerLLrargetygrl????e?gysqs?ggsgkgl?s?SCEgq?y?qg?fmntpw     53

HIV2SIVNEF MG^XXSX^XX^XXXXLX^^LL^XXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX^XX^XXSCE^^^XXXX^gggggg     70
            A    K  K      EK  K                        K  D     AKD    D
            G    R  R      QR  R                        R  E     GRE    E
            S       E          E                           N     SEN    N
            T       Q          Q                           Q     TQQ    Q
            P                                              K     P K    K
                                                           R       R    R
                                                           H       H    H
                                                           S       S    S
                                                           T       T    T

                                                                LTR ->
CONSENSUS  rnpa?e??kl?yrqQnmDdvD?eDddlvgvpv??prvPlR?mtyklAiDmShfIKekgGLeGiyYs?rRh    114

HIV2SIVNEF gggggggggXXX^Q^XD^XDggDggg^XXXXgX^XXPXRX^^^^^AXD^S^^IKg^XGL^G^^Y^X^R^    140
                      K D  D        I      A      ISFKL   L DI   K   D IF D D D
                      R N  E        V      G      VTWRM   M EV   R   E VW E E E
                      E                    S      L Y       NL   E   N LY N N N
                      Q                    T      M H       QM   Q   Q M  Q Q Q
                                           P                KF       K    K K K
                                                            RW       R    R R R
                                                            HY       H    H H H
                                                            SC       S    S S S
                                                            T        T    T T T

                      --max. HIV-1 NEF similarity--
CONSENSUS  riLd?ylekeegiipdwqnyt?gpgiryp??fgwlwklvpv?vs?eaqede????th?l?hpaqts?wdd    171

                                          *********
HIV2SIVNEF ^^L^X^^^gggGI^^XWQg^^XGXXXRYXXX^GWLWKL^^V^X^XXX^XX^ggggXX^LX^^AQXX^^DD    210
           KI D FID     IA    ID          F      IA D A   D  D      I  DA    DF
           RV N WVE     VG    VE          W      VG E G   E  E      V  EG    EW
                YL      LS    LN          Y       S N S   N         L  NS    NY
                 M      MT    MQ                  T Q T   Q         M  QT    QH
                 F       P    FK                  P K P   K         F  KP    K
                 W            WR                    R     R         W  R     R
                 Y            YH                    H     H         Y  H     H
                 C            CS                    S     S         C  S     S
                               T                    T     T            T     T

CONSENSUS  pwgevl?wkfdp?lay?yeaf?ryPEEfg?ksglpeee?krrL?argll???dkkets?*    219

HIV2SIVNEF X^GEXXXW^FD^XLAX^YX^^XX^PEEggggXXXX^XXX^X^LXXXG^XXXX^^^^^XE*    269
            F      K  A    D  AF  F           K   K K     I    DKKKD
            W      R  G    E  GW  W           R   R R     V    ERRRE
            Y      E  S    N  SY  Y           E   E       L    N  EN
            H      Q  T    Q  T   H           Q   Q       M    Q  QQ
                      P    K  P                                K   K
                           R                                   R   R
                           H                                   H   H
                           S                                   S   S
                           T                                   T   T
```

HIV-1 ENV Comp Strand Orf

A new round of attention is being given to the comp strand orf of HIV-1. In particular, Nelson Michael and coworkers at Walter Reed Army Institute of Research and the Henry M. Jackson Foundation have a paper in press (J. Virol.) entitled "Negative-Strand RNA Transcripts Are Produced in Human Immunodeficiency Virus Type 1 Cells and Patients By a Novel Promoter Downregulated by Tat". For this reason, we are presenting an alignment of the potential proteins encoded by the orf in question. We thank Dr. Michael and his colleagues for their advice. The comp strand orf, designated AS01 by Michael, has been annotated against the background of the env protein encoded on the positive strand, however potential N-linked glycosylation sites in the putative comp strand product are indicated. The total amino acids encoded by the various subtype sequences are given at the end of the alignment.

```
                                                                  gp41 \/ gp120
CONSENSUS.A MPQTVSfNrCC*ASIAlSkLlCCCTiPDNNcLACtvSVIDAAPIVLPAAPKNPrktAPi.PtALFSL.....   65
HIVSF1703   ------F-R-------L-K-L----M----C---TV----------------MNT--I.-T-----.....   65
HIVU455     ------F-R-------L-R-L----I----C---TV----------------RKI--S.-T-----.....   65
HIVZ321     ------F-R-------L-R-F----I----L---TV----------------RKK--I.-I-----.....   65
HIVD687     ------F-R-------I-K-L----I----C---TV----------------RKT--S.-T-----.....   65
              RRE or CAR ->
CONSENSUS.B MPQTVScNrcCcasiAlSklfCCCTIpDnncLaCTVSvidaapIVLPAaPKNPrn?aPi?ptALFsL.....   65
HIVJRCSF    ------C-IC-CASI-L-KLF-----P-NNC-A----VIDRAP-----A----RNKA-I.PT---S-.....   66
HIVJRFL     ------C-IR-CASI-L-KLF-----P-NNS-A----VIDAAP-----A----RNTA-I.PT---S-.....   66
HIVALA1     ------C-RC-CASI-L-KLF-----P-NNC-A----VIDRAP-----A----RNKA-S.PT---S-.....   66
HIVBRVA     ------S-IC-CASI-I-KLF-----P-NNS-A----VRDAAP-----A----RNKA-S.PT---S-.....   66
HIVJH3      ------C-RC-WPSI-L-KLF-----P-NNS-A----VIDA.P-----A----RNTA-I.PT---S-.....   65
HIVSC       ------C-RC-CASI-L-KLF-----P-NNS-A----VIDVAP-----A----RNIA-IVPT---S-.....   67
HIVBAL1     ------C-RC-CASI-L-RLF-----P-NNS-A----VIAAAP-----A----RNTA-I.PT---S-.....   66
HIVYU2      ------C-RC-CASI-L-RLF-----P-NNC-A----VIDAAP-----A----RNKA-S.PT---S-.....   66
HIVMN       ------C-IC-CASM-L-KLF-----P-NNS-A----VTDAAP-----A----RNRA-I..A---S-.....   65
HIVHXB2R    ------C-RC-CASI-L-KLF-----P-NNC-A----VIDAAP-----A----RNKA-I.PT---S-.....   66
HIVLAI      ------C-RC-CASI-L-KLF-----P-NNC-A----VIDRAP-----A----RNKA-I.PT---S-.....   66
HIVNL43     ------C-RC-CASI-L-KLF-----S-NNC-A----VIDVQP-----A----RNKA-I.PT---S-.....   66
HIVMFA      ------C-RC-CASI-L-KLF-----P-NNC-A----VIDAAP-----A----RNKA-I.PT---S-.....   66
HIVCAM1     ------C-RC-CASI-L-RLF-----P-NNC-V----VSATAP-----A----RNRA-IAPT---S-.....   67
HIVNY5CG    ------C-RC-CASI-F-KLF-----P-INC-V----AIDAAP-----A----RNRA-SAPT---S-.....   67
HIVADA      ------C-RC-CASI-L-KLF-----P-NNS-A----VIDAAP-----A----RNIA-IVPT---S-.....   67
HIVJFL      ------C-RC-CASI-L-KLF-----P-NNS-A----VIDAAP-----A----RNIA-IVPT---F-.....   67
HIVSIMI84   ------C-RC-CASI-L-KLL-----P-NNC-A----VIDAAP-----A----RNKA-ISPT---S-.....   67
HIVD31      ------C-RC-CASI-L-KLF-----P-NNC-A----AIDRAP-----A----RNTA-SSPT---S-.....   67
HIVSF162    ------C-RC-CASI-L-KLF-----P-NNC-A----VSDRAP-----A----RNIA-SV.T---S-.....   66
HIVOYI      ------C-RC-CASI-L-RLF-----P-NNC-A----VIDRAP-----A----RNIA-SIPT---S-.....   67
HIVSF33     ------C-RC-CASI-L-RLF-----P-NSF-A----VIDAAP-----A----RNIA-ITPT---S-.....   67
HIVCDC4     ------C-RC-CALI-L-KLF-----P-NNC-A----AIDVAP-----A----RNIA-SIPT---S-.....   67
HIVSF2      ------C-RC-CASI-L-KLF-----P-NNC-A----VNDTAP-----A----RNIA-TIPT---S-.....   67
HIVHAN      ------C-RC-CASI-L-KLF-----P-NNC-A----VSDRAP-----A----RNIA-SIPT---S-.....   67
HIVRF       ------C-RC-CASI-L-KLF-----P-NKC-A----VIEPAP-----A----RNIA-IVPT---S-.....   67
HIVWMJ2     ------C-RC-CASI-L-KLF-----P-NNC-A----VSEPAP-----A----RNIA-IVPT---S-.....   67
HIVTB132    ------C-RC-CASI-L-RLF-----P-NNC-G----VVGAAx-----A----GDAA-I.PT---S-.....   66
HIVGUN      ------C-RC-CALI-L-KLF-----P-NNC-A----VIDAAP-----A----RNIT-IVPT---S-.....   67
HIVRJS      ------C-RC-CASI-L-RLF-----P-NNC-A----AIDAAP-----A----RNIA-ITPT---S-.....   67
HIVSBA      ------C-RC-CASI-L-RLF-----P-NNS-A----VIDAAP-----A----RNIA-I.PT---S-.....   66
HIVSBB      ------C-RC-CASI-L-KLF-----P-SNC-A----VNDAAP-----A----KSTA-I.PT---S-.....   66
HIVSBC      ------C-RC-CASI-L-KLF-----P-NNS-A----VIDAAP-----A----RNTA-I.PT---S-.....   66

CONSENSUS.C mPQtVSCNRCCCASIALSKLLCCCTIPDnNCLACTVsVIDAAPIVLPAAPKNPRNTAPi?PTALFSL.....   66
HIVD747     I--I----------------------N-------T--------------------I.-------.....   66
HIVD760     M--T----------------------S-------S--------------------.N-------.....   66
HIVD757     M--T----------------------N-------S--------------------I.-------.....   66
```

HIV-1 Comp Strand ORF

```
CONSENSUS.D MPQTVSCNrCCCASIALSKLFCcCTIPD?ncLACtVSv?DaAPIVLPAaPKNPRN?AP.sPIALFSL.....    63
HIVJY1      --------I-------------C-----NNC---P--AT-T-------A------T--.S-------.....    66
HIVNDK      --------R-------------W-----INC---T--VT-A-------A------T--.S-------.....    66
HIVMAL      --------R-------------C-----SNC---T--VS-A-------A------M--.S-------.....    66
HIVELI      --------R-------------C-----INC---T--VT-R-------A------I--.N-------.....    66
HIVZ2Z6     --------R-------------C-----NNC---T--VN-R-------A------I--.S-------.....    66

CONSENSUS.E MPQTVSCNRCCCA?IALSKL?CCCTIPDNNCLACTVSVIDAAPIVLPAAPKNPKIIAPI.PTALFSL.....    64
HIVTN243    -------------x------x-------------------------------------.-------.....    66

CONSENSUS.O ?P?tds?srCCwa?ıAlsRLsCCCTIPfsk?wvctvS?vaAAPIVLPAAlrtPknsıP??ptaLF?L??vc?    60
HIVANT70    I-HxDSLSN--WACI-LS--S------FSKVWVCTA-VVA---------LRT-KNSI-.NPTA--S-*.VLV    69
HIVMVP5180  I-HTDNLSK--WACI-LS--S------FSTLWVRTV-AVA---------LST-KNSI-.NPTA--S-*GV*M    69
SIVCPZGAB   T-QIDSCNR--*ASI-FN--F------DSNCRACTV-VTA---------PRN-RNSA-RPKAA--C-.SFCL    70

 ...
CONSENSUS.A sTTLLFAlvGATPSGSIFTtLYLYNSLlQLSLI?PPpGLkvSf?????..??Ll??pPSLVNssPVmFdsHl   125
HIVSF1703   C------GV----------T-------L-----F--V--KV-F.......AL-L.SP-----RS--I-DI-F   129
HIVU455     S------LV----------T-------F-----S--P--KV-FFV........-LV.P-----SS--M-DS-L   129
HIVZ321     A------LV----------T-------L-----S--P--KV-F.......DV-LP.T-----SI--M-DT-F   129
HIVD687     S------RV----------S-------L-----S--P--KV-V..SFV....-LVFP-----SS--M-DS-L   131

 ... ...
CONSENSUS.B CTTLLfalVGAtPngSIftTLYLYnslLQLSlısPPpgLKıSv????????ll???PPSLVnssPVıFdehL   126
HIVJRCSF    -----FAL---T-NG--FT-----NSL----LMS--PG--I-I..SL...SFL.....-----NSS--I-DEH-   130
HIVJRFL     -----FAL---T-NG- FT-----NSL----LIS--PG--I-V..PF...SLI.....-----NSS--I-DEH-   130
HIVALA1     -----FAL---T-NG--FT-----NSL----LIS--PG--I-VL.......LLLL.-----NSS--I-DEH-   130
HIVBRVA     -----FAL---T-NG--FT-----NSL----LIF--PG--I-V..SVV..SLLL..-----NSS--I-DEH-   132
HIVJH3      -----FAL---T-NN--FT-----NSL----LIF--PG--V-V..SFW.LS.....-----NSS--I-DEH-   129
HIVSC       -----FAL---T-NG--FT-----NSL----LIS--PG--I-VF.SFL.LPFLLL.-----NSS--I-DEH-   136
HIVBAL1     -----FAL---T-NG--FT-----NSL----LIS--PG--T-VLLS..SG.....-----NSS--I-DEH-   130
HIVYU2      -----FAL---T-NG--FT-----NSL----LIS--PG--I-V..PFV..SL.....-----NSS--I-DEH-   130
HIVMN       -----FAL---T-NG--VT-----NSL----LIS--PG--I-V..SFVSVSL.....-----NSS--I-DEH-   131
HIVHXB2R    -----FAL---T-NG--FT-----NSL----LIS--PG--I-D.......SLLLL.-----NSS--I-DEH-   130
HIVLAI      -----FAL---T-NG--FT-----NSL----LIS--PG--I-D.......PLLLL.-----NSS--I-DEH-   130
HIVNL43     -----FAL---T-NG--FT-----NSL----LIS--PG--I-D.......PLLLL.-----NSS--I-DEH-   130
HIVMFA      -----FAL---T-NV--FT-----NSL----LIS--PG--T-D..SFV...FL.....-----NSS--I-DEH-   130
HIVCAM1     -----FAL---T-NG--FT-----NSL----LIS--PG--V-V..SF.S.PL.....-----NSS--I-DEQ-   131
HIVNY5CG    -----FAL---T-NG--FT-----NSL----LIS--PG--I-VVL.F.SLS.....-----NSS--I-DEH-   132
HIVADA      -----FAL---T-NG--FT-----NSL----LIS--PG--I-D.......PLLLV.-----NIS--I-DEH-   131
HIVJFL      -----FAL---T-NG--FT-----NLL----LIF--PG--I-A..PF.SL.....-----NSS--I-DEH-   130
HIVSIMI84   -----FAL---T-NG--FT-----NSL----LIS--PG--V-VV.SL.S..FL.....-----SNS--I-DEH-   132
HIVD31      -----FAL---T-NG--FT-----NSL----LIF--PG--V-V..SL.S.LFL.....-----NSS--I-DEH-   132
HIVSF162    -----FAL---T-NG--FT-----NSL----LIS--PG--I-VVLLI...SL.....-----NSS--I-DEH-   131
H1VOYI      -----LAL---T-NG--FT-----NSL----LMS--AG--I-I..PFV..VFL.....-----NSS--I-DEH-   132
HIVSF33     -----FAL---T-NG--FT-----NSL----FIF--AG--I-VVL.FLS.P.....-----NSS--I-DEH-   132
HIVCDC4     -----FAL---T-NG--FT-----NSL----LIS--PG--I-VVW.F.S.P.....-----NSS--I-DEH-   131
HIVSF2      -----FAL---I-NG--FI-----NSL----LIS--PG--T-V..SLVTF.V.....-----NSS--I-DEQ-   132
HIVHAN      -----FAL---T-NG--FT-----NSF----LIF--PG--I-VV......LLLSL.-----NIS--I-DEH-   132
HIVRF       -----FAL---T-NG--LT-----NSL----LIF--PS--I-VVL.VVS.S.....-----NSS--I-DIH-   132
HIVWMJ2     -----FAL---T-NG--LT-----NSL----LIF--PG--I-.........SLLLLL-----NSS--I-DEH-   131
HIVTB132    -----FAx---T-NG--FT-----SSL----LIF--PG--I-V..SLVPF.WL.....-----NSS--I-EVH-   132
HIVGUN      -----FAL---T-IG--FT-----NSL----LIS--PG--I-V...F.SLPL.....-----SSS--I-DEH-   131
HIVRJS      -----FAL---T-NG--FT-----NSL----LIS--PG--V-V..SLVPF.I.....-----NSS--I-DEH-   132
HIVSBA      -----FAL---I-NG--LT-----NSL----LIS--PG--I-V..SFV...FL.....-----NIS--I-DEH-   130
HIVSBC      -----FAL---T-NG--FT-----NSL----LIS--PG--I-V..TFV...LL.....-----NIS--I-DEH-   130
HIVSBB      -----FAL---T-NG--CI-----NSL----LIS--AG--I-VLLL....VLLLLL-----NSS--I-DEH-   134
```

```
   ^^^ ^^^
CONSENSUS.C STTLLFAVVGATPNGLISTTLYLYNSLLQLsLISPPPGLNvSV?.?FvS?s??...PPSRTNSsPVIlDlHV   129
HIVD747     ------------------------------S---------V--...-V-FSSI...-------I---L-L--   132
HIVD760     ------------------------------S---------I--..S-V-.S.....-------S---F-L--   130
HIVD757     ------------------------------F---------V--L..-D-V.....-------S---L-S--   130

 ^^^
CONSENSUS.D sTTLLfAlVGAtPsGSI?tTLYLYNSllQLSlISPPPGLkVSl??????????llf?PPSLVNnSPVIFdehl   124
HIVJY1      S----F-L---I-S---LT-------FL---F-------K--LV........LLFT------N-----DVHL   130
HIVNDK      S----L-L---T-I---FT-------LL---L-------M--*........ELLFA------S-----DEHL   129
HIVMAL      S----F-L---T-R---LT-------LI---L-------K--L..SLLSL.LF...-------I-----DKQL   132
HIVELI      S----F-L---T-S---CT-------LL---L-------K--L........VLLFI------S-----DEHR   130
HIVZ2Z6     S----F-L---T-S---FT-------LL---L-------K--L........ELLFV------N-----DEQL   130

CONSENSUS.E STTLLFALVGAIPSGSICTTLYLYNSLLQLSFIFPPPGLKVSL???....??L??.PPSLVNSIPVIFDTQL   124
HIVTN243    -----------------------------------------VVV......-A..----------------   130

                                                    ^^^
CONSENSUS.O fi?gL?ifVGAT?KGfi?TTl?L?nsvLhiSfmspp?Glnvtl?.???.??l??fhg?S?criiPVMle??v   112
HIVMVP5180  FIIG-DIF----L--FIC--L*-YNLV-HI-FISPPT-LSVFS..PVE......FHG*-NCRII---LE*HV   130
HIVANT70    LMTG-AIR----L--FTL--L*-NNSV-HI-FMSPPI-LNVTLL.......LLLFHVL-ICRII---FDIHV   133
SIVCPZGAB   ATVC-LAF----D--SIR--LY-*SSL-QI-FMFPPV-LNVRL.......PLLLVTGV-EVKRS---LELQV   134
```

HIV-1 Comp Strand ORF

```
                    CD4
                  -binding-
CONSENSUS.A itPwmGGaYIACpTlCHIFiICFILHgrvIvsF?vvlfd?????v?lf??.??..?.qvlLNRpDVlQ*   177
HIVSF1703   IT-WM--A----P-L----I------GRI-VS-DSVLFD.SCMLSV.LFPP.......HVL---P--S--   189 (11 aa)
HIVU455     IT-WM--A----P-L----I------WRV-VP-GPMSFD....ML..PF.........QML---P--L--   183 (11 aa)
HIVZ321     IT-LM--A----P-L----T------GRI-VS-TVSIFQ......V.LLEV.PF..N.QVP---P--L--   187 (11 aa)
HIVD687     SS-SM--A----P-F----T------W*V-LS-AVLLSQ......VLLS.........QVL---F--L--   184 (11 aa)

CONSENSUS.B icPlMGgayiAfpTsChmfiicFILhgsvivsfp?vlf?????psv??fqv.?l????qvllnScveLQ%   181
HIVJRCSF    IC-L--GAYI-FP-S-HMFIIC---HGSMMVSFPSVPLD....FSV.SF.........QVLLN-CVE--*   185 (185 aa)
HIVJRFL     IC-L--GAYI-FP-S-HMFIIC---HGSVIV.FPSVLFD....PSVLLF.........QVLLN-CVE--*   185 (185 aa)
HIVALA1     IC-S--GAYI-FP-S-HMFTIC---HGSVI..FSSVLFD.PLGPSV.LF.........QVLLN-CVE--*   186 (186 aa)
HIVBRVA     IC-L--GAYI-FP-S-HMFIIC---HGSVIGLFPSVIF.....PVVFLY.........QVLLN-CVV--K   188 (>188aa)
HIVJH3      IC-S--GAYI-FP-S-HMFIIC---HGRVIVSFPPVLFD....PSV.SFQV..LLDN.QVLLN-CVE--*   190 (190 aa)
HIVSC       TC-L--GAYI-FP-S-HMFIIS---HGRVIVSFPPVLFD....PSV.PF.........QVLLN-CVE--*   191 (191 aa)
HIVBAL1     IC-L--GAYI-LP-S-HMFIIC---HGSVIVLFSTVLFD....SSV.TF.........QVLLN-CVE--*   185 (185 aa)
HIVYU2      IC-L--GAYI-FP-S-HIFIIC---HGSVIF.LP.VLFN....FLV.SF.........QV..N-CVE--*   181 (181 aa)
HIVMN       IC-S--GAYI-FP-S-HMFIIC---H*SVILLFDPV.........V.LFQV..LL.PFQVLLN-GDV--*   186 (157 aa)
HIVHXB2R    IC-L--GAYI-FP-F-HMFIIC---HGRVIVSLPSVLFD....PSV.L.QV..LL.N.QVLLN-CVE--*   189 (189 aa)
HIVLAI      IC-L--GAYI-FP-S-HMFINC---HGSVIVSLPSVLFD....PSV.L.QV..LL.N.QVLLN-CVE--*   189 (189 aa)
HIVNL43     IC-L--GAYI-FP-S-HMFINC---HGSVIVSLPSVLFD....PSV.L.QV..LL.N.QVLLN-CVE--*   189 (189 aa)
HIVMFA      IC-L--GAYI-FP-S-HMFINC---HGSVIVSLPSVLFD....PSV.L.QV..LL.N.QVLLN-CVE--*   189 (189 aa)
HIVCAM1     IV-V--GAYI-FP-S-HLFIIC---HGSVI..FLSVLFN....PSV.SFQV.PL..NSQVVLN-CVV--*   190 (190 aa)
HIVNY5CG    IC-L--GAYI-FP-S-HLFIIC---HGSMIVS...LLSD....LSV.SFQV..LL.NSQVLLN-CVV--*   190 (190 aa)
HIVADA      IC-L--GAYI-FP-S-HIFIIC---HGSVIVSFPSVPFD.....CV.KFQV.PL..KFQVLLN-CVE--*   191 (191 aa)
HIVJFL      IC-L--GAYI-FP-S-HLFIIC---HGSMIGSLVS..FDS....SV.SFQV.PL..DSQVLLN-CVE--*   189 (189 aa)
HIVSIMI84   IC-S--GAYI-FP-S-HLFIIC---HRSVIFPL....FDP....VV.SFQV..LV.SFQVLLN-FVE--*   189 (189 aa)
HIVD31      IC-L--GAYI-FP-S-HMFIIC---HGSVIVPF..VLFDS.............LV.SFQVLLN-CAE--*   185 (185 aa)
HIVSF162    IC-L--GAYI-FP-S-HLFIIC---HGSVIV..PLVLF....GPIV.LF.........QVLLK-CVE--*   184 (184 aa)
HIVOYI      IC-L--GAYI-FP-S-HMFTIC---HGSVIVT..SVLF.....ALVVSF.........QVLLN-CDV--*   185 (185 aa)
HIVSF33     IC-S--GAYI-FP-S-HMFIIC---HGSVIVSF.PVAF...........QV..LF.SFQVLLN-FVV--*   186 (186 aa)
HIVCDC4     IS-L--RAYI-FP-T-HLFIIC---HGSVIMSPVS..F....CFLVTL.QV.PLLVTFQALLN-CVE--*   192 (192 aa)
HIVSF2      IC-P--GAYI-FP-S-HMFIIC---HGSMIVSFPLV.......PSV*.F.......NLHVLLN-CVV--*   185 (171 aa)
HIVHAN      IS-P--GAYI-FP-S-HMFIIC---HGSMIVSFP.LSF...........QV..LVL.FQVLLN-FVE--*   186 (186 aa)
HIVRF       IC-L--GAYI-FP-S-HMFTIC---HGSVIVSFPPVLFD....PSV.LF.........QVLLN-CVV--*   187 (187 aa)
HIVWMJ2     IC-W--GAYI-LP-P-HMFIIC---HGSVM....SVLFLLSPLMSV.PF.........QVLLN-CVE--*   186 (186 aa)
HIVTB132    IC-P--GSYN-Fx-S-HMFTIC---HGSVIFLSSPSSF.....PSV.LF.........QVLLN-FVV--x   187 (186 aa)
HIVGUN      IC-W--GAYI-FP-S-QLFIIC---HWSVIVSF..DLL.......V.LFQV.PL..TSQVLLN-CVV--*   187 (187 aa)
HIVRJS      IC-S--GAYI-FP-S-HLFIIC---HGSVIF.NPVVSF.....P.V.LLDI.......QVLLN-CVE--*   186 (186 aa)
HIVSBA      IC-L--GAYI-FP-S-HMFTIC---HGSVI....LVLF.....PSV.PFQV..LF.QVQVLLN-FVV--*   186 (186 aa)
HIVSBC      IC-L--GAYI-FP-S-HMFIIC---HGSVI.......F....SPPV.PFQV..LL.LYQVLLN-CVE--*   184 (184 aa)
HIVSBB      IS-L--GAYI-FP-S-HMFTIC---HWRVSISFSSALLDLS......TFQV..LL.SFQVLLN-FVV--*   194 (194 aa)

CONSENSUS.C MFpamGGAYIARPTSCHmFiICFILHg?ivm?ve????e..?llfv.plgm.......YVpLNR?DVLQ*   180
HIVD747     --PAM------------M-I------G.IVM.VEL...E...LLFV.PLGM.........--P---S-----   185 (185 aa)
HIVD760     --LAN------------R-T------GIVMVEF.KLLF...VPLGM.............--P---P-----   183 (183 aa)
HIVD757     --PSM------------M-I------W.IVM.VEF...E...LPFV.PLGM.........--L---F-----   183 (183 aa)

CONSENSUS.D ispsmGGAYIAFptpchmFiICFILHgSvi??????l?d?..???v?Lf??.?l????hvlLNs?DVLQ*   170
HIVJY1      ISPSI-------PTPCHM-I------G-LIVPS...LFN......VS-FHV..LL..FHVL--SL-----   186 (186 aa)
HIVNDK      ISPSM-------PTLCHK-T------G-VTVP....LLN.....PVL-........V*FHVL--SL-----   181 (108 aa)
HIVMAL      MTPAM-------PVFCHI-I------G-VILPVDSVL.....LLS..-AP...LFC..HVL--SF-----   189 (189 aa)
HIVELI      MFLSI--------.LPATI-I------W-VMFVF.VLLFD.....SVI-FHA..LI..FHVL--SP-----   188 (188 aa)
HIVZ226     ICPSM--------PTPCHM-I------W-VI.GLSS...D.....SVL-AHS.DLLIS.HVL--SP-----   188 (188 aa)

CONSENSUS.E I?PLMGGAYIACPAP?HMF?ICFILHGS?IV??..???...????V???P?.......?V?LN???VLQ*   159
HIVTN243    -F-------------C---I--------V--PL..HPF......M-S.F-M.......Q-L--SRV----   183 (183 aa)

CONSENSUS.O ??PlmGga%ipd??lihdLTiCLiLqg????pf?????????????v???qv???.??.kv%lNi??vlQ*   147
HIVMVP5180  KL-GM-GA*ILDSPFIHD--S--N-QG.IV.PFLLVSLLPLTSWHPDFVQLI......KV*L-IPDVL--   189 (66 aa)
HIVANT70    RL-LM-GA*SPDCPLIHD--T--S-QGR..VPL..LP*....LTLLTL.QVVPL.HE.KV*L-ILAVL--   188 (66 aa)
SIVCPZGAB   MF-LI-GAYIPLPTLIHE--I--I-HGSIIMPF...........V.MLSV...........-IWLVL--   179 (11 aa)
```

COUNTRY CODES

It is becoming increasingly useful to name viral isolates and samples with a country code. The following code was captured from an Internet file.

This is a list based on the International Organization for Standardization (ISO) 3166:1988 standard, updated from a list prepared by Mark Horton. Note that the original standard has this same information sorted into about 6 different orders, both in English and French, therefore this is an abbreviated version not to be taken as the entire standard. While it has been checked against the standard, it may possibly contain errors; the standard and registration newsletters should be verified for any critical application.

This copy has been updated through registration Newsletter III-13 and is believed to be current through at least January 1991.

Table of Country Codes from ISO 3166

Country	A 2	A 3	Number
AFGHANISTAN	AF	AFG	004
ALBANIA	AL	ALB	008
ALGERIA	DZ	DZA	012
AMERICAN SAMOA	AS	ASM	016
ANDORRA	AD	AND	020
ANGOLA	AO	AGO	024
ANGUILLA	AI	AIA	660
ANTARCTICA	AQ	ATA	010
ANTIGUA AND BARBUDA	AG	ATG	028
ARGENTINA	AR	ARG	032
ARUBA	AW	ABW	533
AUSTRALIA	AU	AUS	036
AUSTRIA	AT	AUT	040
BAHAMAS	BS	BHS	044
BAHRAIN	BH	BHR	048
BANGLADESH	BD	BGD	050
BARBADOS	BB	BRB	052
BELGIUM	BE	BEL	056
BELIZE	BZ	BLZ	084
BENIN	BJ	BEN	204
BERMUDA	BM	BMU	060
BHUTAN	BT	BTN	064
BOLIVIA	BO	BOL	068
BOTSWANA	BW	BWA	072
BOUVET ISLAND	BV	BVT	074
BRAZIL	BR	BRA	076
BRITISH INDIAN OCEAN TERRITORY	IO	IOT	086
BRUNEI DARUSSALAM	BN	BRN	096
BULGARIA	BG	BGR	100
BURKINA FASO	BF	BFA	854
BURUNDI	BI	BDI	108
BYELORUSSIAN SSR	BY	BYS	112
CAMBODIA	KH	KHM	116
CAMEROON	CM	CMR	120
CANADA	CA	CAN	124

CAPE VERDE	CV	CPV	132
CAYMAN ISLANDS	KY	CYM	136
CENTRAL AFRICAN REPUBLIC	CF	CAF	140
CHAD	TD	TCD	148
CHILE	CL	CHL	152
CHINA	CN	CHN	156
CHRISTMAS ISLAND	CX	CXR	162
COCOS (KEELING) ISLANDS	CC	CCK	166
COLOMBIA	CO	COL	170
COMOROS	KM	COM	174
CONGO	CG	COG	178
COOK ISLANDS	CK	COK	184
COSTA RICA	CR	CRI	188
COTE D'IVOIRE	CI	CIV	384
CUBA	CU	CUB	192
CYPRUS	CY	CYP	196
CZECHOSLOVAKIA	CS	CSK	200
DENMARK	DK	DNK	208
DJIBOUTI	DJ	DJI	262
DOMINICA	DM	DMA	212
DOMINICAN REPUBLIC	DO	DOM	214
EAST TIMOR	TP	TMP	626
ECUADOR	EC	ECU	218
EGYPT	EG	EGY	818
EL SALVADOR	SV	SLV	222
EQUATORIAL GUINEA	GQ	GNQ	226
ETHIOPIA	ET	ETH	230
FALKLAND ISLANDS (MALVINAS)	FK	FLK	238
FAROE ISLANDS	FO	FRO	234
FIJI	FJ	FJI	242
FINLAND	FI	FIN	246
FRANCE	FR	FRA	250
FRENCH GUIANA	GF	GUF	254
FRENCH POLYNESIA	PF	PYF	258
FRENCH SOUTHERN TERRITORIES	TF	ATF	260
GABON	GA	GAB	266
GAMBIA	GM	GMB	270
GERMANY	DE	DEU	276
GHANA	GH	GHA	288
GIBRALTAR	GI	GIB	292
GREECE	GR	GRC	300
GREENLAND	GL	GRL	304
GRENADA	GD	GRD	308
GUADELOUPE	GP	GLP	312
GUAM	GU	GUM	316
GUATEMALA	GT	GTM	320
GUINEA	GN	GIN	324
GUINEA-BISSAU	GW	GNB	624
GUYANA	GY	GUY	328
HAITI	HT	HTI	332
HEARD AND MC DONALD ISLANDS	HM	HMD	334
HONDURAS	HN	HND	340
HONG KONG	HK	HKG	344
HUNGARY	HU	HUN	348

ICELAND	IS	ISL	352
INDIA	IN	IND	356
INDONESIA	ID	IDN	360
IRAN (ISLAMIC REPUBLIC OF)	IR	IRN	364
IRAQ	IQ	IRQ	368
IRELAND	IE	IRL	372
ISRAEL	IL	ISR	376
ITALY	IT	ITA	380
JAMAICA	JM	JAM	388
JAPAN	JP	JPN	392
JORDAN	JO	JOR	400
KENYA	KE	KEN	404
KIRIBATI	KI	KIR	296
KOREA, DEMOCRATIC PEOPLE'S REPUBLIC OF	KP	PRK	408
KOREA, REPUBLIC OF	KR	KOR	410
KUWAIT	KW	KWT	414
LAO PEOPLE'S DEMOCRATIC REPUBLIC	LA	LAO	418
LEBANON	LB	LBN	422
LESOTHO	LS	LSO	426
LIBERIA	LR	LBR	430
LIBYAN ARAB JAMAHIRIYA	LY	LBY	434
LIECHTENSTEIN	LI	LIE	438
LUXEMBOURG	LU	LUX	442
MACAU	MO	MAC	446
MADAGASCAR	MG	MDG	450
MALAWI	MW	MWI	454
MALAYSIA	MY	MYS	458
MALDIVES	MV	MDV	462
MALI	ML	MLI	466
MALTA	MT	MLT	470
MARSHALL ISLANDS	MH	MHL	584
MARTINIQUE	MQ	MTQ	474
MAURITANIA	MR	MRT	478
MAURITIUS	MU	MUS	480
MEXICO	MX	MEX	484
MICRONESIA	FM	FSM	583
MONACO	MC	MCO	492
MONGOLIA	MN	MNG	496
MONTSERRAT	MS	MSR	500
MOROCCO	MA	MAR	504
MOZAMBIQUE	MZ	MOZ	508
MYANMAR	MM	MMR	104
NAMIBIA	NA	NAM	516
NAURU	NR	NRU	520
NEPAL	NP	NPL	524
NETHERLANDS	NL	NLD	528
NETHERLANDS ANTILLES	AN	ANT	532
NEUTRAL ZONE	NT	NTZ	536
NEW CALEDONIA	NC	NCL	540
NEW ZEALAND	NZ	NZL	554
NICARAGUA	NI	NIC	558
NIGER	NE	NER	562
NIGERIA	NG	NGA	566
NIUE	NU	NIU	570

NORFOLK ISLAND	NF	NFK	574
NORTHERN MARIANA ISLANDS	MP	MNP	580
NORWAY	NO	NOR	578
OMAN	OM	OMN	512
PAKISTAN	PK	PAK	586
PALAU	PW	PLW	585
PANAMA	PA	PAN	590
PAPUA NEW GUINEA	PG	PNG	598
PARAGUAY	PY	PRY	600
PERU	PE	PER	604
PHILIPPINES	PH	PHL	608
PITCAIRN	PN	PCN	612
POLAND	PL	POL	616
PORTUGAL	PT	PRT	620
PUERTO RICO	PR	PRI	630
QATAR	QA	QAT	634
REUNION	RE	REU	638
ROMANIA	RO	ROM	642
RWANDA	RW	RWA	646
ST. HELENA	SH	SHN	654
SAINT KITTS AND NEVIS	KN	KNA	659
SAINT LUCIA	LC	LCA	662
ST. PIERRE AND MIQUELON	PM	SPM	666
SAINT VINCENT AND THE GRENADINES	VC	VCT	670
SAMOA	WS	WSM	882
SAN MARINO	SM	SMR	674
SAO TOME AND PRINCIPE	ST	STP	678
SAUDI ARABIA	SA	SAU	682
SENEGAL	SN	SEN	686
SEYCHELLES	SC	SYC	690
SIERRA LEONE	SL	SLE	694
SINGAPORE	SG	SGP	702
SOLOMON ISLANDS	SB	SLB	090
SOMALIA	SO	SOM	706
SOUTH AFRICA	ZA	ZAF	710
SPAIN	ES	ESP	724
SRI LANKA	LK	LKA	144
SUDAN	SD	SDN	736
SURINAME	SR	SUR	740
SVALBARD AND JAN MAYEN ISLANDS	SJ	SJM	744
SWAZILAND	SZ	SWZ	748
SWEDEN	SE	SWE	752
SWITZERLAND	CH	CHE	756
SYRIAN ARAB REPUBLIC	SY	SYR	760
TAIWAN, PROVINCE OF CHINA	TW	TWN	158
TANZANIA, UNITED REPUBLIC OF	TZ	TZA	834
THAILAND	TH	THA	764
TOGO	TG	TGO	768
TOKELAU	TK	TKL	772
TONGA	TO	TON	776
TRINIDAD AND TOBAGO	TT	TTO	780
TUNISIA	TN	TUN	788
TURKEY	TR	TUR	792
TURKS AND CAICOS ISLANDS	TC	TCA	796

TUVALU	TV	TUV	798
UGANDA	UG	UGA	800
UKRAINIAN SSR	UA	UKR	804
UNITED ARAB EMIRATES	AE	ARE	784
UNITED KINGDOM	GB	GBR	826
UNITED STATES	US	USA	840
UNITED STATES MINOR OUTLYING ISLANDS	UM	UMI	581
URUGUAY	UY	URY	858
USSR	SU	SUN	810
VANUATU	VU	VUT	548
VATICAN CITY STATE (HOLY SEE)	VA	VAT	336
VENEZUELA	VE	VEN	862
VIET NAM	VN	VNM	704
VIRGIN ISLANDS (BRITISH)	VG	VGB	092
VIRGIN ISLANDS (U.S.)	VI	VIR	850
WALLIS AND FUTUNA ISLANDS	WF	WLF	876
WESTERN SAHARA	EH	ESH	732
YEMEN, REPUBLIC O	YE	YEM	887
YUGOSLAVIA	YU	YUG	890
ZAIRE	ZR	ZAR	180
ZAMBIA	ZM	ZMB	894
ZIMBABWE	ZW	ZWE	716

List of changes applied, as specified in registration newsletters:

Newsletter III-1, 1989-12-5:
Burma deleted, Myanmar added (same numeric value, change of country name)

Newsletter III-2, 1990-07-16
Namibia, changing information not included in this file

Newsletter III-3, 1990-08-14
Afghanistan, changing information not included in this file

Newsletter III-4, 1990-08-14
Ethiopia, changing information not included in this file

Newsletter III-5, 1990-08-14
Fiji, changing information not included in this file

Newsletter III-6, 1990-08-14
Hungary, changing information not included in this file

Newsletter III-7, 1990-08-14
Unification of Yemen, under new numeric code

Newsletter III-8, 1990-08-14
Romania, changing information not included in this file

Newsletter III-9, 1990-08-14
Poland, changing information not included in this file

Newsletter III-10, 1990-08-14
Kampuchea deleted, Cambodia added (same numeric value, change of name)

Newsletter III-11, 1990-08-14
Benin, changing information not included in this file

Newsletter III-12, 1990-12-04
Czechoslovakia, changing information not included in this file

Newsletter III-13, 1990-10-30
Germany unified (DDR deleted, new name and numeric code for unified Germany)

DATE
FILMED
6/3/94
END