II

Amino Acid Alignments

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 detailed information concerning these UNIX tools, contact Dr. Randall 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. Tables giving the basic information about each sequence contained in these alignments—locus name, accession number, author, and journal— precede each amino acid alignment; these tables also appear in Part I. Beginning in 1995, common names rather than GenBank Locus names, are presented in the alignments. Both common names and Locus names may differ from names in the literature, but the accession numbers will be universal identifiers.

Eight sequence subtypes have been identified for HIV-1s (see Part I and Part III) and five sequence subtypes exist for HIV-2s. 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.

Mosaic (hybrid) sequences that may have resulted from recombinational events (see Part III) are sometimes aligned under a category designated U. At other times, they may be aligned under the consensus sequence that they best match, although they did not contribute to the constitution of that consensus; in this latter case, sequences analyzed to be mosaic, for example the HIV-1 MAL sequence, may have prefixes such as "AD_" that indicate the hybrid character.

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. The symbol "?" indicates no consensus at a position. Consensus sequences have been generated for each of the defined subtypes (see Parts I and III), and these are presented both with the grand alignments and in alignment to one another. 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, "-" is used to indicate residues conserved with respect to the reference sequence and "." represents actual gaps. The symbol "$" indicates a stop codon and the symbol "#" indicates a frameshift or untranslatable situation. Blank spaces within the alignment indicate lack of sequence information over that region. Annotation of the *env* amino acid sequences utilizes "*" for conserved cysteine residues and "^^^" for potential N-linked glycosylation sites.

At the risk of relaxing standards of annotation, we have elected to annotate features for which some evidence supports a particular role for a motif—nls for nuclear localization signal, for example. The authority for these additions can be found for the most part in section III curatorial comments (see the Gag entry from 1994 or the Vpr entry from 1995, for example). We have revised in this issue the annotation pertaining to the CD4-binding of the Env gp120, with the following rationale provided by John Moore, Aaron Diamond AIDS Research Center, New York:

> The original designation of the 'Lasky site' as "the CD4 binding site" on gp120 was based principally on two observations: 1) Deletion of a segment of the C4 domain of gp120 did not prevent formation of a folded molecule, but did prevent it binding to CD4; 2) a peptide-reactive Mab recognizing the same area of C4 blocked gp120 binding to CD4.

The observations are correct, and unchallenged to this day. The inference drawn from them was also logical at the time. However, it is now considered simplistic to call a simple C4 continuous region (i.e., `RIKQIINMWQEVGKAMYAPPISGQIR`) the CD4-binding site. There are three reasons for this:

a) Mutation of almost all the above residues has little or no effect on CD4 binding; the exception is Trp-427, whose mutation completely abolishes CD4 binding. This residue is a prime candidate for a CD4 contact residue. However, mutation of nearby residues 423, 426, 428, 429, 430, 432, 433, 435, 438 has no significant effect (Sodroski's work).

b) Mutations elsewhere in gp120 are just as disruptive to CD4 binding as ones at Trp-427. The other critical residues include 368-D, 370-E and 457-D. Changes at 262-N also disrupt CD4 binding, but probably because of gp120 misfolding (Sodroski's work).

c) Other MAbs to gp120 block CD4 binding without either binding to the above C4 peptide or, in some cases, being sensitive to amino acid substitutions in C4.

Overall, the present view of the CD4 binding site is that it is a discontinuous structure formed by the juxtaposition of residues scattered among the gp120 sequence, but probably concentrated in the C-terminal half. One residue in C4 (W-427) probably contributes to the formation of the site, but so do others.

PART II Amino Acid Sequences and their Variation

Introduction II-1

Contents(1994) II-2

A. HIV-1 Amino Acid Alignments and Consensus Sequences

GAG II-A-1
GAG Consensus II-A-21
POL II-A-23
POL Consensus II-A-40
VIF II-A-42
VIF Consensus II-A-46
VPR II-A-48
VPR Consensus II-A-51
TAT II-A-53
TAT Consensus II-A-57
REV II-A-58
REV Consensus II-A-61
VPU II-A-62
VPU Consensus II-A-65
ENV II-A-67
ENV Consensus II-A-137
NEF II-A-141
NEF Consensus II-A-151

Sequences in the *Gag* Alignment

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

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

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

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

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

HIV1 GAG

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

HIV1 GAG

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

HIV1 GAG

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

HIV1 GAG

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

HIV1 GAG

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

HIV1 GAG

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

HIV1 GAG

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

HIV1 GAG

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

HIV1 GAG

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

CONSENSUS-A   Q                                                    485
AD_MAL        -                                                    505

CONSENSUS-CPZ Q                                                    333
CPZGAB        -                                                    508
```

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

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

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

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

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

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

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

HIV1 GAG CONSENSUS

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

Sequences in the *Pol* Alignment

COMMON NAME	LOCUS	ACC #	FIRST AUTHOR	REFERENCE
SUBTYPE A:				
U455	HIVU455	M62320	Oram,J.D.	ARHR 6, 1073 (1990)
IBNG	HIVIBNG	L39106	Howard,R.M.	ARHR 10: 1755 (1994)
SUBTYPE B:				
SF2	HIVSF2	K02007	Sanchez-Pescador,R.	Science 227, 484 (1985)
LAI	HIVLAI	K02013	Wain-Hobson,S.	Cell 40, 9 (1985)
HXB2R	HIVHXB2R	K03455	Starcich,B.	Science 227, 538 (1985)
NL43	HIVNL43	M19921	Buckler,C.E.	JVI 59: 284 (1986)
NY5CG	HIVNY5CG	M38431	Theodore,T.	PNAS 83: 5038 (1986)
LW123	HIVLW123	U12055	Reitz,M.	ARHR 10, 1143 (1994)
MN	HIVMN	M17449	Gurgo,C.	Virol. 164, 531 (1988)
JRCSF	HIVJRCSF	M38429	Koyanagi,S.	Science 236: 819 (1987)
JRFL	HIVJRFL	M74978	O'Brien,W.A.	Nature 348, 69 (1990)
OYI	HIVOYI	M26727	Wain-Hobson,S.	AIDS 3: 707 (1989)
CAM1	HIVCAM1	D10112	McIntosh,A.	Unpublished (1991)
HAN	HIVHAN	U43141	Sauermann,U.	ARHR 6, 813 (1990)
D31	HIVD31	U43096	Dietrich,U.	Unpublished (1992)
RF	HIVRF	M17451	Starcich,B.R.	Cell 45, 637 (1986)
YU2	HIVYU2	M93258	Li,Y.	JVI 65, 3973 (1991)
BCSG3C	HIVBCSG3C	L02317	Ghosh,S.K.	Virol. 194, 858 (1993)
P896	HIVP896	M96155	Collman,R.	JVI 66, 7517 (1992)
RET7	HIVRET7	Z31355	Gurusinghe,A.	Unpublished (1994)
VE1RT	HIVVE1RT	U16765	Quinones-Mateu,M.E.	Unpublished (1995)
VE2RT	HIVVE2RT	U16767	Quinones-Mateu,M.E.	Unpublished (1995)
VE3RT	HIVVE3RT	U16769	Quinones-Mateu,M.E.	Unpublished (1995)
VE4RT	HIVVE4RT	U16771	Quinones-Mateu,M.E.	Unpublished (1995)
VE5RT	HIVVE5RT	U16773	Quinones-Mateu,M.E.	Unpublished (1995)
VE6RT	HIVVE6RT	U16775	Quinones-Mateu,M.E.	Unpublished (1995)
VE7RT	HIVVE7RT	U16777	Quinones-Mateu,M.E.	Unpublished (1995)
VE8RT	HIVVE8RT	U16779	Quinones-Mateu,M.E.	Unpublished (1995)
HX330BC	HIVHX330BC	U28653	Tachedjian,G.	Virol. In Press (1996)
HX660BC	HIVHX660BC	U28647	Tachedjian,G.	Virol. In Press (1996)
HXBCRT	HIVHXBCRT	U28646	Tachedjian,G.	Virol. In Press (1996)
PD165BC	HIVPD165BC	U28649	Tachedjian,G.	Virol. In Press (1996)
PD330BC	HIVPD330BC	U28650	Tachedjian,G.	Virol. In Press (1996)
PD495BC	HIVPD495BC	U28651	Tachedjian,G.	Virol. In Press (1996)
PD660BC	HIVPD660BC	U28652	Tachedjian,G.	Virol. In Press (1996)
PDBCRT	HIVPDBCRT	U28648	Tachedjian,G.	Virol. In Press (1996)
3202A12	HIV3202A12	U34603	Guillon,C.	ARHR 11, 1537 (1995)
3202A21	HIV3202A21	U34604	Guillon,C.	ARHR 11, 1537 (1995)
MANC	HIVMANC	U23487	Zhu,T.	Nature 3745, 503 (1995)
WEAU160	HIVWEAU160	U21135	Ghosh,S.	Unpublished (1995)

HIV1 POL

SUBTYPE D:				
ELI	HIVELI	K03454	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
Z2Z6	HIVZ2Z6	M22639	Theodore,T.	Unpublished (1988)
NDK	HIVNDK	M27323	Spire,B.	Gene 81, 275 (1989)
SUBTYPE O:				
ANT70C	HIVANT70C	L20587	Vanden Haesevelde,M.	JVI 68, 1586 (1994)
MVP5180	HIVMVP5180	L20571	Gurtler,L.G.	JVI 68, 1581 (1994)
SUBTYPE U:				
MAL	HIVMAL	K03456	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
CPZ:				
CPZGAB	SIVCPZGAB	X52154	Huet,T.	Nature 345, 356 (1990)
CPZANT	SIVCPZANT	U42720	Vanden Hasesevelde	Virol. In Press (1996)

Subtypes C and E-H are not currently represented in POL. The sequence MAL could not easily be assigned to any of the three POL subtypes, A, B, and D.

```
CONSENSUS-A   FFRE.NLAFQQGEAR?F............SSE..QT??NS?TSR?LWDGG?D??.L?...???G?E?..Q     35
U455          ----.----------E-............---..--RA--P---N-----K-D..-P...CET-A-R..-     48
IBNG          ----.----------K-............---..--GT--S---E-----R-TS.-S....TA-T-G..-     48

CONSENSUS-B   FFRE.dLafpqGkAref???????????sSe..QtRaNSptrrElqVwgrdnnSlS????EAGadr..Q     49
SF2           ----.----L-------............---..----------------GE-----...-------..-     49
LAI           ----.----L-------SSEQTRANSPTI---..------------------------...-------..-     61
HXB2R         ----.----L-------............---..---------------------P-...-------..-     49
NL43          ----.------------............---..------------------------...-------..-     49
NY5CG         ----.------------............---..------------------------...-------..-     49
LW123         ----.----L-------............---..---------------------P-...-------..-     49
MN            ----.----L----.--............---..-N--------------------EAGE---D--..-     52
JRCSF         ----.----L-------...........P--..------------------S----EAGA------..-     53
JRFL          ----.----L-------............---..---------K--------S----...-------..-     49
OYI           ----.------------............---..--------S---R--------P-...-------..-     49
CAM1          ----.N------E----............---..----------------E-----...-------..-     49
HAN           ----.-------E--K-............---..----------------S.-S---...-------..-     48
D31           ----.----L-------............--A..------------------S----...-------..-     49
RF            ----.N----------L............---..------------------.----...---E--..-     48
YU2           ----.----------K-............---..-------I---R---R-------...-------..-     49
BCSG3C        ----.------------............---..------S---------G----P-...----G-..-     49
P896          ----.N-----------............---..----------------G------...-------..-     49
3202A12       ----.------------............---..------------------------...----EG..-     49
3202A21       ----.------------............---..-------------------------...----EG..-     49
MANC          ----.---L--------............---..---------G-----------C-...---T--..-     49
WEAU160       ----.--V--K------............---..---T----------Q--------...----N-..-     49

CONSENSUS-D   FFRE.dLAFPQGKAGEl............Sse..QTRANSPTSRELRVWGrD.NPLS....eTGAER..Q     48
ELI           ----.N-----------...........-PK..------------------.----....K------..-     48
Z2Z6          ----.------------............---..------------------.----...-------..-     48
NDK           ----.-----------F...........---..----------------G-.----...-------..-     48

CONSENSUS-O   FFR?.?LASGGHEARQL............CAE..TS?PISPT?.....GGGSE.....GT?ES??E?G??     35
ANT70         ---Q.I-----------...........---..--T-----D....-----------..--G--GT-R-PE     45
MVP5180       ---E.V-----------...........---..--V-----N....-----------..--R--ES-G-SG     45

CONSENSUS-U   FFRE.NLAFPQGKAREF............PSE..QTRANSPTSRELRVWGGDK.TLS....ETGAER..Q     48
MAL           ----.------------............---..------------------.----...-------..-     48

CONSENSUS-CPZ FFRE??????????R?L............CAE??????N??T?R?L??????????....?????????     13
CPZGAB        ----.RLAFPQREA-Q-............----..QNRT-GP-D-E-WVPGGRE........EPGEERGRE     47
CPZANT        ----TDPHVVGVQT-E-............---GGSSGA-SS-H-D-SGGAQEDSEGS............Q     46
```

HIV1 POL

```
                     protease
                       \/          <- gag cds end
CONSENSUS-A   G?..??SF?FPQITLWQRPLVTV?I?GQLIEALLDTGADDTVLEDINLPGKWKPK?IGGIGGFIKVRQYD     96
U455          -...TD--S--------------K-G----------------------------I--------------    115
IBNG          -A..IS--N--------------R-E----------------------------M--------------    116

CONSENSUS-B   G...tVSfsfPQiTLWQRPlVTikigGQLKEALLDTGADDTVleeMnLPgrWKPKMIGGIGGFIKVrQYd    116
SF2           -...----N--------------R-------------------------K-------------------    116
LAI           -...----N-------------------------------------S-----------------------    128
HXB2R         -...----N---V---------------------------------S-----------------------    116
NL43          -...-------------------------------------------------------------G---    116
NY5CG         -...-----------------------------------------------------------------    116
LW123         -...----N-------------------------------------S-----------------------    116
MN            -...P--------------I-----------------------G-----R--------------------    119
JRCSF         -...I---N-----------------------------------D-D-----------------------    120
JRFL          -...N---N-----------------------------------D-D-----------------------    116
OYI           -...----NL---------I------------------------------------------------    116
CAM1          -...-----------------------------------------------------------------    116
HAN           -...---L-L--------------------------------V---S-----------------------    115
D31           -...-------------------------------------------S-----------------------    116
RF            -...---------------I--V---------------------------K-------------------    115
YU2           -...-----------------------------------------------------------------    116
BCSG3C        -...N--L--------------------------------------------------------------    116
P896          -...---L----------------V------------------D-S----------------------E    116
3202A12       -...---L-L------------------------------------------------------------    116
3202A21       -...---L-L------------------------------------------------------------    116
MANC          -...---L----T---------------------------------------------------------    116
WEAU160       -...A---N----------------E------------------D-----K-------------------    116

CONSENSUS-D   G...TVSFnfPQITLWQRPLVtIKIGGQLKEALLDTGADDTVLEEmNLPGKWKPKMIGGIGGFIKVRQYD    115
ELI           -...-----------------A-----------------------------------------------    115
Z2Z6          -...-----C------------------------------------------------------------    115
NDK           -...----S-------------------------------------I-----------------------    115

CONSENSUS-O   R...A???CLPQIPLWDRPIVTA?VGGHLCE?LLDTGADDTVLNNIQLEG?W?PKMIGGIGGFIKVKEY?     94
ANT70         -...-LSV---------------R-------V------------------K-K----------------D    112
MVP5180       -...-VPI---------------K-------A------------------R-T----------------N    112

CONSENSUS-U   G...IVSFSFPQITLWQRPVVTVRVGGQLKEALLDTGADDTVLEEINLPGKWKPKMIGGIGGFIKVRQYD    115
MAL           -...-----------------------------------------------------------------    115

CONSENSUS-CPZ ??????S???P?I?LWQRP???V???GQ?C?ALLDTGADDTV?E?I?LQG?WKPK?IGGIGGFI?V?Q??     55
CPZGAB        Q...SI-TNL-Q-T-----LIP-KVE--L-E-----------I-R-Q---L----M--------K-K-FD    114
CPZANT        GGGGTT-LVF-E-P-----MME-LIQ--K-Q-----------V-G-H---N----T--------S-Q-YN    116
```

```
                                          protease \/ p66, p51
CONSENSUS-A   QILIEICGKK?IGTVLVGPTPVNIIGRNMLTQIGCTLNFPISPIETVPVKLKP?MDGPKVKQWPLTEEKI    164
U455          ----------T-------------------------------------------E----------------    185
IBNG          ----------A-------------------------------------------G----------------    186

CONSENSUS-B   QilieICGHKAiGTVLVGPTPVNIIGRNLLTQiGCTLNFPISPIETVPVKLKPGMDGPKVKQWPLTEEKI    186
SF2           --PV--------------------------------------------------------------------    186
LAI           ------------------------------------------------------------------------    198
HXB2R         ------------------------------------------------------------------------    186
NL43          ------------------------------------------------------------------------    186
NY5CG         ------------------------------------------------------------------------    186
LW123         ------------------------------------------------------------------------    186
MN            --T-G---------------------------L-------------------------------------    189
JRCSF         --P-D------V------------------------------------------------------------    190
JRFL          ------------------------------------------------------------------------    186
OYI           --------------------------------L-------------------------------------    186
CAM1          --P---------------------------------------------------------------------    186
HAN           ---V--------------------------------------------------------------------    185
D31           ------------------------------------------------------------------------    186
RF            ------------------------------------------------------------------------    185
YU2           --P---------------------------------------------------------------------    186
BCSG3C        --P---------------------------------------------------------------------    186
P896          --D--------K------------------------------------------------------------    186
RET7                                                  --------------------------------     31
VE1RT                                                 --------------------------------     31
VE2RT                                                 --------------------------------     31
VE3RT                                                 --------------------------------     31
VE4RT                                                 --------------------------------     31
VE5RT                                                 --------------------------------     31
VE6RT                                                 --------------------------------     31
VE7RT                                                 --------------------------------     31
VE8RT                                                 --------------------------------     31
HX330BC                                               --------------------------------     31
HX660BC                                               --------------------------------     31
HXBCRT                                                --------------------------------     31
PD165BC                                               --------------------------------     31
PD330BC                                               --------------------------------     31
PD495BC                                               --------------------------------     31
PD660BC                                               --------------------------------     31
PDBCRT                                                --------------------------------     31
3202A12       --A---------------------------------------------------------------------    186
3202A21       --P---------------------------------------------------------------------    186
MANC          ------------------------------------------------------------------------    186
WEAU160       -VP----------------------------------------------------------------------    186

CONSENSUS-D   QIlIEICG?KAiGTVLVGPTPVNIIGRNLLTQIGCTLNFPISPIETVPVKLKPGMDGPKVKQWPLTEEKI    184
ELI           --P-----Q---------------------------------------------------------------    185
Z2Z6          --------H---------------------------------------------------------------    185
NDK           --------Y--M------------------------------------------------------------    185

CONSENSUS-O   NVTVE??G?EVQGTVLVGPTPVNI?GRNILTGLGCTLNFPISPIAPVPVKLKPGMDGPKVKQWPLS?EKI    159
ANT70         -----IE-R---------------I-----------------------------------------K---    182
MVP5180       -----VQ-K---------------L-----------------------------------------R---    182

CONSENSUS-U   QILIEICGKKAIGTILVGPTPVNIIGRNMLTQIGCTLNFPISPIETVPVKLKPGMDGPRVKQWPLTEEKI    185
MAL           ------------------------------------------------------------------------    185

CONSENSUS-CPZ ?V?I?I??R?V??TVL?GP?PVNIIGRN?L??LGCTL?FPIS??ETVPVKLK?GMDGP?VKQWPLS?EKI    106
CPZGAB        N-H-E-EG-K-VG---V--T--------I-TQ-----V----SI--------P-----K-------A---    184
CPZANT        K-P-Q-GD-T-LA---L--N--------V-CL-----N----KV--------E-----R-------K---    186
```

HIV1 POL

```
                        | M41L               D67N |  | K70R
CONSENSUS-A   KALT?IC?EMEKEGKISKIGPENPYNTPVFAIKKKDSTKWRKLVDFRELNKRTQDFWEVQLGIPH?AGLK    231
U455          ----E--N-------------------------------------------------------T----    255
IBNG          ----D--T-------------------------------------------------------P----    256

CONSENSUS-B   KaLvEICTemEKEGKISKiGPENPYNTPvFAIKKKDSTKWRKLVDFRELNkrTQDFweVQlGIPHPaGlK    256
SF2           ----------------------------------------------------------------------    256
LAI           ----------------------------------------------------------------------    268
HXB2R         ----------------------------------------------------------------------    256
NL43          ----------------------------------------------------------------------    256
NY5CG         ----------------------------------------------------------------------    256
LW123         ----------------------------------------------------------------------    256
MN            ---I-----------------------------------------------K------------------    259
JRCSF         ----------------------------------------------------R-------------------    260
JRFL          ----------------------------------------------------K------------------    256
OYI           -V-I--------------V-------------------------------------------------    256
CAM1          ----------------------------------------------------------------------    256
HAN           ---I------------------------------------------------------------------    255
D31           ----------------------------------------------------------------------    256
RF            ----------------------------------------------------------------------    255
YU2           ----------------------------------------------------------------------    256
BCSG3C        ----------------------------------------------------------------------    256
P896          ----------------------------------------------------------------------    256
RET7          ------------------------------------------------------S-------------    101
VE1RT         ---T----K-------------------I--------------------------------------V-    101
VE2RT         ---------L------------------------------------------------------------    101
VE3RT         ----------------------------------------------------------------------    101
VE4RT         ---I-----L-----------------------------------------K------------------    101
VE5RT         ----------------------------------------------------------------------    101
VE6RT         ----------------------------------------------------------------------    101
VE7RT         ----------------------------------------------------------------------    101
VE8RT         ----------------------------------------------------------------------    101
HX330BC       ----------------------------------------------------------------------    101
HX660BC       ----------------------------------------------------------------------    101
HXBCRT        ----------------------------------------------------------------------    101
PD165BC       ------------------------------------------------------------I---------    101
PD330BC       ------------------------------------------------------------K------------    101
PD495BC       ------------------------------------------------------------K------------    101
PD660BC       ------------------------------------------------------------K------------    101
PDBCRT        ----------------------------------------------------------------------    101
3202A12       ----------------------------------------------------------------------    256
3202A21       ----------------------------------------------------------------------    256
MANC          ----------------------------------------------------------------------    256
WEAU160       ------------------------------------------------------------------S---    256

CONSENSUS-D   KALTEICTeMEKEGKISRiGPENPYNTPIFAIKKKDSTKWRKLVDFRELNKRTQDFWEVQLGIPHPAGLK    254
ELI           --------D-------------------------------------------------------------    255
Z2Z6          ------------------V---------------------------------------------------    255
NDK           ----------------------------------------------------------------------    255

CONSENSUS-O   EALTAICQEMEQEGKISRIGPENPYNTPIFAIKKKD?TKWRKLVDFRELNKRTQ?FWEVQLGIPHPGGLK    227
ANT70         -------------------------------------G-----------------E---------------    252
MVP5180       -------------------------------------S-----------------D---------------    252

CONSENSUS-U   KALTEICKDMEKEGKILKIGPENPYNTPVFAIKKKDSTKWRKLVNFRELNKRTQDFWEVQLGIPHPAGLK    255
MAL           ----------------------------------------------------------------------    255

CONSENSUS-CPZ ?AL?EIC???E?E?KIS?IGP?NPYNTPIFAIKKKD??KWRKLVDFRELNKRTQDFWE?QLGIPHPAGLK    164
CPZGAB        K--T---QEM-K-G---K---E--------------ST--------------------V-----------    254
CPZANT        E--K---DKL-A-N---R---D--------------TS--------------------I-----------    256
```

```
CONSENSUS-A   KKKSVTVLDVGDAYFSVPLD??FRKYTAFTIPS?NNETPG?RYQYNVLPQGWKGSP?IFQ?SMTKILEPF    295
U455          --------------------ES-----------I------V---------------S---S---------    325
IBNG          --------------------KD-----------V------I---------------A---A---------    326

CONSENSUS-B   kkKSvTvLDVGDaYFSVPLdkdFRKYTaFTIPSiNNEtPgiRYQYNVLPQGWKGsPAIfQsSMtkILEPF    326
SF2           ------------------------------------------------------------------------    326
LAI           --------------------E-----------------------------------------------------    338
HXB2R         --------------------E-----------------------------------------------------    326
NL43          Q-------------------------------------------------------------C---------    326
NY5CG         Q-------------------------------------------------------------C---------    326
LW123         --------------------E-----------------------------------------------------    326
MN            ------------------------------------------------------------------------    329
JRCSF         ------------------------------------------------------------------------    330
JRFL          -R----------------------------------------------------------------------    326
OYI           ------------------------------------------------------------------------    326
CAM1          ---------------------------------T--------------------------------------    326
HAN           ------------------------------------------------------------------------    325
D31           --------------------E-------------------V------------------------------    326
RF            ---------------------E-----------------R------------------------------    325
YU2           -------------------HE-------------------T-----------------------T-----    326
BCSG3C        ------------R-----------------------------------------------------------    326
P896          --------------------E---------------------------------------------------    326
RET7          -------------------H-------------T-----------------------------I------    171
VE1RT         ---------------------------------V--------------------------------------    171
VE2RT         ---------------------------------V-------------------------C---------    171
VE3RT         ------------------------------------------------------------------------    171
VE4RT         ---------------------------------T--------------------------------------    171
VE5RT         ---------------------E--------------------------------------C---------    171
VE6RT         ---------------------E------------------V-----------------S-C---------    171
VE7RT         --------------------EG----------------------------------------------------    171
VE8RT         --------------------E-------------T--------------------------------------    171
HX330BC       --------------------E--------------------------------A---------------    171
HX660BC       --------------------E--------------------------------A---------------    171
HXBCRT        -R------------------E-----------------------------------------------------    171
PD165BC       --------------------ES----------------------------------------------------    171
PD330BC       --------------------ES----------------------------------------------------    171
PD495BC       --------------------ES----------------------------------------------------    171
PD660BC       --------------------ES----------------------------------------------------    171
PDBCRT        --------------------ES----------------------------------------------------    171
3202A12       ---------------------------------V-------------------------C---------    326
3202A21       ----G-A--------------------------V--------------------------C---------    326
MANC          -------------------YE------V---------A--V-----------------------------    326
WEAU160       --------------------E-----------------------------------------------------    326

CONSENSUS-D   KKKSVTVLDVGDAYFSVPLDeDFRKYTAFTIpSINNETPGIRYQYNVLPQGWKGSPAIFQSSMTKILEPF    324
ELI           --------------------------------S-------------------------------------    325
Z2Z6          --------------------K-----------------------------------------------------    325
NDK           ------------------------------------------------------------------------    325

CONSENSUS-O   Q?QSVTVLDVGDAYFSCPLDPDFRKYTAFTIPSVNNETPG?RYQYNVLPQGWKGSPAIFQSSMTKILDPF    295
ANT70         -K--------------------------------------I-----------------------------    322
MVP5180       -R--------------------------------------V-----------------------------    322

CONSENSUS-U   KKKSVTVLDVGDAYFSVPLDEDFRKYTAFTIPSINNETPGIRYQYNVLPQGWKGSPAIFQSSMTKILEPF    325
MAL           ------------------------------------------------------------------------    325

CONSENSUS-CPZ ?KKSVTVLDVGDAYFS?PLD?DFRKYTAFTIPS?NNETPG?RY?YNVLPQGWKGSP?IFQ?SMTKIL?PF    225
CPZGAB        K---------------C---K------------I------V--Q------------S---S------E--    324
CPZANT        Q---------------I---Q------------V------I--C------------A---A------A--    326
```

HIV1 POL

```
                    polymerase motif
                          /<-->/                    T215Y |   | K219Q
CONSENSUS-A   R???P?IVIYQYMDDLYVGSDLEIGQHRAKIEELR?HLL?WGF?TPDKKHQKEPPFLWMGYELHPDKWTV    358
U455          -SQH-D-----------------------------A---S---I---------------------------    395
IBNG          -TKN-E-----------------------------G---K---T---------------------------    396

CONSENSUS-B   rKQNPdivIYQYMDDLYVGSDLEIgQHRtKIEeLRqhLLrwGftTPDKKHQKePPFLWMGYELHPDKWTV    396
SF2           ----------------------------------------------------------------------    396
LAI           -------------------------------------------L---------------------------    408
HXB2R         -------------------------------------------L---------------------------    396
NL43          ----------------------------------------------------------------------    396
NY5CG         ----------------------------------------------------------------------    396
LW123         -------------------------------------------L---------------------------    396
MN            ----------------------------A------R-----------------------------------    399
JRCSF         -------I--------------------------------K-----------------------------    400
JRFL          -------I--------------------A-------------------------------------------    396
OYI           ----------------------------------------------------------------------    396
CAM1          -------------------------------------------L---------------------------    396
HAN           ------------------------E--------------K-----------------------------    395
D31           ----------------------------------------------------------------------    396
RF            K----E----------------------I------E---K-----------------------------    395
YU2           ------L---------------------------------------------------------------    396
BCSG3C        ----------------------------------------------------------------------    396
P896          ---------------------------A---D------K-----------------------------    396
RET7          -----E----------------------A----------K-----------------------------    241
VE1RT         ------------------------E---------------G---------------------------    241
VE2RT         ---------------------------------------K---Y---------------------------    241
VE3RT         -----------------------------------G---K--L---------------------------    241
VE4RT         ----------------------------------------------------------------------    241
VE5RT         -----G------------------------------E---------------------------------    241
VE6RT         -------D--------------------------------K-----------------------------    241
VE7RT         ---------------------------------------K-----------------------------    241
VE8RT         -----G-----------------------------E---------------------------------    241
HX330BC       K---------------------------------------------------------------------    241
HX660BC       K---------------------------------------------------------------------    241
HXBCRT        -------------------------------------------L---------------------------    241
PD165BC       ---------------------------------------K-----------------------------    241
PD330BC       ---------------------------------------K-----------------------------    241
PD495BC       -------G--------------------------------K-----------------------------    241
PD660BC       -------G--------------------------------K-----------------------------    241
PDBCRT        ---------------------------------------K-----------------------------    241
3202A12       ----------------------------------------------------------------------    396
3202A21       ----------------------------------------------------------------------    396
MANC          ------V----------------------------Y--K-----------------------------    396
WEAU160       ----------------------------------------------------D-----------------    396

CONSENSUS-D   RKQNPEiVIYQYMDDLYVGSDLEIGQHRTKIEeLREHLLRWGFTtPDKKHQKEPPFLWMGYELHPDKWTV    394
ELI           ------M-------------------------K-----------R-------------------------    395
Z2Z6          ----------------------------------------------------------------------    395
NDK           ----------------------------------------------------------------------    395

CONSENSUS-O   R??NPE?EI?QY?DDLYVGSDLPL?EHRKR?ELLREHLYQWGFTTPDKKHQKEPPFLWMGYELHPDKWTV    358
ANT70         -RD---L--C--M-----------T-----I---------------------------------------    392
MVP5180       -KS---V--Y--I-----------A-----V---------------------------------------    392

CONSENSUS-U   RTKNPEIVIYQYMDDLYVGSDLEIGQHRTKIEELREHLLKWGFTTPDKKHQKEPPFLWMGYELHPDKWTV    395
MAL           ----------------------------------------------------------------------    395

CONSENSUS-CPZ R?K?P???IYQYMDDLYVGSD?EI??HR???E?LRQHL??WG??TPDKKHQKEPPF?WMGYELHPDKWTV    278
CPZGAB        -E-N-DIT-------------L--DQ--KKV-E-----LK--FT------------L--------------    394
CPZANT        -D-Y-AVE-------------M--TA--EMI-K-----QV--LE------------Q-------------    396
```

```
CONSENSUS-A   QP??LPEKDSWTVNDIQKLVGKLNWASQIYAGIK?KQLC?LLRGAKALTDIV?LTEEAELELAENREI..    421
U455          --IQ-----------------------------V----K------------T---------------..    463
IBNG          --VE-----------------------------I----R------------A---------------..    464

CONSENSUS-B   QPIvLPEkdsWTVNDIqKLVGKLNWASQIYaGIkVkqLCkLLrgtKALTEviplTeEAELELAENREI..    464
SF2           ---M-------------------------------------------------------------..    464
LAI           ------------------------------P----R--------------------------------..    476
HXB2R         ------------------------------P----R--------------------------------..    464
NL43          -----------------------------------R---------------V----------------..    464
NY5CG         -----------------------------------R--------I------V----------------..    464
LW123         ------------------------------P----R--------------------------------..    464
MN            ------------------------------------------------------------------..    467
JRCSF         -------------------------------------------------------K------------..    468
JRFL          ------------------------------------------------------------------..    464
OYI           ---M--------------------------------N-------------------------------..    464
CAM1          ---M-----------------------------------------------V----------------..    464
HAN           ---------------------------------------------P----------K------------..    463
D31           ---T-------------------------------R--------A----------K------------..    464
RF            ----------------------------------------------------VQ--K------------..    463
YU2           -----------------------------------R--------------------------------..    464
BCSG3C        ------------------------------S--------------------VT----------------..    464
P896          ----------------------------------------------------V----------------..    464
RET7          ---------------------------------------------P------V---K------------..    309
VE1RT         ---M----E---------------------------------------------------------..    309
VE2RT         ------------------------------------------------------------------..    309
VE3RT         ----------------H-------------P--------R------------A--K------------..    309
VE4RT         --------E---------------------P--------------------S---------------..    309
VE5RT         ---I-------------------------P-------------A-----------------------..    309
VE6RT         -------E----------------------P-----------WAA------V----------------..    309
VE7RT         ------------------------------------------------------------------..    309
VE8RT         ---E-------------------------------R--------------------------------..    309
HX330BC       ------------------------------P----R--------------------------------..    309
HX660BC       ---------R--------------------P----R--------------------------------..    309
HXBCRT        ------------------------------P--R-R--------------------------------..    309
PD165BC       ---M--------------------------------------------------------------..    309
PD330BC       ---M--------------------------------------------------------------..    309
PD495BC       ---M--------------------------------------------------------------..    309
PD660BC       ---M--------------------------------------------------------------..    309
PDBCRT        ---M--------------------------------------------------------------..    309
3202A12       ---M-------------------------------R--------------------------------..    464
3202A21       -----------------------------------RH-------------------------------..    464
MANC          ---T-------------------------P-------------A----------K------------..    464
WEAU160       ---K----E-----------------------------------------I--I---------------..    464

CONSENSUS-D   QsIkLPEKESWTVNDIQkLVgkLNWASQIYpGIKVrQLCKLLRGTKALTEViPLTEEAELELAENREI..    462
ELI           -----------------N--ER-------------------------------------------..    463
Z2Z6          ------------------------------------------------------------------..    463
NDK           -P-N-------------------------A----K---------------V----------------..    463

CONSENSUS-O   Q?IQLP?K?VWTVNDIQKL?GKLNWASQIYQGIRV?ELCKLIRGTKSLTEVVPLS?EAELELEENRE?..    419
ANT70         -S----N-D----------I---------------R-------------------R-----------R..    460
MVP5180       -P----D-E----------V---------------K-------------------K-----------K..    460

CONSENSUS-U   QPIQLPDKESWTVNDIQKLVGKLNWASQIYPGIKVKQLCKLLRGAKALTDIVPLTAEAELELAENREI..    463
MAL           ------------------------------------------------------------------..    463

CONSENSUS-CPZ Q?I?LPE???WTVNDIQKL?GKLNWASQIYPGIK?KQLC?LIRG?K?LTD?V??T?EAELEL?EN??I??    329
CPZGAB        -P-Q---KEV---------I--------------I----K----T-K---V-PL-P------A--RE-..    462
CPZANT        -K-K---PDD---------V--------------T----R----V-S---R-QM-R------E--KQ-xx    466
```

HIV1 POL

```
CONSENSUS-A   .LK?PVHGVYYDP?KDLVAE?QKQGQDQWTYQIYQEPFKNLKTGKYA?KRSAHTNDVKQLTEVVQKV??E    484
U455          .--D---------S------I--------------------------R-------------------ST-    532
IBNG          .--E---------T------L--------------------------K-------------------AM-    533

CONSENSUS-B   .LKePVHgvYyDPsKdLiaEiQKQGqgQWTYQIyQEPfknLkTgKYarmrGaHTNDvkQLtEAVQKiatE    533
SF2           .------E---------V-----------------------------------------------VS--    533
LAI           .---------------------------------------------T------------------T--    545
HXB2R         .-----------------------------------------------------------------T--    533
NL43          .-----------------------------------------------K--------------------    533
NY5CG         .-----------------------------------------------K--------------------    533
LW123         .-------------------------------------------------T---------------T--    533
MN            .-------------------V-------------------------------------------------    536
JRCSF         .-----------------V--------------F--------------T-------------------N-    537
JRFL          .-------------------L------------------I--------T-------------------N-    533
OYI           .----------------V--L-----------------------------------------------TQ-    533
CAM1          .-------------------L--------------------------K---T------------------    533
HAN           .---------C------V-------E-----------------------------I-------------    532
D31           .-----------------------------------------------------------------T--    533
RF            .----------------------------------------------------------------V---    532
YU2           .-----------------------------------------------T---------------------    533
BCSG3C        .-----------------------------------------A----T------------------T--    533
P896          .------------T------L----------------Y-------------------------------    533
RET7          .-----------------------------------------------------------------T--    378
VE1RT         .------------------------D----------------------T--T------------------    378
VE2RT         .------------T-------------------------------------T------------------    378
VE3RT         .-------------------------------------------------V-----R--V------TI-    378
VE4RT         .----------------------------------------------------------------V---    378
VE5RT         .--------------------------D---------------------T---------------------    378
VE6RT         .-------------------V----E--------------------T-S--T------------------    378
VE7RT         .------------T------------------------------------------------------    378
VE8RT         .------------T---V-------H--------------------------------------V---    378
HX330BC       .-----------------------------------------------------------------T--    378
HX660BC       .-----------------------------------------------------------------T--    378
HXBCRT        .-----------------------------------R-------------------------T--    378
PD165BC       .----------------V--L----------------------------K------------------I-    378
PD330BC       .----------------V--L----------------------------K------------------I-    378
PD495BC       .----------------V--L----------------------------K------------------I-    378
PD660BC       .----------------V--L----------------------------K------------------I-    378
PDBCRT        .----------------V--L----------------------------K------------------I-    378
3202A12       .-------A--------V-------------------------------------------------Q-    533
3202A21       .--------------E--------------------------------------------------T--    533
MANC          .--V-------------T--------------------RS-------K---T--------------VT--    533
WEAU160       .-------------------L----------------------------V------------------T--    533

CONSENSUS-D   .LKEPVHGVYYDPSKDLIAEiQKQGhGQWTYQIYQEPFKNLKTGKYARmRGAHTNDVKQLaEaVQkIsTE    531
ELI           .-----------------------------------------------------------------R----    532
Z2Z6          .-----------------------------------------------------------------V-------    532
NDK           .-------------------L----D----------------------T-----------T------A--    532

CONSENSUS-O   .LK?PVHGVYYQPDKDLWV?IQK?G??QWTYQ?YQ?EHKNLKTGKY?RQKASHTNDIRQLAEV?QKVSQE    479
ANT70         .--Q---------------N---Q-GE-----I--E----------T----------------I------    529
MVP5180       .--E---------------S---H-EG-----V--D----------A----------------V------    529

CONSENSUS-U   .LKEPVHGVYYDPSKDLIAEIQKQGQGQWTYQIYQEQYKNLKTGKYARIKSAHTNDVKQLTEAVQKIAQE    532
MAL           .------------------------------------------------------------------------    532

CONSENSUS-CPZ ???????G?YY?P???L?A?IQKQG??QWTYQI?Q???K?LK?GKYAR????HTN??RQLA??VQKI??E    367
CPZGAB        .VSTPVH-V--D-DKE-I-E-----NC------F-EPH-N--T-----QRSA---DI----EA----AT-    531
CPZANT        xLQQKIE-Y--Q-GLP-K-T-----SG------Y-NEG-L--A-----PTGT---EV----GV----GL-    536
```

```
                                                                p51 \/
CONSENSUS-A   SIVIWGK?PKFRLPIQ?ETWE?WWMEYWQATWIPEWEFVNTPPLVKLWYQLEKDPI?GAETFYVDGAANR    550
U455          -------I--------K----A-----------------------------------A--------------    602
IBNG          -------T--------R----T-----------------------------------V--------------    603

CONSENSUS-B   sIvIWGKtPKFklpIQKETWe?WWteYwqATWIPEWEfVNTPPLVKLWYQLEkePivGaetFYVDGAAnr    602
SF2           -------I-------------A--M---------------------------------------------    603
LAI           ---------------------T-----------------------------------------------S-    615
HXB2R         ---------------------T-----------------------------------------------    603
NL43          ---------------------A-----------------------------------I-------------    603
NY5CG         ---------------------A-----------------------------------I-------------    603
LW123         ---------------------T-----------------------------------------------    603
MN            -----------R---------T-----T$--------V-------------------------------    605
JRCSF         -------I-------------T-----------------------------------------------    607
JRFL          -------I-------------T-----------------------------------------------    603
OYI           ---------------------A------------------------------D----------------    603
CAM1          --------------------DA--ID---------------------------------------------    603
HAN           G----------R---------A-----------------------------------------------    602
D31           ---------------------A------------------------------T-----------------    603
RF            ---------------------A-----------------------------------I-------------    602
YU2           ---------------------T-----------------------------------I-------------    603
BCSG3C        C-I--------R---------T-----------------------------------E-------------    603
P896          -----------N.X-------A---D-------------------------------------------    602
RET7          -------I-------------T--------------------------------SR-$N1             437
VE1RT         G--------------------T------------------------------D----------------    448
VE2RT         ---------------------T-----------------------------------------------    448
VE3RT         -----------R---------T-----------------------------------------------    448
VE4RT         -----------R---------A-----------------------------------V-----------    448
VE5RT         ---------------------T-----------------------------------I-----------S-    448
VE6RT         ---------------------T-----------------------------------I-----------S-    448
VE7RT         -----------R---------T-----------------------------------A-------------    448
VE8RT         -------I-------------A--M---------------------------------------------    448
HX330BC       ---------------------T-----------------------------------------------S-    448
HX660BC       ---------------------T-----------------------------------------------S-    448
HXBCRT        ---------------------T-----------------------------------------------    448
PD165BC       -----------R---------A--M---------------------------------------------    448
PD330BC       -----------R---------A--M---------------------------------------------    448
PD495BC       -----------R---------A--M---------------------------------------------    448
PD660BC       -----------R---------A--M---------------------------------------------    448
PDBCRT        -----------R---------A--M---------------------------------------------    448
3202A12       ---------------------A-----------------------------------------------    603
3202A21       ---------------------A-----------------------------------------------    603
MANC          --I----I-------------DA----------------------------------------------    603
WEAU160       ---------------------T-----------------------------------------------K    603

CONSENSUS-D   SIVIWGkTPKFrLPIQKETWETWW?EYWQATWIPEWEFVNTPPLVKLWYQLEKEPIIGAETFYVDGAANR    600
ELI           ------R-----------------A-------------------------------------------    602
Z2Z6          ------------------------V-------------------------------------------    602
NDK           -----------K------------I-------------------------------------------    602

CONSENSUS-O   ?I?IWGKLPKF?LPVTRETWETWWA?YWQATWIPEWEFVSTPPLIKLWY?LE?EPI?GAET?YVDGAANR    541
ANT70         S-I--------K-------------D-----------------------R--S---M----Y--------    599
MVP5180       A-V--------R-------------E-----------------------Q--T---V----F--------    599

CONSENSUS-U   SIVIWGKTPKFRLPIQKETWEAWWTEYWQATWIPEWEFVNTPPLVKLWYQLETEPIVGAETFYVDGAANR    602
MAL           ----------------------------------------------------------------------    602

CONSENSUS-CPZ SIVIWG??PKF?LP???E?W?AWW??YWQATWIPEWEF?NTPPL??LWY?L???PIP???T?YVDGAANR    416
CPZGAB        ------KT---R--VQK-S-E---AE------------I-----VK---S-ETE---TTD-Y--------    601
CPZANT        ------EV---Q--ITR-T-D---SD------------V-----IR---N-LAD---EAE-F--------    606
```

HIV1 POL

```
CONSENSUS-A   ETK?GKAGYVTDRGRQKVVSLTETTNQKTELHAIHLALQDSGSEVNIVTDSQYALGIIQAQPDRSESE?V    618
U455          ---L-------------------------------------------------------------I-    672
IBNG          ---I-------------------------------------------------------------L-    673

CONSENSUS-B   eTklGkAGYVTdrGRQkVvsltdTTNQkTeLqAIhLALQDSGlEVNIVtDSQYAlGIIQAQPDkSESElV    672
SF2           --------------------IA--------------------------------------------    673
LAI           -----------N-------T-----------------------------------------------    685
HXB2R         -----------N-------T--------------Y----------------------------Q------    673
NL43          --------------------P-----------------------------------------------    673
NY5CG         --------------------P-----------------------------------------------    673
LW123         -----------NK------P--N-----------Y-----------------------------------    673
MN            ---K-------N-----------------------------------------------------------    675
JRCSF         -----------S-----------------------------------------------------------    677
JRFL          -----------N-----------------------------------------------------------    673
OYI           ----------------------------------------------------------------------    673
CAM1          --R----------------P--------------Y-----------------------------------    673
HAN           ---------------------N----------------------------------------------    672
D31           ------------------------------------------------S-----I---------------    673
RF            ----------------------------------------------------------------------    672
YU2           -----------NK---------------------Y----------------------------R------    673
BCSG3C        -----------NK------T-----------E--------------------------------------    673
P896          D--S-----------------A----------------------------------------------    672
VE1RT         --------------------V--------K------------S---------------------------    518
VE2RT         ---S-------NK---------------------Y----------------------------------    518
VE3RT         -------------------------------------------------------------I------    518
VE4RT         -----------N--------IA--------------------P--------------------------I-    518
VE5RT         --------------------P-----------------------------------------------    518
VE6RT         ------------K-------I-----------------------------------------------    518
VE7RT         -----R-----NK------T-------R--------------S-------------------------I-    518
VE8RT         --------------------------------Q-----------------------------------I-    518
HX330BC       -----------N-------T-----------------------------------------------    518
HX660BC       -----------N-------T-----------------------------------------------    518
HXBCRT        -----------N-------T--------------Y----------------------------Q------    518
PD165BC       ------------K-------I-----------------------------------------------    518
PD330BC       ------------K-------I-----------------------------------------------    518
PD495BC       ------------K-------I-----------------------------------------------    518
PD660BC       ------------K-------I-----------------------------------------------    518
PDBCRT        ------------K-------I-----------------------------------------------    518
3202A12       ---------------------N------------N----------------------------------    673
3202A21       ---------------------N------------N----------------------------------    673
MANC          ------------------I-----------------------------S---------------------    673
WEAU160       -----------N----R-----------------------------------------------Q------    673

CONSENSUS-D   ETKLGKAGYVTDRGRQKVVPfTDTTNQKTELQAINLALQDSGLEVNIVTDSQYALGIIQAQPDKSESELV    670
ELI           --------------------L-----------------------------------------------    672
Z2Z6          ----------------------------------------------------------------------    672
NDK           ----------------------------------------------------------------------    672

CONSENSUS-O   ?TKLGKAGYVTEQGKQ?IIKL?ETTNQKAELMA?L?ALQDSKE?VNIVTDSQY?LG?ISSQPTQS?SPIV    602
ANT70         E---------------K----D-----------I-L-------T---------A--V--------E----    669
MVP5180       N---------------N----E-----------V-I-------Q---------V--I--------D----    669

CONSENSUS-U   ETKKGKAGYVTDRGRQKVVSLTETTNQKTELQAIHLALQDSGSEVNIVTDSQYALGIIQAQPDKSESEIV    672
MAL           ----------------------------------------------------------------------    672

CONSENSUS-CPZ ????GKAGYVTD?G??????L??TTNQQAEL?A?L?AL?DS???VNIVTDSQY?LG??Q??PD?SES?LV    459
CPZGAB        ETKT--------K-KQKIIS-EN--------K-L-L--Q--DQQ---------V--II-SQ--H---E--    671
CPZANT        NSQL--------R-RSRVKH-QK--------Q-I-M--E--TGP---------A--VL-GT--Q---P--    676
```

```
CONSENSUS-A   NQIIEKLI?K?KVYLSWVPAHKGIGGNEQVDKLVS?GIRKVLFLDGIDKAQE?HE?YH?NW?AMASDFNL    681
U455          --------E-E------------------------S----------------D--K--C--R--------    742
IBNG          --------K-D------------------------N----------------E--R--S--K--------    743

CONSENSUS-B   sQIIEqLIKKEKVYLaWVPAHKGIGGNEQVDkLVSaGiRkvLfldgidkAQeeHEKYHsNWrAMAsDFNL    742
SF2           ------------------------------------------N-------------------------    743
LAI           N--------------------------------------------------D------------------    755
HXB2R         N--------------------------------------------------D------------------    743
NL43          ------------------------------G-------------------------------------    743
NY5CG         ------------------------------------------------------------------------    743
LW123         N---------------------------------------I----------D------------------    743
MN            ----------------------------------------------------D-----------------    745
JRCSF         ----------------------------------------------------D-----------------    747
JRFL          ----------------------------------------------------D--------K--------    743
OYI           ------------------------------------------------------------------------    743
CAM1          -----E-----------------------------------------------------------------    743
HAN           ----------------------------------------------------D------------N----    742
D31           ---------------T------------------------------------D------------------    743
RF            ------------------------------R---T---------------D------------------    742
YU2           ------------------------------------------------------------------------    743
BCSG3C        --------------------------------------V-------------------------------    743
P896          ------------------------------------------------------------T-----------    742
VE1RT         -----E-------------------------------------SGRHR$                        565
VE2RT         N-----------------------------------------R--SGRHR$                        565
VE3RT         N----------------------------------T------SGRHR$                        565
VE4RT         N--------------------------------------I-SGRHR$                        565
VE5RT         -----------------------------------S------SGRHR$                        565
VE6RT         ------------------------------------------SGRHR$                        565
VE7RT         ---------------------------------------I-SGRHR$                        565
VE8RT         -----------------------------------T---R--SGRHR$                        565
HX330BC       ------------------------------------------------                        566
HX660BC       ------------------------------------------------                        566
HXBCRT        N-----------------------------------------------                        566
PD165BC       ------------------------------------------RWNR$                        565
PD330BC       ------------------------------------------RWNR$                        565
PD495BC       ------------------------------------------RWNR$                        565
PD660BC       ------------------------------------------RWNR$                        565
PDBCRT        ------------------------------------------RWNR$                        565
3202A12       ------------------------------------------------------------------------    743
3202A21       ------------------------------------------------------------------------    743
MANC          ------------------------------------------------------------------------    743
WEAU160       -----------------------------------S----------------------------------    743

CONSENSUS-D   sQIIEQLIKKEKVYLAWVPAHKGIGGNEQVDKLVSQGIRKVLFLDGIDKAQEEHEKYHNNWRAMASDFNL    740
ELI           N-----------------------------------------------------------------------    742
Z2Z6          ------------------------------------------------------------------------    742
NDK           ------------------------------------------------------------------------    742

CONSENSUS-O   QQIIEELTKKE?VYLTWVPAHKGIGGNEKIDKLVSKDIRRVLFLEGIDQAQEDHEKYHSNW?ALAS?FGL    669
ANT70         -----------Q-----------------------------------------------K----E---    739
MVP5180       -----------R-----------------------------------------------R----D---    739

CONSENSUS-U   NQIIEQLIQKDKVYLSWVPAHKGIGGNEQVDKLVSSGIRKVLFLDGIDKAQEEHEKYHSNWRAMASDFNL    742
MAL           ------------------------------------------------------------------------    742

CONSENSUS-CPZ ??II??LIK?E?IYLSWVPAHKGIGGNEQVDKLVS?GIR?VLFL?GID?AQE?H??YHSNW???A???NL    510
CPZGAB        NQ--EE---K-K-----------------------A---K----D---R---E-ER-----KAM-SDF--    741
CPZANT        EE--QK---R-Q-----------------------Q---Q----E---K---D-DK-----RSL-DEY--    746
```

HIV1 POL

```
CONSENSUS-A   PP?VAKEIVASC?KCQ?KGEAMHGQVDC?PGIWQLDCTHLEGK?ILVAVHVASGYIEAEVIPAETGQETA    746
U455          --V---------N---L-----------S--------------V--------------------------    812
IBNG          --I---------D---M-----------G--------------I--------------------------    813

CONSENSUS-B   PPvVAKEIVASCdKCQLKGEAMHGQVDCSPGIWQLDCTHLEGKvILVAVHVASGYIEAEVIPaETGQETA    812
SF2           ------------------------------------------I--------------------------    813
LAI           ------------------------------------------------------------------------    825
HXB2R         ------------------------------------------------------------------------    813
NL43          ------------------------------------------------------------------------    813
NY5CG         ------------------------------------------------------------------------    813
LW123         ------------------------------------------------------------------------    813
MN            --I---------------------------------------------------------------------    815
JRCSF         --I---------------------------------------------I--------------------------    817
JRFL          ------------------------------------------------I--------------------------    813
OYI           ------------------------------------------------I--------------------------    813
CAM1          ------------------------------------------------------------------------    813
HAN           ------------------------------------------------I------------------V-------    812
D31           ------------------------------------------------------------------------    813
RF            ------------------------------------------------I--------------------------    812
YU2           ------------------------------------------------------------------------    813
BCSG3C        ------------------------------------------------I--------------------------    813
P896          ------------N-----------------------------------------------------------    812
3202A12       ------------------------------------------------I--------------------------    813
3202A21       ------------------------------------------------I--------------------------    813
MANC          ------------------------------------------------------------------------    813
WEAU160       ------------------------------------------------I--------------------------    813

CONSENSUS-D   PPVVAKEIVASCDKCQLKGEAMHGQVDCSPGIWQLDCTHLEGKVILVAVHVASGYIEAEVIPAETGQETA    810
ELI           ------------------------------------------------------------------------    812
Z2Z6          ------------------------------------------------------------------------    812
NDK           ------------------------------------------------------------------------    812

CONSENSUS-O   PP?VAKEIIASCPKCHIKGEA?HGQVD?SPE?WQ?DCTH?EGKIIIVAVHVAS?FIEAEVIPAETGQETA    732
ANT70         --V------------------I-----C---V--I----M-------------G----------------    809
MVP5180       --I------------------T-----Y---I--M----L-------------D----------------    809

CONSENSUS-U   PPIVAKEIVASCDKCQLKGEAMHGQVDCSPGIWQLDCTHLEGKIIIVAVHVASGYIEAEVIPAETGQETA    812
MAL           ------------------------------------------------------------------------    812

CONSENSUS-CPZ PPIVAKEI?A?CDKC?VKGEA?HGQVDCSPGIWQVDCTHLEGKVIIVAVHV?SG?IEAEV???ETG??TA    569
CPZGAB        --------V-H----Q-----M-----------------------------A--Y-----IPA---QE--    811
CPZANT        --------I-Q----H-----R-----------------------------S--F-----MAD---KS--    816
```

```
CONSENSUS-A   YFILKLAGRWPVKVIHTDNGSNFTSAAVKA?CWWAN??QEFGIPYNPQSQGVVESMNKELKKIIGQVR?Q    812
U455          ------------------------------V-----IQ------------------------------E-    882
IBNG          ------------------------------A-----VT------------------------------D-    883

CONSENSUS-B   YFlLKLAGRWPVktiHTDNGsNFtstTVkAACWWaGiKQEFGIPYNPQSQGVvESMNkeLKkIIGQVRDQ    882
SF2           ------------------------------------------------------N------------    883
LAI           ------------------------------------------------------------------    895
HXB2R         ------------------------GA--R-----------------------------------------    883
NL43          --------------V-------------------------------------I-----------------    883
NY5CG         --------------V-------------------------------------I-----------------    883
LW123         -------------------------A--------------------------------------------    883
MN            --------------------P-------------T-----------------I-----------------    885
JRCSF         ------------T-----------------------------------------------------------    887
JRFL          ------------------------------------------------------------------    883
OYI           --I-------------------------------------------------------N------------    883
CAM1          --------------------G--I---------------------------------N------------    883
HAN           --------------V-----P-------------------------------------------------    882
D31           --I---------------------------------V---------------------------------    883
RF            --I----------V-------------------------------------------Q--Q--------    882
YU2           ------------T------------A--------------------------------------------    883
BCSG3C        ------------------------------------------------------------------    883
P896          ------------------------------------------------------------------    882
3202A12       --I---------T------------A--------------------------------------------    883
3202A21       --I---------T------------A--------------------------------------------    883
MANC          ------------T-----------------------------------------------------------    883
WEAU160       --I-------------------------------------------------I-----------------    883

CONSENSUS-D   YFlLKLAGRWPVKvVHTDNGSNFTSAaVKAACWWAGIKQEFGIPYNPQSQGVVESMNKELKKIIGQVRDQ    880
ELI           ------------------------------------------------------------------    882
Z2Z6          --I----------I--------------------------------------------------------    882
NDK           --------------------------T-------------------------------------------    882

CONSENSUS-O   YFLLKLAARWPVKVIHTDNGPNFTS??MKAACWW??IQHEFGIPYNPQSQGVVEAMNKELKSIIQQVRDQ    798
ANT70         -------------------------TT-------AN----------------------------------    879
MVP5180       -------------------------AA-------TG----------------------------------    879

CONSENSUS-U   YFILKLAGRWPVKVVHTDNGSNFTSAAVKAACWWANIKQEFGIPYNPQSQGVVESMNKELKKIIGQVREQ    882
MAL           ------------------------------------------------------------------    882

CONSENSUS-CPZ YFLLKLA?RWPVKTIHTDNG?NFTSAAVKAACWWA?I?QEFGIPYNPQSQGVVES?NK?LK?IIGQ?RDQ    631
CPZGAB        -------G------------P--------------D-K-----------------L--E--K----V---    881
CPZANT        -------S------------A--------------N-Q-----------------M--Q--Q----I---    886
```

HIV1 POL

```
CONSENSUS-A   AEHLKTAVQMAVFIHNFKRKGGIGGYSAGERIIDIIA?DIQTKELQKQI?KIQNFRVYYRDSRDPIWKGP    880
U455          --------------------------------------T-----------S--------------------    952
IBNG          --------------------------------------S-----------I--------------------    953

CONSENSUS-B   AEHLKtAVQMAVFIHNFKRKGGIGGYSAGeRIvdIIAtDIQtkeLQKQITKIQNFRVYYRDsrdPlWKGp    952
SF2           ------------------------------------------------------------NK-------    953
LAI           ----------------------------------------------------------------------    965
HXB2R         -------------------------------------------------------------N------    953
NL43          ------------------------------------------------------------------V----    953
NY5CG         ----------------------------------------I-----------------------V----    953
LW123         -------------------------------------------------------------N------    953
MN            -----R---------------------------G-----------------------------------    955
JRCSF         --------------------------------I----------------------------N---I----    957
JRFL          ------------------------------------------------------------E------    953
OYI           ------------------------------------------------------------E------    953
CAM1          --------------------------------I-----------------------------------    953
HAN           ------------------------------------------------------------E-F----    952
D31           ----------------------------------------------------------------------    953
RF            -------------------------------------------------------------------H    952
YU2           ----------------------------------------------------------------------    953
BCSG3C        ------------------------------------------------------------NK-------    953
P896          --------------------------------------S-------------------------------    952
3202A12       ----------------------------------------------------------------------    953
3202A21       ----------------------------------------------------------------------    953
MANC          ----------------------------G--------------------------------N------    953
WEAU160       --------------------------------I---------QQ--------------------------    953

CONSENSUS-D   AEHLKTAVQMAVFIHNFKRkgGIGGYSAGERIIDIIATDIQTkELQKQIiKIQNFRVYYRDSRDPIWKGP    950
ELI           -------------------RR-------------------------------------------------    952
Z2Z6          ------------------------------------------------T--------------------    952
NDK           -----------------------------------------R--------------------------    952

CONSENSUS-O   AEHL?TAVQMAVFVHNFKRKGGIGGYTAGER?IDILASQIQTTELQKQILK?NNFRVYYRDSRDPIWKGP    865
ANT70         ----R--------------------------I-------------------1                    930
MVP5180       ----K--------------------------L-------------------I------------------    949

CONSENSUS-U   AEHLKTAVQMAVFIHNFKRKGGIGGYSAGERIIDMIATDIQTKELQKQITKIQNFRVYYRDNRDPIWKGP    952
MAL           ----------------------------------------------------------------------    952

CONSENSUS-CPZ AE?LKTAV?MAV?IHNFKRKGGIGGYT?G?RI?DI?ATDIQT??LQ?QILK?Q?FRV?YRDSRDP?WKGP    687
CPZGAB        --H-----Q---F--------------A-E--I--I------SE--K----V-K---Y-------I----    951
CPZANT        --Q-----V---H--------------P-Q--L--L------TQ--N----I-Q---H-------V----    956
```

```
                                      vif cds ->
CONSENSUS-A   AKLLWKGEGAVVIQDNSDIKVVPRRKAKIIRDYGKQMAGDDC?AGRQDED      929
U455          ------------------------------------------M-------     1002
IBNG          ------------------------------------------V-------     1003

CONSENSUS-B   AKLLWKGEGAVVIQDNsdIKVVPRRKaKiIRDYGKQmagDDCVAsRQDED     1002
SF2           --------------------------------------------------     1003
LAI           --------------------------------------------------     1015
HXB2R         --------------------------------------------------     1003
NL43          --------------------------------------------------     1003
NY5CG         --------------------------------------------------     1003
LW123         --------------------------------------------------     1003
MN            ----------------N-----------V-------T-------------     1005
JRCSF         --------------------------V-----------------------     1007
JRFL          --------------------------V-----------------------     1003
OYI           --------------------------------------------------     1003
CAM1          --------------------------------------------------     1003
HAN           --------------------------------------GS-----------     1002
D31           -----------------E--------------------------G-----     1003
RF            --------------------------------------------------     1002
YU2           ---------------------------------------------G-----     1003
BCSG3C        --------------------------------------------------     1003
P896          --------------------------------------------------     1002
3202A12       --------------------------------------------------     1003
3202A21       --------------------------------------------------     1003
MANC          -----------------E--------V-----------------G-----     1003
WEAU160       --------------------------------------------------     1003

CONSENSUS-D   AKLLWKGEGAVVIQDnSDIKVVPRRKVKIIRDYGKQMAGDDCVASRQDED     1000
ELI           ---------------K----------------------------------     1002
Z2Z6          --------------------------------------------------     1002
NDK           --------------------------------------------------     1002

CONSENSUS-O   AQLLWKGEGAVVIQDKGDIKVVPRRKAKIIRDYGKQMAGTDSMANRQTESESMEQPGEIP      925
MVP5180       ------------------------------------------------------------     1009

CONSENSUS-U   AKLLWKGEGAVVIQDNSDIKVVPRRKAKIIRDYGKQMAGDDCVAGGQDEDKHGTAW     1008
MAL           -------------------------------------------------------     1008

CONSENSUS-CPZ A?LLWKGEGAVVIQDQGELKVVPRRKAKIIRDYGKQMAGDDCVASRQNEDKHGTAW      742
CPZGAB        -T-----------------------------------------------------     1007
CPZANT        -Q-----------                                              969
```

HIV1 POL CONSENSUS

```
CONSENSUS-A   FFRE.NLAFQQGEAR?F............SSE..QT??NS?TSR?LWDGG?D??.L?...???G?E?..Q     35
CONSENSUS-B   ----.d---p--k--e-???????????---..--Ra--p-r-E-qVw-r-nnS-S???-EA-adr..-     49
CONSENSUS-D   ----.d---P--K-GEl.............---..--RA--P---E-RVW-r-.NP-S....eT-A-R..-     48
CONSENSUS-O   ---?.?--SGGH---QL............CA-..TS-PI-P-?......--GSE.....GT-ES?---G??     35
CONSENSUS-U   ----.----P--K--E-............P--..--RA--P---E-RVW-G-K.T-S....ET-A-R..-     48
CONSENSUS-CPZ ----??????????--L............CA-????---?--?---????-?--??-.....--?-?-???     13

                     protease
                       \/          <- gag cds end
CONSENSUS-A   G?..??SF?FPQITLWQRPLVTV?I?GQLIEALLDTGADDTVLEDINLPGKWKPK?IGGIGGFIKVRQYD     96
CONSENSUS-B   -...tV--s--------------ik-g---K--------------eM----r----M--------------    116
CONSENSUS-D   -...TV--n--------------IK-G---K--------------Em---------M--------------    115
CONSENSUS-O   R...A-??CL---P--D--I--A-VG-H-C-?-----------NN-Q-E-?-?--M----------KE-?     94
CONSENSUS-U   -...IV--S----------V---RVG---K--------------E----------M--------------    115
CONSENSUS-CPZ ?-??---?-?-?-?-----???--?---?C?-----------?-?-?-Q-?-------------?-?-??     55

                                          protease \/ p66, p51
CONSENSUS-A   QILIEICGKK?IGTVLVGPTPVNIIGRNMLTQIGCTLNFPISPIETVPVKLKP?MDGPKVKQWPLTEEKI    164
CONSENSUS-B   --------H-A-----------------L------------------------G----------------    186
CONSENSUS-D   --------?-A-----------------L------------------------G----------------    184
CONSENSUS-O   NVTV-??-?EVQ------------?---I--GL------------AP-------G-----------S?---    159
CONSENSUS-U   ----------A---I-------------------------------------G----R-----------    185
CONSENSUS-CPZ ?V?-?-??R?V??---?--?--------?-??L----?----??--------?G----?------S?---    106

                       | M41L                D67N |  | K70R
CONSENSUS-A   KALT?IC?EMEKEGKISKIGPENPYNTPVFAIKKKDSTKWRKLVDFRELNKRTQDFWEVQLGIPH?AGLK    231
CONSENSUS-B   ---vE--T-------------------------------------------------------P----    256
CONSENSUS-D   ----E--T---------R----------I-----------------------------------P----    254
CONSENSUS-O   E---A--Q---Q-----R----------I-------?----------------?----------PG---    227
CONSENSUS-U   ----E--KD-------L---------------------------N--------------------P----    255
CONSENSUS-CPZ ?--?E---??-?-?---?---?------I-------??--------------------?------P----    164

CONSENSUS-A   KKKSVTVLDVGDAYFSVPLD??FRKYTAFTIPS?NNETPG?RYQYNVLPQGWKGSP?IFQ?SMTKILEPF    295
CONSENSUS-B   --------------------kd-----------i------i---------------A---s---------    326
CONSENSUS-D   --------------------eD-----------I------I---------------A---S---------    324
CONSENSUS-O   Q?Q-------------C---PD-----------V----------------------A---S------D--    295
CONSENSUS-U   --------------------ED-----------I------I---------------A---S---------    325
CONSENSUS-CPZ ?---------------?----D----------------------?------------------------?--    225

                  polymerase motif
                       /<-->/                     T215Y |   | K219Q
CONSENSUS-A   R???P?IVIYQYMDDLYVGSDLEIGQHRAKIEELR?HLL?WGF?TPDKKHQKEPPFLWMGYELHPDKWTV    358
CONSENSUS-B   -KQN-d----------------------t------q---r---t--------------------------    396
CONSENSUS-D   -KQN-E----------------------T------E---R---T--------------------------    394
CONSENSUS-O   ---N-E?E-?--?---------PL?E--KR?-L--E--YQ---T--------------------------    358
CONSENSUS-U   -TKN-E----------------------T------E---K---T--------------------------    395
CONSENSUS-CPZ --K---??-------------?--??--???-?--Q--?---?-------------?-------------    278

CONSENSUS-A   QP??LPEKDSWTVNDIQKLVGKLNWASQIYAGIK?KQLC?LLRGAKALTDIV?LTEEAELELAENREI..    421
CONSENSUS-B   --Iv------------------------------V----k----t----Evip---------------..    464
CONSENSUS-D   -sIk----E---------------------p---Vr---K----T----EViP---------------..    462
CONSENSUS-O   -?IQ--?-?V---------?----------Q--RV?E--K-I--T-S--EV-P-S?------E----?..    419
CONSENSUS-U   --IQ--D-E-----------------------P---V----K------------P--A------------..    463
CONSENSUS-CPZ -?I----???---------?----------P----------I--?-?---?--?-?------?--??-??    329

CONSENSUS-A   .LK?PVHGVYYDP?KDLVAE?QKQGQDQWTYQIYQEPFKNLKTGKYA?KRSAHTNDVKQLTEVVQKV??E    484
CONSENSUS-B   .--e---------s---i--i-----g--------------------rm-G-----------A---iat-    533
CONSENSUS-D   .--E---------S---I--i----hG--------------------Rm-G---------a-a---IsT-    531
CONSENSUS-O   .----------Q-D---WV?I--?-??-----?--?EH--------?RQKAS----IR--A--?---SQ-    479
CONSENSUS-U   .--E---------S---I--I-----G---------QY---------RIK------------A---IAQ-    532
CONSENSUS-CPZ ???-???-?--?--??-?-?I----??------?-???-?--?----R????---??R--A??---I---    367

                                                                          p51 \/
CONSENSUS-A   SIVIWGK?PKFRLPIQ?ETWE?WWMEYWQATWIPEWEFVNTPPLVKLWYQLEKDPI?GAETFYVDGAANR    550
CONSENSUS-B   -------t---k----K-------t----------------------------e--v-------------    602
CONSENSUS-D   -------T--------K----T--?-----------------------------E--I-------------    600
CONSENSUS-O   ?-?----L---?--VTR----T--A?-------------S----I----?--?E-------?--------    541
CONSENSUS-U   -------T--------K----A--T---------------------------TE--V-------------    602
CONSENSUS-CPZ ------?----?--??--?-?A--??------------?-----??---?-???--P???-?--------    416

CONSENSUS-A   ETK?GKAGYVTDRGRQKVVSLTETTNQKTELHAIHLALQDSGSEVNIVTDSQYALGIIQAQPDRSESE?V    618
CONSENSUS-B   ---l-----------------d--------q----------l--------------------k----l-    672
CONSENSUS-D   ---L----------------Pf-D--------Q--N-------L--------------------K----L-    670
CONSENSUS-O   ?--L-------EQ-K-?IIK-?------A--M-?L?-----KE?---------?--?-SS--TQ-?-PI-    602
CONSENSUS-U   ---K---------------------------Q------------------------------K----I-    672
CONSENSUS-CPZ ???---------?-??????-??----QA--?-?L?--?--???---------?--??-??--?---?L-    459

CONSENSUS-A   NQIIEKLI?K?KVYLSWVPAHKGIGGNEQVDKLVS?GIRKVLFLDGIDKAQE?HE?YH?NW?AMASDFNL    681
CONSENSUS-B   s----q--K-E----a------------------a----------------e--K--s--r---------    742
CONSENSUS-D   s----Q--K-E----A------------------Q----------------E--K--N--R---------    740
CONSENSUS-O   Q----E-TK-E?---T------------KI-----KD--R----E---Q---D--K--S----L--?-G-    669
CONSENSUS-U   -----Q--Q-D-----------------------S----------------E--K--S--R---------    742
CONSENSUS-CPZ ??--??--K?E?I---------------------------?----?---?-----?---S---??-???--    510
```

```
CONSENSUS-A   PP?VAKEIVASC?KCQ?KGEAMHGQVDC?PGIWQLDCTHLEGK?ILVAVHVASGYIEAEVIPAETGQETA    746
CONSENSUS-B   --v---------d---L-----------S--------------v--------------------------    812
CONSENSUS-D   --V---------D---L-----------S--------------V--------------------------    810
CONSENSUS-O   --------I---P--HI----?-----?S-E?--?----?---I-I-------?F---------------    732
CONSENSUS-U   --I---------D---L-----------S--------------I-I------------------------    812
CONSENSUS-CPZ --I-----?-?-D--?V----?------S-----V--------V-I-----?--?-----???---??--    569

CONSENSUS-A   YFILKLAGRWPVKVIHTDNGSNFTSAAVKA?CWWAN??QEFGIPYNPQSQGVVESMNKELKKIIGQVR?Q    812
CONSENSUS-B   --l----------t-----------tT---A----GiK------------------------------D-    882
CONSENSUS-D   --l-----------V---------------A----GIK------------------------------D-    880
CONSENSUS-O   --L----A------------P----??M--A---??IQH---------------A------S--Q---D-    798
CONSENSUS-U   --------------V---------------A-----IK------------------------------E-    882
CONSENSUS-CPZ --L----?-----T------?---------A----?I------------------?--?--?----?-D-    631

CONSENSUS-A   AEHLKTAVQMAVFIHNFKRKGGIGGYSAGERIIDIIA?DIQTKELQKQI?KIQNFRVYYRDSRDPIWKGP    880
CONSENSUS-B   ---------------------------------v----t-----------T---------------l----    952
CONSENSUS-D   -------------------------------------T-----------i--------------------    950
CONSENSUS-O   ----?--------V------------T----?---L-SQ---T------L-?N-----------------    865
CONSENSUS-U   -----------------------------------M--T-----------T-----------N--------    952
CONSENSUS-CPZ --?-----?---?-------------T?-?--?--?-T----??--?--L-?-?---?-------?----    687

                                     vif cds ->
CONSENSUS-A   AKLLWKGEGAVVIQDNSDIKVVPRRKAKIIRDYGKQMAGDDC?AGRQDED                       929
CONSENSUS-B   ------------------------------------------V-s-----                      1002
CONSENSUS-D   --------------------------V---------------V-S-----                      1000
CONSENSUS-O   -Q--------------KG----------------------T-SM-N--T-SESMEQPGEIP             925
CONSENSUS-U   ------------------------------------------V--G----KHGTAW                 1008
CONSENSUS-CPZ -?-------------QGEL-----------------------V-S--N--KHGTAW                 742
```

Sequences in the *Vif* Alignment

COMMON NAME	LOCUS	ACC #	FIRST AUTHOR	REFERENCE
SUBTYPE A:				
U455	HIVU455	M62320	Oram,J.D.	ARHR 6, 1073 (1990)
IBNG	HIVIBNG	L39106	Howard,R.M.	ARHR 10: 1755 (1994)
IFA86	HIVIFA86	Z30637	Wieland,U.	Virol. 203, 43 (1994)
SUBTYPE B:				
SF2	HIVSF2	K02007	Sanchez-Pescador,R.	Science 227, 484 (1985)
LAI	HIVLAI	K02013	Wain-Hobson,S.	Cell 40, 9 (1985)
HXB2R	HIVHXB2R	K03455	Starcich,B.	Science 227, 538 (1985)
LW123	HIVLW123	U12055	Reitz,M.	ARHR 10, 1143 (1994)
NL43	HIVNL43	M19921	Buckler,C.E.	JVI 59: 284 (1986)
NY5CG	HIVNY5CG	M38431	Theodore,T.	PNAS 83: 5038 (1986)
MN	HIVMN	M17449	Gurgo,C.	Virol. 164, 531 (1988)
JRCSF	HIVJRCSF	M38429	Koyanagi,S.	Science 236: 819 (1987)
JRFL	HIVJRFL	M74978	O'Brien,W.A.	Nature 348, 69 (1990)
NH52	HIVNH52	L07424	Weidt,G.	Unpublished (1992)
OYI	HIVOYI	M26727	Wain-Hobson,S.	AIDS 3: 707 (1989)
CAM1	HIVCAM1	D10112	McIntosh,A.	Unpublished (1991)
HAN	HIVHAN	U43141	Sauermann,U.	ARHR 6, 813 (1990)
D31	HIVD31	U43096	Dietrich,U.	Unpublished (1992)
RF	HIVRF	M17451	Starcich,B.R.	Cell 45, 637 (1986)
YU2	HIVYU2	M93258	Li,Y.	JVI 65, 3973 (1991)
BCSG3C	HIVBCSG3C	L02317	Ghosh,S.K.	Virol. 194, 858 (1993)
IFA70	HIVIFA70	Z30632	Wieland,U.	Virol. 203, 43 (1994)
IFA19	HIVIFA19	Z30686	Wieland,U.	Virol. 203, 43 (1994)
IFA65	HIVIFA65	Z30630	Wieland,U.	Virol. 203, 43 (1994)
P896	HIVP896	M96155	Collman,R.	JVI 66, 7517 (1992)
YU10	HIVYU10	M93259	Li,Y.	JVI 65, 3973 (1991)
IFA10	HIVIFA10	Z30679	Wieland,U.	Virol. 203, 43 (1994)
3202A12	HIV3202A12	U34603	Guillon,C.	ARHR 11, 1537 (1995)
3202A21	HIV3202A21	U34604	Guillon,C.	ARHR 11, 1537 (1995)
MANC	HIVMANC	U23487	Zhu,T.	Nature 3745, 503 (1995)
WEAU160	HIVWEAU160	U21135	Ghosh,S.	Unpublished (1995)
SUBTYPE D:				
ELI	HIVELI	K03454	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
Z2Z6	HIVZ2Z6	M22639	Theodore,T.	Unpublished (1988)
Z6	HIVZ6	K03458	Srinivasan,A.	Gene 52, 71 (1987)
NDK	HIVNDK	M27323	Spire,B.	Gene 81, 275 (1989)
SUBTYPE O:				
MVP5180	HIVMVP5180	L20571	Gurtler,L.G.	JVI 68, 1581 (1994)
ANT70C	HIVANT70C	L20587	Vanden Haesevelde,M.	JVI 68, 1586 (1994)
HYBRIDS:				
AD_MAL	HIVMAL	K03456	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
CPZ:				
CPZGAB	SIVCPZGAB	X52154	Huet,T.	Nature 345, 356 (1990)
CPZANT	SIVCPZANT	U42720	Vanden Haesevelde,M.	Virol. In Press (1996)

Subtypes C, and E-H are not currently represented in VIF. The sequence MAL has been identified as a likely hybrid in this region. It is presented with respect to a duplicate of the subtype A consensus.

```
                                  <- pol cds
CONSENSUS-A   MENRW.Q.VMIVWQVDRMrIRTWNSLVKHHMYVSKKAkGWFYRHHfEsRHpkvsSEVHIPLGd..ARLVV     66
U455          -----.-.----------K------------------Q-------Y----SR----------E..-----     66
IBNG          -----.-.-----------------------------------------------C---------..-----     66
IFA86         -----.-.----------------------------------------C----A----------..-----     66

CONSENSUS-B   MEnRw?q.VMiVWQvDRMRIrtWksLVKHHmYiSgKAkgwfyrHHYESthPriSSEVhIPlGd..arLVi     66
SF2           -----.-.-------------------------K-----------------V----------..-K---     66
LAI           -----.-.------------------------V----R----------P--------------..-----     66
HXB2R         -----.-.------------------------V----R----------P--------------..-----     66
LW123         -----.-.------------------------V----R----------P--------------..-----     66
NL43          -----.-.------------N---R---------R---D----------N-K-----------..-K---     66
NY5CG         -----.-.------------N---R---------R---D----------N-K-----------..-K---     66
MN            ----R.-.------A-------------------K----R-----------------------..-----     66
JRCSF         -----.-.---------------N----------------I-K------N--V----Q-----..-----     66
JRFL          -----.-.-------------------------T-------I----------------------..-----     66
NH52          -----.-.--V----------A------------R----------------------------..-K---     66
OYI           -----.-.------------------------V-K----------------------------..-T--V     66
CAM1          -----.-.------------------------------K-S---------------------E..----V     66
HAN           -----##.---------------N------I-C-R---N-V--------N--V---------E..-K---     65
D31           -----.-.------------------------V----EK---K------N-------------..-----     66
RF            -----.-.---------------------------R-------------------------P--..E----     66
YU2           -----.-.-------------A---------------R----------P--------------..-K---     66
BCSG3C        -----.-.---------------I----------R----------------K-----------..-----     66
IFA70         -----.-.------------------------V----R----------P--------------..-----     66
IFA19         -----.-.-----------------------------------------N--T---------E..-K---     66
IFA65         -----.-.---------------N----------K---R-V-------I---K----------..-K---     66
P896          -----.-.------------------------------S--------N-------------..-K--V     66
YU10          -----.-.-------------A---------------R----------P--------------..-K---     66
IFA10         -----.-.-------------A-------------------H------N-------------..----V     66
3202A12       -----.-.-------------A----------K-K--ER---------------------V-E..-----     66
3202A21       -----.-.-------------A----------K-K--ER---------------------V-E..-----     66
MANC          --S--.-.------------------------------R-S-K------N--V----------..-K---     66
WEAU160       -----.-.---------------------------K-----S---------------------E..GK---     66

CONSENSUS-D   MENRW.Q.VMIVWQVDRMRIrTWKSLVKhHMYVSKKA?RWFYRHHYdSpHPKISSEVHIPLGE..ArLVv     65
ELI           -----.-.------------K----------------N--------E----------------..----I     66
Z2Z6          -----.-.------------------------------S-------------------------..-M---     66
Z6            -----.-.------------------------------S-------------------------..-----     66
NDK           -----.-.------------N-------Y--------N----------H--------------..-----     66

CONSENSUS-O   MENRW.Q.VLIVWQ?DRQKVKAWNSLVKYHKY?S?K??NW?YRHHYESRNP?VSS?VYIPV??..A??VV     54
MVP5180       -----.-.------I-----------------M-K-AA--R----------K---A-----AE..-DI--     66
ANT70         -----.-.------V-----------------R-R-TE--W----------R---S-----GV..-HV--     66

CONSENSUS-A   MENRW.Q.VMIVWQVDRMrIRTWNSLVKHHMYVSKKAkGWFYRHHfEsRHpkvsSEVHIPLGd..ARLVV     66
AD_MAL        -----.-.---------------H--------------N------Y-----------------..-----     66

CONSENSUS-CPZ M????.?.V??VWQVDRMRI??W?SLVK?HI???K????W?YRHHY????PK???E?HIP??????KL?V     34
CPZGAB        -ENRW.Q.-MI---------KT-N----Y--YRS-KARG-F-----DHPN--VAS-I---FRDY.S--I-     67
CPZANT        -TASV.G.-IA---------NI-K----H--WET-VLKP-K-----ENDH--KGE-V---LPTLDK--V-     68
```

HIV1 VIF

```
CONSENSUS-A   RTYWGLHTGErDWHLGhGVSIEWrqKRYSTQvDPDLADqLIHLhYFdCFSdSAIRkAILGeiVRPRCEYQ    136
U455          ----------K-------------L-------------H-----------E----R----Q---------    136
IBNG          -----------------------K-------I-----------Y--N-----------------------    136
IFA86         ----------------Q-------------------------------------------V--------    136

CONSENSUS-B   tTyWGLhTgeRdWhLGqGvsiEWRkkrYstQVdPdlADqLIHlyyFDCFSeSAIrnailGhivsprCEyq    136
SF2           -----------E-------A------K-------G--------H----------K-----YR--------    136
LAI           ----------------------------------E---------------D----K-L------------    136
HXB2R         ----------------------------------E---------------D----K-L------------    136
LW123         ----------------------------------E---------------D----K-L---------       132
NL43          -------------------------------------------H------------T---R---------    136
NY5CG         -------------------------------------------H------------T---R---------    136
MN            --------------------------------------H----H------D----K-----R---I--F-    136
JRCSF         --------------------M---TR-------------------------------------------    136
JRFL          --------------------V-------N-------------------------------------------    136
NH52          --------$x                                                                 75
OYI           -----------E------A---------------G-------T-----------------N--------P    136
CAM1          -----------------------T-G-N--------------------------K--V-RL--------    136
HAN           ------------------A------R--------N-------------------------R---------    135
D31           -------------Q--H-----------------G-------------------------R-G--S---R    136
RF            -------------------------R----------------------------KPS------------    136
YU2           ------------------------------------------------------K----YR--------    136
BCSG3C        ----------------H---V---------------------------------------------------    136
IFA70         ----------------------------------E---------------D----K-L------------    136
IFA19         -------------------------------------------H-----------S-------------R    136
IFA65         ------Q-------------------------T--I-------------------Q-------ISS----    136
P896          ---------------------------------G---R-----------D----KS--------S----    136
YU10          ------------------------------------------------------------YR--------    136
IFA10         --F----------------------R------G----------H-----------S-----R-R------    136
3202A12       ----------------------------------G--------------------------V--------    136
3202A21       ----------------------------------G--------------------------V--------    136
MANC          K-----------------A-------G--I----G----------------------------------    136
WEAU160       -------------------------Q------------------H----------------L-I------    136

CONSENSUS-D   kTYWGLHTGEr?WHLGQGVSIEWRKRRYSTQVDPGLADQLIHMYYFDCFsE?AIRKAILGhIVS?rCEYQ    132
ELI           -----------E--------------------------------------S--------D---P-----    136
Z2Z6          -----------D--------------------------------------A------------H-----    136
Z6            -----------D--------------------------------------A------------H-----    136
NDK           T---------KE-------------------------------------A-S------------PS----    136

CONSENSUS-O   TTYWGLMPGER?EHLGHGVSIEW?YK?YKTQIDPETADRMIHLHYFTCFT?SA?RKAILGQRVLTKCEY?    118
MVP5180       -----------E-----------Q--E-----------------------E--I---------------L    136
ANT70         -----------D-----------R--K-----------------------A--V--------------P    136

CONSENSUS-A   RTYWGLHTGErDWHLGhGVSIEWrqKRYSTQvDPDLADqLIHLhYFdCFSdSAIRkAILGeiVRPRCEYQ    136
AD_MAL        ------Q---K--------------------L-----------Y------E----Q----H--S---D--    136

CONSENSUS-CPZ T??W?L??GER?WHLGHGVSI?WR?G?Y?TQVDP?TAD??IH??YF?CF???A?R?AILG??????C?YK     76
CPZGAB        -TY-A-SP---A---------Q--L-S-V-----F---RL--SQ--D--AET-I-R----QLVAPR-E--    137
CPZANT        -VF-G-QC---P---------E--C-K-I-----E---QM--QY--P--SDQ-V-Q----ERILTY-H--    138
```

```
                                                vpr cds ->
CONSENSUS-A   AGHNKVGSLQYLAL.kAL...VaPtkaKPPLPSvkKLtEDRWnePQKTRGHRGsR?mNgH$   191
U455          --------------.---...-T--R-----------------K-----------TL-R-    192
IBNG          --------------.N--...-----T-------R--A----K------------P-----    192
IFA86         --------------.---...---K--------L-------------------N-S-----    192

CONSENSUS-B   AGHnKVGsLQYLAL.aAL...itpkkikPPlPsV?KLTEDRWNKPqKTKGHRgShtmnGH$   191
SF2           --------------.---...-----T-------K-------------------------    192
LAI           --------------.---...-------------T-------------------------    192
HXB2R         --------------.---...--------------T------------------------    192
LW123                                                     #---------------    146
NL43          --------------.---...-K--Q--------R-------------------------    192
NY5CG         --------------.---...-K--Q--------R-------------------------    192
MN            -------P------.T--...--------------K----------------------I---    192
JRCSF         ---S----------.T--...-K-----------K-------------------------    192
JRFL          --------------.T--...-KS----------K-------------------------    192
OYI           --------------.---...-K-----------T-------------------------    192
CAM1          --------------.T--...-A-----------R-------------------------    192
HAN           ---S----------.---...T----------I-T----------------------H--    191
D31           --------------.---...-------------A----------R--------------    192
RF            --------------.---...T------------K-------------------------    192
YU2           --------------.T--...-----T-------K-------------------R-----    192
BCSG3C        --------------.---...----R--------T--------------------------    192
IFA70         --------------.---...-------------T--------------------------    192
IFA19         --------------.T--...V------------K-------------------------    192
IFA65         ---K----------.---...-K---KR------K--------------------S-----    192
P896          --------------.---...T--RR----F---T----------------------T---    192
YU10          --------------.T--...-----T-------K-------------------R------    192
IFA10         --------------.T--...-----T-------R--------------------S-----    192
3202A12       --------------.---...-K---T-------T-------------------------    192
3202A21       --------------.---...-K-----------T-------------------------    192
MANC          --------------.---...-----T-------T-----------------E--------    192
WEAU160       --------------.T--...-------------K-------------------------    192

CONSENSUS-D   AGH?KVGSLQYLAL.tAL...iAPKkIKPPLPSVRKLTEDRWNKPQkTkGh?gSHTMNGH   186
ELI           ---N----------.---...----Q--------------------Q-R--R--------    192
Z2Z6          ---S----------.---...V-----------------------------K--------    192
Z6            ---S----------.---...-----------------------------K#----       188
NDK           ---N----------.A--...-----------------------------RR--------    192

CONSENSUS-O   ?GHSQVGTLQ?LAL.?AV...VK????KPPLPSVQ?LTEDRWNK???IRDQL?S?SMNGH$   161
MVP5180       A---------F---.K--...--VKRN--------R--------PWK-----G-H------    192
ANT70         T---------L---.R--...--ARSR--------K--------HLR-----K-P-----    192

CONSENSUS-A   AGHNKVGSLQYLAL.kAL...VaPtkaKPPLPSvkKLtEDRWnePQKTRGHRGsR?mNgH$   191
AD_MAL        --------------.T--...I--K-TR------R--------K--Q-K-----HT----    192

CONSENSUS-CPZ ?GH?QVG?LQ?LA??K?L?????????R???PS???LTEDRWNK??R???H?EN?TRNGH   107
CPZGAB        E--R---S--F--L.-A-...ISERRH-PPL--VAK--------HQ-TKV-Q--L-----    193
CPZANT        K--S---T--Y--FC-I-EFRGYPKGP-RQF--LSI--------PR-MRG-R--Q       193
```

HIV1 VIF CONSENSUS

```
                                  <- pol cds
CONSENSUS-A   MENRW.Q.VMIVWQVDRMrIRTWNSLVKHHMYVSKKAkGWFYRHHfEsRHpkvsSEVHIPLGd..ARLVV     66
CONSENSUS-B   -----?-.---------------k--------i-g----------Y--t--ri----------..----i     66
CONSENSUS-D   -----.-.---------------K-------------?R------Yd-p---I---------E..-----     65
CONSENSUS-O   -----.-.-L----?--QKVKA------Y-K-?-?-??N-?----Y---N-?---?-Y--V??..-??--     54
CONSENSUS-CPZ -????.?.-??---------??-?----?-I???-????-?----Y????--???-?---??????K-?-     34

CONSENSUS-A   RTYWGLHTGErDWHLGhGVSIEWrqKRYSTQvDPDLADqLIHLhYFdCFSdSAIRkAILGeiVRPRCEYQ    136
CONSENSUS-B   t---------------q-------k------------------y------e----n----h--s------    136
CONSENSUS-D   k----------?----Q-------KR--------G-------MY------E?--------h--S?-----    132
CONSENSUS-O   T-----MP---?E----------?Y-?-K--I--ET--RM------T--T?--?------QR-LTK---?    118
CONSENSUS-CPZ T??-?-??---?---------?--?G?-?-----?T--??--??--?--???-?-?----??????-?-K     76

                                            vpr cds ->
CONSENSUS-A   AGHNKVGSLQYLAL.kAL...VaPtkaKPPLPSvkKLtEDRWnePQKTRGHRGsR?mNgH$             191
CONSENSUS-B   --------------.a--...it-k-i-------?--------K----K-----ht-----             191
CONSENSUS-D   ---?----------.t--...i--K-I-------R--------K----k--?--HT----             186
CONSENSUS-O   ?--SQ--T--?---.?-V...-K????-------Q?-------K???I-DQL?-?S-----             161
CONSENSUS-CPZ ?--?Q--?--?--??-?-?????????R???--???-------K??R???-?EN?TR---              107
```

Sequences in the *Vpr* Alignment

COMMON NAME	LOCUS	ACC #	FIRST AUTHOR	REFERENCE
SUBTYPE A:				
U455	HIVU455	M62320	Oram,J.D.	ARHR 6, 1073 (1990)
IBNG	HIVIBNG	L39106	Howard,R.M.	ARHR 10: 1755 (1994)
SUBTYPE B:				
SF2	HIVSF2	K02007	Sanchez-Pescador,R.	Science 227, 484 (1985)
LAI	HIVLAI	K02013	Wain-Hobson,S.	Cell 40, 9 (1985)
HXB2R	HIVHXB2R	K03455	Starcich,B.	Science 227, 538 (1985)
NL43	HIVNL43	M19921	Buckler,C.E.	JVI 59: 284 (1986)
NY5CG	HIVNY5CG	M38431	Theodore,T.	PNAS 83: 5038 (1986)
LW123	HIVLW123	U12055	Reitz,M.	ARHR 10, 1143 (1994)
MN	HIVMN	M17449	Gurgo,C.	Virol. 164, 531 (1988)
SC	HIVSC	M17450	Gurgo,C.	Virol. 164, 531 (1988)
JRCSF	HIVJRCSF	M38429	Koyanagi,S.	Science 236: 819 (1987)
JRFL	HIVJRFL	M74978	O'Brien,W.A.	Nature 348, 69 (1990)
NH52	HIVNH52	L07424	Weidt,G.	Unpublished (1992)
OYI	HIVOYI	M26727	Wain-Hobson,S.	AIDS 3: 707 (1989)
CAM1	HIVCAM1	D10112	McIntosh,A.	Unpublished (1991)
HAN	HIVHAN	U43141	Sauermann,U.	ARHR 6, 813 (1990)
D31	HIVD31	U43096	Dietrich,U.	Unpublished (1992)
RF	HIVRF	M17451	Starcich,B.R.	Cell 45, 637 (1986)
YU2	HIVYU2	M93258	Li,Y.	JVI 65, 3973 (1991)
BCSG3C	HIVBCSG3C	L02317	Ghosh,S.K.	Virol. 194, 858 (1993)
YU10	HIVYU10	M93259	Li,Y.	JVI 65, 3973 (1991)
P896	HIVP896	M96155	Collman,R.	JVI 66, 7517 (1992)
3202A12	HIV3202A12	U34603	Guillon,C.	ARHR 11, 1537 (1995)
3202A21	HIV3202A21	U34604	Guillon,C.	ARHR 11, 1537 (1995)
MANC	HIVMANC	U23487	Zhu,T.	Nature 3745, 503 (1995)
WEAU160	HIVWEAU160	U21135	Ghosh,S.	Unpublished (1995)
SUBTYPE D:				
ELI	HIVELI	K03454	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
Z2Z6	HIVZ2Z6	M22639	Theodore,T.	Unpublished (1988)
Z6	HIVZ6	K03458	Srinivasan,A.	Gene 52, 71 (1987)
NDK	HIVNDK	M27323	Spire,B.	Gene 81, 275 (1989)
SUBTYPE O:				
ANT70C	HIVANT70C	L20587	Vanden Haesevelde,M.	JVI 68, 1586 (1994)
MVP5180	HIVMVP5180	L20571	Gurtler,L.G.	JVI 68, 1581 (1994)
SUBTYPE U:				
MAL	HIVMAL	K03456	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
CPZ:				
CPZGAB	SIVCPZGAB	X52154	Huet,T.	Nature 345, 356 (1990)
CPZANT	SIVCPZANT	U42720	Vanden Haesevelde,M.	Virol. In Press (1996)

Subtypes C and E-H are not currently represented in VPR. The sequence MAL could not easily be assigned to any of the three VPR subtypes, A, B, and D.

```
                                        <- vif cds                                LR domain
                  /<-            oligomerization            ->/                   /<-
CONSENSUS-A       ME?..AP.EDQGPQREP??E??LELLEELKHE?VRHFPR?WLHGLGQHIY?TYGDTWEGV?AIIRILQQL     58
U455              --Q..--.---------YA-$A----------D------Q----------N---------E---------     66
IBNG              --R..--.---------SN-WT----------A------P----------E---------K---------     67

CONSENSUS-B       meq??ap?EdQGPQRePyNeWtLELLeeLK?EAVRHFPRiWLh?LgQhIYETYGDtWaGVEAiiRiLQQL     65
SF2               ---..--.----------------------R--------P---S---Y----------------------     67
LAI               ---..--.---------H------------N------------G--------------------------     67
HXB2R             ---..--.---------H------------N------------G--------------------------     67
NL43              ---..--.----------------------S------------N--------------------------     67
NY5CG             ---..--.----------------------S------------N--------------------------     67
LW123             $DT$L-LG---------H------------N------------G--------------------------     68
MN                ---..--.-----------Q-A--------N------------G--------------------------     67
SC                ---..--.------------------RK--S------------G--------------------------     67
JRCSF             ---..--.----------------------N------------S---Y----------------------     67
JRFL              ---..--.----------------------N--------V---S---Y----------------------     67
NH52              ---..--.----------------------N------------S---Y---------T------------     67
OYI               ---..--.----------------------S------------S-E-Y---------E------------     67
CAM1              ---..T-.-------Q--------------S--------P--LA-------------P----L--S----     67
HAN               ---..--.-----------A----------S------------S---Y----------------------     67
D31               ---..--.----------------------S------------S-------------T----L--M----     67
RF                ---..--.----------------------S--------L---S--------------------------     67
YU2               ---..--.---------H------------R--------P---G--------------------------     67
BCSG3C            ---..--.----------------------N------------G---Y--------------LV-T----     67
YU10              ---..--.---------H------------R--------P---G--------------------------     67
P896              ---..--.-----------D----------N------------S-------------T----L-------     67
3202A12           ---..--.----------------------R--------P---G--------------------------     67
3202A21           ---..--.-N--------------------R--------P---G--------------------------     67
MANC              ---..--.----------------------S------------S---Y-------A-T----L--T----     67
WEAU160           ---..--.----------------------S--------V---S-------------T------------     67

CONSENSUS-D       MEQ..AP.eDQGPQRePYNEWtLELlEELKSEAVRHFPRIWLHSLGQ?IYETYGDTW?GVEA?IRILQQL     64
ELI               ---..--.A------------A-------------------------H---------V----I-------     67
Z2Z6              ---..--.----------------------------------------Y---------A----L-------     67
Z6                ---..--.-------#---------#---------------------Y---------V----L-------     65
NDK               ---..--.----------------------------------------H---------A----I-------     67

CONSENSUS-O       MEQ..Ap.enQGParEPfNEWtLELLEELK?EAVRHFPRpWLhalGQyIYETYGDTWeGVmAIIRiLQQL     66
ANT70             ---..--.------K------A--------A--------------------------V------------     67
MVP5180           ---..-L.----------------------E-----------Q-C-------------------------     67

CONSENSUS-U       MEQ..AP.ADQGPQREPHNEWTLELLEELKQEAVRHFPRIWLHSLGQHIYETYGDTWEGVEAIIRSLQQL     67
MAL               ---..--.------------------------------------------------------------     67

CONSENSUS-CPZ     MEQ..AP.?D?GP?REP??EW?LETLEE?KNEAVRHFP?P?L????Q?????Y?????????????Q??     33
CPZGAB            ---..--.E-Q--P---YQ--A------L---------R-W-HQLG-FIYDT-GDTWVGVEAIIRIL-HL     67
CPZANT            ---..--.Q-E--Q---MN--L------I---------Q-T-....-HLEIG-.............M-.I     49
```

HIV1 VPR

```
                    LR domain ->/  tat cds ->
CONSENSUS-A   LF?H.FRIGCQHSRIGII...?GRRG.RNGA?RS$                    84
U455          --I-.--------------...P----.----S--                    95
IBNG          --V-.--------------...Q----.----G---                    96

CONSENSUS-B   LFih?FRIGCrhsRiGit...?qRRa?RNGaSRS$                    93
SF2           ----.-----Q------I...Q----R-------                     97
LAI           ----.-----------V-...Q----.-------                     96
HXB2R         ----#------                                            77
NL43          ----.-----------V-...R----.-------                     96
NY5CG         ----.-----Q------I...R----.-------                     96
LW123         --T-.-----------V-...R----.--------                    97
MN            ----.------------I...R----.-------                     96
SC            ----.------------I...Q---S.---S---                     96
JRCSF         ----.--------------...R----.-------                     96
JRFL          ----.-----Q-------...R----.-------                     96
NH52          ----.-----Q---M---...QR--T.-------                     96
OYI           ----.-----Q-------...R----.-------                     96
CAM1          ----.------------I...Q---S.-------                     96
HAN           ----.--------------...P----.-------                     96
D31           ----.-----Q-------...R----.-------                     96
RF            ----.-----Q-------...R----.-------                     96
YU2           ----.-----Q------I...Q----R-------                     97
BCSG3C        --TL.--------------...QR---.-------                     96
YU10          ----.-----Q-                                           78
P896          ----.-------                                           78
3202A12       ----.-----Q------I...Q----R--------                    97
3202A21       ----.-----Q------I...Q----R--------                    97
MANC          ----.-------                                           78
WEAU160       ----.--------------...P----.--------                    96

CONSENSUS-D   LFIH.FRIGCQHsRIgIt...RQRRA.RNGSSRS                     93
ELI           ----.------------I...-----.-------                     96
Z2Z6          ----.--------------...-----.-------                     96
Z6            ----.-------                                           76
NDK           ----.----------S--...-----.-------                     96

CONSENSUS-O   LFtH.yRIGCQHSRIGI?????rgRgrRNGSSRS                     94
ANT70         ----.------------N...P------------                     97
MVP5180       ----.------------LPSNT------------                    100

CONSENSUS-U   LFIH.FRIGCQHSRIGIT...RQRRA.RNGSSRS                     96
MAL           ----.--------------...-----.-------                     96

CONSENSUS-CPZ ??IH.????C??SRIGIL...PQRRR.SNGSNRS                     54
CPZGAB        LF--.FRLG-QH------...-----.-------                     96
CPZANT        TE--..GEE-RF                                           59
```

```
                                  <- vif cds                                LR domain
              /<-            oligomerization            ->/                  /<-
CONSENSUS-A   ME?..AP.EDQGPQREP??E??LELLEELKHE?VRHFPR?WLHGLGQHIY?TYGDTWEGV?AIIRILQQL     58
CONSENSUS-B   --q??--?---------yN-Wt--------?-A------i---?------E------a--E---------     65
CONSENSUS-D   --Q..--.---------YN-Wt--------S-A------I---S---?--E------?--E-?-------     64
CONSENSUS-O   --Q..--.-n---a---fN-Wt--------?-A------p---a---y--E---------m---------     66
CONSENSUS-U   --Q..--.A--------HN-WT--------Q-A------I---S------E---------E----S----     67
CONSENSUS-CPZ --Q..--.?-?--?------W---T---?-N-A-----?P?-????-???-?-???????-??????-??     33

                  LR domain ->/  tat cds ->
CONSENSUS-A   LF?H.FRIGCQHSRIGII...?GRRG.RNGA?RS$                                       84
CONSENSUS-B   --i-?-----r------t...-q--a?----S---                                       93
CONSENSUS-D   --I-.------------t...RQ--A.---SS--                                        93
CONSENSUS-O   --t-.y-----------????-rg--r---SS--                                        94
CONSENSUS-U   --I-.------------T...RQ--A.---SS--                                        96
CONSENSUS-CPZ ??I-.????-??-----L...PQ--R.S--SN--                                        54
```

Sequences in the *Tat* Alignment

COMMON NAME	LOCUS	ACC #	FIRST AUTHOR	REFERENCE
SUBTYPE A:				
U455	HIVU455	M62320	Oram,J.D.	ARHR 6, 1073 (1990)
UG273A	HIVUG273A	L22957	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
UG275A	HIVUG275A	L22951	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
DJ263A	HIVDJ263A	L22941	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
DJ264A	HIVDJ264A	L23064	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
DJ258A	HIVDJ258A	L22939	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
SF170	HIVSF170	M66535	Evans,L.	PNAS 85, 2815 (1988)
SUBTYPE B:				
SF2	HIVSF2	K02007	Sanchez-Pescador,R.	Science 227, 484 (1985)
TH475A	HIVTH475A	L31963	Neumann,M.	JVI 69, 2159 (1995)
LAI	HIVLAI	K02013	Wain-Hobson,S.	Cell 40, 9 (1985)
HXB2R	HIVHXB2R	K03455	Starcich,B.	Science 227, 538 (1985)
NL43	HIVNL43	M19921	Buckler,C.E.	JVI 59: 284 (1986)
NY5CG	HIVNY5CG	M38431	Theodore,T.	PNAS 83: 5038 (1986)
MN	HIVMN	M17449	Gurgo,C.	Virol. 164, 531 (1988)
SC	HIVSC	M17450	Gurgo,C.	Virol. 164, 531 (1988)
BAL1	HIVBAL1	M68893	Gartner,S.	Science 233: 215 (1986)
JRCSF	HIVJRCSF	M38429	Koyanagi,S.	Science 236: 819 (1987)
JRFL	HIVJRFL	M74978	O'Brien,W.A.	Nature 348, 69 (1990)
NH5	HIVNH5	L07424	Weidt,G.	Unpublished (1992)
OYI	HIVOYI	M26727	Wain-Hobson,S.	AIDS 3: 707 (1989)
SF162	HIVSF162	M38428	Cheng-Mayer,C.	JVI 64, 4390 (1990)
CAM1	HIVCAM1	D10112	McIntosh,A.	Unpublished (1991)
CDC42	HIVCDC42	M13137	Desai,S.M.	PNAS 83, 8380 (1986)
SF33	HIVSF33	M38427	York-Higgins,D.	JVI 64, 4016 (1990)
RJS	HIVRJS	M37491	Daniels,R.S.	JVI 65, 5574 (1991)
HAN	HIVHAN	U43141	Sauermann,U.	ARHR 6, 813 (1990)
D31	HIVD31	U43096	Dietrich,U.	Unpublished (1992)
RF	HIVRF	M17451	Starcich,B.R.	Cell 45, 637 (1986)
YU2	HIVYU2	M89974	Li,Y.	JVI 65, 3973 (1991)
BCSG3C	HIVBCSG3C	L02317	Ghosh,S.K.	Virol. 194, 858 (1993)
T810144	HIVT810144	U01471	Sabino,E.	AIDS 8, 901 (1994)
3202A11	HIV3202A11	M64489	Groenink,M.	JVI 65, 1968 (1991)
P896	HIVP896	M96155	Collman,R.	JVI 66, 7517 (1992)
TATAB	HIVTATAB	M64490	Groenink,M.	JVI 65, 1968 (1991)
3202A12	HIV3202A12	U34603	Guillon,C.	ARHR 11, 1537 (1995)
3202A21	HIV3202A21	U34604	Guillon,C.	ARHR 11, 1537 (1995)
MANC	HIVMANC	U23487	Zhu,T.	Nature 3745, 503 (1995)
WEAU160	HIVWEAU160	U21135	Ghosh,S.	Unpublished (1995)
SUBTYPE C:				
SM145	HIVSM145	L11803	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
DJ259	HIVDJ259	L11764	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
DJ373A	HIVDJ373A	L23065	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
UG268A	HIVUG268A	L11799	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
SUBTYPE D:				
ELI	HIVELI	K03454	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
Z2Z6	HIVZ2Z6	M22639	Theodore,T.	Unpublished (1988)
Z6	HIVZ6	K03458	Srinivasan,A.	Gene 52, 71 (1987)
UG269A	HIVUG269A	L22949	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
NDK	HIVNDK	M27323	Spire,B.	Gene 81, 275 (1989)

HIV1 TAT

SE365	HIVSE365	L11797	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
UG274A2	HIVUG274A2	L22950	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
MAL	HIVMAL	K03456	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
SUBTYPE F:				
BZ126A	HIVBZ126A	L22082	Louwagie,J.J.	ARHR 10, 561 (1994)
BZ163A	HIVBZ163A	L22085	Louwagie,J.J.	ARHR 10, 561 (1994)
SUBTYPE O:				
ANT70C	HIVANT70C	L20587	Vanden Haesevelde,M.	JVI 68, 1586 (1994)
MVP5180	HIVMVP5180	L20571	Gurtler,L.G.	JVI 68, 1581 (1994)
SUBTYPE U:				
ZAM184	HIVZAM184	L22955	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
CPZ:				
CPZGAB	SIVCPZGAB	X52154	Huet,T.	Nature 345, 356 (1990)
CPZANT	SIVCPZANT	U42720	Vanden Haesevelde,M.	Virol. In Press (1996)

Subtypes E, G, and H are not currently represented in TAT. The sequence ZAM184 could not easily be
assigned to any of the three TAT subtypes, A, B, C, D and F.

```
                                   intramolecular    3'sj   3'sj
                                  disulfide bonding   \/     \/
                                  |              | rev cds ->/<- nls ->/
CONSENSUS-A   M?PVDPnLEPWnHPGSqPtTaCskCYCK?CCwHCqlCFLnKGLGISYGrKKR..r?RRgtPQs?kDhQnp     64
U455          -E---------K-----------N----V----------K--------K---..KP---P--GS----TL     68
UG273A        -D--------------K---P-------V--Y--PV---K------------..SQ-------N------     68
UG275A        -D------------------P-N-----K--Y--TV----------------..KQ--R---CN------     68
DJ263A        -E----S---------------------I-----------------------..-R-------RQ-----     68
DJ264A        -E----S----------------N----I-----------------------..-R-------RQ-R---     68
DJ258A                         x---------K-----------------------..-R-------RQ-----     50
SF170         -D------------------P-------V--Y--PA---R------------..-Q-------N------     68

CONSENSUS-B   MePVdprLEPWkHPGSQPktactnCYCKkCCfHCqvCFttKgLgISYGRKKR..RQRrrapqdSqthQvs     68
SF2           ------N-----------R---N-----------YA---R------------..--------------A-     68
TH475A        -----------------------T--------------M--A----------..------H-N-----A-     68
LAI           -----------------------T----------------A----------..-----P--G-------     68
HXB2R         ----------------------------------------I--A----------..------H-N-----A-     68
NL43          ----------------------------------------M--A----------..------H-N-----A-     68
NY5CG         ----------------------------R------------A----------..----------E-----     68
MN            ---------------------T---------------K-A----------..-------E--------     68
SC            -D-----------------A---S----------------------------..----------------     68
BAL1          ------K----------------T--------------I-------------..----------E-----     68
JRCSF         ------S------------------------L--------------------..-----P----------     68
JRFL          ------S----------------T-------L------I-------------..--------------A-     68
NH5           --------------------P--T-------L--------------------..----------------     68
OYI           ---------------------SN-----R--L-------K------------..----------K-----     68
SF162         ----------------------------------------I-------------..-------P--EV----     68
CAM1          ------------------R---------Q---------I-------------..-----T--S-K---A-     68
CDC42         ----------------------------------------K-A----------..------H----N--A-     68
SF33          ------N-----------R-------------------I-------------..---Q---DS--N--D-     68
RJS           --------------------E------------------------------..------H-N--N--IP     68
HAN           -------------------R-P----------L-------R---S--------..----------------     68
D31           -----------E--------------------------K------------..-------E--------     68
RF            ----------------------N--------Y------L-------------..----GP--G-------     68
YU2           ------N-----------R---N----------------K------------..-----P--------S-     68
BCSG3C        -----------------------K-------L------M-------------..--------------A-     68
T810144       ----------------------------------------K-A----------..-----P--N--A----     68
3202A11       ------K---------------N----------------K------------..--------------A-     68
P896          ----N-S----------------------------A--I-------------..-----P----------     68
TATAB         ------K---------------N----------------K------------..--------------A-     68
3202A12       ------K---------------N----------------K------------..--------------A-     68
3202A21       ------K---------------N----------------K------------..-----S----E-----     68
MANC          -----------N-----------K-------L------I-------------..-------P----R---     68
WEAU160       -----H----------------------R---------M-------------..-----S--N-----D-     68

CONSENSUS-C   m?pvDP?LEPWnHpGsQPKTaCtkCycKkCsYHClVCFqtKGLGISYGRKKR..RqRRsaP?sSEDHQnp     65
SM145A                   x---C------NN----L-----------------------..-------Q--------     57
DJ259A        SV$I--R---------------N----------------------------..-------P------T-     67
DJ373A        -E----N-----------------------------------------------..-------S-------L     68
UG268A                     x------P----FG-------Q---LN------------..----N--P-------L     55

CONSENSUS-D   mdpvDPnlEpWNHPGSQP?TpCNkChCKKCCYHCqvCFitKgLGISYGRKKR..RQRRrppqggQaHQ?p     66
ELI           ------------------R---------------P---LN------------..----G---------V-     68
Z2Z6          -------I----------K-A--R----------------------------..------S----T--D-     68
Z6            ------------------K-A--R----------------------------..------S----T--D-     68
UG269A                                                 x----------..-----S-K------V-     27
NDK           ---------S--------R-A------------------------------..----K----D----V-     68
SE365A        ------------------K----N-Y---------N----------------..-----T---N-T--VS     68
UG274A        SV$I--R-----------S------Y---------L----------------..--------SS----D-     67
MAL           ------------------R------Y---------M----------------..---------N----D-     68

CONSENSUS-F   MELVDPNLDPWNHPGSQPTTPCTKCYCKRCCFHCQWCFTTKGLGISYGRKKR..KQRHRTPQSSQIHQDL     68
BZ163A        ----------------------------------------------------..----------------     68
BZ126A        ----------------------------------------------------..----------------     68

CONSENSUS-O   MDPVDPE?PPWHHPGS?PQ?PCNNCYCKRCCYHCYVCF??KGLGIS?GRKKR...????AAAS?PD?KDP     55
ANT70         -------V--------Q--I------------------VR------Y-----....GRP----H--H---     66
MVP5180       -------M--------K--T------------------TK------H-----...RRPA----Y--N---     67

CONSENSUS-U   MDPVDPKLEPWNHPGSQPKTACTKCYCKKCCYHCPVCFLNKGLGISYGRKKR..RPRRRSPQNSEDHQNP     68
ZAM184        ----------------------------------------------------..----------------     68

CONSENSUS-CPZ MDP?D????PW?HP???P?T?CNNCYCK?CCYHC??CFTKKGLGISYGRK?R????RRT????S?NNQD?     45
CPZGAB        ---I-PDLE--K--GSQ-R-V-------A-----IY--------------K-T.TR---APAG-K----S     69
CPZANT        ---V-AETP--L--PAT-A-P-------C-----PL--------------R-ARRN---TAES-E----P     70
```

HIV1 TAT

```
            exon \/ exon
CONSENSUS-A   ipKQplPqtqg??ptgpkESkKkVeSKteTDrf?$                          95
U455          --------S-RV.SA-QE---------AK----A                          101
UG273A        -----I-----I.S------Q------------A-                         101
UG275A        -----I-----V.S---E---------------T-                         101
DJ263A        V------T-R-D.--D------E-A------QGD-                         101
DJ264A        VS-----T-R-N.---------E-----K--PCD-                         101
DJ258A        V------T-G-NH--D------E-A---K--QYA-                          84
SF170         ----SI-----V.--------------A-----D                          101

CONSENSUS-B   LsKqP?sqprGD.PtgPkesKkkVErEtEtdP?d?                          99
SF2           -----A--S---.----T--------------F-                          101
TH475A        -----T--S---.------$------------F-$                         100
LAI           -----T------.------$------------F-$                         100
HXB2R         -----T------.------$------------F-$                         100
NL43          -----T--S---.------$------------F-$                         100
NY5CG         -----A------.-------------------DH                          101
MN            -P---AP-F---.-----------------H-V-                          101
SC            -P---A--A---.-------------------V-                          101
BAL1          -----T-H----.----E--------------VH                          101
JRCSF         -P---S--Q---.-------------------DN                          101
JRFL          -----S------.-------------------D-                          101
NH5           -----S------.-DS----------------VH                          101
OYI           -----A------.-------------------E-                          101
SF162         -P---A---Q--.-------------------VH                          101
CAM1          -----A--FQ--.------------G----H-G-                          101
CDC42         -----S--T---.------P--E----A----L-                          101
SF33          -----S------.---------E---------L-                          101
RJS           -P---A------.-------------------VH                          101
HAN           -P---S--Q---.-DS--K----------A--F-                          101
D31           -----A------.------------T------I-                          101
RF            -----T------.--------E----------AVQ                         102
YU2           -----T--L---.----T--------------VH                          101
BCSG3C        ---R-T------.-------------------V-                          101
T810144       ---$                                                         71
3202A11       -----A------.----T-P------------Y-$                         101
P896          -----S------.------Q------------VH$                         101
TATAB         -----A------.----T-P------------Y-$                         101
3202A12       -----A------.----T-P------------Y-$                         101
3202A21       -----A------.-------------------V-$                         101
MANC          -----T------.----E--------------VA$                         101
WEAU160       -----T------.-------------------E-$                         101

CONSENSUS-C   IsKQpLpqtrgd.pTGpEeSKKkVESKtetDpfD$                          98
SM145A        ------------.---S-----------K------                          90
DJ259A        ------------.----------------A-R---                         100
DJ373A        ------SR-Q--.---------------KA--L--                         101
UG268A        --------P---.-----K-------------$--                          87

CONSENSUS-D   iPkQPSSQpRGd?PTGPKe?KKKVESkAEtDpfDw$                          99
ELI           ------------.------Q------E-----$-C-                         101
Z2Z6          ------------.------$------E---------                         101
Z6            -----------N.------$                                         86
UG269A        ------------.------$---------A----$                          59
NDK           --E-----S---.-----K$------E---------                         101
SE365A        V-------H---.------$-----------Q---                         101
UG274A        -----------N.-----K$---------A-----                         100
MAL           L-E-----H---H------$---------A-Q----                         102

CONSENSUS-F   VPKQPISQARGN.PTGPK?SKKEVESKA??DP??$$                          96
BZ163A        ------------.-----K---------ET--$D--                         100
BZ126A        ------------.-----E---------TR--CA--                         101

CONSENSUS-O   VP?QS???T?RK.Q?RQEEQE??VEK??GP?G?P????SC??CTR?S?Q$            83
ANT70         --K--PTI-K--.-E------EE---KA--G-Y-RRKG--HC---T-E-            114
MVP5180       --E--LSH-G--.-K------KK---ET--S-Q-CHQD--NS---I-G--           115

CONSENSUS-U   IPKQSLPHTQRV.STGPEESKKEVESKAETDRFD$                          101
ZAM184        ------------.----------------------                         101

CONSENSUS-CPZ ??K??L??????.?????K??K?V??KT???????                            52
CPZGAB        IP-QP-SQSRGN.KEGSE-ST-E-AS--EADQ$D$                           101
CPZANT        VS-.S-PKTSRI.QSSQK-$E-K-EE--GSGGGPC                           102
```

```
                                   intramolecular    3'sj   3'sj
                                  disulfide bonding   \/     \/
                                  |              | rev cds ->/<- nls ->/
CONSENSUS-A   M?PVDPnLEPWnHPGSqPtTaCskCYCK?CCwHCqlCFLnKGLGISYGrKKR..r?RRgtPQs?kDhQnp     64
CONSENSUS-B   -e----r----k------k---tn----k--f---v--tt------------..-Q--ra--dSqt--vs     68
CONSENSUS-D   -d----------------?-p-N--h--K--Y---v--it------------..-Q--rp--ggQa--?-     66
CONSENSUS-F   -EL-----D-----------P-T-----R--F---W--TT------------..KQ-HR----SQI--DL     68
CONSENSUS-O   -D----E?P--H----?-Q?P-NN----R--Y--YV--??------?-----...-???AAA--P-?KD-     55
CONSENSUS-U   -D----K-----------K---T-----K--Y--PV----------------..-P--RS--NSE-----     68
CONSENSUS-CPZ -D-?-????--?--???-?-?-NN-------Y--??--TK----------?-???---T????S?NN-D?     45

            exon \/ exon
CONSENSUS-A   ipKQplPqtqg??ptgpkESkKkVeSKteTDrf?$                                       95
CONSENSUS-B   Ls---?s-pr-D.------------rE----P?d?                                       99
CONSENSUS-D   -----SS-pR-d-------?-------A---p-Dw$                                       99
CONSENSUS-F   V----IS-AR-N.-----?---E----A??-P?--$                                       96
CONSENSUS-O   V-?-S???-?RK.Q?RQE-QE??--K??GP?G?P????SC??CTR?S?Q$                         83
CONSENSUS-U   ----S--H--RV.S---E----E----A-----D-                                       101
CONSENSUS-CPZ ??-??-?????-.?????K??-?-??--?????-?                                        52
```

Sequences in the *Rev* Alignment

COMMON NAME	LOCUS	ACC #	FIRST AUTHOR	REFERENCE
SUBTYPE A:				
U455	HIVU455	M62320	Oram,J.D.	ARHR 6, 1073 (1990)
UG273A	HIVUG273A	L22957	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
SF170	HIVSF170	M66535	Evans,L.	PNAS 85, 2815 (1988)
SUBTYPE B:				
SF2	HIVSF2	K02007	Sanchez-Pescador,R.	Science 227, 484 (1985)
SF2B13	HIVSF2B13	L07422	Cheng-Mayer,C.	JVI 65, 6930 (1991)
LAI	HIVLAI	K02013	Wain-Hobson,S.	Cell 40, 9 (1985)
HXB2R	HIVHXB2R	K03455	Starcich,B.	Science 227, 538 (1985)
NL43	HIVNL43	M19921	Buckler,C.E.	JVI 59: 284 (1986)
NY5CG	HIVNY5CG	M38431	Theodore,T.	PNAS 83: 5038 (1986)
MN	HIVMN	M17449	Gurgo,C.	Virol. 164, 531 (1988)
BRVA	HIVBRVA	M21098	Anand,R.	Virol. 168, 79 (1989)
SC	HIVSC	M17450	Gurgo,C.	Virol. 164, 531 (1988)
JH32	HIVJH32	M21138	Komiyama,N.	ARHR 5, 411 (1989)
BAL1	HIVBAL1	M68893	Gartner,S.	Science 233: 215 (1986)
JRCSF	HIVJRCSF	M38429	Koyanagi,S.	Science 236: 819 (1987)
JRFL	HIVJRFL	M74978	O'Brien,W.A.	Nature 348, 69 (1990)
NH52	HIVNH52	L07424	Weidt,G.	Unpublished (1992)
OYI	HIVOYI	M26727	Wain-Hobson,S.	AIDS 3: 707 (1989)
SF162	HIVSF162	M38428	Cheng-Mayer,C.	JVI 64, 4390 (1990)
CAM1	HIVCAM1	D10112	McIntosh,A.	Unpublished (1991)
CDC42	HIVCDC42	M13137	Desai,S.M.	PNAS 83, 8380 (1986)
SF33	HIVSF33	M38427	York-Higgins,D.	JVI 64, 4016 (1990)
RJS	HIVRJS	M37491	Daniels,R.S.	JVI 65, 5574 (1991)
HAN	HIVHAN	U43141	Sauermann,U.	ARHR 6, 813 (1990)
D31	HIVD31	U43096	Dietrich,U.	Unpublished (1992)
RF	HIVRF	M17451	Starcich,B.R.	Cell 45, 637 (1986)
YU2	HIVYU2	M93258	Li,Y.	JVI 65, 3973 (1991)
BCSG3C	HIVBCSG3C	L02317	Ghosh,S.K.	Virol. 194, 858 (1993)
P896	HIVP896	M96155	Collman,R.	JVI 66, 7517 (1992)
3202A12	HIV3202A12	U34603	Guillon,C.	ARHR 11, 1537 (1995)
3202A21	HIV3202A21	U34604	Guillon,C.	ARHR 11, 1537 (1995)
MANC	HIVMANC	U23487	Zhu,T.	Nature 3745, 503 (1995)
WEAU160	HIVWEAU160	U21135	Ghosh,S.	Unpublished (1995)
SUBTYPE D:				
ELI	HIVELI	K03454	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
Z2Z6	HIVZ2Z6	M22639	Theodore,T.	Unpublished (1988)
Z6	HIVZ6	K03458	Srinivasan,A.	Gene 52, 71 (1987)
NDK	HIVNDK	M27323	Spire,B.	Gene 81, 275 (1989)
MAL	HIVMAL	K03456	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
SUBTYPE F:				
BZ163A	HIVBZ163A	L22085	Louwagie,J.J.	ARHR 10, 561 (1994)
BZ126A	HIVBZ126A	L22082	Louwagie,J.J.	ARHR 10, 561 (1994)
SUBTYPE O:				
ANT70C	HIVANT70C	L20587	Vanden Haesevelde,M.	JVI 68, 1586 (1994)
MVP5180	HIVMVP5180	L20571	Gurtler,L.G.	JVI 68, 1581 (1994)
SUBTYPE U:				
DJ263A	HIVDJ263A	L22941	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
CPZ:				
CPZGAB	SIVCPZGAB	X52154	Huet,T.	Nature 345, 356 (1990)
CPZANT	SIVCPZANT	U42720	Vanden Haesevelde,M.	Virol. In Press (1996)

Subtypes C, E, G, and H are not currently represented in REV. The sequence DJ263A could not easily be assigned to any of the four REV subtypes, A, B, D, and F.

```
CONSENSUS-A   MAgRSG?sDE.eLL.KAiRIIKiLYQSNPyPkPkG.SRQARKNRRRRWRARQRQIDSlSeRILStCLGRP     66
U455          --R---NP--.D--.--V----L------C-N-R-.----------------------------D-----     67
UG273A        ------V---.---.--------------------.-----------------------Q----------     67
SF170         ------D---.---.--------------------.---------------------I------------     67

CONSENSUS-B   MAgRsGdSde.eLl.ktVrliKfLYQSnPpPspeG.TrqARRNRRRRWReRQRqIrsiSewilstyLgRs     67
SF2           ----------.---.R------L------------.------------------------G----------     67
SF2B13        ----------.---.R------L--------N---.------------------------G----------     67
LAI           ----------.D--.-A--------------N---.--------------------H----R---------     67
HXB2R         ----------.--I.R------L--------N---.--------------------H----R--G------     67
NL43          ----------.--I.R------L--------N---.--------------------H----R---------     67
MN            ----------.---.-----------------S--.-----------------H-----A----N----P     67
BRVA                     ---.----V-----------R---.-------------A-----Q-L-G-----F----     57
SC            --------E-.---.----------------K---.------------------------G----N----L     67
JH32            x-------.---.R#------------------.-------------Q---------G--I-N----P     64
BAL1          ----------.---.-----------------IL--.------------------------R--GA-----     67
JRCSF         ----------.D--.-----------------N--.---------------------T---R--------P     67
JRFL          ----------.---.-------L------------.---------------------T---R--------P     67
NH5           ----------.---.--------------------.-PT--------------R---------RN--D-P     67
OYI           ----------.---.----------------N---.--------------------K--G----------     67
NY5CG         ----------.---.--------------------.---------------------T--------H----     67
SF162         ----------.---.Q---F---------L---K-.--------------------Q---A--I--H----     67
CAM1          ----------.---.-A-----L------L--SK-.-----------------H--A--N-----H---P     67
CDC42         ----------.--I.----I--H--------K---.-----------------R-H---A-L---C----     67
SF33          ------G--R.---.TA--I--I------H-----.--------------------H----R----V----     67
RJS           ----------.--I.----I-----------N---.------------------------D-----H---P     67
HAN           ----------.---.-----------------N--.-PT---------------------R----F---P     67
D31           ----------.---.--------------------.-------------Q-----Q----R--------P     67
RF            ----R-----.D--.-A-----S------------.--------------------RC-----D------     67
YU2           ----------.D--.R------V---------S--.------------------------G-L--N----P     67
BCSG3C        ----------.---.-------L----D---N---.------------------------R----F----     67
P896          ----------.D--.-----------------L--.------------------------R--G-F---F     67
3202A12       --------E-.---.-------L------------.--------------------T--G----------     67
3202A21       ----------.D--.--------------------.------------------------R---------     67
MANC          ----------.---.Q--K-V--------------.-------------G-----Q-L-A-----R----     67
WEAU160       ----------.D--.-------I------------.--------------------K--G---N-----P     67

CONSENSUS-D   MAGRSGDsDE.dLL.kAvRLIKiLYQSNPPPspEG?TRQARRNRRRRWRARQRQIhsIgERIlsTyLGRp     67
ELI           ----------.---.-------F------------.--------------------RE-A----G------     67
Z2Z6          -------R--.---.--------------------.--------------------------------S     67
Z6            -------R--.---.--------------------.--------------------------------S     67
NDK           ----------.N--.--I----F------------.-------------------------IC-F----     67
MAL           ----------.---.R-I-------------NT--T-------------------N--------------     68

CONSENSUS-F   MAGRSGNS?T.ELL.RA?RYIKILYQSNPYPKPEG.TRQARRNRRRRWRARQR?IR??S?RILSSCLGRP     61
BZ163A        --------G-.---.--A-----------------.-----------------Q--EI-R----------     67
BZ126A        --------D-.---.--V-----------------.-----------------E--AL-E----------     67

CONSENSUS-O   MAGRSE?.D..Q?L?QAIQIIKILYQSNP?P?P?G.SRNARKNRRRRWRRRQAQVD?LA?R?LATVVHG?     56
ANT70         ------D.-..-L-.--------------Q-S-R-.---------------------T--A-V-------P     65
MVP5180       ------E.-..-Q-L--------------C-T-A-.---------------------S--T-I-------S     66

CONSENSUS-U   MAGRSGDADE.ELL.RVVRIIKILYQSNPYPPPEG.TRQTRKNRRRRWRARQRQIRAISERFLSTCLGRS     67
DJ263A        ----------.---.--------------------.----------------------------------     67

CONSENSUS-CPZ MAGR?E???????L??AVKIIKILYQ?NPYP?P?G.?R?ARRN?RRRW??RQ?Q??????RVL?T??GRP     41
CPZGAB        ----S-PQDDARL-.Q----------S----S-E-.T-K----R----RA--K-ISEISG---A-YL---     68
CPZANT        ----E-LEGTDEQ-LK----------.----K-A-.S-A----K----KK--D-VEGLAA---R-Lx       65
```

HIV1 REV

```
CONSENSUS-A   AEPVPLQLPPlERLhLDCsEdcgTSgTQq?qg?etGVGrpQvsVEssavLGSGTkn   120
U455          ----------I---R-----S--------P--T-----G--I--------------   123
UG273A        ------------------R---E-----.........----N-----PPV------Q-   116
SF170         ---------------------R---E---S--A---------P-----I------K   123

CONSENSUS-B   aepVplqLPPlerLtldc?eDCgtsgtq......?GVGspqilvESpavLesGtKE$   115
SF2           ------------------S----N--A-.......---------------D-----   116
SF2B13        ------------------S----N----.......-------W-------D------   116
LAI           ------------------N---------.......------------T--------   116
HXB2R         ------------------N---------.......------------T--------   116
NL43          ------------------N---------.......------------T--------   116
MN            ----------##------S---------.......------------T--------   114
BRVA          ------------------N---------.......------------T--------   106
SC            ------------------N---------.......------------T--------   116
JH32          ------------------N---------.......------------TI-------   113
BAL1          ------------------D--------S......R------------T--------   117
JRCSF         ------------------N---------.........---N-E------T--------   116
JRFL          ------------------N---------.....-----E------T--------   116
NH5           ------------------N---------.....----------------------   116
OYI           --------------N---S---------.....-----E----------P----   116
NY5CG         ------------------S---------.....--------L------G-----   116
SF162         T-------------N---S---------.....------V-G------D-----   116
CAM1          ------------------SK--------.....----------------------   116
CDC42         ------------------S---------.....----------------------   116
SF33          S----------D------S---------.....----------------------   116
RJS           T------------------S---------.....------V--------D       111
HAN           ------------------S----N----.....------V---------P----   116
D31           EQ----P-----------S---------.....----------------------   116
RF            VD--Q------------SS---------.....------V-----------A--   116
YU2           T----F------------N---------.....------------P--D-----   116
BCSG3C        --------------N-G-N---------.....------V-----T---P----   116
P896          E-----P-----K-----N---------.....-------------I--P-----   116
3202A12       -AR---------------D---------.....------------T--GT-N---   116
3202A21       ------------------D---------.....----------------------   116
MANC          TQ----------------S---------.....---N--V-----------S---   116
WEAU160       T-----P----D------K---------.....----S---L-------P-----   116

CONSENSUS-D   eEPVPLQLPPLERLnLNCsEDCgtSGTQ.......GVGsPQIsVEsPtvLeSGTEEqC   118
ELI           A---------------------R-----.........---H-------------------   118
Z2Z6          -----------------------A----.......-----------------------   118
Z6            ----------------------------.......----------------------$   116
NDK           ----------------------------.......-------P--P-A--------   116
MAL           --------------T---N---------.......------------AI-G-----   117

CONSENSUS-F   EEPVPLQLPP?ERL?IN?SE?CE.QGA?E......GVGSPQTSGESHAVLGSGTKE$   105
BZ163A        ----------P---T--N--N--.---E-.......----------------------   116
BZ126A        ----------L---N--S--D--.---K-.......----------------------   116

CONSENSUS-O   Q?NN?VDLPPLEQL?IRDPE?D?L????TVDPRAEDN$CLQNLCSCNT????????N$    95
ANT70         -N--I---------S-----G-Q-SEAW--------------------ILATRIAE   120
MVP5180       -D--L---------N-----A-R-PGTG...................-V.DPGTKD--   103

CONSENSUS-U   AEPVPLQLPPIERLCLDCSEGCGTSGTQQPQGTETGVGSPPISGESSTILGSGTKE$   123
DJ263A        ---------------------------------------------------------   123

CONSENSUS-CPZ PKPGDLELPELDKLSLQCVETTQDVGTSNTSQPQTATGETVPAGGNYSILGKGAKN    97
CPZGAB        ---------------------------------------------------------   124
```

```
                                                   high-affinity
                                                   binding site
                                                       nls
              \/ 3' sj             exon \/ exon    /<-           ->/
CONSENSUS-A   MAgRSG?sDE.eLL.KAiRIIKiLYQSNPyPkPkG.SRQARKNRRRRWRARQRQIDSlSeRILStCLGRP     66
CONSENSUS-B   ------d---.---.-tV-l--f------p-s-e-.T----R-------e-----r-i--w----y---s     67
CONSENSUS-F   ------N-?T.---.R-?-Y-------------E-.T----R-----------?-R??-?----S-----     61
CONSENSUS-O   -----E-.-..Q?-?Q--Q----------?-?-?-.--N----------R--A-V-?-A?-?-A-VVHG?     56
CONSENSUS-U   ------DA--.---.RVV-------------P-E-.T--T---------------RAI---F-------S     67
CONSENSUS-CPZ ----?E-??????-??-VK-------?----?-?-.?-?--R-?----??--?-??????-V-?-??---     41

                      Leu-rich
                   effector domain
                     /<-    ->/
CONSENSUS-A   AEPVPLQLPPlERLhLDCsEdcgTSgTQq?qg?etGVGrpQvsVEssavLGSGTkn                 120
CONSENSUS-B   --------------t---?---------......?---s--il---p---e----E$                 115
CONSENSUS-F   E---------?---?IN?--?-E.Q-A?E.........--S--T-G--H--------E$                105
CONSENSUS-O   Q?NN?VD-----Q-?IRDP-?D?L????TVDPRAEDN$CL-NLCSCNT????????N$                 95
CONSENSUS-U   ----------I---C-----G--------P--T-----S-PI-G---TI------E$                 123
CONSENSUS-CPZ PK-GD-E--E-DK-S-Q-V-TTQDV--SNTSQPQ-AT-ETVPAGGNYSI--K-A--                  97
```

Sequences in the *Vpu* Alignment

COMMON NAME	LOCUS	ACC #	FIRST AUTHOR	REFERENCE
SUBTYPE A:				
U455	HIVU455	M62320	Oram,J.D.	ARHR 6, 1073 (1990)
UG273A	HIVUG273A	L22957	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
UG275	HIVUG275	L22951	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
CM240X	HIVCM240X	L14572	Mascola,J.J.	JID 169, 48 (1993)
SUBTYPE B:				
SF2	HIVSF2	K02007	Sanchez-Pescador,R.	Science 227, 484 (1985)
LAI	HIVLAI	K02013	Wain-Hobson,S.	Cell 40, 9 (1985)
MN	HIVMN	M17449	Gurgo,C.	Virol. 164, 531 (1988)
SC	HIVSC	M17450	Gurgo,C.	Virol. 164, 531 (1988)
BRVA	HIVBRVA	M21098	Anand,R.	Virol. 168, 79 (1989)
JH32	HIVJH32	M21138	Komiyama,N.	ARHR 5, 411 (1989)
CDC42	HIVCDC42	M13137	Desai,S.M.	PNAS 83, 8380 (1986)
OYI	HIVOYI	M26727	Wain-Hobson,S.	Unpublished (1990)
SF33	HIVSF33	M38427	York-Higgins,D.	JVI 64, 4016 (1990)
NY5	HIVNY5	K03346	Willey,R.W.	PNAS 83, 5038 (1986)
NL43	HIVNL43	M19921	Buckler,C.E.	JVI 59: 284 (1986)
CAM1	HIVCAM1	D10112	McIntosh,A.	Unpublished (1991)
JRCSF	HIVJRCSF	M38429	Koyanagi,S.	Science 236: 819 (1987)
JRFL	HIVJRFL	M74978	O'Brien,W.A.	Nature 348, 69 (1990)
SF162	HIVSF162	M38428	Cheng-Mayer,C.	JVI 64, 4390 (1990)
HAN	HIVHAN	U43141	Sauermann,U.	ARHR 6, 813 (1990)
D31	HIVD31	U43096	Dietrich,U.	Unpublished (1992)
RF	HIVRF	M17451	Starcich,B.R.	Cell 45, 637 (1986)
BCSG3C	HIVBCSG3C	L02317	Ghosh,S.K.	Virol. 194, 858 (1993)
BAL1	HIVBAL1	M68893	Gartner,S.	Science 233: 215 (1986)
BA1A	HIVBA1A	M63929	Hwang,S.S.	Science 253 (5015), 71 (1991)
P896	HIVP896	M96155	Collman,R.	JVI 66, 7517 (1992)
SF162	HIVSF162	M38428	Cheng-Mayer,C.	JVI 64, 4390 (1990)
3202A12	HIV3202A12	U34603	Guillon,C.	ARHR 11, 1537 (1995)
3202A21	HIV3202A21	U34604	Guillon,C.	ARHR 11, 1537 (1995)
MANC	HIVMANC	U23487	Zhu,T.	Nature 3745, 503 (1995)
WEAU160	HIVWEAU160	U21135	Ghosh,S.	Unpublished (1995)
SUBTYPE D:				
ELI	HIVELI	K03454	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
Z2Z6	HIVZ2Z6	M22639	Theodore,T.	Unpublished (1988)
Z6	HIVZ6	K03458	Srinivasan,A.	Gene 52, 71 (1987)
NDK	HIVNDK	M27323	Spire,B.	Gene 81, 275 (1989)
TZ012	HIVTZ012	U12407	Siwka,W.	ARHR 10, 1753 (1994)
TZ023	HIVTZ023	U12410	Siwka,W.	ARHR 10, 1753 (1994)
TZ053	HIVTZ053	U12412	Siwka,W.	ARHR 10, 1753 (1994)
TZ064	HIVTZ064	U12413	Siwka,W.	ARHR 10, 1753 (1994)
TZ016	HIVTZ016	U12408	Siwka,W.	ARHR 10, 1753 (1994)
TZ112	HIVTZ112	U12415	Siwka,W.	ARHR 10, 1753 (1994)
TZ005	HIVTZ005	U12406	Siwka,W.	ARHR 10, 1753 (1994)
TZ030	HIVTZ030	U12411	Siwka,W.	ARHR 10, 1753 (1994)
TZ017	HIVTZ017	U12409	Siwka,W.	ARHR 10, 1753 (1994)
MAL	HIVMAL	K03456	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
SUBTYPE F:				
BZ126A	HIVBZ126A	L22082	Louwagie,J.J.	ARHR 10, 561 (1994)
BZ163A	HIVBZ163A	L22085	Louwagie,J.J.	ARHR 10, 561 (1994)
SUBTYPE O:				
ANT70C	HIVANT70C	L20587	Vanden Haesevelde,M.	JVI 68, 1586 (1994)
MVP5180	HIVMVP5180	L20571	Gurtler,L.G.	JVI 68, 1581 (1994)
SUBTYPE U:				
IBNG	HIVIBNG	L39106	Howard,R.M.	ARHR 10: 1755 (1994)
CPZ:				
CPZGAB	SIVCPZGAB	X52154	Huet,T.	Nature 345, 356 (1990)
CPZANT	SIVCPZANT	U42720	Vanden Haesevelde,M.	Virol. In Press (1996)

Subtypes C, E, G, and H are not currently represented in VPU. The sequence IBNG could not easily
be assigned to any of the four VPU subtypes, A, B, D, and F.

```
                                                                  env cds ->
                                                                   phos |   | phos
CONSENSUS-A   mtPL???eIcAIvGLiVALILAIVVWTIVgI.eyKkllkqr.......Kidrl?ikRIrERA.EDSgNES     57
U455          ----...--W--T-------------------.-$--NC$SK.......-K$TG#LN------.-------     54
UG273A        -L--...N-----------------------.D--------.......------.-E------.---A---     57
UG275         -S--PPLH-------V---------------.---R----.......-----.----S---.-------     60
CM240X        I---...--S-------------------A-.-V--I-R--.......------.V-------.-------     57

CONSENSUS-B   mqsl...qi?aivalvvaaiiaIvvwtivfi?eyrKilRQr......?kidRl?Idrirera.eDsGNeS     56
SF2           ----...--L---S---V-----------L-.---------.......#----.------K-.-------     56
LAI           --PI...--.--A-----I-------S--I-.---------.......-----.---LI---.-------     56
MN            --P-...V-A--------G------$S----.-----R---.......-----.----S---.-------     56
SC            --P-...--LS---------------S----#$--------.......-----.---------.#------     55
BRVA          --P-...--S----------------S-ALL.----L----.......-----.---------.-------     57
JH32          ----...$-A-------V--------S----.---------.......-----.---------.-------     56
CDC42         ----...E-V---E-----------------.---------.......----V#-------E.--N----     57
OYI           IY--...--L-------VT----------LL.---------.......-----.---------.-----D-     57
SF33          -$--...T-L----I--VT-----I----L-.K--------.......-----.---------.-------     56
NY5           -L-#................#---------.----V---.........-V--I.---------.-------     41
NL43          --PI...IV.--------I-------S--I-.---------.......-----.---LI---.-------     56
CAM1          -LP-...--$-------V-------------.-----R--K.......QV---.----I---.-------     56
JRCSF         --P-...--L--------G----I--S--L-.---------.......-----.--K-----.-------     57
JRFL          ----...Y-L--------I-------S--L-.---------.......-----.---------.-------     57
SF162         --P-...--L-------------------Y-.---------.......-----.----T---.-------     57
HAN           -L--...--A-----------V-------V-.----L----........--N--.---LT---.-------     57
D31           ----...-VA-------V-------------.---------.......-----.----I---.-------     57
RF            ----...E-L----------L--------G-.-I--T---K......#-----.---------.-------     57
BCSG3C        --PI...--A-------VG------.........#-----.......------.-K--SK--.-------     49
BAL1          --A-...--S---G-----------------.---------.......-----.----T---.-------     57
BA1A          --A-...--S---G-----------------.---------.......----I.----I---.-------     57
P896          -L--...--L----------------S----.---------.......-----.-------E.-------     57
SF162         --P-...--L-------------------Y-.---------.......-----.----T---.-------     57
3202A12       ----...--L-------GI------------.---------.......-----.----A---.-------     57
3202A21       --P-...VVA-------V--------S----.---------.......-----.----A---.-------     57
MANC          IV--...--V-------VT------------.---------.......-----.---------.-------     57
WEAU160       ----...--L--------G-------S--L-.---------.......-----.-----D--.-------     57

CONSENSUS-D   mQpl...vIlAIvAlvvalIiAIVVwTIVfI.EcrrlkrQR.......kIDwl.idRIrERA?EDSGNES     57
ELI           ----...G-I--A-----I-L-----------.-Y--I-K--........R--C-.L---T---.-------     57
Z2Z6          ---S...Q-I--A-----A------------.-Y--I---.........---CI.---------.-------     57
Z6            R---...Q-I--A-----A------------.-Y--I---.........---CI.--------#-------     57
NDK           ----...--I--A-----I----------Y-.-Y--I---.........---C-.---------.-------     57
TZ012         --S-...-----------------------I-.---------.......------.-N------.-------     57
TZ023         ----...-------------L-----------.--K------.......-----.---------.-------     57
TZ053         ----...--------------------------.----QR---.......-----.---------.-------     57
TZ064         I---...-----------------------I-.--K------.......-----.---------.-------     57
TZ016         --S-...-------V-A--------------.-----S---........Q----.---------.-------     57
TZ112         ----...--------I---------------.----F----.......-----.---------.-------     57
TZ005         --S-...-------V-A--------------.-----S---........Q----.---------.-------     57
TZ030         --S-...-------V-A--------------.-----S---........Q----.---------.-------     57
TZ017         ----...-------------L----$-----.--K------.......------.L--------.-------     56
MAL           I---...----------T-------------.-I-KIR---.........---R-.---------.-------     57

CONSENSUS-F   MS??...LAIS?TALIVALIIAIVVWTI?YI.EYRKLLRQR.......KINRL.YE?IR?RA.EDSGNES     51
BZ126A        --YF...----I----------------A--.---------.......-----.--R--D--.-------     57
BZ163A        --DL...----V----------------V--.---------.......-----.--G--E--.-------     57

CONSENSUS-O   MH??...?LLA?I??SAL??INV??W?..F?..LR?YL?Q??QDR?E?EILER.LRRI?EIR.DDSDYES     42
ANT70         --HR...D---I-II---LF---IL-G..-I..--K--E-KE---K-R-----.----R---.-------     61
MVP5180       --QE...N---L-AL---CL---LI-L..-N..--I--V-RK---R-Q-----.----K---.-------     61

CONSENSUS-U   MQPL...TITAIVGLVVAFIAAIVVWSIVYI.EYRKIRKQK.......KIDRL.LDRIRERA.EDSGNES     57
IBNG          ----...-------------------------.---------.......-----.---------.-------     57

CONSENSUS-CPZ MT??...?????L???????W?ICI???I????Y??YK???....??????R?.??I?????.??????S     14
CPZGAB        --LL...VGL.V-ILVGLIA-N---WGY-IKWG-RR--RHR....LETEIE-L.NL-LRERA.EDSGNE-     60
CPZANT        --NI...FEYAF-AFSIVL.-I----.P-LYKL-KI--QQQ......IDNK-N.QR-IEVLS.RRLSID-     56
```

HIV1 VPU

```
CONSENSUS-A   ?GDT?E.L?kL....VEM.GnydlgvdnNL$   78
U455          D---E-.-SL-....---.------------   78
UG273A        E---E-.-AA-....---.---N--F-----   81
UG275         D---D-.-S--....---.------DA----   84
CM240X        E---D-.-A--....---.-DF-PW-GD---   81

CONSENSUS-B   eGdqeE.lsaL????vem?GH?apwdvdDl$   79
SF2           ------.----....---.--L--------   80
LAI           --...-.I---VEMG---.--H----I---   81
MN            ------.----....-G-.--D---VIN--   80
SC            --IRK-.----....---.--D--G-I---   79
BRVA          ------.----....---G--D----I---   82
JH32          ------.----....---.--D----I---   80
CDC42         ------.----....---.--H---N-      78
OYI           ------.----....---.--H-------M   81
SF33          ------.--V-....---.--D-----N--   80
NY5           ------.----....---.--D-----N--   65
NL43          --...-.V---VEMG---.--H----I---   81
CAM1          ------.----....M--.--N-----N--   80
JRCSF         ------.----....--R.--L----IN--   81
JRFL          ------.--V-....--R.--L----IN--   81
SF162         ------.----....--R.--L--------   81
HAN           ------.----....--R.--L-----N-Q   81
D31           ------.----....---.--H--------   81
RF            D--E--.----....---.--H--------   81
BCSG3C        ------.----....---.--H-L--I---   73
BAL1          D-----.----....---.--H----IN---   81
BA1A          D-----.----....---.--H-----N---   81
P896          ------.-A--.....-R.--L---------   80
SF162         ------.----....--R.--L---------   81
3202A12       ------.----....---.--H---------   81
3202A21       ------.----....---.--H---------   81
MANC          ------.--E-....---.--LV--------   81
WEAU160       ------.----....---.--H----I----   81

CONSENSUS-D   EGdrEe.Lsal....vEM.gHhAPwd?Ddm$   80
ELI           -----K.--K-....---.-------I--L   81
Z2Z6          ------.--K-....---.-------I--L   81
Z6            ------.--K-....---.-------I--L   81
NDK           --E---.--K-....---.-------V--L   81
TZ012         ---G--.---F....---.-------V----   81
TZ023         ---T--.---F....---.-------V----   81
TZ053         ------.----....---.E----G-V----   81
TZ064         ------.----....---.-------V----   81
TZ016         ---K--.----....---.------NI----   81
TZ112         ------.-..-....---.--D----I-G--   79
TZ005         ---K--.----....---.------NI----   81
TZ030         ---K--.----....---.------NI----   81
TZ017         ---E--.---I....M--.-------V----   80
MAL           ---T--.--K-....---.--D----V--L   81

CONSENSUS-F   EGDAEE.LA?L....GEM.GPFIPGDI?NL$   73
BZ126A        ------.--T-....---.--------D---   81
BZ163A        ------.--A-....---.--------V---   81

CONSENSUS-O   N?EE?QEVM?L....??SHGF?NPM.FE??   59
ANT70         -G--E----D-....VL----D---.--.P   85
MVP5180       -E--Q----E-....IH----A---.--L$   85

CONSENSUS-U   DGDTEE.LSTL....MEM.GYEYILDNDNL$   81
IBNG          ------.----....---.------------   81

CONSENSUS-CPZ ??EE?E?????????????FANP?.????DE   23
CPZGAB        NG--E-RLEQLIHNYNHNNH----M.FD.L   88
CPZANT        AI--D-EADTY....YLGSG----V.YREG--   83
```

```
                                                                  env cds ->
                                                                   phos |   | phos
CONSENSUS-A   mtPL???eIcAIvGLiVALILAIVVWTIVgI.eyKkllkqr.......Kidrl?ikRIrERA.EDSgNES     57
CONSENSUS-B   -qs-...q-?---a-v--a-i--------f-?--r-i-R--......?-------d------.-------     56
CONSENSUS-D   -Q--...v-l---A-v----i--------f-.-crr-kr--.........---w-.-d------?-------     57
CONSENSUS-F   -S??...LAIS?TA------I-------?Y-.--R---R--........--N--.YE?--?--.-------     51
CONSENSUS-O   -H??...?LL-?I??SAL??INV??-?..F?..LR?Y-?-??QDR?E?E-LER.LR--?-IR.D--DY--     42
CONSENSUS-U   -Q--...T-T-----V--F-A-----S--Y-.--R-IR--K.......------.LD------.-------     57
CONSENSUS-CPZ --??...?????L???????W?-CI???I????-??YK???....??????-?.??I?????.??????-     14

CONSENSUS-A   ?GDT?E.L?kL....VEM.GnydlgvdnNL$                                           78
CONSENSUS-B   e--qe-.-sa-????---?-H?apwdvdD--                                            79
CONSENSUS-D   E--rE-.-sa-....---.-HhAPwd?Ddm-                                            80
CONSENSUS-F   E--AE-.-A?-....G--.-PFIP-DI?---                                            73
CONSENSUS-O   N?EE-QEVM?-....??SH-F?NPM.FE??                                             59
CONSENSUS-U   D---E-.-ST-....M--.-YEYILDND---                                            81
CONSENSUS-CPZ -?EE--??-??????????FANP?.????DE                                            23
```

Sequences in the *Env* Alignment

COMMON NAME	LOCUS	ACC #	FIRST AUTHOR	REFERENCE
SUBTYPE A:				
U455	HIVU455	M62320	Oram,J.D.	ARHR 6, 1073 (1990)
SF1703	HIVSF1703	M66533	Evans,L.	PNAS 85, 2815 (1988)
IBNG	HIVIBNG	L39106	Howard,R.M.	ARHR 10, 1755 (1994)
Z321	HIVZ321	M15896	Srinivasan,A.	ARHR 5, 121 (1989)
92RW020.5	HIVU08794	U08794	Gao,F.	JVI In Press (1996)
92UG031.7	HIVL34667	L34667	Gao,F.	ARHR 10, 1359 (1994)
			Gao,F.	JVI In Press (1996)
92UG037.8	HIVU09127	U09127	Gao,F.	ARHR 10, 1359 (1994)
			Gao,F.	JVI In Press (1996)
92RW009.14	HIVU08793	U08793	Gao,F.	ARHR 10, 1359 (1994)
TZ017	HIVTZ017	U12409	Siwka,W.	ARHR 10, 1753 (1994)
D687	HIVD687	X68407	Dietrich,U.	AIDS 7, 23 (1993)
K114	HIVK114	U43097	Reitz,M.	Unpublished (1990)
L414	HIVL414	U43098	Reitz,M.	Unpublished (1990)
P104	HIVP104	U43099	Reitz,M.	Unpublished (1990)
PZ61	HIVPZ61	U43100	Reitz,M.	Unpublished (1990)
UG06	HIVUG06	M98503	Atkin,A.	ARHR 9, 351 (1993)
CI211	HIVCI211	X72037	Janssens,W.	AIDS 8, 21 (1994)
UG275A	HIVUG275A	L22951	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
UG273A	HIVUG273A	L22957	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
VI191A	HIVVI191A	L22952	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
DJ264A	HIVDJ264A	L23064	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
DJ263A	HIVDJ263A	L22941	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
DJ258A	HIVDJ258A	L22939	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
KENYA	HIVKENYA	L22943	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
CARGAN	HIVCARGAN	U43111	Schmitt,D.	Unpublished (1994)
CARSAS	HIVCARSAS	U43171	Schmitt,D.	Unpublished (1994)
CAR4054	HIVCAR4054	U43109	Kieny,M.P.	Unpublished (1994)
CAR286A	HIVCAR286A	U43136	Schmitt,D.	Unpublished (1994)
CAR4023	HIVCAR4023		Schmitt,D.	Unpublished (1994)
CAR423A	HIVCAR423A	U43139	Schmitt,D.	Unpublished (1994)
CI31	HIVCI31	X72024	Janssens,W.	AIDS 8, 21 (1994)
CI473	HIVCI473	X72050	Janssens,W.	AIDS 8, 21 (1994)
CI451	HIVCI451	X72047	Janssens,W.	AIDS 8, 21 (1994)
CI145	HIVCI145	X72030	Janssens,W.	AIDS 8, 21 (1994)
CI3291	HIVCI3291	X72059	Janssens,W.	AIDS 8, 21 (1994)
CI3263	HIVCI3263	X72053	Janssens,W.	AIDS 8, 21 (1994)
CI201	HIVCI201	X72033	Janssens,W.	AIDS 8, 21 (1994)
CI3271	HIVCI3271	X72055	Janssens,W.	AIDS 8, 21 (1994)
CI422	HIVCI422	X72044	Janssens,W.	AIDS 8, 21 (1994)
CI3301	HIVCI3301	X72062	Janssens,W.	AIDS 8, 21 (1994)
CA1	HIVCA1	X80438	Nkengasong,J.N.	AIDS 8, 1405 (1994)
SUBTYPE B:				
SF2	HIVSF2	K02007	Sanchez-Pescador,R.	Science 227, 484 (1985)
SF2B13	HIVSF2B13	L07422	Cheng-Mayer,C.	JVI 65, 6930 (1991)
LAI	HIVLAI	K02013	Wain-Hobson,S.	Cell 40, 9 (1985)
HXB2R	HIVHXB2R	K03455	Starcich,B.	Science 227, 538 (1985)
NY5CG	HIVNY5CG	M38431	Theodore,T.	PNAS 83, 5038 (1986)
NL43	HIVNL43	M19921	Buckler,C.E.	JVI 59, 284 (1986)
JRCSF	HIVJRCSF	M38429	Koyanagi,S.	Science 236, 819 (1987)
JRFL	HIVJRFL	M74978	O'Brien,W.A.	Nature 348, 69 (1990)

HIV1 ENV

ALA1	HIVALA1	M38430	Buckler-White,A.	Unpublished (1988)
JH32	HIVJH32	M21138	Komiyama,N.	ARHR 5, 411 (1989)
BAL1	HIVBAL1	M68893	Gartner,S.	Science 233, 215 (1986)
YU2	HIVYU2	M93258	Li,Y.	JVI 65, 3973 (1991)
BRVA	HIVBRVA	M21098	Anand,R.	Virol. 168, 79 (1989)
91US005.11	HIVFASH11	U27434	Gao,F.	JVI In Press (1996)
91US006.10	HIVHOBR10	U27443	Gao F.	JVI In Press (1996)
BZ167A	HIVBZ167A	L22087	Louwagie,J.J.	ARHR 10, 561 (1994)
MA208	HIVMA208	M79342	Kusumi,K.	JVI 66, 875 (1992)
ETR	HIVETR	D12582	Shimizu,H.	Virol. 189, 534 (1992)
BA1A	HIVBA1A	M63929	Hwang,S.S.	Science 253 (5015), 71 (1991)
MN	HIVMN	M17449	Gurgo,C.	Virol. 164, 531 (1988)
QZ4589	HIVQZ4589	U32396	Blattner,W.	Unpublished (1995)
SUBTYPE B:				
CAM1	HIVCAM1	D10112	McIntosh,A.	Unpublished (1991)
ADA	HIVADA	M60472	Westervelt,P.	PNAS 88, 3097 (1991)
JFL	HIVJFL	M31451	McNearney,T.	PNAS 87, 1917 (1990)
SIMI84	HIVSIMI84	L07421	Bex,F.	Blood 8484, 3317 (1994)
BCSG3C	HIVBCSG3C	L02317	Ghosh,S.K.	Virol. 194, 858 (1993)
D31	HIVD31	U43096	Dietrich,U.	Unpublished (1992)
SF162	HIVSF162	M38428	Cheng-Mayer,C.	JVI 64, 4390 (1990)
OYI	HIVOYI	M26727	Wain-Hobson,S.	AIDS 3, 707 (1989)
SF33	HIVSF33	M38427	York-Higgins,D.	JVI 64, 4016 (1990)
CDC42	HIVCDC42	M13137	Desai,S.M.	PNAS 83, 8380 (1986)
HAN	HIVHAN	U43141	Sauermann,U.	ARHR 6, 813 (1990)
ENVVA	HIVENVVA	L08655	Andeweg,A.C.	ARHR 8, 1803 (1992)
RF	HIVRF	M17451	Starcich,B.R.	Cell 45, 637 (1986)
WMJ22	HIVWMJ22	M12507	Starcich,B.R.	Cell 45, 637 (1986)
TB132	HIVTB132	L03697	McCutchan,F.E.	ARHR 8, 1887 (1992)
92BR020.4	HIVU08797	U08797	Gao,F.	ARHR 10, 1359 (1994)
		Gao,F.	JVI In Press (1996)	
92TH014.12	HIVU08801	U08801	Gao,F.	ARHR 10, 1359 (1994)
92US711.14	HIVU08448	U08448	Gao,F.	JVI In Press (1996)
91US712.4	HIVU08449	U08449	Gao,F.	JVI In Press (1996)
92US714.1	HIVU08450	U08450	Gao,F.	JVI In Press (1996)
92US715.6	HIVU08451	U08451	Gao,F.	JVI In Press (1996)
92US716.6	HIVU08452	U08452	Gao,F.	JVI In Press (1996)
92HT593.1	HIVU08444	U08444	Gao,F.	JVI In Press (1996)
92HT594.10	HIVU08445	U08445	Gao,F.	JVI In Press (1996)
92HT596.4	HIVU08446	U08446	Gao,F.	JVI In Press (1996)
92HT599.24	HIVU08447	U08447	Gao,F.	JVI In Press (1996)
91HT651.11	HIVU08441	U08441	Gao,F.	JVI In Press (1996)
RJS	HIVRJS	M37491	Daniels,R.S.	JVI 65, 5574 (1991)
GUN	HIVGUN	M59192	Takeuchi,Y.	JVI 65, 1710 (1991)
SC	HIVSC	M17450	Gurgo,C.	Virol. 164, 531 (1988)
SBA	HIVSBA	M77228	Burger,H.	PNAS 88, 11236 (1991)
SBB	HIVSBB	M77229	Burger,H.	PNAS 88, 11236 (1991)
SBC	HIVSBC	M77230	Burger,H.	PNAS 88, 11236 (1991)
92BR014.1	HIVU08796	U08796	Gao,F.	ARHR 10, 1359 (1994)
92TH026.6	HIVU08802	U08802	Gao,F.	ARHR 10, 1359 (1994)
92BR021.6	HIVU08799	U08799	WHO-GPA	Unpublished (1994)
ACH9	HIVACH9	M80661	Ashkenazi,A.	PNAS 88, 7056 (1991)
ACP1	HIVACP1	M80660	Ashkenazi,A.	PNAS 88, 7056 (1991)

JM	HIVJM	M80662	Ashkenazi,A.	PNAS 88, 7056 (1991)
WM	HIVWM	M80663	Ashkenazi,A.	PNAS 88, 7056 (1991)
CAN0A	HIVCAN0A	U43103	Ou,C.-Y.	Unpublished (1991)
P896	HIVP896	M96155	Collman,R.	JVI 66, 7517 (1992)
BWB11A	HIVBWB11A	L17097	Monken,C.E.	AIDS 9, 345 (1995)
CI223	HIVCI223	X72040	Janssens,W.	AIDS 8, 21 (1994)
149L1R	HIV149L1R	U16098	Xin,K.	ARHR 11, 1139 (1995)
VE1	HIVVE1	U16764	Quinones-Mateu,M.E.	ARHR 11, 605 (1995)
VE2	HIVVE2	U16766	Quinones-Mateu,M.E.	ARHR 11, 605 (1995)
VE3	HIVVE3	U16768	Quinones-Mateu,M.E.	ARHR 11, 605 (1995)
VE4	HIVVE4	U16770	Quinones-Mateu,M.E.	ARHR 11, 605 (1995)
VE5	HIVVE5	U16772	Quinones-Mateu,M.E.	ARHR 11, 605 (1995)
VE6	HIVVE6	U16774	Quinones-Mateu,M.E.	ARHR 11, 605 (1995)
VE7	HIVVE7	U16776	Quinones-Mateu,M.E.	ARHR 11, 605 (1995)
VE8	HIVVE8	U16778	Quinones-Mateu,M.E.	ARHR 11, 605 (1995)
168A	HIV168A	U15030	Wrin,T.	JVI 69, 39 (1995)
HEI3BL	HIVHEI3BL	X61351	Steuler,H.	ARHR 8, 53 (1992)
HEI4BL	HIVHEI4BL	X61353	Steuler,H.	ARHR 8, 53 (1992)
HEI20BL	HIVHEI20BL	X61357	Steuler,H.	ARHR 8, 53 (1992)
HEI22BL	HIVHEI22BL	X61358	Steuler,H.	ARHR 8, 53 (1992)
HEI27BL	HIVHEI27BL	X61355	Steuler,H.	ARHR 8, 53 (1992)
HEI28BL	HIVHEI28BL	X61359	Steuler,H.	ARHR 8, 53 (1992)
RJSP3	HIVRJSP3	U08975	Sabino,E.C.	JVI 68, 6340 (1994)
US1	HIVUS1	L14573	Mascola,J.J.	JID 169, 48 (1993)
US2	HIVUS2	L14574	Mascola,J.J.	JID 169, 48 (1993)
US3	HIVUS3	L14575	Mascola,J.J.	JID 169, 48 (1993)
US4	HIVUS4	L14576	Mascola,J.J.	JID 169, 48 (1993)

SUBTYPE B:

8020	HIV8020	U23112	Arnold,C.	Virol. 211, 198 (1995)
117305	HIV117305	U23120	Arnold,C.	Virol. 211, 198 (1995)
124612	HIV124612	U23126	Arnold,C.	Virol. 211, 198 (1995)
126807	HIV126807	U23129	Arnold,C.	Virol. 211, 198 (1995)
127290	HIV127290	U23131	Arnold,C.	Virol. 211, 198 (1995)
127481	HIV127481	U23135	Arnold,C.	Virol. 211, 198 (1995)
14995	HIV14995	U23138	Arnold,C.	Virol. 211, 198 (1995)
CM237X	HIVCM237X	L14570	Mascola,J.J.	JID 169, 48 (1993)
91HT652.11	HIVU08443	U08443	Gao,F.	Unpublished (1994)
92UG005	HIVU08722	U08722	WHO-GPA	Unpublished (1994)
3202A12	HIV3202A12	U34603	Guillon,C.	ARHR 11, 1537 (1995)
3202A21	HIV3202A21	U34604	Guillon,C.	ARHR 11, 1537 (1995)
MANC	HIVMANC	U23487	Zhu,T.	Nature 3745, 503 (1995)
WEAU160	HIVWEAU160	U21135	Ghosh,S.	Unpublished (1995)
SAL1	HIVSAL1	U20670	Sala,M.	ARHR 11, 653 (1995)
CB1I171	HIVCB1I171	U19694	Wang,W.-K.	Unpublished (1995)
CB2I266	HIVCB2I266	U19696	Wang,W.-K.	Unpublished (1995)
CB3I354	HIVCB3I354	U19698	Wang,W.-K.	Unpublished (1995)
CB4I465	HIVCB4I465	U19700	Wang,W.-K.	Unpublished (1995)
CB5I560	HIVCB5I560	U19702	Wang,W.-K.	Unpublished (1995)
CB6I653	HIVCB6I653	U19704	Wang,W.-K.	Unpublished (1995)
CB7I738	HIVCB7I738	U19706	Wang,W.-K.	Unpublished (1995)
CB8I839	HIVCB8I839	U19708	Wang,W.-K.	Unpublished (1995)
CB9I920	HIVCB9I920	U19710	Wang,W.-K.	Unpublished (1995)

SUBTYPE C:

93MW959.18	HIVU08453	U08453	Gao,F.	JVI In Press (1996)
93MW960.3	HIVU08454	U08454	Gao,F.	JVI In Press (1996)
93MW965.26	HIVU08455	U08455	Gao,F.	JVI In Press (1996)
92BR025.9	HIVU09126	U09126	Gao,F.	ARHR 10, 1359 (1994)
			Gao,F.	JVI In Press (1996)
UG268A2	HIVUG268A2	L22948	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
SM145A	HIVSM145A	L22946	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
D757	HIVD757	X65639	Dietrich,U.,	AIDS 7, 23 (1993)
D747	HIVD747	X65638	Dietrich,U.,	AIDS 7, 23 (1993)
D760	HIVD760	X65640	Dietrich,U.	AIDS 7, 23 (1993)
D1044	HIVD1044	X68406	Dietrich,U.	AIDS 7, 23 (1993)
NOF	HIVNOF	U06716	Dietrich, U.	AIDS 7, 23 (1993)
SH750	HIVSH750	U06719	Becker,M.L.	ARHR 11, 1265 (1995)
DLU	HIVDLU	U06717	Becker,M.L.	ARHR 11, 1265 (1995)
D1024	HIVD1024	U07104	Grez,M.	JVI 68, 2161 (1994)
D744	HIVD744	U07100	Grez,M.	JVI 68, 2161 (1994)
D766	HIVD766	U07106	Grez,M.	JVI 68, 2161 (1994)
D808	HIVD808	U07102	Grez,M.	JVI 68, 2161 (1994)
D868	HIVD868	U07108	Grez,M.	JVI 68, 2161 (1994)
ZAM18A	HIVZAM18A	L22954	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
ZAM20A	HIVZAM20A	L22956	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
Z8A1	HIVZ8A1	U43102	Reitz,M.	Unpublished (1990)
DJ259A	HIVDJ259A	L22940	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
DJ373A	HIVDJ373A	L23065	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
SE364A	HIVSE364A	L22944	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
U0GOM	HIVU0GOM	U06718	Becker,M.L.	ARHR 11, 1265 (1995)
BOOYD	HIVBOOYD	U07237	Becker,M.L.	ARHR 11, 1265 (1995)
SUBTYPE D:				
ELI	HIVELI	K03454	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
Z2Z6	HIVZ2Z6	M22639	Theodore,T.	Unpublished (1988)
Z6	HIVZ6	K03458	Srinivasan,A.	Gene 52, 71 (1987)
NDK	HIVNDK	M27323	Spire,B.	Gene 81, 275 (1989)
92UG021.16	HIVUG02116	U27399	Gao,F.	JVI In Press (1996)
92UG046.8	HIVU08809	U08809	WHO-GPA	ARHR 10, 1327 (1994)
92UG024.2	HIVU08726	U43386	WHO-GPA	ARHR 10, 1327 (1994)
			Gao,F.	JVI In Press (1996)
92UG038.1	HIVU08806	U08806	WHO-GPA	ARHR 10, 1327 (1994)
143425	HIV143425	U23125	Arnold,C.	Virol. 211, 198 (1995)
JY1	HIVJY1	J03653	Yourno,J.	ARHR 4, 165 (1988)
43424E	HIV43424E	U21098	Arnold,C.	ARHR 11, 427 (1995)
TZ005	HIVTZ005	U12406	Siwka,W.	ARHR 10, 1753 (1994)
TZ012	HIVTZ012	U12407	Siwka,W.	ARHR 10, 1753 (1994)
TZ023	HIVTZ023	U12410	Siwka,W.	ARHR 10, 1753 (1994)
TZ030	HIVTZ030	U12411	Siwka,W.	ARHR 10, 1753 (1994)
TZ053	HIVTZ053	U12412	Siwka,W.	ARHR 10, 1753 (1994)
TZ064	HIVTZ064	U12413	Siwka,W.	ARHR 10, 1753 (1994)
TZ112	HIVTZ112	U12415	Siwka,W.	ARHR 10, 1753 (1994)
UG23	HIVUG23	M98504	Atkin,A.	JAIDS 6, 872 (1993)
UG269A	HIVUG269A	L22949	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
UG274A2	HIVUG274A2	L22950	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
SE365A2	HIVSE365A2	L22945	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
CAR4020	HIVCAR4020	U43138	Schmitt,D.	Unpublished (1994)
CI132	HIVCI132	X72028	Janssens,W.	AIDS 8, 21 (1994)

93ZR001.3	HIVUGAMK3	U27419	Gao,F.	ARHR 10, 625 (1994)
GP120AA	HIVGP120AA	M98408	Bruce,C.	ARHR 9, 357 (1992)
SUBTYPE E:				
93TH966.8	HIVU08456	U08456	Gao,F.	JVI In Press (1996)
93TH975.15	HIVU08457	U08457	Gao,F.	JVI In Press (1996)
92TH011.5	HIVU08811	U08811	WHO-GPA	ARHR 10, 1327 (1994)
92TH006.5	HIVU08810	U08810	Gao,F.	ARHR 10, 1359 (1994)
TN235	HIVTN235	L03698	McCutchan,F.E.	ARHR 8, 1887 (1992)
TN239	HIVTN239	L03699	McCutchan,F.E.	ARHR 8, 1887 (1992)
TN241	HIVTN241	L03700	McCutchan,F.E.	ARHR 8, 1887 (1992)
TN242	HIVTN242	L03701	McCutchan,F.E.	ARHR 8, 1887 (1992)
TN2432	HIVTN2432	L03703	McCutchan,F.E.	ARHR 8, 1887 (1992)
TN244	HIVTN244	L03704	McCutchan,F.E.	ARHR 8, 1887 (1992)
92TH022.4	HIVU09131	U09131	Gao,F.	JVI In Press (1996)
11643E	HIV11643E	U21109	Arnold,C.	ARHR 11, 427 (1995)
93TH976.17	HIVU08458	U08458	Gao,F.	JVI In Press (1996)
CM240X	HIVCM240X	L14572	Mascola,J.J.	JID 169, 48 (1993)
CARELO	HIVCARELO	U43110	Schmitt,D.	Unpublished (1994)
CAR4017	HIVCAR4017	U43137	Schmitt,D.	Unpublished (1994)
CAR4071	HIVCAR4071	U43170	Schmitt,D.	Unpublished (1994)
CARMBA	HIVCARMBA	U43173	Schmitt,D.	Unpublished (1994)
SUBTYPE F:				
BRA7944	HIVBRA7944	L19237	Potts,K.E.	AIDS 7, 1191 (1993)
BZ163A	HIVBZ163A	L22085	Louwagie,J.J.	ARHR 10, 561 (1994)
BZ126A	HIVBZ126A	L22082	Louwagie,J.J.	ARHR 10, 561 (1994)
RJI03	RJI03	U08974	Sabino,E.C.	JVI 68, 6340 (1994)
93BR020.17	HIVU27401	U27401	Gao,F.	Unpublished (1995)
93BR029.2	HIVU27413	U27413	Gao,F.	JVI In Press (1996)
CA20	HIVCA20	X80448	Janssens,W.	AIDS 8, 1405 (1994)
CA16	HIVCA16	X80443	Janssens,W.	AIDS 8, 1405 (1994)
CA4	HIVCA4	X80451	Janssens,W.	AIDS 8, 1405 (1994)
VI354	HIVVI354	U43172	Louwagie,J.J.	Unpublished (1994)
AR16	HIVAR16	U37032	Campodonico,M.	ARHR 12:79 (1996)
AR18	HIVAR18	U37033	Campodonico,M.	ARHR 12:79 (1996)
SUBTYPE G:				
LBV217	HIVLBV217	U09664	Janssens,W.	ARHR 10, 877 (1994)
RU511B	HIVRU511B	U08356	Bobkov,A.	AIDS 8, 1649 (1994)
RU570	HIVRU570	U08368	Bobkov,A.	AIDS 8, 1649 (1994)
92RU131.9	HIVU30312	U30312	Gao,F.	JVI In Press (1996)
47621	HIV47621	U26301	Arnold,C.	ARHR 11, 999 (1995)
47622	HIV47622	U26302	Arnold,C.	ARHR 11, 999 (1995)
92UG975.10	HIVU27426	U27426	Gao, F.	JVI In Press (1996)
CAR4067	HIVCAR4067	U43169	Schmitt,D.	Unpublished (1994)
G3	HIVG3	U13208	Abimiku,A.G.	ARHR 10, 1581 (1994)
G9	HIVG9	U13209	Abimiku,A.G.	ARHR 10, 1581 (1994)
JP882	HIVJP882	U13211	Abimiku,A.G.	ARHR 10, 1581 (1994)
JV832	HIVJV832	U13213	Abimiku,A.G.	ARHR 10, 1581 (1994)
SUBTYPE H:				
CA13	HIVCA13	U09667	Janssens,W.	ARHR 10, 877 (1994)
VI557	HIVVI557	L11793	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
SUBTYPE O:				

ANT70C	HIVANT70C	L20587	Vanden Haesevelde,M.	JVI 68, 1586 (1994)
MVP5180	HIVMVP5180	L20571	Gurtler,L.G.	JVI 68, 1581 (1994)
VAU	HIVVAU	X80020	Charneau,P.	Virol. 205, 247 (1994)
VI686	HIVVI686	X78477	Janssens,W.	Unpublished (1994)
CA9	HIVCA9	X78476	Janssens,W.	Unpublished (1994)
SUBTYPE U:				
CAR4081	HIVCAR4081	U43174	Schmitt,D.	Unpublished (1994)
Z3	HIVZ3	K03347	Willey,R.W.	PNAS 83, 5038 (1986)
GM4	HIVGM4	U43105	Bobkov	ARHR 12, 169 (1995)
Z1A	HIVZ1A	U43101	Reitz,M.	Unpublished (1990)
HYBRIDS:				
AD_K124A2	HIVK124A2	L22942	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
AD_MAL	HIVMAL	K03456	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
AD_UG266A2	HIVUG266A2	L22947	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
AC_ZAM184	HIVZAM184	L22955	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
GX_VI525A2	HIVVI525A2	L22953	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
BF_RJI01.5	RJI01.5	U08972	Sabino,E.C.	Virol. 68, 6340 (1994)
AE_CAR4039	HIVCAR4039	U43112	Schmitt,D.	Unpublished (1994)
BF_93BR019.10	93BR019.10	U27408	Gao,F.	JVI In Press (1996)
FB_AR15	HIVAR15	U37043	Campodonico,M.	ARHR 12:79 (1996)
CD_DI2ACD	HIVDI2ACD	L35452	Ranjabar,S.	Unpublished (1994)
DA_TZ016	HIVTZ016	U12408	Siwka,W.	ARHR 10, 1753 (1994)
CPZ:				
CPZGAB	SIVCPZGAB	X52154	Huet,T.	Nature 345, 356 (1990)
CPZANT	SIVCPZANT	U42720	Vanden Haesevelde,M.	Virol. In Press (1996)

The sequences K124A2, MAL, UG266A2, ZAM184, VI525A2, RJI01.5, CAR4039, 93BR019.10, AR15, DI2ACD, and TZ016 have been identified as likely hybrids in ENV. They are presented with respect to a duplicate of the subtype A consensus.

```
                                                  <- vpU cds
                                          signal peptide / gp120
                                                        *                                *
CONSENSUS-A     Mrvmgiq?nyq?l.wr??....??W.gtmilg??iIc.na??e.?lWVtVyYGVPVWkdaeTTLfcAS     49
U455            -------R--PC-.--........-.------LI---.--..Q.Q---------------V-------     54
SF1703          -------M-C-N-.L-........-.------ML---.S-.TS.K-----------------------     55
IBNG            -------K--PL-.--........-.--N-FWIM---.--..-.Q-------------T---------     54
Z321            -K-K---G-W-NW.-K........-.--L---LV---.S-.A-.N-----------------------     55
92RW020.5        x-R---TSW-N-.--........-.------MLV-Y.S-.A-.N---A----------------G--     54
92UG031.7        x-RR--R-W-H-.L-........-.-I----MI---.S-RTD.K-------------E---------     55
92UG037.8        x----ER--PCW.-T........-.-I----MI---.-T.A-.N-----------------------     54
92RW009.14       x---TLM---N-.--........-.------ML---.S-.AN.N-------------------LG--     54
TZ017           ---REMKR---Q-.--........-.---L--MLM--.SV.TG.N-----------------------     55
UG275A          -KA--T-M-C-NW.--........-.------ML---.ST.A-.D------------R----------     55
UG273A          ---K---R-W-H-.L-........-.--I---LIT--.ST.AK.N------------R----------     55
VI191A          ---K---M-W-H-.-K........-.--L---LG---.--..-.N-----F-----------------     54
DJ264A          -------R--PLF.-K........-.-MI-FWIM---.--..-.K------------R----------     54
DJ263A          -----M-R--PL-.-K........-.--I-FWTM---.--..-.K------------RNT--------     54
DJ258A          -------K--PL-.--........-.--I-F$IM---.--..K.EM-----------R--K-------     53
KENYA           -----T-R-C-H-.L-........-.------MI---.S-.A-.N-------------N---------     55
CARGAN          -------K---H-.L-........-.----F-LI--S.CV.AD.Q-------------N-D-------     55
CARSAS          ---K-T-K--SP-.--........-.-I----LI---.S-.T-.K---------------K-------     55
CAR4054         ---KET-R-WHN-.-K........-.RL--F-MLM--.--.K-.N------------RE-N-------     55
CAR286A         ---K-T-R-W-N-.--........-.-L--F-MLM--.--.TN.N--------------R--------     55
CAR4023         ---KE...K--H-.--WG....WK-.-S-L--ILM--.--DKD.K------------R--N-------     57
CAR423A         ---KE...K--H-.--WG....WK-.-S-L--ILM--.--.SD.K------------R--N-------     56

                                                        *                                *
CONSENSUS-B   ??mrvkgirknyqhl?wr????????w.GtmllGmlmic.sa??e.?lWvTvYyGVPVWkeatTTLFcAS     53
SF2           ..-K---T-R-----.--........-.--L--------.--.T-.K-----------------------     55
SF2B13        ..-K--ET-------.--........-.-IL--------.--.K-.K-----------------------     55
LAI             ----E...K----.--WG....WK-.------I----.--.T-.K-----------------------     56
HXB2R           ----E...K----.--WG....WR-.-----------.--.T-.K-----------------------     56
NY5CG           --A--T-------.--........-.-----------.--.A-.Q-----------------------     55
NL43            ----E...K----.--WG....WK-.------I----.--.T-.K-----------------------     56
JRCSF           -------------.-K........G.-IL---T----.--.V-.K----------------T--------     55
JRFL            --------S--Y-.-K........G.--L---I----.--.V-.K-----------------------     55
ALA1            -------R---R-.--........-.-I----I----.--.T-.K-----------------------     55
JH32            -------------.--........-.------I----.--.A-.Q---------------A-------     55
BAL1            ---TE---S---W.--........-.-I----I----.N-.E-.K-----------------------     55
YU2             --ATE--------.-K........G.--L--------.--.A-.Q-----------------------     55
BRVA            ------K------.--W.......G.-M----I----.--.TD.K---------------N-------     56
91US005.11    ...#---T----P--.-GWGI...WR-.-I---------.--.AD.K--------------T--------     58
91US006.10    ...#--E--------.--WGTMLL.R-.-M---------.--.A-.EK----------------------     60
BZ167A        ..-G-----------.-KWGTM..WR-.-----------.--.A-.Q-----------------------     61
MA208           ---R---R-----.--WGTMLLGI-.-----------.--.AD.N-----------------------     63
ETR             ----E--------.--WGIML..R-.-----------.--.A-.Q-----------------------     61
BA1A            ---TE---S---W.--........-.-I---------.N-.E-.K-----------------------     55
MN              -------R----W.-G........-.------L----.--.T-.K-----------------------     55
QZ4589          ---R---R-C---.-T........-.--------I--.--.T-.Q-----------------------     55
CAM1            --A------C-R-.--........-.-----------.--.AD.K-----------------------     55
ADA           ..-K-----------.-K........-.-I---------.--.V-.N-----------------------     55
JFL             ----E----C---.--........-.-----------.--.AG.K-----------------------     55
SIMI84          ---------C---.--........-.-----------.--.V-.Q-----------------------     55
BCSG3C          ----E--------.--........-.----F-I---Y.--.AG.N-----------------------     55
D31           ..-K--E--------.--........-.-----------.--.T-.K-----------------------     55
SF162           -------------.--........G.--L--------.--.V-.K-----------------------     55
OYI           ..-TAR-T-----R-.--........-.-----------.--.A-.N-----------------------     55
SF33            --ARET-----C-.--........-.-----------.--.A-.N-------------D---------     55
CDC42         MA--A------C---.--........-.-----------.--.AA.N-----------------------     57
HAN           ..-K--ET-----R-.--........G.--L-------S.-V.AG.N-----------------------     55
```

```
                                                  <- vpU cds
                                          signal peptide / gp120
                                                   *                          *
CONSENSUS-B   ??mrvkgirknyqhl?wr????????w.GtmllGmlmic.sa??e.?lWvTvYyGVPVWkeatTTLFcAS     53
ENVVA           --A--T-------.--........-.-I---------.--.A-.Q--------------T--------     55
RF              ---MEM---C---.-K........-.-----------.--.A-.D-----------------------     55
WMJ22           ------MR-C---.-I........-.----F--W---.--.V-.Q-----------------------     55
TB132           ----E----C---.--........-.--L---I---S.--.A-.N-----------------------     55
92BR020.4     ...#--EM--HW--W.-K........G.-IL--------.--.KD.N--------------------G--     53
92TH014.12    ...#-T------RQ-.--........-.------I----.--.A-.K-----------------------     53
92US711.14    ...#---T-------.-K........-.-----------.--.A-.N---------------I-------     53
91US712.4     ...#-TE----C--W.--........-.-I-------T-.NN.A-.ES----------------------     53
92US714.1        xA--------P-.$I........-.-------W---.--.E-.N-----------------------     53
92US715.6     ...#-T-----C--W.-K........-.-I----I----.N-.T-.K---------------N-------     53
92US716.6     ...#-T-----C--W.-K........-.-M----I----.NT..-.N-----------------------     52
92HT593.1     ...#A-EM--HC---.--........R.-I-------T-.--.A-.N-----------------------     53
92HT594.10    ...#-T---------.-K........-.-I---------.--.V-.Q-----------------------     53
92HT596.4     ...#-T---------.-K........-.-I---------.--.V-.Q-----------------------     53
92HT599.24    ...#-------C---.--........-.-M----L----.--.T-.RF------------D-I-------     53
91HT651.11    ...#A-EM--HW---.-T........-.------I----.-S.E..Q-----------------------     52
RJS             --ARE--T-W---.--........-.-----------.--.T-.N-----------------------     55
GUN                                                   x.A-.K-----------------------     27
SC              -----SGR-----.--........-.------I----.--.A-.Q-----------------------     55
92BR014.1        xA------C--WC--........-.-I---------.--.T-.K-----------------------     55
92TH026.6        x-T---------.--........-.-----------.--.AN.N--------------------G--     54
92BR021.6       ---------C-R-.--........-.-I-------T-.--EED.K-----------------------     56
ACH9                                                                ---------------     15
ACP1                                                                ---------------     15
JM                                                                  ---------------     15
WM                                                                  ---------------     15
P896            ----E----W--..L-........G.-IL--------.--AK-.KT---I-------R----------     55
VE1                                                   -.T-.K-----------------------     27
VE2                                                   -.T-.K-----------------------     27
VE3                                                   -.T-.N---------------S-------     27
VE4                                                   -.T-.QS----------------------     27
VE5                                                   -.A-.Q-----------------------     27
VE6                                                   -.TN.K-----------------------     27
VE7                                                   -.AG.N---------------I-------     27
VE8                                                   -.A-.Q-----------------------     27
68A             ----------..Y-.--........-.-M---------.--.T-.K-----------------------     53
US1             ----ET-------.--........-.-IL---T----.--..-.K--------------------G--     54
US2             ------K-T-R--.--........-.------I---S.--.AG.Q--------------------G--     55
US3             ----E----C-R-.-K........-.-----------.--.A-.NS-------------------G--     55
US4             --AMEM--HC---.--........G.-IL---I----.R-.TT.V-----------------------     55
8020                                                  -.T-.K-------------D---------     27
17305                                                 -.T-.Q-----------------------     27
24612                                                 -.Q-..K-------------T--------     26
26807                                                 -.K-.K-----------------------     27
27290                                                 -.K-.K-----------------------     27
27481                                                 -.T-.K-----------------------     27
4995                                                  -.E-.QV----------------------     27
CM237X                                                        x--------------------     21
91HT652.11       xA-EM--HC---.--........G.--L--------.--..-.N-----------------------     53
3202A12         -K--ET-------.--........-.-----------.--.A-.Q-----------------------     55
3202A21         -K--ET-------.--........-.-----------.--.A-.Q-----------------------     55
MANC            -K--E------N-.--........-.--LF-------.--.E-.K-----------------------     55
WEAU160         -------------.-K........-.-I----I----.--.A-.N-----------------------     55
SAL1            ---ME-K----YW.-E........G.-IL--------.N-.K-.N-----------------------     55
```

```
                                                <- vpU cds
                                          signal peptide / gp120
                                                     *                                *
CONSENSUS-C     MrVrgi?rNwqqw.wi........w.GILGFwmlmic.nv??g.nLWVTvYYGVPVWkeAkttLFCAS     53
93MW959.18       x----P------.--........-.-------F---.S-.W-.--------------D---------     54
93MW960.3        x----S------.--........-.----------Y.S-.L-.------------------------     54
93MW965.26       x-M--RK----L.--........-.-----G-----.DM..K.G----I------------------     53
92BR025.9        x-E--Q---K--.--........-.-------V--Y.--.R-.------------------------     54
UG268A2         ---M--Q--C---.--........-.------I----.--.M-.----------------T-------     55
SM145A          ------L------.--........-.-----------.SG.G-.-------------R----------     55
D1024           ------L--Y---.G-........-.-----------.--.V-.------------------------     55
ZAM18A          ----E-L------.--........-.-------V-NY.--VGD.------------------------     56
ZAM20A          ------L--C---.--........-.-----------.-G.V-.D------------------------     55
DJ259A          -K-M-TQ---PR-.-V........-.--------L--.-G....--------------D-NPP-----     53
DJ373A          ---M--QM-C---.--........G.--------LM-.-G.M-.-------------Q--NP------     55
SE364A          ---T-ML--C-P-.--........-.-------RL-Y.--.G-.------------------------     55

                                                     *                                *
CONSENSUS-D     Mrvr?ierNyqhl.Wr????????W.gtmLLGmLMic.sv.a???lWVTVYYGVPvWKEatTTLFCAS     52
ELI             --A-G----C-NW.-K........-.-I----I--T-.-A.-D.N------------------------     55
Z2Z6            ----G----C-N-.-K........-.-I----I--T-.-N.-D.N------------------------     55
Z6              --A-E----CPN-.-K........-.-I----I----.-A.-D.N------------------------     55
NDK             --A-EK---C-N-.-K........-.-I-------T-.-A.-E.D----------I------------     55
92UG021.16       x--EMR--C---.-G........-.--L-------Y.GT.TG.N------------------------     54
92UG046.8       ---MG--------.-ERNQHSLWR-.-I---------.K..GE..------------------------     61
92UG024.2        x--EMQ------.-K........-.-I---------.-G.TEEQS----------------------     55
92UG038.1                                                         ------------N-------     20
43425                                                              -------------------     19
JY1             ---MG-RM-----.-K........-.-I----I--T-.--.-E.D------------------------     55
43424E                                                              A.ED.N-----------------------     27
TZ005           ----G-K------.--........-.------I----.--.TG.K------------------------     55
TZ012           ---KEM-------.--........-.-----------.--.TG.N------------------------     55
TZ023           ----E-Q------.--........-.-I---------.-A.TE.KF-----------------------     55
TZ030           ----G-K------.--........-.------I----.--.TG.K------------------------     55
TZ053           ----G--------.-K........-.S----------.--.-G.N------------------------     55
TZ064           ----G-------W.--........-.-----------.--.TG.K------------------------     55
TZ112           ----E------..-.--........-.------I--A-.--.TG.Q--------------T--------     53
UG269A          ----E--------.--........-.-----------.R-.TG.E------------------------     55
UG274A2         ----E--------.-I........-.---------TY.--.-E.Q------------------------     55
SE365A2         --A-EMK------.--........-.---------T-.--.-E.K------------------------     55
CAR4020         ----G--------.--........-.------I--T-.--.-E.K---------------E-------     55
93ZR001.3        x--G------C-.--........-.-M-------T-.--.-E.D------------------------     54
GP120AA                                                 x-.--.-K.NK-----------------------     30

                                                     *                                *
CONSENSUS-E     MrVKetqmnwpnl.wk??....??W.GtliLGlviic?sA.Sd.NLWVTvYYgVPvWrdAdTTLfcAS     55
93TH966.8        x-----------.--........-.-I---------.--.--.------------------------     54
93TH975.15       x-----------.--........-.-----------.--.--.------------------------     54
92TH011.5       -------------.--........-.----------x#--.-N.------------------------     55
92TH006.5        x-----------.--........-.-----------.--.--.-----G---------------G--     54
TN235           -------------.$-........-.-----------.--.-N.------------------------     54
TN239           -------------.--........-.-----------.--.-N.------------------------     55
TN241                                                                x----KE---------     16
TN242           -------------.--........-.-----------.--.-N.------------------------     55
TN243           -------------.--........-.-----------.--.--.------------------------     55
TN244                                                                x----KE---------     16
92TH022.4        x-----------.--........-.-----------.N-.--.-------------K----------     54
93TH976.17       x-----------.--........-.-----------.--.--.-------------K----------     54
CM240X          ----A--------.--........-.-----------.--.--.----------------------G--     55
CARELO          ----G------H-.--........-.-----------.R-.-E.-----------A----E-------     55
CAR4017         -----...KYQH-.-RWG....WK-.-SML--ILM--.--.--.-----------A-K----------     56
CAR4071         ----G--------.--........-.---------M-.--.--.------------------------     55
CARMBA          ----G---T---W.--........-.-----------.N-.-N.-------------K------C---     55
```

```
                                                  <- vpU cds
                                         signal peptide / gp120
                                                   *                          *
CONSENSUS-F     M?VRGMQRNWQHL.GK........W.GLLFLGiLiIC.NA.?E.nlwVTVYYGVPVWKeATTTLFCAS     53
BRA7944                                                  -.EFG---------------------     25
BZ163A          -R-----------.--........-.--------L--.--..-.--------------D---------     54
BZ126A          -R-----------.--........-.-----------.--..-.-------------------------     54
93BR020.17       x-----------.--........-.------T----.--.A-.-------------------------     54
93BR029.2        x-----------.--........-.-----------.--..-.-------------------------     53

                                                   *                          *
CONSENSUS-G     M?vkGIqrNWQHl.Wk........W.GtLILGLViiC.sA.sn.nLWVTVYYGVPvWEDaDttLFCAS     54
LBV217          -RA---L------.--........-.-I---------.N-.-G.-----------A------------     55
RU511B                                                                -------------     13
RU570                                                                 -------------     13
92RU131.9        x----RT----F.-R........-.--------M--.--.-K.D-----------------------     54
47621                                                          ---------------------     21
47622                                                          ---------------------     21
92UG975.10       x-R---M-----.--........-.---------M-.--.--.-----------A------I-----     54
CAR4067         -R-----------.--........-.-----------.--.T-.S--------------R-AP-----     55

                                                   *                          *
CONSENSUS-O     MtvtMKaM?KrNr.Kl........w?lylamALiiPC.LS.???QLYATVYsGVPVWEdA?PvLFCAS     51
ANT70           -I------E---K.--........-T--------T--.--.LR.-------A--------T-------     56
MVP5180         ------V-K-N--.-S........-S--I----L---.--.YSK--------------E-A-------     57
VAU             --AI----G----.--........GIWC-IL------.--.CN.----------------K-T-----     56

                                                   *                          *
CONSENSUS-U     M?V?E?QRN????.W?........W.???ILG???IC.?A.?????WVTVYYGVPVWKDAETTLFCAS     36
CAR4081         -K-M-T---CPRS.-R........-.GIL---LVI--.N-.SDNNL----------------------     56
Z3              -R-K-I---YQHL.-K........-.SLI---MIM--.K-.IE.KS----------------------     55

                                                   *                          *
CONSENSUS-A     Mrvmgiq?nyq?l.wr??....??W.gtmilg??iIc.na??e.?lWVtVyYGVPVWkdaeTTLfcAS     49
AD_K124A2       -------R-C-L-.LG........G.-I----MI---.--.A..N------------R----------     54
DA_MAL          ---RE--R---NW.--........-.-M-L--MLMT-.SI.A-.D-------------E-T-------     55
AD_UG266A2      ---K--PR---N-.L-........-.--I---MI---.ST.AD.N--------------------G--     55
CA_ZAM184       ---R--PK-W-QW.-I........-.-ILGFWMLM--.SV.VG.N------------RE-K-------     55
GX_VI525A2      ---R---T-W-N-.-N........-.--L---LV--S.S-.SN.N------------E----P-----     55
EA_CAR4039      ---R-T-K-WPN-.-K........-.--L---LVM--.S-.SD.N------------R--K-N-----     55
FB_93BR019.10    x-R-M-R-W-H-.GK........-.-LLF--ILM--.--.TD.N-------------E-T-------     54
CD_DI2ACD       -----T-R-C-QW.-I........-.-ILGFWMLM--.-V.MG.NS------------E-T-------     55
DA_TZ016        ---R--KR---H-.--........-.---L--ILM--.SV.TG.K-------------E-T-------     55

                                                                                *
CONSENSUS-CPZ   M????????????.?????.....??????L??????.?T.?E.???VTV?YGVPVW??A?P?LFCA?     19
CPZGAB          -KVMEKKKRDWNS.LSIIT......IITII-..LTPC.L-.S-..LW---Y------HD-D-V----S     55
CPZANT          -R.KPIH.......II........W.GLAL-IQFIEK.G-.N-.D.Y---F------RN-T-T----T     47
```

```
                                 *              ^^^                                *
CONSENSUS-A   dAkAydtE?HNVW?aTHaCVPTDPnPqEi?le.NVTE?FnmwkNnMVeQmheDiiSLWD.qSLkPCvkLt    113
U455          ------A-V----.---------------D-V.----E---------D-----------.----------    121
SF1703        -----ER-V----.----------D----Y--.----G-------------T-------.----------    122
IBNG          --------V----.---------------H--.----K---------------------.----------    121
Z321          --------K----.--------------LS-G.----K-D-------------V-----.----------    122
92RW020.5     --------V----.E--------------H--.----D----R--------T-------.----------    121
92UG031.7     -----K--M----.----------S---MH-K.----R-------------T-------.----------    122
92UG037.8     --------V----.---------------YM-.----E-------------T-------.-------Q--    121
92RW009.14    ------P-K----.----------T----H--.----E-------------T-------.---------P    121
TZ017         -----E--A----.---------------H-G.----N-------------T-------.----------    122
D687                                                                x----.----------     15
UG275A        --------M----.---------------N-G.----K---------------------.----------    122
UG273A        -----E--M----.---------------R--.----E--I----------T-------.----------    122
VI191A        -----SE-K----.----------D-K--N-V.----D------K-----Q--------.----------    121
DJ264A        ------V-V----.---------------H-K.----K---------------------.-------E--    121
DJ263A        ------A-V----.---------------H--.----K---------------------.----------    121
DJ258A        --------V----.---------------Y-K.----K---------------------.----------    120
KENYA         -----E--K----.---------------H--.----E-------------T-------.----------    122
CARGAN        N-R-----V----.---------------N-V.----E-------------T--T----.---Q------    122
CARSAS        --------M----.--------------MD-K.----N-------------T-------.-------Q--    122
CAR4054       ----HS--K----.---------------K--.----N---------------------.E---------    122
CAR286A       -----SA-#----#---------------P--.----N---R--S----ID--------.E-----IE--    121
CAR4023       -----S--K----.---T------D-R--P-K.----N------S-----Q--------.E---------    124
CAR423A       -----S--K----.---S-----------L--.----N------S--D-----------.E---------    123

                                 *              ^^^                                *
CONSENSUS-B   dakaydtEvHNvW.athAcvPTdPnPqevvl??nVTEnFnmWkNnmVeQMhEdiisLWd.qslKPCVklt    119
SF2           --R----------.-----------------G.-----------------Q--------.----------    122
SF2B13        --R----------.-----------------G.-----------------Q--------.----------    122
LAI           -------------.-----------------V.-----------D--------------.----------    123
HXB2R         -------------.-----------------V.-----------D--------------.----------    123
NY5CG         -------------.-----------------Q.--------------------------.----------    122
NL43          -------------.-----------------V.-----------D--------------.----------    123
JRCSF         -------------.-----------------E.----D------------Q--V-N---.----------    122
JRFL          -------------.-----------------E.----H------------Q--------.----------    122
ALA1          -------------.--------------I--E.--------------------------.----------    122
JH32          -------------.-----------------E.----K---------------------.----------    122
BAL1          -R-----------.---------------E-K.--------------------------.----------    122
YU2           -------------.---------------K-E.--------------------------.----------    122
BRVA          --------I----.--------------L-MG.-----------D--------------.----------    123
91US005.11    -------------.---------------E-K.-------------------------N.EA--------    125
91US006.10    -------------.-----------------E.----S---------D-----------.----------    127
BZ167A        ---T---------.--------------IE-V.-----------------Q--------.----------    128
MA208         ------K-A----.--------------LP-E.S-------------------------.E---------    130
ETR           --------A----.-----------------V.-------------------N------.----------    128
BA1A          -------------.---------------E-E.--------------------------.----------    122
MN            -------------.--Q------------E-V.--------------------------.----------    122
QZ4589        --------K----.----------S------G.--------------------------.----------    122
CAM1          -------------.-----------------E.--------------------------.----------    122
ADA           -------------.-----------------E.--------------------------.----------    122
JFL           -------------.---------------K-E.-----------D--------------.----------    122
SIMI84        -------------.----------S---I--E.--------------K-----------.----------    122
BCSG3C        -------------.-----I--------I--E.----D------------Q--------.----------    122
D31           ------K------.----------D------E.----D---------------------.----------    122
SF162         -------------.--------------I--E.--------------------------.----------    122
OYI           --R--A-------.-----------------G.------D----------Q--------.----------    122
SF33          -------------.-----------------G.--------------D------V----.----------    122
CDC42         --------A----.--------N--------E.--------------------------.----------    124
HAN           -------------.----------------MG.-----------D-----Q--------.----------    122
```

```
                                   *              ^^^                              *
CONSENSUS-B   dakaydtEvHNvW.athAcvPTdPnPqevvl??nVTEnFnmWkNnmVeQMhEdiisLWd.qslKPCVklt    119
ENVVA         -------------.-----------------E.--------------------------.----------    122
RF            E----K-------.-K-------------L-E.--------------------------.----------    122
WMJ22         -----S--A----.---------------I-G.--------------------------.----------    122
TB132         -------------.----------S----A-V.-------I-T--I-------------.----------    122
92BR020.4     -----KA------.--------------I--E.--------------------------.----------    120
92TH014.12    -------------.-----------------G.--------------------------.----------    120
92US711.14    -------------.-----------------E.---------E-----------S----.----------    120
91US712.4     -----------I-.-----------------E.--------------------------.----------    120
92US714.1     -------------.-----------------E.--------------------------.----------    120
92US715.6     -------------.----------D----E-E.--------------------------.----------    120
92US716.6     -------------.-----------------E.----D---------------------.----------    119
92HT593.1     -----E-------.---------------L-E.-----------------Q--------.----------    120
92HT594.10    ------R------.-----------------E.--------------D-----------.----------    120
92HT596.4     ------R------.-----------------G.--------------------------.---------A    120
92HT599.24    ------A-A----.-----------------K.---------D----D--N--------.-------TI-    120
91HT651.11    -----H-------.--------------ME-K.--------------------------.----------    119
RJS           -------------.----------------K-K.--------------------------.----------    122
GUN           -------------.--------N--------E.-----------S--------------.E---------     94
SC            -----------I-.-----------------G.--------------------------.----------    122
92BR014.1     ---S---------.----R------------GK-----------D--------------.----------    123
92TH026.6     -------------.-----------------G.---------E-------Q--------.----------    121
92BR021.6     --------M----.D----------------E.----D------------Y--------.----------    123
ACH9          -----A-------.----------S----L-E.--------------------------.----------     82
ACP1          ---T---------.------------R--T-E.--------------D-----------.----------     82
JM            -------------.------------H-IP-I.--------------------------.----------     82
WM            --------R----.-----------------G.----------------------N---.----------     82
P896          -------------.-----------------G.--------------D-----------.E---------    122
49L1R                                                                              -      1
VE1           -------------.-----------------G.--------------------------.----------     94
VE2           -------------.--------------IK-E.----Y---------D-----------.----------     94
VE3           -------------.-----------------E.-----------P--------------.----------     94
VE4           -------------.--------------IF-G.----Y---------------------.----------     94
VE5           -------------.--------------IL-E.-----------D--------------.----------     94
VE6           -----S-------.-----------------T.-----------D--------V-N---.E---------     94
VE7           -------------.----R-------H--N-V.----K----E----D-----------.----------     94
VE8           -----G--K----.-----------------G.--------------------------.----------     94
68A           -------------.-----------------G.--------------------------.----------    120
RJSP3                                                                     x----Q--      8
US1           -------------.--------------IA-E.----D---------------V-----.---------P    121
US2           ------K------.----------D-K-LP-E.--------------------------.----------    122
US3           -------------.----------S------E.--------------------------.----------    122
US4           -----KA-A----.---------------N-T.--------------------------.-R--------    122
8020          -----S-----I-.-----------------E.----Y----E----------------.----------     94
17305         -----K--M----.--------------I--E.----E---------------------.----------     94
24612         -------------.-----------------G.--------------------------.----------     93
26807         -------------.---------------R-E.-------A---D--------------.----------     94
27290         -----A-------.--------------I--G.--------------------------.----------     94
27481         -------------.-------------K---K.--------------------------.----------     94
4995          -------------.-----------------G.----D---------------------.----------     94
CM237X        -------------.----------S------G.--------------------------.----------     88
91HT652.11    --------G----.-----------------E.--------------Q-----------.----------    120
3202A12       -------------.-----------------G.----Y---------D-----------.----------    122
3202A21       ----S--------.---------------A-E.----D-D---------------N---.----------    122
MANC          ----HG-------.--------------I--E.----Y-D----------Q--V-----.----------    122
WEAU160       -------------.-----------------E.--------------------------.----------    122
SAL1          --R----------.----------S---IH-V.-------------------G-----G.----------    122
```

```
                                 *              ^^^                              *
CONSENSUS-C   daKAYe?EvhNVW.AThACVPTdPnPQEmvle.NVTenFNMWkNdmVdQMHeDiislWD.qsLKPCvklT    119
93MW959.18    ------R------.--------------I-W-.------------I--------------.----------    121
93MW960.3     ------Q------.--------------V--G.--------------------V-----.----------    121
93MW965.26    E-----K------.------------------.--------------N-----------.----------    120
92BR025.9     -----DT------.------------------.---------E----E---Q-------.----------    121
UG268A2       ------T------.--------------I---.----S-------------Q-V-----.----------    122
SM145A        -S----R------.----------S----L-G.--------------------------.----------    122
D757                                                                  x----.----------     15
D747                  x---.-----------------G.---------R----N-----V-----.----------     58
D760                  ----.--Y-----G-D---I---.---G----------------V-----.----------     58
D1044                                                                            x-      2
NOF                                                                            xV--      4
SH750                                                                           ---      3
DLU                                                                             ---      3
D1024         ------E------.------------------.--------------N-----V-----.----------    122
D744                                                                   RV--.-T--------     14
D808                                                                  -----.P---------     15
D868                                                                     --.P---------     12
ZAM18A        ------R------.--------------I--G.----------------------R---.----------    123
ZAM20A        ------T------.----------S------A.--------------------------.--------M-    122
DJ259A        -----KV------.----------S---LA--.-----------G------Q-------.----------    120
DJ373A        ------T------.----------S---L-M-.-----------G------Q-------.EG--------    122
SE364A        ------R-G----.----------------W-.----Y----------------------.----------    122
U0GOM                                                                           ---      3
BOOYD                                                                           ---      3

                                 *              ^^^                              *
CONSENSUS-D   DAksYk?eaHniW.ATHACVPTDPnPqEi?le.NVtENFnmWkNnMVeQmHeDiiSLwD.qslKPCVKLT    117
ELI           -----ET------.---------------A--.--------------------------.----------    122
Z2Z6          ------T------.---------------E--.---------R----------------.----------    122
Z6            ------T------.---------------E--.---------R------I---------.----------    122
NDK           ---A--K------.---------------E--.--------------------------.----------    122
92UG021.16    -----EA------.---------------V--.-------I----------D-------.--I-------    121
92UG046.8     -----EP------.------------R--K--.-----------D--------V-----.----------    128
92UG024.2     ---A--A------.------------R--Q--.--------------------V-----.----------    122
92UG038.1     -----IK------.------------R--E--.------------------------R-.----------     87
43425         ------T------.---------------E--.--------------------------.----------     86
JY1           -----EP------.------------R--EM-.--------------------------.-N--------    122
43424E        ------T------.---------------E--.--------------------------.----------     94
TZ005         -----EA-V--V-.---------------V--.-----------G--D---Q-------.----------    122
TZ012         -----EV----V-.------------R--M--.--------------------------.----------    122
TZ023         ------A------.---------------K--.--------------------------.----------    122
TZ030         -----EA-V--V-.---------------V--.-----------G--D---Q-------.----------    122
TZ053         --Q---T------.------------R--E--.------------------G--.----.----------    121
TZ064         -----EP----T-.------------R--K--.--------------------------.-N--------    122
TZ112         -----ET---S--.------------R--I--.--------------------------.----------    120
UG269A        ------KG-----.------------R-#K--.--------------------------.E---------    121
UG274A2       -----IA------.----------D-R--R--.------D-------------------.----------    122
SE365A2       -----ET-K----.---------------E-A.--------------------------.----------    122
CAR4020       ------A------.--------------ME-K.--S-----------------------.----------    122
93ZR001.3     ------T------.---------------K--.--------------------------.----------    121
GP120AA       ------T------.------------R--E--.-------T------------------.----------     97

                                 *              ^^^                              *
CONSENSUS-E   dAKAHeTEvHNvW.aTHACVPtdPNpqei?le.nvtenfnmwknnmveqmqedvIsLWD?qsLKPCVkLT    121
93TH966.8     -------------.---------------H--.-I------------------------.----------    121
93TH975.15    -------------.---------------H--.--------------------------.----------    121
92TH011.5     -------------.------------.........................#-T---.-R-----R--     95
92TH006.5     --------M----.---------------H--.--------------------------.----------    121
TN235         N------------.---------------H--.--------------------------.----------    121
TN239         N----------L-.---------------Y--.--------------------------.----------    122
TN241         -------------.---------------H--.--------------------------.----------     83
TN242         N------------.D--------------H--.--------------------------.----------    122
TN243         -------------.---------------Y--.---------N----------------.----------    122
TN244         -------------.---------------D--.--------------------------.----------     83
92TH022.4     -------------.--------E------Y--.--------------------------.----------    121
1643E                                                                  x---#----------     14
93TH976.17    -------------.---------------H--.-----------K--------------.----------    121
CM240X        -------------.---------------H--.--------------------------.----------    122
CARELO        -------------.---------------YM-.----H--------------------.----------    122
CAR4017       -----K-------.---------------YM-.-------------A------I-----.ER--------    123
CAR4071       -----------I-.---------------F--.--------------------------.----------    122
CARMBA        -----V--M----.-------##--#--VYM-.-----------------H--I-----.E---------    119
```

```
                                 *              ^^^                              *
CONSENSUS-F   DAKSYEkEvHNVW.aTHACVPTDPnPQEVvLe.NVTEnFdMWkNnMVEQMHTDIISLWD.QSLKPCVKLT    120
BRA7944       ------R------.----------D----E-K.-------------------------.----------     92
BZ163A        ------R------.------------------.-----------S--------------.----------    121
BZ126A        -------------.------------------.-------------------------.----------    121
RJI03                                                                    --------      8
93BR020.17    --------A----.P-----------------.----R-N--E----------------.----------    121
93BR029.2     -------------.---------------F--.-------------------------.----------    120

                                 *              ^^^                              *
CONSENSUS-G   DAkaysTEsHNvW.ATHACVPTDPNPQEi?Le.NvTEnFNMWKNNMVeQMHEDIISLWD.EsLkPCVKLT    120
LBV217        -------------.---------------S-N.-------------------------.----------    122
RU511B        ---S$--------.---------------T--.----E--------------------.----------     79
RU570         -----------I-.---------------P--.-I-----------------------.----------     80
92RU131.9     ---S---------.---------------T--.-------------------------.----------    121
47621         -----D-------.--------------LD-K.--------------Q-----------.-G--------     88
47622         -----D-------.--------------LD-K.-------------------------.-G--------     88
92UG975.10    --------K----.--------------LP-K.-------------------------.----------    121
CAR4067       --RS----K----.---------------V--.-------------------------.---E------    122

                                 *              ^^^                              *
CONSENSUS-O   DANLTSTEqHNIW.AsQACVPTDP?P?EypL?.NVTd?FnIWKNYmVdQMhEDIIsLWd.QSLKPCvqMT    114
ANT70         --------K----.----------T-Y----H.----D---------E--Q--------.----------    123
MVP5180       -------------.----------N-H-F--G.----N-D------------------E.------EK--    124
VAU           -------------.-T--------S-N--E-K.---GK-------I---------D---.----------    123

                                 *              ^^^                              *
CONSENSUS-U   DAK?Y??E?HNVW.ATHACVP?DP?PQE??L?.NVTE?FNMWKN?MVEQMHEDIISLWD.?SLKPCVKLT     91
CAR4081       ---S-ST-K----.-------T--N---IL-E.----K------N--------------.E---------    123
Z3            ---A-EK-S----.-------S--S---LV-G.----N------K--------------.Q---------    122
GM4                                                                            ---      3

                                 *              ^^^                              *
CONSENSUS-A   dAkAydtE?HNVW?aTHaCVPTDPnPqEi?le.NVTE?FnmwkNnMVeQmheDiiSLWD.qSLkPCvkLt    113
AD_K124A2     -----K--M----.---------------H--.----N-------------T-------.----------    121
DA_MAL        ---S-E--V--I-.---------------E--.----G---------------------.----------    122
AD_UG266A2    --------V----.------------R--K--.----N----------R---------E.----------    122
CA_ZAM184     -----ER-V----.---------------V--.----N------D--D-----------.----------    122
GX_VI525A2    ---S-S--S----.---------------S--.----N------K--------------.E------E--    122
BF_RJI01.5                                                            x-.-------E--     12
EA_CAR4039    ----HK--V----.---------------YM-.----N------------Q--V-----.----------    122
FB_93BR019.10 ---S--R-V----.--------------VV-G.----N------D------T-------.----------    121
CD_DI2ACD     ---S-KA-A--I-.----------S---MV--.----N------D--D-----------.-G--------    122
DA_TZ016      ---S-EA-V----.---------------V--.----N------G--D---Q-----$-.----------    121

                                 *                                              *
CONSENSUS-CPZ ?A???STE?HN?W.AT??CVP?DP?P??V?L?.N????FN??KN?MV??M?ED???L??.QS?KPCVKLT     56
CPZGAB        D-KAH---A--I-.--QA---T--S-QE-F-P.-VIES--MW--N--DQ-H--IIS-WD.--L-------    122
CPZANT        N-SMT---V--V-.--TS---I--D-IV-R-..-TSVW--AY--Y--ES-T--MxQ-FQ.--H-------    113
```

```
                 *    *            ^^^          ^^^
CONSENSUS-A   PLCVTL?C.??????????n?t??????????n?t???????n?????...????????.........m    126
U455          ------D-.H..........-I-I.........-N-N......-NT.........NITDG.........V    147
SF1703        ------N-.SH.........-I-TH........-I-TNNP...-IT............KY.........-    150
IBNG          ------D-.HNF........-NSYS........-SS.......-LT............SD.........-    146
Z321          ------S-.H.......................-I-IKD....-NT.........NVDTE.........-    146
92RW020.5     ------D-.N.........ATAS.........-V-N.................................    138
92UG031.7     ------N-.TTVD.......-T-NV...................-IS............KD.........-    145
92UG037.8     ------D-.SY.........-I-N.........-I-........-SI........TNSSVN.........-    148
92RW009.14    ------E-.N..........-I-NV........-N-V......-IT............DD.........-    145
TZ017         ------N-.TEWKN......-A-..........-A-.......-DI.........................    144
D687          ------N-.S..........DV-..........-N-FS.....-VS............YD.........-     38
UG275A        ------N-.SDVN.......-V-VT........-HSI....................SSD.........-    147
UG273A        ------N-.TNA........-L-NA........-KNAKVNSAT-GT...........IQS.........-    155
VI191A        ------E-.H.......................-S-TPD....-NT..........TQST.........I    144
DJ264A        ------D-.H.........-............-V-SN.....-RT..........ISRD.........-    144
DJ263A        ------D-.HNV........-SS..........-SSTSI....-RT..........IDSK.........-    149
DJ258A        ------E-.H..........-VSNS........-TSSYR....-IS............SE.........-    146
KENYA         ------N-.S..........-V...........-V-.....ATSGT...........THG.........G    145
CARGAN        ------E-.H..........KP...........-T-DSTK...-NSAE.......NMTFE.........G    151
CARSAS        ------D-.T..........-VA..........-DST...................................    138
CAR4054       ------N-.TDVKK......-S-.................................LE.........G    141
CAR286A       ------N-.TDAKIDCTNGR-NSAGGQTCTGVQ-S-A.....................EV.........G    160
CAR4023       ------N-.TDVK.......-I-V.........-S-S.TGNSA-TINRT.........VD.........S    158
CAR423A       ------N-.T..........-V-VT........-SSN.NVTKT-SS......QSSKYNID.........G    158

                 *   ^* ^                      ^^^
CONSENSUS-B   PlCVtLnc.td?????????????????????n?t???????n?????????????????...????m    133
SF2           --------.--LG....................KA-NT......-SS..........NWKE.........E    147
SF2B13        --------.--LG....................KA-T......-SN..........NWKE.........E    146
LAI           ----S-K-.--LG.......NATNT........-SSNT.....-SS..........SGEMM........-    154
HXB2R         ----S-K-.--LK.....................-D-NT.....-SS..........SGRMI........-    149
NY5CG         --------.--LT.....................-A-YA.....-GS.........S............E    144
NL43          ----S-K-.--LK.....................-D-NT.....-SS..........SGRMI........-    149
JRCSF         --------.K-V......................-A-.......-TT........SSSEGM.........-    146
JRFL          --------.K-V......................-A-.......-TT........NDSEGT.........-    146
ALA1          ------H-.I-YL.....................-A-.......-TT........SSNGTK.........-    147
JH32          --------.I-WG.......NDTSP........-A-.......-TT........SSGGEK.........-    152
BAL1          --------.--LR.......NATNG........-D-.......-TT........SSSRGM.........V    152
YU2           --------.--LR.....................-A-.......-TT........SSSWET.........-    147
BRVA          --------.H-F......................-A-.......-AT........SNSGKM.........-    147
91US005.11    --------.--WSK....................-D-SG.....-TTNTN.....NSSGQI.........-    156
91US006.10    -I------.-H.........NVTAT........-G-......................II........N    148
BZ167A        --------.--YT.......NTT..........-T-.......-TSSTV.......SGEK.........-    157
MA208         --------.--ATIR...............TNT-T-.......-TNSS........GEV.........K    159
ETR           ------H-.--LR.....................-T-N......-NSSI..................EEK-    153
BA1A          --------.--LR.......NATNG........-D-.......-TTSSS................REM-    152
MN            --------.--LR.......NTTNT.......N-S-AN.....-NS........NSEGT..........I    154
QZ4589        --------.--.KLR.....NNISS.............................GEK.........-    144
CAM1          ------I-.-NV......................-N-RT.....-SSD.......WDRREGE.......K-    151
ADA           --------.--LR.....................-V-NI.....-NS..........SEGMR.........    147
JFL           --------.INLK.....................-V-NI.....-NS...........WGK.........-    146
SIMI84        --------.-NWKSA...................-S-SNT....-SSL......................E    147
BCSG3C        --------.--ELK....................-A-.......-TTSTN....TPSGSWKK........-    153
D31           --------.--LK.....................-A-NTN....-SS.........WTMTGE........-    150
SF162         ------H-.-NLK.....................-A-.......-TK.........SSNWKE........-    147
OYI           ------D-.--V........NTTSS.....SLR-A-.......-TT........SSSWET.........-    154
SF33          --------.--YLG....................-A-NT.....-NS..........SGGT.........V    148
CDC42         --------.--LNTN...................-T-.......-TTELS....IIVVWEQ.........R    155
HAN           ------K-.--YN.....................-A-.......-SS...........WGR.........-    144
```

HIV1 ENV

```
                 *   ^* ^                        ^^^
CONSENSUS-B   PlCVtLnc.td??????????????????????n?t???????n?????????????????...????m    133
ENVVA         ------H-.--LK.....................-A-NT............TSSNTNSSS.......WGM-    152
RF            --------.--ANL....................-G-........-VTSS.......SGGTM.........-    149
WMJ22         --------.I-K......................-I-DWK....-TTI......................I    144
TB132         --------.-NLR.....................-D-..................................    137
92BR020.4     --------.I-L........NNSTN........-NN.......SSG........VKTG..............I    147
92TH014.12    --------.--LR.....................-A-NT.....SST.......................-    141
92US711.14    --------.--KL.....................INATYSN...ISL............EG.........E    145
91US712.4     --------.--LS.....................-A-NTN....ATTTT......NSSAGMM........-    151
92US714.1     ------H-.-......DNLTNPTS...........................NVTSE.......MR..    144
92US715.6     --------.-NLR.....................-D-NTT....RNATN.....TTSSETM.........-    151
92US716.6     ------K-.--LG.....................-A-........-TT........SS.GRM.........-    143
92HT593.1     ------E-.H-VNVNGTA..NNGTT........-V-ESGV...-SSDVTSNNVTNSNWGT.........-    167
92HT594.10    --------.--VE.....................-S-NA.....TNS.........SGGI.........I    145
92HT596.4     --------.--VK.....................-S-NV.....TNS..........SGGI.........I    145
92HT599.24    ------H-.--AR.....................-S-NV.....TIE...........VEK.........V    144
91HT651.11    --------.-AAE.....................RNDTG.....SSN...........SSG.........I    143
RJS           --------.-NWK.....................-D-DT.....-TTN.......SSSGEK.........-    150
GUN           --------.-NLV.....................-A-YS.....-SS...........WEK.........-    118
SC            --------.-NLR.......NDTST........-A-........-TT........SSNRGK.........-    152
92BR014.1     --------.--V......................-V-NTN....-TTST.....NSSRLEE.........-    153
92TH026.6     --------.--LR.....................-A-........-TS........ST............-    142
92BR021.6     --------.--V........NTNST........-T-........-STN......TTSSWE..........N    153
ACH9          --------.--NL.....................-S-NLG....-NT......................D    104
ACP1          --------.--DLR....................-D......................WEQ.........-    101
JM            --------.N-ASR......NVTKR........-D-NENATDS-NGTAT....SGN.KTM.........-    123
WM            --------.--CVTS...................-C-NLR....-VTNTK....SSS.KEI.........-    115
P896          --------.-NL........NITK.........-T-........-PT.......SSS.WGM.........-    150
BWB11A             ---.-NDLG......DATNT........-SS..................SE..GM.........-     21
49L1R         --------.--NL.......NVT....NPT...-T-TTRS.......................PITK-     31
VE1           --------.-NLK.....................................NATDND...........    112
VE2           ------D-.--......................WG-A-NT................NISSG........GA-    119
VE3           ------.......................................................MP    102
VE4           --------.--......................LS-A-NTNSSVATTT......SGTTNTNSSS....EEKI    133
VE5           ------I-.--LR.............................-ATDT......TTN.NTSS....WET-    122
VE6           --------.--.............................L-NTNS....NSNTNVTESG....WAK-    124
VE7           ----S---.--VSTDGRDE............GN-A-NATT.............................-    122
VE8           --------.--...................YVW-T-STN....-ST....................TGNS    120
68A           ------D-.--V......................-V-DT......-ST......TNATIGS.......WEK-    150
RJSP3         ------H-.--...............CNATNIN-S-SSSSCNT-NT........STNNS.......SLGN     47
US1           --------.--..............LVNATNTG-A-NT.................TSSS.......WEKL    152
US2           --------.--...................FSR-D-NT.................NNSS.......GEK-    148
US3           --------.-N.....................WK-V-................YTNSSS.......GEN-    147
US4           --------.--KLTGSTNGTNSTSGT.NSTSGT-S-ST.....-ST...........DS.......WEK-    167
8020          --------.ANLTL......NCTKR........-G-HT.....-CT.......NLGNDANT.....TISS    132
17305         --------.-N......................V-A-......K-AT........TYTNNSS.....KEI-    123
24612         --------.--LK..........NNGTMSN.N-T-NAT.........................SSS    122
26807         --------.--........YNNTDTATSATS.S-G-AAGA...............TSSSG.....EMLE    133
27290         --------.--...............YNNTNP.-A-NT................TNATSSI.....EGEI    126
27481         --------.--...............TNSMN..-T-NTNSSI.......................EETI    122
4995          --------.--...................YVG-T-NT.....-TT..............N.....STTS    120
CM237X        --------.--LR.............................-AT........NTSST..........-    109
91HT652.11    --------.-NVK............................-NGT.......NITR.GM........-    143
3202A12       ------D-.D-V...........NTT................-STTTT.....SNGW........TGEI    150
3202A21       --------.--FG.........NAT.................-TTSSS................GVII    147
MANC          ------D-.--YVG......NATNTTS...............T-NTA.......SGSW.........GA-    154
WEAU160       --------.-NV.......NVTNLK.......-E-NT.....-SS.........SG........GEK-    153
SAL1          ----S---.--......................WK-D-NT.....-TT.........TNTNIT.....EGTL    152
CB1           ------H-.FNVSKNYTKY.....................................TNSS.....WGKI     26
CB2           --------.--LE....................-G-NVT..................NSS.....WGTI     25
CB3           --------.--......................WK-D-NT..................NSGSY.....GEPI     26
CB4           --------.--...............YCNATDCR-D-NTTSK...............TTSNG.....WER-     35
CB5           --------.--..................WTNP.-A-NT..................TSNN.....EGTI     27
CB6           --------.--................YATNTT-T-SNSGGT.........................V     26
CB7           --------.--......NL......GNCTDNSG-V-AGNC...TDR....LKNDNNVTNSW.....ERPA     45
CB8           --------.--...................YVG-A-NTNSS........................RGEK-     26
CB9           --------.--...................DLK-D-.....RG-DT..................IGEM-     26
```

```
                 *   ^* ^                        ^^^       ^^^
CONSENSUS-C   PLCVtLnC.?????......n??????......N?t???????n?t????...???????........??    132
93MW959.18    --------.S..........-AN..........-TATN......-V-A.TN....NVT............    147
93MW960.3     --------.A........................-V-IS.....-E-Y......................    139
93MW965.26    --------.TNA........-GTNN........-G-VNV....-D-......................M    146
92BR025.9     ------H-.S..........-RTIDYN......-R-D......-......................M    143
UG268A2       --------.T.........-VNV.........-I-NNA....-A-NSPY...ENGKL...........M    154
SM145A        --------.TE........ANI..........-I-SVG....-V-S.......NDNK............    149
D757          --------.T..........-A...........-V-YDNG...-Y-......................     36
D747          ------H-.T..........-ATYS........-S-Y......-S-YN.....................     81
D760          ------E-.GNV........-AT..........-I-NNGEN..-P-NITN....NR.............     89
D1044         ------E-.RQA........-FT..........-A-NAN....-A-......................     25
NOF           --------.TDVKV...................-A-SNSN...-M-......................     27
SH750         --------.T..........-A...........-V-GN...TKTV-DN......NAHHKN.........M     33
DLU           --------.TSV........-ASG.........-A-SSG....-N-.ITD...................     30
D1024         ------E-.GKV........-AT..........-I-NNG.............................    142
D744          ------K-.D..........ATS.........-A-SSG..............................     32
D766            ----E-.R..........-VTSNG.......-G-YNETY..-ESV......................     25
D808          ------E-.R.........-VSSNG.......-G-YNETY..-ESV......................     42
D868          ------E-.REV........-DTRNGV......-V-NNG.............................     36
ZAM18A        ------E-.G..........-V...........-V-HE.....-S-K......................    143
ZAM20A        ------E-.G..........-VTVPKD......-S-YNGDINS-T-MK.....................    153
DJ259A        --------.S.........-VQS.........-A-YE.....-S-K......................    142
DJ373A        --------.S..........-KVTATG......-GSVTY....-S-E......................    148
SE364A        --------.R........................-V-TSN....-A-S.......NDNPN..........    146
U0GOM         --------.T..........-VTSNI.......-V-G......-I-N......................     26
BOOYD         ----I---.T..........-VKV.........-D-STG....AA-.HNI.................NM     30

                 *   ^* ^                        ^^^
CONSENSUS-D   PLCVTLnC.t????????????t??????....n?t???????n?t????....???????????????    131
ELI           --------.SDELRN..................-G-MGN....-V-TEE....................    148
Z2Z6          --------.IDEVME..................-V-MKNN...-V-EE.....................    148
Z6            --------.-DESDEWMG...............-V-GK.....-V-ED.....................    149
NDK           --------.-DELR...................-SKG......-GKVEEE...................    146
92UG021.16    --------.-EWK....................-A-T......-A-......................NE    142
92UG046.8     ------H-.-EYKAP.....NA-I.........-A-DRDI...........................    153
92UG024.2     --------.I..EWKNE...NE-KG........-K-............................VDPDK    149
92UG038.1     ------H-.-DV........NS-..........-I-STNV...-N-......................SI    113
43425         --------.-DYWG......NY-SGS.......-TPEM.....-N-T......................    114
JY1           --------.-NAGG...................-K-TNGN...-T-........NQEEQM.........M    152
43424E        --------.-NEW.......NS-VGN.......-N-LVNRD..SS-......................    123
TZ005         --------.-EWT....................-G-NE...............................    139
TZ012         --------.IEWK.......NE-AT........-G-NE...............................    144
TZ023         --------.SEWK.....NPNA-..........-A-NE...............................    144
TZ030         --------.-E.........W-..........-G-NE...............................    139
TZ053         --------.IE.............................WE-K-ANAT..................KG    142
TZ064         --------.MEWK......NT-NT........-A-..CGTWV.......................MPLV    151
TZ112         --------.SE.............................YK..NAT....NGNATNN.........    142
UG269A        --------.-EAKF......NV-RATNGK....-TVR.......-A-......................KG    152
UG274A2       --------.-EWK....................-T-EQEK...-TA................VPGSTTS    151
SE365A2       --------.RDISS......DA-SNTIS.....-V-GIP......................MMGK...    153
CAR4020       ------H-.-RLENIA....NSSLTN.......-ASARS....-D-D.......NNHTNSTNTRWVYDGM    169
93ZR001.3     --------.-DARG......NN-GN.......................................VTDWM    144
GP120AA       --------.-D............................EWG-Y-DKRR....NKASDS......QTQM    127

                 *   ^* ^          ^^^          ^^^       ^^^
CONSENSUS-E   PlCVTLnC.tna?????...nlt??..???nv?nitnvsniignit...................?????    150
93TH966.8     --------.I--........---------..--N--IHGP-------.......................    151
93TH975.15    --------.-..........T--........K-.----F-K.-----.......................    147
92TH011.5     --------.-Yx#.......---------..--K-----P-K-----.......................    125
92TH006.5     --------.---KV......-........--S-TI-APD.-----.........................    150
TN235         ------H-.---KLTTA...-..........-HN---S---T-----.........................    154
TN239         --------.---.......-----------..--N-----P-------.......................    152
TN241         ------D-.----------------------N-----------------------------------    113
TN242         ------H-.---------------------GK---KA--.-----.........................    149
TN243         ------I-.---KLTNA...----------..--N-----------------------------------    157
TN244         -P----H-.---NLTKA...----------..--N-R-----------------------------------    118
92TH022.4     --------.----------I.........--N-----------------------------------    151
1643E         --------.AK-........-W-........-A.---Y-P-----L-.......................     43
93TH976.17    ------T-.---TLNCT...----------GNKT---------L-.........................    156
CM240X        --------.---.......----------GSSK----------.........................    152
CARELO        ------R-.----------F-NA..TDA--T-A-AKF-.......................ATKEM    156
CAR4017       --------.-K-........F-KA..NSTEAALNGSY--.......................ETAEM    157
CAR4071       ------D-.-K-DFNTT...KF...........-T-EKPE-.....................EISEM    153
CARMBA        --------.-R-NL......-S-NA..NST-A...............................NTLKM    147
```

```
                 *   ^* ^          ^^^
CONSENSUS-F    PLCVTLnC?t?a??......nat????????t?????q??.........................?tLkE    139
BRA7944        ---------.-D-TA.......---TT....ND-......-HS..........................----    120
BZ163A         ---------.-N-.I.......---.......AI......-DG..........................D---    145
BZ126A         ------H-.-S-TP.......---.......A-......-NG.........................T----    147
RJI03          ---------.SD.................ATV-.....PSR..........................--.-     28
93BR020.17     ------D-RNI-T.......-G-NDTIATND..................................S---    149
93BR029.2      ------R-.....................SNATTNST-ND..........................----    143

                 *   ^* ^          ^^^                     ^^^
CONSENSUS-G    PLCVTLnC.t????......nVt?t??......???........NcT???en??nNstv?.......???    143
LBV217         ---------.-NAIA.......---NS...................-K-SNNSSLG.-----........SSI    157
RU511B         ---------.R..........--NC-KN.................----..KG-..-----........TGY    109
RU570          ---------.S..........--DC-KK.................----..K--..----I........TGY    110
92RU131.9      ---------.R..........--SC-...................----..KG-..--R--........EGK    149
47621          ---------.-..........---Y-........NAT.......---...--..--..-........ENR    116
47622          ---------.-..........---Y-........NAT.......---...--..--..-........ENR    116
92UG975.10     ------H-.A...........---N....................-Y-...-L..A-TSI........GNR    147
CAR4067        ---------.-..........E-NN....................---...RD..-----N.......CEE    149

                 *   ^* ^          ^^^          ^^^
CONSENSUS-O    FLCVQMnC.td?????....N?t???l??....n?T?.................................    129
ANT70          ------E-.-..........-IA...........G-T.................................    138
MVP5180        ---------.V-LQT......-K-..G-L.....-E-I.................................    147
VAU            ---------.--IKNSI....-T-NSP-NS....-N-.................................    150

                 *   ^* ^          ^^^          ^^^
CONSENSUS-U    pLCVTLnC.t???.......n?t?.........n?te?...............??????...........    105
CAR4081        ------T-.-..........-I-K.........-S--V...............NNNSTV...........    147
Z3             F-------.IDVK.......-S-N.........-N--E................................    143
GM4            ---------.-...........................................................     12

                 *    *            ^^^          ^^^
CONSENSUS-A    PLCVTL?C.???????????n?t??????????n?t???????n?????...????????.........m    126
AD_K124A2      ------N-.SNV........-G-GG........-S-TGN....-IT.......................R    147
DA_MAL         ------N-.TNV........-G-AV........-G-NAGS..............NRTN.....AE..LK-    154
AD_UG266A2     ------N-.SEGRV......TD-..........-G-IG................NGTI............    147
CA_ZAM184      ------N-.SDATSTNS...-T-...............................................    141
GX_VI525A2     ------N-.T..........KV-YNS.......TAANNRSSTVTTPTS.TVT..NNSTV........SGK    163
BF_RJI01.5     -----H-.TDA........-T-RSGT......-N-TS................NSTVNTAVSSG..GK-     49
EA_CAR4039     ----I-H-.TRA........-F-NS........-Y-KG................NETV..........E-    149
FB_93BR019.10  ------H-.NAT........TT-GTQ...........................NST...........LK    143
CD_DI2ACD      ------N-.TE.......................................WKGNGTNAT........TG    143
DA_TZ016       ------N-.TEWT.......-G-NE........DIG..................................    141

                 *    *
CONSENSUS-CPZ  P?C????C.?????????...............????????............???????P????..???     60
CPZGAB         -L-VTLQ-.SKANFSQAK................NLT.................NQTSSP-.........    149
CPZANT         -M-IKMN-.TGY.....................NGTPTTPS............TTTSTVT-KTTT..PIV    147
```

```
                          ^*^ ^^^
CONSENSUS-A   ?..?e.....ikNCsfNmTtelrdkkqkvysLfYrlDvVqi????????n??????....n?????????    160
U455          R..E-.....M-------------------------I---.........-KTD.......-NS.......    188
SF1703        E..G-.....-----Y------------------K----P-DK......-NG........-NN...IRTQ    196
IBNG          N..G-.....-------I---V----K-MHA----------........-EN........-GS......Q    187
Z321          K..E-.....-----Y---------QR-I--------I-P-GG.................-SS.NGDSSK    191
92RW020.5     ....-.....MR-----I----K----Q------K------NEK................-ET.....DK    178
92UG031.7     I..G-.....-----Y------------I----------P-N.......ESN........SSD...NFSE    190
92UG037.8     R..E-.....----------------NR-------K------N.......-GN........-SS.....NL    191
92RW009.14    K..G-.....----------------R---------I---NS......-SN........-SS....HNQ    190
TZ017         ...G......MR-----I---I--R-KQA-A---KI-----...................DGN....TSQ    182
D687          K..G-.....----------------#-#---#--------D..................-SS.....SE     75
UG275A        K..G-.....----------------Q--IHP--------P-........-GSN.......-RQ.......    188
UG273A        E..R-.....---------------TRR------K------K.......-SSE.................    194
VI191A        I..D-.....TT--TY---------V---H----------NGI.....-GTSN......-NS.....AQ    191
DJ264A        Q..G-.....V----------------Q-SA----------........-ESS.......-SS......Q    186
DJ263A        Q..E-.....--------------------SA----------........-ESSNSQ.............    190
DJ258A        R..E-.....---------------Q--MSA----------SES.....-NSQ................    187
KENYA         R..GR.....M----Y-I------RR-------------P-NEN.....-SSNNE..............    188
CARGAN        I..G......-T----------------------K------DEN.....-GTR.......-NS.....EL    197
CARSAS        ...N-.....LR---Y----K-N--R---H----K--I-P-NKINDASG-ISENN.....-SSSGNITKQ    195
CAR4054       Q..V-.....M------I---IN-R-K-EHA----------NSNS....-ISN.........AN...YND    188
CAR286A       Q..V-.....M------I---I-NR-K-E-A--------PTNNDD....-STD.......-YTHN.....    207
CAR4023       Q..VG....----------S-I--R-K-E-A------I-P-NNNN....-NT........-NTND..YND    207
CAR423A       K..E-.....-------T---II--RKQE-A------I-P-NNN.....-NTNE...............    200

                          ^*^ ^^^
CONSENSUS-B   e??ge?????ikncsfnittsirdkvqkeyalfykldvvpid?????????????????n?????????    169
SF2           IK.--.....----------------I---N---RN-------.......NASTTT......-YT......N    193
SF2B13        IK.--.....------Y--------I---N---RN-------.......NASTTT......-YT......N    192
LAI           -K.--.....---------S----G-------F-----II---..................-DT.....TS    195
HXB2R         -K.--.....--------S----G-------F-----II---..................-DT.....TS    190
NY5CG         -R.--......-R-----V--I--N-I--------R--I----KD................-TS.......    185
NL43          -K.--.....--------S------------F-----I----..................-TS.......    188
JRCSF         -R.--.....---------K----------------------NK................-NT......K    188
JRFL          -R.--.....--------------E-----------------N.................-NT......S    187
ALA1          -R.--.....----------------M---S---H--------N................-NT......S    188
JH32          -K.--.....M------------------H-----H-----N.......NSTKDNIKND.-ST......R    202
BAL1          GG.--.....M---------N--G-------------IA---...................-NS....NNR    194
YU2           -K.--.....------------------------N-------..................-AS.......    186
BRVA          -G.--.....M--------------M-----------I----NDKT..............-T.......R    190
91US005.11    -K.--.....------K------------------------RD................-TS.......    197
91US006.10    GR.--.....L--------S---N-MK-------S--II---DDS....NTT......DS-TT.......    195
BZ167A        DR.--.....----------N--N-M-RT---------E---KNK...............-TT......R    200
MA208         -R.E-.....----------N-K-RM--A--T-----I---G.......NDSTS.NNNTS-NYT.....S    210
ETR           K..--.....-------V--N---------------------ND................-NS...TNTC    197
BA1A          GG.--.....M-----K---N--G----------E--I----.......NNS........-NR.......    194
MN            KG.--.....M--------------M------L----I-S--..................-DS.....TS    195
QZ4589        -I.--.....---------SG--N-M-----------II---DD.....NNR........-NSSNNTVRN    195
CAM1          K..--.....-------V-----N--R---------------KA................-TS.......    191
ADA           ...--.....----------------K-D-----R-------ND................-TS.......    186
JFL           -E.--.....-------T----KN-M-R--------------KD................-TS.......    187
SIMI84        -K.--.....-------V----KN---T----------M--EDD................-TS.......    188
BCSG3C        -R.--.....-------V...LG--K--A-------------NDK...............-ST......K    193
D31           .K.--.....----------------------H----------ND................-TS.......    190
SF162         DR.--.....------KV-----N-M----------------ND................-TS.......    188
OYI           -K.--.....L------T-------M-EQ---------L---KN...............DTK.......    195
SF33          -K.E-.....----------G-------A--Y----------DD.....NT.........-TS.......    191
CDC42         GK.--.....MR---------------R----------E---DNK....NTT........-NT......K    201
HAN           -K.--.....-Q----KV--N--------S-----T------N......NKTSNRD....-TT......S    192
```

```
                          ^*^ ^^^
CONSENSUS-B   e??ge?????ikncsfnittsirdkvqkeyalfykldvvpid?????????????????n?????????    169
ENVVA         -K.--.....----------A-----RR-H------------NDS..............K-IT......S    196
RF            -N.--.....------QV---R---T--K------------EKG.....NISPK..NNTS-NT...SYGN    203
WMJ22         GG.--.....V----------R----H--------------KGD.....N..........-SS......R    187
TB132         ...S-.....M-----K--------L-----------I---NND................-TS.......    176
92BR020.4     DK.--.....-------T---VK--EK-------N----Q-G.................-DN.....TS    188
92TH014.12    -G.--.....------------KT--K.D-------------N................D-TS.......    181
92US711.14    IK.-D.....----------------K-------S-N-I--G...............GD-TS.......    186
91US712.4     DR.--.....-------V-A-----M-R----------IQ--..................-TS.......    190
92US714.1     ...--.....----------DV---M---------F------NDNTSKNKNSY.......DNT.SSNYTS    198
92US715.6     -E.--.....------------------F-----------E.................-DT.....TS    192
92US716.6     -G.--.....---------------M------L-----I---................-DN.....NS    184
92HT593.1     -K.--.....----------N----M---T-Q-----I---E................DQN.KTNNTL    212
92HT594.10    DK.--.....-------V----K--TT--H------------.................GNN.SSKNGS    190
92HT596.4     -G.--.....---R---V-A--K--TT--H------------................SKNN.SSKNGN    191
92HT599.24    -K.-D.....----------N-KG-I-------S----L---................N-TG.SSNSSR    190
91HT651.11    DK.--......-Q-----V----K---T-QS----R------Q................E-ND....NSS    186
RJS           -E.--.....--------------N-L--G-------------...............ND-TS.......    191
GUN           DR.--......-Q--------RK-N----Q---LNR--I----................KTS.......    157
SC            -G.--.....MT-----------S------------------.................-TS.......    191
92BR014.1     -K.-G.....-------V-----N-M---------P------..................KT......R    192
92TH026.6     -G.--.....M-----------ST--.-D------S------..................-NT.....IS    182
92BR021.6     MK.E-.....------------K---K-N----NR-------..................-DN.....TS    194
ACH9          IK.--.....-----------RGG-M------L-----I---........NST......SN-YT......S    149
ACP1          -K.--.....------Y---N--N-M--Q----DR-----T-................DD-TS.......    142
JM            -KYA-.....----------NMGG-MK------NT-----V-NSN....NN.......SN-DS.......    170
WM            -K.--.....------Y------N-R-----T-----I----------.NDKD.......-TS.......    158
P896          -K.--.....------Y------N--K------NR------ENT................-NT......K    192
BWB11A        -I.--.....----------R-------K----------A--GS................-TS.......     62
49L1R         -K.--.....M--------------M---H--L-N--L----NANNSQKNNSTNSTK.FW-YRLD.....     89
VE1           ....V.....MT---------L----R--------------EDNK.............KT-TS.......    153
VE2           -R.--.....-----------SGE-M---.----N-----M-KNSST......................R    160
VE3           HP.P-................#---R-V---Y-S-Y-L--HKDST...NST.......#-TT......N    136
VE4           AR.E-.....M------V--N--N-L-R---------IA--AKDNTS.......................    174
VE5           -K.--.....------KA--N-------A--T--R--L-S--NSS....NSN........-YS.......    167
VE6           -K.--.....L------G--ELI--MK--F----R-------ND................-SS.......    165
VE7           -E.--.....M-------S-M--N--K-------S--II---DEN....NNTNTS...............    167
VE8           T..R-.....------EVS-TV---T--------N--I---EGKNTS.............-TS.......    163
68A           -K.--.....---------------G--------RH-----N.........................TTK    189
RJSP3         ME.--......--T------SD-K---R--H---NR--I----K......NNSK................S     89
US1           -K.--.....----------KNM----ER------------M-ND................-TS.......    193
US2           -K.--.....----------EV---I--Q------------END..............ND-TS.......    191
US3           -R.--.....M------V----KN-------------I----ND................-TS.......    188
US4           PE.--.....-----------V--------S-----------ND................-AS.......    208
8020          ...--TIQSDM----------L--R-K-Q-----S--I-QL.......DNDK........DNT.....TT    179
17305         -K.E-.....----------DL---------------I---ENDR.............NS-NT......S    168
24612         GG.--.....M----------N--N-F-R-------------DD................-TS.......    163
26807         KK.--.....----------N---------------------NT................-NT..TNYTS    179
27290         -K.--.....-------V--N---RL-----------I---EDD................-TS.......    167
27481         -K.--.....M------V--N----M-------------K--NKT........................S    162
4995          GN.--.....M-------S-NL---Y--V-------------NNTT..............-TT......N    164
CM237X        -G.--.....--------------T--.-D-------------N......DNT................S    149
91HT652.11    -E.--.....M---------N----LK------------Q-GN......DT................NN    184
3202A12       RK.--.....------------------------N-------DG.....NAT......TK-KT....TRN    199
3202A21       -K.--.....------K-N-NMK--A-I--------------NN.....NTN......TSYTS.......    193
MANC          R..--.....----------N-----H--------------EKK................-TSF......    195
WEAU160       -E.--.....M------V--L--N-RKT----------M---HD.....NTS................    194
SAL1          -G.--.....V----------N--N--------L-----I--GND................-TS.......    193
CB1           DK.E-.....-----------------E-----N-I-L----NDNT...........SDK-IT......R     73
CB2           -K.--.....------K----V------------R------EDN...............-SS.......     66
CB3           AK.--.....-----------M---------------I--L-DD.............ND-NTTT....K     72
CB4           -K.--.....-------T--TV--------------------NTS........................     74
CB5           -G.--.....----------N----M---------------KDNTS........................     68
CB6           -R.--.....----------G----M---H------------ND................-TS.......     67
CB7           -K.--.....-------T--GV--R---------GI-----EKNDT..............-SSYR....S     91
CB8           KE.R-.....----------------------------I----NDNTS................YNNYTS     73
CB9           -K.--.....----------N----M-------------S--ND................-TS.......     67
```

```
                          ^*^ ^^^                                          ^^^
CONSENSUS-C   ??.?e.....ikNCsFnaTTe?rDkkqkvyAlFYrlDiVpl?????..?n????......n?s??.????    166
93MW959.18    ...SD.....M----------L---R--------K------N.......EKD........-S-S....GE    190
93MW960.3     ...K-.....V----------I----H--------------N.......ENEN.......-N-.......    180
93MW965.26    Y..G-.....-------M---L----KQ------K----S-NE.......NS........-N-.....SE    189
92BR025.9     G..G-.....-------M---V---RE--H----------K.......-ESS.......-T-.....GD    187
UG268A2       EQ.G-.....-------V---I-----TAH----K--V-S-EGNS....-T.................    195
SM145A        ...E-.....-----------LS------------------NEGE....-NSRK................    191
D757          ...E-.....-------T---L--Q----A----K--V---DG......-D.........-S-.......     76
D747          ...E-.....-------T---L-------Q----K--V---........-TTD.......-S-.......    121
D760          ...E-.....----P------I--RQ---------------D.......-NN........-ST.......    129
D1044         ...E-.....-R--T------I--R----H----K------D.......-ESK.......-D-....SRN     69
NOF           ...G-.....------YT---IG-----------KP-V---........-ER................N     64
SH750         D..G-.....M------T--VLK----NTN-----------NG......-SSS.......-S-......E     77
DLU           ...V-.....M---------VV----KTE------------........-QSS.......-N-.....RE     72
D1024         ...E-.....-----------I--R--T------------D.......SN.........-K-......K    182
D744          ...E-.....V----------I--R--T---x---------D.......DRNER......-S-.....KY     76
D766          ...K-.....-----------L--R--R------T----L-N.......KKNS.......-D-......Y     67
D808          ...K-.....-----------V--R--T------------FN.......KK........-S-.....EY     83
D868          ...E-.....-----------I--R--T-------------D.......-KKK.......-N-....SEY     80
ZAM18A        ...G-.....M----------LK----R------K------NEN....N-SSE.......DS-......E    188
ZAM20A        ...E-.....MR--------VIN--TS--H-----V-----NDENS...-KTNA......-ST...KPTK    203
DJ259A        ...E-.....M------V---L---R--A------------NE......-NSE................    181
DJ373A        ...KD.....MR-----I---L------K-----K------G.......-GNEE................    187
SE364A        ...G-.....-------I---L---RRNE------------SGSK....-SS........-S-......E    190
U0GOM         ...G-.....M----------L----H-E------------NE.......NST.......-S-......E     68
BOOYD         D..G-.....-------T---I------A-----KP-V---N..................-D-SS....E     71

                          ^*^ ^^^                                          ^^^
CONSENSUS-D   ??.?g.....mkncsfnitt?vrDkkkqvhalFYklDvVqi????????n??????....n?t??.????    165
ELI           ...K-.....-------V--VLK---Q--Y----R--I-P-D.......-DSST......-S-......N    191
Z2Z6          ...IR.....----------V----T--------R--I-P-DND.....-ST........-S-......N    191
Z6            ...IR.....----------V----T--------R--I-P-DND.....-ST........-S-......N    192
NDK           ...EK.....R------V....---RE--Y-------I-P-DNN.....-RT........-S-......N    185
92UG021.16    G..I-.....------...-E-------AY----------MNDD.....-ST........-TS.......    182
92UG046.8     ....-.....-------V--K-I-----E-----------MD.......DNST.......-TN.......    193
92UG024.2     D..I-.....-------V--E--------Y----------M.......NDNNT.............NTS    191
92UG038.1     EK.GE.....--------S-I----Q-EIN-I--R-----MT.......-NSND...............    154
43425         ....D.....-I-S-VS---V-G----K-I----R--I-P-DSS................DNSS.....N    154
JY1           EK.GE.....----------VIS-----------R----P-DDDNS..A-TSNT......-Y-......N    202
43424E        ...T-.....-RK----V--AI---Q-----------I-P-DNDN..SD-ST........-SN...KSAN    172
TZ005         D..I-.....----------E---------------------.......DDR........-I-....NTS    182
TZ012         D..I-.....----------K-----Q-------------------------------...-NS.....TS    183
TZ023         D..I-.....----------EL--R-----------------------.....DN........-NS...TNTI    187
TZ030         D..I-.....----------E--------------------.......DDR........-I-....NTS    182
TZ053         E..M-.....----------E-I--------------------.......DG........-NS...TNTS    185
TZ064         D..I-.....-------VSID-K------------F----........DDK........-M-....NTS    194
TZ112         D..T-.....----------ELG--RQR-------------------------------...-N-...DNTS    183
UG269A        G..LE.....--D-Y--V--EI-------R----------MNNSES..I-TS.................    195
UG274A2       D..TD.....-R--------EL----E--Y-----------DD.....N-ST........-S-......N    195
SE365A2       ...GE.....-Q--------EI---RQN-YS---R--L-P-GNSNK...-ST........-Y-......S    198
CAR4020       E..KE.....-T-----V--VI---------------I-P-EDEDNIKG-TSDNTK....-I-......R    222
93ZR001.3     E..KE.....-R-----V--V----QEK-T-V--R------D.......-NT........-TN....YSS    188
GP120AA       EK.GE.....----------VI----E--Q----R------DND................-N-TA.NYSS    174

                          ^*^ ^^^                              ^^^
CONSENSUS-E   ?..de.....VrNCsFnmTTelrDkkQkVhAlFYklDiVqi??????.?n?s?????...???...????    185
93TH966.8     ...--.....-----------I---------------L---EDK.....-S-E.................    191
93TH975.15    ...--.....-----------II--------------L--MEG......-T-E................    186
92TH011.5     ...-G.....-------I--V-K--E-------------P-GD.....N-G-SEYSE.............    169
92TH006.5     ...--.....--------------------------------V........-S-E................    187
TN235         ...--.....--------------------------------P-ED......-KT...............SSE    195
TN239         ...--.....--------------------------------EGN.....-S-E................    192
TN241         ...--.....-----------I------------------MNKN.....-GNE................    153
TN242         ...--.....----------------------------------EDN....Q-S-NE..............    191
TN243         ...--.....----------------------------------GDK.....-S-E................    197
TN244         ...--.....----------------------------------P-EDN.....-D-SE.............    159
92TH022.4     ...--.....-----T------I---Q--------R-----MH.......-EN..........S.....SE    191
1643E         ...--.....-----------I---------I---------........KGN........NNN...DSNE     86
93TH976.17    ...--.....------H------------Y-----------NSSE.......................    193
CM240X        ...--.....----T-------T------------------EDKK....-S-E................    193
CARELO        E..NT.....-K----------G--H---S-------L-P-DGNIDG..-N-E................    200
CAR4017       E..N-.....-------V------R----Y-----T---S-D.......-S-SD...............    197
CAR4071       Q..K-.....-S-----I-------E-E-Y----RS-L-P-ERNSGE.N-G-S................    198
CARMBA        E..N-.....-K-----------------S-I--VS-L-SMNA......-N-..................    186
```

```
                          ^*^ ^^^                                ^^^
CONSENSUS-F   eP.ga.....IQNCSFnmttevrdKQ?KVHaLFyrLDIVpIs???...?nns???....????..?????    177
BRA7944       --.-E.....----------------L---S-----------.......---.GE...............    161
BZ163A        G-.--.....-------V-M--#---Q------#--------NGR....-G-GDY...............    188
BZ126A        --.--.....--------S---#N--Q-------K-------NSS....---.RE...............    190
RJI03         --.--.....------K-A-RSK---Q-------S-------S......-SG.................E     69
93BR020.17    D-.W-.....-------T---I----L-------K----L-.......NQ-DN...............RT    191
93BR029.2     --.--.....----------------L--------------.......S-D-N......SNDS..NSSRE    192

                          ^*^ ^^^
CONSENSUS-G   ?..ee.....mKNCSFniTTEiRdKkktEYALFYklDVvpIn???...??ss?.......n??..???sd    182
LBV217        ...--.....-----------V---S-K------R-------GNE....N--...............TT-    200
RU511B        E..--.....-----------V--------------------D......K--.........-NT.....-T    153
RU570         N..G-.....I----------L-----------------A-DD......K--.........-ST.......    152
92RU131.9     ...DG.....-------V-----------------------.......NDE-S..............N-T    190
47621         ...--.....I--------------EEE-------I-----...................-GS....S--    155
47622         ...--.....-----------------K-------I-----...................-GS....S--    155
92UG975.10    ...--.....I-----KV---L-N-Q-E------RT--I---......DN-K........SSA..SNY--    193
CAR4067       ...-K.....----------------R--------R-------EDQ....N--.................T    190

                           *  ^^^                      ^^^     ^^^
CONSENSUS-O   ...nE??...mk?C?FNVTTVlkDKkEkKQALFYVsDL?k?N?ts??..N?T???..............m    164
ANT70         ...--NL...--K-E------I----------------MEL-E--ST..-K-NSK..............-    186
MVP5180       ...--......-RN-S-------T----Q----------S-V-DSNAV..-G-.................T    190
VAU           ...K-.....V-Q-D----------Q---------T--V-I-A--....-E-.................-    191

                          ^*^ ^^^
CONSENSUS-U   ?????.....ikNCSFnitTe?rdKkkt?yaLFYklDVvPin???....nn???......???......?    137
CAR4081       DNKEE.....-----------I------A-----R-------DNN....--N.................S    191
Z3            ...AT.....-T----KVP--LK--TE-VHT---------L-VT.....--SSI......SST.......    187
GM4           ..........M----------..-G---KE------A--A--.............................     41

                          ^*^ ^^^
CONSENSUS-A   ?..?e.....ikNCsfNmTtelrdkkqkvysLfYrlDvVqi????????n??????....n?????????    160
AD_K124A2     ED.IG.....M------I---V--R-KQ--A---K--I--MNENQD...-SSS.............GEYR    195
DA_MAL        EI.G-.....V------I-PVGS--R.QE-AT--N--L---DDSD...............-SS.......    195
AD_UG266A2    ...GD.....MR-----I---I----KQ--A---K----P-DD.....N-ST........-TS.......    189
CA_ZAM184     ...E-.....-----YRT----K--TLR------K------DP.....S-NTM.................    181
GX_VI525A2    ...E-.....MT-----V-------QKAE-A---K----P-DNNR....-DS..................    203
BF_RJI01.5    E..G-.....----T--I--SI---V-EE-A---K----P-GN......-ST.................S     89
EA_CAR4039    E..N-.....VS-----I--K----TKEA-AP--KH-L-P-KE......-SSSE................    190
FB_93BR019.10 EEPEA.....-Q---------V---E---HA------I-P-.......S-SSN.............GSRE    188
CD_DI2ACD     ENDIG.....M------V---V----KQEHA---K-----MDDNNST....................NTR    188
DA_TZ016      ..........M------I---V----KQ-HA---K-----........DDR........-IT....NTS    181

                           *                                                ^^^
CONSENSUS-CPZ ?????.....???C?FN??T???DKK??????FY??D??????......N?.........N?T.....??     73
CPZGAB        ...LE.....MKN-S--VT-ELR---KQVYSL--VE-VVNLG.......-E.........-N-.......    188
CPZANT        DGMK......LQE-N--QS-GFK---QKMKAI--KG-LMKCQD......-..........-E-.....NC    190
```

```
                    *^^^     *            *         *     ^^^  * ^^^   *
CONSENSUS-A   YrLInCntSaitqACPKvsFEPIPIhYCaPAgfAILkC?dk?FnGtGpckNvStVQCthg?ikPvvsTQL    227
U455          ---------T----------------------------K-PE---K---R----------.---------    257
SF1703        -------------------------------------N-AE------------------.-R--I----    265
IBNG          -------------------------------------K--G------------------.---------    256
Z321          -------------------------------------R-EE-E-K---R----------.-R-------    260
92RW020.5     -------------------------------------K-TE------------------.-R--I----    247
92UG031.7     ------------------T-----------------R-NEDD-----L-----------##---------    258
92UG037.8     ----------L-------T------R------Y-----N--E-----L------------.-R-------    260
92RW009.14    -------------------------N------------K--K------------------.---------    259
TZ017         -------------------------------------K-EE-K-A--------------.-R-------    251
D687          -------------------------------------KG-K-----##S----------.---------    142
K114                                                                      x--------      9
UG06                                                                   x--.---------     12
UG275A        -------------------------------------N-QE-----I-N----------.---------    257
UG273A        -------------------------------------N--E-----L-----S------.-R-------    263
VI191A        -------------------------------------R--E-------R---S------.---------    260
DJ264A        -----------K------T-------------------N--K------------------.---------    255
DJ263A        ------------K-----T-------------------N--K-----L------------.---------    259
DJ258A        ------------------T-------------------N--K------------------.---A-----    256
KENYA         ------------------T-------------------K--K-------T----------.---------    257
CARGAN        ------------------T---------T---------NE-K-------R---S------.-----T---    266
CARSAS        ----S----T----------------------------K-TE-K----------------.-R-------    264
CAR4054       -------V-TAK--------------------------N-TK----------------Y-.---------    257
CAR286A       -------A-T-K------T------------#------R--E---------#--------.#--------    273
CAR4023       -M-----V--VK-----IT-------------------N-TK-S----------------.---------    276
CAR423A       ------IA-TVK--------------------------R-EK-------N----------.---------    269

                    *^^^     *            *         *     ^^^  * ^^^   *
CONSENSUS-B   yrliscntsvitQacPkvsFepipihyCapagfailkCndkkFnGtgpctnvStvQCthg.Irpvvstql    238
SF2           ----H--R--------------------T----------N-T---K--------------.---I-----    262
SF2B13        ----H--R-------------------------------N-T---K--------------.-K-------    261
LAI           -T-T-----------------------------------N-T------------------.---------    264
HXB2R         -K-T-----------------------------------N-T------------------.---------    259
NY5CG         -T--N-D---------------------------------------------------.-K-------    254
NL43          -------------------------------------N-T------------------.---------    257
JRCSF         -------------------------------------N-T---K-Q-K----------.---------    257
JRFL          ------D----------I----------------------T---K---K----------.---------    256
ALA1          -I------------------Q-----------------K------K-T-K----------.---------    257
JH32          -----------------I-----------------I------------------------.-K-------    271
BAL1          -------------------------------------K------K--------------.---------    263
YU2           ------------------------------------------------------------.---------    255
BRVA          ------------------T--------------------N--------------------.---------    259
91US005.11    ---M--------------T---------T---------K----------K----------.---------    266
91US006.10    ---R----------------------------------K----------K----------.---------    264
BZ167A        -------N--------------------------------N-T-------NK--------R.---------    269
MA208         ------D---------------------T-----L-----T--------K----------.---------    279
ETR           ------D---------------------T-----L----N-T-------K----------.---------    266
BA1A          -----------------I--------------------K------K---S----------.---------    263
MN            -----------------I-------------------------S-K-S-K----------.---------    264
QZ4589        ----N-----------------------T--------------------K----------.---------    264
CAM1          -T--H-----------------------T----------------K--------------.---------    260
ADA           ----N----T------------------T---------K----------K----------.---------    255
JFL           -T--N----T------------------T----------------K---K----------.-------H-    256
SIMI84        -T--N-----------------------T--------------------K----------.-K-------    257
BCSG3C        ----------T------I--------------------K--------S-K----------.-K-------    262
D31           ----------------------------T-----M---K--R---K-Q-K----------.---------    259
SF162         -K--N-----------------------------------------S--------------.---------    257
OYI           F---H----T-------I------M---T-------------------------------.-K-------    264
SF33          ----H--S-----T------------------------N---S-K-Q------------.-K-------    260
CDC42         ----N-----------------------T-T---L-------------------------.---------    270
HAN           -M--H--R------------------------------------K---K----------.---------    261
```

HIV1 ENV

```
                    *^^^     *            *         *     ^^^  * ^^^   *
CONSENSUS-B   yrliscntsvitQacPkvsFepipihyCapagfailkCndkkFnGtgpctnvStvQCthg.Irpvvstql    238
ENVVA         F---H------------I----------------M----N-T-S-K--------------.---------    265
RF            -T--H--S--------------------T--------------------K----------.---------    272
WMJ22         ----N-------------------------------------------------------.---------    256
TB132         ---------I----------------------------R----S-N---K----------.-K-------    245
92BR020.4     ---T--------------T---------T---Y------G--------------------.-K-------    257
92TH014.12    ----N-----------------------T-------Q--N--------------------.---------    250
92US711.14    --MVK-----------R---------F-T----------N-T---K--------------.---------    255
91US712.4     ----------------------------------------------K----------.------S--    259
92US714.1     -------------------------------------K----------K----------.---------    267
92US715.6     ----------L---------------F-----------K---------------------.-K-------    261
92US716.6     -----------------I------------------------------S------------.---------    253
92HT593.1     ----N-----------------------T-----------RN-------K----------.-K-------    281
92HT594.10    -I-------T-----------------------------N-T------------------.---------    259
92HT596.4     -I-------T-----------------------------N-T------------------.---------    260
92HT599.24    -I------T-VK--------------------------------S---K----------.---A-----    259
91HT651.11    ----N--------------------------------R-P--K----------------.-K-------    255
RJS           -T--N--------------------------V----K--N------------------.---------    260
GUN           -T--#-----------------------T-----L--------------K----------.---------    225
SC            -T--N------------------------###----N--N--------------------.-------H-    257
SBA                                                                          x------      7
SBB                                                                          x------      7
SBC                                                                          x------      7
92BR014.1     -M--H-----------------------T----V-----N-M------------------.---------    261
92TH026.6     ----N-----------------------T------I------------------------.---------    251
92BR021.6     -M--N-------------T---------T------------N-T-K-T-K----------.---------    263
ACH9          -------------------------------------K----------K----------.---------    218
ACP1          -K--N---------------------------------K----------K----------.---------    211
JM            -I-T-------------I--------------------R-EQ---K-T------------.---------    239
WM            --------------------------F------------N-T-S-K--------------.---------    227
P896          --------------------Q-------V-----M----N-T---S--------------.---------    261
BWB11A        ----------------------------------------------------R----------.---------    131
49L1R         .P-V..--------------G--------------------M-----K-N----------.-K-------    155
VE1           -----------------I-------Y-----------------------------------.---------    222
VE2           F-------------------------------------REN----K---KD---------.-K-------    229
VE3           F---H----I----------------------------K--T------------------.---------    205
VE4           -A----------------T-----------------------------S----------.----A----    243
VE5           ...#D-I------------------#--------------T----S--------------.-K-------    231
VE6           ----N--S-T----------------F-T----------E-----S---K----------.-K-------    234
VE7           ---R-----L----Y-------V----------------------SET-K----------.---------    236
VE8           -M-----S--------------------------------N-T---K--------------.--------P    232
68A           -------------------------------------N-T---K--------------.---------    258
RJSP3         -M--N-----------------------T------------------F-K----------.---------    158
US1           ----------V----------------------G----K--------Q-K----------.---------    262
US2           ------------------T-------------------K--T------------------.---------    260
US3           -T--N-----------------------T-----------E----------------A--.-K-------    257
US4           ----N-----------------------------------K----------K----------.---------    277
8020          ---R--------------T---------T--------------------K----------.---------    248
17305         ---------I------------------------L------E-S-K--------------.---------    237
24612         -----------------I--D-V--Q--T--------------H----WR---A-------.-K-------    232
26807         --------------------D------------------K----------K----------.-K-------    248
27290         ----------L---------D--L----------------N--------------------.-K-------    236
27481         -----------------I--D-V-------------------------------------.-K-------    231
4995          ------------------T-D------------------N-T---K--------------.---------    233
CM237X        ----N-H---------------------P-G-LG-----N--------------------.---------    218
91HT652.11    ----N--------------------------------Q-K----------K----------.---------    253
3202A12       F---H--S-------------------------T-----N-T-D-K-L------------.---------    268
3202A21       --------------------------F-T-----L--------------K----------.---------    262
MANC          .--------T------------------T----------N---D-K-Q------I-----.---------    263
WEAU160       -T--N-KS-T-----------------------------------K---K----------.---------    263
SAL1          -----------------I----------G-------R--NQT------------------.-K-------    262
CB1           ------------------T-----------------------------E----------.---------    142
CB2           ----N-------------T---------T------------------S---I--------.---------    135
CB3           ----------L-----------------------------------E-K-I--------.---------    141
CB4           ---------------------------T--------------K-K-E------------.---------    143
CB5           ----------------------------------L---K---------------------.---------    137
CB6           ---------I----------------F------------------R---K----------.---------    136
CB7           ----N-----------------------T-------------------------------.---T-VNST    160
CB8           -------------------------------------K----------K-I--------.---------    142
CB9           -----------------I---------------------------K--------------.---------    136
```

```
                                                                  * ^^^
                   *^^^     *            *         * ^^^ ^^^          *
CONSENSUS-C   YrLInCnTSaiTQACPKvsfdPIPIHYCapAGyailKCnnktFnGtGPChnvsTvqcTHG.IkPVvStQL    235
93MW959.18    ------S--TV-----------------T-------------------------------.---------    259
93MW960.3     ---------T---------------------------------D----------------.---------    249
93MW965.26    ---------V--------T------------------------T-I---K----------.---------    258
92BR025.9     ---------------------------------------------N----I-----.----M----    256
UG268A2       ------------------TL-----------------------------N----------.----I----    264
SM145A        ----------------------------------------E--------RY---------.---------    260
D757          ------------------------------------------------------RT----.---------    145
D747          ------------------------------G---------------------I--------.---------    190
D760          ------------------T-----------------------------------------.-S-------    198
D1044         ------------------T---------T-------------------------------.---------    138
NOF           -I--H----T-----------------------------------------N----------.---------    133
SH750         -I----------------T---------T-----M----D--------------------.---------    146
DLU           ------D---L-------------------------------------------------.------P--    141
D1024         ------------------T-----------------------------------------.---------    251
D744          ------------------T---------T-------------------------------.---------    145
D766          ------------------T---------T----------D---------R----------.---------    136
D808          ------------------T---------T----------D---------Q--R---F---.---------    152
D868          -----------------AT-------------F--I-------------S----------.---------    149
ZAM18A        ------------------TL-----------------------------------------.---------    257
ZAM20A        -I-------T---------LG-----------FG----T---------------------.---------    272
DJ259A        -------------------L------------------RD-N-------N----------.---------    250
DJ373A        ---------S----------E-----------------RDTK-------K----------.---------    256
SE364A        -------------------L-----------------------------N----------.---------    259
U0GOM         ------------------------------------------------------------.---------    137
BOOYD         -I--D---------------------------------------------R----------.---------    140

                   *^^^     *            *         *     ^^^  * ^^^   *
CONSENSUS-D   YRLinCntSaitQaCPKvtFEPIPIHyCAPAGfAILKcndkkFNGtGpcknVStVQCTHG.IrPVVSTQL    234
ELI           ------------------S-------------------R----------T----------.---------    260
Z2Z6          ------------------S-------------------R--R-------T----------.---------    260
Z6            ------------------S-------------------R--R-------T----------.---------    261
NDK           ------D--T-------IS-------F-----------R----------S----------.---------    254
92UG021.16    -------A-T-------IS-----------------------------------------.-K-------    251
92UG046.8     ---------V-----------------------------------------------------.-S-------    262
92UG024.2     -------------E-------------------------N-M-------N----------.---------    260
92UG038.1     ----H----T-------I--------------------K---------------------.---------    223
43425         ------------------S------------------FR---------------------.-K-------    223
JY1           ---------------------------------------K-----------K---------.---------    271
43424E        ------------------S-------------------R---------------------.-K-------    241
TZ005         ----H-----------------------------------------------------------.---------    251
TZ012         ---------------------------------------N--------------------.-K-------    252
TZ023         ----------------------------------------NR-------N----------.---------    256
TZ030         ----H-----------------------------------------------------------.-K-------    251
TZ053         ----------V-----------------------------------------------------.-K-------    254
TZ064         ------------------IS-----------------------------------------.---------    263
TZ112         ------------------------------------------------HA-----------.---------    252
UG269A        -------S---------I--------------------T------K--------------.-K-------    264
UG274A2       ---V--T-------------------------Y----------------Q----------.---------    264
SE365A2       ---------V-K------N-------------------K---------------------.-K-------    267
CAR4020       -------------S----N-------------------K--N-----L-H----------.-K-------    291
93ZR001.3     ------------------IS----------------------------------S------.-K-------    257
GP120AA       ---------------------------------------R--------T-E----------.-K-------    243

                   *^^^     *            *         *     ^^^  * ^^^   *
CONSENSUS-E   yrLInCNtSVIKqaCpKiSFDPIPIHYCtPAgyAIlKCNdKnFnGTGpcknVSSVQCTHG.IKPVVSTQL    254
93TH966.8     ---------------------------------------------------T----------.---------    260
93TH975.15    ---------------------------------------------T-----------------.---------    255
92TH011.5     ------------R----V------------------------------------------.---------    238
92TH006.5     ----------------------------A-------------------------------.---------    256
TN235         ------------------------------------------------------------.---------    264
TN239         ------------------------------------------------------------.---------    261
TN241         C-----------------------------------------------QR-----------.---------    222
TN242         ------------------M-----------------------------------------.---------    260
TN243         ------------------------------------F------------------------.---------    266
TN244         -------------P----------------------------------------------.---------    228
92TH022.4     ---------------------------------------------T-----------------.---------    260
1643E         ------------------------------------------------------------.---------    155
93TH976.17    ------------------------------------------------------------.---------    262
CM240X        ------------------------------------------------------------.---------    262
CARELO        -I--H------------V----------A--DF--------E------------------.---------    269
CAR4017       -M-----N---------V----------A----------N--------------------.---------    266
CAR4071       ----H----------Q-V----------A--------------I------K---------.---------    267
CARMBA        ------------------V----------A----------S-T------------------.---------    255
```

HIV1 ENV

```
                    *^^^     *            *         *     ^^^  * ^^^   *
CONSENSUS-F   YRLI?CntSTiTQACPKVSWdPIPIHYCAPaGYAILkCNdKkFnGTGpCkNVsTVQCTHG.IKPVVSTQL    245
BRA7944       ----N-------------------------------R--E--------------------.---------    230
BZ163A        ----N---------------G------------------------------#-------.---------    256
BZ126A        ----H-D-----------------------------------------------------.---------    259
RJI03         ----H-----------------------------------------------T----------.---------    138
93BR020.17    ----H-DA----------------------V--------E-N-T---S------------.---------    260
93BR029.2     ----N-----L--------------------------------------G----------.---------    261

                    *^^^     *            *         *     ^^^  * ^^^   *
CONSENSUS-G   YrLinCNvSTIKQACPkVnfdPIPIHYCAPAGfAiLkCrDknFnGtGPCkNVSTVQCThG.IKPVvSTQl    251
LBV217        -------A----------T-----------------T----K------------------.---------    269
RU511B        ----S-------------------------------------------------------.---------    222
RU570         ------------------T-------------------------------------Q-.---------    221
92RU131.9     -------------------------------------------T----------------.---------    259
47621         -V-M---T------------------------------K-AE------------------.----I----    224
47622         -V-----T--------Q--L------------------K-AE------------------.----I----    224
92UG975.10    ------------------S-E-------------L---K--K-------Y----------.--------F    262
CAR4067       ------------------T-E-----------Y------------R---------------.---------    259
G3                                                                            --------      8
G9                                                                            --------      8
JP882                                                                         --------      8
JV832                                                                         --------      8

                    *^^^     *            *         *^ ^  ^^^  * ^^^   *
CONSENSUS-O   Y?LtNCNSTtI?QACPKVSFEPIPIHYCAPaGyAIFKCN?T?FNGTGlC?NitVVTCTHG.IkPTVSTQL    228
ANT70         -T---------T---------------------------S-E-----T-R----------.-R-------    255
MVP5180       -M-------I-K------------------T--------D-D-------H--S-------.---------    259
VAU           -R-I-------R--------------------C------E-G-------K-V--------.---------    260

                    *^^^     *            *         *     ^^^  * ^^^   *
CONSENSUS-U   YrLiNCNTS?IkQACPKVSFePIPIHYCAPAGFAILkCnDKKFNGtGPCKNVSTVQCTHG.IkPVVSTQL    205
CAR4081       ---------A----------------------------K------K--------------.---------    260
Z3            ---------T-T-------------------------------------------------.-R-------    256
GM4           -I-V-----V----------Q---------------Q-----------------------.---------    110

                    *^^^     *            *         *     ^^^  * ^^^   *
CONSENSUS-A   YrLInCntSaitqACPKvsFEPIPIhYCaPAgfAILkC?dk?FnGtGpckNvStVQCthG?ikPvvsTQL    227
AD_K124A2     ---------------------------------------K--E------------------.---------    264
DA_MAL        ---------V--------T-D----------------N--K----EI------------.---------    264
AD_UG266A2    -------------T----T-------------------N--K------------------.-R-------    258
CA_ZAM184     ----S------A----------------T---------K-TE-----S-----S------.-R-------    250
GX_VI525A2    ----H--V-T-K---------------------------RE-N-T---L------------.---------    272
BF_RJI01.5    ---------V-K----------------C--S------N--K------------------.---------    158
EA_CAR4039    -V--LVIH-V-K------T-------------------K--E-S-K-T------------.---------    259
FB_93BR019.10 ---------T---------WD-----------Y-----NN-T-------T----------.---------    257
CD_DI2ACD     ------------------T-------------------N--K------------------.---------    257
DA_TZ016      ----H-------------T-------------------N--K------------------.---I-----    250

                    *^^^     *            *         *          * ^^^   *
CONSENSUS-CPZ Y????CNTT?ITQ?C?K??FEPIPIHYCAPAG?AIL?C?D?DF?G?G?C?NVS?VHCTHG.I?P?V?T?L    120
CPZGAB        -RIIN----A---A-P-TS-------------F---K-N-K--S-K-K-T---T------.-K-V-T-Q-    257
CPZANT        -YLWH----T---S-E-ST-------------Y---R-E-E--T-V-M-K---V------.-S-M-A-W-    259
```

```
                                                <- V3 neutralization loop
                 ^^^            ^^^                ^*^    ^^^
CONSENSUS-A   LLnGSLAe??ev?irSenitnNaktiiVql??pV?InCtRP.nnntr.ks???vri???gpGq??afya.    280
U455          --------R.-IR-----F-----------VN--K---S--.Y.---.-N...I-RYSI-S--..---V.    317
SF1703        --------G.R-K-----------------NKT-E------.------.--...---...----..----.    323
IBNG          --------G.--V-----------------AN--K------.------.-G...-H-...----..----.    314
Z321          --------G.--R-----F-D---I-----VK--N-T-M--.------.--...IS-...---R..--F-.    318
92RW020.5     --------E.GIQ-----------------DKA-K------.------.-G...---...----..----.    305
92UG031.7     --------K.G-R------S----------HT--N-S-I--.------.--...---...----..----.    316
92UG037.8     --------G.K-M---------V-N-----NET-T------.------.--...---...-----..T---.    318
92RW009.14    --------E.-II----------H------NET-L---S--.------.--...-H-...-----..----.    317
TZ017         -------GGKK-M---------V-N-----TE--Q------.S----.--...---...----..----.    310
D687          --------E.-IV----------R------VK--R------.G---N.-N...-H-...----..----.    200
K114          --------E.K-R-----F-D-T-N-----AK--T------.------.R-...IH-...A---..----.     67
L414            x----KE.-IA------S---------FVK--E---I--.------.R-...---...-----..T---.     56
P104                     xV----------------DK--I------.S----.RG...IHL...----..----.     48
PZ61                     xVV---------------DE--I------.------.-G...IHL...-----..T-C-.     48
UG06          --------K.--K------SD---------TK--T------.YKKV-.RR...IH-...---R..S--T.     70
CI211                  G.--R-------D---N-----AKN-T-D-I--.S----.--...-N-...-----..----.     50
UG275A        --------G.K-K-----------N-L-$-TT--T------.------.T-...---...-----..S---.    314
UG273A        --------T.--K-K----SD----L----TT--K------.G----.T-...---...----..----.    321
VI191A        --------E.KIM-----F-D-G-------VE--K------.S----.-G...IH-...---R..----.    318
DJ264A        --------E.--V-----------N-----VT--G------.------.--...---...-----..T---.    313
DJ263A        --------E.--V----------QN-----VA--R------.------.--...---...-----..T---.    317
DJ258A        --------G.--V-----------N-----VT--R---S--.G----.--...---...-----..T---.    314
KENYA         --------G.--M-----------N----FAE--K------.------.M-...I--...----..----.    315
CARGAN        --------E.--I-----------------VK--N-T-I--.SRT---.-R...WH-...-S--..----.    324
CARSAS        --------G.KIM-----FS----------NQS-E------.------.RR...MH-...---R..--I-.    322
CAR4054       --------E.--M-----F-D---------KN--R------.G----.-G...IH-...---PGQ-I--.    317
CAR286A       --------G.G-I-----------------DS--G------.G----.--...I--MHI---R..S---.    334
CAR4023       --------E.G-M-----------------DS--I------.------.R-...M--...-----..T---.    334
CAR423A       --------G.--K-----F-----------DS--R------.--Y--.-M...IPT...-----GQVI--.    329
CI31                   G.N-A----------------FTE--R------.------.--...---...----..----.     50
CI473                  E.GIV-----------------SK--K------.G-Y--.--...--TGI.-----..T---.     52
CI451                  E.K-A---K-L-----------AK--K------.------.--...---...-----..T---.     50
CI145                  E.-IV-----------------VK--R------.S----.--...-P-...----..----.     50
CI3291                 G.N-T------K----------NK--K------.G----.--...L--...-----..T---.     50
CI3263                 G.--V-----------------SK--R------.G----.--WRNWH-...---R..---T.     53
CI201                  E.KIA-------D---N-----VK--R------.S---S.--...I--...-----..T---.     50
CI3271                 G.-IV-----------------NET-K---I--.G----.-G...-H-...----..----.     50
CI422                GD.D-M----SLAD-T-------VE--K---I--.------.--...-H-...----..----.     51
CI3301                 G.D-M-----L-----------DE--T------.------.--...---...----..----.     50
CA1                    E.K-V-----------S-L---AK--K------.------.T-...---...----..----.     50

                 ^^^            ^^^          ^^^   ^*^    ^^^
CONSENSUS-B   llNGSlaee.evvirsenftdnaktiivqlnesveinCtRp?nnntr.ks??.ihi???gpgr..afyt.    296
SF2           ---------.------D---N-------------A------.------.--...-Y-...----..--H-.    320
SF2B13        ---------.------D-----------------A------.------.-G...---...-----..-V--.    319
LAI           ---------.------A--------------Q---------.------.--...-R-QR.----..--V-.    324
HXB2R         ---------.------V--------------T---------.------.-R...-R-QR.----..--V-.    319
NY5CG         --------G.----------N-V------------------.------.-G...-A-...-----..TL-A.    312
NL43          ----------.D-----A--------------T---------.------.--...-R-QR.----..--V-.    317
JRCSF         ----------.K-----D-----------------K------.S----.--...---...----..----.    315
JRFL          ----------.------D---N---------K----------.------.--...---...----..----.    314
ALA1          ----------.------D-----------------------.-IYRK.GR...---...----..--H-.    315
JH32          ----------.--------------------K-P-V------.SKT--.RR...---...----..----.    329
BAL1          ----------.------A--A----V----------------.------.--...---...----..----.    321
YU2           ----------.-I--------N-------------V------.------.--...-N-...-----..-L--.    313
BRVA          ----------.----------N-V------------------.------.-R...-TM...-----..VY--.    317
91US005.11    ----------.-I----A--SN----------A--V------.G----.--...-P-...----..---A.    324
91US006.10    ----------.------K--S--------------V------.------.--...-T-...----..----.    322
BZ167A        ----------.G---------------L---K-P--------.--KA-.RR...-R-...-----..T--..    326
MA208         -------K-.----------E-H-I-----K-P---------.GH---.--...-PM...-----..--FA.    337
ETR           ----------.G----------V---------T-K---I--.--K--.-R...VTM...-----..VY--.    324
BA1A          ----------.---------A---------------------.------.--...---...-----..-L--.    321
MN            ----------.------------------H-----Q------.-Y-K-.-R...---...----..----.    322
QZ4589        ----------.----------N-----L-------V------.------.--...---...----..----.    322
CAM1          --------K.----------N---------K-P-------L.------.--...-A-...-----..TV-A.    318
ADA           ----------.------S-------N-----K----------.------.--...---...----..----.    313
JFL           --------G.----------M-----------K-IA------.------.--...-TL...-----..----.    314
SIMI84        -S----S-G.---------------------K--V------.--SK-.-T...L-M...--K-..---A.    315
BCSG3C        ----------.------A--S----------K-A--------.-KK--.-R...-TT...-----..VY--.    320
D31           ----------.------D-------------K----------.--Y-S.-R...-R-...-AR-..-----.    317
SF162         ----------.G-------------------K----------.------.--...-T-...-----..---A.    315
OYI           ----------.--I---S---N---I------K----------.------.NR...-S-...-----..--H-.    322
SF33          ----------.------D---N-----L----V----------.---R-.RR...-TS..----K..VL--.    318
CDC42         ----------.----------N----------V----------.--H--.-R...VTL...-----..VW--.    328
HAN           --------K.------D-----T-----H------------.------.-G...---...-----..-V--.    319
```

HIV1 ENV

```
                                                  <- V3 neutralization loop
                 ^^^            ^^^          ^^^   ^*^    ^^^
CONSENSUS-B   llNGSlaee.evvirsenftdnaktiivqlnesveinCtRp?nnntr.ks??.ihi???gpgr..afyt.    296
ENVVA         ---------.D-----D-----------------V------.------.-G...---...-----..-V--.    323
RF            ---------.------------V--------A--Q------.------.--...-TK..------..VI-A.    330
WMJ22         ---------.-I----------------H------------.Y--V-.R-...LS-...----..---.R.    313
TB132         ---------.--x-----------------K-P--------.--Y--.-x...-xM..------..xx--.    303
92BR020.4     ---------.DI------L-N---------KDP-D------.------.--...---...----..---A.    315
92TH014.12    ---------.------S------RV----------------.------.--...--L...------..-W--.    308
92US711.14    ---------.----------N---------K-A--------.------.--...--L...----..---A.    313
91US712.4     ---------.G-----A-LS----I----------M--I--.------.--...---...----..-----.    317
92US714.1     ---------.---L--A--S----NML-------N-T-I--.------.R-...--M...-L--..---A.    325
92US715.6     ---------.------A-LS---------------QM-----.------.--...---...----..-----.    319
92US716.6     ---------.-I--------N---------K----M-----.------.--...---...----..-----.    311
92HT593.1     --------A.----------N------I----T--------.----S.-R...-S-...----..--RA.    339
92HT594.10    ---------.----------N------I-PK---V------.--S--.-R...-S-...-----..VW--.    317
92HT596.4     ---------.----------N------I--K---V------.------.-R...-S-...-----..VW--.    318
92HT599.24    ---------.--I--A---SN----------KA-L------.------.R-...V-SGHI-G--..TLF-.    320
91HT651.11    ---------.--I-------------------T-IQ------.------.--...-N-...------..-W-A.    313
RJS           --------G.----------N------------IV------Y-TKKI.RH...---...----..---V.    319
GUN           --------G.-I--------N------------IV------.------.--...-T-...-S--..--HA.    283
SC            ---------.---L----------------K-A--------.----T.R-...---...----..---A.    315
SBA           ---------.------D---N---------K-A--------.------.R-...-N-...-----..----.     65
SBB           ---------.----------N-----------T--------.----S.-R...-S-...-----..--VA.     65
SBC           ---------.------D---N-------------Q---I--.------.--...-S-...----..----.     65
92BR014.1     ---------.---L-----MN---------------------.---IQ.RRI..---...-----..--HA.    320
92TH026.6     ---------.-----YS---N---I----------------.------.--...-PL.....----Q..-W--.    309
92BR021.6     ---------.--------------I-------T--------.------.--...--M...-W--..---A.    321
ACH9          ---------.----------N--R-----------------.------.--...-P-...----..----.    276
ACP1          ---------.----------N---I------K--K---I--.------.-G...-G-...-----..TV--.    269
JM            --------K.---V--D---N----------KT-V------.------.--...---...A---..----.    297
WM            ---------.----------N---------K-P-Q---I--.------.-G...---...---K..-----.    285
CAN0A              ----.D---------N---------K---K------.H----.--...--M...----K..-----.     53
P896          ---------.DI----------------------V------.------.RR...LS-...----..---A.    319
BWB11A        --------G.-------------R--T-----------I--.------.-G...-NV...----..-L--.    189
CI223                 -.------Q-----------------V------.------.--...--M...----S..-I-A.     50
49L1R         ---------.------------I-N----------------.G----.G-...L-L...H---..K--Y.    213
VE1           --------K.-II-------N----------D--V------.------.--...--M...----..---A.    280
VE2           ---------.------V--S----I----------------.------.QG...---...----..-I--.    287
VE3           ---------.--I-----L---T----I--------------.------.-G...-G-...-----..V--A.    263
VE4           ---------.------Q---N---I----------------.------.R-...--M...-F--..-L--.    301
VE5           -----Q---.----------N-------------V---I--.------.-G...-Y-...----..----.    289
VE6           ---------.-I--------N----------Q-I-------.------.-R...-TM...-----..VL--.    292
VE7           ---------.----------N---------K-A--------.------.RG...--L...-L--..R---.    294
VE8           ---------.------A--S---R-----------------.--Y-A.-R...-S-...-----..--R-.    290
68A           ---------.-I--------N---I------V--D------.---I-.-R...---...----..----.    316
RJSP3         ---------.DI--K----S------------T-K-D-I--.------.-G...--M...-W--..T--A.    216
US1           ---------.---V--A---N---I---------Q---I--.------.--...---...------..-I-A.    320
US2           ---------.------V---N--R------R-A--------.S----.--...---...----..----.    318
US3           --------K.------------------------------.------.--...-P-...----..---A.    315
US4           ---------.-I-L------------------------I--.------.--...---...-----..---A.    335
8020          ---------.--M---A-------N---------A------.S--R-.RR...VTM...-----..VW--.    306
17305         --------K.------------V------V------K-I--.------.--...---...----..----.    295
24612         ---------.------Q--SN---I---H-----K-D----.------.-G...---...----S..----.    290
26807         ---------.------Q--S--T-----------------A.------.-G...-R-GH.IG--..S---.    308
27290         --------K.D-----Q----T---------T--------.------.RG...---...----..----.    294
27481         ---------.D-----Q-L-----------K-P--------.------.-G...--M...-L--..----.    289
4995          ---------.------D-L-N----------A---------.------.-G...-R-...----..---A.    291
CM237X        -------G-.----K-S---G--RV-----D----------.------.--...--L.....----K..-W--.    276
91HT652.11    ---------.-I--------N------------IA-T-I--.------.--...-P-...----..---A.    311
92UG005                  xL-N---I---------T-------.Y-----.-G...---...------..-Y--.     42
3202A12       ---------.------D-----T-----------A------.------.-G...---...----..---A.    326
3202A21       ---------.------A--SN-------------A------.------.-G...---...----K..----A.    320
MANC          ---------.---L--D----------H------------.S--S-.--...-Y-...-----..R-HV.    321
WEAU160       ---------.DI------------N------V-I-------.------.-K...-TL...-----..VL--.    321
SAL1          --------G.--I---A--S--T-S---H-----K------.------.--...-P-...-----..Q---.    320
CB1           ---------.------A-L-----------K-Y--------.------.--...-S-...----..----.    200
CB2           ---------.---------M--V-------K---K------.------.-G...-N-...----..---A.    193
CB3           ---------.-I--------N-V-N--------I-------.H----.--...--M...----G..-L-A.    199
CB4           ---------.------D--S----------KDP--------.----I.-G...---...----..---A.    201
CB5           ---------.---------------L----K-P--------.------.--...-N-...----..----.    195
CB6           ---------.------D-------------K-I-------.------.R-...-N-...----..----.    194
CB7           T--------.--------S-N----------K----S----.------.-G...M--...----..---A.    218
CB8           ---------.-I----------V-----HK---I-------.------.--...---...----..----.    200
CB9           ---------.------D---N-----------A--------.------.--...---...----..---A.    194
```

```
                                                  <- V3 neutralization loop
                 ^^^            ^^^          ^^^    *     ^^^
CONSENSUS-C   LLnGSlaE?.eiiiRSeNltnNvktIivhln?sveivctRp.nNNTR.ks...iRi...GPGQ..tfya.    291
93MW959.18    --------G.----------------------E---------.------.R-...---...-----..V---.    317
93MW960.3     --------G.------------AQ-----F-E---------.------.--...---...-----..-----.    307
93MW965.26    --------E.---V------D----------E---------.------.--...V--...-----..-----.    316
92BR025.9     --------E.------K---D----------E--G-N----.------.--...---...------..A---.    314
UG268A2       -----I--E.------------A-I---Q--K----N-A--.------.E-...---...-----..-----.    322
SM145A        --------G.--M---------A--------Q----R---Y.A----.--...V--...-----..----..    317
D757          --------G.---------A----------Q--R------.------.--...---...-----..-----.    203
D747          --------G.----------------------Q-----Y---.------.-G...V--...-----..-----.    248
D760          --------G.----------D----------Q---V-----.------.--...---...-----..-----.    256
D1044         --------G.--------P---A--------Q----M----.------.--...---...-----..-----.    196
NOF           --------G.D-----------I---V----K--D------.------.-R...--V...------..-V--.    191
SH750         --------E.G--V-----------------E-I-------.------.--...---...------..K---.    204
DLU           --------E.----------D----------E----E----.------.--...---...-----..-----.    199
D1024         --------G.----------------------Q---------.------.--...---...-----..-----.    309
D744          --------G.----------------------Q----E----.S----.--...---...-----..-----.    203
D766          --------R.----------------L----Q---------.------.--...L--...-----..-----.    194
D808          --------R.--------------------YQ---------.------.--...T--...-----..-----.    210
D868          --D-----E.G-----------A-I-----DQP----R---.------.--...---...-----..-----.    207
ZAM18A        --------E.------------A--------E---------.S----.--...---...------..A---.    315
ZAM20A        ------S-E.G-----------AQ----Q--K-I----A--.G----.--...---...------..--F-.    330
Z8A                     x------------------KEP--------.------.--...---...-----..-----.     48
DJ259A        --------D.D-----------A-I---Q--E--A-N----.------.E-...---...-----..-----.    308
DJ373A        -----T--E.D-----------A-I---Q--Q----N----.------.Q-...---...-----..-----.    314
SE364A        --------G.------------A--------E-I----A--.------.--...M--...-----..-----.    317
U0GOM         --------E.---V------D----------E---------.S----.--...---...------..A---.    195
BOOYD         --------G.------------I----A---E-IK------.------.--...---...------..A-H-.    198

                 ^^^            ^^^          ^^^   ^*^
CONSENSUS-D   llNGSLAEE.EiIiRsenltnNaK?IIvqlnesv?InCtRP?y?ntr.qr..?tpi...g?gq..alyt?    288
ELI           ---------.-V------------N--AH-----K-T-A--.-Q---.--...---...-L--..S---.    318
Z2Z6          ---------.--------------I---------A-------.-R-I-.--...-S-...-L--..-----.    318
Z6            ---------.--------------I---------A-------.-K---.-S...---...-L--..-----.    319
NDK           ---------.------------V-T------A-IV-------.-KY--.--...-S-...-LR-..S---I    313
92UG021.16    ---------.------K-------I---H-----P-------.-DKVS.Y-...---...-V-R..-S--.    309
92UG046.8     ---------.--------------T---------P---S--.-E-K-.R-...---...-L--..-Y--.    320
92UG024.2     ---------.--------I-----I---H-----V-------.-N-I-.--...---...-L--..-----.    318
92UG038.1     PS-------.--------IS----T---------T-S-A--.FYAIE.RQ..K---...-Q--..V---.    282
43425         ---------.--------I-D-V-N---------P-T-V--.-N---.-S...-H-...-P--..----M    282
JY1           ---------.------------V-T---H-----E------DNKI--.-S...---...-L--..-----.    330
43424E        ---------.--------I-D-V-N---------L-T-A--.SN---.-S...-H-...-P--..-----.    299
TZ005         ---------.--------F-----I---------A-------.-R---.--...-H-...-S--..-----.    309
TZ012         ---------.-------D------V---------T-K-S--.-Y-Q-.R-...-H-...-T--..-----.    310
TZ023         ---------.--------------N-----K---S-------.-R---.R-...---...-L--..-----.    314
TZ030         ---------.--------------I---------T-------.-K--I.--...-H-...-S--..--F-.    309
TZ053         ---------.---------A----I---------T---S--YIK-I-.R-...-H-...-S--..-Y--.    313
TZ064         ---------.--------------N---------T-------.-RSST.R-...---...-I--..S---.    321
TZ112         ---------.--------------I---------T-------.FTR--.--...-S-...-Q--..-F-R.    310
UG23                       x--------T-------T-T-------.-E-V-.H-...---...-L--..--I-.     44
UG269A        ---------.--------------I------A--T-T----.-TK--.H-........AQ-R..-WW-.    319
UG274A2       ---------.--------------I---------T-D-A--.-E-I-.--...---...-T--..-----.    322
SE365A2       ---------.--------------T----F----M-------.-N-K-.--...---...-L--..V-H-.    325
CAR4020       ---------.---V------D---T-----K---N-S----.NNYK-.-G...---...-L--..-----.    349
CI132                -.---T----------I---------T-------.NN----.-G...-H-...-P--..-----.     50
93ZR001.3     ---------.--------------T---------S-------.-SKE-.LK...-S-...-Q--..-----.    315
GP120AA       ---------.------------V-T-----K---A-------.NN---.-S...-Q-...-P--..-----.    301

                 ^^^            ^^^          ^^^   ^*^    ^^^
CONSENSUS-E   LLNGSLAEe.eIiIrSEnLtnNAktIIVhLNKsVeInCTRP.snntr.tS...iti...GPGq..vFyr.    312
93TH966.8     ---------.--------------------------------.------.--...T--...-----..-----.    318
93TH975.15    ---------.--V----------Q-----------------.------.--...VR-...-----..-----.    313
92TH011.5     ---------.--------------I----------------.------.--...-A-...-----..-----.    296
92TH006.5     ---------.------------------Y------------.------.--...---...-----..-----.    314
TN235         ---------.--------------------------------.------.--...-P-...------..A---.    322
TN239         ---------.--------------------------------.------.--...---...-----..-----.    319
TN241         ----------.K-------------------------------.------.--...---...-----..-----.    280
TN242         ---------.--------------------------------.------.--...---...-----..-----.    318
TN243         ---------.----------D-------------G------.----x.P-...--x...-----..-----.    324
TN244         ---------.------------------------V------.------.--...---...-----..-----.    286
92TH022.4     ---------.--------------------------------.------.--...---...-----..-----.    318
1643E         --------G.--------------------------------.---I-.--...FR-...-----..--HK.    213
93TH976.17    ---------.----S---------------------S----.-T---.--...-R-...-----..-----.    320
CM240X        ---------.-------D----------------------.------.--...---...-----..-----.    320
CARELO        ---------.-------------R------------------.YK---.--...AR-...-----.---K.    327
CAR4017       ---------.----------------------A---------.-KKI-.--...VR-...-----.---K.    324
CAR4071       ---------.--------------------------------.FKKM-.--...VR-...----R..---K.    325
CARMBA        ---------.---------A------------P---------.------.--...VR-...-----.---G.    313
```

HIV1 ENV

```
                                                  <- V3 neutralization loop
                 ^^^            ^^^          ^^^   ^*^    ^^^
CONSENSUS-F   LLNGSLAEe.diiIrsqNIsdNaKtIIVhlNesvqInCTRP.nnntR.ks...I?i...GpGr..afya.    302
BRA7944       ---------.------------------------------.------.--...-HL...---Q..---T.    288
BZ163A        ---------.-------------------F-----------.------.-G...-H-...----..-----.    314
BZ126A        ---------.-------------------F-----------.--Y--.--...-YF...----..--HT.    317
RJI03         ---------.----SF-------------F------D----.---I-.--...-PL...----..-----.    196
93BR020.17    --------G.E-V-----------I----------------.------.-R...-SL...-----..V--T.    318
93BR029.2     --------K.------------------Q--V--P------.------.--...-Q-...----..---T.    319
CA20                  -.------E-----T-----QF-R--E------.------.--...-H-...----..----.     50
CA16                  -.------E--T--T-N---Q--R-IE------.SKTI-.RR...-R-...-L--..V---.     50
CA4                   -.N-T---E--RK-I-I---Q--R--E------.------.--...-R-...---Q..V---.     50
VI354                 G.E-----E--TE-T-N---Q---T-E------.------.-G...-R-...-----..VI--.     50
AR16                  K.G-R----------------F---I-------.------.--...-P-...----..---T.     50
AR18                  K.N----------------------I-------.------.--...-Q-...---Q..---T.     50

                 ^^^            ^^^          ^^^    *     ^^^
CONSENSUS-G   LLNGSLAEe.eI?iRSen?TdnaKvIIVQlnksieI?CtRP.NNNTR.KS...I?f...gPGQ..AfYa.    305
LBV217        ---------.--M-----F-N---N----F----D-V----.------.--...-HI...-----..-L--.    327
RU511B        ---------.--IV----I--Y-----------V--I----.------.--...-SL...----..---T.    280
RU570         ---------.--I-----I--------------V--T----.------.--...-S-...-----..-I-T.    279
92RU131.9     ---------.--IV----F--------------V--T----.------.--...-T-...A---..-L--.    317
47621         --------R.--M-----I-----I-----KTP-N-T-V--.------.--...-H-...----..----.    282
47622         ---------.G-M-----I-----I-----KTP-N-T-V--.------.--...-H-...----..----.    282
92UG975.10    ---------.--M---K-L------------ETV--I----.------.--...-NL...-----..-I--.    320
CAR4067       --------G.--M-----L-N---I--------V--I----.------.--...-S-...----..----.    317
G3            --------G.--V-----L-------------T-G-N----.------.--...-RI...----..----.     66
G9            ---------.--R----SL---T--------D----N----.------.--...-TL...----..----.     66
JP882         ---------.--R-----F------------S----N----.------.--...-T-...A---..----.     66
JV832         ---------.D-R-----F---T--------N----N-I--.------.--...-PI...----..----.     66

                                ^^^                 ^*^    ^^^
CONSENSUS-H           ?.?V?IRS?NITDNTKNIIVQLK?PV?INCTRP.NNNTR.?S??.I?I...G?GQ..?F?A.     39
CA13                  E.K-M---E--------------N--V------.------.R-MR.-G-...-R--..T-H-.     52
VI557                 N.H-I---K--------------S--P------.------.K-...-S-...-P--..A-Y-.     50

                 ^^^                              *     ^^^
CONSENSUS-O   ILNGTLSkg.kIriMgknI?dsgkNIivTLN??i?mtCeRp.gn?tv.Qe...i?i...GP.m..aWyS.    279
ANT70         ---------.---M-A-D-LEG---------STLN------.QI.DI.--...MR-...--.-..----.    311
MVP5180       -------RE.---------TE-A--------TP-N---I-E.-IAE-.-D...-YT...--.-..R-R-.    316
VAU           ---------.N-T------S---E--LI---TN-TIA----.--Q-I.-K...-MA...--.-..----.    317
VI686                 E.---------S-----------SS-S---K--.--H--.--...MK-...--.-..----.     49
CA9                   -.------T--T--A--------YTVDI-----.--H--.--...-R-...--.L..----.     49

                 ^^^            ^^^          ^^^   ^*^    ^^^
CONSENSUS-U   LLNGSlaEE.EviIRS?NItdNaKtIIVqLnetVkInCtRP?nnntr?ks...?rI...GPGq..vfYA.    261
CAR4081       ---------.-I----E-------I---H---S-E------.------.--...V--...-----..T---.    318
Z3            ------S--.------E---N--------------------GSDKKIRQ-...I--...---K..-----.    316
GM4           -----I---.--V---K-----------------P-K-V--.A-----.-G...IH-...------..-L--.    168
Z1A                     x----K--S--T-N-----VTP---------.--Y--.--...V--...------..A---.     48

                 ^^^            ^^^                ^*^    ^^^
CONSENSUS-A   LLnGSLAe???v?irSenitnNaktiivql??pv?inctrp.nnntr.ks???vri???gpgq??afya.    279
AD_K124A2     --------G.E-K---Q-L-----------VK--R------.---I-.--...I--...----..--F-.    322
DA_MAL        --------E.EIM-----L-D-T-N-----NET-T-------.G----.RG...IHF...-----..-L-T.    322
AD_UG266A2    --------E.EIV-----L-----I-----NES-I-------.Y--IKIQR...TP-...-R--..-LF..    316
CA_ZAM184     --------G.E-M-------D---N----FTE--Q-S----.S----.R-...I-F...----..----..    307
GX_VI525A2    --------K.EII-----F-----V-----NET-E------.------.--...IKF...-T-R..VL--.    330
BF_RJI01.5    --------E.EII---Q--SD---I---H-NES-E------.------.--...IN-...----R..-----.    216
EA_CAR4039    --------K.E-V-----------------VT--Q------.S--I-.T-...---...-----..V--K.    317
FB_93BR019.10 --------E.SII---Q--SD-------H-NES-Q------.------.--...IH-...-----..---T.    315
FB_AR15               E.DIV---Q--SD-------H-NES-Q-T----.------.R-...I-F...----..----.     50
CD_DI2ACD     --------E.EII-----L-----I-----NES-T-------.YK-I-.RG...TH-...-L-R..-Y-T.    315
DA_TZ016      --------K.K-M---------V-N----FTE--K---S--.------.--...---...-----..----.    308

                                                  *     ^^^
CONSENSUS-CPZ L?NG??????????????K?????V??????E?????C?RP.GN?T?.??...?QI...GPGM..TFYN.    142
CPZGAB        -I--SLAEG.NITVRVEN-SKNTD-WIVQLV-AVSLN-H--.--N-R.GE...V--...-----..----.    315
CPZANT        -L--TYQTNTSVVMN.GR-NESVL-RFGKEF-NLTIT-I--.--R-V.RN...L--...-----..----.    317
```

```
       V3 neutralization loop ->                                                CD4
                                 *^^^    ^^^                      ^^^          ^ ^^  |
CONSENSUS-A   tgdi.....iG.dirqAhCnvsr?eWn?tlq?V....a?qLr?..?f???Nkt....??iiF?n.ssGGD    321
U455          --K-.....-.-----------RD--R-I-Q-....-E--KK..K-..N---.........---AS.-----    366
SF1703        ----.....-.-----Y-----AD--K---G-....-N--KS..Y-..S---.........---AS.-----    372
IBNG          ----.....-.----------KT---K--HQ-....VT--KT..Y-..K-T-.......---A-.PL---    363
Z321          ----.....-.-----------T---D--SK-....-A---K..H-..V-TS....TD---A-.-----    369
92RW020.5     --G-.....-.-------H---AK--D--RG-....-KK--E..H-..K---.........---EK.-----    354
92UG031.7     ----.....-.N------T-K-S---K--TQ-....VKE--K..YW...---.........---T-.-----    364
92UG037.8     ----.....-.----------GSQ--RA-HQ-....VG---E..YW...-T-.......---K-.-----    366
92RW009.14    ---V.....-.-----Y-T-NGTK--R---K-....-EK-SH..Y-..E-I-.....T---K-.-----    367
TZ017         ----.....-.-----------AG--K---E-....-K--ST..H-..E---.........---A-.-T---    359
D687          R-R-.....-.---K-------A---R---Q-....-EH--K..Y-..K-N-.........---AH.H----    249
K114          --A-.....-.----------KKD--D--YQ-....-T--GE..Q-.GA-I.........-AE.P----    115
L414          ----.....-.---K-Y-----KA--D--LQ-....-K--QK..Y-..E---.......-A-NK.-----    105
P104          -NA-.....-.----------GTK--E--HK-....-V---K..H-.GE---------.-V-TK.P----     98
PZ61          --E-.....-.----------GT---EA--K-....VG---K..H-.GE---------.-V-T-.P----     98
UG06          .SNL.....-.-----Y----GSQ--K---Q-....VTK--E..YW...-T-.......-N-SK.P----    116
CI211         ----.....-.----------AA--N---E-....-N--KI..H-..E---.........---T-.-----     99
UG275A        ----.....-.--K-----I--A---E---K-....VS---T..H-.G.---------.---G-.-----    363
UG273A        ----.....-.-----------S--KE---K-....VK---T..HW...---------.---T-.-----    369
VI191A        --Q-.....T-.---------I--T---K--HQ-....-I---E..H-ITK-T-.........---NS.-----    369
DJ264A        ----.....-.---K-------SK--N---Q-....-I---K..HS...-T-.........---A-.P----    361
DJ263A        ----.....-.-----------S---R---Q-....-T---K..H-...----------.---A-.-----    365
DJ258A        ----.....-.-----------SK--E---K-....-T---K..H-...-T-.........---A-.-----    362
KENYA         ----.....-.N----------A---T---K-....VTK--E..Y-.GN---------.-K-A-.-----    365
CARGAN        IDG-.....T-.---K-Y-E-NTT---Q---Q-....VKK--T..YW...---------.-N-TK.P----    372
CARSAS        -DA-.....V-.-----Y-----AT--K---M-....-EE--K..Q-...----------.---D-.P----    370
CAR4054       ----.....-.----------KA--DN---Q-....-KK-YE..V-...---------.Vx-T-.H----    365
CAR286A       K-V-.....-.-------TINKAK--Q---K-....-EK--G..I-..N---------.---T-.H----    382
CAR4023       ----.....T-.-----Y----KE---T---K-....-KK-GT..I-..S---------.---NS.-----    383
CAR423A       --K-.....-.---K-Y--I-KA--KNM-RK-....-TK-ES..K-...--S......-T-DK.P----    377
CI31          ----.....-.----------KE---NN-GK-....-IK--E..Y-..K-N-.....T---T-.H----    100
CI473         --K-.....-.-----------RD--N---Q-....-TK--E..Y-...---------.---DK.-----    100
CI451         ----.....-.----------GT---E---K-....-A---K..H-...---------.---AS.P----     98
CI145         -D--.....-.----------KT---E--RQ-....-T--KK..H-..K-A-.......---A-.P----     99
CI3291        ----.....-.-----------K---E---E-....-T---G..Y-..R-D-.....K---AK.P----    100
CI3263        -DG-.....-.---K-Y----KTV-KD--KQ-....-R---K..Y-..N-N-.........---A-.H----    102
CI201         --R-.....-.----------T---K---Q-....-T---G..Y-..K-AS......-T-AS.A----     99
CI3271        R---.....-.----------KAK--S---Q-....-T---K..Y-..R-D-.....T---A-.A----    100
CI422         ----.....-.-----Y---NET---EA-RK-....-G--IQ..H-...--------.I-N-DK.-----    100
CI3301        ----.....-.---------N-TD--R---K-....-E--GQ..H-...---------.-T-T-.-----     98
CA1           ----.....-.-T---------T---T---Q-....VT---T..Y-..G-D-.....T---AK.P----    100

                                 *^^^    ^^^                      ^^^         ^^ ^
CONSENSUS-B   tg?i???..ig.dirqahCnisrakWnntLkqi....v?kLre??qf.??nkt....??ivfnq?ssGd    342
SF2           --R-.....-.---K--------Q-----E-.....-K----.---.GN---------.-----.-----    370
SF2B13        --R-.....-.---K----V--TQ-----E-.....-K----.---.GN---------.-----.-----    369
LAI           I-K-.....-.NM-------------A-------...AS----.---.GN---------.-I-K-.-----    373
HXB2R         I-K-.....-.NM--------------------...AS----.---.GN---------.-I-K-.-----    368
NY5CG         REK-.....-.--------L------D---------...T--K-.---..R---------.-----.-----    361
NL43          I-K-.....-.NM-------------A-------...AS----.---.GN---------.-I-K-.-----    366
JRCSF         --E-.....-.------------Q----------...-E----.---..N---------.---TH.-----    364
JRFL          --E-.....-.---------------D-------...-I----.---.E.---------.----H.-----    363
ALA1          -RQ-.....-E.N-------------ED-------...-E----.---..K---------.-----.-----    364
JH32          -KQ-.....A-.-L-------N--R--A---------...G---K.---.V.---------.----R.-----    378
BAL1          --E-.....-.--------L------D--NK-....-I----.---.G.---------.---KH.-----    370
YU2           --E-.....-.--------L-KTQ-E---E-.....AI--K-.---.GN---------.-I--P.-----    363
BRVA          --Q-.....-.---R----L--S--E----------...T---V..---..K---------.----R.-----    366
91US005.11    --D-.....-.----------GKE-QK----V....-T------..Y.GE---------.------.PT---    374
91US006.10    --Q-.....-.-----Y--L--TQ----------...-G----.---.GN---------.------.P----    372
BZ167A        --K-.....V-.-----Y-D----------N-.....-T----IE--..K---------.-----.-----    377
MA208         --D-.....-.---K--------------E-V....-K----.---.G.---------.-I---.-----    386
ETR           --E-.....-.------------E--K--E-.....AN---K.---.E.---------.-----.-----    373
BA1A          --E-.....-.--------L------D--NK-....-I----.---..G---------.---KH.-----    370
MN            -KN-.....-.T--------------D--R-.....-S--K-.---..K---------.-----.-----    371
QZ4589        .-E-.....-.--------L--T---D---------...-I----.---.GE---------.-----.-----    371
CAM1          -DR-.....-.--------L-ST----------...-T--K-.---.G.---------.-I---.-----    367
ADA           --E-.....-.-----------T------N-.....AT--K-.---.GN---------.-----.-----    363
JFL           --D-.....-.--------L--VQ----------...-I----.---.G.---------.---K-.-----    363
SIMI84        --D-GGY..T-.Y--------------D---------...-K--K-.---.GR---------.---K-.-----    368
BCSG3C        --E-.....V-.--------L------D--R-.....-I----.---.E.---------.-----.-----    369
D31           K-K-.....-.----------G---DS--R-.....-K------.R-.G.---------.-----.-----    366
SF162         --D-.....-.----------GE----------...-T--QA..---.G.---------.---K-.-----    364
OYI           -KQ-.....-.--------L---T-EK--E-.....AT---K.---.R.---------.-A-DR.-----    371
SF33          --E-.....-.---K-Y---------K--E-V....AT----.---.G.---------.---K-.-----    367
CDC42         --E-.....L-.N----------Q-----Q-.....ATT---.---.G.---------.-A---.-----    377
HAN           --R-.....V-.---L--------R--K--N-.....FR----IR--.E.---------.----R.-----    370
```

HIV1 ENV

```
       V3 neutralization loop ->                                                CD4
                                 *^^^    ^^^                      ^^^         ^^ ^   |
CONSENSUS-B   tg?i???..ig.dirqahCnisrakWnntLkqi....v?kLre??qf.??nkt....??ivfnq?ssgGd    342
ENVVA         --R-.....-.--------L-----E---------....-T----..--..R---.....-----.-----    372
RF            --Q-.....-.---K----L---Q-------V....-T----..---.D.----------TS.-----    379
WMJ22         -RE-.....-.I--------------------....-E----..--..K----------H.-----    362
TB132         --E-.....-.---R------ST------G-.....-K--K-..--..N-N-.........xE.-----    352
92BR020.4     --D-.....-.--------L---Q--D--SK-....-T----..--.E.---------.-K-QP.P----    364
92TH014.12    --Q-.....-.--------L-ST------R-.....TE----..--.G.----------.-----.-----    357
92US711.14    --E-.....-.-------TLNKT---EA---------M---G..--.G.---------.-I--K.-----    362
91US712.4     --D-.....-.---K------------------....AI--K-..--.E.----------.-----.-----    366
92US714.1     --D-.....-.-----------T---E--QR-....-K--G-..--...--------.P-----.-----    374
92US715.6     --E-.....-.--------L--T---E---R-....-I------..Y.E.----------.-----.-----    368
92US716.6     --Q-.....-.--------L---S-----EN-....TI----..--.G.----------.---KP.-----    360
92HT593.1     -.K-.....-.N-----------T--S---K-....-A----..--.G.----------.---QP.-----    387
92HT594.10    --Q-.....-.---K----L-STQ--D--G-.....-E---A..--.G.---------.-R---.P-E--    366
92HT596.4     --Q-.....-.N--K----L-STA-----G-.....-E---A..--.G.---------.-R---.P----    367
92HT599.24    -.H-.....V-.---K----L-I-Q-----R-V....AK------..-L.GD-R-------.-I-K-.-----    369
91HT651.11    -.N-.....-.--------L-G-E--KA---L....-T----..--.G.----------.----S.-----    361
RJS           --G-.....M-.--------L---E-ES----V....AT----..--.G.----------.---K-.-----    368
GUN           IEK-.....-.N---------KEN----------....-T----..--.G.----------.----K.-----    332
SC            --D-.....-.----------------------....-I---D..--.E.---------.-I--R.-----    364
SBA           --D-.....-.--------L--T--------R....GE----..--.K.----------.-----.-----    114
SBB           ARE-.....-.---K------IT------RL-....-S--Q-..--.GK----------.----H.-----    115
SBC           --E-.....-.--------L---N-A----K-....-E----..--.K.----------.-----.-----    114
92BR014.1     --G-.....K-.N--.PY-TLDSK----------....-T-----..K-.G----------.--SR-.A----    368
92TH026.6     --Q-.....-.N-------L-ST------R-.....TE----..--.G.----------.-----.-----    358
92BR021.6     --E-.....-.N-------L-I---S--------....ER--KA..--...-N-.........----H.-----    369
ACH9          --D-.....-.--------L---A----------....-T----..--.G.----------.-----.-----    325
ACP1          AEK-.....-.-----------TE--V--Q-.....-K---D..--.GN----------.-----.-----    319
JM            --D-.....-.---K------KEN-Y-----V....AE--G-..--.K.-R-.........----H.-----    346
WM            --E-.....-.N----------VT-------V....-K----..--.K.----------.---K-.-----    334
CAN0A         --G-.....-.--------L---E--K--E-.....-I---K..--.G.----------.-----#----#    101
P896          RRN-.....-.------------------Q-.....-I-----..K-.R---------.-A---.-----    368
BWB11A        --D-.....-.----------------K--Q-.....-T----..--.V.----------.----K.-----    238
CI223         --E-.....-.---K-Y----G----------....-G----..--.GN----------.----H.-----    100
49L1R         SRG-.....-.--SE---A-NITQ-----NLV....-D---N..--..R---------.-A-T-.-A---    262
VE1           --E-.....-.-----Y-D---T--K---M-.....AK----..--.GN-T-.........-----.-----    330
VE2           --RT....-.----------K---K-----V....AK----..--..G----------.----R.-----    336
VE3           --G-.....-.-----------V------G-.....AK----..--..G----------.-----.-----    311
VE4           N-E-.....-.N---------GT--------V....-K----..--..G----------.-----.-----    350
VE5           -EK-.....-.N--K-Y-TLNKTI-----EK-....-N----..--..V---------.-I--P.-----    338
VE6           --Q-.....-.--KK-Y---------D--RKV....AI----..--.GE---------.-I-KP.-----    342
VE7           -DI-.....-.-T--------T---------V....-ER---..--...----------.--VFH.-----    341
VE8           K-R-.....-.-------T-NK----E--GK-....-T----..--..R---------.-----.-----    339
68A           --Q-.....-.N---------KTR-----N-.....AK-----..K-..G----------.-----.-----    365
RJSP3         --R-.....-.--------L-KVA--R--ER-....AI---N..--...-YN....NDKN---.-----    266
US1           --G-.....-.---R-Y-----T----------....TK--Q-..--.G.K----------.---K-.-----    369
US2           --N-.....-.-----------G----------....-S----..--.G.----------.-----.-----    367
US3           --D-.....-.--------V-K----S--E-.....-K--G-..--.G.-N-.........-----.-----    364
US4           --D-.....-.-------Y--K-N-T---E-.....-E----..--.GN---------.-I--S.-----    385
8020          --E-.....-.---K----L---D--K--W-.....-K----QL-L.E.----------.-----S-----    358
17305         --Q-.....-.----------EE--K---QRV....AK---K..K-.E.---------.-A-T-.P----    344
24612         --G-.....V-.-----------T------E-.....AK--K-..--.GN----------.----S.-----    340
26807         --K-.....-.--KK-Y-D----------------....-K--KV..-Y.E.---------.-M-Q-.P---E    357
27290         --Q-.....-.---K-Y------------E-.....-K--G-..-Y.GR---------.-I-K-.-----    344
27481         --Q-.....-.----------G-------R-.....AK---A..--.G.----------.-I---.-----    338
4995          --R-.....-.-----------E--H---------....-E----QEP-..K---------.-I---.-----    342
CM237X        --P-.....-.--------L-ST--T---------....TE----..--.G.----------.-----.-----    325
91HT652.11    --D-.....-.--------L-I-N-TD--NR-....AT-----..KY.GH----------.---KP.HA---    361
92UG005       -NIV.....-.N-------V-K-------Q-V....AK---D..LL..NKT-.......-T-RP.-----     90
3202A12       ARK-.....-.--------L---Q----------....-I-----..H-.G---------.-K---.-----    375
3202A21       --Q-.....-.--------L----------------....-S---K..--.G----------.---S-.PL---    369
MANC          -RAV.....T-.----------K---EK---------....-E-----..K-..G---------.-I---.-----    370
WEAU160       --E-.....-.---R----L--TS----------....-E----IK--..K----------.---K-.-----    372
SAL1          --Q-.....-.--------L---Q--K----V....AI----..--...E----------.----R.-----    368
CB1           --E-.....-.----------GT------S-.....-T-----..E-..K---------.-I---.-----    249
CB2           --E-.....V-.--------L-S-E--DA-N-T....-T-----..H-..K----------.---QP.-----    242
CB3           --R-.....-.N----------------EK-.....-R-----..K-.G----------.-N-T-.-----    248
CB4           --Q-.....V-.-----------T---K--H-.....AT----..--..K-I-.....T-S---.-----    251
CB5           --Q-.....-.------------------G-.....-K----..--..R----------.-----.-----    244
CB6           --D-.....-.---R----L--T---D---------....AN----..--..NAT-.........----H.-----    243
CB7           --D-.....-.---K-Y---------D---------....AT----..--..N-N-......-I-RP.-----    267
CB8           --QV....-.--------L-E----------....AI----..--..V----------.----K.-----    249
CB9           --G-.....-.-------VLDK----------....-R----..--..Q----------.-----.-----    243
```

```
       V3 neutralization loop ->                                                CD4
                                 *^^^    ^^^                     ^^^             |
CONSENSUS-C   tgdI.....IG.dIRqAhCNIs??kWnetLq?V....?kKLae..hfp??Nkt......ikf??.sSGGd    334
93MW959.18    NN--.....--.----------KDV--S---K-....G---K-..----..---------.-T-EP.H----    366
93MW960.3     -NE-.......--.N--E------GS---K---Q-....G-----..----..-VS.........---AP.-----    356
93MW965.26    --A-.......--.----------TI---K---G-....E---K-..----..---------.-E-KP.-----    365
92BR025.9     --E-.......--.----------RTA--K---E-....G-----..--L..--A.........---AK.H----    363
UG268A2       ----.......--.-----Y----RNE--I---W-....RE--KR..----..---------.-N-TQ.P----    371
SM145A        -N--.......--.----------GD---R---Q-....G-----..----..----------.---EP.-----    366
D757          ----.......--.----------EG-------R-....G------..Y--..----------.---AS.----G    252
D747          ----.......--.----------KH-------R-....G-----..----..---------.-R-AS.-----    297
D760          ----.......--.----------ED-------R-....G-----..----..---------.---AA.-----    305
D1044         ----.......--.-----Y----KD-------M-....G-----..----..---------.-RSAP.-----    245
NOF           -NA-.......--.----------KKL-----EQ-....K-----..-Y-..---------.-A-NS.-----    240
SH750         -N--.......--.----------KAN-T-A-KR-....KE--EK..----..---------.A--EQ.P---V    253
DLU           -NG-.......--.----------TRA--K---R-....G---K-..N--..-S.......---EP.H---P    248
D1024         ----.......--.---R-Y----ED-------R-....G-----..----..---------.-N-AS.-----    358
D744          --E-.......--.----------KGN-T-A--R-....S-----..----..---------.---AS.-----    252
D766          ----.......--.---R------KD-------R-....S---K-..----..---------.---AS.-----    243
D808          ----.......--.----------ED-------R-....S-----..----..---------.---AS.-----    259
D868          ----.......--.---R-Y----EN-------R-....S------..Y--..---------.-Q-AS.-----    256
ZAM18A        --G-.......--.N---------KEN--K---K-....G-----..----..----------.---DQ.H----    364
ZAM20A        --A-.......--.----------RSE-----PN-....SR---G..----..-R------.-I-EP.-----    379
Z8A1          ----.......--.---------TRTN-TN---E-....SE--RK..----..----------.---TQ.P----     97
DJ259A        ----.......--.----------RKE-----RK-....RE--KT..L-RTA-I-........-QP.-----    357
DJ373A        ----.......--.----------RQ--K----Q-....KG--K-..----..----------.---AP.-----    362
SE364A        ----.......--.----------G.N--A--EK-....KG--Q-..---GK-IS........-EP.-----    365
U0GOM         -N--.......--.---E------TD---K--EQ-....G---E-..----..---------.-T-KP.H----    244
BOOYD         -N--.......--.----------KV---T--EK-....K---K-..----..---------.-E-KP.H----    247

                                 *^^^    ^^^                     ^^^
CONSENSUS-D   t?r????..?g?dirqAhCnis?a?Wnktlqqv....a?kLgd?.ll..?nkt.....tiiFkp.ssGGD    331
ELI           -.-S.....RS.I-G-------R-Q-S----------....-R---T..----..---------.I-K---.-----    366
Z2Z6          -.KT.....RS.I-G--Y----KNE----------....-I---N..----..---------.------.-----    366
Z6            -.-G.....RTKI-G-------KED------R-....-I---N..----..---------.------.-----    368
NDK           -.GKKKK..T-.Y-G----K--R-E---A---------....-T---N..----..---------.--T---.-----    364
92UG021.16    -.-I.....K-.----------GEK----------....-V--R-..----..-Q-.....A-----.-----    357
92UG046.8     -.KL.....K-.Y--P------G-E----------....-K-----..-F...-Q-.....----Q-.H----    368
92UG024.2     -.-R.....IE.---R------E-A-K---E-----....-K--KV..-F...-R-.......-D---.-----    366
92UG038.1     -.KK.....I-.R-G------TE-D-K----------....-K--R-..----..-I-.....AV----.-----    330
43425         ..-I.....I-.--------V-A-Q----------....-I---N..----..---------.E-N-NT.-----    329
JY1           -.-I.....K-.-----Y----A-A----------....-K----..----..-Q-.....-------.PA---    378
43424E        -GQI.....I-.--------V-KKD-SN---R-....-I--KN..----..----------.----NT.-----    348
TZ005         -RIT.....G-.---R---T--GEE-----H-------....-K--R-..----..----------.------.-----    358
TZ012         -.-I.....R-.----------E-G----------....-E--R-..-F...---------.E---R-.-----    358
TZ023         -NINI....L-.---R-Y----R-R--R---------....-G---N..----..----------.-------.P----    364
TZ030         -.-G.....I-..P---Y----K-E------R-....-K-----..-F...----------.------.-----    357
TZ053         -.NI.....G-.T--P------R-E----I-------....-E----..----..----------.------.-----    361
TZ064         -KNI.....M-.----------GTS----------....-K----..----..-Q-.....-------.P----    370
TZ112         AT-I.....I-.-----Y----G-E----------....-K-----..-F...-Q-.....-------.H----    359
UG23          N.-I.....KA.K-G--Y----KTE-D----R-....-T--R-..----..-H-.......--N---.-----     92
UG269A        -.GI.....T-.-----Y----K-K-QE----------....-K----..----..----------.Q---E-.-----    367
UG274A2       -QGRKK...I-.K-G-----V-K-G-E----------....-K#-K-#.F-...RQ#.....N-T---.-----    371
SE365A2       -.-V.....K-.----------KER----------....VR--K-..-F...----------.---E-.-----    372
CAR4020       -.-V.....I-.---K------RKE--N---K-....-K--RE..-F...--S.....K-N-Q-.H----    397
CI132         -.GV.....I-.---K------GKA-------I....-I--RN..----..----------.----NS.-----     98
93ZR001.3     -RVKV....T-.--------V-EIK----------....-A--KG..---..NISS.....--H---.-----    366
GP120AA       -.-I.....I-.----------G-K----------....-K---G..---..NQT-.....-----.-----    349

                                 *  ^^^                     ^^^
CONSENSUS-E   TGdi.....iG.dIrkAyCEINgTkWne?Lkqv....tekLke..HF..nNKt......IiFqP?pSGGD    360
93TH966.8     ----.....T-.N---------------A---------....-K----..----..----------.-----.-----    367
93TH975.15    ----.......--.--------------D-T---------....A-----..----..----------.-----.-----    361
92TH011.5     ----.......--.N-------------Y-V---------....-K----..----..T----------.-----.-----    345
92TH006.5     ----.......--.---Q------E-----T---------....-K----..----..----------.---H-.-----    363
TN235         ----.......--.----------------V-T--....-------..----..----------.-----.-----    371
TN239         ----.......--.N--------------A-----....-------..----..----------.-----.-----    368
TN241         ----.......--.----------------V---------....-GE---..----..----------.-----.-----    329
TN242         ----.......--.----------R-----A---------....-K----..----..----------.-L---.-----    367
TN243         ----.......--.--xR-----------RV----....-------..----..----------.-----.-----    373
TN244         ----.......--.------------E--KA----....-------..----..---P.....-----.-----    335
92TH022.4     ----.......--.---R-----------KA----....-------..----..----------.-----.-----    366
1643E         --S-.....T-.----------------KA---------....A-----..----..----------.-S---.-----    262
93TH976.17    ----.....T-.----------E-----A---------....AG----..----..----------.-----.-----    368
CM240X        ----.......--.N--------------KV----....-------..----..----------.-----.-----    368
CARELO        --S-.....T-.------------A-H-T---M....VG--RK..----..----------.------.S----    375
CAR4017       ---L.....--.-----F----------T--E-....-R--RK..----..----------.-H-R-.S----    372
CAR4071       --S-.....T-.----------------T-Q-I....IR--E-..----..----------.-Q-K-PY----    375
CARMBA        --E-.......--.---R-F----------T----....----R-..----..----------.-V---.-----    361
```

```
       V3 neutralization loop ->                                                CD4
                                 *^^^    ^^^                      ^^^         ^^ ^   |
CONSENSUS-F   tg?i.....iG.DIRkAhCnvsgtqWn?tLe?V....?a?lks..hf?.?N?t.....?ikFns.ssGGD    344
BRA7944       --E-.....-.-----------S---K---Q-....R-E-R-..--P..-A-.....-----.-----    337
BZ163A        --D-.....-.---------------K---Q-....R-K---..--P..-A-.....-----.-----    363
BZ126A        A-K-.....-.---------------K---R-....R-K---..--P..-T-.....-----.-----    366
RJI03         --E-.....-.-------K-H-----KM--Q-....K-T-Q-..-...S-A-.....---T-.-----    245
93BR020.17    A-E-.....-.--------------SK--AR-....R-R--T..Y-..P-A-.....-----.-----    367
93BR029.2     --E-.....-.---------------Q---R-....R-K---..---..P-A-.....-----.-----    368
CA20          --D-.....-.-----Y-VINR-L--D--NK-....VEAFQR..KS...-L-......VT--R.-A---     98
CA16          --VN.....-.-----Y-VINR-L--D--GK-....VEKVER..LL...-IS.....P-I-QP.-----     98
CA4           --D-.....-.-----Y-SINI-L--E--TQ-....VEEF-K..LD..H-I-.....N-T-SP.-----    100
VI354         -SA-.....T-.---Q----I-KE---R---R-....KEK-GR..-..-.K-K-......-T-KP.A----     99
AR16          --E-.....-.----------RA--SEK-KE-....KTA---..--..P-E-.....T---D-.-----    100
AR18          --D-.....-.-----------E--RNK--Q-....R-E---..--..P-A-.....-----.-----     99

                                  *^^^                                     ^^ ^
CONSENSUS-G   TGdI.....IG.dIRQAhCNvsr??W?emLqnV....???L??..if???nk?...???Itfns.saGGD    344
LBV217        --A-.....-.----------ETD-RD---K-....KAQ-QG..-Y...--S.....------.-S---    375
RU511B        --E-.....-.----------GEA-N-T-R--....TTK-KE..-..-..--S.....------.A----    328
RU570         --N-.....-.-----------EN-N---R--....TTK-KE..-..-..H-N.....------.P----    327
92RU131.9     --E-.....-.-----------KD-N-------...TTK-KG..-..-..-NT.....N--Y--.A----    366
47621         ----.....-.---------N-TK-T---KE-....KDK-ET.......KTN.....---DT.P----    328
47622         ----.....-.-----Y--IN-TS-TG--KE-....REK-KN.....DTD-N.....---DT.P----    330
92UG975.10    --A-.....-.----------GGN-ST---R-....KAQ-AR..T-...--N...ITN-I---.-----    371
CAR4067       ----.....-.-----------TA-NQ-------...TTR-KE..T-RGE-IT...LEN-----.P----    371
G3            --E-.....-.----------GQE-Q----K-....QAQ-EQ..V-...--S.....------.-----    114
G9            ----.....--.N---------KIK-KQ-------...MVH-RE..-Y.GI--T......-N---.-----    116
JP882         ----.....--.N---------KEN-EK---H-....QVH-RK..-Y.GD--T......-S-S-.-----    116
JV832         ----.....-.-----------IK-K---K--....TAQ-RK..-Y..N--N.....------.-----    115

                                  *
CONSENSUS-H   ?G?I.....IG.DIR?A?CNI????W???L??V....??QL??..H?..?N??.....?I?F?P.SSGGD     65
CA13          I-A-.....-.---Q-H---SGAK-NDM-TK-....AT--GK..-L...-KS.....K-Q-K-.-----    101
VI557         T-D-.....-.---K-Y---TRED-KRT-HE-....VQ--RE..-F..N-QT......-I-E-.-----     99

                                  *  ^^^                          ^^^         ^^^
CONSENSUS-O   Mg.l???n?k???sR?AYC?YnaTdW?kaLkqt....aeRYLe..Lv...n?t????vtm?Fn?ss?ggD    321
ANT70         --.IGG..TAGNS--A---K------G-I----...------..-...-N-..GSIN-T--H--.---    366
MVP5180       -T.-KRS-NTSPR--V---T--K-V-EN--Q-.....-I---N..-...-Q-..EN--II-SRT-.---    373
VAU           -A.-S..-T-G.DT-A---N-S----N----NI....T-----..-...EYN.QTD---K-GNH-.-E-    372
VI686         --.-E..EN-T.N--R---R------E-----M....T-----..-...-N-SNKT---I--Q-N.D--    105
CA9           --.IER.-S-N.S--L---N--T---KR-----...-------..-I...-Y-..NS-N-T--H-IA---    105

                                  *^^^    ^^^                      ^^^         ^^ ^
CONSENSUS-U   tgdi.....iG.dirQAHCNisrt?WnnTLqqv....a?qLRk..yf..nn?t.....?I?Fns?ssGGD    306
CAR4081       ----.....-.--------V---K--Q----I....-T----..--..G-T-.....T-N-SK.-----    368
Z3            ...K.....G-.ITG------TDGE-R---------...-IA--R..Q-..--KS......-I---.-----    362
GM4           --EV.....-.----------GAK-S---SM-....VAK--E..-...-S-.....I-N-APAN$---    217
Z1A           ----.....-.------------E--D--YK-....-V-----..HL..-KG-......-I---.-----     97

                                  *^^^    ^^^                      ^^^          ^ ^^
CONSENSUS-A   tgdi.....ig.dirqahcnvsr?eWn?tlq?V....a?qLr?..?f???Nkt....??iiF?n.ssGGD    320
AD_K124A2     ----.....--.N----Q---NGT---E---QI....ST--KK..H-..M---.....---KP.-----    371
DA_MAL        -.G-.....V-.---R-Y-TINET--DK---Q-....-VK-GS..LL..NKTK.....---NS.-----    370
AD_UG266A2    -TRR.....K-.IKG-----I--EG--K---Q-....-KK--D..LI..NKT-.....---KP.-----    365
CA_ZAM184     -N--.....-.-----Y-SINETK--A---K-....-K--QN..Y-..P---.....-S-A-.-----    356
GX_VI525A2    --A-.....--.N---------TEK-GKM--N-....-AK-QK..E-...--N......-T-NS.-----    378
BF_RJI01.5    ----.....-.-----Y--I--AQ--N--EQI....-IK-GE..Q-..K--K......-A-NQ.-----    265
EA_CAR4039    --S-.....T-.---K-F-EIKEAQ--K--KE-....IGK--E..H-...---.....---QR.-----    365
FB_93BR019.10 --E-.....-.---K------GAQ-YKK-RQ-....RAE-KS..Y-..P-A-......-K-NS.-----    364
FB_AR15       --Q-.....-.--------I-GAQ--TA-ER-....KKK-QP..H-..P---.....-N-NS.-----     99
CD_DI2ACD     --IE......-.KKGPP--KINGAG--K---Q-....IKK--D..L-...---.....---KP.P----    362
DA_TZ016      ----.....-.-----------AR--K---K-....VN---T..Y-..G---.....---AK.-A---    357

                                  *  ^^^                          ^^^
CONSENSUS-CPZ ?E??.....?G.DTR?A?C??N?T?W?????????????????..??...N?T...?A??????.???GD    157
CPZGAB        I-NV.....V-.---S-Y-KI-G-T-NRTVEEV....KKALAT..SS...-R-...A-NITLNR.ASG--    366
CPZANT        V-IA.....T-.---K-F-TV-K-L-EQARNKTEHVLAEHWKK..VD...-K-...N-KTIWT..FQD--    371
```

```
                | CD4   *       *^^^    ^^^            ^^^          ^^^          ^^^
CONSENSUS-A     lEitthsFnCggef?FYCnts?lF.nstW??????....n?t.??????.??n?t????..???sndtI    356
U455            I-------------.------G--.--I-...........-GS.....MS...-DM........GP-G--    407
SF1703          --------------.---D--G--.----GG.........-S-.DSIQES...-S........E-----    419
IBNG            V-------------.------K--.----DNS........-S-.....A....-H........G-----    406
Z321            V-------------.------G--.-G--L..........-G......S...-N-WKID....TV----    414
92RW020.5       I-------I-----.------G--.----ES.........-S-.....ES...-N........T-----    397
92UG031.7       --------------.------G--.--I-WE.........-G-...NNMP...-S........ET-G--    409
92UG037.8       --------------.------G--.--N-TH.........-D-..ASMKP...-D.............-    407
92RW009.14      --------------.------G--.----SKR........-G-....WQS...-G..........ELN-    410
TZ017           ------------.S                                                          372
D687            ----------R---.------N--.----D..........-S-.....WD...-N.........A--N-    290
K114            V-------------.------G--.S---ENTSGLF....-S-.....WI...SS-..........DGN-    161
L414            --------------.------SM-.----...................RY...-D-GSSN..ETN--G--    149
P104            V-------------.------G--.S-S-S.........KD-.....SS...-A-GS.......ND-T--    142
PZ61            V-------------.------K--.--S-S..........KN-..........-A-GS......ND-T--    140
UG06            ----------V---.------G--.--S-KIGSQP.....-SK....................E--GN-    158
CI211           --------------.------G--.----...........-G-...VG.....-VSRQ......E-E.N-    141
UG275A          I---------R--.---D--G--.----NG.........-TS...KQE....SSST.......E--GN-    408
UG273A          --------------.-----AG--.----NK.........-DS....IKS...-D........K---I-    413
VI191A          --------------.---S--G--.----E..........-G-....QVA...-D........G-----    412
DJ264A          I-------------.------E--.----DNSL.......-H-.....ES...-H..........E-N-    404
DJ263A          I-------------.------E--.----...........-S-....WD....-SSNHIE..SNHTEGN-    412
DJ258A          I---------R---.------S--.----...........-SS...SIHT...-YSS.......NDT-N-    406
KENYA           --------------.----S-G--.----TNMQES.....-S-....................E-----    407
CARGAN          --------------.------G--.--S-KNE........-D-.KSMKGL...............KG--    415
CARSAS          V-------------.------G--.-K--WGP........-S-...TN.....-Q........IG----    414
CAR4054         I---------R---.-----TD--.----YNI........-G-....G.....-N-Q.......ET-G--    409
CAR286A         --V----------V#------#--.--S-TDT........-S-..........-SSR.....TGNDT-I-    426
CAR4023         --V-------R---.---D--R--.--I-K..........-D-....GNI.TG-I-G.....WENF--S-    431
CAR423A         I---IY----K---.------K--.----K..........-G-...TEE....-D........E-E-P-    420
CI31            V-------------.---D-TK--.----NS.........-D-....ARS...-N........K-----    144
CI473           V-------------.---Y--K--.----NN.........-D-....ASS...-NV.......E---N-    144
CI451           V-------------.------K--.----N..........-N-..........-AS.......SE--G--    139
CI145           --VV----------.------E--.----D..........-N-...ITSA...-H........E--S--    143
CI3291          --------------.------E--.----A..........-NS....NSS...-D........K-----    143
CI3263          V-------------.------K--.--I-...........-DS.....TL...-TSSSVS...SE---P-    148
CI201           --------T-----.------T--.----NG.........-D-....ASS...-Y........G-----    143
CI3271          --------T-----.------D--.----ES.........-S-....ASS...-H........E-----    144
CI422           --------------.------E--.----N..........-I-...IASS...-D........G--GN-    144
CI3301          I-----N-------.------G--.----NW.........-G-....AIT..Q-LAD......TEL-S--    145
CA1             --------------.------K--.----NS.........-T-....VSP...-D........E-----    144

                         *       *^^^    ^^^            ^^^          ^^^
CONSENSUS-B     peivmhsfnCggef.fyCnttqLf.nstw??????????n?t??????????n?t?????????????i    374
SF2             ----------R---.----------.-N--RL.........-H-.....EG.....-K........GNDT-    411
SF2B13          ----------R---.-----A---.----NP.........-N-.....EG...-N...........DP-    409
LAI             ----T---------.----S----.----.F.........-S-W.STEGS...-N-E........GSDT-    419
HXB2R           ----T---------.----S----.----.F.........-S-W.STEGS...-N-E........GSDT-    414
NY5CG           --------------.---K-----.----LF.........-S-W.........-D-E.....RSDNNET-    406
NL43            ----T---------.----S----.----.F.........-S-W.STEGS...-N-E........GSDT-    412
JRCSF           --------------.----S----.----...........-D-....EKS...SG-E........GNDT-    406
JRFL            --------------.----S----.----N..........-N-....EGS...-N-E........GN.T-    405
ALA1            ----T---------.----S----.----...........-S-.EGPKGS...-N-E........E..N-    407
JH32            --------------.----S----.----LS.........-S-WNDTEGS...-N-G........GNDT-    426
BAL1            ----T---------.----S----.----...........-V-....EES...-N-V........ENNT-    412
YU2             ----T---------.----S----...--...........-D-....RKL...-N-G..........RN-    401
BRVA            --------------.-F-------.----YR.........-T-G..........-I-E........GNSP-    408
91US005.11      ------T-------.-F----K--.----NKY........-E-..........N-T-Y......AKG.EN-    418
91US006.10      ---E----------.---------.----PF.........-S-W.........-D-N......TEGNNT-    416
BZ167A          ----------R---.----S----.----NLS........-D-A........G-D-A........GNDTL    421
MA208           --------------.---------.----TWN........-G-....GES..N-V-G......TEGNST-    434
ETR             ------N-------.---DSS---.---.HLS........-G-WW........-G-G........P.EN-    415
BA1A            ----T---------.----S----.----...........-V-....EES...-N-V........ENNT-    412
MN              --------------.-----SP--.----NG.........-N-W........N-T-G........SNNN-    414
QZ4589          --------------.----S----.----NANGNG.....-G-....GGS..............NDNDT-    416
CAM1            --------------.----------.-T--LF.........-G-W.........-D-E...GLNNT.ERN-    413
ADA             --------------.----S----.----NF.........-G-W.........-L-QS...NGTEGNDT-    410
JFL             ------T-------.----S----.----LS.........-G-W.........-D-E...ESKDT.REP-    409
SIMI84          --------------.----S-K--.----...........-D-.....STW..-D-.....TGSN.KGN-    412
BCSG3C          --------------.---KS----.----AG.........-N-W.........-SSA..ERSDDTG.GN-    416
D31             ----T---------.----SA---.----...........-D-.....KES..-N-..........NGT-    406
SF162           --------------.----S----.----...........-N-.....IGP..-N-..........NGT-    404
OYI             --------------.-----S---.----...........-D-.....TRA..-S-..........EVT-    411
SF33            ----------R---.------K--.----NE.........-S-W.........-A-.........GNDT-    408
CDC42           --------------.----S----.--A-...........-V-...SNGTW..SV-R...KQKDT##DI-    424
HAN             --------------.----S-K--.----...........-N-...STWND............NGNDT-    411
```

HIV1 ENV

```
                | CD4   *       *^^^    ^^^            ^^^          ^^^
CONSENSUS-B     peivmhsfnCggef.fyCnttqLf.nstw??????????n?t?????????n?t?????????????i    374
ENVVA           --------------.---------.----YA.........-D-E.....GS..-D-........KAN-    414
RF              ----L---------.---------.----...........-S-.....EGS..-N-G........GNDT-    421
WMJ22           ----T---------.----S----.----...........-G-D.IKGDNK..-S-...........L-    404
TB132           --------I-W---.-x----K--.----...........-S-.....EGN..DDGE.........ERN-    393
92BR020.4       ----F---------.---------.----T..........-N-....EGTS..-T--........GNDT-    407
92TH014.12      --------------.---------.----...........-D-.....STW.N-N-.........GNGT-    399
92US711.14      ---EQ---------.---------.----TTL........-N-.....GKS..-S-A.........GN-    405
91US712.4       ---MTLM-------.----S----.----...........-S-....QLV...-D-G.........GN-    406
92US714.1       ----R---------.---D--K--.----VR........D-N-.NTWNMTKGL-S-D.......NTTDP-    426
92US715.6       -----L--------.----S-K--.----...........-G-....ESN...-TGD.........DP-    408
92US716.6       -----L-L------.----S----.----...........YNN....GTN...STEG........NNTI-    402
92HT593.1       --------------.---------.----...........-S-....EES...-S-E.........EGT-    428
92HT594.10      ----L---------.-----SK--.----...........-D-....KRS....NID.........GT-    405
92HT596.4       ----L---------.-----SK--.----...........-D-....KRS...SDID.........GI-    407
92HT599.24      ----T---T-----.-----SK--.----...........EFN....STW...-G-EGLDETNNGTGGN-    419
91HT651.11      L-------------.------K--.----NST........EES..........KYNE........SNITL    403
RJS             ----T---------.----S----.----MS.........-S-G.........-D-........TGLN-    409
GUN             ------T-------.---------.----LV.........-G-W.........-N-K.......RSNDT-    375
SC              --------------.----S----.S---...........-G-.....EGS..-N-........GGNDT-    406
SBA             --------------.------K--.----TW.........-S-W.........-G-.......EGNNTN-    157
SBB             ----T-T-------.------K--.----ND.........SS-W.........-V.ERSS..KAEENDIL    162
SBC             ------N-------.----S----.----YS.........-N-W.........-G-........GGEN-    155
92BR014.1       ------T-------.---------.--A-ML.........-G-W....TGS..-N-..........KN-    410
92TH026.6       Q-----------K-.-----S---.----NN.........-G-W.........-G-........TGYST-    400
92BR021.6       ----------A---.---------.D-K-.LNDT..WL..-A-.....DQP..-NN...........T-    413
ACH9            ------T-------.----S-K--.----...........-V-.....EET..-SNEGD...STIGNDT-    372
ACP1            --------------.---K-R--Y.----SD.........-S-W.........-D-........GGDN-    360
JM              ----R--#---#-#.---DS-----.D---QLNKSDGNW..-S-SSIW......-N-......EGNITGD-    397
WM              --------------.-F--A----.--I-...........-G-..NGTEGS..-N-.........GDS-    377
CAN0A           ----T---------.----S----.----...........-D-.....EVS..-N-........RGNDT-    143
P896            --------------.-----A---.----...........-V-.....GGT..-G-........EGNDI-    410
BWB11A          L-------------.----S----.----...........-N-GEFNNIEG..-N-..........GKN-    283
CI223           ------T-------.----SS---.----YT.........-G-...NNIER..-D-............L    141
49L1R           ----LY--------.-----SK--.----NVNG...TW..-G-......EG..............ANET    304
VE1             ----T---------.----S----.----YANGTS.TW..-D-STN...GS.............AGGN-    378
VE2             L--E------R---.---------.----STTQLF.....-N-G..................NSTNGT-    380
VE3             --------------.------H--.--A-...........-N-E.....GS..KD-........GEDAN-    353
VE4             L--TT---------.-F-S-A---.-T--HSNNTW.....-G-E.....GS..-S-.........ERI-    396
VE5             ---E----------.----S----.----DI.........-N-WT....GS..-N-..........GEN-    381
VE6             ----T---------.------K--.----DTTQLA.....-S-W.........-S-EGS....NKTNDT-    392
VE7             --------------.---S-A---.----...........MILY#SIYTED..-S-.......LIIEEN-    388
VE8             --------------.----SS---.----...........-S-G.EDAIGP..-AN.........GEN-    383
68A             --------------.------G--.----...........-G-EEIVTERS..-R-GE........NDTL    412
RJSP3           --------------.---D--H--.--A-T..........-ESRTG.....RVKC-...........ENT    308
US1             --V-----------.------N--.----...........-G-EE.......FDS-L.......SDAEN-    412
US2             --------------.----S----.----GA.........-D-........WTES#.......#NNET-    408
US3             --------------.----S----.----VNH........-G-W.........-S-WSSNNNT.DNNGT-    414
US4             ----F---------.-----S---.----...........-I-E.......EV-K-K........ENDT-    427
8020            ----LNT-------.------K--.D---NV.....TERP-NV..........TGM.........QKEN-    402
17305           ---A-P------K-.----------.-N--NGTDWT.YKWS-S-........................EKN-    388
24612           ----------R---.------K--.----......................GV-G-VE......EGNDN-    380
26807           -VG---I---R---.---------.----........GV-D-E.......EL-K-...........DT-    398
27290           --V---I-------.-----S---.----........KM-D-G.......GV-D-EGLQ.....GNET-    391
27481           --V-------R---.------K--.----...........-S-G.......EM-S-EESK.....ENDT-    383
4995            ----------R---.------K--.----E........NG-N-V........N-N-EI............-    383
CM237X          --------------.-----S---.----...........-D-..ST.....W-D-........TGNST-    367
91HT652.11      ----T---------.------P--.-N--..........F-S-E.NNGA...W-I-EGN.....NTVNT-    410
92UG005         ---TT---------.-----SG--.--E-GK.........-N-........S-S-GNNE........T-    132
3202A12         ----R---------.---D-----.----...........-G-E........G-N-EG........NST-    416
3202A21         --------------.----S----.----...........-D-........G-V-ER.....SNNNEN-    412
MANC            ----T---------.----S----.----........NTG-D-R.......ES-D-NNT........GN-    415
WEAU160         --------------.----S----.----........HA-G-.........WKN-EGAD.......NN-    415
SAL1            --------------.---------.----NATEEPQYAGE-D-........................-    410
CB1             --------------.---D-----.----......................-D-KGPS....NTTGN-    289
CB2             L---T---------.---------.--S-WL.........-D-W.........-SDI..........ENT    282
CB3             R-----------G-.L---S----.----PVNE.....TS-V-E....................GS.EP-    290
CB4             --------------.----SS---.--N-.........AV-D-W.........-N-AGIE.......KN-    294
CB5             --------------.---S-----.----........KA-S-W.........-A-KESN.......DT-    287
CB6             ----T---------.---DS-P--.----NST.....KGS-S-E.......GS-S-...........EP-    288
CB7             ----T---------.---------.----NSTQLF.NSTW-S-E.......GS-N-DI...........-    316
CB8             --------------.---DS-K--.----.........PW-S-E.......G-N-VG.......N.GT-    292
CB9             --------------.---------.----DNS......TW-S-E.......EL-S-VG..........N-    288
```

```
                | CD4   *       *^^^    ^^^            ^^^
CONSENSUS-C     lEiTThSFNCrGEF.FyCnTs?LF.nsty?????p?...?ngt?????????.n???...?????????I    366
93MW959.18      --------------.------G--.--NF...........-D-EG........-ST...........LS-    404
93MW960.3       --------------.------R--.------....N-.....---VS........-DTE........SNST-    399
93MW965.26      --------------.-C----N--.T-NL.....F.....TDNLT........-TT............N-    403
92BR025.9       --------------.------S--.------....T-.....-S-E........-ITG.......TENSI-    406
UG268A2         --------------.------S--.--SDNN.........-S-......................I-    405
SM145A          --------------.------G--.------....N-.....-N-GSESN..................NN-    406
D757            --------------.------N--.------....M-.....---KG........-S...........NST-    292
D747            --------------.------D--.-G--....M-.....---KS........-SS...........ST-    337
D760            -----Y--------.------G--.-G--....M-.....---KS........-LN...........ST-    345
D1044           --------------.------N--.----NSTYML.....---TS........-ST...........LN-    289
NOF             --V-----------.-----TD--.SA.............-A-KF........-ES........DPNAT-    279
SH750           --------------.------G--.-NSLIDDIDM.....---........................-    290
DLU             P-------------.------Y--.--I-....D-.....--H................RK$FNPH.P-    288
D1024           --------------.------N--.------....M-.....---KS........-SN...........ST-    398
D744            --------------.------N--.--A-....M-.....---YMFNGTYMF.-ST.........SNAT-    301
D766            --------------.------G--.-G--....MH.....---KS........-SS...........SI-    283
D808            --------------.------G--.-G--....M-.....---KS........-SS...........SI-    299
D868            --------------.------N--.-G--....M.......---KS........-SS...........ST-    295
ZAM18A          --------------.------N--.------....K-.....-D-........-ST.......YNPNDT-    406
ZAM20A          --------------.------I--.-RSHLG..LF.....---E.........-NS.........PQ.N-    421
Z8A1            ---------------.---D-KK--.---W.........D-I-KDT........-GSF.......ETTDT-    141
DJ259A          ----------G---.------D--.-..............-QSIT.....................NEN-    390
DJ373A          I---------G---.------A--.-DSITN..A-I....-NSST.....................DAN-    403
SE364A          ---------------.---D--K--.-G-THT.........ANS........................N-    399
U0GOM           ---------------.---Y--N--.----NSTYN...................-GT......ESNSTSN-    288
BOOYD           --V-----------.-----TQ--.-KSATIIYGS..................VQT........QTITN-    289

                         *       *^^^    ^^^                         ^^^
CONSENSUS-D     pEittHsfNCgGeF.FyCntS?LF.Nstw??????????n??????.???..n?t?.???????????i    361
ELI             --------------.------G--.----...........-IS.....AWN..-I-....ESNNSTNTN-    412
Z2Z6            --------------.------G--.----...........DISKS...EWA..-S-....ESDDK...P-    411
Z6              A-------------.------G--.----...........-INNS...EGA..-S-....ESDNK...L-    413
NDK             ----S-ML----D-.------R--.----...........-QT.........-S-.......GFNNGTV    404
92UG021.16      --------------.------G--.-NSVWTS........-ST...................IGA.NGT-    397
92UG046.8       -------L------.---DA-R--.-R-Y...........-TSG.........S-.......GVNNST-    408
92UG024.2       --------------.------K--.-HSV........GEN-TL.....SIS..-GV..........NTN-    409
92UG038.1       --L-----------.-F----Q--.-----.GS........-DTS.........-S-Y........NNT-    371
43425           --------------.------S--.-G--...........-STW.........-IRN.NTEGAN.NTQV-    375
JY1             --------------.------R--.----...........-SS.....TWN..-D-.......LNSEGT-    421
43424E          --------------.------R--.-N--....HDNNTWNADSTW...NDS..-N-T..........AN-    397
TZ005           -----------                                                              369
TZ012           -----------                                                              369
TZ023           ------------S                                                            377
TZ030           -----------                                                              368
TZ053           -----------                                                              372
TZ064           ------#-----S                                                            382
TZ112           ------------S                                                            372
UG23            Q---------R---.------K--.----...........-STS.........-S-.......GIADKT-    133
UG269A          --V-K---------.---D--R--.-DSY...........-TSALNS.TQG..-ES..........EN-    410
UG274A2         --------------.------R--.-NSGWENY.......-IS..........-S-.......GG.NET-    414
SE365A2         ---A------R---.------G--.----KT.........KSG........................DN-    407
CAR4020         L-V-------Q---.------Q--.-HK-...........-DTTGEM.SEQ..-NNT......ES..EN-    443
CI132           ---I----------.------K--.----SIES.......-ITES....................NDST-    139
93ZR001.3       --------------.------K--.-ISIGNSSATSSTTNSTGG.........TI-..............    411
GP120AA         ------------D-.------K--.----...........-IT.....DTL..-S-.......ELNDST-    392

                         *       *^^^    ^^^            ^^^          ^^^
CONSENSUS-E     leitmHhFNCrGEF.FYCnTt?LF.nntcig?........NeTm....?gc..ngt.........????I    398
93TH966.8       --------------.------R--.----------------I....G--..-D-..............-    407
93TH975.15      -K------------.------K--.-S-W-----------G-....E-R..-SS..........DTP-    404
92TH011.5       ----T---------.------Q--.-------------------....K--..-D-..............-    385
92TH006.5       ---IT---------.-----PK--.-G-ME-P.........-N-E....GPN..-T..............-    404
TN235           ----------K---.------R--.-----E.........-G-....G--..----------------    411
TN239           --------------.------Q--.-S----------------....E--..----------------    408
TN241           --------------.------Q--.-S----------------....K--..----------------    369
TN242           --------------.------Q--.-------------------....E--..-S-..............-    407
TN243           --------------.------R--.-------------------....N--..----------------    413
TN244           --------------.------R--.-----A.........-G-I....E--..--N..............-    375
92TH022.4       --------------.------R--.S----K----------------....A--..----------------    406
1643E           --------------.------R--.-----K----------------....E--..----------------    302
93TH976.17      --------------.---D--Q--.-R-WGE.........---R....E-R................N-    406
CM240X          --------------.------K--.----L----------------....A--..-D-..............-    408
CARELO          P-----N-------.------N--.-S-WEI.........-K-....K.S..-D-.........NLSN-    418
CAR4017         P-T-N-I-------.------Q--.-S-WRI----------------....EKV..----------NSNM-    416
CAR4071         --------------.------R--.-IST...........-G-T.....----------------------    410
CARMBA          ------S-------.------K--.-S-WEM.........-K-I....EEL..----------------    401
```

```
                 | CD4   *       *^^^    ^^^            ^^^
CONSENSUS-F   lEiTmHsFNCrGeF.FYcNts?Lf.n?t???????.....n?t????......??????...??????ti    372
BRA7944       --------------.------K--.-Dx                                              363
BZ163A        --------------.------G--.-D-GS..........-G-........................-    395
BZ126A        --------------.------G--.-D-GS..........-G-........................-    398
RJI03         --------------.------E--................-D-......................VSND--    277
93BR020.17    ----R-N---M---.-----DE--.-D-...........KFN...................DTEFND--    404
93BR029.2     --------------.------G--.-D-....................................VDNN--    400
CA20          ----T---------.-----DE--.-NSLL..........-N-KKR#......NIT.............    135
CA16          --V-T---------.------K--.TQVI$C#........-N-A......................TN-    133
CA4           P---T-------K-.--Y--TD--.-NMEKTN........-N-........................-    134
VI354         P-V---I-------.-----TK--.-D-ENK.........-ND......................AENK--    137
AR16          P-------------.------G--.-N-LLDDTAF.....-G-........................-    137
AR18          P-------------.----S-Q--................-D-......................IDNG--    131

                        *       *^^^    ^^^
CONSENSUS-G   LEitthSFNCrGEF.FYCNTsgLF?n?s????........nn?????????.?n?????....??????i    373
LBV217        ----A---------.---------.-S-ILS.........--NAPS.......-SS..........KN-    416
RU511B        --------------.----------.-N-K...........--ST........................-    360
RU570         ----A---------.------D--R-N-K...........GDPT........................-    360
92RU131.9     --------------.----------.-N-E............--STI..................EN.NST-    404
47621         --V--Y--------.-----T---.-N.............--T.EN......E-DT.............-    363
47622         ---M----------.------K--.KIELS..........--STDSA.....E-GT.............-    370
92UG975.10    ----------G---.------K--.-D-IGSG......................-IT.............    404
CAR4067       --V-K-----G---.----------.-S.............-STKTTNDTKT..-DT.............-    411
G3            --------------.----------.-E-GG..........-DT........................T-    147
G9            --------------.----------.-Y-FI..........--T..........-TSNSN....NNESET-    160
JP882         --------------.----------.-Y-FS..........--T..........-NTETS....ENGI..-    158
JV832         --------------.----------.-NNISNI........--ET........................-    150

                        *       *       ^^^                         ^^^
CONSENSUS-H   ?EI??H?FNC?GEF.FYCNT?KLF.NSTW????.......N?????.N???..NGT...........??I     92
CA13          I--IT-M---A---.-----T---.----TTNT.......-GSYVS.-NTE..---.............-    146
VI557         M--TM-T---R---.-----S---.----V..........-STS...-DIS..---...........TI-    141

                        *       *^^^    ^^^            ^^^          ^^^
CONSENSUS-O   ?EvthlhFNCHGEF.FYCNTs?mF.NytFsc?????????N?t??????????N?tn??......?ngT?    356
ANT70         L-------------.-----AK--.-----------------G-TC...SVS..-VSQG.......N---.    412
MVP5180       A--S----------.------G--.----I..........-C-KSGCQEIKGS-E--........K---.    422
VAU           A---NFF-------.-----NRL-.-H----KKNMTNNKI-C-...........-IS-N.......S---Q    423
VI686         P-------------.------R--.--S---SGTSC....-SS.......QNN-A-HN.........D-Q    153
CA9           D-T-YM--------.------K--.----E-.........-N-TC.....QGN-I--DN.........--D    151

                        *       *^^^                    ^^^          ^^^
CONSENSUS-U   ?EitTHtFNCgGEF.FYCnTs?LF.ns?w??.........n?t?d?...??.?n?t??....???????i    336
CAR4081       L-------------.------R--.--S-KG.........KYSGH....ES..-D-.............-    408
Z3            I-------------.------E--.TGI-...........-G-W-.......K-C-ST....ESNCTGN-    408
GM4           L--I----------.-----TR--.-..............................................    241
Z1A           I-VK--S---R---.---D-KE--.--T-D..........-I-K-T.......-GSF.......ETTDT-    141

                        *       *^^^    ^^^            ^^^          ^^^
CONSENSUS-A   lEitthsFnCggef?FYCnts?lF.nstW??????....n?t.??????.??n?t????..???sndtI    355
AD_K124A2     P---------R---.------K--.--V-G..........-SS..........-V-KVN...GTKVKE--    416
DA_MAL        P---------R---.------K--.----Q..........-NGARLS......-S-........E-TGS-    414
AD_UG266A2    P-------------.------G--.-NSVWR.........-DYPS........-S-.......GVNESV-    409
CA_ZAM184     --------------.------N--.---YNP.........-S-....ESNS.............DL-..-    396
GX_VI525A2    ----------R---.---K--E--.----LF.........-S-GLVNSTW...-D-R..........KD-    424
BF_RJI01.5    P--VM-T-------.----STE--.KG--...........-NGT........W-G-........EG-N--    306
EA_CAR4039    P---MLT-------.-----TR--.----GT.........-E-I.....ES..-V-.........NPRN-    408
FB_93BR019.10 ----M-----R---.------R--.-D-ELGQF........-D-........KF-D-.......GFN----    410
FB_AR15       ----M-----R---.------G--.-N....NINP.....-N-........................-    132
CD_DI2ACD     --------------.------R--...............................-NNGTN........S--    394
DA_TZ016      -----------                                                              368

                        *       *
CONSENSUS-CPZ PEV??H?FNC?GEF.FYC?????F.???????........?IT.......................NG??    175
CPZGAB        ---TH-M---G---.---NTSQI-.TD.............N--........................--II    398
CPZANT        ---KV-W---Q---.---DITPW-.NATYTGN........L--........................--AL    408
```

```
                    *      CD4 |                    *  ^^^      | CD4    ^^^
CONSENSUS-A   t..lq.CrI.kqIvnm.wQrvgq.AmYapPIq.g?irc?sNITGllLTRDGg???...nns??...????    402
U455          -..--.---.---I--.------.--------.-V---E-------------T......--TK........    457
SF1703        I..-P.---.---I--.------.--------.-V-K-I-------------D........--A........    469
IBNG          -..--.---.------.--K---.--------.-I---D-------------.........--T........    455
Z321          I..-P.---.------.------.-------K.-V-K-V-----I------VG......--TS........    464
92RW020.5     -..-T.---.---I--.--K---.---P----.-V---E-------------.........--T........    446
92UG031.7     -..-P.-K-.---I--.----E-.--------.-I---D-------------G.....DANS.....TN.    461
92UG037.8     -..-P.---.---I--.------.-I------.-V---E------I------GNI....-ES........    458
92RW009.14    -..-P.---.---I--.C--T--.--------.-V-S-V-------------N......--TT........    460
D687          -..H-.---.------.--K---.-------E.-EL--E-------------......-T-N......TN    341
K114          -..--.---.------.------.--------.-I-N-A-------------KG....H-RT........    212
L414          -..-P.---.------.------.-------K.-V---T-------------......-GTT........    198
P104          -..-P.---.------.-----R.-------S.-I---V-------------N.......---T....QS..    194
PZ61          -..-P.---.------.------.-------A.-I---V-------------TT.....-HT....QSNE    194
UG06          -..-P.---.R--IRI.---T--.-T------.-V--FE-------------V......--T........    207
CI211         -..--.---.------.---A--.-I------.-V---K------I------GN......--T........    191
UG275A        -..--.---.---I--.---A-K.-I-----K.-V---V------I------G.......---E........    458
UG273A        -..--.---.---I--.-----R.-------K.-V---E-------------......-G-NT.......    463
VI191A        -..-P.---.----R-.------.--------.-M---E------I-----VG.......---T........    462
DJ264A        -..--.---.------.--K--R.-------P.-E---E-------------S........---T........    454
DJ263A        -..--.---.------.--K--L.-------S.-E---K-------------S........---T........    462
DJ258A        -..--.---.------.--K--K.-I-----S.-E---E------I------S........---T........    456
KENYA         -..-P.---.-.-I--.---A--.--------.-I-K-V------I------D........---E........    456
CARGAN        -..--.---.------.---A--.-------T.-I---E-------------FN....-RTN........    466
CARSAS        -..-P.---.----R-.-----K.-------K.-A-N-R-------------G......--RS........    464
CAR4054       -..--.---.---IR-.------.--------.-EL--D-------------V......--TQ........    459
CAR286A       -..-P.---.-----I.------.--------.RV---E-------------L......-STQ........    476
CAR4023       I..-P.---.------.------.----S--P.-E-S-N-----x-------D.....D--T........    481
CAR423A       V..-P.---.----H-.------.---T----.-E-K-E-------------K......-TT........    469
CI31          -..--.---.----K-.--K--K.-------P.-V---D-------------D........---N........    194
CI473         -..--.---.------.--K---.--------.-E-K-V-------------N......--NSI.......    195
CI451         -..--.-K-.------.--K---.--------.-I---E-------------D........---T........    189
CI145         -..--.---.----R-.--G---.-------K.-V---N-----I-------N........---ST.......    194
CI3291        I..--.---.----R-.--T---.--------.-E---EP------------NN.....--NS........    194
CI3263        I..F-.---.------.------.-------P.-V---D-------------N.....-S-T........    198
CI201         -..--.---.------.------.-------K.-K-K-G-------------K.....-S-NT.......    194
CI3271        -..--.---.---I--.--K---.-------P.-V-K-E-------------N.....-E-I........    194
CI422         -..-P.---.R---K-.------.--------.-V---E-------------KD....---.........    194
CI3301        -..-P.---.----H-.------.--------.-I-N-V-------------VE....-IT.........    195
CA1           -..--.---.------.------.--------.-V---E------I------A.....---T........    194

                    *                            *  ^^^
CONSENSUS-B   t??Lp.Cri.kqiinm.wQevgk.amyapPi?.gqircssnItGllLtrDgG??????n?????.?????    419
SF2           I..--.---.------.------.-------G.---S---------------T......-VT........N    461
SF2B13        I..--.---.------.------.-------G.---S---------------I......-GT........N    459
LAI           -..--.---.--F---.------.-------S.-------------------NNN...-GS.........    470
HXB2R         -..--.---.------.--K---.-------S.-------------------NSN...-ES.........    465
NY5CG         I..--.---.-----R.------.-------S.-------------------DKE...-ST.........    457
NL43          -..--.---.--F---.------.-------S.-------------------NNN...-GS.........    463
JRCSF         I..--.---.------.------.-------K.-------------------K.....-ESE........    456
JRFL          -..--.---.------.------.-------R.-------------------INE...-GT.........    456
ALA1          -..--.---.---V--.------.-------E.-------------------......-SS........N    456
JH32          -..--.---.------.------.-------E.-------------------DNQ...-ET.........    477
BAL1          -..--.---.------.-----R.-------R.-------------------PED...-KT.........    463
YU2           -..--.---.------.------.-------R.-------------------KDT...-GT.........    452
BRVA          -..--.---.------.------.-------R.---K---------------NN....-ETT........    459
91US005.11    -..--.---.------.------.-------R.---S-L-------------NR....-DT........N    469
91US006.10    -..--.---.--F---.------.-------S.-------------------I.....-QS........R    466
BZ167A        K..--.---.--FV--.------.-------D.---S---------------NNT...-ET.........    472
MA208         -..-Q.---.--F--L.--K---.-------Q.-N-S---------------IN....-ASK........    485
ETR           -..--.---.---V--.------.-------R.-------------------NTQN..-NTN.......S    469
BA1A          -..--.---.------.--K--R.-------R.-------------------PEA...-KT.........    463
MN            -..-Q.-K-.------.------.-------E.-------------------KDTDT.-DT.........    467
QZ4589        -..--.---.---V--.------.-------R.-Y-N---------------IGT...-GT.........    467
CAM1          -..--.---.-----R.------.-------T.-T-S---------------RGE...-ET.........    464
ADA           -..--.---.------.------.-------R.------------I------T.....-SSG........    460
JFL           I..--.---.-----R.------.-------N.-------------------KE....-GA.........    459
SIMI84        -..-L.---.-----R.------.-------E.-H-----------------K.....-ESE........    462
BCSG3C        -..--.---.------.------.-------S.-----T-------------TSDT..-TT.........    468
D31           -..--.---.------.------.-------S.-------------------KNKD..-ET.........    458
SF162         -..--.---.-----R.------.-------R.-------------------KEIS..-TT.........    456
OYI           -..--.---.---V--.------.-------S.-------K-----------K.....-TT........N    461
SF33          -..--.---.------.------.-------E.-------------------GDK...-ST.........    459
CDC42         -..--.---.-----R.--V---.----L--K.-L-----------------GE....-QT.........    474
HAN           I..--.---.------.------.-------G.-L----------I------ND....-SS.........    461
```

HIV1 ENV

```
                    *      CD4 |                    *  ^^^      | CD4
CONSENSUS-B   t??Lp.Cri.kqiinm.wQevgk.amyapPi?.gqircssnItGllLtrDgG??????n?????.?????    419
ENVVA         -..--.---.------.------.-------K.-------------------N.....-ENGTD...ENR    469
RF            -..--.---.---V--.------.-------S.---K-I-------------EDTT..-TT.........    473
WMJ22         -..--.---.------.--G---.-------Q.--------------------......-SS........S    453
TB132         -..--.---.---V--.----x-.-L-D---G.-----T-------------NQ....-GT........N    444
92BR020.4     -..--.---.---VD-.-------.--SV---K.-K-KS--------------......-NE.......MN    457
92TH014.12    -..--.---.---V--.------.-------R.--------------------......-SE.......NK    449
92US711.14    -..--.---.R----V.--K---.-------R.-L-----------------S.....-KN.........    454
91US712.4     -..-Q.---.------.------.-------R.-------------------IN....KSE........N    457
92US714.1     I..--.---.------.------.-------R.-P----------I------N.....-NR......EIN    478
92US715.6     V..--.---.--V---.------.-------R.-------------------NS....-ET........N    459
92US716.6     -..-Q.---.------.--Q---.-------R.---K---------------T.....-AT.........    451
92HT593.1     -..--.---.------.------.-------E.-------------------NN....-KT........N    479
92HT594.10    -..--.---.---V--.------.-------S.-------------------EN....-ET.........    455
92HT596.4     I..--.---.---V--.------.-------S.-------------------EN....-GTE......NN    460
92HT599.24    -..--.---.---V--.--R---.------AS.---S---K-----------NV....-ES........K    470
91HT651.11    -..--.---.------.------.-------E.-------------------NN....-DT........T    454
RJS           -..--.---.-----R.------.-------E.-------------------I.....-GTN........    459
GUN           -..-Q.---.-----S.------.-------Q.--------------------......-GSE........    424
SC            -..--.---.-E----.------.-------K.--VK---------------NSK...-GSK......NE    460
SBA           -..--.---.---V--.------.-------R.------------I------K#..#T-ET.........    207
SBB           -..-Q.---.---V--.------.-------R.-L-----------------NNNNNT-NN.........    216
SBC           -..--.---.------.------.-------R.------------I------N#..#T-VT.........    205
92BR014.1     -..--.---.-----R.------.-------D.-----L-H-----------NTT...-RT.........    461
92TH026.6     -..--.---.---V--.------.-------K.-------H-----------NNE...-TT.........    451
92BR021.6     -..--.---.------.------.-------R.---S---------------......-NS........S    462
ACH9          V..--.---.------.------.-------R.---N---K-----------N.....-ETT........    422
ACP1          -..--.---.------.------.-------N.-------------------DE....-EIT........    411
JM            -..-Q.---.---V--.------.-------R.-------------------NSNS..-DTN........    450
WM            -..--.---.------.------.-------A.-------------------IN....-NTN.......N    429
CAN0A         -..--.---.---V--.------.-------R.-------------------NNK...-GTE.......N    196
P896          -..-Q.---.------.--K---.-------T.--------------------......-STE.......T    460
BWB11A        -..--.---.------.------.-------R.-------------------SSS...-ES           334
CI223         I..--.---.------.------.-------R.-------------------DNT...-ST.........    192
49L1R         I..--.---.------.------.-------S.-H-T-V------I------I.....KNET.......N    355
VE1           -..-Q.---.---V--.------.-------T.---..WL------------N.....-KTN.......N    427
VE2           -..--.---.---VR-.------.-------Q.---S-L-------------N.....-ETN........    430
VE3           -..--.---.-----L.------.-------G.-HLK---------------NE....TSTT........    404
VE4           -..-Q.---.------.------.-------K.-K-----------------N.....-NDT.......N    447
VE5           I..--.---.---V-L.-----Q.-------S.---K---------------V.....DNSN........    431
VE6           V..-G.---.-----L.------.-------G.-L-K---------------N.....-NTN........    442
VE7           -..--.--T.----Y-.--#.#P.-------M.RT-S---H-----------T.....TNNE........    435
VE8           -..--.---.--V---.------.-------G.-L-K---------------N.....-NTN........    433
68A           I..-Q.-K-.R--V-L.--Q---.-------Q.---S---------------NN....-SSN.......N    464
RJSP3         -..-S.---.-----K.------.-------S.---S---------------K.....-NGP.......N    359
US1           -..-Q.---.------.------.-------R.-H---V-------------M.....-NGTK.....DN    465
US2           -..--.---.------.R-----.-------A.-------------------N.....KNDS.......N    459
US3           -..--.---.R----R.------.-------R.-------------------NN....-NT........N    465
US4           I..--.---.S-----.C-----.P------R.---I---------------TN....-NRT.......N    479
8020          -..--.---.R-FV-L.------.-------E.------------I------.......-TNE......TK    453
17305         -..--.---.------.------.-------S.-----------M--V----N.....-NST.......N    439
24612         -..--.---.------.------.-------S.-P-I----------V----N.....-NST......NT    432
26807         -..--.---.--F---.--G---.-------S.-P-----------------N.....-KDT......DN    450
27290         I..--.---.------.------.-------S.-L------------V----E.....KNNT.....NET    444
27481         -..-Q.---.------.------.-------S.-P-----K------L----N.....-NNK........    433
4995          -..--.---.------.------.-------E.-P-----------------N.....SNRT........    433
CM237X        -..--.---.---V--.------.-------G.---K---------------N.....-KEN.......K    418
91HT652.11    -..--.---.------.------.-------R.-L-N-T-------------SN....-STN........    461
92UG005       -..-Q.---.------.--G---.-------A.-L-Q---------------A.....-SSH...SENSS    187
3202A12       -..--.---.------.--G---.-------S.-------------------K.....DENK.......T    467
3202A21       -..--.---.------.--G---.-------S.-------------------K.....DENK.......T    463
MANC          -..--.---.---L-L.------.-------S.---S---------------N.....TNTT......GN    467
WEAU160       -..--.---.-----R.------.-------E.-----L-------------SS....EENQ........    466
SAL1          -..--.---.------.------.-------R.---N--------I------DD....TNE.........    460
CB1           -..--.---.------.------.-                                                308
CB2           -IT--.---.---V--.------.-                                                303
CB3           I..--.---.-----L.--Q---.-                                                309
CB4           -..--.---.--V---.------.-                                                313
CB5           -..--.---.--VV--.------.-                                                306
CB6           I..--.-K-.------.------.-                                                307
CB7           -..--.---.---V--.------.-                                                335
CB8           -..--.-K-.------.------.-                                                311
CB9           -..--.---.-----R.------.-                                                307
```

```
                    *      CD4 |                    *  ^^^      | CD4    ^^^
CONSENSUS-C   T..lp.crI.kQiinm.wqeVGr?amYaPPi?.gnItCkSniTGllL?RdgG?????.n?t?????????    411
93MW959.18    -..--.---.------.------.-------E.--------------T-G--PT....-TK.........    454
93MW960.3     -..--.---.------.------.-------A.--------------L----HTNT..-N-.........    451
93MW965.26    -..--.---.------.--G---.-------A.--------------T----E.....-NR.........    452
92BR025.9     -..I-.---.------.--G---.-------E.-I---R--------T----TGM...HD-.........    457
UG268A2       -..--.---.------.--G---.-------K.-K---R--------T----ETSET.-S-.........    458
SM145A        -..-Q.---.------.-----Q.-------K.-----T--------L----NDPK..RTEE....QNNT    463
D757          -..IQ.---.------.------.-------E.-----E--------V----TES...-N-.........    343
D747          -..I-.---.------.------.-------A.-----------I--V----IEL...-D-.......KT    390
D760          -..I-.---.---V-L.------.------FA.R-------------V----EDT...-D-.........    396
D1044         -..I-.---.------.------.-------E.-----T--------E----PD....-N-.........    339
NOF           -..--.---.------.------TS------E.-----N--------T----NA....-T-.....NNTT    334
SH750         -..--.---.------.------.-------A.-----R-----I--I----EE....-G-ER....NGT    345
DLU           -..--.---.------.--G---.-------E.--------------I----T.....-K-......DKE    340
D1024         -..IL.-S-.---V--.------.-------E.--------------V----T..ES.-T-.........    449
D744          -..I-.---.------.C-----.-------E.--------------V----RGQES.-T-.........    354
D766          -..I-.---.------.------.-------E.--------------V----T..ES.-N-.........    334
D808          -..I-.---.------.------.-------E.--------------V----T..ES.-N-.........    350
D868          -..IL.---.--VV--.------.-------E.--------------A----T..ES.-H-.........    346
ZAM18A        -..--.---.------.--G--Q.-------A.--------------T----S.....-D-T........    456
ZAM20A        -..I-.---.N-----.-----K.---P---A.-----I--------T----IDT...-S-KITHETNGT    481
Z8A1          -..--.-K-.---VK-.--G--Q.-I-----A.-S-N-N-S----I-T----N.....-IGD........    191
DJ259A        -..-Q.---.------.------.-------K.-I------V-----T----T.....-T-T........    440
DJ373A        -..-Q.---.------.------.-------Q.-I-A----------T----T.....-S-D........    453
SE364A        -..IQ.---.------.--G---.-I-----A.--------------T----TTN...-N-.........    450
U0GOM         -..-Q.---.------.--G--Q.-------A.-----I--------T----ENGEK.-N-.........    341
BOOYD         -..--.S--.-----L.-L----.-------A.-----I--------L--V-NTDT..-T-......NNT    344

                    *                            *  ^^^               ^^^
CONSENSUS-D   t..lp.CrI.kQiinm?WQ?vGk.AmYAPPie.g?I?CsSnITGllLtRDGG???...n?s?...?????    405
ELI           -..-Q.---.----K-#--.A-#.-I------.RN-L---------------IN....-ST.........    460
Z2Z6          -..-Q.---.------.--G---.---------.-Q-N---------------TN....-S-.........    461
Z6            -..-Q.---.------.--G---.---------.-Q-N---------------TN....-S-.........    463
NDK           -..--.---.---V-L.--R---.---------.-L-K---------------AN....-S-.........    454
92UG021.16    -..--.---.------.--G---.---------.-Q-N---T-----------VK....-N-Q........    448
92UG046.8     K..--.---.------.--G---.---------.-L-K---------------......-NTR........    457
92UG024.2     -..--.-K-.---V--.--G---.-------Q.-L-R---------------N.....TSQ.........    458
92UG038.1     K..I-.----.R----L.--E---.------N-.-L-N-T-------------IGK...-N-Q........    423
43425         -..-Q.---.--L--L.--G--Q.---------.-L-T-T-----II------N.....-N-R........    425
JY1           K..--.---.------.--G---.---------.-L-K-T-------------VN....-ST.........    471
43424E        -..-Q.---.------.--E---.-------A.-L-K-------II------N.....SSNS.........    447
UG23          R..--.---.------.--R---.-------Q.-K-T-V--------------......-T-N........    182
UG269A        -..--.---.------.--E---.---------.-I-R---------------IT....-N-.........    460
UG274A2       R..-Q.---.------.--E---.-------I.-Q-K---------------V.....-N-S...NETSS    469
SE365A2       -..--.---.-----L.--R---.---------.-V-S----------L----IH....-T-....NET..    460
CAR4020       -..--.----.R---R-.--R--Q.---------.-V-N-T-------------NTK...-G-K...ND...    497
CI132         I..--.---.---V--.--R---.---------.-I-R----------L----V.....-NHS........    189
93ZR001.3     ...I-.---.------.--G---.---------.-T-R-T-------------A.....-ST.........    459
GP120AA       -..I-.---.------.--G---.---------.-L-E-K-------------G.....ANNN......NS    444

                    *                            *  ^^^               ^^^
CONSENSUS-E   t..lP.CkI?kQiinM.wQgaGq.aMYaPPis.grinCVSNITGILLtRdGGa??...nnt?........    447
93TH966.8     I..--.---.------.-----L.--------.-------------------.....---S........    457
93TH975.15    V..--.---.------.------.---------.-K-----------------D.....--ST........    454
92TH011.5     I..--.---.------.---V--.---------.------------------D.....IDKT........    435
92TH006.5     I..--.---.---V--.C-----.---------.--------------------.....---T........    454
TN235         I..--.---.------.------.---------.----------------N---.....I--T........    461
TN239         I..--.---.------.------.-------R.----------------------.....---T........    458
TN241         -..--.---.------.------.---------.----------------------.....--PT........    419
TN242         -..#-.---#N-----.------.P------R.-K-------------------.....---N........    456
TN243         -..--.---.------.------.---------.-K-------------------.....-T-T........    463
TN244         -..--.---.------.------.---------.-T--------------------....T-NT........    425
92TH022.4     I..--.---.------.------.-------R.----------------------.....--A........    455
1643E         -..--.---.------.---V--.---------.--------------------.....S-NA........    351
93TH976.17    -..--.---.---V--.------.---------.-I-K-----------------.....--SA........    456
CM240X        -..--.---.------.---V--.---------.------------------V.....---.........    457
CARELO        -..--.-R-.---G--.---V-R.---------.ELV----------------P.....-TA.........    467
CAR4017       -..--.-R-.R--V--.--RV--.---------.-VV-----------I----......-E-H........    465
CAR4071       -..--.-R-.--V-K-.--EV--.-------D.EA------------V----KIE...-E-.........    461
CARMBA        -..--.-R-.---V--.---V--.---N--V-.-V----------------ML.....---Q........    452
```

```
                    *      CD4 |                    *  ^^^      | CD4    ^^^
CONSENSUS-F   t..Lp?CrI.kQivNm.WQeVGr.AMYAaPIa.gnItCnSnITGllLTRDGg????..n?t???.....?    419
BZ163A        -..-L.---.--M---.------.-------S.E------------------QNN...-Q-.........    446
BZ126A        -..-L.---.R-----.------.-------E.------------------QNS...-Q-.........    449
RJI03         -..--.---.------.------.--------.-----S-------------YND...-A-........Q    329
93BR020.17    -..--.---.------.------.----N---.------------------L.....-S-.........    453
93BR029.2     -..--.---.------.------.--------.-----S-------------Q.....DNQ........T    450
CA20          ...--.---.--F---.--R--Q.----P---.-Q-Q---S----------...NK..-GS.........    183
CA16          -..-L#-K-.R-F---.-----K.----P--E.-T-Q---S----I------ITTK..-E-.........    185
CA4           I..--.-K-.R-F---.--R---.----P---.-Q-Q---K-----------ENT...-GS.........    185
VI354         -..--.---.R-----.--R---.----P---.-----R-----II------SN....-EST........    188
AR16          -..-L.-K-.-----L.------.--------.-K----------------QS....-N-DTK......    190
AR18          -..--.-K-.R-----.------.--------.-----S-------------QD....-S-NQ.......    183

                    *                            *  ^^^               ^^^
CONSENSUS-G   t..Lp.CrI.KQIvrM.WQrvGq.AMYaPPiA.GnItC?SNITGLlLTRDGGn?....nnt?.......?    421
LBV217        -..--.---.------.------.--------.-----K------I------......-S-........N    465
RU511B        -..--.---.---I--.------.--------.-----R-------------G....-ES........T    411
RU570         -..--.---.------.------.--------.---I-K--------------.......--........    409
92RU131.9     -..--.---.---I--.------.--------.-----I--------------N.....-S........T    455
47621         -..--.---.------.------.--------.-I-R-E--------------.....IDN........T    412
47622         -..--.-K-.------.------.--------.---R-E-------------RN......--........    420
92UG975.10    ...--.-K-.------.------.------R-.-----K-------------Y.......--........    452
CAR4067       -..-Q.---.----K-.---T--.---N----.-----I--------------.....-S-E.......N    462
G3            -..--.-K-.------.-----x                                                  165
G9            I..--.---.------.--K--                                                   177
JP882         -..--.---.------.--K--                                                   175
JV832         -..--.-K-.------.--K--                                                   167

                    *                            *  ^^^               ^^^
CONSENSUS-H   ?..L?.CRI.KQI??M.WQR?GQ.AMYAPPI?.GKITC?SNITGLILTSDHV......N?SAE.......    134
CA13          T..-Q.---.---VS-.---A--.-------N.-----V--------------......-R--........    196
VI557         E..-P.---.---IN-.---V--.-------K.-----E--------------......-.--........    190

                    *                            *  ^^^               ^^^
CONSENSUS-O   ?..iP.CrL.rQvVRs.WmrGgS.glYAPPI?.GNLtC?SnITGMIlQlD?.pW....Nss??.....??    401
ANT70         ...L-.-K-.------.-I--Q-.-------K.-----M---------M-N.T-......--........N    461
MVP5180       ...--.-K-.--L---.--K-E-.RI-----P.-----H-----------Q.--------T........G    471
VAU           A..--.---.-----D.------.-------P.---V-R-----------T.--------KT.......HP    474
VI686         ...--.---.K-----.------.-------R.-----I-H-------M-M.--------K-.........    201
CA9           W..--.---.K-----.------.-------R.-----R-------M---R.--........---RD.....    202

                    *                            *  ^^^               ^^^
CONSENSUS-U   t..LP.C?I.kQiVrm.WQgVGQ.A?YapPIa.G?IrC?SniTGL?LTRDGGn??...n?t........?    379
CAR4081       -..--.-K-.R-----.--K---.-M-----P.-V---E------I--------.....-K-........N    458
Z3            -..--.-R-.--V--T.------.-M-----E.-T---S------L-------G#...-A-.........    458
GM4           ...--.-R-.------.--R---.-I-VF---.-N-T-T--E---L------................    285
Z1A           -..--.-K-.----N-.-------.-I------.-S-N-N-S----I----------.....-IG.........    190

                    *                            *  ^^^               ^^^
CONSENSUS-A   t..lq.CrI.kqIvnm.wQrvgq.AmYapPIq.g?irc?sNITGllLTRDGg???...nns??...????    401
AD_K124A2     -..-P.-K-.---I--.--E--R.-------E.-L-N-S-------------EN....-S-.........    466
DA_MAL        -..-P.---.---I--.--KT-K.-------A.-V-N-L------I-------.......-S-DNS......    465
AD_UG266A2    -..-P.-K-.---I-L.--G--T.-------E.-L-K-S-------------V.......--........    458
CA_ZAM184     -..-P.---.---I--.-----R.-------A.-V-K-T-----II-S----NSG...-ST........N    448
GX_VI525A2    -..--.-K-.----R-.------.-------AA-N-E-R-S----I------NN.....--T.........    475
BF_RJI01.5    -..-P.---.---I--.--K--R.-------R.-Q---S------I-I----N.......--N........    355
EA_CAR4039    -..-P.-K-.R-N---.-----K.-------S.-V-N-V-------------......S--G........    457
FB_93BR019.10 I..-P.---.------.--E--R.----A--A.-N-T-S-------------Q......-QT.........    459
FB_AR15       -..-P.---.---I-R.--E--K.---------.-Q-N-S-------------TD....-KTN........    183
CD_DI2ACD     -..-P.---.R--I--.--K--K.-------E.AL-N-S-------------V........--Q........    444

                    *                            *
CONSENSUS-CPZ I..??.CRI.?QIV??.W??V??.GIY??P?R.GN??C?S?ITG??L???????....N??.........    198
CPZGAB        -..LP.---.R---SS.-MR-GR.---AP-I-.--IT-N-N---LL-TSDTPVT....-NS.........    448
CPZANT        -..AH.---.K---NH.-GI-SK.---LA-R-.--VS-T-S---IM-E..GQIY....-ET.........    456
```

```
                ^^^                                          gp120 / gp41
CONSENSUS-A     ?netFrPgGgdmrdNWrsELYkYKvVkiePlGvaPtr.akrRVV....eREKRA??vg.lGavflgflGa    463
U455            .---------------K--------------------.------....------..--.---I-------    518
SF1703          .------T--N-------------------------P.------....Q-----..--.I----I-----    530
IBNG            .------------------------------------.------....------..--.-----------    516
Z321            .----------------------------------K.------....A-----..I-.M--F-------    525
92RW020.5       .--I------N------------------------S-.------....------..--.I----------    507
92UG031.7       G---------N--------------------------.------....------..I-.M----I-----    523
92UG037.8       ..QI----------------------R---------K.------....------V.-E.-----I----T    519
92RW009.14      .T-----------------------------------.------....------..--.-----I-----    521
D687            ET----------------------D------------.------....------..--.-----------    403
K114            ..-----T----K--------R----E-T--------.-R----....------..--.I---LF-----    272
L414            EI--------N-K-------------Q---I-------.-R----....Q-----..--.---M-I-----    260
P104            .--------------------------V---------.-R----....G-----..--.-------S---    255
PZ61            A---------------------------L---------.------....G-----..--.-----------    256
UG06            .E--------------------------------S-.-------....W-----V.-E.I-------x     267
CI211           .-----------------------------------M.------....------..--.I---L-----T    252
UG275A          .--------R---------------------------.-R----....------..--.V----------    519
UG273A          .----------------N--------Q---------P.-------....Q-----..--.-----I-----    524
VI191A          .--------------------------------S-.-------....A-----..--.-----------    523
DJ264A          .------------------------------I---H.--G---....------..--.-----F-----    515
DJ263A          .----S------------------------------.------....------..--.-----------    523
DJ258A          .--I--------------------------------.------....------..--.---F-------    517
KENYA           .S--------------------------------K.------....------..--.I----------    517
CARGAN          DT-------------------------L#---#R---.x                                  502
CARSAS          .------E--NT--------------------I----.x                                  501
CAR4054         .-D----T--N-K-------------E-K---I----.x                                  496
CAR286A         .------T-----N------------E-N--------.x                                  513
CAR4023         .--I---T-----N------------E----------.x                                  518
CAR423A         .-K----I-------------R----E----------.x                                  506
CI31            .------------------------------I----N-.------....------..--.---F-------    255
CI473           .-----------------------------------H.------....------..--.--VF-------    256
CI451           .-----------------------------------H.------....------..--.-----------    250
CI145           .-----------------------------------Y.------....------..--.-----------    255
CI3291          A---------------------------------H.------....------..--.------R----    256
CI3263          .---------G---------------R---------H.-------....Q-----..--.--VL-------    259
CI201           .S--------------------------------N-.------....------VG--.-----------    257
CI3271          .T----------------------------------H.------....------..--.I----I-----    255
CI422           .P-I--------K----------------------P.------....------..--.-----------    255
CI3301          .A--------N-K----------------------K.------....------..--.-----------    256
CA1             .-------------------------E---------P.------....------..--.-----------    255

CONSENSUS-B     ?teiFRpgGgdMrdNwRseLYkYKvvkieplGvAptk.akrRvv....qrekRa..vg?igamflGfLga    480
SF2             D--V---------------------I------I----.------....------..--IV----------    524
SF2B13          D--V----------------------------I----.------....------..--I-----------    522
LAI             ..-----------------------------------.------....------..--.---L-------    530
HXB2R           ..-----------------------------------.------....------..--.---L-------    525
NY5CG           .------------------------------------.------....------..--AL--L-------    519
NL43            ..-----------------------------------.------....------..--.---L-------    523
JRCSF           .I----------------------------------.------....------..--.---L-------    517
JRFL            ..-----------------------------------.------....------..--.---V-------    516
ALA1            N----------------------------------R.------....------..--.L--L-------    518
JH32            ..-T------N------------------L-------.------....------..--.---V-------    537
BAL1            ..-V---------------------------------.------....------..--.---V-------    523
YU2             ..-----------------------------------.------....------..--.L--L-------    512
BRVA            D---------N--------------------------.------....------..--.L--L-------    521
91US005.11      G------------------------------I----.-R----....------..--T-----------    532
91US006.10      TN-T------N-K---------------K---I----.------....------..--.---L-------    528
BZ167A          ..-T---------------------------------.------....R-----..--.---V-------    532
MA208           DN-T--------------------------------T.-----M....-----                    533
ETR             SI----------------------------------R.------....------..--.---V-------    531
BA1A            ..-V---------------------------------.------....------..--.---V-------    523
MN              ..-----------------------T----------.------....------...A.---L-------    526
QZ4589          ..-----------------------E----------.------....------..--T-----------    528
CAM1            ..-T----------------------------------.------....------..--A---L-------    525
ADA             .S----------------------------------.------....------..--T-----------    522
JFL             ..--------N-------K------------------.------....--K---..--T-----------    520
SIMI84          T--T--------------------------------.------....------..--L---L-------    525
BCSG3C          ..-T--------------------------------T.------....------..--.---L-------    528
D31             ..-T------N--------------------------.------....------..--LL--V-------    519
SF162           ..-----------------------------------.------....-------..-.TL----------    516
OYI             GI-----A----------------------------.-R----....------..--ML----------    524
SF33            .------A--N-K------------------------.------....------..--V-----------    521
CDC42           .------------------------------------.------....------..--ML----------    536
HAN             T---------N------N-------------------.------....------..--ML----------    524
```

HIV1 ENV

```
                                                          gp120 / gp41
CONSENSUS-B   ?teiFRpgGgdMrdNwRseLYkYKvvkieplGvAptk.akrRvv....qrekRa..vg?igamflGfLga    480
ENVVA         TE-----------------------------------.------....-------..--M-----------    532
RF            ..----L---N---------------R---------R.------....-------..--T-----------    534
WMJ22         RE--------N---------------R----------.------....-------..--T-----------    516
TB132         E---------N-------------------------x.------....-------..--.---ASP-----    506
92BR020.4     T-------------------------R-----I---R.------....-------..--TL----------    520
92TH014.12    T--T--------------------------------.P-----....-------..--T----------T    512
92US711.14    E--T----------------------------I----.------....-------..--.---V-------    516
91US712.4     G------------E----------------------.------....-------..--.F----------    519
92US714.1     T--V--------------------------------.-R----....-------..--T-----------    541
92US715.6     T---------N-K-------------R-----I---R.------....-------..A-.L-V--------    521
92US716.6     .N-T------N-------------------------R.------....-------..--.-----------    512
92HT593.1     G-----------------------------------.------....-------..--IV----------    542
92HT594.10    ..-T--------------------------------R.------....-------..--AL----------    516
92HT596.4     E--T--------------------------------.--K---....-------..--VL----------    523
92HT599.24    DN-T--------K-------------------------.--S---....-------..--VL------L---    533
91HT651.11    E--T--------------------------------.------....-------..--TL----------    517
RJS           D--T--------------------------------.------....-------..--V-----------    522
GUN           N----------------------------I------.------....-------..--T--V--------    487
SC            N-----------------------------------.------....-------..--T-----------    523
SBA           ..------------------------R-----I----.------....-------..--.-----------    267
SBB           .------A-----------------IQ----------.------....-------..--.---VLF-----    277
SBC           ..----------------------------------.------....-------..--.---V-------    265
92BR014.1     .E----------------------------------R.------....---R--..--AL----------    523
92TH026.6     ..----------K-----K-----------------R.------....-------..--T-----------    512
92BR021.6     AN-T----------------------R----------.------....-G----..--T-----------    525
ACH9          D--T--------------------------------R.------....-------..--T----------     484
ACP1          NI-T------N-------------------------R.------....-------..I-T---L------     473
JM            K--T------N-K-----------------------R.------....-------..-T.M--L------     511
WM            D-----------------------------------R.------....-------..--.L---------     490
CAN0A         G---------                                                                 206
P896          E-------------------------R---I-----R.----T-....-------..--.---V-------    522
CI223         .--T---------E----------------------.------....-------..--.L--L-I-----    253
49L1R         G--T-----x                                                                 365
VE1           E--T----------------------------------.------....-----                     475
VE2           G--T----------------------------------.------....-----                     478
VE3           .N-T---------------------I----------T.------....-----                     451
VE4           G-A------------R----------------I----.------....-----                     495
VE5           Q---------A-------R-------------I--S-.------....-----                     479
VE6           .N-T------N-K-----------------------.------....-----                     489
VE7           .--T---V--N-K-------------Q--------N-.------....-----                     482
VE8           .N-T------N-K-----------------------.------....-----                     480
68A           N------------------------------L----.------....-------..--.--VL-------    526
HEI3BL                                            -.------....-------..--T-----------     27
HEI4BL                                            -.------....-------..--.---L-------     26
HEI20BL                                           -.------....-------..-T.L----------     26
HEI22BL                                           -.-R----....-------..--.---LL------     26
HEI27BL                                           -.------....-------..--.-----------     26
HEI28BL                                           -.------....-------..--MGA-F-------     27
RJSP3         ES----------KG------------------I----.-R----.....--Q---..--TL----------    422
US1           E--V--------------------------------.------....-----T..--.-----------    527
US2           G-----------------------------I----.------....-------..--.L----------    521
US3           R-------------------------R---------R.------....-------..--T-----------    528
US4           D--T------N-K-------------R---------Q.P-----....-------..--.L--L-I-----    541
8020          A--T------E-------------------------R.------....-------                    502
17305         N------A--------------------V--------.-R----....-----                     487
24612         A---------N---------------R-----I-S-R.------....-----                     480
26807         T-------------------------R----------.-N----....K----                     498
27290         TE--------N-K-------------R----------.------....-----                     492
27481         .-------------------------R---------R.------....-----                     480
4995          .N-T-----------------------V---------.------....-----                     480
CM237X        T--T--------------V-----I------------.------....-------..--T-----------    481
91HT652.11    ..-T-----------------R----R----------.------....-------..--TL----------    522
92UG005       HN-T----------------------R-----L----.-------....E------..I-.L--L------T    249
3202A12       G-----------K-----------------------R.------....-------..--.---L-----A-    529
3202A21       G-----------K-----------------------R.------....-------..--.---L-------    525
MANC          T--T------N----------------V----I----.------....-------..--ML----------    530
WEAU160       .----------N-K----------------------.------....-------..--ML----------    528
SAL1          .--V--------------------------------.------....R-----..--.---LL------    521
```

```
                                                        gp120 / gp41
CONSENSUS-C   ??EtFrPgGgdMrdNWRseLYKYKVVeikPlGvaPT?.akRRvV??..ereKRA.?vg?igAvfLGFLGa    470
93MW959.18    .T----------------------------------K.------....------..--.-----------    515
93MW960.3     ..---------------------------------E.------....------..--.-----------    511
93MW965.26    .T----------K-----------------------G.-N----....------..--.-----------    513
92BR025.9     ..-I---E------------------------I---K.------....------..--.-----------    517
UG268A2       ..-------------------------V--------K.------....------..--.-----------    518
SM145A        ..-R----------------------------I---G.------....------..--.-----------    523
D757          ..-----------N----------------------T.------....------..--.-----------    403
D747          ..--------E-------------------------T.------....------..--.-----------    450
D760          ..-I-S------------------------------T.------....------..--.L----------    456
D1044         ..-I---------N----------------------T.P-----....------..--.-----------    399
NOF           ..-I------N-K----N--------------I---G.S-----....------..--.----L------    394
SH750         ..-I--------------------------------G.------....------..--IV---L-----T    406
DLU           ..--------------------------------I---K.------.....----..--.-----------    398
D1024         ..-----------N----------------------A.------....------..--.-----------    509
D744          ..-I---------N----------------------A.------.....--G---..--.L----------    414
D766          ET-----------------------------I---A.------....------..--.L----------    396
D808          ..-----------N----------------------T.------....------..--.-----------    410
D868          ..-I---------N------------------V--T.------....------..--.M----------    406
ZAM18A        NT-----------------------------I---A.------E...T-----..--.-----------    519
ZAM20A        RN-----------------------------I---G.P-----EK..QI----..--.-----------    545
Z8A1          .N-----I------------------K-E-------R.-R--A-....Q-----.I--.M--M-------    253
DJ259A        EG-I--------------------------V-I---K.------....G------...A.L--M-------    501
DJ373A        ..-----------------------------L---K.------...------...A.LA---------    512
SE364A        ..-I---------------------------I---K.------....------..--.-----------    510
U0GOM         ..----------------Q-----------------K.------....------..--.-----------    401
BOOYD         ..--------AN-K----------------------E.------....------..--.-----------    404

               ^^^
CONSENSUS-D   ?netfRPGGGdmrDNwRsELYKYKVvriePlGvAPT?.akrRVV....eREkRA..IG.LGamFLGFlGa    465
ELI           .--------------------------Q---------R.------....------..--.-----------    521
Z2Z6          .--------------------------K---------R.------....------..--.-----------    522
Z6            .--------------------------K---------K.------....------..--.-----------    524
NDK           .H--I---------------------K---I-----K.-R----....------..--.---V-------    515
92UG021.16    .----------------N--------------L---K.-R----....------..--.---L-------    509
92UG046.8     Q------------------------------L---E.------....------..--.-----------    519
92UG024.2     .------------------------IK-----L---R.-------....A-----..--.---V-------    519
92UG038.1     N-D----------------------------I---M.------....-----                     471
43425         ..-------------------------K---------R.-------....G----                  471
JY1           .-----------K----N--------------I---R.------....------..--.---V-------    532
43424E        .S-------------------------K---------K.------....-----                   494
UG23          .--------------R----------K---------K.T-----....---E--..--.--------x     241
UG269A        .---------N---------------------L---T.------....------..--.---L-------    521
UG274A2       K--I----------------------------R---R.------....------..--.---L------T    531
SE365A2       ..--------------------------L--------T.-------....K-----..--.--V--------    520
CAR4020       .I-I-----------------------K---I---R.x                                    534
CI132         .----------I---------------L--------R.------....------..--.-----------    250
93ZR001.3     .---------N---------------K---------R.------....------..--.---V------V    520
GP120AA       H------------------------------I---T.--G---....------..--.---             498

               ^^^
CONSENSUS-E   ?nETFRPGGGNiKDNwRseLYKYKVVQIEPLGiAPTR.aKRRVV....EREKRA..Vg.IGAMifGFLGA    508
93TH966.8     .-----------------------------------.------....------..--.-----------    518
93TH975.15    T----------------------------------.------....------..--.-----------    516
92TH011.5     .-----------------------------------.------....------..--.-----------    496
92TH006.5     .-----------------------------------.------....------..--.-----------    515
TN235         .--------------$--K------------------.------....-------..-E.-----------    521
TN239         .-----------------------------------.P-----....------..--.-----------    519
TN241         .-----------------------------------.------....------..--.----FL-----    480
TN242         .S----------------------------------.P-----....------..--.-----------    517
TN243         .-----------------------------------.------....------..--.-----------    524
TN244         N----------------N--------------V----.------....------..--.----FL-----    487
92TH022.4     .-----------------------------------.------....------..--.-----------    516
1643E         SS-                                                                       354
93TH976.17    .S----------------------------------.------....------..--.-----------    517
CM240X        D----------------------------------.------....------..--.-----------    519
CARELO        .----------M-------------------------.x                                   504
CAR4017       E------------------------------V----.x                                   503
CAR4071       .I---------M-------------------------.x                                   498
CARMBA        .----------------N------------------.x                                   489
```

```
                                                                gp120 / gp41
CONSENSUS-F   ??etfRPGGGnMkDnWRSeLYKYKVVeIePLGvAPTr.AkRqVV....kRekRA??VG.?GAlflGfLga    478
BZ163A        ..--------D---Y---V------------------.------....R-----..---.M--------S-    506
BZ126A        ..-----------------------------------.------...------V.--.I--------S-    510
RJI03         TT-----------------------------I---K.------...------..--.I------#---    390
93BR020.17    .N---------------------------------K.------...---R--..--.L----------    514
93BR029.2     .E---------------------------------.------...------..--.M----------    511
CA20          ..--L-----D-R-------------K----------.------...---R--..--.I--V-------    243
CA16          ..D-L----------------------K---------N.-T-R--...------..--.L--V-I-----    245
CA4           ..--L-----D-R-------------R---------K.------....Q-G---..--.I--VLF-----    245
VI354         .N--------D-R-------------K----------.-R-R--....E-----.I--.V--V------V    250
AR16          RT----------R------------------------.------...------..--.M----------    252
AR18          .T-I---------------------------------.------....R-----..--.M----------    244

               ^^^
CONSENSUS-G   ?nETFRPgGGDMrDNWRSELYKYKVvkIkpLGvApTr.aRRRVV....GREKRA..vg.?GAVflGFLGA    481
LBV217        G------A-----------------I----------K.------...-------..I..T----------    526
RU511B        .-------------------------R----------                                    447
RU570         .-----------G------------AR-------L--                                    445
92RU131.9     N-------------------------R----------.------...------..--.L----------    517
47621         .-------------------------E-                                             439
47622         .-------------------------I--NH                                          449
92UG975.10    .------A----K------------------------.------...------..--.V---LF-----    513
CAR4067       RT-----------------------I------I----.x                                   500

CONSENSUS-H   ??VTFRPGGGDMRDNWRSELYKYKVV??EPLG?APT?.A?RRVV....?REKRA..VG.L?AVFLGFLGA    187
CA13          .E------------------------KI----V---K.-K----....G-----..--.-G---------    257
VI557         SN------------------------RV----L---R.-R----....E-----..--.-E---------    252

               ^^^
CONSENSUS-O   ?n?TlRP?GGDMkDIWRTeLfkYKVVrvKPFSVAPTkiaRP?Igt?t?HREKRA..vG.LgMLFLGvLSA    462
ANT70         N-V-F--I-------------N--------------R----V-S-R-.------..--.-----------    527
MVP5180       E-.----V----------K-YN----QI---------MS--I-NIH-P------..--.-----------    537
VAU           NST----G----------Q----------------------T---RS.-------..A-.-A-----I---    540
VI686         .-T-F--V--------------------------------V---G-.------..--.-----------    266
CA9           .-.----A----R-------------K--------------T---A-P------..--.-----------    267

CONSENSUS-U   ??ETFRPgGGdmrDNWRSELYkYKVVkiePLGVAPTr.??RRVV....?REKRA.?VG.MGA?FLGFLGA    435
CAR4081       NT-----------------------------------.x                                   496
Z3            QN----------K-----------------------.AK----....E-----..--.---L-------    520
GM4           .T-----T--NI---------R----ELK-------K                                    321
Z1A           DN-----I-----------------------------.#R----....Q-----.I--.---M-------    252

               ^^^
CONSENSUS-A   ?netFrPgGgdmrdNWrsELYkYKvVkiePlGvaPtr.akrRVV....eREKRA??vg.lGavflgflGa    462
AD_K124A2     Q------------------------------L---S.------...-------..I-.---M-------    528
DA_MAL        D---L-----------I---------R---------K.------...-------..I-.---M-------    527
AD_UG266A2    Q-----------------------IRL----L----.------...-------..I-.-----------    520
CA_ZAM184     GT-------------------------L--------K.PR----...-------..--.-----------    510
GX_VI525A2    .------------G--------------KS-------.-R----...-------..I-.-----------    536
BF_RJI01.5    ES-I---------------------A-----------.-R----....Q-----..--.I--M-------    417
EA_CAR4039    EP-----------------------Q---I-------.x                                   495
FB_93BR019.10 .E-I------N-K-------------E---------K.---Q--....K-----..--.I--L-------    520
FB_AR15       NT-------E----------------------I---K.-------....Q-----..--TI---------T    246
CD_DI2ACD     .E-I---------------------IR---I-L----.------                              486

CONSENSUS-CPZ ??????P??????D?WR?EL??Y?VV?I?PLSVAPT???R???????.?RQKR?.??G.?G??FLG?L?A    227
CPZGAB        GNLTFR-TGGNMK-I--S--YK-K--R-E-------KAR-HTVARQK.D----A.AF-.L-AL---F-G-    515
CPZANT        ..VKVS-.AARVA-Q--A--SR-Q--E-x-------TxK-PEIKQH..S----G..I-.I-LF---L-S-    518
```

```
CONSENSUS-A   AGSTmGAaSiTLTvQarqLlSGIVqqQsNllrAIeaQqhlLkLTVWGIKQLQARvLAvErYLrD.QQLLG    532
U455          ------------------------------------------------------------Q-.-----    587
SF1703        ------------------------------------------------------------K-.-----    599
IBNG          -------R-----------------------K-------------------------L------.-----    585
Z321          -----------------R---------N--------------------------I-------K-.-----    594
92RW020.5     -------------A-------------------------M----------------------K-.-----    576
92UG031.7     ----------------------------------------R---------------L------.-----    592
92UG037.8     ---------------V-K-----------------------------------------------.-----    588
92RW009.14    --------------------------------------------------                      570
D687          ------------------------------M-------------------------L----K-.-----    472
K114          ------------------------------K-------M---                              315
L414          -------------A--K--------$------------Q-                                 299
P104          ----------------------------------------                                 295
PZ61          ---------------R-------------SQx                                         288
CI211         ---------------------------------------------                            296
UG275A        ------------------------------K--------------------------------.-----    588
UG273A        ------------------------------------------------------L---------.-----    593
VI191A        ---------L---------------------------H---Q---------------L------.-----    592
DJ264A        ------------------------------------------------------------L------.-----    584
DJ263A        ------------------------------------------------------------L-S----.-----    592
DJ258A        ------------------------------------------------------------L-S----.-----    586
KENYA         ------------------------------------------------------------------.-----    586
CI31          ---------------------------------------------                            299
CI473         ---------------------------------------------                            300
CI451         ---------------------------------------------                            294
CI145         ---------------------------------------------                            299
CI3291        ----I---------------------------------Q--R--                             300
CI3263        -------------------M---------------D---M-R--                             303
CI201         ---------L-----------------------------------                            301
CI3271        ---------------------------------------------                            299
CI422         -----------------------------------K---Q-----                            299
CI3301        -------------A------------------------Q--R--                             300
CA1           ------------------------R--D---K------------                            299

CONSENSUS-B   AGSTMgaas?tLtVqaRqllsgiVqQQnNLLrAIeaqqhllqLTVWGIKQLQaRvLAvErylkD?qQLlg    548
SF2           -------V-L-----------------------------------------------------R-.-----    593
SF2B13        -------R-M-------K---------------------------------------------R-.-----    591
LAI           -------R-M---------------------------------------------I---------.-----    599
HXB2R         ---------M---------------------------------------------I---------.-----    594
NY5CG         ---------MA----T---M-----------K---------------------------------.----R    588
NL43          ------CT-M-----------D---------------------------------I---------.-----    592
JRCSF         -------R-M-----------------------------M------------------------.---M-    586
JRFL          ---------M-------L--------------------RM----------------------G-.-----    585
ALA1          -------R-M-----------------------------------------------------R-.----E    587
JH32          -------.-M-------L-----------------G------------------I---------.-----    605
BAL1          --------AM-------L---------------------------------------------R-.-----    592
YU2           ---------I-----------------------------------------------------R-.-----    581
BRVA          ---------L-------L-------------M-------M-E----------------------.-----    590
91US005.11    ---------VA----------------------------M----------------------R-.-----    601
91US006.10    ---------V-------L---------------------------------------------Q-.-----    597
BZ167A        ---------L---------------------------------------------x                  587
ETR           --------AV----------P-------------D------------------------------.---M-    600
BA1A          ---------M-------L---------------------------------------------R-.-----    592
MN            ---------V-------L---------------------M------------------------.-----    595
QZ4589        ---------L-------L---------------------------------------------R-.-----    597
CAM1          -------VAL-----T-------------------------------------------------.-----    594
ADA           ---------I-------L---------------------------------------L----R-.-----    591
JFL           ---------M-------L---------------------------------------------Q-.-----    589
SIMI84        ---------M-----------------S-----------------------------------.-----    594
BCSG3C        ---------M-----------------------------------------------------.-----    597
D31           -------R-MA-----------------------------------------------------R-.-----    588
SF162         -------R-L-----------------------------------------------------.-----    585
OYI           -------R-M-----------------------------------------------------.-----    593
SF33          ---------I-------K---------------------------------------------R-.-----    590
CDC42         -------T-MA-----------------------K-------------------I---------.-----    605
HAN           -------R-L-----------------------------------------------------R-.-----    593
```

HIV1 ENV

```
CONSENSUS-B   AGSTMgaas?tLtVqaRqllsgiVqQQnNLLrAIeaqqhllqLTVWGIKQLQaRvLAvErylkD?qQLlg    548
ENVVA         ---------L-------------------------------------------------------.-----    601
RF            -------G-I-------H-----------------------------------------------R-.-----    603
WMJ22         -------G-L------------------------D---------------------------R-.-----    585
TB132         -----x--PT-----P-----------------------------------------------.-----    575
92BR020.4     ---------VA----------------------------M----------------------G-.-----    589
92TH014.12    ---------I-----------------R-----------------------------------.-----    581
92US711.14    --------AM-------L--T----------K--------------------------------.-----    585
91US712.4     ---------M-------L---------S-----------------------------------.-----    588
92US714.1     ---------L-------L-----------------------------------------------R-.-----    610
92US715.6     ---------IA----------------------------M----------------------R-.-----    590
92US716.6     ---------L-------L-----------------------------------------------.-----    581
92HT593.1     ---------M-------L-----------------------------------------------.-----    611
92HT594.10    ---------M-----------------------------------------------I---------.-----    585
92HT596.4     ---------M-----------------------------------------------I--M------.-----    592
92HT599.24    ---------M-----------------------------S-----------------------.-----    602
91HT651.11    ---------M-------L-----------------------------------------------.R----    586
RJS           ---------MA----------------------------------------------------.-----    591
GUN           ---------I------------------------K----------------------I--F-R-.-----    556
SC            -------T-M-------L-----------------------------------------------R-.-----    592
SBA           ---------I-------L-----------------------------------------------R-.-----    336
SBB           ---------L-----------------------------------------------L------.-----    346
SBC           ---------I-------L-----------------------------------------------R-.-----    334
92BR014.1     ---------L---------------------K-----------------                          572
92TH026.6     ---------I--M--------------R---------------------                          561
92BR021.6     -------R-I----PL-RIR-Cx                                                    548
P896          -------R-V-------L---------------------M-----------------L----R-.---M-    591
CI223         -------V-V-------L-------------------------                                297
68A           --------AV-----------------------------------------------I---------.-----    595
HEI3BL        ---------M-------L-----------------------------------------------.-----     96
HEI4BL        ---------M-----------------------------------------------------.-----     95
HEI20BL       ---------I-----------------------------M------------------------.-----     95
HEI22BL       ---------L-----------------------------M------------------------.-----     95
HEI27BL       ---------V-------L-----------------------------------------------.-----     95
HEI28BL       ---------L-------L------------------HE----------------I---------.-----     96
RJSP3         --                                                                         424
US1           ---------L-------------------------------------------------------#-----    596
US2           ---------I-------------------------------------------------------.-----    590
US3           ---------M-------L---------------------M----------------------.-----    597
US4           ---------V-------------------------P----------------P-I---------.-----    610
CM237X        ---------I-----------------R-----------------------------------.-----    550
91HT652.11    ---------MA----------------------------------------------P--.R----    591
92UG005       ---------L-------KV-----------------------------------------S----.-----    318
3202A12       -------R-I-----------------------------------------------M------.-----    598
3202A21       ---------I-------------------------------------------------------.-----    594
MANC          -------R-I-------------------------------------------------------Q-.-----    599
WEAU160       ---------M-------L----------------------FE----------------------.-----    597
SAL1          -----                                                                      526
```

```
CONSENSUS-C   AGsTmgaaSitlTvqarQlLsGIVQqqsNLLrAIEaqqhmLQLTvWGIKQLqtRVLAiERYLkd.QqlLG    539
93MW959.18    ---------V----------F----------------H-L------------------------.-----    584
93MW960.3     -----------------------------------R---------------A---------Q-.-----    580
93MW965.26    ----------------------------------------------------A---------R-.-----    582
92BR025.9     ------------------------------------------------------------------.-----    586
UG268A2       ---------------------------N-----------------------------------Q-.-----    587
SM145A        ------------------------------------------------RA---------E-.-----    592
D757          ---------M----------------------------L------------------------.-----    472
D747          ---------M-V--------------------------L----I-------A----------E.-----    519
D760          --------------------------------------L------------------------.-----    525
D1044         --------------PLx                                                        416
NOF           -----A-------------------------------------------------------------.-x    460
SH750         ----------A--A----V-------------------------------------------.--x      473
DLU           ----I--------------------HE-------------------------------------.--x      465
D1024         --------------                                                           523
D744          ----                                                                     418
D766          ----                                                                     400
D808          --------------                                                           424
D868          --T-                                                                     410
ZAM18A        -------------A----V--------------------L-----------------M------.-----    588
ZAM20A        ---------L--------V--------------------I------------A-----------.-----    614
Z8A1          ------#L------##----------------------x                                  289
DJ259A        ------------------------------------------------------------------.-----    570
DJ373A        ------------------------------K---VH---------------------------.-----    581
SE364A        ------------------------------------------------------------------.-----    579
U0GOM         ------------------------------K--------------------A-----------.--x      468
BOOYD         ---------V----------------------------------------------------.--x      471

CONSENSUS-D   AGSTMGAaS?tLTvqARqllSGIVqQQNNLLRAIeAQQHlLQLTVWGIKQLQARvLAVErYLkD.QQLLG    533
ELI           -------R-V---------M---------------------------------I---------.-----    590
Z2Z6          -------R-L-----------------------------------------I---------.-----    591
Z6            ---------V---------M---------------------------------I---------.-----    593
NDK           ---------V---------M----H-------------------------------------R-.-----    584
92UG021.16    ---------L----------------------------------------------S----.-----    578
92UG046.8     ---------M----x                                                          534
92UG024.2     ---------L---------M---------------------------------------S----.-----    588
JY1           -------V-VA--G------------------------M-------------------S----.-----    601
UG269A        ---------L--------V-----------------------------------------S--G-.-----    590
UG274A2       ---------M--------V---------------K-------------------I---------.-----    600
SE365A2       ---------MA-----------------------------------------I-------R-.-----    589
CI132         ---------M-------L--------------------------                             294
93ZR001.3     ---------V--------V-------------------------------------------Q-.-----    589

CONSENSUS-E   agstmGAaSITLTVqARQLlSGIVQQqSNLLrAiEAQQHlLQLTVWGikQLQARVlAVERYLKD.QKflG    577
93TH966.8     -------------------V-------------------------------------------.-----    587
93TH975.15    ------------------------------------------------------------------.-----    585
92TH011.5     -------P------x                                                          511
92TH006.5     ------------------------------------------------------------------.-----    584
TN235         ------------------------------------------------------------------.-----    590
TN239         ------------------------------------------------------------------.-----    588
TN241         $SF$x                                                                    483
TN242         ------------------------------K--------------------------------.-----    586
TN243         --------------------------x------x-------------xx------x--------.--Lx-    593
TN244         $SF$x                                                                    490
92TH022.4     --------------------------------------M------------------------.-----    585
93TH976.17    ------------------------------------------------------------------.-----    586
CM240X        ------------------------------------------------------------------.-----    588
```

```
CONSENSUS-F   AGStMGAASITLTvQArQLlSgIVQQQnNLLrAIeAQQHLLQLTVWGIkQLQARvLAVERYL?D.QQLLG   546
BZ163A        ---------------------------S----------------------------------Q-.-----   575
BZ126A        ---------------------E--------------------------------------Q-.-----   579
RJI03         ---x                                                                     394
93BR020.17    ---------------------------S----------------------------------K-.-----   583
93BR029.2     -------------A-----------------------------------T-----I-------K-.-----   580
CA20          ---------------------------S---K------------                             287
CA16          ----------------K--M-----------K------------                             289
CA4           -------------------------------K------------                             289
VI354         ---------------------------S---K------------                             294
AR16          ------------------------------------------                                296
AR18          ------------------------------------------                                288

CONSENSUS-G   AGSTmGAASitLTVQVRQLLSGIVQQQsNLLRAIEAQQHLLQLTVWGIKQLQARVLAvErYL?D.QQLLG   549
LBV217        ---------LA----------------N----------------------------------Q-.-----   595
92RU131.9     ----T-------------------------------------------------------K--K-.-----   586
92UG975.10    -------------------------------------------------------L----R-.-----   582

CONSENSUS-H   AGSTMGAAS?TLTVQARQLLSGIVQQQSNLL?AI?AQQH?LKLT                             227
CA13          ---------I---------------------R--E----L----                             301
VI557         ---------V---------------------Q--Q----M----                             296

CONSENSUS-O   AGSTMGAAATaLtVqthtl?KGIVQQQDNLLRAIQAQQ?LLRlSvWGIRQLRARLlALETliQN.QQlLn   529
ANT70         ----------T-A------L------------------Q-----x----------------L--.----S   596
MVP5180       --------------R--SVL------------------H----------------Q--------.--R--   606
VAU           --------------R-QH-I------------------H---P-----------------F---.-----   609
VI686         ----------------A---I------------------Q-----                            310
CA9           ----------T-A------M------------------E-----                            311

CONSENSUS-U   AGSTMG??S??LT?QARQL?S??VQQQNNLLRAIEAQQHLLQLTVWGIKQLQARVLAVERYLES.QQLLG   496
Z3            ------AA-MA--A-----L-GI-----------------------------------------.-----   589
Z1A           ------#T-IT--V-----#-SS                                                  273

CONSENSUS-A   AGSTmGAaSiTLtvQarqLlSGIVqqQsNllrAIeaQqhlLkLTVWGIKQLQARvLAvErYLrD.QQLLG   531
AD_K124A2     ---------M---------M-------N------D------Q-----------------S--K-.-----   597
DA_MAL        ---------L-----------------N-------------Q--------------------Q-.-R---   596
AD_UG266A2    ---------L-------L---------N---M---------Q-----------------S--K-.-----   589
CA_ZAM184     ------------------------------K----------------------A--M----Q-.-----   579
GX_VI525A2    ---------------V------------------------Q------------------F-K-.--P--   605
BF_RJI01.5    #---$x                                                                   421
FB_93BR019.10 ---------------------------N---K---------Q--------------------K-.-----   589
FB_AR15       --------AM-----------------N-----------M-Q--                             290

CONSENSUS-CPZ AGSTMGAA???LT?Q?R?L??GIVQQQ?NLL?AIE?QQHLLQLS?WGVKQLQAR?LAVE?YL?D.QQ?L?   279
CPZGAB        --------AVT--V-A-Q-LS------N---K---A--------I---------L----R--Q-.--I-G   584
CPZANT        --------SIA--A-T-N-xH------A---Q---T--------V---------M----K--R-.--L-S   587
```

```
                 *     *      ^^^            ^^^      ^^^         ^^^
CONSENSUS-A   IWGCSGKlICtTnVPWNsSW.........S.Nks??dIWdnMTWlqWdKEisnYT?iIY?.LiEesqnqQ    587
U455          ------------T-------.........-.---QE---N-------E----S--G---Q.---------    646
SF1703        ---------------------........-.-RTQSE--N---------------D---N.------I--    658
IBNG          ------------T-------.........-.--TFN--------I--E-------D---N.-------R-    644
Z321          -------I--P---------.........-.---QS----K----E----V----QV--N.------T--    653
92RW020.5     ---------------------........-.---MNE-----------------Q---N.---------    635
92UG031.7     ---------------------........-.---YSE--------------N---EL--S.---D-----    651
92UG037.8     ---------------------........-.---ERE--E---------------H---E.------K--    647
D687          ------------T-------.........-.--TYS-------------------K---A.-----A---    531
UG275A        ---------------------........-.---QS---------------N---EL--R.-L-------    647
UG273A        ------------T-------.........-.---QSE------------------N---D.----A----    652
VI191A        ----------P------Y--........-.---YD---N-----------D---QL--G.---------    651
DJ264A        ------------T----A--........-.--TYN---E---------------D---N.---------    643
DJ263A        ---------------------........-.--TYN--------------V----D---N.---------    651
DJ258A        ------------T-------.........-.--TFN------------------D---T.---------    645
KENYA         -------I------------........-.---QSE--E---------------D---N.-L-------    645

                 *     *      ^^^            ^^^      ^^^         ^^^
CONSENSUS-B   iwgCSGkliCtTaVpWNasW.........S?nksl??Iw?nmTwmeWerEidnYT?lIyt.LieesQnQQ    603
SF2           ---------------------........-.----ED--D-----Q---------NT---.-L-------    652
SF2B13        -----------------T--........-.---MED--D-----Q--K------NT---.-L-------    650
LAI           ---------------------........-.----EQ--N-------D---N---S--HS.---------    658
HXB2R         ---------------------........-.----EQ--NHT-----D---N---S--HS.---------    653
NY5CG         ------------T-------.........-.----DK--D---------------G----.------I--    647
NL43          ---------------------........-.----EQ--N-------D---N---S--HS.---------    651
JRCSF         -----------------T--........-.----DS--N--------K--E---NT---.------I--    645
JRFL          ---------------------........-.----DR--N---------------SE---.---------    644
ALA1          ------------T-------.........-.----NQ--D---------------S----.---------    646
JH32          ---------------------........-.----EE--D---------------S----.---------    664
BAL1          ---------------------........-.----NK--D----I--D---N---SI--S.---------    651
YU2           ------------T----T--........-.----NE--D-----K---------HI--S.---Q-----    640
BRVA          ---------------------........-.----SD--D---------------N---S.---D--I--    649
91US005.11    ------------T-------.........-.----GA--D----VQ---------G----.-L-NA----    660
91US006.10    ---------------------........-.----NQ--D---C-----------G----.---------    656
ETR           -------F---------T--........-.---FNE--D-----------N---N---N.---------    659
BA1A          ---------------------........-.----NK--D-------D---N---SI--S.---------    651
MN            F-----------T-------.........-.----DD--N-----Q---------S---S.-L-K--T--    654
QZ4589        ------------T----T--........-.S-N-SD--D-------D---N---KF---.-L-------    656
CAM1          ---------------------........-.----DK--N---------------N----.---------    653
ADA           ---------------------........-.--T-DM--D-----------E---G----.---------    650
JFL           ------------T-------.........-.----DE-$N-----Q-----S---S----.---------    647
SIMI84        --------V---T-------.........-.----NQ--D---------------G---R.---------    653
BCSG3C        ---------------------........-.----NQ--D-----Q-----E---D---N.---------    656
D31           ---------------------........-.---MDM--N---------------S----.---------    647
SF162         ---------------------........-.----DQ--N---------------N----.---------    644
OYI           ------------T-------.........-.----NE--D-----Q---------H----.---------    652
SF33          ------------T----T--........-.----DK--N---------------S----.-L-------    649
CDC42         F--------------------........-.--T-DQ--N-------D-------H----.---------    664
HAN           ------------T-------.........-.--T-DQ--N---------------S----.---Q-----    652
```

HIV1 ENV

```
                    *     *      ^^^             ^^^      ^^^         ^^^
CONSENSUS-B   iwgCSGkliCtTaVpWNasW.........S?nksl??Iw?nmTwmeWerEidnYT?lIyt.LieesQnQQ    603
ENVVA         ----------------------.........-.----DT--N-----Q--K------G----.---------    660
RF            ------------T-------.........-.----NM--N-----Q---------GI--N.-L-------    662
WMJ22         ------------T-------.........-.---MNQ--D-L-------------SI--S.---------    644
TB132         ------------T-------.........-.----DE--N-----------N---G----.------x--    634
92BR020.4     ------------T----T--.........-.----DD--T-------K-------S----.------R--    648
92TH014.12    ----------------------.........-.----DK--N---------------RE---.---------    640
92US711.14    ------------T----T--.........-.----DK--G---------------G----.---------    644
91US712.4     ------------N----KT-.........-.----DQ--Q-----Q------K--DV---.--G------    647
92US714.1     -----------------T--.........-.--N-TQ--D-----Q--K------N----.-L-------    669
92US715.6     ------------T-------.........-.---HDQ--Q-----Q--K------S---N.---V-----    649
92US716.6     ------------T----T--.........-.----DQ--G-----Q---------G----.---------    640
92HT593.1     ------------T----T--.........-.----SE--D-----Q---------S----.---------    670
92HT594.10    -----------------T--.........-.----EK--N---------------G---S.---------    644
92HT596.4     -----------------T--.........-.----EK--N---------------G---S.--G------    651
92HT599.24    ----------P---------------.....-.-R--QY--N----I----------DI--S.---K-----    661
91HT651.11    -------P----S----S--.........-.----EQ--N----L----------S---S.--K------    645
RJS           -----------------T--.........-.----EE--D-----------N---G----.---Q-----    650
GUN           ------------T----T--.........-.----KQ--D-L-------------GI-FN.----A----    615
SC            ------------T----T--.........-.----DK--G---------------S----.---------    651
SBA           ----------------------.........-.----DQ--D-----Q-----E---S---N.---------    395
SBB           ----------------------.........-.----ND--D-----Q-D---NK--DS--Q.---------    405
SBC           -----------------S--.........-.----DQ--N-----Q-----E---S---N.---------    393
P896          ------------S----V--.........-.---VDD--N---------------DY--D.-L-K--T--    650
68A           ------------T-------------------.----DM--N---------------G---N.---Q-----    654
HEI3BL        ------R-------------------------.--T-NE--D-------D---H---S----.---------    155
HEI4BL        ------------T----T--.........-.----NQ--N---------------D---S.---------    154
HEI20BL       ------R-------------------------.----DQ--N-----------E---S----.---Q-----    154
HEI22BL       ------------N----T--.........-.-R--ND--G-L--LQ-D---N---NI---.-L-Q-----    154
HEI27BL       ------------T----T--.........-.----NQ--D-----Q---------S----.---------    154
HEI28BL       ------------T-------------------.----DK--N-------D---N---S----.---Q-----    155
US1           -----------------D--.........-.--TMDQ--N-----D--K------S---N.---------    655
US2           -----------------T--.........-.----DQ--D---------------NT---.-L----L--    649
US3           ------------T----T--.........-.----DK--D-------D---N---T----.-L-------    656
US4           ------------T----S--.........-.----TE--D-----------G---G---N.---IA----    669
CM237X        -----------------N--.........-.----DK--N---------------RE---.---------    609
91HT652.11    ------------S----S--.........-.----EQ--N----L----------S---S.------S--    650
92UG005       --R----H----N-R--S--.........-.----EE--N---------------GI--N.-L----L--    377
3202A12       -----------------T--.........-.----DE--D-----Q------S--NT--D.--A------    657
3202A21       ----------------------.........-.----DK--N-------D--VS---S----.---------    653
MANC          -----------------S--.........-.----EQ--G-----Q--K--N---G----.--Q------    658
WEAU160       ------------T-------------------.-R-QDY--N-----------N---G---N.---------    656
```

```
                   *     *      ^^^            ^^^      ^^^         ^^^
CONSENSUS-C   iWGcSGKLICTTaVpWNsSW.........s.Nksq?dIWdNmTWmqWdrEIsNYtdtIYr?LLEdSQnQQ    597
93MW959.18    --------------A-----.........-.----S---------E----------I--K.---------    643
93MW960.3     L-----------T------.........-.---KT-----------------------K.---------    639
93MW965.26    M--------------------.........-.--TYN---N--------------------.---------    641
92BR025.9     ------------T-------.........-.-R--E---N---------------N----#---------    645
UG268A2       ---------------------.........-.---LG------------------G----.---------    646
SM145A        ---------------------.........-.-RT-EE--E-L------K-----------.---V-----    651
D757          ---R--------N-------.........-.-R--T------------------------.---------    531
D747          ------------T-------.........-.-R--T------------------E----.---------    578
D760          M--------------------.........-.-R--T------------------N----.---------    584
ZAM18A        --------------S-----.........-.----T------------------------.---E--I--    647
ZAM20A        ---------------------.........T.--TYEY--N-------EK-----S----K.------T--    673
DJ259A        ------------N----A--.........-.-R--KE-------I--E---N---GL--G.---------    629
DJ373A        ---------------------.........-.----EE--------------N---E----.---V--T--    640
SE364A        ---------------------.........-.---LE---------------N---SI--S.---E-----    638

                   *     *      ^^^            ^^^      ^^^         ^^^
CONSENSUS-D   iWGCSGkhICtTnVPWNSSW.........S.NrSL?eIW?NMTWmEWEREIdNYTGlIYs.LIEeSQ?QQ    589
ELI           ---------------------.........-.----N---Q--------------------.------T--    649
Z2Z6          -------L----T-------.........-.----ND--Q-------------------R.------T--    650
Z6            -------L----T-------.........-.----ND--Q-------------------R.------T--    652
NDK           ------R--------------.........-.----D---Q--------------------.------I--    643
92UG021.16    ---------------------.........-.----N---E--------------------.---D--I--    637
92UG024.2     V-----R---P-R-------.........-.-K--D---G-----------S-------N.------I--    647
JY1           ------------T-------.........-.-K--E---N----I-----------V---.---N--I--    660
UG269A        ------R--------------.........-.----E---H--------------------.------T--    649
UG274A2       ------------T-------.........-.----E---N-------------------T.------N--    659
SE365A2       ------R--------------.........-.-K--T---Q--------------------.------T--    648
93ZR001.3     S-----R--------------.........-.----DS--H-------------------N.------A--    648

                   *     *      ^^^            ^^^      ^^^         ^^^
CONSENSUS-E   LWgCSGKIICTTAVPwNStW.........S.NrSfEEIWnNMtwiEWeREISNYTNqIYe.ILTeSQnQQ    636
93TH966.8     ---------------------.........-.--------S--------------------.---------    646
93TH975.15    ---------------------.........-.-------------T--------------D.---------    644
92TH006.5     ---------------------.........-.---L---------------------R---.---K--D--    643
TN235         ---------------$----.........-.---Y-------------------------.---------    648
TN239         ------------------S-.........-.----------------------------.---K--D--    647
TN242         ------------------S-.........-.----------------------------.---K--D--    645
TN243         --x------------------.........-.-----------x----x------------.---------    652
92TH022.4     ---------------------.........-.-K-----------T---------------.---------    644
93TH976.17    ---------------------.........-.-K-Y-----------------------.------D--    645
CM240X        ---------------------.........-.------------R----------------.---------    647
```

HIV1 ENV

```
                   *     *      ^^^            ^^^      ^^^         ^^^
CONSENSUS-F   LWGCSGKlICTTnVPWNSSW.........S.nKSqEeIW?NMTWMEWeKEiSNYSnEiYR.LIE?SQNQQ    603
BZ163A        --------------------.........-.--------E-------Q---------V--.---K-----    634
BZ126A        --------------------.........-.--------E---------------Y----.---Q-----    638
93BR020.17    --------------------.........-.---L----G----------V----K----.---D-----    642
93BR029.2     -------F----D------..........-.D----K--G--------------------.---E-----    639

                   *     *      ^^^            ^^^      ^^^         ^^^
CONSENSUS-G   IWGCSGKLICtTNVPWNtSW.........S.NKSfnEIWDNMTWIeWeREINNYT?qIYn.LlEeSQ?QQ    606
LBV217        --------------------.........-.------------------------H---S.------I--    654
92RU131.9     ----------P---------..........-.------------------------Y----.------N--    645
92UG975.10    -----------------A--..........-.---YE---------Q-D-------QL---.-I-Q--T--    641

                   *     *      ^^^               ^^^               ^^^
CONSENSUS-O   LWGCKgkLiCYTSVKWN?tW?G.........???neSIWD?LTWQqWDqqInNvSS?IYe.eIQ?AQ?QQ    580
ANT70         --------V--------R--I-............------T----E--R--S-I--T---.---K--V--    653
MVP5180       -----------------TS-S-.........RYNDD----N--------H------I--D.---A--D--    666
VAU           -----NR----------K--G-...........D------E---------------F---.K--E--E--    667

                   *     *      ^^^            ^^^      ^^^         ^^^
CONSENSUS-U   LWGCSGKLICTTTVPWNSSW.........S.NKSLVTLWDNLTWMEWDREISNYTQVIYG.LLEDSQKQQ    555
Z3            --------------------.........-.-----------------------------.---------    648

                   *     *      ^^^            ^^^      ^^^         ^^^
CONSENSUS-A   IWGCSGKlICtTnVPWNsSW.........S.Nks??dIWdnMTWlqWdKEisnYT?iIY?.LiEesqnqQ    586
AD_K124A2     -------H------------.........-.---LQET------KE-ER--D---GL--S.---K--T--    656
DA_MAL        M------H----F------..........-.-R-LD---N----M--E-------G---N.------I--    655
AD_UG266A2    -------H----S------..........-.---LEE--N----ME-ER--D---GL--S.------V--    648
CA_ZAM184     ------------T------..........-.--TQDE---K--------------E---Q.-L-D-----    638
GX_VI525A2    -----------------T--..........-.---YN--------ME-ER------KQ--S.------I--    664
FB_93BR019.10 L--------------------.........-.-RTQE---G----I--E------SNE--R.---------    648

                   *     *      ^^^                     ^^^         ^^^
CONSENSUS-CPZ LWGC??K??C?TTVPWNNSW??????????.??????IW?N?TWQ?WD?LV?N?TG?I??.?L??A??QQ    312
CPZGAB        ----SG-AV-Y---------PG.......S.N.STDD--G-L---Q--K--S-Y--K-FG.L-EE-QS--    644
CPZANT        ----AD-VT-H---------VNFTQTCAKN.SSDIQC--E-M---E--R--Q-S--Q-YN.I-QI-HE--    655
```

```
                                                                   \/ 3'sj
CONSENSUS-A   EkNEqdLLaLDkWanLwnWFdIsnWLWYIriFimIVGGLIGLRIvfaVlsiInRVRqGYSPlSFQtltp?    656
U455          ----L-----------$---N---------L-VI------------T--------------------A-I    715
SF1703        -----E-----------------K-----------------------------------------IH--N    728
IBNG          --------------S-------T-------------------------T------------------HH    714
Z321          -I--R-----------------------K-------------------------------------HH    723
92RW020.5     --------------S--------R-----K--------------------V--------------IR--N    705
92UG031.7     ----------------------------K--------------I---------------------H--N    721
92UG037.8     -----E--E--------------------K--------------------V------------------N    717
D687          -------------TS--S----TK------------------------N------------------H    601
UG275A        --------------------G---------L--------------------V---------------H--N    717
UG273A        --------------S--S------------L--------------L--F-V-----K----V----H--N    722
VI191A        --------------S--S-------------------------------------------------PHH    721
DJ264A        ----K--------ES-----N-TK-----K---------------L---TV-K---------------HH    713
DJ263A        -----------Q--------G-TK-----K-------------------T------------------HH    721
DJ258A        --------------G--S--G-T----------I---------------T------------------HH    715
KENYA         ----------------------------K----------------T-------------------H--A    715

CONSENSUS-B   ekneqeLLeLdkWasLwnWf?ItnwlwyIkiFImivgGLvGLrivfavlsivnrvRQGysplSfQT?lPa    671
SF2           --------------------S-----------------------------------------------R--V    722
SF2B13        --------------------N----------------------------V---------------R--T    720
LAI           --------------------N-----------------------------------------------H--T    728
HXB2R         --------------------N---------L-----------------------------------H--T    723
NY5CG         --------------------D--K---------------I------T-------------------R---    717
NL43          --------------------N---------L-----------------------------------H--I    721
JRCSF         --------------------G--K---------------I------S-------------------L---    715
JRFL          --------------------D--K-------------------L--T-------------------L---    714
ALA1          --------------------N------------------------S-------------------R---    716
JH32          --------G-----------T--------R----------------T-------------------R---    734
BAL1          --------------------D--K---------------I------S-------------------H--S    721
YU2           --------A-----------D--K---------------I------V-------------------H---    710
BRVA          ----K---------------N------------------I--------------------------R--G    719
91US005.11    -------------D---S--S--Q----------V---------T-------------C-------L---    730
91US006.10    --------------------S--K---------------I------T-------------------L--T    726
ETR           -----D--A----D------S--K-------------------T-------------------R---    729
BA1A          --------------------D--E-----------I---I------S----M--------------H---    721
MN            --------------------D-----------------------------------------L--RP-V    724
QZ4589        -----------------S--D--Q---------------I--------------------------L--T    726
CAM1          ----KD-----T--------D--------------I---I------TI--L---------------RF-V    723
ADA           -----D--A-----------D-S----------------I------T-------------------H---    720
JFL           ----L-----------$---D------S--------A----------------------------R--T    716
SIMI84        -Q---D--K--T--------S--K---------------I----I---------------------L---    723
BCSG3C        --------------------T------------------I------T-------------------H--T    726
D31           ----------N--EN--S--D-S-----------------------------S------------R---    717
SF162         --------------------D-SK----------------------T-------------------RF--    714
OYI           --------------G--S--S--------R---I--------------------------------R--T    722
SF33          --------------------S--------R---------I----I---------------------LI--    719
CDC42         ---Q----Q--------T-SD--K---------------I--------------------------L--N    734
HAN           -----------------S-YD-S----------------I--------------------------L---    722
```

HIV1 ENV

```
                                                                                \/ 3'sj
CONSENSUS-B   ekneqeLLeLdkWasLwnWf?ItnwlwyIkiFImivgGLvGLrivfavlsivnrvRQGysplSfQT?lPa    671
ENVVA         -----------------D--D--K----------------------V----------------L--H--P    730
RF            --------------N-----D--Q-----R------------K-----------------------H---    732
WMJ22         G-------------------D------------------I------T-------------------H--T    714
TB132         ----LD--------------D---x-------------------I-T-------------------H--x    704
92BR020.4     -------------D------T-SK------------A----------------K-------V----R---    718
92TH014.12    ----L---------------D--K-------------------------------------L--RF--    710
92US711.14    --------------------T------------------I--------------------------R---    714
91US712.4     --------------------D--Q----------------------S-------------------R---    717
92US714.1     -----------------S--D------------------I------T----------------L--H---    739
92US715.6     --------------------D------------------I------I-------------------H---    719
92US716.6     --------------------N---------------A------V--I-------------------HH--    710
92HT593.1     --------------G-----E-------------------------------------V----H---    740
92HT594.10    -----D--------------N--K---------------I-------------------------L---    714
92HT596.4     -----D--------------N--K-------------------------------------------L---    721
92HT599.24    -----------Q--------S--K------L--------I-------I------A-----------L---    731
91HT651.11    --------------------N--E----------------------T-------------------R---    715
RJS           --------A--T--------S-S------R-----------------------------------R--T    720
GUN           -----D--------G-----S------------------I--------------------------H--T    685
SC            --------------------N-------------------------T-------------------R--S    721
SBA           -----D-----------S--S--------R---------I---------x                        445
SBB           -----D--K--E--------S-SK------------------------x                        455
SBC           --------------------S------------I-----I---------x                        443
P896          ----K---------------D--------RL--------I--------------------------L---    720
68A           --------------N--S--S--------RL--------I---------A--K-------------H---    724
HEI3BL        -----D-------D------S--K-----------------------------------------RF--    225
HEI4BL        --------A-----N-----D----------------------I---------------------HR--    224
HEI20BL       --------A-NT-TG--D-LG-SK-IG--------I---I--K---T---L---------------R--T    224
HEI22BL       -----------------T--D-S------R-----------------------------------RF--    224
HEI27BL       --------------------N------------------I---------T----------------RF--    224
HEI28BL       --------------------D--Q---------------I------T-------------------R---    225
US1           D-------------------N--------------I------------V-----------------R---    725
US2           -------------T---S--S--H------------E--I------------K-------------L--V    719
US3           --------------N--T--D--Q---------------A------T------------P------R---    726
US4           --------------------D--------R---------I---------------------I-L--R---    739
CM237X        --I-L--------P------D--K---------------------L-----------------L--RF--    679
91HT652.11    --------------------N--E----------------------T-------------------R---    720
92UG005       --------Q-----------S--KC----R---------I----I-----V---------------L---    447
3202A12       --------------------S--------R---I-------------------------------R---    727
3202A21       --------------------D--K--------------------I---------------------R---    723
MANC          -------------G---S--S----------------------------L--------P------H---    728
WEAU160       -----------------T--D-S----------------I------T-------------------H---    726
```

```
                                                                   \/ 3'sj
CONSENSUS-C   EkNEkdLLALDsW?nLWnWF?It?WLWYIkIFImIVGGLIGLrIiFaVLsIVNRVrqGYSPLSFQTLtPn    664
93MW959.18    -------------K------D--N-----------------------------------------------    713
93MW960.3     -------------N------N--K-----------------------------------------------    709
93MW965.26    -R-----------N------N--N-----------------------------------------------    711
92BR025.9     ----Q------K-Q---T--G--N-----------------------------------------------    715
UG268A2       -----------K-Q---S--D--K--------------------------------K------------T    716
SM145A        -------------GS-----D--K---------I------------V-----------------------    721
D757          -R-----------K------S--N------------------K---------------------------    601
D747          -R-----------K------S--N---------I---------------C-----KA------------x    648
D760          -R-----------K------S--N-------------------------------------------      650
ZAM18A        -R-----------K------D--N--------------------S--------------------------    717
ZAM20A        -Q---E-----K-NI-----D-SK-----R--------------------------------------    743
DJ259A        ----Q------K-Q------S--K-----------------------------------------------    699
DJ373A        -Q---------K-Q---S--D--K-------------------------------------------I--    710
SE364A        ----N------N-N------N--K-------------------------------------------I--    708

CONSENSUS-D   EkNEqeLL?LDkWASlWNWFsIT?WLWYIkifImivggLIGLRIvFaVlSlVNRVRQGYSPLSFQTLlPa    657
ELI           ----K---E--------------Q-----------I-----------------------------------    719
Z2Z6          --------E-----------N--Q-----------------------------------------------    720
Z6            --------E-----------N--Q-----------------------------------------------    722
NDK           ----K---E--------------K------L-------------------V------------------V    713
92UG021.16    --------K--Q--------T--K-----------------------------------------------    707
92UG024.2     ----KD--E-----------D--N-----R---I---S------------------------------T    717
JY1           -----D--Q--------------K----------------------T-----------------------    730
UG269A        --------Q--------------N-----R-S----------------F----------------------    719
UG274A2       --------Q------V-------K-----R--------------------------------------    729
SE365A2       --------A-----------D--N----------V-E-------I--------------------------    718
93ZR001.3     -R--H---Q--------------K-------------------------------------------I--    718

CONSENSUS-E   DRNEKDLLeLDKWASLWnWfDITnWLWYIKIFIMIvGGLIGLRIiFAvLSIVNRVRQGYSPLSfQtp?Hh    705
93TH966.8     -----------------S-----------------------------------------------I-Q    716
93TH975.15    --------G----------L-----------------------------------------------Y--    714
92TH006.5     ------------------------------------------------------------------LT--    713
TN235         -----------------------K-----------I------------------------------F--    718
TN239         ---------------------------------------------V----------------------S--    717
TN242         ------------------------------------------------------------------T--    715
TN243         -----------------S----------------------------x---------------L---T--    722
92TH022.4     -----------------------K-------------------------------------I-P--    714
93TH976.17    ------------------------------------------------------------------I-F--    715
CM240X        ------------------------------------------------------------------S--    717
```

```
                                                                                  \/ 3'sj
CONSENSUS-F   EKNeQeLLALDKWASLWNWFdiSnWLWYIKIFIMIVGGLIGLRIVFaVLSIVNRVRKgYSPLS?QThiPS    672
BZ163A        -----G--------------S-------------------------------------A-----F------    704
BZ126A        ---------------------M-----------------------------------------L------    708
93BR020.17    ---K-------------------Q----------------------T----------------F------    712
93BR029.2     -----------------------K-----------------------------------------L--RF--    709

CONSENSUS-G   EKnEQDLLALDkW?SLWsWFsIsnWLWYIrIFImiVGGLIGLkIvFAVLSIVNRVRQGYSPLSFQTL?HH    674
LBV217        -------------E--------TQ-----K-------------------------------------A--    724
92RU131.9     --D--------T-A---N--T------------IV--------------------------------T--    715
92UG975.10    -------------T----------------------------R-I----------------------P--    711

CONSENSUS-O   EkNeK?LLELDEWASiWNWlDITKWLWYIKIAIIIVGALiGvRViMIvLNlVKNIRQGYQPLSLQIP??h    647
ANT70         -Q---K---------------------------------V----------I----------------NH-    723
MVP5180       ---V-A---------L---F---------------------I-----I-------------------VP-    736
VAU           -----E--------------------------------------V----------------------IQQ    737

CONSENSUS-U   EKSEKDLLELDKWASLWNWFGITNWLWYIKIFIMIVGGLIGLRIVFTVFSIINRVRQGYSPLSFQTLLPT    625
Z3            ------------------------------------------------------------------------    718

CONSENSUS-A   EkNEqdLLaLDkWanLwnWFdIsnWLWYIriFimIVGGLIGLRIvfaVlsiInRVRqGYSPlSFQtltp?    655
AD_K124A2     -----E--Q-----S-----S-TK-----K--V--------------M--LV---------------L-A    726
DA_MAL        ----KE--E-----S-----S--K---------IV---------I-----LV-----------L---L-T    725
AD_UG266A2    -----E--Q-----S-----N-TQ-----K--------------------LV-----------L---L-A    718
CA_ZAM184     ----------------------TR-----K---I-----------I-II-VV-------------IP--H    708
GX_VI525A2    --------------S-$------S-----K----V----------------V----------------HH    733
FB_93BR019.10 -----E--------S--------------K---------------------V----K------L--RI-S    718

CONSENSUS-CPZ E?N???L?ELD?W?SLWNWFDIT?WLWYIKIF?M?VG?I?GLRI?????S??R?VRQGY?PLS?Q?????    355
CPZGAB        -K-ERD-L---Q-A---------K--------L-A--G-I----IMTVF-VV-R-----S---L-TLIPV    714
CPZANT        -R-KKE-Y---K-S---------Q--------I-I--A-V----LLVLV-CL-K-----H---F-IPTQN    725
```

```
                        <- tat cds                          *
CONSENSUS-A   pr??pdRperIeeeGG.eQdrdRSirLVsGFLalAWDDLRsLCLfsYHrLRDfilI.a.ar.tVelLghs    720
U455          -EG.LG--G-------.--GK------------I------N------------A--.V.--.A-----R-    780
SF1703        --G.------------.--G-------------------------------------.-.--.-----KR-    793
IBNG          Q-E.---------G--.---K---V---------------------------L---.-.--.-------N    779
Z321          Q-E.---------G--.---------------P------------C------CA--.-.--.I--T-...    785
92RW020.5     -KE.---LG--DG---.-------------------------------------S-.-.--.--------    770
92UG031.7     --G.L---G-------.--G-------------------------------------.-.--.-------N    786
92UG037.8     --D.----G---G---.----G------------------N---S---Q-------.V.--.--------    782
D687          Q-E.----G----G--.-------V---------------N----x                           645
UG275A        --G.L---G-------.K-------H-----------------------------.-.--.------..    780
UG273A        --D.L------A----.-------------------------------------.V.--.--K---..    785
VI191A        Q-E.-----G---G--.----G----------------------------------.V.--.I--T--..    784
DJ264A        Q-E.---------G--.---K---V-----------------------H----V--.-.V-.A-------    778
DJ263A        Q-G.---------G--.-------G----------------------------V--.-.V-.A-------    786
DJ258A        W-EP---------G--.---K--------------------------Q----V--.-.V-.A-------    781
KENYA         --G.L-----------.-----------T----------------------------.-.TE.--------    780

                                                    *
CONSENSUS-B   prg.pdrPegieeeGG.erdRdrSgrlv?GflaliwddLrslclFsyhrlrdLlli?v?ar?iVElLg??    733
SF2           ---.----D-------.-------V---D-------E----------R--------.A.--.T--I--..    785
SF2B13        ---.----D-------.-------V---D-------E----------R--------.A.V-.T--I--..    783
LAI           ---.------------.-------I---N-S-------------------------.-.T-.------..    791
HXB2R         ---.------------.-------I---N-S-------------------------.-.T-.------..    786
NY5CG         Q--.------------.--------P--N-------V-------------------.-.--.------..    780
NL43          ---.------------.-------I---N-S-------------------------.-.T-.------..    784
JRCSF         T--.------------.--------Q--N-------V-----F------------T.-.T-.------..    778
JRFL          ---.------------.-----------N-------V------------------T.-.T-.------..    777
ALA1          R-E.------------.-----------D-L-----V-------------------.-.T-.------..    779
JH32          ---.------------.D-------Q--D-L--I--V-------------------.-.T-.------..    797
BAL1          S--.----G-------.--------P--N-------V-----F--------------.-.M-.------#S    785
YU2           Q--.----D-------.--------P--D----I--V-------------------.-.T-.------..    773
BRVA          R--.------------.-------SP--D-----F-V-----F--------------.-.T-.------..    782
91US005.11    ---.-G----------.-----------T---E-----------------------.-.--.------..    793
91US006.10    ---.------------.-QG-----P--D-------V-------------------.-.T-.------..    789
ETR           $--.------------.--------P--D-L-----V-------------------.-.T-.T-----..    791
BA1A          S--.----G-------.--------P--N-------V---G---------------.-.T-.------..    784
MN            ---.------------.-----T-----H----I--V-----F-----H.-------.A.-##------..    785
QZ4589        ---.----G-------.-------V---S--S-IV---------------------.A.--.---I--..    789
CAM1          ---.------------.G----T-----T---------------------------.-.--.------..    786
ADA           ---.------------.D------V---D-----F---------------------.-.--.------..    783
JFL           ---.----G-------.--------Y--T-------E--W----------------.-.T-.------..    779
SIMI84        ---.------------.--------Q--T---PI--G-----F--------------.-.--.------..    786
BCSG3C        ---.------------.-----------N-----F------------------I-V.-.T-.------..    789
D31           ---.------------.D------N---K----------S-----L----------.A.--.------..    780
SF162         ---.------------.-------SP--H-L----------------------I--.A.--.------..    777
OYI           Q--.------------.-----------D----------------------I--.-.--.------..    785
SF33          Q--.---------G--.-------T---N-----F---------------T-----.-.--.------..    782
CDC42         ---.------T--G--.--G--G-T---H-----V---------------------.-.--.------..    797
HAN           T--.-RQ--E------.----G--V---S-----F------------R--------.-.-K.---T--..    785
```

HIV1 ENV

```
                        <- tat cds                          *
CONSENSUS-B   prg.pdrPegieeeGG.erdRdrSgrlv?GflaliwddLrslclFsyhrlrdLlli?v?ar?iVElLgrr    735
ENVVA         R--.----D-------.-----------N----------------------------.-.T-.-------..    793
RF            ---.--------G---.--------GA-N---T------WT--S------------.-.V-.-------..    795
WMJ22         ---.------------.-------V---H----------------------------.-.K-.-------..    777
TB132         ---.----G-------.-----T-----D----IF-V---N--------------V.-.T-.-----x..    767
92BR020.4     Q--.-----E------.D-E-E------T-L-EI--------F----R--------.-.--.-------..    781
92TH014.12    Q--.-GG---------.-Q-----E---S-L-T---E-------------------.-.--.-------..    773
92US711.14    ---.------------.--Q-#------N---T-F-N-------------------.-.--.---I--..    776
91US712.4     A--.------------.--------Q--D----I--V----------Y--------.-.T-.-------..    780
92US714.1     ---.-------G----.-----T-V---N-----F--G------------------.-.--.---I--..    802
92US715.6     R--.------------.--------Q--T----I--V-------------------.-.--.-------..    782
92US716.6     L--.------------.--------Q--D---TI--V-------------------.-.T-.-------..    773
92HT593.1     ---.------------.----G--V---N----------------------------.I.--.-------..    803
92HT594.10    Q--.----G-------.----G--E-I-N----------------------------.-.--.-------..    777
92HT596.4     Q--.----G-------.----G--E-I-N----------------------------.A.--.-------..    784
92HT599.24    ---.L------G----.----GT-----N----------------------------.-.--.-----I..    794
91HT651.11    ---.------------.-------SP-AH----------------------------.I.--.-------..    778
RJS           ---.------------.--------P--T----------------------------.-.--.-------..    783
GUN           ---.------TG----.-----------H-------------F-------------.-.--.-------..    748
SC            Q--.------------.-----------D----I--V-                                     757
P896          S--.------T-----.--------P--N-----F-V---N----L--L--N----.-.T-.-------..    783
68A           Q--.------T-----.-------T---D-------------F-------------.-.T-.-------..    787
HEI3BL        QG-.----G-------.-T-----R---D-------------F-------------.A.T-.-------..    288
HEI4BL        ---.------------.-----G--T--D----I--V----------R--------.-.--.-------..    287
HEI20BL       ---.------------.--------Q--N----------------------------.-.--.-------..    287
HEI22BL       ---.------T-----.----N--RQ--D-------I-------------------.-.--.-------..    287
HEI27BL       ---.------------.-G-----SP--D-----L-V-------------------.-.T-.-------..    287
HEI28BL       R--.------------.-----------N----------------------------.-.T-.-------..    288
US1           ---.------------.-Q---------D-L----RV-------------------.L.T-.-------..    788
US2           ---.------T-----.-------I---D----------------------------.-.T-.T-----..    782
US3           ---.----A-------.-Q-----SP--H----------------------------.-.--.-------..    789
US4           Q--.------------.-------N---H-L-V-----------------------#-#--#------..    802
CM237X        Q--.------------.-------E--MN---T---E-------------------.-.--.-------..    742
91HT652.11    ---.----G-------.-------SP-AH-----F---------------------.A.--.-------..    783
92UG005       ---.------------.-QG-G--I---N--S--------N------------I--.A.--.-------..    510
3202A12       Q--.----D-T-----.-------V---D-----------PV--------------.-.T-.-------..    790
3202A21       ---.------------.-----------N----------------------------.-.T-.-------..    786
MANC          ---.----G-------.-G-----S---H-----V-------------------S-.A.--.-------..    791
WEAU160       ---.------------.-----------D---T---V--------L----I-----.A.K-.-------..    789
```

```
                        <- tat cds                          *
CONSENSUS-C   prG?pDRlgrIEeeGG.EQDrdrSiRLvsGFLalaWDdLRSLclFSYhrLRDfiLi.a.AR.avELLgrs    729
93MW959.18    ---.------------.---K-----------------------------------V.-.--.--------    778
93MW960.3     ---.L-----------.---K-S-----N-----F-------------Q---LL-V.-.--.V-------    774
93MW965.26    ---.L----G------.---------------P---------------Q-------.V.--.--------    776
92BR025.9     ---.-----G------.-----------------------------------L---.-.--.--------    780
UG268A2       ---.---P-E------.-------V--I-------------------R----LL--.-.--.--------    781
SM145A        ---.------------.---K-------N--------------------------V.-.--.--------    786
D757          -G-.----E---GG--.---K-------N--------#-------                            643
ZAM18A        ---.------------.-----K-----D-----F---------------------.-.--.-A------    782
ZAM20A        I--E------------.-----------N-----V--------R----Q----T--.-.--.--------    809
DJ259A        ---.---P-G------.----G-------------------------R----L---.-.--.------#.    762
DJ373A        ---.---PRG------.---KG--T-----------------F---------L---.V.--.V-----#.    773
SE364A        ---.------------.---------------SI----------------------.V.--.-----I..    771
                                                          *
CONSENSUS-D   PRg.PDRPegiEEEGG.EqGRdRSiRLvnGfsALiWDdLRnLCLFSYhrLRDliLI.a.aR.IVelLG?.    720
ELI           ---.------T-----.-R-----V--L------------S----------------.-.V-.------..    782
Z2Z6          ---.------------.-R-------------------------------------.-.--.------..    783
Z6            --E.------------.-R-------------------------------------.-.--.------R.    786
NDK           ---.-----E------.-R-----------LF--F-----------------S---.-.--.------..    776
92UG021.16    ---.------------.----G------------------------------L--.V.T-.------R.    771
92UG024.2     ---.----GET-----.----G-----L--L-----------------H-------.-.--.--G---..    780
JY1           ---.------------.-----------------F---------------------.-.T-.------..    793
UG269A        ---.------------.----G------S---------------------------.-.T-.------..    782
UG274A2       --E.-----E------.----G-------------------------R-----L--.-.--.---I--..    792
SE365A2       ---.------------.--------------------G------------------.-.--.------..    781
93ZR001.3     ---.------T-----.-P--G--V--L----------------------------.-.T-.------..    781
                                                          *
CONSENSUS-E   QrE.pDRpErIEEgGG.eQGRdRSVRLVsGFLALaWdDLRSLCLFsYhRLRDfilI.A.aR.tvelLghS    770
93TH966.8     ---.------------.-----------T-------------------------S-.-.--.------R-    781
93TH975.15    ---.---------E--.-----------------I-E--------L----------.-.--.-L------    779
92TH006.5     -G-.------------.A----------------------------R--------.-.--.--------    778
TN235         ---.---S--------.---------------------------------------.-.--.--K---R-    783
TN239         ---.------------.---------------------------------------.-.--.--------    782
TN242         ---.---------R--.---------------------------------------.-.--.-----ER-    780
TN243         ---.L-----------.----E--------------------------------S-.-.--.A-------    787
92TH022.4     ---.------------.---------------------------------------.-.--.--------    779
93TH976.17    ---.------------.----------------------------L------LL--.-.T-.---I----    780
CM240X        -K-.-----G------.-----------------------------------LT--.-.--.--------    782
```

```
                        <- tat cds                          *
CONSENSUS-F   PRE.PDRPEgIEEGGG.EqGkdRSVRLVnGFLALvWDDLRNLCLFSYrHLRD?iLI.a.AR.IV?.....    730
BZ163A        ---.-----E------.---R-------D------------------H----LL--.T.--.--......    763
BZ126A        ---.------------.---NE-----------------------------L---.-.--.--......    767
93BR020.17    ---.------------.-----------------A-----------------F---.-.--.--#.....    771
93BR029.2     ---.------------.-P---------------------------------F---.-.--.--#.....    768

                                                    *
CONSENSUS-G   QRe.PDRPEgIEEGGG.EqdRdRSiRLvsGFLalAWDDLRSLCLFSYHrLRDfILI.a.aR.TVELLGRn    739
LBV217        ---.-----R------.-------V-------SI--------------Q-------.V.T-.--------    789
92RU131.9     ---.------------.-GG-T-----A---------------------------.-.--.-------S    780
92UG975.10    --G.------------.-----------N-----------------------S---.-.--.--------    776

CONSENSUS-O   q?E.agTPGrTGegGG.eedRprWtplPqGFL?lLYTDLRTIILWtYHLLSNLaSg.I..........qk    702
ANT70         -E-.--------G---.--G----I-S-----P-----------------------.-..........--    780
MVP5180       RQ-.-E-------E--.-G---K--A--P---QQ-------------------I--.-..........RR    793
VAU           -A-.V----G------.D---R----------H------------I---------E.-..........--    794

                                                    *
CONSENSUS-U   PRG.PDRPGRTEEEGG.EEDNNRSVRLVNGFLALAWEDLRSLCIFSYHRLRDLILI.V.....VKGL...    684
Z3            ---.------------.----------------------------------------.-.....----...    777

                                                    *
CONSENSUS-A   pr??pdRperIeeeGG.eQdrdRSirLVsGFLalAWDDLRsLCLfsYHrLRDfilI.a.ar.tVelLghs    719
AD_K124A2     --G.-----G------.--G--------N--S--I-----D-----------L---.-.T-.I------..    789
DA_MAL        --GP-----G------.--G-G------N--S--I-----N-----------LL--.-.T-.I------..    789
AD_UG266A2    --G.-----GT-----.--G-G------------------------------LL--.-.T-.I------..    781
CA_ZAM184     -EG.L---G----G--.--G--------------------------------C---.-.--.--------    773
GX_VI525A2    QGE.---L-----G--.-H--T--T-SAN---P-V----W-------RL---LL--.V.--.-------..    796
FB_93BR019.10 --G.-----E---G--.-------V---N-----I-----N-----------LL-S.I.T-.I------..    781

CONSENSUS-CPZ Q??.?????EI?E?GG.??DR?R???L??G???L?WDDLRNLGIWSYQSLTSLACN.V.WR##LKTLGHL    398
CPZGAB        -RE.QGRLG--D-G--.EQ--S-SVR-VE-CLP-I---------------------.-.-----------    778
CPZANT        -QD.PEQPE--R-E--.RK--I-WRA-QH-FFA-L                                      758
```

```
                                                <- rev cds
CONSENSUS-A   slkglrlg.......weglkYL.wNLllyWgrELK?SAinLldtiAiavAgwtDRvIEigQrigRAilnI    781
U455          --------.......-------.------------I---T---AV-V-----I--------T--------    842
SF1703        --R----.......-------.------------N-------------------------A-C------    855
IBNG          C-------.......-GA----.---IS--VQ---N------N----V--N----A------V----R--    841
Z321          ....I-R-......--T----.G--VI---Q---N--------V-----D-------VV--A---F---    843
92RW020.5     --------.......-------.------------T--V--V---------R------V----F------    832
92UG031.7     --------.......-------.G-----------T-----F-------------------------I--    848
92UG037.8     --------.......-------.G-----------T-----F-----V----------V---L-------    844
UG275A        .....Q..........-----.----A-------I---S-F----VVI---------L---LC----H-    833
UG273A        .....HR-.......---I---.-----F------I-----------------------------F---    842
VI191A        .....-R-......--A----.------------I---T---AT-----R----I-------V------    841
DJ264A        --------......-GA----.G---T---Q---N--------------N-----------V----R--    840
DJ263A        --------......--A-Q--.G-------Q---N----------L---N-----------V-------    848
DJ258A        --------......--A-Q--.G-------Q---N--V--------V--N----------EV-------    843
KENYA         --R----.......-------.--------Q---I--S--V-----V-----------A-G------H-    842

                                                        ^^^
CONSENSUS-B   .....rrG.......WealkYw.wnLLqyWsqelknsavsllnatAiaVaEgtDRvievvqra?railhi    789
SF2           .....H--......-------.-S-----I---------W--------T---------A---Y------    842
SF2B13        .....H--......--V---G.-S-----I---R----------------------------Y------    840
LAI           .....---......-------.-------------------------------------G-C---R--    848
HXB2R         .....---......-------.-------------------------------------G-C---R--    843
NY5CG         .....---......------C.-------G-------I-------V------------A--IC-G----    837
NL43          .....---......-------.----------------N-------------------L-A-Y---R--    841
JRCSF         .....---......--I----.--------------------------------I------VY------    835
JRFL          .....---......--V----.--------------------------------I--AL--TY------    834
ALA1          .....---......--V----.-------------------------------------L---F------    836
JH32          .....---......-------.------------------F--I-----------LKIL---F------    854
BAL1          .....-#-......--V----.----------------------V------------L---V------    841
YU2           .....---......-GV----.-------I---------------------------IL---F--V---    830
BRVA          .....---......--V----.--------------------------G-R---A-------F------    839
91US005.11    .....L--......--V----.-------------------D-V-------------GI--I.......    843
91US006.10    .....H--......-GV----.------------T--------I----------I---L---C------    846
ETR           .....-K-......--V---L.-----------------------------------IL--TY------    848
BA1A          .....---......--F----.--------------------TI--------------L---V------    841
MN            .....---......--V----.------------S-----------------------L---G------    842
QZ4589        .....---......-------.GS----------Y--------I----------I-KA---IC------    846
CAM1          .....---......-------.-----------R------FDTI------------------C------    843
ADA           .....---......--V----.-----------R---------------------------IY------    840
JFL           .....---......-------.--------------------------------I------IG------    836
SIMI84        .....---......--I----.--------------------T---V--------------IG--V---    843
BCSG3C        .....---......-------.-S--------------N---V------------------TY------    846
D31           .....---......--V----.----------------------------------------W------    837
SF162         .....---......-------.G------I----------FD-I----------I---A--IG--F---    834
OYI           .....---......--V----.--------------VI-------------------I----Y--F-N-    842
SF33          .....---......--V----.----L---------------------------------VG------    839
CDC42         .....---......--V----.------------------V-V------------------IY--F---    854
HAN           .....---......--V----.------------------F-TI------------------C------    842
```

HIV1 ENV

```
                                                  <- rev cds
                                                          ^^^
CONSENSUS-B   ?....??G.......WealkYw.wnLLqyWsqelknsavsllnatAiaVaEgtDRvievvqra?railhi    789
ENVVA         .....RR-........--V----.----H---------------------------------IC---R--    850
RF            .....RR-........-------.--------------------T-----------I---A--IL--F---    852
WMJ22         .....RR-........-------.--------K-------G----I----------------IC---I--    834
TB132         .....RR-........-------.-----------------------------------L--VY----N-    824
92BR020.4     .....RR-........-------.------------S----------V--------I--IA--FF-GF---    838
92TH014.12    .....RR-........----R--.-------I--------------------------------Y------    830
92US711.14    .....RR-........--L----.------------H--------------------------Y---I--    833
91US712.4     .....RR-........-------.------------S----------------------L--IG------    837
92US714.1     .....RR-........--I-R--.----K--------------------------I-------G--V---    859
92US715.6     .....RR-........--I----.------------SG----------------------L---G------    839
92US716.6     .....RR-........--V----.------------S-----------V-----------L---W------    830
92HT593.1     .....RR-........-------.----------------N--D------------I----R--F------    860
92HT594.10    .....RR-........-------.-S--------I--N-----S---------------II--IG-----V    834
92HT596.4     .....RR-........-------.-S--------I------------------------II--IG-----V    841
92HT599.24    .....RR-........------G.--------------------------------I--G-RGVC------    851
91HT651.11    .....RR-........-------.---------------------------------I--I----V--L-N-    835
RJS           .....RR-........-------.-------I                                          801
GUN           .....RR-........--V---L.----#                                             762
P896          .....RR-........-------.----------------------------------KI----C---RN-    840
68A           .....RR-........--I----.-----------------------V----------V--L---G--V---    844
HEI3BL        .....RR-........-------.--------K------I--------------------A--TC------    345
HEI4BL        .....RR-........--I----.-------K---------------------------II---Y------    344
HEI20BL       .....RR-........-------.-----------R-----------------------I----C------    344
HEI22BL       .....RR-........-------.-----------------------------------L--VY---I--    344
HEI27BL       .....RR-........--I----.---------------I------------------------F------    344
HEI28BL       .....RR-........--V---L.----------------------------------LL---F------    345
US1           .....RR-........-------.------------T---N-----------------------Y--L---    845
US2           .....RR-........-------.---------------N---T---------------L--IY--FCN-    839
US3           .....RR-........-------.-------------------------------------IG------    846
US4           .....RR-........--P----.------------S-----F-------------I--I---IF--VI--    859
CM237X        .....RR-........----R--.-------I------------T-------------------Y------    799
91HT652.11    .....RR-........-------.-----F--------------T-----------I--I---IV------    840
92UG005       .....RR-........---I--L.-------I----------F-T-----------I--I---IG----N-    567
3202A12       .....RR-........--V----.-------G--I----------------------------IC------    847
3202A21       .....RR-........--V----.--------------------------------------C--V---    843
MANC          .....RR-........--I----.---------V----------V-----------I------VG------    848
WEAU160       .....RR-........------C.----------------------------------I---TC------    846
```

```
                                                <- rev cds
CONSENSUS-C   slrglqrG.......WealKYL.GsLvqYWglElKkSAiSlldtiAIaVaEGTDRiie??Qri?Rai?nI    787
93MW959.18    ------K-........-D-----.-N-GL-----I------IV--L-----------L-SL---G---R--    840
93MW960.3     --------.......-------.-N--L-----I-------V----------------LI--LG---Y--    836
93MW965.26    --------.......-------.------------R-----------T-------L--VV---R---C--    838
92BR025.9     ----I---........--I----.-------S----------F----------------VI-G-W---C--    842
UG268A2       --------.......-------.--------Q-----------------S---------VG-G-G---LH-    843
SM145A        ---E----.......-------.-N-G--------------------T----------LA---C-GVR--    848
ZAM18A        --------.......-------.------------------V-A---T----------FI---C---R--    844
ZAM20A        --------.......-------.-----------------------------------LV---C---R--    871
DJ259A        .....#--........--T----.-------------------N-T--T---------KFI-GLW---C--    818
DJ373A        .....#--........--T----.---------------V-----T-------------II---W--FC--    829
SE364A        .....---........--I----.---A------I-------------T----------LV---C---S--    828

CONSENSUS-D   .....rRG.......WealKYL.WnLLqyW?qeLknSaiSLldtiAIaVAEgTDR?Ie?vqra?RAvLhi    773
ELI           .....---........-DI----.-------S---R---S--F-A-----------V--II---C----N-    839
Z2Z6          .....---........-------.-------SR------S----------------V--I-R--C------    840
Z6            .....--........-------.-------SR--R---S----------------V--I-R-TY----NV    842
NDK           .....---........-------.-------S---R---S------------R---V--V----C--I-NV    833
92UG021.16    .....--........-------.-----C-I------------AT--T---E---A--L----V--I---    827
92UG024.2     .....---........---I---.-------I----------FN-T--V-------I--LI--IG--I-N-    837
JY1           .....---........---I---.-S-----T------F----NAT----------I--LIR--F------    850
UG269A        .....---........---I---.----K--I----------F-----V-------V--VI---V------    839
UG274A2       .....---........-K-I---.-------I----------F--T----------I--I----V----N-    849
SE365A2       .....---........--V----.-S-----I-K----------------------I-DV----C--I---    838
93ZR001.3     .....---........--V----.-------G---ES-----FNAT----------I--VG-TIF--I---    838

                                                         ^^^
CONSENSUS-E   SLKGlRRG.......WEGLKYL.GNLLlYWgQElkISAISLlnaTAIavaGWTDrvIEVAQgaWRAILhI    832
93TH966.8     --------.......-------.----------------------------------------I-------    843
93TH975.15    --------.......-------.----V--S--------------------------------------    841
92TH006.5     ----x                                                                    783
TN235         --------.......-------.----------Q--------D----I----------------------    845
TN239         --------.......-------.--------------------T--------------------------    844
TN242         --------.......-------.------------------FD---------------------------    842
TN243         --------.......-------.------------------------------K-------------     847
92TH022.4     --------.......-------.------------------F-------------I-----R--------    841
93TH976.17    --------.......-------.----I------R--------------G-----I-----R------R-    842
CM240X        --------.......-------.--------------------D-----A----------------------    844
```

HIV1 ENV

```
                                                  <- rev cds
                                                          ^^^
CONSENSUS-F   .?RGLrRG.......WEALKlL.GnLtlYWgQELKNSAIsLlNtTAIvVaEgTDR?I?ALQR?GRAiLNI    787
BZ163A        .N------.......-------.----------------G-F-------------I-A----I-------    824
BZ126A        .N------.......-------.--------------------------T-----I-A----I-------    828
93BR020.17    .#------.......-----Y-.-S--Q---------------A---A---W---V-E----A-------    831
93BR029.2     .#---K--.......-------.---A---S-------------------------V-E----A---V---    828

                                                                  ^^^
CONSENSUS-G   iLkGLRLG.......WEgLKYL.WNLLLYWGqELKNSaInL?DTiAiavANWTDrVIEvvQRaCRAILnI    800
LBV217        S-------.......-------.------------------L--V---T----------A----------    851
92RU131.9     --------.......-------.--------------T-S-F-----T--------------T-----D-    842
92UG975.10    --Q----------.--S----.--------R---------V----V-------W---I-----------    838

                                                                  ^^^
CONSENSUS-O   lI?yLgLGLWIlGQktIeaCRlc?Av?QYWLQELqnSATnLLDT?AVaVANWTDgiIlGiQrIG?GilnI    767
ANT70         V-S--R---------I-NV--I-A--T------------S----L------------A------T--R--    850
MVP5180       --D--------------------G--M-------K---------I--S-----------L----Q-F-H-    863
VAU           --RH-------I--R-------FK-II--------T--------V---------ST-----S--R-----    864

                                                          ^^^
CONSENSUS-U   .....RRG.......WEALKYL.GNLVLYWGQELKNSAISLLNATAIVVAEGTDRIIEVGQRICRAILNI    741
Z3            .....---.......-------.----------------------------------------------    834

CONSENSUS-A   slkglrlg.......weglkYL.wNLllyWgrELK?SAinLldtiAiavAgwtDRvIEigQrigRAilnI    780
AD_K124A2     .....-R-........--A----.G---Q--T----N---S-V----VV------SI-K----L---F-H-    846
DA_MAL        .....-R-........--A----.----Q---Q---N---S--N-T-----EC----------F-----H-    846
AD_UG266A2    .....-R-........--A---W.----Q--IQ---N-----FN-T-----EG---A---V--AV------    838
CA_ZAM184     --------.......-----H-.--------Q---N---S----------E----I------AC---R--    835
GX_VI525A2    .....-R-........--A----.----Q---Q---N---H--N-T-----EG-------V-IAC--V-H-    853
FB_93BR019.10 .....-R-........--A---W.----Q---Q---N--VS-FNA------EG------AI---C--V-HV    838

CONSENSUS-CPZ ILHSLRLL.......RERLCLL.GGIIQYWGKELKISAISLLDATAIAVAEGTDRIIEAFQVTLRIIRNI    460
CPZGAB        --------.......-------.----------------------------------------------    840
```

```
CONSENSUS-A   PrRIRQGlEraLl$                                          794
U455          -------------                                           855
SF1703        -------F----x                                           868
IBNG          -------F------                                          854
Z321          -------------                                           856
92RW020.5     ----------G--                                           845
92UG031.7     -------F------                                          861
92UG037.8     --------------                                          857
UG275A        -------F------                                          846
UG273A        -------F------                                          855
VI191A        -------A-K--Q-                                          854
DJ264A        -V------------                                          853
DJ263A        --------------                                          861
DJ258A        --------------                                          856
KENYA         -------F------                                          855

CONSENSUS-B   p?rirQGleraLl$                                          801
SF2           HR--------L--                                           855
SF2B13        -R--------L--                                           853
LAI           -R--------I--                                           861
HXB2R         -R--------I--                                           856
NY5CG         -R--------L--                                           850
NL43          -R--------I--                                           854
JRCSF         -T-----------                                           848
JRFL          -T-----------                                           847
ALA1          -R-----F-----                                           849
JH32          -T-----------                                           867
BAL1          -R-----------                                           854
YU2           -V-----------                                           843
BRVA          -R----------Q                                           852
91US005.11    ....#---K-----                                          851
91US006.10    -T------------                                          859
ETR           -VK-----------                                          861
BA1A          -R------------                                          854
MN            -T-----------                                           855
QZ4589        -R-----F------                                          859
CAM1          -R--------L--                                           856
ADA           -T--------L--                                           853
JFL           -V-----------                                           849
SIMI84        -R-----F-----                                           856
BCSG3C        -R--------L--                                           859
D31           -V-----------                                           850
SF162         -R-----F-----                                           847
OYI           -R-----------                                           855
SF33          -T-----F-----                                           852
CDC42         -R-----F-----                                           867
HAN           -R-V---------                                           855
```

```
CONSENSUS-B   p?rirQGleraLl$                                          801
ENVVA         -R-V----------                                          863
RF            -R-----------                                           865
WMJ22         -R-----------                                           847
TB132         -T------KGR                                             835
92BR020.4     -R----------Q                                           851
92TH014.12    -T-----------                                           843
92US711.14    -T-----------                                           846
91US712.4     -T-----------                                           850
92US714.1     -R-V----------                                          872
92US715.6     -R-----F-----                                           852
92US716.6     -T-----------                                           843
92HT593.1     -T-----------                                           873
92HT594.10    -T-----------                                           847
92HT596.4     -T-----------                                           854
92HT599.24    -R-----------                                           864
91HT651.11    -T-----------                                           848
P896          -T------------                                          853
68A           -R------------                                          857
HEI3BL        -R--------S---                                          358
HEI4BL        -I------------                                          357
HEI20BL       -R--------F-V-                                          357
HEI22BL       -T------------                                          357
HEI27BL       -T------------                                          357
HEI28BL       -R-T----------                                          358
US1           -T------------                                          858
US2           -R--------L---                                          852
US3           -T--------L---                                          859
US4           -R------------                                          872
CM237X        -T-------                                               808
91HT652.11    -T------------                                          853
92UG005       -T-----A------                                          580
3202A12       -T------------                                          860
3202A21       -V------------                                          856
MANC          -V-----------                                           861
WEAU160       -R------------                                          859
```

```
CONSENSUS-C   PrRIRQGFEaALq$                                   800
93MW959.18    -A----------L                                    853
93MW960.3     ------------L                                    849
93MW965.26    ---------T--L-                                   851
92BR025.9     --------------                                   855
UG268A2       --------------                                   856
SM145A        -T----------L-                                   861
ZAM18A        ----                                             848
ZAM20A        ----                                             875
DJ259A        --------------                                   831
DJ373A        --------------                                   842
SE364A        --------------                                   841

CONSENSUS-D   P?RiRQGlERaLL$                                   785
ELI           -R--------S--                                    852
Z2Z6          -T--------L--                                    853
Z6            -T--------L---                                   855
NDK           -R--------L--                                    846
92UG021.16    -T------------                                   840
92UG024.2     -A--------L---                                   850
JY1           -R-V---------                                    863
UG269A        -R-----F------                                   852
UG274A2       -T------------                                   862
SE365A2       -T------------                                   851
93ZR001.3     -R------------                                   851

CONSENSUS-E   PRRIRQGLERaLL$                                   845
93TH966.8     -------------                                    856
93TH975.15    -------------                                    854
TN235         ----                                             849
TN239         ----                                             848
TN242         ----                                             846
92TH022.4     --------------                                   854
93TH976.17    ----------S---                                   855
CM240X        ----------T---                                   857
```

```
CONSENSUS-F   P?RIRQG?ERALL$                                    798
BZ163A        -T-----F------                                    837
BZ126A        -T-----F------                                    841
93BR020.17    -R-----L------                                    844
93BR029.2     -R-----L------                                    841

CONSENSUS-G   PRRIRQGLERALL$                                    813
LBV217        --------------                                    864
92RU131.9     --------------                                    855
92UG975.10    --------------                                    851

CONSENSUS-O   PRRIRQGlER?Ll                                     779
ANT70         ----------S--                                     863
MVP5180       -------A--I-V                                     876
VAU           ----------L--                                     877

CONSENSUS-U   PRRIRQGFERALL$                                    754
Z3            --------------                                    847

CONSENSUS-A   PrRIRQGlEraLl$                                    793
AD_K124A2     -------F------                                    859
DA_MAL        -------F-----                                     859
AD_UG266A2    -T-----F------                                    851
CA_ZAM184     -T-----F------                                    848
GX_VI525A2    -------F------                                    866
FB_93BR019.10 -T------------                                    851

CONSENSUS-CPZ PRRIRQGLERALL                                     473
CPZGAB        -------------                                     853
```

```
                                                <- vpU cds
                                          signal peptide / gp120
                                                     *                                  *
CONSENSUS-A     Mrvmgiq?nyq?l.wr??....??W.gtmilg??iIc.na??e.?lWVtVyYGVPVWkdaeTTLfcAS     49
CONSENSUS-B   ??---k--rk---h-?----????---.---l--mlm--.s----.--------------e-t-------     53
CONSENSUS-C     ---r--?r-w-qw.-i........-.-ILGFwmlm--.-v--g.n-------------e-k-------     53
CONSENSUS-D     ---r?-er---h-.----????---.---L--mLM--.sv.a??--------------E-t-------     52
CONSENSUS-E     ---Ket-m-wpn-.-k--....---.--l---lv---?s-.Sd.N------------r--d-------     55
CONSENSUS-F     -?-R-M-R-W-H-.GK........-.-LLF--iL---.--.--.n-------------e-T-------     53
CONSENSUS-G     -?-k---r-W-H-.-k........-.--L---LV---.s-.sn.n-------------E--D-------     54
CONSENSUS-O     -t-tMKaM?KrNr.Kl........-?lylamALi-P-.LS.-??Q-YA---s-----E--?Pv-----     51
CONSENSUS-U     -?-?E?-R-??-?.-?........-.???-----?--.?-.-??-?----------------------     36
CONSENSUS-CPZ   -??????-???-?.??--?.....??????-?--???.?T.--.-??---?------??-?P?----?     19

                                 *              ^^^                              *
CONSENSUS-A   dAkAydtE?HNVW?aTHaCVPTDPnPqEi?le.NVTE?FnmwkNnMVeQmheDiiSLWD.qSLkPCvkLt    113
CONSENSUS-B   --------v----.--------------vv-??----n---------------------.----------    119
CONSENSUS-C   -----e?-v----.--------------mv--.----n------d--d-----------.----------    119
CONSENSUS-D   ---s-k?-a--i-.------------------.----N---------------------.----------    117
CONSENSUS-E   ----He--v----.------------------.----n------------q--v-----?----------    121
CONSENSUS-F   ---S-Ek-v----.--------------Vv--.----n-d-----------T-------.----------    120
CONSENSUS-G   -----s--s----.------------------.----n---------------------.E---------    120
CONSENSUS-O   --NLTS--q--I-.-sQ-------?-?-yp-?.---d---I---Y--d-----------.-------qM-    114
CONSENSUS-U   ---?-??------.-------?--?---?--?.-----------?--------------.?---------     91
CONSENSUS-CPZ ?-???S-----?-.--??---?--?-??V--?.-???---??--?--??-?--???-??.--?-------     56

                *    *            ^^^          ^^^
CONSENSUS-A   PLCVTL?C.??????????n?t??????????n?t???????n?????...????????.........m    126
CONSENSUS-B   ------n-.td---------?-?--------------------------???--------??...????-    133
CONSENSUS-C   ------n-.----.......--?----.....------------t---?...-------........??    132
CONSENSUS-D   ------n-.t----------?--------....------------t---?...------?????????    131
CONSENSUS-E   ------n-.tna-----...-l---..---nv--i-nvsniig-it..................?????    150
CONSENSUS-F   ------n-?t-a--......-a---------t-?-?-q--........................?tLkE    139
CONSENSUS-G   ------n-.t----.......-V--t--......?-?........NcT--?en--nNstv-.......???    143
CONSENSUS-O   F---QMn-.td-----...------l--.....-------------------------------------    129
CONSENSUS-U   ------n-.t---.......----.........---e-..............-----...........    105
CONSENSUS-CPZ -?-???--.---------.............?-?-----.............-------P????..???     60

                        ^*^ ^^^
CONSENSUS-A   ?..?e.....ikNCsfNmTtelrdkkqkvysLfYrlDvVqi????????n??????....n?????????    160
CONSENSUS-B   e??g-?????-------i--si---v--e-a---k----p-d-------?------????----------    169
CONSENSUS-C   -?.--....-------a---?--------A------i-pl-----..------.......--s--.----    166
CONSENSUS-D   -?.-g.....m------i--?v----kq-ha---k---------------------....--t--.----    165
CONSENSUS-E   -..d-.....Vr-----------------hA---k--i---------.---s----?...?--...----    185
CONSENSUS-F   eP.ga.....-Q---------v---Q?--Ha------I-p-s---...--ns---....??--..-----    177
CONSENSUS-G   -..e-.....m------i---i----ktE-A---k----p-n---...-?ss-.......---..---sd    182
CONSENSUS-O   ...n-??...m-?-?--V--V-k---E-KQA---Vs-L?k?N-ts--..--T---.............m    164
CONSENSUS-U   -??-?....-------i---?----kt?-a---k----P-n---....-n---.......?--.......-    137
CONSENSUS-CPZ -??-?.....???-?--??-???---??????--??-????--.......--..........--T.....--     73

                    *^^^     *            *         *     ^^^  * ^^^   *
CONSENSUS-A   YrLInCntSaitqACPKvsFEPIPIhYCaPAgfAILkC?dk?FnGtGpckNvStVQCthg?ikPvvsTQL    227
CONSENSUS-B   ----s----v-----------------------------n--k-------t----------.-r-------    238
CONSENSUS-C   --------------------d-----------y-----nn-t-------h----------.---------    235
CONSENSUS-D   ------------------t-------------------n--k------------------.-r-------    234
CONSENSUS-E   ---------V-K-----i--D-------t---y-----N--n-----------S------.---------    254
CONSENSUS-F   ----?----T---------Wd-----------Y-----N--k-----------------.---------    245
CONSENSUS-G   -------v-T-K------n-d-----------------r--n------------------.---------    251
CONSENSUS-O   -?-t---STt-?--------------------y--F--N?T------l-?-itV-T----.---T-----    228
CONSENSUS-U   ---------?-k--------------------------n--K------------------.---------    205
CONSENSUS-CPZ -????---T?---?-?-??-------------?---?---?D-?-?-?-?---?-H----.-?-?-?-?-    120

                                                  <- V3 neutralization loop
                  ^^^            ^^^                ^*^    ^^^
CONSENSUS-A   LLnGSLAe???v?irSenitnNaktiiVql??pV?InCtRP.nnntr.ks???vri???gpGq??afya.    279
CONSENSUS-B   --------e.e-v-----f-d---------nes-e------?-----.----.ih-------r..---t.    296
CONSENSUS-C   ---------.eii-----l---v-----h-n-s-e-v----.-----.--...i--...-----..t---.    291
CONSENSUS-D   --------E.EiI-----l-----?-----nes--------?y?---.qr..-tp-...-?--..-l-t?    288
CONSENSUS-E   --------e.eIi-----L---------h-NKs-e------.s-----.t-...it-.....-.....v--r.    312
CONSENSUS-F   --------e.dii---q--sd-------h-Nes-q------.-----.--...I?-...---r..-----.    302
CONSENSUS-G   --------e.eI------?-d---v-----nksie-?----.-----.--...I?f...-----..-----.    305
CONSENSUS-H           -.------?---D-T-N-----K----------.------.?---.I?-...-?--..?-?-.     39
CONSENSUS-O   I---T-Skg.kIr-Mgk--?dsg-N---T-N-?i-mt-e--.g-?-v.Qe...i?-...--.m..-W-S.    279
CONSENSUS-U   --------E.E-i---?---d---------net-k------?-----?--...?--.........v---.    261
CONSENSUS-CPZ -?--????---?-?????K?????V?????-E??-??-?--.G-?-?.??...?Q-...---M..T--N.    142
```

HIV1 ENV CONSENSUS

```
       V3 neutralization loop ->                                                CD4
                                 *^^^    ^^^                     ^^^          ^ ^^  |
CONSENSUS-A   tgdi.....iG.dirqAhCnvsr?eWn?tlq?V....a?qLr?..?f???nkt....??iiF?n.ssGGD    320
CONSENSUS-B   --?-???..--.--------i--ak--n--kqi....v-k--e??q-.-----.....---v-nq?-----    342
CONSENSUS-C   ----.....--.--------I-?-k--e-----....?kK-ae..h-p-----.....-k--?.-----    334
CONSENSUS-D   -?r????..?-?--------i-?a?--k---q-....--k-gd?.ll..-----.....t---kp.-----    331
CONSENSUS-E   ----.....--.---k-y-EINgTk--e?-kq-....tek-ke..H-..n---.....---qP?p----    360
CONSENSUS-F   --?-.....--.---k------gtq-----e--....?a?-ks..h--.--?-.....--k-ns.-----    344
CONSENSUS-G   ----.....--.------------?-?em--n-....?-?-?-..i------?...?---t-ns.-a---    344
CONSENSUS-H   ?-?-.....--.---?-?--I??-?-?-?-?--....?---?-..H?..--??.....--?--P.-----     65
CONSENSUS-O   M-.l???n?k???s-?-Y-?YnaTd-?ka-kqt....-eRYLe..Lv...-?-????vtm?-n?s-?---    321
CONSENSUS-U   ----.....--.--------i--t?--n---q-....-----k..y-..n-?-.....--?-ns?-----    306
CONSENSUS-CPZ ?E??.....?-.-T-?-?-??N?T?-?-???-??????-???-..-?...-?-...?A-???-?.???--    157

               | CD4   *       *^^^    ^^^            ^^^           ^^^           ^^^
CONSENSUS-A   lEitthsFnCggef?FYCnts?lF.nstW???????....n?t.??????.??n?t????..???sndtI    355
CONSENSUS-B   p--vm---------.-----tq--.-----------????---?------?---------??---????-    374
CONSENSUS-C   ----------r---.---------.---y-----p-...?-g-?------?-.--?-...??---????-    366
CONSENSUS-D   p-------------.---------.-----------????--??---.--?..-----.--??---????-    361
CONSENSUS-E   ----m-h---r---.-----t---.-n-cig-........-e-m....-gc..-g-.........????-    398
CONSENSUS-F   ----m-----r---.----------.-?-?----------.----?---------?-?---.-.---???--    372
CONSENSUS-G   ----------r---.------g--?-?s?---.........-n??------?.---?---.-.--.--????-    373
CONSENSUS-H   ?--??-?---?---.-----?K--.--------.-------.--??--.N--?..-G-..........??-     92
CONSENSUS-O   ?-v-hlh---H---.-------m-.-y-Fsc-----????---?------?-----n--.......?-g-?    356
CONSENSUS-U   ?-----t-------.----------.--?---.............---?d-...-?.----------.---????-    336
CONSENSUS-CPZ P-V??-?---?---.---???-?-.????---.........?I-.......................-G??    175

                     *      CD4 |                    *  ^^^      | CD4    ^^^
CONSENSUS-A   t..lq.CrI.kqIvnm.wQrvgq.AmYapPIq.g?irc?sNITGllLTRDGg??....nns??...????    401
CONSENSUS-B   -??-p.---.---i--.--e--k.-------?.-q---s----------????-??--?.?----    419
CONSENSUS-C   -..-p.---.---i--.--e--r?-------?.-n-t-k--------?------???.-?t--???----    411
CONSENSUS-D   -..-p.---.---i--?--?--k.-------e.---?-s----------?...-?--...?----    405
CONSENSUS-E   -..-P.-k-?---i--.--ga--.-------s.-r-n-V-----I-------a-?...--t-........    447
CONSENSUS-F   -..-p?---.-------.--e--r.----a--a.-n-t-n----------??..-?t--?.....-    419
CONSENSUS-G   -..-p.---.----r-.------.-------A.-n-t----------n-.....--t-........-    421
CONSENSUS-H   ?..-?.---.---??-.---?--.-------?.-K-T--------I--S-HV......-?-AE.......    134
CONSENSUS-O   ?..iP.--L.r-v-Rs.-m-G-S.gl-----?.-NLt-------MI-Ql-?.pW....-s---.....--    401
CONSENSUS-U   -..-P.-?-.----r-.--g---.-?-----a.----------?------n-?...-?t........-    379
CONSENSUS-CPZ I..??.---.?---??.-??-??.GI-??-?R.-N??---?---??-?????--.....-??.........    198

               ^^^                                          gp120 / gp41
CONSENSUS-A   ?netFrPgGgdmrdNWrsELYkYKvVkiePlGvaPtr.akrRVV....eREKRA??vg.lGavflgflGa    462
CONSENSUS-B   -t-i--------------------------------k.------....q-----..--?i--m-------    480
CONSENSUS-C   -?------------------------e-k-------?.------??..-------.---?i----------    470
CONSENSUS-D   --------------------------r---------?.------....-------..I-.---m-------    465
CONSENSUS-E   ----------NiK-------------Q-----i----.------....------..--.I--Mif-----    508
CONSENSUS-F   -?--------n-k-------------e----------.---q--....k---------.?--l-------    478
CONSENSUS-G   ----------------------------k--------.-R----....G-----..--.?----------    481
CONSENSUS-H   -?V----------------------??----?---?.-?----....?-----..--.-?---------    187
CONSENSUS-O   --?-l--?----k-I--T--f-----rvK-FS----ki-RP?Igt?t?H-----..--.--ML---v-S-    462
CONSENSUS-U   -?-------------------------------------.??----....?-----.---.M--?-------    435
CONSENSUS-CPZ -?????-??????-?--?--??-?--?-?--S----???R???????.?-Q--?.-?-.?-??---?-?-    227

CONSENSUS-A   AGSTmGAaSiTLTvQarqLlSGIVqqQsNllrAIeaQqhlLkLTVWGIKQLQARvLAvErYLrD.QQLLG    531
CONSENSUS-B   ---------?-----------------n-------------q--------------------k-?-----    548
CONSENSUS-C   ----------------------------------------m-Q----------t----i----k-.-----    539
CONSENSUS-D   ---------?-----------------N-------------Q--------------------k-.-----    533
CONSENSUS-E   ----------------------------------------Q--------------------K-.-Kf--    577
CONSENSUS-F   ---------------------------n-------------Q--------------------?-.-----    546
CONSENSUS-G   ---------------V------------------------Q--------------------?-.-----    549
CONSENSUS-H   ---------?--------------------?--?----?----                              227
CONSENSUS-O   --------ATa----tht-?K------D------Q---?--R-S----R--R--L--L-TliQN.----n    529
CONSENSUS-U   ------??-??--?-----?-??----N-------------Q--------------------ES.-----    496
CONSENSUS-CPZ --------???--?-?-?-??------?---?---?-----Q-S?--V------?----?--?-.--?-?    279

                 *     *      ^^^            ^^^      ^^^         ^^^
CONSENSUS-A   IWGCSGKlICtTnVPWNsSW.........S.Nks??dIWdnMTWlqWdKEisnYT?iIY?.LiEesqnqQ    586
CONSENSUS-B   ------------a----a--..........-?---l-?--?----me-er--d----l--t.---------    603
CONSENSUS-C   ------------a------.........-.---q---------m---r------dt--r?-L-d-----    597
CONSENSUS-D   -------h------------.........-.-r-L-e--?----mE-ER--d---Gl--s.------?--    589
CONSENSUS-E   L------I----A-----t-.........-.-r-fEE--n----iE-eR------Nq--e.ILT------    636
CONSENSUS-F   L--------------------.........-.---qEe--?----ME-e------SnE--R.---?-----    603
CONSENSUS-G   ----------------t--.........-.---fnE-------Ie-eR--N----q--n.-l----?--    606
CONSENSUS-O   L---K-----Y-S-K--?t-?G.........???neS---?L--Q---qq-n-vSS?--e.e-Q?A-?--    580
CONSENSUS-U   L-----------T------.........-.---LVTL---L--ME--R------QV--G.-L-D--K--    555
CONSENSUS-CPZ L---??-??-?-T----N--??????????.???--?--?-?--Q?--?LV?-?-G?-?-.?L??A??--    312
```

```
                                                                                \/ 3'sj
CONSENSUS-A   EkNEqdLLaLDkWanLwnWFdIsnWLWYIriFimIVGGLIGLRIvfaVlsiInRVRqGYSPlSFQtltp?    655
CONSENSUS-B   -----e--e-----s-----?-t------k---------v-----------v--------------?l-a    671
CONSENSUS-C   ----k------s-?------?-t?-----k--------------i------V----------------n    664
CONSENSUS-D   -----e--?-----S-----s-T?-----k--------------------lV---------------l-a    657
CONSENSUS-E   DR--K---e-----S-------T------K--------------i------V--------------p?Hh    705
CONSENSUS-F   -----e-------S--------------K---------------------V----K------?--hi-S    672
CONSENSUS-G   -------------?S--s--s---------------------k--------V--------------?HH    674
CONSENSUS-O   ----K?--E--E--Si---l--TK-----K-A-I---A---v-ViMI--NlVKNI----Q---L-IP??h    647
CONSENSUS-U   --S-K---E-----S-----G-T------K----------------T-F-----------------L-T    625
CONSENSUS-CPZ -?-???-?E--?-?S-------T?-----K--?-?--?I?----?????-??R?-----?---?-????-    355

                      <- tat cds                        *
CONSENSUS-A   pr??pdRperIeeeGG.eQdrdRSirLVsGFLalAWDDLRsLCLfsYHrLRDfilI.a.ar.tVelLghs    719
CONSENSUS-B   --g.-----g------.-r-----g---?-----i-----------------Ll--?v?--?i-----rr    735
CONSENSUS-C   --G----lg-------.----------------------------------------.-.--.a-----r-    729
CONSENSUS-D   --g.-----g------.--G--------n--s--i-----n-----------l---.-.--.I-----R.    721
CONSENSUS-E   Q-E.---------g--.--G----V-------------------------------.-.--.--------    770
CONSENSUS-F   --E.-----g---G--.--Gk---V---n-----v-----N------rH---?---.-.--.I-?.....    730
CONSENSUS-G   Q-e.-----g---G--.----------------------------------------.-.--.------Rn    739
CONSENSUS-O   q?E.agT-G-TG-g--.-e--p-Wtp-Pq---?-LYT---TII-Wt--L-SNLaSg.I..........qk    702
CONSENSUS-U   --G.----G-T-----.-E-NN--V---N-------E------I--------L---.V......-KG-R..    685
CONSENSUS-CPZ Q?-.?????E-?-?--.??--?-???-??-???-?-----N-GIW--QS-TSLACN.V.W-##LKT---L    398

                                          <- rev cds
CONSENSUS-A   slkglrlg.......weglkYL.wNLllyWgrELK?SAinLldtiAiavAgwtDRvIEigQrigRAilnI    780
CONSENSUS-B   ?....??-.......--a---w.----q--sq---n--vs--nat-----Eg------vv--a?----h-    789
CONSENSUS-C   --r--qr-.......--a----.Gs-vq---l---k---S----------EG---i--??---?---?--    787
CONSENSUS-D   ......R-.......--a----.----q--?q---n---S----------Eg---?--?v--a?--v-h-    773
CONSENSUS-E   ------R-.......-------.G-------Q---I---S--naT-------------VA-gaW----h-    832
CONSENSUS-F   .?R---R-.......--A--l-.G--t----Q---N---s--N-T--v--Eg---?-?AL--?-------    787
CONSENSUS-G   i-------.......-------.--------q---N-----?--------N-------vv--aC------    800
CONSENSUS-O   lI?y-g--LWIlGQktIeaCR-c?Av?Q--LQ--qn--T-----?-V---N---gi-lGi----?G----    767
CONSENSUS-U   ......R-.......--A----.G--V----Q---N---S--NAT--V--EG---I--V----C------    741
CONSENSUS-CPZ I-HS---L.......R-R-CL-.GGIIQ---K---I---S---AT-----EG---I--AF-VTL-I-R--    460

CONSENSUS-A   PrRIRQGlEraLl$                                                           793
CONSENSUS-B   -?------------                                                           801
CONSENSUS-C   -------F-a--q-                                                           800
CONSENSUS-D   -?------------                                                           785
CONSENSUS-E   --------------                                                           845
CONSENSUS-F   -?-----?------                                                           798
CONSENSUS-G   --------------                                                           813
CONSENSUS-O   ----------?--                                                            779
CONSENSUS-U   -------F------                                                           754
CONSENSUS-CPZ -------------                                                            473
```

Sequences in the *Nef* Alignment

COMMON NAME	LOCUS	ACC #	FIRST AUTHOR	REFERENCE
SUBTYPE A:				
U455	HIVU455	M62320	Oram,J.D.	ARHR 6, 1073 (1990)
IBNG	HIVIBNG	L39106	Howard,R.M.	ARHR 10: 1755 (1994)
SF1704	HIVSF1704	M81729	Evans,L.	PNAS 85, 2815 (1988)
SUBTYPE B:				
SF2	HIVSF2	K02007	Sanchez-Pescador,R.	Science 227, 484 (1985)
LAI	HIVLAI	K02013	Wain-Hobson,S.	Cell 40, 9 (1985)
NL43	HIVNL43	M19921	Buckler,C.E.	JVI 59: 284 (1986)
LW123	HIVLW123	U12055	Reitz,M.	ARHR 10, 1143 (1994)
GLNEF3	HIVGLNEF3	X63042	Harris,M.	ARHR 8, 537 (1992)
GLNEF5	HIVGLNEF5	X63044	Harris,M.	ARHR 8, 537 (1992)
GLNEF6	HIVGLNEF6	X63045	Harris,M.	ARHR 8, 537 (1992)
BRVA	HIVBRVA	M21098	Anand,R.	Virol. 168, 79 (1989)
MN	HIVMN	M17449	Gurgo,C.	Virol. 164, 531 (1988)
SC	HIVSC	M17450	Gurgo,C.	Virol. 164, 531 (1988)
BAL1	HIVBAL1	M68893	Gartner,S.	Science 233: 215 (1986)
JRCSF	HIVJRCSF	M38429	Koyanagi,S.	Science 236: 819 (1987)
JRFL	HIVJRFL	M74978	O'Brien,W.A.	Nature 348, 69 (1990)
NH53	HIVNH53	L07425	Weidt,G.	Unpublished (1992)
OYI	HIVOYI	M26727	Wain-Hobson,S.	AIDS 3: 707 (1989)
SF162	HIVSF162	M38428	Cheng-Mayer,C.	JVI 64, 4390 (1990)
CAM1	HIVCAM1	D10112	McIntosh,A.	Unpublished (1991)
NEF20BL	HIVNEF20BL	X64751	Steuler,H.	ARHR 8, 53 (1992)
NEF28BL	HIVNEF28BL	X64749	Steuler,H.	ARHR 8, 53 (1992)
NEF39BL	HIVNEF39BL	X64746	Steuler,H.	ARHR 8, 53 (1992)
NEF3BL	HIVNEF3BL	X64753	Steuler,H.	ARHR 8, 53 (1992)
NEF4BL	HIVNEF4BL	X64755	Steuler,H.	ARHR 8, 53 (1992)
SF33	HIVSF33	M38427	York-Higgins,D.	JVI 64, 4016 (1990)
SWB884	HIVSWB884	M58206	Delassus	JVI 65, 225 (1990)
HAN	HIVHAN	U43141	Sauermann,U.	ARHR 6, 813 (1990)
D31	HIVD31	U43096	Dietrich,U.	Unpublished (1992)
RF	HIVRF	M17451	Starcich,B.R.	Cell 45, 637 (1986)
YU10	HIVYU10	M93259	Li,Y.	JVI 65, 3973 (1991)
BCSG3C	HIVBCSG3C	L02317	Ghosh,S.K.	Virol. 194, 858 (1993)
P896	HIVP896	M96155	Collman,R.	JVI 66, 7517 (1992)
5021911	HIV5021911	U26077	Michael,N.L.	JVI 69, 6758 (1995)
5049501	HIV5049501	U26131	Michael,N.L.	JVI 69, 6758 (1995)
COL83A	HIVCOL83A	U17438	Kirchhoff,F.	Unpublished (1994)
E88NEF	HIVE88NEF	U43106	Reitz,M.	Unpublished (1993)
E90NEF	HIVE90NEF	U43108	Reitz,M.	Unpublished (1993)
E81NEF	HIVE81NEF	U43107	Reitz,M.	Unpublished (1993)
P102A13	HIVP102A13	L15476	Shugars,D.C.	JVI 64, 4639 (1993)
P164A22	HIVP164A22	L15482	Shugars,D.C.	JVI 64, 4639 (1993)
P166A10	HIVP166A10	L15488	Shugars,D.C.	JVI 64, 4639 (1993)
P171A10	HIVP171A10	L15493	Shugars,D.C.	JVI 64, 4639 (1993)
P175A01	HIVP175A01	L15496	Shugars,D.C.	JVI 64, 4639 (1993)
P179A18	HIVP179A18	L15498	Shugars,D.C.	JVI 64, 4639 (1993)
P192A13	HIVP192A13	L15504	Shugars,D.C.	JVI 64, 4639 (1993)
P226A12	HIVP226A12	L15508	Shugars,D.C.	JVI 64, 4639 (1993)
P227A16	HIVP227A16	L15510	Shugars,D.C.	JVI 64, 4639 (1993)
P233A17	HIVP233A17	L15515	Shugars,D.C.	JVI 64, 4639 (1993)
P248A01	HIVP248A01	L15518	Shugars,D.C.	JVI 64, 4639 (1993)

P357A01	HIVP357A01	L15523	Shugars,D.C.	JVI 64, 4639 (1993)
NE001	HIVNE001	M58173	Delassus,S.	JVI 65, 225 (1991)
BO1	HIVBO1	U16863	Huang,Y.	JVI 69, 93 (1995)
CD1	HIVCD1	U16869	Huang,Y.	JVI 69, 93 (1995)
D8511	HIVD8511	U16875	Huang,Y.	JVI 69, 93 (1995)
D881	HIVD881	U16880	Huang,Y.	JVI 69, 93 (1995)
D901	HIVD901	U16886	Huang,Y.	JVI 69, 93 (1995)
DH1	HIVDH1	U16892	Huang,Y.	JVI 69, 93 (1995)
E1	HIVE1	U16898	Huang,Y.	JVI 69, 93 (1995)
LM1	HIVLM1	U16909	Huang,Y.	JVI 69, 93 (1995)
LSS1	HIVLSS1	U16915	Huang,Y.	JVI 69, 93 (1995)
RP12	HIVRP12	U16921	Huang,Y.	JVI 69, 93 (1995)
RR1	HIVRR1	U16934	Huang,Y.	JVI 69, 93 (1995)
SF1	HIVSF1	M81729	Evans,L.	Unpublished (1990)
3202A12	HIV3202A12	U34603	Guillon,C.	ARHR 11, 1537 (1995)
3202A21	HIV3202A21	U34604	Guillon,C.	ARHR 11, 1537 (1995)
MANC	HIVMANC	U23487	Zhu,T.	Nature 3745, 503 (1995)
WEAU160	HIVWEAU160	U21135	Ghosh,S.	Unpublished (1995)
SUBTYPE D:				
ELI	HIVELI	K03454	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
NDK	HIVNDK	M27323	Spire,B.	Gene 81, 275 (1989)
Z6	HIVZ6	K03458	Srinivasan,A.	Gene 52, 71 (1987)
SUBTYPE O:				
ANT70C	HIVANT70C	L20587	Vanden Haesevelde,M.	JVI 68, 1586 (1994)
MVP5180	HIVMVP5180	L20571	Gurtler,L.G.	JVI 68, 1581 (1994)
SUBTYPE U:				
MAL	HIVMAL	K03456	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
Z321	HIVZ321	M15896	Srinivasan,A.	ARHR 5, 121 (1989)
CPZ:				
CPZGAB	SIVCPZGAB	X52154	Huet,T.	Nature 345, 356 (1990)

```
CONSENSUS-A MGGKWSKsSiVgWPeVrkRmRqT..............?PtAAkGVGAvSQD.....LDkhGAiTSSNt??     48
U455        -------K-R-E---------E-...............-A----------....---Y--V-----SS     50
IBNG        --------------K-M-----................----T----A---.....--R---------AQ     50
SF1704      -----------------E-I---..............P-------------....-----------..V     49

CONSENSUS-B MGgkwSk?s??gWp?vRermrra?????????????EpaadgVGAvSrd.....lekhGaiTssNtaa     46
SF2         -------R-MG--SAI-------EP...........RA-------------....--------------     54
LAI         -------S-VV---T--------.............................A---....--------------     50
NL43        -------S-VI---A--------.............................-------------....--------------     50
LW123       -------S-VI---T--------.............................-------A-Q-....--------------     50
GLNEF3      -------R.MG---A--D--Q--................----A--------....--------------     49
GLNEF5      -------..LG---T--------.............................-------------....--------------     48
GLNEF6      -------..LG---T-------T................-----R---A---....--------------     48
BRVA        -------..MA--ST--------EPARER.MRRAEPRA-------------....--------------     62
MN          -------R.VT---T--------EPA.............-L-------A---.....------L-------     52
SC          -------R-VV---T------KT.............................A---....------------P-     50
BAL1        -------S-IVV--A--K----T.............................-------------....--------------     50
JRCSF       -------H-VP--ST--------EPATDR.VRQT...----V--------....--------------     60
JRFL        -------R-VP--ST--------EPAADR.VRRT...----V--------....--------------     60
NH53        ----R--R-VT--FT--------.............................-------------....--------------     50
OYI         -------C-MK---TI----K--EL..........QPP----E----A---....--------------     55
SF162       -------R.MS--SA-----K--EP...........A-------------....--------------     52
CAM1        -------R-LG--SA-----Q--EP...........RA----E--------....--------------     54
HEI20BL     -------CT..--SA-----Q--EPA..........A----x--------....x-------------     52
HEI28BL     -------S-IV---N--------................T-A--------....x-R------N----     50
HEI39BL     -------R-RDD-TT------Q-EPAA...............----A--------....--R-----------     54
HEI3BL      ------x.xMA--xx--DxxIxT.................----E----A---.....x-------------     49
HEI4BL      -------S-MI---AI-D-----................----V----A---.....-D------N-----     50
SF33        -------SKM.---A-----K--.............................A---....------L-------     49
SWB84       -------S-MS---AI----KQ-.............................-------------....--------------     50
HAN         -------C-..---T-----KQ-EP...........................A---.....-K-----------T     50
D31         -------S-VV---AI----K--................----E--------....------------P-     50
RF          -------SKMG---A-----QK-.............................A---....-----T--------     50
YU10        -------R-MA---T--------EPAAER.MRRA....-------------.....--R-----------     60
BCSG3C      -------RMEG--HA--------.............................-------------....--------------     50
P896        -------RRAE--QTI-------------.....EPA....-------------.....-AR---------..T     51
5021911     -------L-..---T-----K-TEP...............----E--------....--------------     50
5049501     -------RM..--ST-------T.............................A---.....--N---L-------     48
COL83A      ----G--#-VV---TI-------.............................#......................     31
E88NEF      -------S-VV---TI-------.............................A---.....--R---L-----PT     50
E90NEF      -------S-VV---AI-------.............................A---.....--R---L-----P-     50
E81NEF      -------C-AV---T--------.............................A---....------------PT     50
P102A13     -------PRVS--SA--------EPA.............----E-------N.....--R----------S     53
P164A22     -------RLLS--AT------Q-................----E----A---....--------------     50
P166A10     -------TYWD--HV-------IEPAAE.RGRRA...----E----A---.....--R---------T-     60
P171A10     -------H-RVE-SK-----I-T.............................-------------....--------------     50
P175A01     -------TYWD--NI-------IEPAAE.RRRRA...----E----A---.....--R-----------     60
P179A18     -------S-VI---T----L---................-----R---A---....--------------     50
P192A13     -------RIGD--HI-------IEPAAE.RGRRA...----E----A---.....--R-----------     60
P226A12     -------PKIF---S--------.............................-------------....------------#.#     47
P227A16     -------PRMS--SA--------EPA.............----E--------....------L-------     53
P233A17     -------S-VI---T--------.............-----R---A---....--------------     50
P248A01     -------R-KNE--A-----Q--.............................A---....--------------     50
P357A01     -------R-VP--STI-------EPAA.........................A---.....--R---L-T---PG     54
NE001       -------S-MS---AI----K--.............................-------------....--------------     50
BO1         -------W-..--TN--------EPAA.............----K----A---....------------..T     50
CD1         -------R-VV---TI-------EP..RERMRRA....-------------.....-GN-----------     59
D8511       -------S-IV---AI-------.............RA....-------------....--------N-----     52
D881        -------S-IV---A--------.............RA....---------A---....------L-N-----     52
D901        -------S-IV---A--------.............RA.....---V-----A---....--------------     52
DH1         -------R-KVE--TI--K-K--................----E----A---.....---Y--L-------     50
E1          -------S-VV---AI-------.............................-------------....------------PT     50
LM1         --S----SIRA--ST--------.............................-------------....-----------A-H     50
LSS1        -------R-GV--STI-------................----E--------.....--Q-----------     50
RP12        -------S-VV---K--------................----V--------....------------T     50
RR1         -------S-KG---AI-------EP.......AA...----------A---....--------------     54
SF1         -------R-GV---T--------.............................-------------....------------T     50
3202A12     -------S-VI---T-----K--.............................-------------....--------------     50
3202A21     -------S-VV---AI----K--.............................-------------....--------------     50
MANC        -------SRKI---T-----KQVDPAEEGRKKQA...-----E--------....--------------     61
WEAU160     ---I---R-GS---AI----K--................----E--------.....-A----------..E     48
```

HIV1 NEF

```
CONSENSUS-D MGGkWSKSSiVGWPAIRERIRrT?????..........dPAADGVGAvSRD.....LEKHGAITSSNTas     50
ELI         ----------------------.............N------------....--------------     50
Z6          ---R-------------------DPRRT.........---------A---....------------RD     55
NDK         ---------L-----------K-..............-------------....--------------     50

CONSENSUS-O MGNA??K?KF?GW??VR?RMRR?.........???P???PCAPGVG??SRE.....LA?RGGI?SSHTPQ     38
ANT70       ----LR-G--E--AA--E----T.........RTF-ESE-------QI---......--A----P------     56
MVP5180     ----WS-S--A--SE--D----S.........SSD-Q.Q-------AV---......--T----S------     55

CONSENSUS-U MG?KWSK????GWP??RERIR?T???............PP???GVGA?SQD?????L?K?GA??SS??A?     31
MAL         --G----SSIV---KI-----R-................--TET----V---AVSQD-D-C--AA--SP-A     55
Z321        --N----.....---AV-----Q-PPA..............--AAE----A---......-A-H--IS--NT-T     49

CPZGAB      MGTKWSKSSLVGWPEVRRRIREA...............PTAAEGVGEVSKD.....LERHGAITSRNTPE     50
```

```
                 *       SH3-binding |  |  |  | SH3-binding
CONSENSUS-A tnpsCaWLE?Aqe?.d..e?.VGFPVRPQVPLRPMTYKgAvDLShFLKEKGGLDGLIyS?kRQEILDLWV    110
U455        --A------.---..E..GD.-----------------A-F---F-------------H-Q----------    114
IBNG        ---D-----.---..-..-N.----------------------------------------K----------    114
SF1704      NH---T---S-KG#.-..-G.----------------------------------------RR---------    114

CONSENSUS-B tNadcaWle.aqE?.e??ee?vgFpvrPqVpLRPmtykaA?DlShFlkekGGLeGli?sqkRQdILdlwv    108
SF2         ---------.---..-..--.-------------------L-I---------------W--R--E-----I    118
LAI         ---A-----.---..-..--.-----T-------------V----------------H--R--------I    114
NL43        N--A-----.---..-..--.-----T-------------V----------------H--R--------I    114
LW123       ---------.---..-..--.-----T-------------V----------------H--R--------I    114
GLNEF3      ---------.---..-..--.-------------------V---------------VH------------    113
GLNEF5      ---A-----.---..-..--.-----T-------------V---------------TY-----------I    112
GLNEF6      ---A-----.---..-..--.-----T-------------V----------------H--R--------I    112
BRVA        ---------.---..D..--.-----K-------------V----------------H--Q---------    126
MN          ---------.---..-..--.-----K-------------L------------D---Y------------    116
SC          N--------.---..-..--.-------------------V--------Q------#H--R--------I    113
BAL1        N--------.---..D..--.----------------RS--I-----F-K--------H------------    114
JRCSF       ---------.-Y-..D..--.-------------------I----------------Y-----------I    124
JRFL        ---------.---..D..--.-----------------G-V----------------H------------    124
NH53        N---V----.---..-..--.-------------------V--------T-------F-----E-----I    114
OYI         ---------.---..D..--.-----------------G-L----------------Y------------    119
SF162       N--------.---..D..-D.-------------------L----------------Y-----------I    116
CAM1        ---------.---..-..--.-------------------L-I------------I-Y--R--------I    118
HEI20BL     ---------.---..D..--.---------x-------G-L--------N------VY--R--E------    116
HEI28BL     ---------.---..-G.--.-----x--------x--G-x------R--------VY--x----------    115
HEI39BL     ---------.---..D..--.----------------SR--R------------D-M-Y-----E------    118
HEI3BL      ---------.---..x..-x.-----------------G-L--------------I-Y------------    113
HEI4BL      N--------.---..G..--.-------------------V----------------W------------    114
SF33        ---------.---..D..--.-----K-------------L----------------VY-----------I    113
SWB84       ---------.---..-..--.----------------RR--I------R--------VH-----E------    114
HAN         N--A-----.---..-..--.E----------------G-L----------------Y-P---E------    114
D31         ---A-----.---..-..--.-----K-------------V----------------VH------------    114
RF          N--A-T---.---..DED--.----------------F---V------------D--VF------------    116
YU10        ---------.---..-..--.----------------H---M----------------H--Q---------    124
BCSG3C      N--------.---..-..--.-------------I-----V-I--------------F--R--------T    114
P896        N---I----.---..-..G-.-------------------V----------------VH------------    115
5021911     ---A-----.---..-..--.-------------------W---F------------H--R--------I    114
5049501     S--------.---..S..--.-----------------G-L--------Q-------H------------    112
COL83A      ............................M---------G-V----------------Y------------     73
E88NEF      N--A-----.---..-..--.-----K-----------G-V----------------VH--R--------I    114
E90NEF      N--A-----.---..-..--E-----K-----------G-V----------------VH--R---------    115
E81NEF      N--------.---..-..--.----I------------G-V----------------H--R---------    114
P102A13     ---A-----.---..-..--.-------------------V--------L-------H--R--E------    117
P164A22     ---A-----.---..-..--.---L----------------I-M----------D---Y-----E------    114
P166A10     ---------.---..D..G-E-------------------I----------------YC-Q---------    125
P171A10     ---------.---..D..--.I----K-----------G-V----------------Y-----------I    114
P175A01     ---------.---..D..G-E-------------------I----------------YC-Q------M--    125
P179A18     ---A-----.---..-..--.-----T-------------V----------------H--R--------I    114
P192A13     ---------.---..D..G-E-------------I-----L----------------VYC-Q---------    125
P226A12     N--A-V-V-.---..-..--.-------------------V--------M-----M-H--Q----------    111
P227A16     N--A-----.-R-..-..--.-----------------G-L----------------Y------------    117
P233A17     ---A-----.---..-..--.-----T-------------V----------------H--R--------I    114
P248A01     ---G-----.---..-..--.-------------------V------------D---Y------------    114
P357A01     ---A-----.---..-..--E-----------------G-L----------------H-----G------    119
NE001       ---------.---..-..--.----------------RR--I------R--------VH-----E------    114
BO1         N--A-----.---..-..--.-------------------V----------------H--R--------I    114
CD1         N-T------.R--..-..--.-------------------V----------------VY--------N---    123
D8511       N--------.---..-..--.-----------------G-L----------------Y------------    116
D881        N---------.T--..-..--.-----K-----------G-L----------------F------------    116
D901        N--------.---..-..--.-----------------G-L----------------Y------------    116
DH1         N--A-----.---..-..--.-S----------------G-L----------------Y--R-------$-    113
E1          N--A-----.---..-..--.-----------------G-L----------------Y------------    114
LM1         N--------.---..-..--.-----------------G-L--------E-------Y--R---------    114
LSS1        N-P------.---..-..--.--------------S----V-I--------------H-----------I    114
RP12        N--------.---..-..--.-----K-------------V----------------Y------------    114
RR1         ---------.---E.-..--.-------------------V----------------VY------------    119
SF1         N--------.---..-..--.-----------------G-V----------------H------------    114
3202A12     ---------.---..D..--.-----K-----------G-L----------------Y--R--------I    114
3202A21     ---------.---..D..--.-----K-----------G-L----------------Y--R--------I    114
MANC        ---------.---..-..--.----------------F-G-L------R--------VY------------    125
WEAU160     N----V--K.---..D..--.-------------------H-----$                          88
```

HIV1 NEF

```
                 *       SH3-binding |  |  |  | SH3-binding
CONSENSUS-D TNadCAWLE.AQE..ES.eE.VGFPVRPQVPLRPMTYKeAvDLSHFLKEKGGLEGLIWSKKRQEILDLWV    115
ELI         ---------.---..--.D-.-------------------L-----------------------------    115
Z6          ---------.---..--.--.-----------------L------------------------------    120
NDK         --DT-----.---..--.--.-----------------------------------------------    115

CONSENSUS-O NNAALAFL?.SH?..?..E?.VGFPV?PQVPLRPMT?K?AFDLSFFLKEKGGL?GLIYSHKRAEILDLW?     93
ANT70       --------E.--Q..E..-E.-----A---------Y-G--------------E---------------V    120
MVP5180     --------D.--K..D..-D.-----R---------F-A--------------D---------------I    119

CONSENSUS-U NN??C???E.??E..E?.EE.VGFPVRPQVPLRPMT?KGAFDLS?FLKEKGGLDGL??S?KRQEILDLWV     83
MAL         --AS-...-.PP-..-E.--.---------------Y-------H-----------VW-P----------    117
Z321        --PD-AWL-.AQ-..-S.--.---------------F-------F-----------IY-K----------    114

CPZGAB      TNQTLAWLE.EMD..N..EE.VGFPVRPQVPTRPMTYKAAFDLSHFLKEKGGLEGLVYSRRRQEILDLWV    114
```

```
                                          SH3-binding
                                       *    |  |
CONSENSUS-A YnTQGfFPDWQNYTPGPGtRf.PLTFGWCfKLVPvDPaEVE.eat?GEnNSLLHPICQHGmdDe?revLm    176
U455        -H----------------I-Y.-------Y-----------.---G--------------V---EK----    182
IBNG        ----------------------.------------M------.--NE---------------E-DD----I    182
SF1704      -----Y---------------.---------------E---.KD-V--T---------------K-KT--    182

CONSENSUS-B yhTQGyFPDwqnyTpgPg?ry?PLtfgWcfkLVPvepekve.eanegennsLlHPmslHgmddpErevl?    174
SF2         ------------------I--.-------------------.-------------------E-A-K---V    186
LAI         ------------------V--.-------Y-------D---.---K---T-----V-------------E    182
NL43        ------------------V--.-------Y-------D---.---K---T-----V-------------E    182
LW123       ------------------I--.-------Y---------L-.---K---T-----V-------------E    182
GLNEF3      --------------S---V-F.---------------D---.---K---T-----V----------G--E    181
GLNEF5      -----------KD-----V--.----------------I-.---K---------------E-A-G---E    180
GLNEF6      ---------$--------V--.-------Y-------D---.---K---T-----V-------------E    179
BRVA        ------------------V--.------------------I-.---------------Q-----------Q    194
MN          ------------------I--.------------------I-.---K----C------Q--#-------x    182
SC          ------------------I--#--C----------K---I-.-------------------E-------E    181
BAL1        ------------------T-F.-------------------.--------C-S------------K---A    182
JRCSF       --------------A---V-F.-------------D-----.--------C------Q-------K---V    192
JRFL        ------------------I-F.-------------------.--------C------Q--IE---K---E    192
NH53        ------------------I--.-------------G-DE--.......-S-----A----TE-T-----K    176
OYI         ------------------I--.--C---------MD-DQ--.-------------I---------K---V    187
SF162       H-----------------I--.-------------D-DY--.---A-----------Q-------K---V    184
CAM1        ------------------I--.-----------------Q--.---KR--A-------Q-------K---M    186
HEI20BL     ------------------I--.-------------D--Q--.K-------C------Q---x---K-x-M    184
HEI28BL     -N----------------V-W.--------------A----.--------K---------x--------V    183
HEI39BL     ------------------T--.-------------D-D---.-D-K----C------Q-------K---Q    186
HEI3BL      ------------------V--.---------------xE--.K-----R-C----x-----E-T-G---R    181
HEI4BL      ------------------V-F.-------------x---x-.-------x-----I-----E---N---E    182
SF33        ------------------V-F.-------------------.-------------------E---K---V    181
SWB84       ------------------T-W.---P---------------.-------------------E---K---V    182
HAN         ------------------V--.---------------D..-.-....--S-----A----TE-T-----K    176
D31         ------------------T-F.-------------K--Q--.---------------------------V    182
RF          ------------------T--.---------------D---.--T----------IC--------K---V    184
YU10        ------------------T-W.-----------------I-.---A----C------Q-----------E    192
BCSG3C      ------------------I--.-------------D---I-.---------------Q-----------E    182
P896        -----F------------I--.-------Y-------DEG-...-NR-D------ANQ--VE-S--Q--V    181
5021911     ------------------T-F.-------------K-----.--------C----------E---K---Q    182
5049501     ------------------T-F.-------------------.---KE---------------------M    180
COL83A      ------------------T-F.-------#----L--G---.--D---S--------------------V    140
E88NEF      ------------------T--.-------------------.--------K----V-------------V    182
E90NEF      -N----------------T--.-------------------.--------K----V-------------V    183
E81NEF      ------------------I--.-----------------I-.--------R-----------N------E    182
P102A13     ------------------I--.----------------E--.K-T-----C-----NQ-------K---M    185
P164A22     ------------------V--.-------Y-----DQ-Q--.K-D----------I---------G---M    182
P166A10     ------------------I--.--------------Q----.--T-----C----I-Q---E-------V    193
P171A10     H-------------K---V--.--------$------D---.--KS---TN--------------G---M    181
P175A01     ------------------V--.--------------Q----.--S-----C----I-Q---E-S-----V    193
P179A18     ---------$--------V--.---S--RY-------D---.---K---T-----V-------------E    181
P192A13     ------------------I--.--------------Q----.--T-----C----I-Q---E-------V    193
P226A12     ------------------I--.----------------Q--.--TQ----C-----NQ-----A-K---Q    179
P227A16     ------------------I--.----------------EI-.K-T-----C-----NQ-----------Q    185
P233A17     ---------$--------V--.-------Y-------D---.---K---T-----V-------------E    181
P248A01     ------------------I--.----------------D---.----K-T-R----I---------K---Q    182
P357A01     ------------------I--.------R------D-D---.-------------V---------K---E    187
NE001       ------------------T-F.----------------Q--.-------------------E---K---V    182
BO1         ------------------V--.-----------------I-.K--------------Q-----T-----E    182
CD1         ------------------I--.------------------K.--------I----------N-------E    191
D8511       ------------------T--.-------------------.--------C--------------K---Q    184
D881        ------------------I--.-------------------.--SA----C----I---------K---Q    184
D901        ------------------T--.-------------------.-V-A---HC--------------K---Q    184
DH1         ---------------R-RTGF.--C-R--------D-DQ--.K----------------EV----K---M    181
E1          ----------C------I--.------------------R--.-------------------E-S-----E    182
LM1         ------------------T--.------------I---E--.K-------C----------E---K---V    182
LSS1        ------------------I--.-------------D---I-.---------------Q-------K---Q    182
RP12        ------------------T-F.--------------Q-E--.K-T-----R----------E---K---A    182
RR1         -N----------------I--.-----------------I-.-------------------E-------E    187
SF1         -----F----H-------I--.-----------------I-.-----------------------K---E    182
3202A12     ------------------I--.--------------Q--I-.---------------Q-----------E    182
3202A21     ------------------I--.--------------Q--I-.---------------Q-----------E    182
MANC        --------------R---I--.--A----------D--Q--.-----------------------K---V    193
```

HIV1 NEF

```
                                          SH3-binding
                                        *     |  |
CONSENSUS-D YNTQGIFPDWQNYTPGPGIRY.PLTFGWCfeLVPVDPqEVE.EaTEgEtNcLLHP?CQhGMEDpERqVLk    182
ELI         ----------------------.-------Y-----------.-D------S----I--------------    183
Z6          ----------------------.---------------R---.-------------V-------T--E---    188
NDK         ----------------------.--------Q----------.----R-D------M--Q----------M    183

CONSENSUS-O Y?TQGFFPDWQ?YTPGPG?RF.PLTFGWLFKLVPVS?EEAERLGNT?E?A?LLHPAC?HG?ED?H?EIL?    150
ANT70       -N---------N------T--.--------------E---------C-R-N------A--F--T-K---M    189
MVP5180     -H---------C------P--.--------------A---------N-D-S------N--A--A-G---K    188

CONSENSUS-U YHTQG?FPDW?NYTPGPG?R?.PL?FGWCFKLVP??P?EVE.EAN?GENNCLLHP?SQHGM?D?EREVL?    138
MAL         -----Y----Q-------I-F.--T---------MS-E---.---E---------I-----E-A-----K    185
Z321        -----F----H-------T-Y.--C---------VD-R---.---T---------M-----D-D-----M    182

CPZGAB      YHTQGFFPDWQNYTTGPGTRF.PLCFGWCFKLVPLTEEQVE.QANEGDNNCLLHPICQHGMEDEDKEVLV    182
```

```
CONSENSUS-A WkFDSrLAlkHrA?ElHPEfY.KDC$                                  199
U455        -----T-------Y-------.--                                   205
IBNG        -R------FR-T-R-----Y-.----                                 206
SF1704      -------------Q-M-----.---                                  206
                                     *
CONSENSUS-B WrFDsrlAfhhmarelhpeyy.Kdc?TSMCLQGTFRWGISREARLGGTGEWRALRCCI 230
SF2         -----K---------------.---                                  210
LAI         -----------V--------F.-N-                                  206
NL43        -----------V--------F.-N-                                  206
LW123       -----------V--------F.-N-$                                 206
GLNEF3      -----------V--------F.-N-$                                 205
GLNEF5      -K-------------K----F.-N-$                                 204
GLNEF6      -----------V--------F.-N-$                                 203
BRVA        ----------------------.-N-                                 218
SC          ----N---------D------.---L--------------------------------238
BAL1        -K---S-----V---                                            197
JRCSF       -K---K--L--V---------.---                                  216
JRFL        -----K-----V---------.---                                  216
NH53        -----H---------------.---$                                 200
OYI         -K-------R-----V-----.---                                  211
SF162       ----------------------.---                                 208
CAM1        -K-------------K---F-.---                                  210
HEI20BL     -K----x-xx-----x---F-.---                                  208
HEI28BL     -K------Y--------x---.---                                  207
HEI39BL     -K---Q-----V---------.---                                  210
HEI3BL      -K---x-----V---------.-x$                                  204
HEI4BL      ----------------------.---                                 206
SF33        -K---H---R-----------.---                                  205
SWB84       -K---S-----K---------.---                                  206
HAN         -K---H-----K---------.---                                  200
D31         ---------K-----------.-N                                   205
RF          -K---------V---K-----.---                                  208
YU10        -----------V---------.-N$                                  215
BCSG3C      ----------------------.-NR                                 206
P896        -----------V--------F.-N$                                  204
5021911     -K---S--RR------Y---F.-N$                                  205
5049501     -K---------V---------.-N$                                  203
COL83A      ---------N-----------.-N-$                                 164
E88NEF      ----------------------.-N$                                 205
E90NEF      -----------V---------.-N$                                  206
E81NEF      ----------------------.-N-$                                206
P102A13     -K-------Y-T---K-----.---$                                 209
P164A22     -K---------I---K-----.---$                                 206
P166A10     -----------V---------.-N$                                  216
P171A10     -E---------V---------.-N$                                  204
P175A01     ----------QL---------.-N$                                  216
P179A18     -----------V--------F.-N-$                                 205
P192A13     -----------V---------.-N$                                  216
P226A12     ----------L----K----F.---$                                 203
P227A16     -K-------------------.---$                                 209
P233A17     -K---------V--------F.-N-$                                 205
P248A01     -K-------------------.-N$                                  205
P357A01     -----------V---K-----.---$                                 211
NE001       -K---S-----K---------.---$                                 206
BO1         -------------Q--Y----.-N-$                                 206
CD1         -K-------------------.-N$$                                 214
D8511       -K-------------------.---$                                 208
D881        -K-------------------.---$                                 208
D901        -K-------------------.---$                                 208
DH1         -K-------------------.---$                                 205
E1          ----------------------.---$                                206
LM1         -K-------N-----------.-N-$                                 206
LSS1        -K---------V---------.-N$$                                 205
RP12        -----------V---------.---$                                 206
RR1         -----S-----R---K--D--.-N-$                                 211
SF1         --------------K------.-N-$                                 206
3202A12     ----------------------.---$                                206
3202A21     ----------------------.---$                                206
MANC        -K---------VPD-------.---$                                 217
```

HIV1 NEF

```
                                    *
CONSENSUS-D WRFNSRLAfEHKAREmHPEFY.KdC                                   206
ELI         ---------------------.-N                                   206
Z6          ---------------------.---                                   212
NDK         --------L------L-----.---                                   207

CONSENSUS-O W?FDRSLG?TH?A???HPELF?K?                                    166
ANT70       -K------N--V-MIT-----Q-D                                    213
MVP5180     -Q------L--I-LQK-----P-$                                    211

CONSENSUS-U WKFDSSLA??H?ARE?HPE?Y.KDC                                   157
MAL         --------LR-R---Q---Y-.---                                   209
Z321        --------RK-L---M---F-.--                                    205

CPZGAB      WRFDSRLALRHIAREQHPEYY.KD                                    205
```

```
CONSENSUS-A MGGKWSKsSiVgWPeVrkRmRqT..............?PtAAkGVGAvSQD.....LDkhGAiTSSNt??     48
CONSENSUS-B -------?-??---?--e---ra?????????????-Ep--d------r-......-e----------aa     46
CONSENSUS-D --------------AI-E-I-r-?????..........dP--D------R-......-E----------as     50
CONSENSUS-O --NA??-?KF?--??--?---R?.........???P?-?PC-P---??-RE.....-A?R-G-?--H-PQ     38
CONSENSUS-U --?----????---??-E-I-?-???............-P???----?---?????-?-?--??--??A-     31

                *       SH3-binding |  |  |  | SH3-binding
CONSENSUS-A tnpsCaWLE?Aqe?.d..e?.VGFPVRPQVPLRPMTYKgAvDLShFLKEKGGLDGLIyS?kRQEILDLWV    110
CONSENSUS-B --ad-----.----.e??-e?-----------------a-?------------e---?-q---d------    108
CONSENSUS-D --ad-----.---..ES.-E.-----------------e--------------E---W-K----------    115
CONSENSUS-O N-AAL-F-?.SH?..?..--.-----?---------?-?-F---F--------?-----H--A------?     93
CONSENSUS-U N-??-???-.??-..E?.-E.---------------?---F---?-----------??------------     83

                                          SH3-binding
                                        *     |  |
CONSENSUS-A YnTQGfFPDWQNYTPGPGtRf.PLTFGWCfKLVPvDPaEVE.eat?GEnNSLLHPICQHGmdDe?revLm    176
CONSENSUS-B -h---y------------?-y?-------------e-ek--.--ne---------msl-----pE----?    174
CONSENSUS-D -----I------------I-Y.--------e------q---.---E--t-c----?-----E-pE-q--k    182
CONSENSUS-O -?---------?------?--.------L------S?E-A-RLGNT?-?A?----A-?--?E-?H?-I-?    150
CONSENSUS-U -H---?----?-------?-?.--?---------??-?---.--N-----C----?S----?-?E----?    138

                                    *
CONSENSUS-A WkFDSrLAlkHrA?ElHPEfY.KDC$                                                199
CONSENSUS-B -r------fh-m-r-----y-.---?TSMCLQGTFRWGISREARLGGTGEWRALRCCI                 230
CONSENSUS-D -R-N----fE-K-R-m-----.---                                                  206
CONSENSUS-O -?--RS-G?T-?--??---LF?-?                                                   166
CONSENSUS-U -----S--??-?-R-?---?-.---                                                  157
```