		Percentage of presence of k-mers according to HIV subtypes											
AACCAG - ACCAGA -	99 99	99 100	80 91	81 25	99 99	97 98	62 84	99 100	31 86	100 100		- 100	
AGAGCG - TATTTG -	98 99	99 96	0 87	32 72	97 97	34 63	34 51	94 94	15 66	99 95			
GCTAGA - GATGGG -	95 100	79 100	65 99	9 42	95 100	54 47	31 54	99 100	34 81	100 100			
TGGGTG -	99 92	100 96	88	14 5	99 95	94	30 31	99 97	65 12	100 90			
TGCGAG - GAGCGT -	96	99	1	7	96	33	35	94	12	99			
GCGTCA - AGTATT -	98 100	99 100	0 98	65 95	97 99	94 35	34 63	94 100	17 95	98 100			
AAAGGC - GAAAAT -	99 100	97 100	6 99	8 100	98 100	90 99	50 92	99 100	29 91	99 100			
AGGTTA - GGGGGA -	93 100	94 100	4 94	5 24	88 100	38 94	62 81	67 100	20 87	84 100			
ATATGT - TTAATA -	99 100	98 100	17 99	39 97	99 100	75 98	53 66	99 100	34 82	99 100			
TTTTGG -	97	97	11	12 22	92	81	68	88	49	92			
TCAGAA - AACACA -	100 99	100 93	91 6	74	100 97	68 97	<b>81</b> 49	100 99	85 37	100 98		- 80	
AGTAGC - GAAGAA -	99 100	100 100	58 99	100 100	99 100	99 100	61 92	100 100	67 97	100 100		80	
GGAGCC - CACAAG -	99 100	100 100	24 15	98 100	99 100	95 98	50 62	100 100	55 65	99 100			
CATGCT - AATACA -	35 100	34 100	0 97	46 100	75 100	9	90	92 100	36 86	73 100			
CCATCA -	98	99	81	70	99	35	73	99	61	98			
AAATTG - CCCACC -	100 98	100 98	97 2	100 100	100 99	100 39	98 54	100 97	99 67	100 99			
ATTTTG - ACAAGG -	99 100	99 100	3 19	96 44	96 100	98 81	35 71	98 100	26 73	98 100			
ATTCTA - TGGCTG -	98 98	94 99	80 10	73 99	96 99	96 94	70 40	98 99	41 34	97 100			
ACTGTG - AGGGAA -	96 100	89 99	3 63	54 78	62 100	97 72	41 71	65 100	17 77	64 100			
ACCAAA - AATGAA -	100 100	100 100	88 42	9 98	100 100	65 99	76 51	100 100	83 75	99 100			
CCTTCC -	93	90	0 98	8 100	96	91	33	92 100	58	94 100			
GAAGCA - GACCCC -	100 99	100 99	81	96	100 97	79 33	72 58	99	73 82	86		- 60	
ACTTAT - AGCTTG -	91 85	92 92	5 42	42 90	94 90	68 39	23 28	93 97	22 44	90 80		00	
CACACT - CCATTA -	94 93	94 63	5 84	91 96	92 96	30 31	15 48	99 99	30 72	97 98			
ACGAAA - ACTCCA -	41 99	69 99	2 97	9 27	38 99	19 58	14 55	44 99	9 66	33 99			
TCAGAG -	97 90	99 98	81 80	68 85	98 94	45 51	67 48	99 96	82 81	97			
GGATGT -	82	37	4	93	90	95	6	87	19	95 94			
S GGTCAC - TO ACCCCC - ACCAGAA -	100 75	100 35	36 15	100	100 39	99 33	24 24	100 29	41 11	100 61			
	100 97	100 94	100 11	100 97	100 92	100 97	83 18	100 98	98 20	100 95			
ATGACC - GACCCA -	97 99	96 99	90 90	91 99	99 99	99 58	57 59	99 99	33 49	99 99			
CTAATG - TGATGT -	99 96	98 98	5 5	55 93	93 97	68 81	12 21	98 99	20 28	98 96			
TGGAGC -	95 66	99	9	33 46	97 82	40	12 14	99 78	9 8	95 75			
ATTACT - TGGCTA -	99	98	2	9	98	46	6	96	9	96		- 40	
CATGGA - GGACAA -	100 100	100 100	98 18	99 93	100 99	99 98	95 37	100 99	81 41	100 100		10	
TGTAGC - GCCAGT -	98 99	91 100	16 17	48 20	85 100	34 95	17 26	98 100	16 27	97 99			
GGGGGT - AGGTAG -	98 100	98 99	24 14	93 86	97 97	68 38	13 27	99 99	26 30	97 99			
GGACTA - ATAGTT -	98 99	90 77	6 57	17 99	77 99	74 97	26 42	74 99	10 62	68 100			
GGGTGG -	96	99	4	95	98	93	20	99	22	99			
GCATTT - ACTGAG -	97 89	95 98	83 75	36 37	99 95	34 96	62 54	99 99	71 65	99 96			
GACCCT - TAGTGT -	96 95	84 95	3 11	23 92	93 97	97 51	21 6	98 96	14 22	96 97			
CAACCC - CCCCAG -	93 96	97 97	2 6	78 18	91 95	34 83	29 21	96 91	29 13	86 87			
ATTTAT - TCTGTT -	94 68	99 84	61 94	17 77	98 90	99 35	49 25	99 98	49 57	98 97			
CATGTG - CTAAAG -	99 99	99 99	2 68	100 100	99 100	96 99	13 35	99 100	21	99 100			
ATGTGT -	96 79	95 93	2 10	93 68	97 89	97	7 22	93 97	22	96 97		- 20	
TAATGC - TAGGCC -	39	70	2	6	69	34 22	9	71	18	72			
TCTGGC - CAATGC -	81 85	89 96	0 4	74	87 91	92 94	10 31	98 91	49 21	85 87			
TGGGCG - CCTTGA -	99 94	99 95	3 0	99 7	99 86	96 32	8 8	99 97	15 8	99 83			
TTGATC - GGTCTC -	69 82	98 66	0 0	7 4	85 69	28 30	9 7	88 80	6 3	77 56			
GATGGT - TGCCCG -	95 17	91 16	10 0	76 1	96 33	89 7	42 0	98 41	27	96 52			
CCCTCT -	50	67	1	12	79	96	25	66	27	87			
CGATAG - TGAGTT -	7 56	18 36	0 12	3 37	25 80	36 5	2	37 88	43 15	31 83			
GGTAGC - TGCCCC -	91 89	98 36	3 1	26 99	94 82	8 99	13 24	92 94	12 24	91 76			
TACCTT - AGTGTC -	51 32	44 35	2 1	40 90	57 43	32 12	6 1	81 39	5 15	79 68			
TGAGCT - ATGCGC -	32	59 15	5	1 36	21 21	32	15 0	29 4	7 0	20 5			
GGCGCG -	53	59	0	3	35	81	4	11	0	11		- 0	
	AFR	ASI	CAM	CRB	EUR Tar	FUS get	MEA	NAM	OCE	SAM			