Sequences in the *Rev* Alignment

COMMON NAME	LOCUS	ACC #	FIRST AUTHOR	REFERENCE
SUBTYPE A:				
ROD	HIV2ROD	M15390	Clavel,F.	Nature 324, 691 (1986)
NIHZ	HIV2NIHZ	J03654	Zagury,J.F.	PNAS 85, 5941 (1988)
ISY	HIV2ISY	J04498	Franchini,G.	PNAS 86, 2433 (1989)
ST	HIV2ST	M31113	Kumar,P.	JVI 64, 890 (1990)
BEN	HIV2BEN	M30502	Kirchhoff,F.	Virology 177, 305 (1990)
CAM2	HIV2CAM2	D00835	Tristem,M.	J. Gen. Virol. 72, 721 (1991)
D194	HIVD194	J04542	Kuehnel,H.	PNAS 86, 2383 (1989)
GH1	HIV2GH1	M30895	Hasegawa,A.	ARHR 5, 593 (1989)
KR	HIV2U22047	U22047	Kraus,G.K.	PNAS 90, 4226 (1993)
UC2	HIV2UC2	U38293	Barnett,S.W.	Unpublished
SUBTYPE B:				
UC1	HIV2UC1GNM	L07625	Barnett,S.W.	JVI 67, 1006 (1993)
EHOA	HIV2EHOA	L14545	Rey-Cuille,M.A.	Virology 202, 471 (1994)
D205	HIVTRENGE	X61240	Dietrich Et Al,U.	ARHR 8, 1619 (1992)
SUBTYPE SD:				
MM251	SIVMM251	M19499	Franchini,G.	Nature 328, 539 (1987)
MMP11	SIVMMP11	M72323	Colombini,S.	PNAS 86, 4813 (1989)
MM32H	SIVMM32H	D01065	Rud,E.W.	J. Gen. Virol. 75, 529 (1994)
MM1A11	SIV1A11AA	M76764	Luciw,P.A.	ARHR 8: 395 (1992)
MM239	SIVMM239	M33262	Regier,D.A.	ARHR 6, 1221 (1990)
MM142	SIVMM142	M16403	Chakrabarti,L.	Nature 328, 543 (1987)
MNE	SIVMNE	M32741	Benveniste,R.E.	Unpublished (1990)
SMMPBJ	SIVSMMPBJA	M31325	Dewhurst,S.	Nature 345, 636 (1990)
SMMH9	SIVGAGAB	M80194	Courgnaud,V.	JVI 66, 414 (1992)
SMMH4	SIVSMMH4	X14307	Hirsch,V.M.	Nature 339, 389 (1989)
SM62A	SIU04982	U04982	Hirsch,V.M.	JVI 68, 2649 (1994)
SUBTYPE STM:				
STM	SIVSTM	M83293	Novembre,F.J.	Virology 186, 783 (1992)

HIV2/SIV REV

```
                                                                    exon 2 \
CONSENSUS-A   ATGa?CGaaAggGCaGAcGaAGAAGgAcTCCaAagAaaaCtAAG?CTCaTtCGtCTtCTgCAtCAGAcA.     67
ROD           ----A-----------------------------------------A-----C-----C--A--C------.     69
NIHZ          ----C---------------------------------------G-----C------------------.     69
ISY           ----C----------------------G---G------------G-----------C------------.     69
ST            ----A------------A-------A-----G------------G------------------------.     69
BEN           ----G-----------------------------G----------A---C----C--------C------.     69
CAM2          ----C--------------------------------G-----G------------------------.     69
D194          ---CG---C------------------------GA---------A-----C--C--C----------T-.     69
GH1           ---CA-----AA-------G-----A-------GA--G------A------------------------.     69
KR            ----A--G------------------------------G-A---G------------------------.     69
UC2           ---TG-----A---G----------A----------G-------A-----C--C-----A--C------.     69
CONSENSUS-B   ATGAcCgCTCGA......GAAagAGATCTtCAAAAAGgGCTAAGacTACTgCAtCTTCTGCAcCAgACg?     63
UC1           ------A-----......----A---------------------GT----------------T------.     63
EHOA          ----A-------......--------------------------------A--------------A---A     64
D205          -------------.....---G-------G-------A---------------C--------------A.     63
CONSENSUS-SD  ATGAGcAg??aC??????GAAGAAGAACTCCGAAgAAG?CTAAGGCTAATaCAtcTtCTGCATCAaACa.     60
MM251         --------TC--GAAAGA----------------A---G------------------------------.     69
MMP11         --------TC--GAAAGA----------------A---G------------------------------.     69
MM32H         --------TC--GAAAGA----------------A---G------------------------------.     69
MM1A11        --------TC--GAAAGA----------------A---G------------------------------.     69
MM239         -------ATC--GAAAGA----------------A---G------------------------------.     69
MM142         -----A--TC--ACAGGA--------------------G-----------------------------G.     69
MNE           --------TC--GCAGAA--------------------G------------------------------.     69
SMMPBJ        --------CA--......--------------------A--------------------------G---.     63
SMMH9         --------CA--......--------------------A---------------T----------G---.     63
SMMH4         --------CAC-......-------------------A-----------C---T-C-------------.     63
SM62A         --------CAC-......----------------A---A-----------C--CT-C-------------.     63
CONSENSUS-STM ATGAGCGATCAA......GAAGAAGAGTTAAGAAAAAGGCTAAGACTTATCCAATTTCTGCATCAAACA.     63
STM           -------------.....-------------------------------------------------.     63

                              / exon 3
CONSENSUS-A   ................AATCCATATCCAcAagGACcgGG?ACAGCCaGcCA?cGAAGaAACAGAaGaAG    118
ROD           ................-----------------------G-----------A------------------    122
NIHZ          ................--------------------A--A-----------GA----------------    122
ISY           ................--------------------T---A--------A--GA----------------    122
ST            ................-----------------------A-----------GA----------------    122
BEN           ................-----------------------G-----------A-----G-----------    122
CAM2          ................--------------------C--A-----------G------------------    122
D194          ................--------------C----A---G-----------A------------------    122
GH1           ................--------------C--------G-----------A-----G-----------    122
KR            ................--------------------T---A--------A--GA-----------C----    122
UC2           ................------------T-CA-------G------G----A--------------G--    122
CONSENSUS-B   ??????????????????aATCCCTATCCGCAAggACCGGGGACAGCCAGCCAACGAAGAAACAGAAGAaG    116
UC1           ................---------------AC-----------------------------------C-    116
EHOA          GTGAGTATGGCACAACAG-------------------------------------------------    134
D205          ................-------------------------------------------------    116
CONSENSUS-SD  ................Aa?cC?TAtCcaa?aGG?cCaGG?aCtGCCAACCAaAGAAGGa?aAgAAgGAG    107
MM251         ..................--CT-A--C----C---A--C--C-----------G------CA---------    122
MMP11         ..................--CT-A--C----C---A--C--C-----------G------CA---------    122
MM32H         ..............ACAG-C--A-------C---A--C--C-----------G------CA---------    125
MM1A11        ..............ATAG-C--A-------C---A-----C-----------G------CA---------    125
MM239         ..................--C--A-------C---A--C--C-----------G------CA-----A---    122
MM142         ..................--C--A--C----C---AT-C--CT-----------------CA--A------    122
MNE           ..................--C--A-----G-C---A-----C-------------------AC--------    122
SMMPBJ        ..................--T--C------GAC--G-----A-------------------G---------    116
SMMH9         ..................-GT--C----Y-RAC--G-----A-------------------G---------    116
SMMH4         ..................--T--C------CA---G-----A--C----------------G---------    116
SM62A         ..................--T--C------CA---G-----A--C----------------G---------    116
CONSENSUS-STM ..............ACAGATCCCTATCCACAAGGGCCAGGAACAGCCAACCAAAGAAGGAACAGAAGAAG    119
STM           ..............-------------------------------------------------------    119
```

```
                                                        <- tat
CONSENSUS-A   ACGt?gGa?aC?aCggTGGagaCagcT?gTgGCCtTGGCcgaTA?aaTAtaTaCAttTCCTGATCCgCCt    183
ROD           ---GT---AG-A-------------A-AC-----C---------GC-----------------------A    192
NIHZ          ----T---AG-A-------------A-CT---------------GC------------------------    192
ISY           ----T--GA--G---T----AG---A-CC---------------G-------------------------    192
ST            ----T---A--AG--T--------AT-G------C---------AG----------------------A    192
BEN           ----C---GG-G--A----TT--GA--T------------A---A-C---G-G--G----------A---    192
CAM2          ----T---GG-A-------------A-CC----------A----G-----------------------A    192
D194          ---CC---G--G--A----TTT-G---T------------AC--A-C--C-----A----------A---    192
GH1           ---ACA--G--G---A---TT--GA--T--A-------------A-C-------------------A---    192
KR            ---CC---A--AG-AT-----------C------------A---GC----------------------A    192
UC2           ---CC---G--GC-A----CT--GA--TC---------------A-C--C-----GC---------A---    192
CONSENSUS-B   gAGGTGGAAACgAcGgGG?cTACAGATCtTGGCCCTGGCAGATaGAATACattCAcTTtCtgaTtCGCCA    185
UC1           A------------A----CT------------------------------GC------------------    186
EHOA          -----------A---A--G------------------------C--------C-----C-C---------    204
D205          ------------------A---------C--------------------------T-----AC-G-----    186
CONSENSUS-SD  AcGGTGGAGacaG?GGTGGCAaCAG?TC?TGGCCTTgGCAGATAGAATATATTCATTTCCTgATCCGCCA    174
MM251         -----------AG-C-----------C--C------------------------------------------    192
MMP11         -----------AG-C-----------C--C------------------------------------------    192
MM32H         -----------AG-C-----------C--C------------------------------------------    195
MM1A11        -----------AG-C-----------C--C------------------------------------------    195
MM239         -----------AG-C-----------C--C------------------------------------------    192
MM142         ---------G---C-----------C--C------------------------------------------    192
MNE           ---------G---C-----------C--C------------------------------------------    192
SMMPBJ        ---------G---A-----------A--T------------------------------------------    186
SMMH9         ---------R---A-----------A--T-------R-----------------------------------    186
SMMH4         -------------A-------G---A--T-----------------------------------------    186
SM62A         -A-----------A-------G---A--T-------------------------------A--------    186
CONSENSUS-STM GAGGTGGAGACAGAGGTGGAATCAACTCCTGGCCTTGGCAAATAGAATATACTCATTTCCTGATCCGCCA    189
STM           ------------------------------------------------------------------------    189

CONSENSUS-A   gCTGAttCGcCTCTTGAccgGgCTATACAacatCTGCAgggaCTTACTATCCagga?CTcCCcGAcCCtC    252
ROD           -------------------A-A-------G--------------------------G--T--T-------    262
NIHZ          ------------------------------------------------------T--------T----    262
ISY           ------C------------A-A----------G---------------------ACT--A--T--T----    262
ST            -----------------A-A-A-----------------------------------G--T--A-------    262
BEN           A----C-----------T---------------------A-------------A--A-----------G-    262
CAM2          ------C--------------A------------------A---------------T--T--A-------    262
D194          A----C--------------------------G--------G-----------A--A-----------G-    262
GH1           A----C-----------------------G--------A-------------C--A-----------A-    262
KR            ----------------------------G-G------A-----------------G--T----------    262
UC2           -----C---T--------T----------G----------------------GC--A-----------G-    262
CONSENSUS-B   aCTGAGGaACCTCTTgATTTGGCTaTACAaCGGCTGCAGaAcCTTAcTgTtgAAGACCTtCCAAAtCCTC    255
UC1           ------------------------G--------------G-A-----------------C----------    256
EHOA          -------G---------------------G----------------T-A-CA-------------C----    274
D205          G--------------A-------------------------------------------------------    256
CONSENSUS-SD  ?cTgATACGCCTCTTGACTTGGcTATTCAGCA?cTGCAGa???T?GCTAT?GAG????TaCCAgAtcCTC    233
MM251         A------------------------------A-------ACC-T-----C---AGCA------------    262
MMP11         A------------------------------A-------ACC-T-----C---AGCA------------    262
MM32H         A------------------------------A-------ACC-T-----C---AGCA------------    265
MM1A11        A------------------------------A-------ACC-T-----C---AGTA------------    265
MM239         A------------------------------A-------ACC-T-----C---AGTA------------    262
MM142         A------------------------------A-------ACC-T-----C---AGCA------------    262
MNE           A--A------------------T---------A-------ACC-T-----C---AGCA------------    262
SMMPBJ        GT-----------------------------GT------GAT-G-----T---GAAC-G---A-C----    256
SMMH9         G------------------------------GT-----GGAT-G-----T---GANC-G---A------    256
SMMH4         GT-----------------------------G------GGAT-G-----T---GAGC------------    256
SM62A         G------------------------------G------GGAT-G-----T---GAGC--------T---    256
CONSENSUS-STM GCTAGTACGCCTCTTGACTTGGCTGTACAACAACTTCAGGGCTTGTCTATCCAGGATCTACCAGACCCTC    259
STM           ------------------------------------------------------------------------    259
```

HIV2/SIV REV

```
CONSENSUS-A   CaACt?aTctc.........ccagagtct???????????aacagcaatCAG?GACTGGCTGAGacttA    299
ROD           -----C----A.........-----A---.......................---A--------------    300
NIHZ          ----CA----T.........----------CCAGAGAGCACT------------A-----------G--    321
ISY           ----CAC-.............................................---A--------------C-    290
ST            -----A-----.........----------TCGGAGAGCATTG------G----A------------T-    321
BEN           -G---G-----.........................................G--------------    309
CAM2          ----CC---CT.........-----A---.......................---A-----------G-C    300
D194          -G---G-----.........----------.......................G--------------    309
GH1           -G---G-----.........-----A---...........------------G--------------    309
KR            -----A----T.........----------TCAGAGAGCACT----A-------G----------------    323
UC2           -G---G-----................A---............G-----------G----------------    311
CONSENSUS-B   CAaCcAgtact?????????CCAACCgCT.........CAGGCTtcCactTGCaTACCTCCagTATGGGA    307
UC1           -------C---.........----------.........-------T------------------------    308
EHOA          -----------.........----------.........-----------C-----------GA-------    326
D205          --C-A-A-CTCAACCAATCT------A--.........------C--GG----G----------------    317
CONSENSUS-SD  CAaCCA?T?cT.........CCAGAGccT..................CTCaacGAC?cT?CagAGagt?C    271
MM251         ------A-A--.........------G--...................---TG----C--A-GA--G--T-    305
MMP11         ------A-A--.........------G--...................---TG----C--A-GA--GA-T-    305
MM32H         ------A-A--.........------G--...................---TG--G-C--A------A-T-    308
MM1A11        ------A-A--.........------G--...................---TG----C--A-GA--GA-T-    308
MM239         ------A-A--.........------G--...................---TG----C--A-----GA-T-    305
MM142         ------A-AT-.........------G--...................---TG----C--A-G----A-T-    305
MNE           ------A-AT-.........------AT-...................---C-----C--A------A-C-    305
SMMPBJ        --G---G-G--.........----------..................-----G---G--G-------CC-    299
SMMH9         --G---G-G--.........----------..................-----G---G--G-------CC-    299
SMMH4         ------G-G--.........----------.................---------GT-G--A-----C-    299
SM62A         ------G-G--.........----------.................---------G--G--A-----T-    299
CONSENSUS-STM CACCCAACCTT.........CCAAAGGAT..................CTCCAGGATACTGCAGAGAAT     300
STM           -----------.........----------..................--------------------     300

CONSENSUS-A   a???AGCCTACCTGCA?TATGGGTGCGAGTGGATCCAAGAAG?G?TCCAGG?CCT?GC?AGG??TAC?AG    357
ISY           -GGC------------G-------------------------C-T------C---C--G---GT---A--    360
KR            CAAT------------A-------------------------T-C------T---T--A---AC---G--    393
UC2           -                                                                        312
CONSENSUS-B   TCAGCTGGTTCCAAGAAGCaaTCCaAGCaGCAgC?AGGGCTgCGgGAGAgACTCTTGCGAgcgC?Ggaag    375
UC1           ---------------------------------A-G---------A---------------A-A-A-----    378
EHOA          ----------------------------------C----------------------------G-CG--    396
D205          -------------------GC---G---G-----A------A-------A-----------T--C---GA    387
CONSENSUS-SD  GaGAAGTCCTCAGGac                                                         287
MM251         ----------------                                                         321
MMP11         ----------------                                                         321
MM32H         ----------------                                                         324
MM1A11        ----------------                                                         324
MM239         ----------------                                                         321
MM142         --------------CT                                                         321
MNE           ----------------                                                         321
SMMPBJ        -                                                                        300
SMMH9         -                                                                        300
SMMH4         -                                                                        300
SM62A         -T--                                                                     303

CONSENSUS-A   AGAGACTCTT?CGAGCGCG?GGAG???CTTGTGGGGGGC??TGGGACG?ATCGG?AGGGG?ATACT?GCA    416
ISY           ----------A--------G----GAG------------TC-------A-----A-----G-----C---    430
KR            ----------G--------T----AGA------------AA-------G-----C-----A-----T---    463
CONSENSUS-B   gaCCttaTGGgaaGctCTCAGgAGagCgGCgggAGcaATCATcGCgATcCCCAGGAGgATCAGACAAGGa    445
UC1           AG--C-----A----------A--GA-A----A-----------------------------------    448
EHOA          -----CG----G--TC--------------A----AG-----T--A--A--------------------G    466
D205          ------------G------------------A-------------------------A------------    457

CONSENSUS-A   GTTCCA?GAAGGATCAGGCAGGG?GCAGAA?TTGCCCTCCTGTGAGGG?CAG?G?TATCA?CA?GGAGAC    478
ISY           ------C----------------A------A-----------------A---A-A-----G--A------    500
KR            ------A----------------G------C-----------------G---C-G-----A--G------    533
CONSENSUS-B   ctTGA                                                                    450
UC1           --                                                                       450
EHOA          GC---                                                                    471
D205          --                                                                       459

CONSENSUS-A   TTTATGA                                                                  485
ISY           ----                                                                     504
KR            -------                                                                  540
```