Sequences in the *Vpx* 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)
MDS	HIV2MDS	Z48731	Becker,M.	Unpublished
UC2	HIV2UC2	U38293	Barnett,S.W.	Unpublished
SUBTYPE B:				
UC1	HIV2UC1GNM	L07625	Barnett,S.W.	JVI 67, 1006 (1993)
D205	HIVTRENGE	X61240	Kreutz,R.	ARHR 8, 1619 (1992)
EHOA	HIV2EHOA	L14545	Rey-Cuille,M.A.	Virology 202, 471 (1994)
SUBTYPE SD:				
MM251	SIVMM251	M19499	Franchini,G.	Nature 328, 539 (1987)
MM1A11	SIV1A11AA	M76764	Luciw,P.A.	ARHR 8: 395 (1992)
MM32H	SIVMM32H	D01065	Rud,E.W.	J. Gen. Virol. 75, 529 (1994)
MM316S	SIVMM316S	L22790	Kodama,T.	JVI 67, 6522 (1993)
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MNE	SIVMNE	M32741	Benveniste,R.E.	Unpublished (1990)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 VPX

```
CONSENSUS-A   ATGaCAgacCCCAGagAaAcagTaCCaCCAGGAAACaGtGGcGAaGagACtATcGgagAGGCcTTCGa?T     69
ROD           -----------------G-------------------C---------------------------CC-     70
NIHZ          --------T-----G--------G--------------C-----G----------A-----------CA-     70
ISY           ------A----------G---A------------------------A-------A------------T-     70
ST            ---G---G---------G---A------------------------A--------------------G-     70
BEN           -------------------GG-----G--------------A--------C--T--------------G-     70
CAM2          -----------------G--C-----------------------------------A-----------CC-     70
D194          ---G---------------GG--G--G--------------A--------C--T--------------G-     70
GH1           -------------------GG-----G--------------A--------C--T--------------G-     70
KR            ---G-----------A--------------------G---------TA-----T--------T----CT-     70
MDS           ---G-------------G--------------------C----------------AGC---------CC-     70
UC2           -------------------GG--C--G--------------A--------C--T--------------G-     70
CONSENSUS-B   ATG...GATCCCAGGGAGAGAGTgCCACCAGGAAACAGCGaCGAAGAAACAgTAGGAGAaGCATTCGatT     67
UC1           ---...----------------------------------------------A------------------     67
D205          ---...-------------------------------------------------------------C--     67
EHOA          ---...-----------------A----------------G------------------G--------A-     67
CONSENSUS-SD  ATGTCagaTCCCAGgGAGAGaATCCCACCTGGAAACAGTGGAGAAGAgACaaTAGGagAgGCcTTCGAaT     70
MM251         ----------------------------------------------------------------------     70
MM1A11        ----------------------------------------------------------------------     70
MM32H         ---------------------------------------------------G-------A----------     70
MM316S        ----------------------------------------------------------------------     70
MM239         ----------------------------------------------------------------------     70
MM142         ------------------------------------------------------------A--------G-     70
MNE           --------------A-----------------------------------------------A----------     70
SMMH9         -----RSR------------R-------------------------A--RR----C-----Y-----C-     70
SMMPBJ        ----------------------------------------------A--------C-----------C-     70
SMMH4         --------------------G--------------------------A---------A-------------     70
SM62A                                                                        -------      7
CONSENSUS-STM ATGTCAGATCCCAGAGAGAGAATACCGCCCGGAAACAGTGGAGAAGAGGCAATAGAGGAAGCATTCGAGT     70
STM           ----------------------------------------------------------------------     70

CONSENSUS-A   GGCTAgAcAGGAc?gTAGAaGCcaTaAACAGaGAgGCaGTgAAcCAcCtgCCccGaGAgCTtATTTTCCA    138
ROD           -----A-------A--------------------A--------T-----A--------A-----------    140
NIHZ          -------------A-----G--T--------------------T----AC--A--------C--------    140
ISY           -------------G---------------------------------------A-G--------------    140
ST            -------------G-------------------------------------------------------    140
BEN           -------G-----CA--------T-------G--------------T--------------C--------    140
CAM2          -------------A--------T--------------------T-----------G--------------    140
D194          -------------TA--------T-------G--------------T--------------C--------    140
GH1           -------------TA--------T----------------------T--------------C--------    140
KR            -------A----TG-----G------------------------------T--G--------------    140
MDS           -------------A-----------------------G-----T--------------------------    140
UC2           -------------TA--------T-G-----------G--A--------------------C--------    140
CONSENSUS-B   GGCTAGAaAgAACAaTAacAgAgCTCAACAGgGTAGCaGTCAAcCAcTTGCCCcGaGAACTtATTTTCCA    137
UC1           -------------------------------------------------------------C--------    137
D205          -------------------------------------G--------T----------------------    137
EHOA          -------G-C----T--GA-C-T--------A-----------T---------A-G--------------    137
CONSENSUS-SD  GGCTAaACAGAACAgTAGAgGagATAAACAGaGagGCaGTaAAcCAccTaCC?AGgGAgcTaATTTTCCA    139
MM251         ----------------------------------------------------A--------G--------    140
MM1A11        -------------------------------------G--------------A-----------------    140
MM32H         -------------------------------------G--------------A-----------------    140
MM316S        -------------------------------------G--------------A-----------------    140
MM239         -------------------------------------G--------------A-----------------    140
MM142         -------------------------------------G--------------G-----------------    140
MNE           ------------------------------------------------------A------T-G--------    140
SMMH9         -----C--------S----A--A--------G-CA-----G--T--TT-G--R-----------------    140
SMMPBJ        -----G-------------A--A--------G-CA-----G--T--TT-G--G-----A-----------    140
SMMH4         -------------------A--A--------G-CA--------T-----G--G-----------------    140
SM62A         -------------------A-GA--------G-CA--------T-----G--G--A--------------     77
CONSENSUS-STM GGCTACACAGAACGGTAGAGGACATAAACCGAGAGGCAGTAAACCATCTACCGAGGGAACTGATTTTCCA    140
STM           ----------------------------------------------------------------------    140
```

```
                                                <- vif cds
CONSENSUS-A   GGTgTGGCAaAGGTCCTGGagATAcTGGCATGATGAaCaAGGgaTGTCA?cAAGtTACACaAAgTATAGA    207
ROD           ---------G----------------------------------------GA-------------------    210
NIHZ          ---C-----G--------------------------------------A----C--------A------    210
ISY           -----------------------------------G------------CG---C---------------    210
ST            ------------------------------------------A------AT-------------------    210
BEN           -----------------------T-----------------------G----C---------------    210
CAM2          ------------------------------------------------CA---------C---------    210
D194          -------------------GC---T------------------------A--------------------    210
GH1           -----------------------------------C------------C----C---------------    210
KR            -----------------------------------C-T----------CA-------------------    210
MDS           ------------------------------------------------A--------------------    210
UC2           -------------------------------------------C-----T----C---------------    210
CONSENSUS-B   GGTCTGGCAGAgGTcTTGGGCATAcTGGCGTGAGGAACAGGGCATGTCAAtTAGtTATACCAAATATAGa    207
UC1           --------------G-----------------------------------G--------------------    207
D205          ------------------------------------------------------C---------------    207
EHOA          -----------A------------T-------------------------------------------G    207
CONSENSUS-SD  GGTtTGGCaAAGGtCtTGGGAATACTGGCATGATGAAcaaGGgATGTCacaaAGCTAtacaAAaTacAGA    209
MM251         ------------------------------------------------------------GT----------    210
MM1A11        ------------------------------------------------C-------GT----------    210
MM32H         ------------------------------------------------------------GT----------    210
MM316S        ------------------------------------------------C-------GT----------    210
MM239         ------------------------------------------------C-------GT----------    210
MM142         ------------------------------------------------------------------------    210
MNE           ------------------------------------------------G---------GT---G------    210
SMMH9         ---C----G----K-C---------------------ATG---------GTC-----C--T----R----    210
SMMPBJ        ---C----G------C---------------------ATG---------GTC-----C--T---------    210
SMMH4         --------G------C---------------------ATG--A------G-------C--------T---    210
SM62A         --------G------C---------------------ATG---------G-------C--------T---    147
CONSENSUS-STM GGTCTGGCGAAGGTCTTGGGAATACTGGCATGATGAGCAAGGGATGCCCGGGAGCTATGTTAAATATAGA    210
STM           ------------------------------------------------------------------------    210

CONSENSUS-A   TATTTGtGC?TaATgCAgaaaGCtaTgTtcAtaCATtttAaGAaaGggtGcACTTGCctGGGGggaGgac    276
ROD           ---------A----A--------AG---A---G---G---G---------T------------A-G----    280
NIHZ          ---------T----A----TG--A----A---G---GC-----G--ATG-------------------.-    279
ISY           ---------T-------------G-------G-----C-------------------G-----A-----    280
ST            ---------C---------------------------C-----G--------------------------    280
BEN           ---------C-------A--------A--T-C------C----G-------------TG-----AG-ACA    280
CAM2          ---------T-------------AG------------------G------------------------G-    280
D194          ---------A--------------G---AT--------C-----G------------------A------    280
GH1           ---------C-G------------G-A--T--------C----G--------------------------    280
KR            ------C--T--------T-T---------------G--------------------------------    280
MDS           ---------T-------------A----A-------GG--G-----------------G-----A---G-    280
UC2           ---------C-------A--G--------T------C-C------------------------------    280
CONSENSUS-B   TAcTTGTtgCTAATGCAgAAAGCAATGTTTgTgCACTaTaCAAAGGGcTGTaGaTGcCTGCaGGAgGGCC    277
UC1           ------------------------------------------------------------------------    277
D205          ------------------------------------------------------G----------------    277
EHOA          --T----GT--------A------------A-A----T-G-------T---G----T----G---A----    277
CONSENSUS-SD  TACTTGTGtTTaATaCAaAAgGCTtTaTTTaTGCATTGCAAGAaAGGcTGTAGaTGtcTAGGgGaaGgaC    279
MM251         --------------G---------------------------------------------------------    280
MM1A11        ------------------------------------------------------------------------    280
MM32H         ------------------------------------------------------------------------    280
MM316S        ------------------------------------------------------------------------    280
MM239         ------------------------------------------------------------------------    280
MM142         ------------------------------------------------------------------------    280
MNE           ------------------------------------------------------------------------    280
SMMH9         --------C--G-----G--A---C-G--------------------G-----G--CT----A-G--AG-    280
SMMPBJ        --------C--G-----G--A---A-G--------------------G-----G--CT----A-G--AG-    280
SMMH4         --------C--G-----G--A---C-G---G----------------G-----G--CT----A--G-AG-    280
SM62A         --------C--G-----G--A---C-----G------------G---G-----G--CT----A--G-AG-    217
CONSENSUS-STM TACTTGTGCTTGATACAGAAAGCTTTGTTTATGCATAGCAAGAGGGGATGCAGATGCTTGGGGGAAGGAC    280
STM           ------------------------------------------------------------------------    280
```

HIV2/SIV VPX

```
                                                                  \/ 3' sj
CONSENSUS-A   atGGgCcgGgAGGg..?TGG..?AGAcCA..?GGaCCtCCcCCTCCTCCcCCtccAGGtcTaGTC?AA      334
ROD           -------A------...---...------...--G-----T--------------------G---1       336
NIHZ          -------A-A----...---...---T--..G-----------------A---------T-----1       336
ISY           -------A------...---...---T--...-----------------T--C------T-----1       336
ST            -------------A...---...---T--...----------------------------------1       336
BEN           TG--C-G--A---A..T---..A-------..A--------------------------------1       339
CAM2          -------A------...---...------...---------------------------GT-----1       336
D194          ----C--------A...---...------...---------------------------------1       336
GH1           ----A--------A...---...---T--...---------------------------------1       336
KR            --------------...---...------...------------------...------C------T--     336
MDS           -------A------...---...------...--------T------------------T-----T--     339
UC2           -------------A...---...------...-----G---------------------------T--     339
CONSENSUS-B   ATGGGCCAGGGGGA...TGG...AGATCA...GGACCTCCTCCTCCTCCTCCCCCAGGcCTaGCC?AA      335
UC1           --------------...---...------...---------------------------------1       333
D205          --------------...---...------...------------------------------G---1       333
EHOA          --------------...---...------...---------------------------T------T--     336
CONSENSUS-SD  AtGgGGCAGGgGGA...TGG...AGAcCA...GGaCCTCCTCCTCCTCCCCCTCCAGGACTAGCA?AA      337
MM251         -C--------A---...---...------...---------------------------------1       336
MM1A11        -C------------...---...------...---------------------------------1       336
MM32H         -C------------...---...------...---------------------------------1       336
MM316S        --------------...---...------...---------------------------------T--     339
MM239         --------------...---...------...---------------------------------1       336
MM142         -C------------...---...------...---------------------------------1       336
MNE           --------------...---...------...---------------------------------1       336
SMMH9         --------------...---...------...--G------------------------------1       336
SMMPBJ        --------------...---...------...--G------------------------------1       336
SMMH4         --------------...---...---A--...--G------------------------------1       336
SM62A         ---A----------...---...---A--...--G------------------------------T--     276
CONSENSUS-STM ATGGGGCAGGAGGA...TGG...AGACCA...GGCCCTCCTCCTCCTCCCCCTCCAGGCTTAGCA1       336
STM           --------------...---...------...----------------------------------       336
```