## 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| NH52 | HIVNH52 | L07424 | Weidt,G. | Unpublished (1992) |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| CAM1 | HIVCAM1 | D10112 | McIntosh,A. | Unpublished (1991) |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| D31 | HIVD31 | U43096 | Dietrich,U. | Unpublished (1992) |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| WEAU160 | HIVWEAU160 | U21135 | Ghosh,S. | Unpublished (1995) |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| Z2Z6 | HIVZ2Z6 | M22639 | Theodore,T. | Unpublished (1988) |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
```