**HMMER Sequences in the Vpu Alignment**

| | | | | |
|---|---|---|---|---|
| A_U455 | HIVU455 | M62320 | Oram,J.D. | ARHR 6, 1073 (1990) |
| B_SF2 | HIVSF2 | K02007 | Sanchez-Pescador,R. | Science 227, 484 (1985) |
| D_ELI | HIVELI | K03454 | Alizon,M. | Cell 46, 63 (1986) |
| F_BZ163A | HIV1BZ163A | L22085 | Louwagie,J.J. | ARHR 10, 561 (1994) |
| O_ANT70C | HIVANT70C | L20587 | Vanden Haesevelde,M. | JVI 68, 1586 (1994) |
| O_MVP5180 | HIVMVP5180 | L20571 | Gurtler,L.G. | JVI 68, 1581 (1994) |
| CPZGAB | SIVCPZGAB | X52154 | Huet,T. | Nature 345, 356 (1990) |
| CPZANT | SIVCPZANT | U42720 | Vanden Haesevelde,M. | Virology 221, 346 (1996) |

The following alignment was generated using the HMMER program as described in the introduction to this Part and in Part III. For simplicity, only representative HIV-1 subtype sequences are shown. An ordinary consensus sequence (lowercase signifies mqjority, uppercase signifies 50% or greater) was created from these using MASE; this is not a "most likely sequence" based on an HMM model.

```
VPU_CONSENSUS ATGc?tcattt?ga??t?ttagcaaTaa?agcattaatagtagtactaataata?caaTagttgT?TGGa     62
A_U455        ---ACA-C---G--AA-C-GG-------C--GGC-G-------C------CT--G-------A--G----     70
B_SF2         ----AATC---AC-AA-A---------GT-T-----G--------GC-------G----------G----     70
D_ELI         ----AA-C---A-GGA-AA--------GC-------G------C-A-----C--G----------G----     70
F_BZ163A      ---TC-G----GTTAGCAA--AGTG---C--------------C----------G----------G----     70
O_ANT70C      ----A----AGG--CC-GC---------T-ATTA-T-GT-CTT-G--GT-T---AATG--A--T-A---G     70
O_MVP5180     ----A---AGAGA-CC-GC----CT---T---T----GT-CTT-GTGTC-T---AATG--C--A-A---T     70
CPZGAB        ---AC--TG--A-TCGGC----TTC-C...AT----G---GCT--A-TGC-TGGAAC--TTG-A-A---G     67
CPZANT        ---AC-A--A-ATTTGAG-AT--TT-T...................--TGCCT-TAGT-----AC-A----     52

VPU_CONSENSUS c?atagta?ttata?????????gaatatagaaaaa?ataaaga????????cA?aga?aAatagatag    109
A_U455        -T------GG----.........-----A-A-----AT-GCTA-AGC......A-A-A-A--TAGACAG-    125
B_SF2         -C------C-C---.........--------G----T--T----.........--A---%-------C--    121
D_ELI         -C------T-C---.........----------GG-T-A---AG..........--A--GAG------CT-    122
F_BZ163A      -T------TA----.........--------G---CTG-T---G..........--A---A-----A----    122
O_ANT70C      GGT-TA-TC---G-AAATATTTA---C-A-AGG--CA-G-C---AAG......G-G---G-----CT-GA    134
O_MVP5180     TGT-TAACC---G-ATTTATTTA-TGC-A------CA-G-T---AGG......G-GCAGG-----CT-GA    134
CPZGAB        GATACA-TA---A-TGG......-G--------GGTATA-----CATAGGCTTG-G-C-G----T--G--    131
CPZANT        TT--CTGTA-ACCTATACTCTATA-GCT-TAT----T---T-AG.........--GCAGC---------A    113

                                                     env cds start ->
VPU_CONSENSUS ??ta???ttt?aaagAaTaAgaGAAagagca??????gaagacAGT???GgcaaTGaaAgt???gA?Gg?    159
A_U455        T%--...--AA-C------------------.....---------...--------G---...--T--G    179
B_SF2         AT--...A--G-T-------------A----.....---------...-------------...--A--G    176
D_ELI         TT--...C--G-T-------C----------.....---------...--------G--C...--G--G    177
F_BZ163A      GT--...-A-G--G------------------.....---------...--------G---...--G--G    177
O_ANT70C      GAGG...--AAG--------------TTAGG.....--T--T---...-A-T-------C...A-T--A    189
O_MVP5180     AAG-...--AAGG-------AG----TCAGG.......--T------...-A-T--------AAT--A-AA    192
CPZGAB        AC-T...AACCT--T-T-G------------.....-----T---...--A----------...A-T--A    186
CPZANT        TAAGAGAAA-C-------C-T----GTGTT-AGTAGAAG-CTT---ATA-AT-G--C--TA...--A-AA    180

VPU_CONSENSUS GAtgaagAg???gaa????t??caga?cttgtgga?atg???gg??at?aTaatcct?gg??Tg?tgat?    207
A_U455        ---AC----...---...T-AT-CTTG--------G---...--GA-CT--G---T-G--GT--A-A--.    239
B_SF2         --CC-G---...---...T-AT---CA--------G---...--GC-CCT-GC----T--GA--T----.    236
D_ELI         ---AG----...A--...T-GT--A-A--G-----A---...--GC--C--GC----T--GA-AT----.    237
F_BZ163A      ----C----...---...C-GG---CA----G---A---...--GCC-TT--T----G--GA-AT--T-.    237
O_ANT70C      --A--G--ACAA---...G-TATG--C-----ACTT-GCCAT--CTT-G----C--CAT-TT--AGCC-    255
O_MVP5180     --AC--C--...---...G-CATG--G---A-AC-T-GCCAT--CTT-GC------CAT-TT--AGTTA    255
CPZGAB        --A-----A...--GAGAC-GGA-C-G---A-CC-T-AT...TACA--C----CAA-CATTT--C-A-CC    250
CPZANT        -----G--A...-CC...GATA--T-TTA-T---GGTCT...--CTT-GC------AGTTTA-AGA--AG    241

VPU_CONSENSUS ????????gA?ctg                                                           212
A_U455        ........A-TT--                                                           245
B_SF2         ........--T---                                                           242
D_ELI         .........--C---                                                          243
F_BZ163A      ........A-T---                                                           243
CPZGAB        CCATGTTT--C--C                                                           264
CPZANT        GG......--CGAA                                                           249
```

## HIV1 VPU CONSENSUS

```
CONSENSUS-A   ATgac?CCTTTg?????????gA?ATctGtGCAATAgtAGGaCTGaTAGTaGCaCTAATCtTAGCAATAG     59
CONSENSUS-B   ---caat----a.........c-a--A-ta----------c-t-AG--------gc---Aa---------     61
CONSENSUS-D   ---CAA-----A.........-tG--A-Ta----------C-t-Ag-------g-----Aa---------     61
CONSENSUS-F   ---T--?A?--?.........TTAGCAATAAG??--AC--C-T-A---------?----AA---------     54
CONSENSUS-0   ---CAT-A???-.........?-CC-GCTA--??--A--??T?-?-GT-CTTTG????-TA--AATG--?     46
CONSENSUS-U   ---CAA-----A.........ACA--AAC---------------AG--------T-C--AGC---C----     61
CONSENSUS-CPZ -----T????-A.........?T-G??-??????-TC-????T-????????T-?-????-GGA??--?T     27

CONSENSUS-A   T?GTGTGGACTATAGTAGgTATA...GAatatAAgAaA?tg?taaagcaaAga.................    106
CONSENSUS-B   -T--------c------ttc---..?-------G----a-At---Ga------.................    111
CONSENSUS-D   -T---------------ttc---...--g-g--ga-g-t-aAa--g-------.................    111
CONSENSUS-F   -T-------------?-TA----...-------G----C--T---G-------.................    103
CONSENSUS-0   -T?-A---??G......TT--??......CT--GA-??TATT--G??----???AACAAGA?AGAA?GGA     90
CONSENSUS-U   -T-------GC------TA----...-------G----A-AAGG--A--G-AG.................    111
CONSENSUS-CPZ GTA-A?????????A-??T??A???G???----?A-??TATAA????--????............?????     50

                                                                          -> env cds
CONSENSUS-A   ....AAAAtAgAcAggtta.??aTtaAgAGAATAAGaGAAAGAGCA...GAAGACAGTGgcAATGAgAGt    166
CONSENSUS-B   ..??---------------..----g-t------------------...----------------------    171
CONSENSUS-D   ....---------t-----...---g-T------------------?..-----t---------------    171
CONSENSUS-F   ....------A-T------...TA-G-A?----------?------...----------------------    161
CONSENSUS-0   G???G-----CTTGA?AG?...T-A-G?-------??----T?AGG...--T--?----A-T----A--?    143
CONSENSUS-U   ....---------------...C--G-T------------------...-----T---------------    171
CONSENSUS-CPZ ?A?AG-?-?T?-G--A??T...?A???A-T??-???--????-???...??-?????-?-?-??--?---     79

CONSENSUS-A   GA?GGgGA?ACAGA?GAA...TTg?C?aaaCTt............GTgGAgATG...GGGaACTaTgATC    213
CONSENSUS-B   --a-----tcag--a---...--at-AGc----???????????---------???---C--c---c--    223
CONSENSUS-D   --g--?--t-g---G---...--at-agc----............----------...---C--c---C--    222
CONSENSUS-F   --G-----TG----G---...?--G-A?C----............-G---A---...---CCT-T-AT--    211
CONSENSUS-0   A-T-?A--AGA??-AC-?GAAG-?ATGG-?--------------?-AC?T-GCCAT--CTTTG?-A-?-    191
CONSENSUS-U   --T-----T-----A---...--AT-C-CT--------------A---------...---T--G-AT--A    223
CONSENSUS-CPZ ??-??A--AGA------G??A???GA-?????-?????????????AT????????T???TTTGC-A-?-    107

CONSENSUS-A   tTgGGgtTGaTaAtAATtTGTAg                                                  236
CONSENSUS-B   c-t---a--T-g--G--c-----                                                  246
CONSENSUS-D   C-t---A-?T-G--G--a-----                                                  244
CONSENSUS-F   C-----A-AT-G?----C----A                                                  233
CONSENSUS-0   CCAT-...TT-G-G??????                                                     202
CONSENSUS-U   --TT--A-A--G----------A                                                  246
CONSENSUS-CPZ C??T?...T?-??????????-CGAA                                               116
```