Sequences in the *Vpr* 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)
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)
NL43	HIVNL43	M19921	Buckler,C.E.	JVI 59: 284 (1986)
NY5CG	HIVNY5CG	M38431	Theodore,T.	PNAS 83: 5038 (1986)
LW123	HIVLW123	U12055	Reitz,M.	ARHR 10, 1143 (1994)
MN	HIVMN	M17449	Gurgo,C.	Virol. 164, 531 (1988)
SC	HIVSC	M17450	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NH52	HIVNH52	L07424	Weidt,G.	Unpublished (1992)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CAM1	HIVCAM1	D10112	McIntosh,A.	Unpublished (1991)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D31	HIVD31	U43096	Dietrich,U.	Unpublished (1992)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)
YU10	HIVYU10	M93259	Li,Y.	JVI 65, 3973 (1991)
P896	HIVP896	M96155	Collman,R.	JVI 66, 7517 (1992)
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WEAU160	HIVWEAU160	U21135	Ghosh,S.	Unpublished (1995)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Z2Z6	HIVZ2Z6	M22639	Theodore,T.	Unpublished (1988)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:				
ANT70C	HIVANT70C	L20587	Vanden Haesevelde,M.	JVI 68, 1586 (1994)
MVP5180	HIVMVP5180	L20571	Gurtler,L.G.	JVI 68, 1581 (1994)
SUBTYPE U:				
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)

HIV1 VPR

Subtypes C and E-H are not currently represented in VPR. The sequence MAL could not easily be assigned to any of the three VPR subtypes, A, B, and D.

```
                                                                                <- vif cds
CONSENSUS-A   ATGGAA??A......GCCCCA...GAAGACCAGGGGCCACAGAGGGAGCCGT?C??TGAAT?G?CA?TAG     53
U455          ------CA-......------...----------------------------A-GC-----A-G--T---     61
IBNG          ------AG-......------...----------------------------C-AA-----G-A--C---     61

CONSENSUS-B   atGGAacaA??????gCCCca???GAAgACCAAGGGCCACAgAGggAGCCatACAATgaaTGGaCACTAG     61
SF2           ---------......------...----------------------------------------------     61
LAI           ---------......------...---------------------------C------------------     61
HXB2R         ---------......------...---------------------------C------------------     61
NL43          ---------......------...----------------------------------------------     61
NY5CG         ---------......------...----------------------------------------------     61
LW123         TA---CAC-TAGTTA----T-GGT---------------------------C------------------     70
MN            ---------......------...---------------------------------C-----G------     61
SC            ---------......------...----------------------------------------------     61
JRCSF         ---------......------...----------------------------------------------     61
JRFL          ---------......------...----------------------------------------------     61
NH52          ---------......-----G...-----------------A----------------------------     61
OYI           ---------......------...----------------------------------------------     61
CAM1          ---------......A-----...---------------------C------------------------     61
HAN           ---------......------...----------------------------------C-----------     61
D31           ---------......-----G...----------------------------------------------     61
RF            ---------......------...----------------------------------------------     61
YU2           ---------......------...---------------------------GC------------------     61
BCSG3C        ---------......------...----------------------------------------------     61
YU10          ---------......------...---------------------------GC------------------     61
P896          ---------......------...----------------------------------C----------     61
3202A12       ---------......------...----------------------------------------------     61
3202A21       ---------......------...---A------------------------------------------     61
MANC          ---------......------...--------------------A-------------------------     61
WEAU160       ---------......------...----------------------------------------------     61

CONSENSUS-D   ATGGAACAA......GCCCCA...GaAGACCAaGGGCCaCA?AGGgAGCCATACAATGAATGGaCATTAG     60
ELI           ---------......-------...-C------G--------G---------------------G------     61
Z2Z6          ---------......------...-----------------A----------------------------     61
Z6            ---------......------...-----------------A---.------------------------     60
NDK           ---------......------...--------------G--G----------------------------     61

CONSENSUS-O   ATGGAACAA......GC?C??...GA?AATCAGGGACCAGCTA??GAGCC?TTCAATGAATGG?CACTAG     53
ANT70         ---------......--A-CT...--G----------------AA-----C------------G------     61
MVP5180       ---------......--C-TG...--A----------------GG-----A------------A------     61

CONSENSUS-U   ATGGAACAA......GCCCCA...GCAGACCAAGGGCCACAGAGGGAGCCACACAATGAATGGACATTAG     61
MAL           ---------......------...----------------------------------------------     61

CONSENSUS-CPZ ATGGAACAA......GC?CC?...?AGGA??A?GG?CCAC??AGAGAACC?????A?GA?TGG???TTAG     42
CPZGAB        ---------......--A--A...G----CC-A--T----CA--------TTACC-G--A---GCA----     61
CPZANT        ---------......--C--G...C----TG-G--G----AG--------AATGA-T--G---TTG----     61
```

```
CONSENSUS-A   A??TGTTAGAAGAGCTTAA?CATGAAG?TGTTAGACA?TTTCCTAGGC?GTGGCTCCATGGATTAGGACA   117
U455          -GT----------------G-------A---------T----------A----------------------   131
IBNG          -AC----------------A-------C---------C----------C----------------------   131

CONSENSUS-B   AGCTTTTagaggAgCTTAAGAgtGAAGCTGTtAGaCATTTtCCtAGGataTGGCTcCaTagcTTAGgaCA   131
SF2           ---------------------A------------------------CC--------------------   131
LAI           ---------------------A---------------------------T---------G-------G--   131
HXB2R         ---------------------A---------------------------T---------G-------G--   131
NL43          -------------A-----------------------------------------------A---------   131
NY5CG         -------------A-----------------------------------------------A---------   131
LW123         ---------------------A---------------------------T---------G-------G--   140
MN            ---------------------A-------------------------------------G-------G--   131
SC            -------GAG-A-----------------------------------------------G-------G--   131
JRCSF         -------------A-------A---------------------------C-----------------G--   131
JRFL          -------------A-------A------------------------G-C-----------------G--   131
NH52          ---------------------A-----------------------------------------------G--   131
OYI           ------------------------------------------------------------------A---   131
CAM1          -------------A--------------------G------------CC--------T-GCA--------   131
HAN           ------------------------------------------C-----------A--------------   131
D31           ---------------------------------------C--------------T--------------   131
RF            ------------------------------C---------------C----------------------   131
YU2           ----------------------A------------------------CC------A---G----------   131
BCSG3C        ----------A--A-------A-------------------------------------G-------G--   131
YU10          ----------------------A------------------------CC------A---G----------   131
P896          ---------------------A---------G--------C--------------------T-----G--   131
3202A12       ----------A-----------A------------------------CC------T---G----------   131
3202A21       ----------A-----------A------------------------CC------T---G----------   131
MANC          ------------------------------------------------------------------------   131
WEAU160       -------------A--------------------------------G----------------------   131

CONSENSUS-D   AGCTTTtAGAGGAGCTTAAGAGTGAAGCTGTtAGACATTTTCCTAGGATATGGCTCCATAGCTTAGGACA   130
ELI           ------------------------------------------------------------------------   131
Z2Z6          ------------------------------------------------------------------------   131
Z6            ------.-----------------------------------------------------------------   129
NDK           ------------------------------C-----------------------------------------   131

CONSENSUS-O   AGCTC?T?GAAGAGCT?AAAG?AGAAGCAGTAAGACATTTCCCTAGGCCTTGG?TACA?GCCT??GG?CA   114
ANT70         -----T-A--------A----C------------------------------C----C----TG--A--   131
MVP5180       -----C-G--------G----A------------------------------T----A----GT--G--   131

CONSENSUS-U   AACTTTTAGAGGAGCTTAAGCAAGAAGCTGTCAGACACTTTCCTAGGATATGGCTCCATAGTTTAGGACA   131
MAL           ------------------------------------------------------------------------   131

CONSENSUS-CPZ A?AC?TT?GAAGAA?TAAAAAATGA?GCAGTAAGACATTTCCC????CC????TT?????????????CA    86
CPZGAB        -G--C--G------T----------A-----------------TAGA--ATGG--GCATCAATTAGGA--   131
CPZANT        -A--T--A------A----------G-----------------ACAG--TACA--A............--   119
```

HIV1 VPR

```
CONSENSUS-A   ACATATCTAT?A?AC?TATGGGGATACTTGGGA?GG?GTT?AAGCTATAATAAGAATTTTGCAACAA?TA    180
U455          ----------A-C--C-----------------G--A---G--------------------------T--    201
IBNG          ----------G-A--A-----------------A--G---A--------------------------C--    201

CONSENSUS-B   AcATATCTATGAaACTTAtGGgGATaCtTGGgcAGGAGTgGAAGCcaTAaTAAGAAttcTgCAACAaCTG    201
SF2           -T-------------------------------------------------------------------    201
LAI           ----------------------------------------------------------------------    201
HXB2R         ----------------------------------------------------------------------    201
NL43          ------------------C---------------------------------------------------    201
NY5CG         ------------------C---------------------------------------------------    201
LW123         ----------------------------------------------------------------------    210
MN            ------------------------------------------------------------A---------    201
SC            ----------------------------------------------------------------------    201
JRCSF         -T-----------------------------------------------------------A--------G---    201
JRFL          -T-----------------------------------------------------------A--------G---    201
NH52          -T-----------------------------A-------------------------------------    201
OYI           -T------------------------------A------------------------------------    201
CAM1          -------------------------------C--------------T---------G-------------    201
HAN           -T-------------------------------------A-----------------A------------    201
D31           ------------G------------------A-------A------C----------GT-----------    201
RF            ---------------------------A-----------------T------------------------    201
YU2           ----------------------A-----------------------------------------------    201
BCSG3C        -T---------------------------------------------C--G------C-------------    201
YU10          ---------------------A-----------------------------------------------    201
P896          -------------------------------A--------------T-----------------------    201
3202A12       ----------------------------------------------------------------------    201
3202A21       ----------------------------------------------------------------------    201
MANC          -T-------------------T---G-C---A-------A------T---------C-------------    201
WEAU160       -------------------------------A-------------------------C------------    201

CONSENSUS-D   A?ATATtTATGAAACTTATGGGGATACCTGGG?AGGaGTTGAAGCT?TAATAAGAATt?TGCAACAAtTA    196
ELI           -C------------------------------T-------------A----------AC-----------    201
Z2Z6          -T------------------------------C-------------C-----------T-----------    201
Z6            -T------------------------------T-------------C-----------T-----------    199
NDK           -C----C--------------------------C---T---------A-----------C--------C--    201

CONSENSUS-O   ?TACATTTATGAGACTTATGG?GACACTTGGG?AGGAGTTATGGCAATTATAAGAATCTTACAACAA?T?    179
ANT70         A--------------------G----------T---------------------------------T-G    201
MVP5180       G--------------------A----------A---------------------------------C-A    201

CONSENSUS-U   ACATATCTATGAAACTTATGGGGATACCTGGGAAGGAGTTGAAGCTATAATAAGAAGTCTGCAACAACTG    201
MAL           ----------------------------------------------------------------------    201

CONSENSUS-CPZ A??C?T??A???????TAT?????????????????????????????????????????T?CAA????T?     98
CPZGAB        -TT-A-TT-TGACACT---GGAGATACATGGGTAGGAGTAGAGGCCATCATAAGAATCT-A---CACT-G    201
CPZANT        -CA-T-GG-AATTGGG---.......................................A-G-----A-T    147
```

```
                                 \/ 3' sj
CONSENSUS-A   ?TGTTT?TTCAT...TTCAGAATTGGGTG?CAACATAGCAGAATAGGCATTATT.........C?AGGGA    234
U455          C-----A-----...--------------C-------------------------.........C-----    259
IBNG          T-----G-----...--------------T-------------------------.........A-----    259

CONSENSUS-B   CTGTTTAttCaT..?TTCAGAATTGGgTGtCgaCAtAGCAGaATaGGCaTTAcT.........C?aCagA    258
SF2           ------------...----------------A--------------------T-........-A-----    259
LAI           --------C---...---------------------------------G----.........-A-----    259
HXB2R         --------C---..T--------------------                                      234
NL43          --------C---...---------------------------------G----.........-G-----    259
NY5CG         ------------...-----------A----A--------------------T-........-G-----    259
LW123         -------CC---...---------------------------------G----.........-G-----    268
MN            ------------...--------------------------------------T-........-G-----    259
SC            ------------...--------------------------------------T-........-A---A-    259
JRCSF         ------------...-----------------------------------------.........-G-----    259
JRFL          ------------...----------------A-----------------------.........-G-----    259
NH52          ------------...----------------A---------G--G---------.........-A--G--    259
OYI           ------------...----------------A-----------------------.........-G-----    259
CAM1          ------------...-----------A--C----------------------T-........-A-----    259
HAN           ------------...-----------------C----------------------.........-C-----    259
D31           ------------...----------------A-----------------------.........-GC--A-    259
RF            ------------...----------------A-----------------------.........-G---A-    259
YU2           ------------...----------------A--------------------T-........-A-----    259
BCSG3C        -------C--T-...-----------------------------------------.........-A--GA-    259
YU10          ------------...----------------A------                                   236
P896          ------------...-----------------------                                   236
3202A12       ------------...----------------A--------------------T-........-A-----    259
3202A21       ------------...----------------A--------------------T-........-A-----    259
MANC          ------------...-----------------------                                   236
WEAU160       ------------...-----------------------------------------.........-C-----    259

CONSENSUS-D   CTGTTTATTCAT...TTCAGAATTGGGTGTCAACATAGCAGAATAgGtATTAcT.........CGACAGA    254
ELI           ------------...--------------------------------C----T-.........-------    259
Z2Z6          ------------...-----------------------------------------........-------    259
Z6            ------------...-----------------------                                   234
NDK           ------------...------------------------------A--------........-------    259

CONSENSUS-O   CTGTTTACCCAT...TATAGAATTGGATGCCAACATAGTAGAATAGGAATT??C??????????CAAGAG    234
ANT70         ------------...-------------------------------------AA-.........C------    259
MVP5180       ------------...-------------------------------------CT-CCATCTAACA------    268

CONSENSUS-U   CTGTTTATTCAT...TTCAGAATTGGGTGTCAACATAGCAGAATAGGCATTACT.........CGACAGA    259
MAL           ------------...-----------------------------------------........-------    259

CONSENSUS-CPZ ??G???AT?CAT...????GA???G?GTGC??G??TAGCAGAATAGGCATCCTC.........CCACAAA    138
CPZGAB        CT-TTT--C---...TTTA--CTT-G----CA-CA--------------------........-------    259
CPZANT        AC-GAG--T---......G--GAG-A----AG-TT-                                     177
```

HIV1 VPR

```
                              -> tat cds
CONSENSUS-A   GAAGAGGC...AGGAATGGAGC??GTAGATCCTAG                    264
U455          --------...-----------CA--------                       288
IBNG          --------...-----------TG-----------                    291

CONSENSUS-B   GgAGAgCA???AGaAATGGAgCCAGTAGATCcTAG                    290
SF2           --------AGA---------------------                       291
LAI           --------...---------------------                       288
NL43          --------...---------------------                       288
NY5CG         --------...--G------------------                       288
LW123         --------...------------------------                    300
MN            --------...---------------------                       288
SC            -----T--...---------T-----------                       288
JRCSF         --------...---------------------                       288
JRFL          --------...---------------------                       288
NH52          -----A--...---------------------                       288
OYI           -A------...---------------------                       288
CAM1          -----T--...--G------------------                       288
HAN           --------...---------------------                       288
D31           --------...---------------------                       288
RF            -A------...---------------------                       288
YU2           --------AGA---------------------                       291
BCSG3C        -A------...---------------------                       288
3202A12       --------AGA------------------------A                   294
3202A21       --------AGA------------------------A                   294
WEAU160       -A------...--------------------A---                    291

CONSENSUS-D   GAAGAGCA...AGAAATGGATCCAGTAGATCC                       283
ELI           --------...---------------------                       288
Z2Z6          --------...---------------------                       288
NDK           --------...---------------------                       288

CONSENSUS-O   GAAGAGGAAGAAGAAATGGATCCAGTAGATCC                       266
ANT70         --------------------------------                       291
MVP5180       --------------------------------                       300

CONSENSUS-U   GAAGAGCA...AGAAATGGATCCAGTAGATCC                       288
MAL           --------...---------------------                       288

CONSENSUS-CPZ GAAGAAGA...TCCAATGGATCCAATAGATCC                       167
CPZGAB        --------...---------------------                       288
```

```
                                                                                <- vif cds
CONSENSUS-A   ATGGAA??A......GCCCCA...GAAGACCAGGGGCCACAGAGGGAGCCGT?C??TGAAT?G?CA?TAG     53
CONSENSUS-B   ------ca-??????------???--------A-----------------a-A-AA-----G-a--C---     61
CONSENSUS-D   ------CA-......------...--------a--------?--------A-A-AA-----G-a--T---     60
CONSENSUS-O   ------CA-......--?-??...--?A-T-----A---GCT-??-----?-T-AA-----G----C---     53
CONSENSUS-U   ------CA-......------...-C------A-----------------ACA-AA-----G-A--T---     61
CONSENSUS-CPZ ------CA-......--?--?...?-G--??-?--?----??--A--A--??-?-A?--?-G--??T---     42

CONSENSUS-A   A??TGTTAGAAGAGCTTAA?CATGAAG?TGTTAGACA?TTTCCTAGGC?GTGGCTCCATGGATTAGGACA    117
CONSENSUS-B   -GC-T-----g--------GAg-----C---------T---------ata---------a-c--------    131
CONSENSUS-D   -GC-T-----G--------GAG-----C---------T---------ATA---------A-C--------    130
CONSENSUS-O   -GC-C?-?--------?--AG?A----CA--A-----T--C-------CT---?-A--?-CC-??--?--    114
CONSENSUS-U   -AC-T-----G--------G--A----C---C-----C---------ATA---------A-T--------    131
CONSENSUS-CPZ --AC?--?-----A?-A--AA----?-CA--A-----T--C--????-C????T-?????????????--     86

CONSENSUS-A   ACATATCTAT?A?AC?TATGGGGATACTTGGGA?GG?GTT?AAGCTATAATAAGAATTTTGCAACAA?TA    180
CONSENSUS-B   ----------G-a--T----------------cA--A--gG----c------------c--------C-G    201
CONSENSUS-D   -?----t---G-A--T-----------C----?A--a---G-----?-----------?--------t--    196
CONSENSUS-O   ?T-C--T---G-G--T-----?--C-------?A--A---ATG--A--T--------C--A--------?    179
CONSENSUS-U   ----------G-A--T-----------C-----A--A---G---------------G-C--------C-G    201
CONSENSUS-CPZ -??C?-??-?-?-??----??????????????-??-???-??????????????????-?---???--?     98

                                \/ 3' sj
CONSENSUS-A   ?TGTTT?TTCAT...TTCAGAATTGGGTG?CAACATAGCAGAATAGGCATTATT.........C?AGGGA    234
CONSENSUS-B   C-----A-----..?--------------t-g-------------------c-.........---Ca--    258
CONSENSUS-D   C-----A-----...--------------T-----------------t----c-.........-G-CA--    254
CONSENSUS-O   C-----ACC---...-AT--------A--C--------T--------A---??C??????????C-A-AG    234
CONSENSUS-U   C-----A-----...--------------T----------------------C-.........-G-CA--    259
CONSENSUS-CPZ -?-???A-?---...????--???-?---C??G??---------------CC-C.........-C-CAA-    138

                             -> tat cds
CONSENSUS-A   GAAGAGGC...AGGAATGGAGC??GTAGATCCTAG                                     264
CONSENSUS-B   -g----CA???--a--------CA-----------                                     290
CONSENSUS-D   ------CA...--A------T-CA--------                                        283
CONSENSUS-O   -------AAGA--A------T-CA--------                                        266
CONSENSUS-U   ------CA...--A------T-CA--------                                        288
CONSENSUS-CPZ -----A-A...TCC------T-CAA-------                                        167
```