

Protein Alignment Summary Table (Vif)

Name	Accession No.	Region	First Author	Reference
ROD	M15390	complete genome	Guyader,M.	Nature 326 (6114), 662-669 (1987)
NHIZ	J03654	complete genome	Zagury,J.F.	PNAS 85, 5941-5945 (1988)
ISY	J04498	complete genome	Franchini,G.	PNAS 86, 2433-2437 (1989)
ST	M31113	complete genome	Kumar,P.	J. Virol. 64, 890-901 (1990)
BEN	M30502	complete genome	Kirchoff,F.	Virology 177, 305-311 (1990)
CAM2	D00835	complete genome	Tristem,M.F.	J. Gen. Virol. 72, 721 (1991)
D194	J04542	complete genome	Kuehnel,H.	PNAS 86, 2383-2387 (1989)
GHI	M30895	complete genome	Hasegawa,A.	ARHR 5, 593-604 (1989)
JAV1	L28935	vif, complete	Jacinto,A.	Unpublished (1994)
KR	U22047	complete genome	Kraus,G.K.	PNAS 90 (9), 4226-4230 (1993)
MDS	Z48731	gag pol vif tat rev nef env	Becker,M.	Unpublished
VALI	L28934	vif, complete	Jacinto,A.	Unpublished (1994)
UC2	U38293	complete genome	Barnett,S.W.	Unpublished (1997)
UC1	L07625	complete genome	Barnett,S.W.	J. Virol. 67, 1006-1014, (1993)
D205	X61240	complete genome	Dierich Et Al,U.	ARHR 8, 1619 (1992)
EHOA	U27200	complete genome	Rey-Cuille,M.A.	Virology 202 (1), 471-476 (1994)
MM251	M19499	complete genome	Franchini,G.	Nature 328, 539-543 (1987)
MM1A11	M76764	complete genome	Luciw,P.A.	ARHR 8: 395-402 (1992)
MM32H	D01065	complete genome	Rud,E.W.	J. Gen. Virol. 75, 529 (1994)
MM316S	L22790	vif, vpx, vpr	Kodama,T.	J. Virol. 67, 6522-6534 (1993)
MM239	M33262	complete genome	Regier,D.A.	ARHR 6, 1221-1231 (1990)
MM142	M16403	complete genome	Chakrabarti,L.	Nature 328, 543-547 (1987)
MNE	M32741	complete genome	Benveniste,R.E.	Unpublished (1990)
SMMH4	X14307	complete genome	Hirsch,V.M.	Nature 339, 389-391 (1989)
SIVSMMH9	M80194	complete genome	Courgraud,V.	J. Virol. 66, 414-419 (1992)
SIVSMMPBJA	M31325	complete genome	Dewhurst,S.	Nature 345, 636-640 (1990)
STM	M83293	complete genome	Novembre,F.J.	Virology 186, 783-787 (1992)

HIV2/SIV VIF

< - pol cds

CONSENSUS-A MeeqkTWIVVPCWRVGR2MEKIHSLVYLYLKYPTKDLF2VCVYPPHKKVGMAMWTCGRVTFPLK35HLEIQAYNNLTPERKMLSSYSVR?TWYTDKFWTDTYTPDQAD?LIHSTYSCF+AGEVRRATIGE 125
 ROD D-----I-----K-----K-----N-----N-----I-----H-----I-----T-----V-----P----- 129
 NIH2 -DQ-----A-----R-----I-----Q-R-----N-----M-----S-G-----T----- 129
 ISY -A-----R-----I-----G-K-----E-R-----L-----HA-L-----I-----T----- 129
 ST DRN--A-----A-----K-G-Q-----R-D-R-----A-M-----T----- 129
 BEN -N-----R-----R-----E-R-----H-----L-----S----- 129
 CAM2 -N-----R-----R-----E-R-----H-----L-----S----- 129
 D194 -N-----R-----R-----E-R-----H-----L-----S----- 129
 GH1 -N-----R-----R-----E-R-----H-----L-----S----- 129
 JAU1 -D-----D-----Q-----EG-----A-I-----R-----S-----G----- 129
 KR -E-----G-----H-----Q-N-----V-G--H-----A-I-----R-----S----- 129
 MDS -T-----N-----K-----E-R-----N-----A-L-----S-----S-----T-----A----- 129
 YALI -T-----K-----E-R-----K-----A-I-----S-----G----- 129
 UC2 -S-----R-----G-R-----E-----H-----L-----I-----C-A----- 129

CONSENSUS-B I-.L-Y-.i-.e-QQ-S-----ega?-.V-G-----R-F--A-L--eRS-Y-----V--q-L-GS-----N----- 128
 UC1 -GE-N-----I-.L-.L-----H--E-QQ-S-----EAY-.V-G-----R-F--A-L--KRS-Y-----V--Q-L-GS-----N----- 129
 D205 -E-D-----I-.L-R-.I-----GE-QQ-S-----I--NKGAW-.V-G-----R-F--A-L--ERN-Y-----V--Q-L-GS-----S-N----- 129
 EHOA ---E-N-A-----I-C-.L-R-.I-----QQ-S-----EGA--V-G-----R-F--A-L--ERS-Y-----V--R-L-GS--S--N----- 129

CONSENSUS-SD e-----?-----I-e-.L-r-.I-.k--QK?-----qeg--V-G-----T-A-.i--SRn-----Y--l-L-----P----- 127
 MM251 -E--A-----I-E-.L-R-.I-.k--QK-----F-----QEG--V-G--H-----R--T-A-.I--SRN-----Y--I-L-----P----- 129
 MM1A11 -E--A-----I-E-.L-R-.I-.k--QK-----F-----QEG--V-G--H-----R--T-A-V--SRN-----NY--I-L-----P----- 129
 MM32H -A-----I-E-.L-R-.I-.k--QK-----Y-----QEG--V-G--H-----R--T-A-.I--SRN-----Y--I-L-----P----- 129
 MM316S -E--A-----I-E-.L-R-.I-.k--QK-----F-----QEG--V-G--R-----T-A-.I--SKN-----NY--I-L-----P----- 129
 MM239 -E--A-----I-E-.L-R-.I-.k--QK-----F-----QEG--V-G--H-----T-A-.I--SKN-----NY--I-L-----P----- 129
 MM142 -E--A-----I-E-.L-R-.I-.k--QK-----F-----QEG--V-G--R-----T-A-.I--SKD-----EY--I-L-----P----- 129
 MNE -E--A-----I-E-.L-R-.I-.k--QK-----F-----QEG--V-G--R-----R--THA-.I--SRN-----I-L-----P----- 129
 SMMH4 -E-N-----I-E-.L-R-.I-H--N--QKA-----RDET--V-G--A-----T-A-.I--SRN-----Y--T-L-----P--SE--K----- 129
 SMMH9 -E-N-----I-.L-.I-----I-H--N--QKA-----RDEA--V-G--x-----T-A-.I--SRN-----A--Y--T-L-G--P--SE----- 129
 SMMPB14.441 -E-N-----I-.L-.I-----I-H--N--QKA-----DEA--V-G-----T-A-.I--SRN-----Y--T-L-G--P--SE----- 129

CONSENSUS-STM E-----I-.L-R-.I-H--N--E-SKA-----Q-BA--V-G-----E-A-.I--RN--S-----Q-L-G--P----- 129
 STM ---E-----I-.L-R-.I-H--N--E-SKA-----Q-BA--V-G-----E-A-.I--RN--S-----Q-L-G--P----- 129

vpx cds ->

CONSSENSUS-A KLIISChnPgAHKsgVpSIQfLAlVlVVVQNd_rPQ?r?LrKqWRcdyrrGIRVArqD?r?KQrGsepparayFPpGvAKVleIIA\$
 ROD R-RA R-DS R-R L-K-S-H-S-S-T-T
 NIHZ K-R-R S-GNSA-R-G M-S-GY-S-PT-H-L-E
 ISY K-DN L-G-H
 ST Y
 BEN A Y G-A H L-G-S-H
 CANM2 K-R-R DR L-S-Y-S-G
 D194 A Y G-KGAA HW Y-L-G-S-H
 GH1 V Y KG-A HW Y-L-S-H
 JAU1 K KY W-KNS-R-SN-W-F-L-K-G-GH-SG
 KR W-R-K-L G-DS-R-A-L S-H-G-S-G-H
 MDS T G-K-NS-R-A-L S-GL-G-S-G-H
 VALL A Y K-GPA HW Y-L-E-GK-H
 UC2

CONSSENSUS-B
 UC1 -I-Y-S-EG-R-R-I-RGKDGSGESA-R-NS-SI-L-KNNRRAQ-GS-Q-L-T-L-E-G
 D205 -I-Y-S-EG-R-R-I-RGKDGSGESA-R-NS-SI-L-KNNRRAQ-GS-Q-F-T-L-E-G
 EHOA -I-H-S-TG-R-RGKDGSGES-R-NS-I-M-DNT-TSQ-SS-QSL-QGT-L-E-G

CONSSENSUS-SD
 MM251 Q-KF-r-? Y-t-.shv.-s-GENP-W-n-m-k-Ns-gd-k-tkG-n-L-G
 MM1A11 Q-RF-R-RY-Y-k-.SDV.-S-GENP-W-N-M-K-NS-GD-K-TKG-D-L-G
 MM32H Q-KF-R-RY-Y-R-.SYV.-S-GENP-W-S-S-M-K-NS-GD-GK-TKG-N-L-G
 MM316S Q-RF-R-RY-Y-k-.SDV.-S-GENP-W-N-M-K-NS-GD-GK-TKG-N-L-G
 MM239 Q-RF-R-RY-Y-k-.SDV.-S-GENP-W-N-M-K-NS-GD-GK-TKG-N-L-G
 MM142 R-RF-R-RH-Y-R-.SHV.-S-GENP-W-N-S-K-NS-GD-GK-TKG-N-L-G
 MNE Q-RF-R-R-T-Y-R-.SYV.-S-ENP-W-N-S-M-K-NS-GD-K-TKGVD-L-G
 SMMH4 Q-KF-K-N-Y-T-.SHV.-S-GENP-W-NN-K-M-K-NS-RN-GS-KS-KG-N-L-G
 SMMH9 Q-KF-K-N-Y-T-.SHV.XS-GEXB-W-NX-X-L-T-NX-RN-GS-SF-XG-N-L-X-G
 SMMPBJ14.441 Q-KF-K-N-Y-T-.SHV.-S-GENP-W-NN-NS-RN-GS-SF-EGTN-L-G

CONSSENSUS-STM
 STM RFTK-N-N-Y-k-.EHV.-S-EN-A-GN-GSI-T-NG-GH-P-K-STEGTD-L-G
 RFTK-N-N-Y-k-.EHV.-S-EN-A-GN-GSI-T-NG-GH-P-K-STEGTD-L-G