

Protein Alignment Summary Table (Gag)

Name(s)	Accession No.	Region	First Author	Reference
AGMTYO	X07805	complete genome	Fukasawa, M.	<i>Nature</i> 333 , 457-461 (1988)
AGMI55	M29975	complete genome	Johnson, P.R.	<i>J. Virol.</i> 64 , 1086-92 (1990)
AGM3	M30931	complete genome	Baier, M.	<i>Virology</i> 176 , 216-221 (1990)
SIVREV	L40990	complete genome	Hirsch, V.M.	<i>J. Virol.</i> 69 , 955-967 (1995)
2010G	U10899	gag	Jin, M.J.	<i>J. Virol.</i> 68 , 8454 (1994)
AGM677	M66437	complete genome	Fomsgard, A.	<i>Virology</i> 182 , 397-402 (1991)
AGMT9	L19254	gag, pol	Hirsch, V.M.	<i>Virology</i> 197 , 426-430 (1993)
AGMT17	L19250	gag, pol	Hirsch, V.M.	<i>Virology</i> 197 , 426-430 (1993)
AGMT27	L19251	gag, pol	Hirsch, V.M.	<i>Virology</i> 197 , 426-430 (1993)
AGMT40	L19252	gag, pol	Hirsch, V.M.	<i>Virology</i> 197 , 426-430 (1993)
AGMT49	L19253	gag, pol	Hirsch, V.M.	<i>Virology</i> 197 , 426-430 (1993)
TANI	U58991	complete genome	Soares, M.A.	<i>Virology</i> 228 , 394-399 (1997)
SAB1C	U04005	complete genome	Jin, M.J.	<i>EMBO J.</i> 13 , 2935-2947 (1994)
SYK	L06042	complete genome	Hirsch, V.M.	<i>J. Virol.</i> 67 , 1517-28 (1993)
AGM692	M29974	gag	Johnson, P.R.	<i>J. Virol.</i> 64 , 1086-92 (1990)

II-C-1
DEC 98

AGMGAG

Amino Acids

VERVET .CON	MGAAATSA .lnrFQldPpE?2IKLRPhnGKKKQIKHlIWAKGmeRFGHertlLEFeGCKlIEVlyPLePTGSEGlKSlfNlVcVhKek?kVKEDlBEAVALVROcCHlVekE?A ??	114
AGMT10	-----K-----K-----R-----	117
AGM135	-----E-H-----K-D-----K-----S-----M-Y-----L-O-K-----L-I-----D-T-----S-----	117
AGM3	-----K-H-----T-----	119
STVREV	-----K-----K-----D-----D-----F-----DKE-----I-----RN-----ER-----	117
2010G	-----K-----K-----	17
GRIVET .CON	---GGH---SG-S-T-K-----K-----K-----Q-----T-----A-----C-----lW-I-A-Q-----V-----K-----HY-----D-----NEK-----	117
AGM677	---GGH---SG-S-T-K-----K-----K-----Q-----T-----A-----C-----lW-I-A-Q-----V-----K-----HY-----D-----NEK-----	117
TANTALUS .CON	---GH---sg-N-t-k-----L-----R-----K-----Q-----a-----v-----i-----k-----h-----	116
AGM9	---VGH---sg-N-A-k-----R-----KL-----R-----K-----Q-----a-----y-----lW-I-A-Q-----C-----lM-I-A-Q-----I-----K-----OS-----T-----	117
AGM17	---GH---S-N-T-K-----L-----L-----S-----K-----Q-----a-----C-----lM-I-A-Q-----C-----lW-I-A-Q-----V-----I-----K-----H-----	116
AGM27	---SGH-T---SG-N-T-R-----L-----L-----DK-----K-----Q-----A-----A-----T-----I-----K-----H-----T-----	117
AGM40	---GH---SG-N-T-K-----P-----L-----DK-----K-----Q-----A-----A-----T-----I-----K-----H-----S-----T-----	117
AGM49	---GH---TG-N-T-K-----L-----L-----D-----K-----Q-----A-----A-----T-----Y-----C-----lW-I-A-Q-----V-----I-----K-----R-----A-----T-----	117
TANI1	---GH---SG-N-T-K-----L-----L-----K-----K-----Q-----S-----C-----lW-I-A-Q-----V-----I-----K-----R-----A-----T-----	117
SABAUS .CON	---SN-V---SG-K-A-SV-----KlR-V-S-LD-S-SAN-----K-VV-LS-L-V-----N-IA-----C-A-I-A-I-----K-K-KEEV,PA-MTES-----	116
SAB1C	---SN-V---SG-K-A-SV-----KlR-V-S-LD-S-SAN-----K-VV-LS-L-V-----N-IA-----C-A-I-A-I-----K-K-KEEV,PA-MTES-----	116
SYKES .CON	---G-I-TG-E-RY-K-----K-----R-----lVR-V-K-LD-----SDQ-M-SK-----E-----lL-----L-----AN-----N-----GllS-VMA-AKKE-E-----Q-----KOK-KEA-N,WKDDP-TSGGQSENSSON	129
SYK	---G-I-TG-E-RY-K-----K-----R-----lVR-V-K-LD-----SDQ-M-SK-----E-----lL-----L-----AN-----N-----GllS-VMA-AKKE-E-----Q-----KOK-KEA-N,WKDDP-TSGGQSENSSON	129
TANTALUS .CON	---GH---sg-N-t-k-----L-----L-----dk-----K-----Q-----a-----c-----lW-I-A-Q-----T-----lC-I-Q-A-----?i-k-h-----t-----	116
TV_AGM692	---SGS---SG-K-----H-----L-----L-----K-----Q-----L-----L-----IRIK-Q-----D-GEN-----	117
VERVET .CON	??letsGg khd'g?taPpGg .sONPpAQOQ .GNAWwVpLSpRTlANAWKAVEKKFGAEIvPwFQAlSBCpPYDlNQMlNlGHDGAlQlVKEIINBEAAQMDVtChPpAGPlPaGQl	231
AGMT10	-----K-IA-C-----	236
AGM155	---VTPPG---Q-NT-G-T-----	236
AGM3	---P-E-----SNRET-----	240
STVREV	---P-E-----SNRET-----	236
2010G	---A-R-----R-----R-----STATSS-Q-----T-----	136
GRIVET .CON	-----AK-----E-----T-----E-R-Y-VVN-N-----Q-----C-----RW-----V-----LS-V-----I-----L-----V-----E-----R-----R-----	230
AGM677	-----AK-----E-----T-----E-R-Y-VVN-N-----Q-----C-----RW-----V-----LS-V-----I-----L-----V-----E-----R-----R-----	230
TANTALUS .CON	---AAP-g---?O-yn.ta-----RHG-Y-VV-N-Q-----t-----R-----R-----LS-----I-----M-----I-----V-----N-----I-----A-----V-----	232
AGM9	---AAP-g---?O-yn.ta-----RHG-Y-VV-N-Q-----t-----R-----R-----LS-----I-----M-----I-----V-----N-----I-----A-----V-----	236
AGM17	---AAP-g---?O-yn.ta-----RHG-Y-VV-N-Q-----t-----R-----R-----LS-----I-----M-----I-----V-----N-----I-----A-----V-----	234
AGM27	---AAP-g---?O-yn.ta-----RHG-Y-VV-N-Q-----t-----R-----R-----LS-----I-----M-----I-----V-----N-----I-----A-----V-----	236
AGM40	---AAP-g---?O-yn.ta-----RHG-Y-VV-N-Q-----t-----R-----R-----LS-----I-----M-----I-----V-----N-----I-----A-----V-----	236
AGM49	---AAP-g---?O-yn.ta-----RHG-Y-VV-N-Q-----t-----R-----R-----LS-----I-----M-----I-----V-----N-----I-----A-----V-----	236
TANI1	---AAP-g---?O-yn.ta-----RHG-Y-VV-N-Q-----t-----R-----R-----LS-----I-----M-----I-----V-----N-----I-----A-----V-----	236
SABAUS .CON	---A-----TKELQAK-----E-----P-----VT-----S-----G-----R-----Y-----lVS-----V-----N-----Q-----Q-----VI-----S-----V-----S-----A-----A-----Al-----AV-----E-----D-----LV-----D-----LR-----QO-PAQ-V-----	241
SAB1C	---A-----TKELQAK-----E-----P-----VT-----S-----G-----R-----Y-----lVS-----V-----N-----Q-----Q-----VI-----S-----V-----S-----A-----A-----Al-----AV-----E-----D-----LV-----D-----LR-----QO-PAQ-V-----	241
SYKES .CON	---MAS-----KVVQOEKO-----AA-P-R-----Y-----lLRNPO-Q-----I-----T-----G-----V-----Y-----K-----E-----NS-----D-----S-----L-----T-----Fl-----L-----G-----AV-----M-----VI-----D-----G-----A-----LE-----Q-----QO-A-QAG-----	253
SYK	---MAS-----KVVQOEKO-----AA-P-R-----Y-----lLRNPO-Q-----I-----T-----G-----V-----Y-----K-----E-----NS-----D-----S-----L-----T-----Fl-----L-----G-----AV-----M-----VI-----D-----G-----A-----LE-----Q-----QO-A-QAG-----	253
TANTALUS .CON	---a?P-g---?O-yn.a-----?HG-Y-VV-N-Q-----t-----t-----R-----LS-----I-----M-----I-----V-----N-----I-----A-----V-----	232
TV_AGM692	---a?P-g---?O-yn.a-----?HG-Y-VV-N-Q-----t-----t-----R-----LS-----I-----M-----I-----V-----N-----I-----A-----V-----	230
VERVET .CON	RDPtGSDlAGTtStVOEOLewlYtANpRVDGAlYRwIlLGlQKcVwKMNpVSVldlRQpKpEFDYVDRFyKAlRAEQASeVwKOWMTEsLlIONANpDCKVlLKGlGmHPtLEEMlTACOGVgP	361
AGMT10	-----S-----	366
AGM155	-----G-----	366
AGM3	-----V-----	370
STVREV	-----V-----	366
2010G	-----V-----	224
GRIVET .CON	---T-----Sl-----I-----TFN-----I-----Q-----K-----V-----V-----Q-----Q-----OK-----Q-----P-----D-----N-----Q-----T-----L-----L-----N-----I-----I-----Q-----	360
AGM677	---T-----Sl-----I-----TFN-----I-----Q-----K-----V-----V-----Q-----Q-----OK-----Q-----P-----D-----N-----Q-----T-----L-----L-----N-----I-----I-----Q-----	360
TANTALUS .CON	---?-----I-----TFN-----?-----R-----g-----V-----?-----A-----g-----L-----TP-----D-----n-----T-----LV-----	360
AGM9	---?-----I-----TFN-----?-----R-----g-----V-----?-----A-----g-----L-----TP-----D-----n-----T-----LV-----	366
AGM17	---S-----I-----TFN-----T-----K-----R-----G-----V-----R-----Q-----L-----R-----TP-----D-----N-----S-----T-----H-----V-----R-----I-----G-----	362
AGM27	---S-----I-----TFN-----T-----K-----R-----G-----V-----R-----Q-----L-----R-----TP-----D-----N-----S-----T-----H-----V-----R-----I-----G-----	366
AGM40	---S-----I-----TFN-----T-----K-----R-----G-----V-----R-----Q-----L-----R-----TP-----D-----N-----S-----T-----H-----V-----R-----I-----G-----	366
AGM49	---S-----I-----TFN-----T-----K-----R-----G-----V-----R-----Q-----L-----R-----TP-----D-----N-----S-----T-----H-----V-----R-----I-----G-----	366
TANI1	---S-----A-----I-----TFN-----K-----R-----G-----V-----R-----Q-----L-----R-----TP-----D-----N-----S-----T-----H-----V-----R-----I-----G-----	366
SABAUS .CON	---Q-----I-----I-----TTR-----QNA-----N-----N-----KG-----NI-----K-----NI-----K-----T-----D-----PA-----N-----Q-----TV-----N-----I-----AO-----	371
SAB1C	---Q-----I-----I-----TTR-----QNA-----N-----N-----KG-----NI-----K-----NI-----K-----T-----D-----PA-----N-----Q-----TV-----N-----I-----AO-----	371
SYKES .CON	---SA-----SlA-----I-----TRQ-----NP-----Q-----E-----QV-----I-----K-----K-----I-----HCl-----DPS-----G-----L-----Q-----E-----R-----Q-----AM-----VK-----Q-----L-----	382
SYK	---SA-----SlA-----I-----TRQ-----NP-----Q-----E-----QV-----I-----K-----K-----I-----HCl-----DPS-----G-----L-----Q-----E-----R-----Q-----AM-----VK-----Q-----L-----	382

