



HIV CTL Epitope Alignments

D.UG.94UG1141	R-----	02_AG.SE.SE7812	-----		
<b>CONSENSUS-F1</b>	<b>rEGHQMKDCTErQANF</b>	02_AG.SN.98SEMP1211	-----		
F1.BE.V1850	R-----	03_AB.RU.KAL153-2	-----		
F1.BR.93BR020-1	R-----	03_AB.RU.RU98001	-----N-----		
F1.BR.BZ162	R-----G-----	04_cpx.CY.94CY032-3	-----		
F1.CD.V1174	R-----	04_cpx.GR.97PVCH	-----P-----S		
F1.FIN9563	Q-----	05_DF.BE.V11310	R-----		
F1.FR.MP411	R-----	05_DF.BE.V1961	R-----I-G-----		
F1.RW.V169	R-----	06_cpx.AU.BFP90	-----		
F2.CM.MP255	Q-----	06_cpx.ML.95ML127	-----		
F2.CM.MP257	Q-----	06_cpx.ML.95ML84	-----		
F2KU.BE.V11126	-----E-----	06_cpx.SN.97SE1078	-----		
G.BE.DRCBL	-----E-----	10_CD.-BFL06129	EGHQLKDCPER-		
G.FL.HH8793-1-1	-----E-----	10_CD.-BFL07130	R-----		
G.NG.92NG083	-----E-----	10_CD.-BFL11031	R-----		
G.SE.SE6165	Q-----G-----	11_cpx.CM.97CM-MP818	-----		
H.BE.V1991	R-----	11_cpx.FR.99FR-MP1298	Q-----		
H.BE.V1997	R-----	11_cpx.FR.99FR-MP1307	-----		
H.CF.90CF056	R-----	11_cpx.GR.GR17	-----		
J.SE.SE7022	-----	<b>CONSENSUS-CpZ</b>	<b>GHQmk?Cta?grqaNF</b>		
J.SE.SE7887	-----	CPZ.CD.CPZANT	HQLKNCPTATNTGKV--		
K.BE.V1325	-----S-----	CPZ.CM.CAM3	GHOMKNCPCAG--		
K.CD.EQTB11C	-----	CPZ.CM.CAM5	GHNMKECTTGG--		
K.CM.MP535	-----	CPZ.GA.CPZGAB	Q-----G--V-----		
MO.CM.97CAMP645MO	-----	CPZ.US.CPZUS	GHQMKDCTAGN----		
N.CM.YBF106	GHQMKDCKNEGx--				
N.CM.YBF30	GHQMKDCKNEG--				
O.CM.ANT70	EGHQMKDCRNKG--				
O.CM.MV.P5180	EGHQMKDCKNG--				
O.SN.99SE-MP1299	EGHQMKDCKNG--				
O.SN.99SE-MP1300	EGHQMKDCRNKG--				
U.CD.-.83CD0031	R-----				
<b>CONSENSUS--01_AE</b>	<b>kEGHQMKDCTErQANF</b>				
01_AE.CF.90CF11697	Q-----				
01_AE.CF.90CF402	R-----				
01_AE.CF.90CF4071	-----				
01_AE.TH.93TH057	-----				
01_AE.TH.93TH065	-----				
01_AE.TH.93TH253	-----				
01_AE.TH.93TH902	-----				
01_AE.TH.94TH7091	-----				
01_AE.TH.95TNIH047	-----				
01_AE.TH.CM240	-----				
01_AE.TH.TH022	-----				
<b>CONSENSUS--02_AG</b>	<b>KEGHQMKDCTErQANF</b>				
02_AG.FR.DJ263	-----G-----				
02_AG.FR.DJ264	-----				
02_AG.GH.G829	-----				
02_AG.NG.IBNG	-----				

# p2p7p1p6 Epitope 2

Epitope #	GNFLQSRPEPTAPPF	HLA
2	<b>GNFLQSRPEPTAPPE</b>	A2
<b>B.FR.HXB2</b>		
<b>CONSENSUS-A</b>	<b>GNFPQsRpEPTAPPA</b>	
A.BY.97BL006	---P-----S---A	
A.KE.Q23	---P-N-L-----A	
A.SE.SE6594	---P-----A	
A.SE.SE7253	---P-----A	
A.SE.SE7535	---P--L-----A	
A.SE.SE8538	---P-----A	
A.SE.SE8891	---P-----A	
A.SE.UGSE8131	---P-----S-A	
A.UG.92UG037	NFPQSRPEPTAP-AA	
A.UG.U455	---P-----A	
A2.CD.97CDKTB48	---P--T-----M	
A2.CY.94CY017-41	---P--T-----A	
A2C.ZM.ZAM174-21	-----N-----A	
A2C.ZM.ZAM184	-----N-----A	
A2C.ZM.ZAM716-17	-----N-----A	
A2D.-.97KRR004	---P--T-----A	
A2G.CD.97CDKP58	-----T-----La	
AC.ET.E3099G	---P-----A	
AC.IN.21301	-----N-----A	
AC.RW.92RW009	---P--L-----A	
AC.SE.SE9488	---P--L-----A	
ACD.SE.SE8603	-----A	
ACG.BE.V11035	PEPTAPPA-----A	
AD.SE.SE6954	-----A	
AD.SE.SE7108	---P-N-L-----A	
ADHK.NO.97NOGIL3	---P-----S-A	
ADK.CD.MAL	-----A	
AG.BE.V11197	---P--L-----A	
AG.NG.92NG003	-----N-----A	
AGHU.GA.VI354	-----N-----A	
AGU.CD.Z321	-----N-----A	
AJ.BW.BW2117	-----A	
<b>CONSENSUS-B</b>	<b>gnFLQsRpEPTAPpe</b>	
B.AU.MBC18	TAP-----S----	
B.AU.MBC200	-----A	
B.AU.MBC925	-----	
B.AU.MBCC54	-----	
B.AU.MBCC98	-----	
B.AU.MBCD36	E-----S----	
B.AU.SC49	-----	
B.AU.VH	-----	
B.CN.RL42	-----	
B.DE.D31	-----R-----	
B.DE.HAN	-----	

# HIV CTL Epitope Alignments

B.ES.89SP061	PQNRL <sup>E</sup> PTA-P----	D.UG.94UG1141	FLQSRPPA-----A	02_AG.SE.SE7812	--P-----A
B.FR.HXB2	-----	<b>CONSENSUS-F1</b>	<b>GNFLQSRPEPTAPPA</b>	02_AG.SN.98SEMP1211	--P-----A
B.GA.OYI	----N-----A	F1.BE.V1850	-----A	03_AB.RU.KAL153-2	--P-----S--A
B.GB.CAM1	RPEPIAP-----	F1.BR.93BR020-1	---I-N---S--A	03_ABRURU.98001	--P-----S--A
B.GB.GB8	-----	F1.BR.BZ162	---N-----A	04_cpx.CY.94CY032-3	-----N-----A
B.GB.MANC	-----	F1.CD.V1174	-----A	04_cpx.GR.97PVC	-----T-----A
B.JP.JH3	-----S	F1.FI.FIN9363	-----A	04_cpx.GR.97PVMY	-----S--A
B.KR.WK	-----	F1.FR.MP411	---N-----A	05_DF.BE.V1961	-----S--A
B.NL.3202A21	-----	F1.RW.V169	---S--A	06_cpx.AU.BFP90	---N-----I
B.TW.TWCYS	-----	F2.CM.MP255	---N-----A	06_cpx.ML.95ML127	---N-----A
B.UNK.NL43E9	-----	F2.CM.MP257	---N-----A	06_cpx.ML.95ML84	---N-----A
B.US.85WCIPR54	-----	F2KU.BE.V1126	-----A	06_cpx.SN.97SE1078	NRPE-N---S--A
B.US.AD8	---P--L-----	G.BE.DRCBL	---N-----A	10_CD.-.BFL06129	-----A
B.US.BC	-----S	G.FL.HH8793-1-1	---N-T-----A	10_CD.-.BFL07130	-----A
B.US.DH123	-----	G.NG.92NG083	---N-T-----A	10_CD.-.BFL11031	-----A
B.US.JRCSF	-----	G.SE.SE6165	---P-K-L-----A	11_cpx.CM.97CM-MP818	-----A
B.US.JRFL	R--P--T-----	H.BE.V1991	-----A	11_cpx.FR.99FR-MP1298	--I-----A
B.US.MNCG	-----	H.BE.V1997	-----A	11_cpx.FR.99FR-MP1307	-----A
B.US.NC7	-----	H.CF.90CF056	-----A	11_cpx.GR.GR17	-----A
B.US.NY5CG	-----	J.SE.SE7022	-----A	<b>CONSENSUS-CPZ</b>	<b>GNF?qrkEPTAPPI</b>
B.US.P896	-----	J.SE.SE7887	-----A	CPZ.CD.CPZANT	FVQKEVY-----I
B.US.RF	-----	K.BE.V1325	-----A	CPZ.CM.CAM3	---G-K-----L
B.US.SF2	---P--L-----	K.CD.EQTB11C	-----A	CPZ.CM.CAM5	---P-GGK-----M
B.US.WEAU160	-x--N-----S--A	K.CM.MP535	-----A	CPZ.GA.CPZGAB	---V-N-T-----I
B.US.WR27	-----S	MO.CM.97CAMP645MO	FPQTTT-R-----L	CPZ.US.CPZUS	---EN-K-----I
B.US.YU2	-----A	N.CM.YBF106	FPQTTT-K-----L		
BF1.BR.93BR029-4	-----	N.CM.YBF30	--YV-REAH-S---M		
<b>CONSENSUS-C</b>	<b>GNFLQSRPEPTAPPA</b>	O.CM.ANT70	--YV-KOVS-S---M		
C.BR.92BR025	--L--N-T-----	O.CM.MVP5180	--YA-RQVS-S---M		
C.BW.96BW01B22	-----N-L--S---A	O.SN.99SE-MP1299	--YA-RQVS-S---M		
C.BW.96BW0402	-----N-L--S---A	O.SN.99SE-MP1300	-----N-----A		
C.BW.96BW0502	RSEPAAPTIV-----A	U.CD.-.83CD0031	<b>GNFPQSRPEPTAPPA</b>		
C.BW.96BW1104	-----S---A	<b>CONSENSUS-01_AE</b>	---P--L-----A		
C.BW.96BW1210	-----N-T-----A	01_AE.CF.90CF11697	---P-----M		
C.BW.96BW15B03	-----N-L--S---A	01_AE.CF.90CF402	---P-----A		
C.BW.96BW1626	-----N-L--S---A	01_AE.CF.90CF4071	---P-----A		
C.BW.96BW17A09	APPESL-----P	01_AE.TH.93TH057	---P-----A		
C.ET.ETH2220	-----A	01_AE.TH.93TH065	---P--K-----A		
C.IN.93IN101	-----A	01_AE.TH.93TH253	---P-----A		
C.IN.93IN904	-----A	01_AE.TH.93TH902	---P-----A		
C.IN.93IN905	PTAPPA-----A	01_AE.TH.94TH7091	---P-----A		
C.IN.93IN999	-----A	01_AE.TH.95THIH047	---P-----A		
C.IN.94IN11246	-----A	01_AE.TH.CM240	---P-----A		
C.IN.95IN21068	-----A	01_AE.TH.TH022	---P-----A		
C.IN.AF209990	-----A	<b>CONSENSUS-02_AG</b>	<b>GNFPQSRPEPTAPPA</b>		
<b>CONSENSUS-D</b>	<b>GNFLQSRPEPTAPPA</b>	02_AG.FR.DJ263	---P-----A		
D.CD.84ZR085	-----A	02_AG.FR.DJ264	---P-----A		
D.CD.ELI	-----A	02_AG.GH.G829	---P-----S--A		
D.CD.NDK	-----A	02_AG.NG.IBNG	---P-----A		
D.CD.ZZ26	-----A				

# p2p7p1p6 Epitope 3

Epitope #	HLA		
3	B*4001(B60)		
<b>B.FR.HXB2</b>	KELYPLTSL		
	<b>KELYPLTSL</b>		
<b>CONSENSUS--A</b>	<b>eqppP?vSL</b>		
A.BY.97BL006	EQP-SI--		
A.KE.Q23	EQAQ--V--		
A.SE.SE6594	EQTP-SV--		
A.SE.SE7253	EQNS-SV--		
A.SE.SE7535	GQDP--V--		
A.SE.SE8538	EQVP--V--		
A.SE.SE8891	S-AP--I--		
A.SE.UGSE8131	QNNP-SV--		
A.UG.92UG037	DQNP-SV--		
A.UG.U455	R-QT--V--		
A2.CD.97CDKTB48	EPST-AI--		
A2.CY.94CY017-41	EPYN-AI--		
A2C.ZM.ZAM174-21	-DRET----		
A2C.ZM.ZAM184	DRE--I--		
A2C.ZM.ZAM716-17	DRE-----		
A2D.-.97KR004	EQHT-AI--		
A2G.CD.97CDKPF58	ERYI-AI--		
AC.ETE3099G	xLYP--x--		
AC.IN.21301	-DRE-----		
AC.RW.92RW009	-DRE--I--		
AC.SE.SE9488	EQGP--V--		
ACD.SE.SE8603	-----A--		
ACG.BE.VI1035	GLYP-----		
AD.SE.SE6954	-----A--		
AD.SE.SE7108	EQAP--I--		
ADHK.NO.97N0GIL3	EPPP--V--		
ADK.CD.MAL	-----A--		
AG.BE.VI1197	GLYP-----		
AG.NG.92NG003	--SP-----		
AGHU.GA.VI354	--R-----		
AGU.CD.Z321	ELYP--A--		
AJ.BW.BW2117	-----		
<b>CONSENSUS--B</b>	<b>kelyplasL</b>		
B.AU.MBC18	SS-----A--		
B.AU.MBC200	-----A--		
B.AU.MBC925	-----A--		
B.AU.MBCC54	-----A--		
B.AU.MBCC98	-D-----A--		
B.AU.MBCD36	-----A--		
B.AU.SC49	-D-----A--		
B.AU.VH	-----A--		
B.CN.RL42	-----A--		
B.DE.D31	-----A--		
B.DE.HAN	-----A--		
B.E.S.89SP061	-----SA--		
B.FR.HXB2	-----		
B.G.A.OYI	-G-----		
B.GB.CAMI	-----A--		
B.GB.GB8	-P-----A--		
B.GB.MANC	-----A--		
B.P.JH31	-----A--		
B.KR.WK	-----A--		
B.NL.3202A21	-----A--		
B.TW.TWCYS	-D-----A--		
B.UNK.NL43E9	-----A--		
B.US.85WCIPR54	-Q-----A--		
B.US.AD8	-----M--		
B.US.BC	-----A--		
B.US.DH123	-----A--		
B.US.JRCSF	-----M--		
B.US.JRFL	-D-----A--		
B.US.MNCG	-V-----		
B.US.NC7	-----A--		
B.US.NY5CG	-----A--		
B.US.P896	-----A--		
B.US.RF	-----A--		
B.US.SF2	-----		
B.US.WEAU160	-----A--		
B.US.WR27	-----A--		
B.US.YU2	-M-----A--		
BF1.BR.93BR029-4			
<b>CONSENSUS--C</b>	<b>kdrEpltsl</b>		
C.BR.92BR025	DREL-----		
C.BW.96BW01B22	-DRE-----		
C.BW.96BW0402	-DRE-----		
C.BW.96BW0502	PYRE---A--		
C.BW.96BW1104	-DRE--I--		
C.BW.96BW1210	DREP--A--		
C.BW.96BW15B03	-DRE--I--		
C.BW.96BW1626	-DRE-----		
C.BW.96BW17A09	-DRE---F--		
C.ET.ETH2220	-DREA-----		
C.IN.93IN101	-DRE-----		
C.IN.93IN904	-DRE-----		
C.IN.93IN905	-DRE-----		
C.IN.93IN999	-DRE-----		
C.IN.94IN11246	-RE-----		
C.IN.95IN21068	-DRE-----		
C.IN.AF209990	-DRE-----		
<b>CONSENSUS--D</b>	<b>KELYPltsL</b>		
D.CD.84ZR085	-----A--		
D.CD.ELI	-----		
D.CD.NDK	-----A--		
D.CD.ZZz6	-----S-A--		
B.E.S.89SP061	D.UG.94UG1141		
<b>CONSENSUS--F1</b>	<b>gLyPPLASL</b>		
F1.BE.VI850	ELYP--A--		
F1.BR.93BR020-1	GLYP--A--		
F1.BR.BZ162	GLYP--A--		
F1.CD.VI174	GLYP--A--		
F1.FI.FIN9363	GOYP--A--		
F1.FR.MP411	GLYP--A--		
F1.RW.VI69	GLSP--A--		
F2.CM.MP255	EQAP--V--		
F2.CM.MP257	EQVP--I--		
F2KU.BE.VII126	GQEP-----		
G.BE.DRCBL	-----S--		
G.FI.HH8793-1-1	---TH--A--		
G.NG.92NG083	-----		
G.SE.SE6165	---KELYP--		
H.BE.VI991	EQEP-----		
H.BE.VI997	DKEP--FA--		
H.CF.90CF056	DKEP--A--		
J.SE.SE7022	-----		
J.SE.SE7887	-----		
K.BE.VI325	EQGS-----		
K.CD.EQTB11C	EQGP-----		
K.CM.MP535	EQSP-----		
M.O.CM.97CAMP645MO	ELYP-----		
N.CM.YBF106	SLYP-----		
N.CM.YBF30	SLYP-----		
O.CM.ANT70	N-----FA--		
O.CM.MVP5180	E-----FA--		
O.SN.99SE-MP1299	N-----FA--		
O.SN.99SE-MP1300	N-----FA--		
U.CD.-.83CD0031	SLYP-----		
<b>CONSENSUS--01_AE</b>	<b>ep?pPlvsL</b>		
01_AE.CF90CF11697	EHPs--V--		
01_AE.CF90CF402	-QPP--V--		
01_AE.CF90CF4071	EHPp--V--		
01_AE.TH.93TH057	EHPp--V--		
01_AE.TH.93TH065	-DPP--V--		
01_AE.TH.93TH253	EHPp--SV--		
01_AE.TH.93TH902	EYPP--V--		
01_AE.TH.94TH7091	EYPP--V--		
01_AE.TH.95TNIH047	EPPp--I--		
01_AE.TH.CM240	EHPp--V--		
01_AE.TH.TH022	EHPp--SV--		
<b>CONSENSUS--02_AG</b>	<b>GLYPL?SL</b>		
02_AG.FR.DJ263	GLYP--A--		
02_AG.FR.DJ264	GLYP--A--		
02_AG.GH.G829	GLYP-----		
02_AG.NG.IBNG	GLYP-----		

