

Protein Alignment Summary Table (Rev)

Name	Accession No.	Region	First Author	Reference
ROD	M15390	complete genome	Guyader,M.	Nature 326 (6114), 662-669 (1987)
NIHZ	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	Kirchhoff,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)
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MDS	Z48731	gag, pol, vif, tat, rev, nef, env	Becker,M.	Unpublished
UC2	U38293	complete genome	Barnett,S.W.	Unpublished (1997)
UC1	L07625	complete genome	Barnett,S.W.	J. Virol. 67, 1006-1014, (1993)
EHOA	U27200	complete genome	Rey-Cuille,M.A.	Virology 202 (1), 471-476 (1994)
D205	X61240	complete genome	Dietrich Et Al,U.	ARHR 8, 1619 (1992)
MM251	M19499	complete genome	Franchini,G.	Nature 328, 539-543 (1987)
SIVMMP11	M72323	tat, rev, nef, complete	Colombini,S.	PNAS 86, 4813-4817 (1989)
MM32H	D01065	complete genome	Rud,E.W.	J. Gen. Virol. 75, 529 (1994)
MM1A11	M76764	complete genome	Luciw,P.A.	ARHR 8: 395-402 (1992)
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MNE	M32741	complete genome	Benveniste,R.E.	Unpublished (1990)
SMMMPBJ14,441	M31325	complete genome	Dewhurst,S.	Nature 345, 636-640 (1990)
SMMH9	M80194	complete genome	Courgnaud,V.	J. Virol. 66, 414-419 (1992)
SMMH4	X14307	complete genome	Hirsch,V.M.	Nature 339, 389-391 (1989)
SM62A	U04982	partial env, nef, tat, rev	Hirsch,V.M.	J. Virol. 68, 2649-2661 (1994)
STM	M83293	complete genome	Novembre,F.J.	Virology 186, 783-787 (1992)

HIV2/SIV REV

CONSENSUS-A
 ROD mherAdBgIgrkLRliRLLHQt... exon \ exon
 NIHZ T-----T-----K-----I-----S-----N-----D-----H-----A-----A-----V-----
 ISY T-----VR-----L-----R-----ER-K-I-----R-----QT-Q-----T-----T-----OG-----V-----
 ST E-E-R-----K-----V-----K-----R-----R-----EQT-----N-----SESID-S-----I-----
 BEN S-----G-----L-----R-----R-----R-----N-----LCAV-----T-----R-----G-----G-----
 CAM2 T-----T-----I-----R-----R-----R-----R-----R-----P-----T-----E-----D-----HP-----A-----
 D194 RD-----E-----I-----H-----Q-----R-----R-----R-----R-----T-----LH-I-----T-----Q-----G-----
 GH1 H-K-G-E-ER-----H-----H-----L-----R-----LR-V-----L-----T-----D-----R-----H-----G-----
 KR G-----Q-----L-----R-----R-----R-----R-----R-----V-----NS-----QTV-Q-----R-----N-----SEST-N-----G-----Y-----
 MDS C-K-----E-----E-----YR-----G-----R-----R-----R-----R-----LH-A-----S-----W-----R-----D-----H-----P-----A-----\$-----T-----
 UC2

CONSENSUS-B
 UC1 ta...?D-Kg--LH-----?????--Kt-GL-I-----R-hsIs-s-tEe--L--R-n-ved-N--stc???-Ta...QA?cIcIppvMDQLV-RSnPSSs?G
 EHOA -TT...-KD-KG--LH-----T-----KR-GL-I-----R-RSIs-S-TEE--L-V-R-E-VED-N--ST...-TA...QAFtCIpPvMDQLV-RSNPSSSNEG
 D205 -A...-RD-KG--LH-----SFXGTTD--K-GL-I-----R-HPL-S-TEG--L--R-N-I-KD-N--ST...-TA...QA-TCIPIPIVMDQLV-RSNPSSSOG
 -TA...-GD-KE--LH-----SFXGTTD--KR-GL-I-----R-HS-STA-EE-NL--R-N-VED-N--PN-NQS-TT...QAPGCVpPvMDQLV-RSAPSSGSKG

CONSENSUS-SD
 MM251 -ssh??-E-R-R--H-----?-----t-----N-----?-----Q-----R-----S-----t-----L-----L-----Q-----n-A-Esi-----na-----?-----Lcdpt-sst-PQD
 MMP11 SShER--E-RKR--H-----S--T-----N-----Q-----R-----Q-----R-----S-----T-----L-----L-----Q-----N-A-Esi-----NT...-A-----LcdpTKGSR-PQD
 MM32H SShER--E-RKR--H-----S--T-----N-----Q-----R-----Q-----R-----S-----T-----L-----L-----Q-----N-A-Esi-----NT...-A-----LcdpTKDSR-PQD
 MM1A11 SShER--E-RKR--H-----S--T-----N-----Q-----R-----Q-----R-----S-----T-----L-----L-----Q-----N-A-Esi-----NT...-A-----LcdpTKDSR-PQD
 MM239 SShER--E-RKR--H-----S--T-----N-----Q-----R-----Q-----R-----S-----T-----L-----L-----Q-----N-A-Esi-----NT...-A-----LcdpTKDSR-PQD
 MM1 42 SShTg--E-R-R--H-----T-S-S-N--QK-----Q-----R-----S-----T-----L-----L-----Q-----N-A-Esi-----NI...-A-----LcdpT-NSR-PQD
 MNE SSh-E--E-R-R--H-----T-----T-----N-----Q-----R-----R-----S-----T-----L-----L-----Q-----N-A-Esi-----NI...-A-----Lhdpt-NPr-PQD
 SMMH9 SShN...E-R-R--H-----D-----N-----R-----Q-----I-----R-----S-----V-----T-----L-----Q-----R-A-E-N-ASA...-P-----LkDA-SP?
 SMMH4 SSt...E-R-R--HF-----S-xx--N-----R-----x-----I-----x-----R-----S-----V-----T-----L-----Q-----A-Ex-N-ASA...-P-----LkDA-SP
 SM62A SSt...E-RKR--HF-----S-----N-----R-----Q-----I-----R-----S-----N-----T-----L-----L-----Q-----A-E-S-SA...-P-----LMDA-KSSs?

CONSENSUS-STM
 STM -SDQ...-E-RKR--QF-----TD-----N-----N-----NR-S-S-----ST-----L-V-Q-----S-----D-----PN...-KD-----L-DT--N
 -SDQ...-E-RKR--QF-----TD-----N-----N-----NR-S-S-----ST-----L-V-Q-----S-----D-----PN...-KD-----L-DT--N

CONSENSUS-A	SVPgpreGyKRDsYpRve?lIVGg?gtnr?GhTrsKkDQaggr?cpVVRds?Inketl\$	169
ISY	-----G-E-----S-----K-D-----T-----S-N-----RD-S-----	168
KR	-A--CKD-E--C--R--N--D-Q--C--T-----T-----G-G-R-----	179
MDS	---L-----Q-G--DI--WE---GP---TR--DR-----S---G-S-	171

CONSENSUS-B	cgRdSc-?r?dlmgssQ-sg?snhrdpQEdQ--t\$	144
UC1	CErDSc-HR-SPWESSOKDGSNHRDPQEDQ--T	150
EHOA	CGRDSc-RGEdlVgSPQ-SGRRDHGNTQEDQ--G\$	156
D205	YGRNSC-CRRDlMGSSQ-SGESNHRDPQEDQ--T	153