

---



---

**HMMER Sequences in the Vif Alignment**


---

A_U455	HIVU455	M62320	Oram,J.D.	ARHR 6, 1073 (1990)
B_HXB2R	HIVHXB2R	K03455	Starcich,B.	Science 227, 538 (1985)
D_ELI	HIVELI	K03454	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
O_ANT70C	HIVANT70C	L20587	Vanden Haesevelde,M.	JVI 68,1586 (1994)
O_MVP5180	HIVMVP5180	L20571	Gurtler,L.G.	JVI 68, 1581 (1994)
CPZGAB	SIVCPZGAB	X52154	Huet,T.	Nature 345, 356 (1990)
CPZANT	SIVCPZANT	U42720	Vanden Haesevelde,M.	Virology 221, 346 (1996)
A_ROD	HIV2ROD	M15390	Clavel,F.	Nature 324, 691 (1986)
B_EHOA	HIV2EHOA	U27200	Rey-Cuille,M.A.	Virology 202, 471 (1994)
SD_MM251	SIVMM251	M19499	Franchini,G.	Nature 328, 539 (1994)
STM_STM	SIVSTM	M83293	Novembre,F.J.	Virology 186, 783 (1992)
VER_AGM3	SIVAGM3	M30931	Baier,M.	Virology 176, 216 (1990)
GRI_AGM677	SIVAGM677	M66437	Fomsgaard,A.	Virology 182, 397 (1991)
SAB_SAB1C	SIVSAB1C	U04005	Jin,M.J.	EMBO J. 13, 2935 (1994)
SYK_SYK	SIVSYK	L06042	Hirsch,V.M.	JVI 67, 1517 (1993)

---



---

HIV1 VIF

The following alignment was generated using the HMMER program as described in the introduction to this Part and in Part III. For simplicity, only representative types and subtypes are shown. An ordinary consensus sequence (lowercase signifies majority, uppercase signifies 50% or greater) was created from these using MASE; this is not a "most likely sequence" based on an HMM model (Part II). Annotation is based on HIV-1s, therefore the user should be cautious about its applicability to other PIV sequences.

		<- pol end	
VIF_CONSENSUS	ATGga?aa?????agatgg?t?gtgatg?t?gt?TGGaaggTa?cc?gg??gaggat?aa?aTgGa		50
A_U455	----A-C.....-----CAG-----A-T--A--C----GA-A--AT--A---T-GA-C-----		64
B_HXB2R	----A-C.....-----CAG-----A-T--G--C-A--GA-A--AT-----T-GA-C-----		64
D_ELI	----A-C.....-----CAG-----A-T--G--C-A--GA-A--AT-----T--A-C-----		64
O_MVP5180	----A-C.....-----CAG--AC--A-A--A--C-AA--GA-A-ACA--AAG-G--AGC-----		64
O_ANT70C	----A-C.....-----CAG--AC--A-A--A--C-A--GGA-A-ACA--AAG-G--AGCG-----		64
CPZGAB	----A-C.....-----CAG-----A-T--G--C-A--GA-A-AAT-----T--G-CT-----		64
CPZANT	---ACTGCA.....TCGGTCGGC--C--CGCT--G--C-A--GA-A--AT-----T--T-T-C-----		64
A_ROD	----GG-AGACAAG-----A-A--G-TCCCACC---G--GC-AG--...-----GG-G-A-----		67
B_EHOA	----GG-GGAAAAG-AT--A-T-CAG--CCGACC---G-A--C-AT-C...---C-AG-G-GG---C		67
SD_MM251	----GG-GGAAAAG--G--A-A-CAG-TCCCACA---G-A--C-GGA--...---C-AG-G-GG---C		67
STM_STM	----GG-GGAAAAG--G--A-A--G-TCCCACC---G-A--C-AG--...---C-GG-G-GG---C		67
VER_AGM3	---A-CC-AGAAAAGA---G-GA--GAG-AACT-----GC-GGA-GA-CT---A-C-T-A-----		70
GRI_AGM677	----G-GAGAAAACA---A-A--G-G-A--A--G---GT-AGA-AG-CAA--A-GC-G-----		70
SAB_SAB1C	----A-G.....CAT--A-A--C-G-CCCC-C-----A-GG-CGGACA-CAGG-G-GG-----		64
SYK_SYK	----G-A.....GA---A-A--G-TCCCACG---GAA-GA--CCAAGACA---TG-T-G--T-C		64
VIF_CONSENSUS	a?ag??TagT?Aaatacca?Atgtata?gac?aaa?a??t???aa????tggtattatagacatcatta		102
A_U455	-C--TT---A---C-T--C-----GTCT-C--GA-AGCT...C-AGGT---T-----C--		131
B_HXB2R	-A--TT---A---C---T-----GTTT-AGGGA-AGCT...GGGGA---T-----C--		131
D_ELI	-A--TT---A---C---T-----GTTT-A--GA-AGCT...--CAGA---T-----C--		131
O_MVP5180	-C--CC-G--G-----T-AA--C-T-T-T--GA-GGCC...GCGAAC---CG-----G-----		131
O_ANT70C	-C--CC---G-----T-A---C-G-T-T-G-A-GACC...G-GAAC---GG---C-----		131
CPZGAB	-T--TT---T-----T--T---G-T-A--A-GGCA...-GAGGT---T---C-----		131
CPZANT	-ATCCT---G---C---C--A-GGGA--T---GTAC-T...-ACCA---A-G-----		131
A_ROD	-T--CC-T--C--G--T-TA-AA--C-AA--A--GG-TC-AGAA--GGTG--C--GT-CCC--C--A		137
B_EHOA	-C--TC--A-T-----TG-AA---G--A--G-CT-GCAAC-GGTC-CT--GT-CCT--C--A		137
SD_MM251	-T--CC-CA-A-----T-TG-AA---AA--T--G-TC-ACAA--GGTT--C--GTGCC--TT-A		137
STM_STM	-T--CC-CA-A-----C-TT-TA-A-----AC--T--G-GC-AAGC--GGCA--C--GTGCC--C--A		137
VER_AGM3	-AG-GA---G-GG---TGG---...G--T-G-A-AT-A...G-C...--A-A--C--ATG--C--		131
GRI_AGM677	GGG-GA---G-CT--A-G--C...-G--AT--C-AT-G...CCT...--G-A--C-----G		131
SAB_SAB1C	CT--CC---G-----C--C--GT-T-C--C--GTGTGTTT-TTGGC...-ACCCCT--AC-A		134
SYK_SYK	-GCATA--A-A---ACA--T-A-----AA-GC---G-AT-GGAG--A...GCCACA--A-----C--		131
VIF_CONSENSUS	?gaa?g????tgga?at??tg?ac??gt????aagta?a?at?CCacTa?????g?aga?gct?a??Ta		141
A_U455	T---A-T...A-AC-T-CAA-AGTAA--TCAG-----C-C--C-----GG-A--AGAT--		192
B_HXB2R	T---A-C...CCTC-TCCAA-A-TAA--TCAG-----C-C--C-----GG-T--AGAT-G		192
D_ELI	T---A-C...CCCC-CCCAAAA-TAA--TCAG-----C-C--C-----G--A--AGAC-G		192
O_MVP5180	T---TCC...A--A-TCCAAAAGTCA--TCGGCG--GT-T--T--G-----C--A--G-TA--		192
O_ANT70C	T---TCC...A-AA-TCCAA-AGTTA--TCAAGT--T-T--T--G-----GG-TG--CC-TG--		192
CPZGAB	T--TCAC...CCTA-TCCAAAAGTTGC-TCTG--A--C-C--A--TT-CAGA...-ATT-TT--A-AT--		195
CPZANT	T---AAT...GATC-CCCAAAG-AAG-AGAAG---C-T--A-----CCAACATTG--TAAA--AT-G		198
A_ROD	G-TGG-A...--GCA-GG--G--TT-CAGCAGG--ATAT-C--T--AAA...-G-A-CAG-C-TC--		201
B_EHOA	G-T-G-A...--GCT-GG--G--TT-CAGTAG--ATAT-T--C--GAAA...-A-GA--AC-TC--		201
SD_MM251	G-TGC-A...--GCA-GG--G--CT-CAGCAG--ATCT-C--C--CAG...-A--GAAGCC-TT--		201
STM_STM	G-TTG-G...--GCA-GG--G--TT-CAGTAG--GATTT-T--CT-GCAA...-G--A--AC-CC--		201
VER_AGM3	CC--ATTACA--GCA-GG-AC--AATGAGTAG-TATG-G--A--C--GGG...CA-C-T-GAAGTA--		198
GRI_AGM677	GC-GGTGCAA--C-G-TT--G--CTACAGCC-GT-CATT--C--CT--TCA...AA--T-A-T-CA--		198
SAB_SAB1C	AAT-A-A...--A-T-GG-ACT-CTA-CAAG--TGGGTC--A--C--GAAG...-AT-GA--CTAA--		198
SYK_SYK	CC--ATAGAA--C-A-GG-AC--TTA-TGCC--TGGACA--A--G--...-G--T-GAACTA--		195
VIF_CONSENSUS	g?agT?a?aa?aTattgg?attTg??acaccaGAaagaggatggct?t??gg?cAtggagt?ag?aTa?		196
A_U455	-T---A-G--C-----GG-C--CAT--GG-----A--AC---AC-TG--T---G--CTCC--G		262
B_HXB2R	-T-A-A-C--C-----GG-C--CAT--GG-----A--AC---AT-TG--T--G---CTCC--G		262
D_ELI	-T-A-A-A--C-----GG-C--CAT--GG-----A--ATCTG--T--G---CTCC--G		262
O_MVP5180	-TG--C-CC-C-----GGA--AATGC--GGG-----AGGAA-AC-TG--A-----G--T--G		262
O_ANT70C	-T---A-CC-C-----GGA--ATGC--GGG-----ATGAA-AT-TG--A-----G--T--T--G		262
CPZGAB	AT--G-C-CC-----GCC--AAGCC--GG-----G-CC---AT-TA--C-----CTCC--TC		265
CPZANT	T---G-C-GT-G-TC---GGA--ACAATGTGG---C-CCC-----AC-TA-----T--G--C--G		268
A_ROD	-AGA-ACAGGC-----A-C--A...-----A-----C-CCTCTT--TC--A--A--A		268
B_EHOA	-A--CCA-GG--C--A-CC...--C-----G-----TCT-GAGTTCTT--CT--A--AC--A		268
SD_MM251	-G--ACA-GGG-----C-----G-----CAGTACTT--C--G--G--A		268
STM_STM	-A--TCA-GGG-----A--A...-----A-----CAGT-AAT--CT--G--G--A		268
VER_AGM3	CAT--AGATCT--C--C...--C-----AG-----A-CAACAT--CT-AGG-G--C		265
GRI_AGM677	-A--G-AT-TT---CACA-CC-C...--C-----C-CAA-T-----AG-GT--T		265
SAB_SAB1C	AA--T-CT-AT-----C--A...--C-----G-A-----T-AGAAACCT--C-ACAG-A--G		265
SYK_SYK	TGGA-C-CGTTC---CACA-----...G-C-----T-ACATATG--G--A-T--G--TC		262

VIF\_CONSENSUS aaTgg?????????aagaa?????????Tata??aCagA?gTaga?CCTga??aGCaGAcc??T?aT 236  
A\_U455 -----AGG...CTG--A-GA.....-GC--C-A-----T-----CCT-----ATC-A-- 320  
B\_HXB2R -----AGG...AAA---GA.....-GC--C-A-----C-----ACT-----AAC-A-- 320  
D\_ELI -----AGG...AAA-G--GA.....-GC--C-A-----C-----GCCTG-----AAC-A-- 320  
O\_MVP5180 -----CAA...TAC--G-G.....-AA--C-GA-T--T-----AAC-----AGGA-G-- 320  
O\_ANT70C -----CGT...TAT---G.....-AA--C-GA-T--C-----AAC-----AGGA-G-- 320  
CPZGAB -----AGG...CTAGGATCT.....-GTC--C-G--G--T--CTTCAC-----TAGAT-G-- 323  
CPZANT -----AGA...TGTGGA--G.....-TC--C-A-----C--A--AAC--T--T-AAA-G-- 326  
A\_ROD CT---TAC...ACAG-A--G.....-TCTGG-----T--TACC--A--CTGT-----TGTCC-A-- 326  
B\_EHOA C---TAT...GAG-G--GC.....-T-TAT---T--ACT-----TGT-----GAT-AC- 326  
SD\_MM251 CC---TAC...TCA-G--C.....-T-TGG-----T--ACA--A--CTAT-----ATTT-AC- 326  
STM\_STM CT---TAT...ACC-GA--T.....-TCTGGT---T--ACA--A--CTGT-----T-AGC-AC- 326  
VER\_AGM3 -G-ATCTA...AGC--T-GGGATCCTTGG---GG---AT-G--T---CAAC-----TAGCC-G-- 332  
GRI\_AGM677 CC-ATTACCATCAA---GGA.....-AG-----A-----T--A-GAAC-----AGAA-G-- 326  
SAB\_SAB1C -G--ACAGT...AAAGG-G-A.....-GGTTT---GC-T--T--TGGAC---G---ATA-T-- 323  
SYK\_SYK ---ACCAA...TGG--CC-G.....-GG-AC--T--CT--ACA--A-CAGT-----GCC-T-- 320

\3'sj

VIF\_CONSENSUS ?Cat????atTatTTc?ctTgtTTTaCAGaa??aGc?gTcagaaaaGccaTc?taGGagAaa?a?t??tg 292  
A\_U455 T---CCTGC-----TGAC-----T-----TCT--CA-A--G-G-----AT-----C---T-G-TAGA 390  
B\_HXB2R T---CTGT---C--TGAC-----T-----CTCT--TA-A-----G---T-AT-----C-C-T-G-TAGC 390  
D\_ELI T---ATGT-----TGA-----T-----TCT--TA-A-----AT-----T-T-G-TAGT 390  
O\_MVP5180 A---CTGC-----A-A-----TC--AA--G--G---TC-----GC-G-G-G-GC-- 390  
O\_ANT70C A---CTGC-----TA-C-----C-TC--A-----G-----C-----C-G-G-G-AC-- 390  
CPZGAB C---CTCTC-A---TGA--C---G---ACT--CA-----G---T-AT---GC-GCTTG-AGC- 393  
CPZANT A---CCAAT-----C-C---T---TCA--A-----C---A---C-----G-A-AT-- 396  
A\_ROD A---AGCAC-----C---C-----C-GGT-AA--A---G-----G---AGT-AT-- 396  
B\_EHOA G---GGGTC-----T---CG-----CTAAT-AA--A--G-G-----AGG-----AGA-AT-- 396  
SD\_MM251 G---AGCAC-----C---C-----CGGG--AA--G---GG-----AGG-----CA-C-GC-- 396  
STM\_STM G---GGCAC-----C---C-----CGGG--AA--G---G-----AGG-----AGT-AC-- 396  
VER\_AGM3 A---ACCC-----TA-----AGG--CA---G-----C-AT-G---C-G-GGT-CACC 402  
GRI\_AGM677 A---CCTAT-----TAAC-----TAG--CA--CA-C-G--T---AG---G--G-AGTATAC- 396  
SAB\_SAB1C T---TGGTCC-----C-C-----TAG--T---CA-C-----AGB-----AGTATC-T 393  
SYK\_SYK A---AATTT-----C---C-----C-AG--G---ACC-G--AG--AG---G---CT-T-GACA 390

5'sj\

VIF\_CONSENSUS tc????Tgt?a?tac????aagcaggacat?????????agccAgGTAc?atc?cTaCAgtattTaGC?c 340  
A\_U455 C-TAGG---G-A--T...C-----A-A-----GG--T-----A-----G--T- 448  
B\_HXB2R C-TAGG---G-A--T...C-----A-A-----GG--T-----A--C--G--A- 448  
D\_ELI C-TAGG---G-G--T...C-----A-A-----GG--C-----G--A- 448  
O\_MVP5180 A-CAAG---G-A---...CTG-----T-----GGGA-A-----A-TC-----CT 448  
O\_ANT70C A-CAAG---G-A---...CCTA-----T-----GGGA-A-----ACTGC---T- 448  
CPZGAB C-TCGT---G-A---...A--A---C-----G-----GG--CT-----TC--G--C- 451  
CPZANT A-ATAC---CC-C---...A-GAAG-----T-----GGGA-A--G-----TT 454  
A\_ROD --CTGC--CA-T--TCCCCG--TCATAGA.....GC-----CG--A--T--A-T-C-G--CT 457  
B\_EHOA --CCAC--CA-C---CCATC--TCATACA.....G-----C-AGTT-----T-C---C- 457  
SD\_MM251 --TTGC--CA-G-T-CCGAG--TCATAGG.....TA-----C-AGC-----C---A- 457  
STM\_STM --TTGC--CAGG-T-ACGA---TCATA-G.....A-----C-AGCT-----C---TT 457  
VER\_AGM3 -TC...--C-G-T-CCCG-G-G-CACA-GAAA...ACAG-A-----CC--TT-G--A--C-----T- 466  
GRI\_AGM677 -GG...--CACA-T-AAGG--G-CATA-A.....G-T-----A--A--G--ACT--G--A- 454  
SAB\_SAB1C -GG...--A-AC---...C-G-TG-----CAGCCAACAG-G--A---C--AT-----A- 457  
SYK\_SYK --ACAC--CTGGAC-CCA.....CATAC.....GA-----CC--A--T-----AT 445

VIF\_CONSENSUS Taa?agca????a??????ta????????a?a?ccaag?????????ag????aa?c?ac????t 365  
A\_U455 -G-A---...TT.....G--.....-CCC-A-CA.....-GGCA--G-C--CTT- 488  
B\_HXB2R --GC---...TT.....A-----C-C-A--A.....-AGATA--G-C--CTT- 488  
D\_ELI ---C---...TT.....A.....GC-C-A--A.....CAGATA--G-C--CTT- 488  
O\_MVP5180 -G-A---GTA.....G-G.....-A-GTA--A.....-AAAT--G-CT-CCC- 488  
O\_ANT70C ---G---GTA.....G-----A-G-A-GA.....-CAGG--G-CT-CCC- 488  
CPZGAB ---A---T...TT.....A-----TC-GAG-GA.....-GCAT-GA-C--CTT- 491  
CPZANT --TTGTAAGATCCT-GAA...T-CAGA...GGATACC-----G-TCCA-GAAG--AGT- 506  
A\_ROD -GTG-T-GTGCA-...CA-AAT...GAC-G-C--C--AGAGACAGTACC-CCAGG--A-AG-GCG 518  
B\_EHOA ---G--TTGTACA-GAA...GG-AAA...GATGG-T--C--GGAGAGAGTACC-CCAGG--A-AG-GCG 521  
SD\_MM251 ---A--T-GTAAGCGAT...G-C.....-G-T--C--GGAGAGAATCCC-CCTGG--A-AGTGGAG 515  
STM\_STM ---A--T-GTGA-CAT...G-C.....-G-T--C--AGAGAGAATACC-CGCGG--A-AGTGGAG 515  
VER\_AGM3 -CCTT---CACCA-AAT...GGCTCAGGCAG-G-T--C--AGAAGCAAGACCG-GGGA-GTG-ATA- 533  
GRI\_AGM677 --GTT---TATAC-AATGGCA-CAGG...AAG-G-T---AGAACCTTTACC--GATGCTGG-AATC- 521  
SAB\_SAB1C -T-GG-T-TATAC-AATGGCC-C.....-GGAGGGT.....GCTCCC-CCAGTAGGAG 506  
SYK\_SYK --CA--TGTACCT-...AA.....GATGG-GGA.....G-CITTTCTT-A-TCCC- 488

HIV1 VIF

VIF_CONSENSUS	?ccaagt??	371
A_U455	G--T---.....	495
B_HXB2R	G--T---.....	495
D_ELI	G--T---.....	495
O_MVP5180	A--C---.....	495
O_ANT70C	A--C---.....	495
CPZGAB	A--T---.....	498
CPZANT	C--T---.....	513
A_ROD	AAG-GAC.....	525
B_EHOA	AAG-AC.....	528
SD_MM251	AAG-GAC.....	522
STM_STM	AAG-G-C.....	522
VER_AGM3	GGG-TT-.....	540
GRI_AGM677	GGG-TC-.....	528
SAB_SAB1C	GGG-TCCTCCCAAGGATCCCCCAAGAATCCCAGAGAAGAGATACCAGGATGGCTAGAAACATGGGATTT	576
SYK_SYK	C---GCA.....	495

vpR ->

VIF_CONSENSUS	????????????gtt?g?????????????aga?tg??acaga?gat??tagatg?aa?aAa????g??	400
A_U455	.....--AA-.....-A-T-A.....-G-.....-G-C--G.....	528
B_HXB2R	.....--AC-.....-A-C-.....-G-.....-G-C--G.....	528
D_ELI	.....--AG-.....-AGC-A.....-A-.....-G-C--G.....	528
O_MVP5180	.....--CCA-.....-T-A.....-A-.....-G-C--G.....	528
O_ANT70C	.....--CCA-.....-A-T-A.....-A-.....-G-C--G.....	528
CPZGAB	.....--CGCC.....-A-T-A.....-G-.....-G-C--G.....	531
CPZANT	.....C-GTCT.....-TCT-A.....-A-.....-G-C--G.....	546
A_ROD	.....TA-CG-AGAGGC...CTTC-CC-GCT-A-C-G--CAG---A-CC-T--CAGA-AA	580
B_EHOA	.....AG-AG-AGAGGC...ATTTC--A-GCT-G--CA-CAT---ACATCTC--CAGA-TA	583
SD_MM251	.....AA-AG-AGAGGC...CTTC--A-GCT-A-C-GA-CAG---G-AG-T--CAGA-AG	577
STM_STM	.....AA-AGAGGAAGC...ATTTC--G-GCT---C-GA-CGG---G-AC-T--CCGA-AG	577
VER_AGM3	.....-AGCA-GGAGCCGTGGGAC--A-GCT-AGAGAC--GC---A-AT-TC--TCAG-AA	598
GRI_AGM677	.....AGACA-GGAGCCATGGGAC--A-GCT---AGAC--GC-CAGG-ATCT--CGAA-AA	586
SAB_SAB1C	GCCCAGAGAGCC---CGA.....C--A-GCTC-GAGAC--GT--C-G-ACCTC--TTCA-AG	634
SYK_SYK	.....TG-GCA.....--GAAC.....-CATG-T-CT-CAT-CC--G---TGTA-AG	538

VIF_CONSENSUS	??	400
A_U455	.....	528
B_HXB2R	.....	528
D_ELI	.....	528
O_MVP5180	.....	528
O_ANT70C	.....	528
CPZGAB	.....	531
CPZANT	.....	546
A_ROD	GC.....	582
B_EHOA	GC.....	585
SD_MM251	GC.....	579
STM_STM	GC.....	579
VER_AGM3	GCCAAGATGCATTTTGGGCG.....	618
GRI_AGM677	GCCAGAAGGCACCTT.....	600
SAB_SAB1C	GCCCAGTGCCACTTCCC.....	651
SYK_SYK	TTGACCCCAACGTGATCAATGTCACCTGTAAAGGCAGAACTGGTAGTGACAGAAGCATCCAAGCATTTTA	608

VIF_CONSENSUS	?????????????????????????????????????cc?c?a?ga?ag?g???a?aga???ggg?????agccat	422
A_U455	.....-C-AG-A--CC--G-GCC-C---.....-G-	561
B_HXB2R	.....-C-AG-A--CC--AG-GCC-C---.....-C	561
D_ELI	.....-C-AGCA--CC--G-GCC-C---.....	561
O_MVP5180	.....-CTGG-AA-TC--G-ACC-GCT-.....	561
O_ANT70C	.....-AC-TG-GA-TC--G-ACC-GCT-...AA-.....-C-	561
CPZGAB	.....-AC-AG-G--CC-AG-TCC-CCA-...A-.....-A--T-	564
CPZANT	.....-C-GC-G--TG--G-GCC-C---...A-.....-A--T-	579
A_ROD	.....AGTGAAT-A-CT-CCCCG--AACTT-TTTTCCA--TGTG...GCAG-G	627
B_EHOA	.....AGTCAAT-A-TTGCCCAGG-AACTT-TTTTCCA--TCTG...GCAG-A	630
SD_MM251	.....AGTAAA--A-CT-CC-AGG-A-CTG-TTTTCCA--TTTG...GCAA-G	624
STM_STM	.....AGTAAA--ATCT-CCGAGG-AACTG-TTTTCCA--TCTG...GCGA-G	624
VER_AGM3	.....CGAGCTCCTGTTCGAAGTATGGAA-TATT-TCAG-A-GAGGG--AAG-AATCGCACTC----	681
GRI_AGM677	.....TGGAATGAACATGCTAAT--GAGT-T-GAATTACTGTGT---...A.....G-GA-G	651
SAB_SAB1C	.....AAGGAATCTCCTTTCCGT-TTTGTT-GAATATGTGGA---...ACC.....-----	702
SYK_SYK	CTCCTCAAGAAATATATGGAGTTTGGAAAT-AATCCTT-AAC-AAGAGGC--GGAC	663

VIF_CONSENSUS	????c?a?gaat????????????gggca?	433
A_U455	...A-GCT----.....A----T	576
B_HXB2R	...A-A-T----.....--A--C	576
D_ELI	...A-A-T----.....-----T	576
O_MVP5180	...T-A-T----.....--A--C	576
O_ANT70C	...T-A-T----.....-----C	576
CPZGAB	...A-C-G----.....-----T	579
A_ROD	GTCCTGGA--TA.....CT-GCA	645
B_EHOA	GTCTTGGC-TA.....TT-GCG	648
SD_MM251	GTCTTGGGA-TA.....CT-GCA	642
STM_STM	GTCTTGGGA-TA.....CT-GCA	642
VER_AGM3	...G-T-GA--G.....--CTTA	696
GRI_AGM677	GAGA-A	657
SAB_SAB1C	TGAT-A.....TGGGCAAACCAGGCT--AAGG	729

HIV1 VIF CONSENSUS

		<- pol cds	
CONSENSUS-A	ATGGAAAACAGATGGCAGGTGATGATTGTgTGGCAGGTAGACAGGATGAgGATTAGAACATGGAAcAGTT		70
CONSENSUS-B	-----a-----		70
CONSENSUS-D	-----A-----?		69
CONSENSUS-O	-----AC--A--A--A?-?-ACA--AAG-G-A-G-?------CC		67
CONSENSUS-CPZ	---????????????-?-?-??-A-----?-A?-?-?-A?-?-?-A?-?-?-A?-?-?		43
CONSENSUS-A	TAGTAAAACATCAtATGTATGTCTC?AAGAAAGCTaAgGGTTGGTTTATAGACATCACTtTGAAaGTAG		139
CONSENSUS-B	-----C-----a-t--Agg-----a-----A-----c-c		140
CONSENSUS-D	-----C-----T--A-----?CA-A-----A--c--CCc		138
CONSENSUS-O	-?-G---T-C---A?-CA?G--T-??-G?-CG?-AAC---?G?--?-?-T-A---TCC--		126
CONSENSUS-CPZ	-----?-?-?-?-?-?-G?-----A????-A????-A????-A????-A????-A????-A????-T-A-----A????		83
CONSENSUS-A	gCATcCAAaAGtAaGTTcAGAAGTACACATCCCCTAGGGGat . . . . .GCTAGaTTAGTAGTAAGAACA		203
CONSENSUS-B	T-----g-a----- . . . . .-----g--a--c--		204
CONSENSUS-D	C--C-----A-----?-----A--A . . . . .-----C-G-----a--		201
CONSENSUS-O	?A-----?-?-?-?-?-T-T--T--G---?-?-?- . . . . .-??AT?-----?-CC--		173
CONSENSUS-CPZ	T?-?-?-?-??G????-?-?-?-A--?-?-A????T????-A--?-?-G-C-???		119
CONSENSUS-A	TATTGGGGTCTGCATACAGGAGAAgAGACTGGCACTGGGGTCatGGGGTCTCCATAGAATGGAGcCaGA		273
CONSENSUS-B	-----t-----g--A-----A-a-		274
CONSENSUS-D	-----?-----TC-----G--A-----A-A-		270
CONSENSUS-O	-----AT-?ATGC---G-----?GAA--?-A-----TAGT-----C??T-?-		237
CONSENSUS-CPZ	-??-?-?-T-A????-?-?-?C?-----?-A--?-?-?-?-?-?-?-?-?-?-?-??G		163
CONSENSUS-A	AAAGATATAGCACAAgTAGAtCCTGACcTAGCAGACCAaCTgATTcACCTGcATTATTTTgAcTGT		343
CONSENSUS-B	-G-----c-----A-----t--t--c--t--		344
CONSENSUS-D	GG-----C---G--G-----A-----TA--T-----T-----		340
CONSENSUS-O	-G?AG---AA---GA-T--?-AAC-----AGGA---A--T-----?AC?-----		303
CONSENSUS-CPZ	G-??-?-T-----?-?-?-??AC---?-T??-?-?-?-?-?-?-?-?-?-?-?-?-?-?		207
	∨ 3'sj		
CONSENSUS-A	TTcAGAcTCTGCCATAAGgAaAGCCATATTAGGAgAAaTAGTTAGACCTAGGTGTGAATATCAAGCAGGA		413
CONSENSUS-B	-----a-----t-----a--t-----c--t-----a-----t-----		414
CONSENSUS-D	-----A?-----?-A-----c--T-----?-T-?-G-----		406
CONSENSUS-O	-A---?A--A--A?-C-----?C-----?C-G---?CTGA-C-A-----C-???		364
CONSENSUS-CPZ	-?-----??-?-?-C--A??-?-?-?-?-?-?-?-?-?-A?G?-????-??-?-CA-??A?--		245
	5'sj \		
CONSENSUS-A	CATAAcAAGGTAGGATC?CTaCAATATTTGGCaCTG . . . AAaGCatTA . . . . .GTAgCaCCAaAA		470
CONSENSUS-B	-----t-----g--c-----A . . . gC----- . . . . .a--a-----a--		472
CONSENSUS-D	---?------Ct---G-----A . . . C----- . . . . .a-----A--		463
CONSENSUS-O	---GTC-----GA-A-----?T??-A--??-? . . . -?---G--- . . . . .-?AA-G?--?-?		412
CONSENSUS-CPZ	--?-G?C-----?-?-?-G-??-?-?-?-??-?-?-?-?-?-?-?-?-?-T????-???		275
	vpR cds ->		
CONSENSUS-A	aGgCAAAGCCACCTTTGCCTAGTgTTAaGAAgTTAaCAGAaGAtAGATGGAAcGAGCCCAGAAGACCAG		540
CONSENSUS-B	--At-a-----?-AC-g-----A-----A		541
CONSENSUS-D	--AT-----?-G-----A-----A-----a		531
CONSENSUS-O	G?A??-T--CC-A--C---CC---?A-----A---?--?-A--T---		474
CONSENSUS-CPZ	G?C??-GA??-?-?-?-?C?--?-?-?-?-A---?--?-G--?--?		324
CONSENSUS-A	GGCCACAGAGGGAgCCGT?CaaTGAATgGaCActAg		576
CONSENSUS-B	-----a-a-----?-		577
CONSENSUS-D	-----?-A-A-----T		564
CONSENSUS-O	--A--GCT-??-----?-T-----?-?		506
CONSENSUS-CPZ	--?----?-A--A--?-C-G-----G--T		352