
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) |

The following alignment and most likely sequence were generated using the HMMER program as described in Part III. For simplicity, only representative PIV types and subtypes are shown. The BLOCKMAKER and Gibbs programs were employed to identify four conserved, gapless blocks (shown by shading); the Motif program did not give satisfactory results in this case. The Gibbs' "Cobbler" sequence follows this alignment.

```

<- pol cds
most-likely MEN..RWQVMIVQVDRMRIRTWKSLVKHHMYRSKKA.KGWFYRHHYES.WAPWTSSEVHIPL..GDAHLVIT 67
A_U455 -----K---N-----V----.Q-----RHSRV-----..-E-R--VR 67
B_HXB2R -----V-G---R-----PH-RI-----..-R---- 67
D_ELI -----K-----V----.NR-----PH-KI-----..-E-R---K 67
O_MVP5180 ----L----I--QKVKA-N---Y-K-M----.AN-R-----RN-KV--A-Y--V..AE-DI-V- 67
O_ANT70 ----L----QKVKA-N---Y-K---R-T.EN-W-----RN-RV--S-Y--V..-V--V-V- 67
CPZGAB -----K---N---Y-I-----R-----DH.PN-KVA--I---FR.DYSK-IV- 68
CPZANT -TA..SVG-IA-----NI-----IWET-VL.-P-K-----N.DH-KKGE-----PTL-KK--V- 69
A_ROD --EDK--I-VPT-R-PG.-MEK-H---YLK-KT-DLE-VCYVP--KVG.--W--C-R-IF--K.-NS--E-Q 70
B_EHOA --EKN--IAVPT-RIPC.-LER-H--I-YLK--T-DLQVSYVP--KVG.--W--C-R-IF--K.EG---EVQ 70
D_MM251 --EEK--IAVPT-RIPE.-LER-H--I-YLK-KT-DLQ-VCYVP-FKVG.--W--C-R-IF--Q.EGS---EVQ 70
STM_STM --EEK--I-VPT-RIPG.-LER-H--I-LK-NT-ELS-ACYVP--KVG.--W--C-R-IF--Q.-E---EVQ 70
VER_AGM3 --NQEKE-VMRVT-K-PEEL-TK-QGI-RYW.-.TR-L.D.-K--M--QIT--WY-M-RYE---G.QHGSIHVD 69
GRI_AGM677 --REKQ-I-RV--R-SERQ-SR-RGI-TYKI.-N-QL.P.-E----WQVQ-QF--Y-QFI---S.K-DYIEVN 69
SAB_SAB1C --K..H-I-RPL-K-TGGQQR-T---Y--HV--QCVHRYTP-TKIR.-NWYSYQ-WV---K.DG-LIKV- 69
SYK_SYK --K..E-I-VPT-RMTPRQ-DRLQHII-T-K-K--ELE-.AT-K---QIE-QWY-YCQWT--V..-GTIW-- 68

most-likely TYWGLHTGERGWHLGQGVSIIEWR.KKR...YSTQVDPDLADQLIHLYYFDCFSESARRAILGEIVLPRCEY. 135
A_U455 -----KD---H-----L-----H-----H-----H-----Q--R----- 135
B_HXB2R -----D---H-----E-----D---K-L-H--S----- 135
D_ELI -----E-----R-----G-----M-----K---D--S----- 135
O_MVP5180 ----MP---EE---H-----Q.Y-E...-K--I--ET--RM---H--T--T---K---QR--TK--- 135
O_ANT70 ----MP---DE---H-----Y-K...-K--I--ET--RM---H--T--TA--V-K---QR--TK--- 135
CPZGAB ----A-SP---A---H---Q---LGS...-V-----FT--R---SQ-----A-T-----QL-A----- 136
CPZANT VF---QC---P---H-----CGK...-I-----ET--M--Q---P---DQ-V-Q-----RI-TY-H-. 137
A_ROD A--N-. -P-K--LSSYS-R-T-Y.TEK...FW-D-T--C--V---ST--P--TAGEV---R--KL-SC-N-P 138
B_EHOA G--N-. -P--FLSSYA-RLT-Y.ERS...FY-D-T--V--R-L-GS--SS-TANEV---R--KL-SH-N-P 138
D_MM251 G--H-. -P---LSTYA-R-T-Y.SRN...FW-D-T--Y--I-L-ST--P--TAGEV---R--QL-SC-KFP 138
STM_STM G--N-. -P-K--LSEYA-R-T-Y.TRN...FWS-D-T--C---L-GT--P--TAGEV---R--KL-SC-RFT 138
VER_AGM3 L--H-. -P-K--LSTYAEG-QYL.SN-DPW-R-EL--AT--S---TH--T--T-R---K-L--QRFTF.-QFP 139
GRI_AGM677 I-HN-. -P---LSSH--GLSYHQ-G...-K-E---GT--RM-----N--TDR--QQ--R--KYTW.-QFK 137
SAB_SAB1C N--H-. -P-K--LETYATG-GYS.-GE...WF-EL--WT--HI--WS--P--TDR-VQQ--R--KY-W.-KH. 135
SYK_SYK F-HN-.AP---LHM--IR-QYQ.WNQ...WN-DLT-AV--R--NF--P--TAR-VNQ-VR--LLTSH-WTP 136

most-likely QAGH...NKVGLSQYLALTAVL..I...RPKRENTKIKPPLPS.....VR... 172
A_U455 -----K-. .V...T-T...RA-----K... 167
B_HXB2R -----A-. .T-----T... 167
D_ELI -----A...Q----- 167
O_MVP5180 L---SQ--T--F--K--...V...KV...RN-----Q... 167
O_ANT70 PT---SQ--T--L--R--...V...KAR...SR-----Q... 167
CPZGAB KE---RQ----F--K-. .SER...RHR-----A... 168
CPZANT KK---SQ--T----FCKI-E.FR.GY--...GPRRQF-----LS... 173
A_ROD R-HR...AQ-P--F--V-V-Q..QN.D--Q-DS-TR-QRRRD.....Y-RG. 179
B_EHOA S-HT...GQ-P--F--RV-QE.GK.DGSQG-S-TR-QRRRN.....S-RG. 180
D_MM251 R-HR...YQ-P-----KV-SD.V...-SQG--PTW-QWRRD.....N-RG. 178
STM_STM K-HK...Q-P-----KV-EH.V...-SQ---AR-QWRRG.....N-GS. 178
VER_AGM3 EGHK.TGQ-P-----L-HQN.GLRQ-SQ-SK-GGTRNMGF.....EQGAV 185
GRI_AGM677 EGHK...GQ-Q--L---V-YTNG-R.K-S--TF-RMAGN-G.....ROGAM 181
SAB_SAB1C -V--PQTGQ-P-----RVYTNGL...RV...APTSRRG-SQGSPQESQRRDTRMARNMGFAQRA--... 198
SYK_SYK ..HT...DQ-P-----QVY-.K...DGG...GFLQS--A.....CA... 167

```


