Sequences in the *Rev* Alignment

COMMON NAME	LOCUS	ACC #	FIRST AUTHOR	REFERENCE
SUBTYPE A:				
U455	HIVU455	M62320	Oram,J.D.	ARHR 6, 1073 (1990)
UG273A	HIVUG273A	L22957	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
SF170	HIVSF170	M66535	Evans,L.	PNAS 85, 2815 (1988)
SUBTYPE B:				
SF2	HIVSF2	K02007	Sanchez-Pescador,R.	Science 227, 484 (1985)
SF2B13	HIVSF2B13	L07422	Cheng-Mayer,C.	JVI 65, 6930 (1991)
LAI	HIVLAI	K02013	Wain-Hobson,S.	Cell 40, 9 (1985)
HXB2R	HIVHXB2R	K03455	Starcich,B.	Science 227, 538 (1985)
NL43	HIVNL43	M19921	Buckler,C.E.	JVI 59: 284 (1986)
NY5CG	HIVNY5CG	M38431	Theodore,T.	PNAS 83: 5038 (1986)
MN	HIVMN	M17449	Gurgo,C.	Virol. 164, 531 (1988)
BRVA	HIVBRVA	M21098	Anand,R.	Virol. 168, 79 (1989)
SC	HIVSC	M17450	Gurgo,C.	Virol. 164, 531 (1988)
JH32	HIVJH32	M21138	Komiyama,N.	ARHR 5, 411 (1989)
BAL1	HIVBAL1	M68893	Gartner,S.	Science 233: 215 (1986)
JRCSF	HIVJRCSF	M38429	Koyanagi,S.	Science 236: 819 (1987)
JRFL	HIVJRFL	M74978	O'Brien,W.A.	Nature 348, 69 (1990)
NH52	HIVNH52	L07424	Weidt,G.	Unpublished (1992)
OYI	HIVOYI	M26727	Wain-Hobson,S.	AIDS 3: 707 (1989)
SF162	HIVSF162	M38428	Cheng-Mayer,C.	JVI 64, 4390 (1990)
CAM1	HIVCAM1	D10112	McIntosh,A.	Unpublished (1991)
CDC42	HIVCDC42	M13137	Desai,S.M.	PNAS 83, 8380 (1986)
SF33	HIVSF33	M38427	York-Higgins,D.	JVI 64, 4016 (1990)
RJS	HIVRJS	M37491	Daniels,R.S.	JVI 65, 5574 (1991)
HAN	HIVHAN	U43141	Sauermann,U.	ARHR 6, 813 (1990)
D31	HIVD31	U43096	Dietrich,U.	Unpublished (1992)
RF	HIVRF	M17451	Starcich,B.R.	Cell 45, 637 (1986)
YU2	HIVYU2	M93258	Li,Y.	JVI 65, 3973 (1991)
BCSG3C	HIVBCSG3C	L02317	Ghosh,S.K.	Virol. 194, 858 (1993)
P896	HIVP896	M96155	Collman,R.	JVI 66, 7517 (1992)
3202A12	HIV3202A12	U34603	Guillon,C.	ARHR 11, 1537 (1995)
3202A21	HIV3202A21	U34604	Guillon,C.	ARHR 11, 1537 (1995)
MANC	HIVMANC	U23487	Zhu,T.	Nature 3745, 503 (1995)
WEAU160	HIVWEAU160	U21135	Ghosh,S.	Unpublished (1995)
SUBTYPE D:				
ELI	HIVELI	K03454	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
Z2Z6	HIVZ2Z6	M22639	Theodore,T.	Unpublished (1988)
Z6	HIVZ6	K03458	Srinivasan,A.	Gene 52, 71 (1987)
NDK	HIVNDK	M27323	Spire,B.	Gene 81, 275 (1989)
MAL	HIVMAL	K03456	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
SUBTYPE F:				
BZ163A	HIVBZ163A	L22085	Louwagie,J.J.	ARHR 10, 561 (1994)
BZ126A	HIVBZ126A	L22082	Louwagie,J.J.	ARHR 10, 561 (1994)
SUBTYPE O:				
ANT70C	HIVANT70C	L20587	Vanden Haesevelde,M.	JVI 68, 1586 (1994)
MVP5180	HIVMVP5180	L20571	Gurtler,L.G.	JVI 68, 1581 (1994)
SUBTYPE U:				
DJ263A	HIVDJ263A	L22941	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
CPZ:				
CPZGAB	SIVCPZGAB	X52154	Huet,T.	Nature 345, 356 (1990)
CPZANT	SIVCPZANT	U42720	Vanden Haesevelde,M.	Virol. In Press (1996)

Subtypes C, E, G, and H are not currently represented in REV. The sequence DJ263A could not easily be assigned to any of the four REV subtypes, A, B, D, and F.

```
CONSENSUS-A   MAgRSG?sDE.eLL.KAiRIIKiLYQSNPyPkPkG.SRQARKNRRRRWRARQRQIDSlSeRILStCLGRP     66
U455          --R---NP--.D--.--V----L------C-N-R-.----------------------------D-----     67
UG273A        ------V---.---.--------------------.-----------------------Q----------     67
SF170         ------D---.---.--------------------.---------------------I------------     67

CONSENSUS-B   MAgRsGdSde.eLl.ktVrliKfLYQSnPpPspeG.TrqARRNRRRRWReRQRqIrsiSewilstyLgRs     67
SF2           ----------.---.R------L------------.------------------------G----------     67
SF2B13        ----------.---.R------L--------N---.------------------------G----------     67
LAI           ----------.D--.-A--------------N---.--------------------H----R---------     67
HXB2R         ----------.--I.R------L--------N---.--------------------H----R--G------     67
NL43          ----------.--I.R------L--------N---.--------------------H----R---------     67
MN            ----------.---.-----------------S--.-----------------H-----A----N----P     67
BRVA                     ---.----V-----------R---.-------------A-----Q-L-G-----F----     57
SC            --------E-.---.----------------K---.------------------------G----N----L     67
JH32            x-------.---.R#------------------.-------------Q---------G--I-N----P     64
BAL1          ----------.---.-----------------IL--.------------------------R--GA-----     67
JRCSF         ----------.D--.-----------------N--.---------------------T---R--------P     67
JRFL          ----------.---.-------L------------.---------------------T---R--------P     67
NH5           ----------.---.--------------------.-PT--------------R---------RN--D-P     67
OYI           ----------.---.----------------N---.--------------------K--G----------     67
NY5CG         ----------.---.--------------------.---------------------T--------H----     67
SF162         ----------.---.Q---F---------L---K-.--------------------Q---A--I--H----     67
CAM1          ----------.---.-A-----L------L--SK-.-----------------H--A--N-----H---P     67
CDC42         ----------.--I.----I--H--------K---.-----------------R-H---A-L---C----     67
SF33          ------G--R.---.TA--I--I------H-----.--------------------H----R----V----     67
RJS           ----------.--I.----I-----------N---.------------------------D-----H---P     67
HAN           ----------.---.-----------------N--.-PT---------------------R----F---P     67
D31           ----------.---.--------------------.-------------Q-----Q----R--------P     67
RF            ----R-----.D--.-A-----S------------.--------------------RC-----D------     67
YU2           ----------.D--.R------V---------S--.------------------------G-L--N----P     67
BCSG3C        ----------.---.-------L----D---N---.------------------------R----F----     67
P896          ----------.D--.-----------------L--.------------------------R--G-F---F     67
3202A12       --------E-.---.-------L------------.--------------------T--G----------     67
3202A21       ----------.D--.--------------------.------------------------R---------     67
MANC          ----------.---.Q--K-V--------------.-------------G-----Q-L-A-----R----     67
WEAU160       ----------.D--.-------I------------.--------------------K--G---N-----P     67

CONSENSUS-D   MAGRSGDsDE.dLL.kAvRLIKiLYQSNPPPspEG?TRQARRNRRRRWRARQRQIhsIgERIlsTyLGRp     67
ELI           ----------.---.-------F------------.--------------------RE-A----G------     67
Z2Z6          -------R--.---.--------------------.--------------------------------S     67
Z6            -------R--.---.--------------------.--------------------------------S     67
NDK           ----------.N--.--I----F------------.-------------------------IC-F----     67
MAL           ----------.---.R-I-------------NT--T-------------------N--------------     68

CONSENSUS-F   MAGRSGNS?T.ELL.RA?RYIKILYQSNPYPKPEG.TRQARRNRRRRWRARQR?IR??S?RILSSCLGRP     61
BZ163A        --------G-.---.--A-----------------.-----------------Q--EI-R----------     67
BZ126A        --------D-.---.--V-----------------.-----------------E--AL-E----------     67

CONSENSUS-O   MAGRSE?.D..Q?L?QAIQIIKILYQSNP?P?P?G.SRNARKNRRRRWRRRQAQVD?LA?R?LATVVHG?     56
ANT70         ------D.-..-L-.--------------Q-S-R-.---------------------T--A-V-------P     65
MVP5180       ------E.-..-Q-L--------------C-T-A-.---------------------S--T-I-------S     66

CONSENSUS-U   MAGRSGDADE.ELL.RVVRIIKILYQSNPYPPPEG.TRQTRKNRRRRWRARQRQIRAISERFLSTCLGRS     67
DJ263A        ----------.---.--------------------.----------------------------------     67

CONSENSUS-CPZ MAGR?E???????L??AVKIIKILYQ?NPYP?P?G.?R?ARRN?RRRW??RQ?Q??????RVL?T??GRP     41
CPZGAB        ----S-PQDDARL-.Q----------S----S-E-.T-K----R----RA--K-ISEISG---A-YL---     68
CPZANT        ----E-LEGTDEQ-LK----------.----K-A-.S-A----K----KK--D-VEGLAA---R-Lx       65
```

HIV1 REV

```
CONSENSUS-A   AEPVPLQLPPlERLhLDCsEdcgTSgTQq?qg?etGVGrpQvsVEssavLGSGTkn   120
U455          ----------I---R-----S--------P--T-----G--I--------------   123
UG273A        ------------------R---E-----.........----N-----PPV------Q-   116
SF170         ---------------------R---E---S--A---------P-----I------K   123

CONSENSUS-B   aepVplqLPPlerLtldc?eDCgtsgtq......?GVGspqilvESpavLesGtKE$   115
SF2           ------------------S----N--A-.......---------------D-----   116
SF2B13        ------------------S----N----.......-------W-------D------   116
LAI           ------------------N---------.......------------T--------   116
HXB2R         ------------------N---------.......------------T--------   116
NL43          ------------------N---------.......------------T--------   116
MN            ----------##------S---------.......------------T--------   114
BRVA          ------------------N---------.......------------T--------   106
SC            ------------------N---------.......------------T--------   116
JH32          ------------------N---------.......------------TI-------   113
BAL1          ------------------D--------S......R------------T--------   117
JRCSF         ------------------N---------.........---N-E------T--------   116
JRFL          ------------------N---------.....-----E------T--------   116
NH5           ------------------N---------.....----------------------   116
OYI           --------------N---S---------.....-----E----------P----   116
NY5CG         ------------------S---------.....--------L------G-----   116
SF162         T-------------N---S---------.....------V-G------D-----   116
CAM1          ------------------SK--------.....----------------------   116
CDC42         ------------------S---------.....----------------------   116
SF33          S----------D------S---------.....----------------------   116
RJS           T------------------S---------.....------V--------D       111
HAN           ------------------S----N----.....------V---------P----   116
D31           EQ----P-----------S---------.....----------------------   116
RF            VD--Q------------SS---------.....------V-----------A--   116
YU2           T----F------------N---------.....------------P--D-----   116
BCSG3C        --------------N-G-N---------.....------V-----T---P----   116
P896          E-----P-----K-----N---------.....-------------I--P-----   116
3202A12       -AR---------------D---------.....------------T--GT-N---   116
3202A21       ------------------D---------.....----------------------   116
MANC          TQ----------------S---------.....---N--V-----------S---   116
WEAU160       T-----P----D------K---------.....----S---L-------P-----   116

CONSENSUS-D   eEPVPLQLPPLERLnLNCsEDCgtSGTQ.......GVGsPQIsVEsPtvLeSGTEEqC   118
ELI           A---------------------R-----.........---H-------------------   118
Z2Z6          -----------------------A----.......-----------------------   118
Z6            ----------------------------.......----------------------$   116
NDK           ----------------------------.......-------P--P-A--------   116
MAL           --------------T---N---------.......------------AI-G-----   117

CONSENSUS-F   EEPVPLQLPP?ERL?IN?SE?CE.QGA?E......GVGSPQTSGESHAVLGSGTKE$   105
BZ163A        ----------P---T--N--N--.---E-.......----------------------   116
BZ126A        ----------L---N--S--D--.---K-.......----------------------   116

CONSENSUS-O   Q?NN?VDLPPLEQL?IRDPE?D?L????TVDPRAEDN$CLQNLCSCNT????????N$    95
ANT70         -N--I---------S-----G-Q-SEAW--------------------ILATRIAE   120
MVP5180       -D--L---------N-----A-R-PGTG...................-V.DPGTKD--   103

CONSENSUS-U   AEPVPLQLPPIERLCLDCSEGCGTSGTQQPQGTETGVGSPPISGESSTILGSGTKE$   123
DJ263A        ---------------------------------------------------------   123

CONSENSUS-CPZ PKPGDLELPELDKLSLQCVETTQDVGTSNTSQPQTATGETVPAGGNYSILGKGAKN    97
CPZGAB        ---------------------------------------------------------   124
```

```
                                                   high-affinity
                                                   binding site
                                                       nls
              \/ 3' sj             exon \/ exon    /<-           ->/
CONSENSUS-A   MAgRSG?sDE.eLL.KAiRIIKiLYQSNPyPkPkG.SRQARKNRRRRWRARQRQIDSlSeRILStCLGRP     66
CONSENSUS-B   ------d---.---.-tV-l--f------p-s-e-.T----R-------e-----r-i--w----y---s     67
CONSENSUS-F   ------N-?T.---.R-?-Y-------------E-.T----R-----------?-R??-?----S-----     61
CONSENSUS-O   -----E-.-..Q?-?Q--Q----------?-?-?-.--N----------R--A-V-?-A?-?-A-VVHG?     56
CONSENSUS-U   ------DA--.---.RVV-------------P-E-.T--T---------------RAI---F-------S     67
CONSENSUS-CPZ ----?E-??????-??-VK-------?----?-?-.?-?--R-?----??--?-??????-V-?-??---     41

                      Leu-rich
                   effector domain
                     /<-    ->/
CONSENSUS-A   AEPVPLQLPPlERLhLDCsEdcgTSgTQq?qg?etGVGrpQvsVEssavLGSGTkn                 120
CONSENSUS-B   --------------t---?---------......?---s--il---p---e----E$                 115
CONSENSUS-F   E---------?---?IN?--?-E.Q-A?E.........--S--T-G--H--------E$                105
CONSENSUS-O   Q?NN?VD-----Q-?IRDP-?D?L????TVDPRAEDN$CL-NLCSCNT????????N$                 95
CONSENSUS-U   ----------I---C-----G--------P--T-----S-PI-G---TI------E$                 123
CONSENSUS-CPZ PK-GD-E--E-DK-S-Q-V-TTQDV--SNTSQPQ-AT-ETVPAGGNYSI--K-A--                  97
```