

	Myristoylation	Basic	N-proximal Y-residues										CD4				Acidic				100
	1																				
SIVmac239	MGGAI	MRRS	RPSGDLRQRL	LRARGET	YGR	LLGEVEDGYS	QSPGGLDKGL	SSLSCEG--Q	KYNQGQYMNT	PWRNPA	EERE	KLAYRKQNM	DIDEEDDD	LV							
SIVsmmFTq	...G.	KKQH	KRHLK..E..	.Q.....		FYDGL...CL	..R.ASGRA.	..C...--E	S.S...F...	...R...	...Q...	...Q...	...DD...	I							
SIVsmmG932	...G.	KKQ.	KQH.G..E..	K		.WKGSGE..	R.R.ASGRDW	NL.....	A.SE..F...	...G...	..EL..Q...	EV...	...DD...	I							
SIVsmmM919	..ASG.	KKQ.	KQRHG..E..	.Q.....		.WEGL....	R.R.E.G..W	NLH.F...--	G.SE..F...	...R...	..K..Q...	.V.DD..E..	...DD...	I							
SIVsmmM946	..ASG.	KK.	KQHAG..E..	.Q.....		.WEGL....	..R...GRDW	NLH.....	E.SE..F...	...R...	..IK.....	.V.DD....	...DD...	I							
SIVsmmM926	..A.G.	KKQ.	KORRG..E..	.Q.....	K	.WEGW.EA..	..R...GRDW	NLP.....	E.SEE.F...	...R...	..K.....	.V.DD....	...DD...	I							
SIVsmmM923	..VT.	KKQR	KHG.N..E..	.Q.....		.WEGL.GE..	..RDASG...	...P--	..CE..F...	...T..A	..D..Q...	.V.DD.EG..I	...DD...	I							
SIVsmmM949	...G.	K.Q.	KQR...E..	.Q...T...		V.EGSGGALE	..QDAS.RV.	..RF..PES.	A.CE..F...	..K...T..A	..Q..Q.C.	.VESDEENE.	...DD...	I							
SIVsmmM951	...G.	KKQ.	K.R...E..	T...	K	IFEDS.GALG	..QDVSGRD.	..RY..PKL.	A.CES.F...	...T..A	..Q..Q.C.	.V.S.EENE.	...DD...	I							

	P-rich region			PAK-bdg			Thioesterase-bdg			AP-interaction			
	101											200	
SIVmac239	GVS	VRPKV	PL	RTMSYKLAID	MSHFIKEKGG	LEGIYYSARR	HRILDIYLEK	EEGIIPDWQD	YTSGPGIRYP	KTFGWLWKL	PVNVSDAEQ	DEEHYLMHPA	
SIVsmmFTq	..P	..HS	..	..C.T	..V	..NQ	..	..N	..	MM	S.E	..T.C.V	..
SIVsmmG932	..	..W	..RT	..P.T	..	..E	..	..N	..	MC	..DI	..T.C.V	..
SIVsmmM919	..	..H	..	..A	..	..ND	..	..N	..	MF	..	..T.C.V	..
SIVsmmM946	..	..WA	..	..A	..	..Q	..	..N	..	MF	..	..T.C.V	..
SIVsmmM926	..	..A.Y	..	..P	..G	..E	..	..N	..	MF	..	..T.C.V	..
SIVsmmM923	..	..CP	..R	..	..R	..E	..K..L..R	..N	..A	MV..P.Q	..S	..A.C.V	..
SIVsmmM949	..	..H	..R	..A.T	..	..E	..L	..N	..K	MK	..ET	..T.C.V	..
SIVsmmM951	..	..	..R.Q	..A.T	..	..E	..	..M	..N	MC	..D.E..T	..T.C.V	..

	V1H				MHC-I				
	201								267
SIVmac239	QTSQWDDPWG		EVLAWKFDPT	LAYTYEAYVR	YPEEFGSKSG	LSEEEVRRRL	TARGLLNMAD	KKETR*	
SIVsmmFTq	..G.....			IK.....	...D...D...	K...	K...	S.	
SIVsmmG932			..S.....	FIK.....	...G...G...	K...	K...	S.	
SIVsmmM919			Q	FI	H.....D...	..K...KK.	K...	T.	
SIVsmmM946			Q	FI	H.....	..P...K...	K.D.	S.	
SIVsmmM926			..SQ....	F	H.....N.	...K..P	K...	S.	
SIVsmmM923			...E...	...E.K.F.K	...M...	...K...	...K...	...S.	
SIVsmmM949	V..R.....		..T...Q.	..HS...FI.	...WS...	...K...	..GGSS.		
SIVsmmM951	V.N.....		..T...R.	..HN...FI.	H...WS..	...K...	..RGNS.		