Sequences in the *Tat* 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)
UG275A	HIVUG275A	L22951	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
DJ263A	HIVDJ263A	L22941	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
DJ264A	HIVDJ264A	L23064	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
DJ258A	HIVDJ258A	L22939	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)
TH475A	HIVTH475A	L31963	Neumann,M.	JVI 69, 2159 (1995)
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)
SC	HIVSC	M17450	Gurgo,C.	Virol. 164, 531 (1988)
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)
NH5	HIVNH5	L07424	Weidt,G.	Unpublished (1992)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CAM1	HIVCAM1	D10112	McIntosh,A.	Unpublished (1991)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D31	HIVD31	U43096	Dietrich,U.	Unpublished (1992)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	M89974	Li,Y.	JVI 65, 3973 (1991)
BCSG3C	HIVBCSG3C	L02317	Ghosh,S.K.	Virol. 194, 858 (1993)
T810144	HIVT810144	U01471	Sabino,E.	AIDS 8, 901 (1994)
3202A11	HIV3202A11	M64489	Groenink,M.	JVI 65, 1968 (1991)
P896	HIVP896	M96155	Collman,R.	JVI 66, 7517 (1992)
TATAB	HIVTATAB	M64490	Groenink,M.	JVI 65, 1968 (1991)
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WEAU160	HIVWEAU160	U21135	Ghosh,S.	Unpublished (1995)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 C:				
SM145	HIVSM145	L11803	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
DJ259	HIVDJ259	L11764	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
DJ373A	HIVDJ373A	L23065	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
UG268A	HIVUG268A	L11799	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
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Z2Z6	HIVZ2Z6	M22639	Theodore,T.	Unpublished (1988)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)
UG269A	HIVUG269A	L22949	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
NDK	HIVNDK	M27323	Spire,B.	Gene 81, 275 (1989)

SE365	HIVSE365	L11797	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
UG274A2	HIVUG274A2	L22950	Louwagie,J.J.	JVI 69, 263 (1995)
MAL	HIVMAL	K03456	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
SUBTYPE F:				
BZ126A	HIVBZ126A	L22082	Louwagie,J.J.	ARHR 10, 561 (1994)
BZ163A	HIVBZ163A	L22085	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:				
ZAM184	HIVZAM184	L22955	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)

HIV1 TAT

Subtypes E, G, and H are not currently represented in TAT. The sequence ZAM184 could not easily be
assigned to any of the three TAT subtypes, A, B, C, D and F.

```
                                <- vpR
CONSENSUS-A   ATGGA?CC?GTAGATCCTAaCCTAGAGCCCTGGAAcCA?CCGGGAAGTcAGCCTACAACTgCTTGTAgCA     67
U455          -----G--A--------------------------A--C------------------------------     70
UG273A        -----T--G----------------------------T--T---------A-----------C---------     70
UG275A        -----T--G-----------------------------T---------------------C------A--     70
DJ263A        -----G--G----------G------------------C------------------------------     70
DJ264A        -----G--A----------G------------------C------------------------------     70
DJ258A                                                                --------------     14
SF170         -----T--A-----------------------------T---------------------C---------     70

CONSENSUS-B   ATGGAgCCAGTAgATCcTAgacTAGAGCCcTGGaAgCATCCAGGAAGtCAGCCTAagaCtgcttGtAcca     70
SF2           --------------------AT----------------------------------G-----------A--     70
TH475A        ------------------------------------------------------A-------------     70
LAI           ------------------------------------------------------A-------------     70
HXB2R         ------------------------------------------------------A-------------     70
NL43          ------------------------------------------------------A-------------     70
NY5CG         ------------------------------------------------------A-------------     70
MN            ----------------------------------------------------------------------     70
SC            -----T-------------------------------------------------AG-----------T     70
BAL1          --------------------A-------------------------------------------------     70
JRCSF         --------------------C-------------------------------------------------     70
JRFL          --------------------C-------------------------------------------------     70
NH5           ------------------------------------------------------------C---------     70
OYI           ------------------------------------------------------------------A---A--     70
SF162         ---------------------T-----------------------------------------------A-     70
CAM1          ---------------------------------------------C-------G--------------     70
CDC42         ------------------------------------------------------A-------------     70
SF33          --------------------AC----------------------------------G---------C----     70
RJS           ------------------------------------------------------A----AG-------     70
HAN           ------------------------------------------------------G---CC---------     70
D31           ----------------------------------G-------------------------------------     70
RF            ----------------------------------------------------------------------A--     70
YU2           --------------------AC----------------------------------G-----------A--     70
BCSG3C        ---------------------------------------------C--------A-------------     70
T810144       ------------------------------------------------------A--------C--T-     70
3202A11       --------------------A---------A-----------------------------------A--     70
P896          ------------A-------C-----------------------------------A-------------     70
TATAB         --------------------A-------------------------------------------------A--     70
3202A12       --------------------A-------------------------------------------------A--     70
3202A21       --------------------A-------------------------------------------------A--     70
MANC          ----------------------------T-----T-----------------------------------     70
WEAU160       ----------------A-----------------------------------------------------     70

CONSENSUS-C   ???G??????TAGATCCTA??CTAGAGCCCTGGAACCATCCAGGAaGTCAgCCTAAAACTgCTTGTA?TA     58
SM145A                                          ----------T----A----------------A--     35
DJ259A        TCC-TCTAGA---------GA-----------------------------------------------A--     70
DJ373A        ATG-AGCCAG---------AC-----------------------------------------------C--     70
UG268A                                                  --------------------C------C--     30

CONSENSUS-D   atgGatccagTAGATCCTAaccTAGAGcCCTGGAACCATCCAGGaAGTCAGCCTAggACtcCTTGTAAcA     70
ELI           ----------------------------------------------------------------------     70
Z2Z6          ---------------------A---------------------------------A----G---------     70
Z6            ---------------------T---------------------------------A----G---------     70
NDK           --------------------T------T-------------------------------G-------T-     70
SE365A        ------------------------------------------------------A---------------     70
UG274A2       TCC-TCTAGA---------GA-----------------------------------C-------------     70
MAL           ---------------------T----------------------G--------------G--------T-     70

CONSENSUS-F   ATGGAGCTAGTAGATCCTAACTTAGATCCCTGGAA?CATCCAGGAAGCCAGCCTACAACTCCTTGTACAA     69
BZ126A        -----------------------------------T----------------------------------     70
BZ163A        -----------------------------------C----------------------------------     70

CONSENSUS-O   ATGGATCCAGTAGATCCTGAG?TGCCCCCTTGGCA?CACCCTGG?AG??AGCCCCA?A?CCCTTGTAATA     63
ANT70         ---------------------G-------------C--------A--TC-------G-T-----------     70
MVP5180       ---------------------A-------------T--------G--CA-------A-C-----------     70

CONSENSUS-U   ATGGATCCAGTAGACCCTAAACTAGAGCCCTGGAACCATCCGGGAAGTCAGCCTAAAACTGCTTGTACCA     70
ZAM184        ----------------------------------------------------------------------     70

CONSENSUS-CPZ ATGGA?CC??TAGA??CTGA???????CC?TGG??ACACCC??????T???CCA??AAC????TG?AATA     39
CPZGAB        -----T--AA----TC----CCTGGAG--C---AA------AGGCAG-CAG---AG---AGTT--T----     70
CPZANT        -----C--CG----CG----AACACCT--A---TT------TCCTGC-ACA---GC---GCCA--C----     70
```

```
                                                                  3'sj  3'sj     rev cds
                                                                   \/    \/        ->
CONSENSUS-A   AgTGTTAcTGTAAAatgTGtTGCTggCATTGccaA?ttTGCTTTCTgaacAAaGGCTTAGGCATcTCCTA    136
U455          -C-----T------G--------------------C-------------A--------------T-----    140
UG273A        --------------G---------AT-------C-G-------------A--------------------    140
UG275A        ---------------A--------AT-----TAC-G-------------------------------    140
DJ263A        ----------------A--C-----------T---T-G--------------G-----------------    140
DJ264A        -T--------------A--C---------------T-G--------------G-----------------    140
DJ258A        ---------------AA--C---------------T-G--------------G-----------------     84
SF170         -A------------G---------AT-------C-GC---------ACG--------------------    140

CONSENSUS-B   atTGCTATTGtAAAaagTGtTGCtttCAtTGccAaGttTGtTTcacaAcAAAAGgCTTAgGCATcTCCTA    140
SF2           --------------------------------T-C-CG----------G---------------------    140
TH475A        C-----------------------------------------------TG-------C---------------    140
LAI           C-------------------------------------------------------C---------------    140
HXB2R         ---------------------------------------------T--------C---------------    140
NL43          ---------------------------------------------TG-------C---------------    140
NY5CG         ---------------G-------------------------------------C---------------    140
MN            C---------------------------------------------A-----C---------------    140
SC            C-----------------------------------------------------------------------    140
BAL1          C-------------------------------------C----T------------------------    140
JRCSF         -----------------------C-----------------------------------------------    140
JRFL          C----------------------C-------------C-------T------------------------    140
NH5           C------------------------A----------------------------------------------    140
OYI           ---------------G-------C----C--T----------------A---------------T-----    140
SF162         ---------------------------------------------T-------------------------    140
CAM1          --------------C-----------------------------T-------------------------    140
CDC42         ---------------------------------------------G-A-----C---------------    140
SF33          -C-------------------------------------C----T------------------A-----    140
RJS           -----------------------------------------------------------------------    140
HAN           -----------------------C------------------------G----------A----------    140
D31           ---------------A--C---------------------------A---------------------    140
RF            ------------------------A---------------C---TT------------------------    140
YU2           ----------------------------------------T----A---------------------    140
BCSG3C        -A-----------------------A-------------------TG-----------------------    140
T810144       ---------------------------------------------A-----C---------------    140
3202A11       ---------------------------------------------A---------------------    140
P896          ----------C-----A-------------------C--------T------------------------    140
TATAB         ---------------------------------------------A---------------------    140
3202A12       ---------------------------------------------A---------------------    140
3202A21       ---------------------------------------------A---------------------    140
MANC          -A-----------------------G-----------------T-T------------------------    140
WEAU160       ---------------GA----------------------------TG-----------------------    140

CONSENSUS-C   AgTGTTaTtGTAAAaaaTGTAGcTAtCATTGtCtAGTTTGCTTTCaGAcaAAAGGcTTAGGCATtTCCTA    128
SM145A        -T------------CTC--------C-----C------------------------------------    105
DJ259A        -----------------------------------------------------------T--------------    140
DJ373A        -A-----------------------------------------------------------------------    140
UG268A        ------T-G-------------T----------A-----------T--AC--------------C-----    100

CONSENSUS-D   agTGtcATTGTAAAAAGTGtTGcTATCATTGCCaAgttTGCTTCaTAAcgAAaGGCTTAGGCATcTCCTA    140
ELI           ---------------------------------C----------T---AC--------------------    140
Z2Z6          G-----------------------------------------------------------------------    140
Z6            G-----------------------------------------------------------------------    140
UG269A                                                                 ----------T-----     16
NDK           -----------------------------------------------------------------------    140
SE365A        -C---T----------------T------------AA------------A--G-----------------    140
UG274A2       -A--CT--------------C---------------T-G-------------------------------    140
MAL           -----T-------------C---------------A-G--------------------------------    140

CONSENSUS-F   AATGCTATTGTAAACGATGTTGCTTTCATTGTCAATGGTGCTTTACAAC?AAGGGCTTAGGCATCTCCTA    138
BZ126A        ---------------------------------------------------A-------------------    140
BZ163A        ---------------------------------------------------G-------------------    140

CONSENSUS-O   ATTGCTATTGCAAAAGATGCTGCTATCATTGCTATGTTTGTTTC??AA??AAGGGTTTGGGAATCTCC?A    128
ANT70         ---------------------------------------------GT--GA------------------T-    140
MVP5180       ---------------------------------------------AC--AG------------------C-    140

CONSENSUS-U   AGTGTTATTGTAAAAAGTGTTGCTATCATTGCCCAGTGTGCTTTCTAAACAAAGGCTTAGGCATCTCCTA    140
ZAM184        -----------------------------------------------------------------------    140

CONSENSUS-CPZ A?TG?TA?TG?AAA???TGTTGTTA?CA?TG???????TGCTTCACAAAAAAAGGCTT?GG?AT?TCCTA     90
CPZGAB        -T--C--T--C---GCT--------T--C--TATATAT--------------------A--A--C-----    140
CPZANT        -C--T--C--T---TGC--------C--T--CCCTCTC--------------------G--G--T-----    140
```

HIV1 TAT

```
                    \/ 3'sj
CONSENSUS-A   TGGCAgGAAGAAGCGG......AgaC?cCGACGAgGAaCTCCTCAaaGcagTaAGGAtCaTCAAAaTCcT    199
U455          -----A----------......-A--C----------C--------G------------------C--T-    204
UG273A        ----------------.......--T-AG----------------------A-------------------    204
UG275A        ----------------......-AG-AG------A-----------T---A-------------------    204
DJ263A        ----------------.......----G------------------G--TC--C-----------------    204
DJ264A        ----------------.......----G------------------G--TC--C------G----------    204
DJ258A        ----------------.......----G------------------G--TC--C----C------------    148
SF170         ----------------.......----AG----------------------A-------------------    204

CONSENSUS-B   TGGCAGGAAGAAGcGG......AGaCAGCGAcgaaGAgCTCcTcaagaCAGTcAgacTCaTCAAgtttCT    204
SF2           ----------------.......----------------------G-------------------C----    204
TH475A        ----------------.......-------------------A---GA------------------C----    204
LAI           ----------------.......---------------C---------G----------------------    204
HXB2R         ----------------.......-------------------A---GA------------------C----    204
NL43          ----------------.......-------------------A---GA------------------C----    204
NY5CG         ----------------.......------------------------------G-----------------    204
MN            ----------------.......---------------------G--------------------------    204
SC            ----------------.......---------A------------------------------------    204
BAL1          ----------------.......------------------------------G-----------------    204
JRCSF         ----------------.......---------------C------------------------------    204
JRFL          ----------------.......-----------------------------------------------C----    204
NH5           ----------------.......-----------------------------------------------    204
OYI           ----------------.......------------------------------A-----------------    204
SF162         ----------------.......----------------------C-------G--GT-------------    204
CAM1          ----------------.......---------------A--------AG----A------------C----    204
CDC42         ----------------.......-------------------A--------------A--------CA---    204
SF33          ----------------.......--G-------AG---------G-CAG--------A--------A----    204
RJS           ----------------.......-------------------A----A---------A-------A--C--    204
HAN           ----------------.......-----------------------------------------------    204
D31           ----------------.......---------------------G--------------------------    204
RF            -------------A--......------------G--C---------G------------------C---    204
YU2           ----------------.......---------------C-------G------------------AG----    204
BCSG3C        ----------------.......-----------------------------------------------C----    204
T810144       ----------------.......---------------C--------A--------G--------------    204
3202A11       ----------------.......---------A-------------------------------C----    204
P896          ----------------.......---------------C------------------------------    204
TATAB         ----------------.......---------A-------------------------------C----    204
3202A12       ----------------.......---------A-----------------------------------C----    204
3202A21       ----------------.......---------------T--------------G-----------------    204
MANC          ----------------.......----------------------C---------A----G----------    204
WEAU160       ----------------.......---------------T--------A------------------A----    204

CONSENSUS-C   TGGCAGGAAGAAGCGG......AGACAGCGACGAAgCGCTCCTccaAGCAGTGAGGATCATCAaAaTC?T    191
SM145A        ----------------.......----------------------AG----------------------C-    169
DJ259A        ----------------.......-----------------------------------------G-C--C-    204
DJ373A        ----------------.......---------------------T------------------------T-    204
UG268A        ----------------.......-------------A------------------------------T-    164

CONSENSUS-D   TGGCAGGAAGAAGCGG......AGACAGcGACGaagAcCTcCTcAagGCggTCAggCTCATCAAG?TcCT    203
ELI           ----------------.......------------G-----------------------------T----    204
Z2Z6          ----------------.......------A-----------T--------------A---------A----    204
Z6            ----------------.......------A-----------T--------------A---------A----    204
UG269A        ----------------.......---------------T-----A---------------------T----     80
NDK           ----------------.......-------------A--------------A--------------T----    204
SE365A        ----------------.......---------------A-----------AA----A---------T-T--    204
UG274A2       ----------------.......-----------C------------A--A----A----------A----    204
MAL           ----------------.......----------------------G---AA--------------A----    204

CONSENSUS-F   TGGCAGGAAGAAGCGG......AAACAGCG?CACCGAACTCCTCAGAGCAG?CAGATACATCAAGATCTT    200
BZ126A        ----------------.......--------A--------------------T-------------------    204
BZ163A        ----------------.......--------G--------------------C------------------    204

CONSENSUS-O   TGGCAGGAAGAAGCGA.........????GAC?A?CAGCTGCTGCAAGC?ATCCAGAT?ATAAAGATCCT    181
ANT70         ----------------.............G---G-C--------------C--------C-----------    198
MVP5180       ----------------.........AGAA---C-G--------------T--------A-----------    201

CONSENSUS-U   TGGCAGGAAGAAGCGG......AGACCCCGACGAAGATCTCCTCAAAACAGCGAGGATCATCAAAATCCT    204
ZAM184        ----------------.......-----------------------------------------------    204

CONSENSUS-CPZ TGGCAGGAAGA???GA?C????A??A???GACG?AC??CT?CTG?A?GCAGT?AAAATAATCAAGAT?CT    139
CPZGAB        -----------AGC--A-C...-CA-GAC----C--GG--C---C-G-----A--------------T--    207
CPZANT        -----------GAA--G-TCGA-GG-ACA----A--AA--G---A-A-----G--------------C--    210
```

```
                 exon \/ exon
CONSENSUS-A   aTAcCAAAGCAAcCCtTaCCCcaaaCcccaagGGgtC???cCGaCAGgCCcGaAAGAATCGaAGAAGaAGG    266
U455          ------------------G------T----GA-----...T--G------A-G------------------    271
UG273A        ---------------A-----------------A--...T--------------------C---------    271
UG275A        ---------------A--------------------...T-----------G------------------    271
DJ263A        G--------------------ACC---AG-----A-...-------A--------------------G---    271
DJ264A        G--T-----------------ACC---AG----AA-...---------------------------G---    271
DJ258A        G--------------------ACC--TGG----AA-CAC-------A------------------G---    218
SF170         ------------T--A--------------------...--------------------------------    271

CONSENSUS-B   cTAtCAAAGcaaCCC?CctCCCAgccccgAGGGGAC...CCgacagGCCCGaaGgAAtcGAAGaAGaAGG    270
SF2           ---------------G--------T-----------...-------------C-----------------    271
TH475A        ---------------A-------AT-----------...-------------------A-----------    271
LAI           ---------------A-------A------------...-------------------A-----------    271
HXB2R         ---------------A-------A------------...-------------------A-----------    271
NL43          ---------------A-------AT-----------...-------------------A-----------    271
NY5CG         ---------------G-----------A--------...--------------------------------    271
MN            ---C-----------G--C-----TT---------...--------------------------------    271
SC            ---C-----------G-------AG--A--------...--------------------------------    271
BAL1          ---------------A-------T--T---------...------------G------------------    271
JRCSF         ---C-----------T---------AA---------...--------------------------------    271
JRFL          ---------------T--------------------...--------------------------------    271
NH5           ---------------T--------------------...--CGACA------------------------    271
OYI           ---------------G-------A---A--------...--------------------------------    271
SF162         ---C-----------G-T----------A-------...--------------------------------    271
CAM1          ---------------G-T------TT--A-------...--------------------------------    271
CDC42         ---------------T-------AA-----------...------------------C--------G---    271
SF33          ---------------T-A---------A--------...---------------------------G---    271
RJS           ---C-----------G-------A------------...--------------------------------    271
HAN           ---C-----------T---------AA---------...--CGACA--------A---------------    271
D31           ---------------G--------------------...--------------------------------    271
RF            T--------------A--------------------...------------------------G------    271
YU2           ---------------A---------T-A--------...-------------C-----------------    271
BCSG3C        ----------G----A-------A------------...--------------------------------    271
T810144       ---------T-G                                                             216
3202A11       ---------------G-----------A--------...-------------C----C------------    271
P896          ---------------T----------T---------...------------------CA-----------    271
TATAB         ---------------G-----------A--------...-------------C----C------------    271
3202A12       ---------------G-----------A--------...-------------C----C------------    271
3202A21       ---------------G--------------------...--------------------------------    271
MANC          ---------------A--------------------...------------G------------------    271
WEAU160       ---------------A--------------------...--------------------------------    271

CONSENSUS-C   ATATCAAAGCAACCCTTAcCCCaAaCCCgAGGGGAC...CCGACAGGCcCgGAggAATCGAAGAAGAAGG    258
SM145A        -------------------------------------...---------T----A----------------    236
DJ259A        -------------------------------------...--------------------------------    271
DJ373A        ------------------T---G-----A-------...-----------A-------------------    271
UG268A        ------------------------C-----------...---------------A---------------    231

CONSENSUS-D   aTACCAaAgCAACCCTCCTCCCAgccCCGAGGGgAC???CCGACAGGCCCGAAGgAAtAGAAGAAGAAGG    270
ELI           -------------------------------------...------------------C------------    271
Z2Z6          -------------------------------------...--------------------------------    271
Z6            ----------------------------------A--...---------------------                261
UG269A        -------------------------------------...--------------------------------    147
NDK           ------G-----------------T-----------...---------------A---------------    271
SE365A        G-------A----------------A----------...--------------------------------    271
UG274A2       ----------------------------------A--...---------------A---------------    271
MAL           C-----G----------------A-A----------CAC--------------------------------    274

CONSENSUS-F   GTACCAAAGCAACCCATATCCCAAGCCCGAGGGAAC...CCGACAGGCCCGAAG?AATCGAAGAAGGAGG    266
BZ126A        -------------------------------------...---------------G---------------    271
BZ163A        -------------------------------------...---------------A---------------    271

CONSENSUS-O   GTACCA?AGCAATCCC???CC??CACC???AGGAAG...CAG?AACGCCAGGAAGAACAGGAG?AG?AGG    236
ANT70         ------A---------CAA--AT----AAG------...---G--------------------G--G---    265
MVP5180       ------G---------TGT--CA----GGC------...---A--------------------A--A---    268

CONSENSUS-U   ATACCAAAGCAATCCCTACCCCACACCCAGAGGGTC...TCGACAGGCCCGGAAGAATCGAAGAAGGAGG    271
ZAM184        -------------------------------------...--------------------------------    271

CONSENSUS-CPZ ?TA?CAAA?????CC?TA?CC?A??CCAG??GGA?C...?AG????GC??G?AGAAAT????GAAG?AGG    178
CPZGAB        A--C----GCAAC--T--T--C-GT----AG---A-...A--GAAG--TC-G------CGAC----G---    274
CPZANT        G--T----A...T--C--C--A-AA----CA---T-...C--AGCA--CA-A------AAGA----A---    274
```

HIV1 TAT

```
CONSENSUS-A   TGGagAGCAAGaCAgAGACAGATCgattCgcTTAG                                  301
U455          -----------G--A-----------------                                     303
UG273A        -----------------------------------                                  306
UG275A        ----A------------------------A-----                                  306
DJ263A        ---C--------------------AGGG--A----                                  306
DJ264A        --------------A---------CG-G--A----                                  306
DJ258A        ---C----------A---------A--A-------                                  253
SF170         -----------G------------------A-                                     303

CONSENSUS-B   TGGAGagaGAGaCAGAGaCagATCCggtcgattAG                                  305
SF2           ---------------------------T-----                                    303
TH475A        -------------------------AT--------                                  306
LAI           -------------------------AT--------                                  306
HXB2R         -------------------------AT--------                                  306
NL43          -------------------------AT--------                                  306
NY5CG         ----------------------------A-C--                                    303
MN            --------------------C-----------                                     303
SC            --------------------------------                                     303
BAL1          -----------------------------C--                                     303
JRCSF         ---------------------------A-A--                                     303
JRFL          ---------------------------A----                                     303
NH5           -------------------G---------C--                                     303
OYI           ---------------------------AA---                                     303
SF162         -------------------------A---C--                                     303
CAM1          -----G--------------C------G----                                     303
CDC42         -----------G-------G-----AC-----                                     303
SF33          -------------------------AC-----                                     303
RJS           -----------------------------C--                                     303
HAN           -----------------G--------T-----                                     303
D31           ------C------------------AA-----                                     303
RF            ---------------------------CG-TGC--                                  306
YU2           -----------------------------C--                                     303
BCSG3C        --------------------------------                                     303
3202A11       --------------------------TA-------                                  306
P896          -----------------------------C-----                                  306
TATAB         --------------------------TA-------                                  306
3202A12       --------------------------TA-------                                  306
3202A21       ---------------------------------                                    306
MANC          -------G-----------------A----C----                                  306
WEAU160       ---------------------------AA------                                  306

CONSENSUS-C   TGGAGAGCAAGACA?AG?CAGATCcattcGATTAg                                  291
SM145A        --------------A--A-----------------                                  271
DJ259A        --------------G--G------G----------                                  306
DJ373A        --------------A--G--------C--------                                  306
UG268A        --------------G--A-------G-GA-----A                                  266

CONSENSUS-D   TGGAGAGCaAGGCAGAGaCAGATCcaTtcGATTggTGA                               308
ELI           --------G----------------G-GA-----C---                               309
Z2Z6          --------G-----------------------------                               309
UG269A        -----------------G---------------A-                                  182
NDK           --------G-----------------------------                               309
SE365A        ------------------------A----------                                  306
UG274A2       -----------------G-----------------                                  306
MAL           -----------------G------A-------------                               312

CONSENSUS-F   TGGAGAGCAAGGCA??GA?AGATCCGTG?G?TTAGT??                               297
BZ126A        --------------AC--G---------C-C-----GA                               309
BZ163A        --------------GA--C---------A-A-----AG                               309

CONSENSUS-O   TGGAGAAG?AG?CAGGCCCA?GTGGA?A?CCT?GCC?C?AGG?TTCTTGC?AC?GTTGTACACGGA?CTC   294
ANT70         --------A--G--------G-----T-C---C---G-A---G-------C--T------------C---   335
MVP5180       --------G--A--------A-----C-G---T---A-C---A-------A--A------------T---   338

CONSENSUS-U   TGGAGAGCAAGGCAGAGACAGATCGATTCGATTAG                                  306
ZAM184        -----------------------------------                                  306

CONSENSUS-CPZ TGG?????AAGACAG?A?CAG?T????G???TT??                                  196
CPZGAB        ---CGAGC-------A-G---A-CAGT-AGA--AG                                  309
CPZANT        ---AAGAA-------G-T---G-GGAG-GCC--GC                                  309

CONSENSUS-O   AG?ACAATAA                                                           303
ANT70         --A----                                                              342
MVP5180       --G-------                                                           348
```

```
                                <- vpR
CONSENSUS-A   ATGGA?CC?GTAGATCCTAaCCTAGAGCCCTGGAAcCA?CCGGGAAGTcAGCCTACAACTgCTTGTAgCA     67
CONSENSUS-B   -----g--A----------ga--------------g--T--A-------------ag----------c--     70
CONSENSUS-C   ???-?-??-?---------??-----------------T--A-------------A-----------?T-     58
CONSENSUS-D   -----t--a-----------------------------T--A-------------gg---c------A--     70
CONSENSUS-F   -----G-TA------------T----T--------?--T--A-----C------------C------CA-     69
CONSENSUS-O   -----T--A---------G-G?-GCCC--T---C-?--C--T--?--??----CCA?-?CC------AT-     63
CONSENSUS-U   -----T--A-----C-----A-----------------T----------------A-----------C--     70
CONSENSUS-CPZ ---------?----??--G-???????--?---??A--C--??????-???--A??---????--?-AT-     39

                                                                 3'sj  3'sj     rev cds
                                                                  \/    \/        ->
CONSENSUS-A   AgTGTTAcTGTAAAatgTGtTGCTggCATTGccaA?ttTGCTTTCTgaacAAaGGCTTAGGCATcTCCTA    136
CONSENSUS-B   -t--C--T-------a--------tt---------G----t--caca-cA------------------    140
CONSENSUS-C   -------T-------aa---A---At-----t-t-G---------a--ca--------------t-----    128
CONSENSUS-D   -----c-T-------A--------AT---------g-------Ca-A-cg--------------------    140
CONSENSUS-F   -A--C--T------CGA-------TT-----T---TGG------ACA-C?--G-----------------    138
CONSENSUS-O   -T--C--T--C----GA--C----AT------T-TG----T--C??A-??--G--T--G--A------?-    128
CONSENSUS-U   -------T-------A--------AT-------C-G-G--------A----------------------    140
CONSENSUS-CPZ -?--?--?--?---???-----T-A?--?--????-??-----CACA--A--------?--?--?-----     90

                   \/ 3'sj
CONSENSUS-A   TGGCAgGAAGAAGCGG......AgaC?cCGACGAgGAaCTCCTCAaaGcagTaAGGAtCaTCAAAaTCcT    199
CONSENSUS-B   -----------------......----AG------a--g--------ga----c--ac-------gt-t--    204
CONSENSUS-C   -----------------......----AG------A-CG------c-------G---------------?-    191
CONSENSUS-D   -----------------......----AG------a--c--------g--g--C---C-------G?----    203
CONSENSUS-F   -----------------......-A--AG--?-ACC----------G-----?C--ATA------G---T-    200
CONSENSUS-O   ---------------A.........?-??---?-?C-G--G--GC----?A-CCA---?--A--G-----    181
CONSENSUS-U   -----------------......----C-------A--T---------A---CG-----------------    204
CONSENSUS-CPZ -----------???-A?C????-??A-??----?AC??--?--G?-?-----?-AA--A-----G--?--    139

                   exon \/ exon
CONSENSUS-A   aTAcCAAAGCAAcCCtTaCCCcaaaCccaagGGgtC???cCGaCAGgCCcGaAAGAATCGaAGAAGaAGG    266
CONSENSUS-B   c--t-----------?Cct----gc---g-----A-...--------------G----------------    270
CONSENSUS-C   ---T------------------------g-----A-...------------G-g----------------    258
CONSENSUS-D   ----------------CCT----gc---G-----A------------------G----A-----------    270
CONSENSUS-F   G--------------A--T-----G---G----AA-...--------------G?-----------G---    266
CONSENSUS-O   G-----?-----T--C???--??C---???A--AAG...-A-?A-C---A-G-----CA-G--?--?---    236
CONSENSUS-U   ------------T--C-------C-----GA-----...T-----------G--------------G---    271
CONSENSUS-CPZ ?--?----?????--?--?--?-??--AG??--A?-...?A-????--??-?-GA---????----?---    178

CONSENSUS-A   TGGagAGCAAGaCAgAGACAGATCgattCgcTTAG                                      301
CONSENSUS-B   -------aG---------------Cgg---a----                                      305
CONSENSUS-C   --------------?--?------c-----A----                                      291
CONSENSUS-D   -----------G------------c-----A--g-TGA                                   308
CONSENSUS-F   -----------G--??--?-----CG-G?-?----T??                                   297
CONSENSUS-O   ------AG?--?---GCC--?G-G--?A?C--?GCC?C?AGG?TTCTTGC?AC?GTTGTACACGGA?CTC    294
CONSENSUS-U   -----------G------------------A----                                      306
CONSENSUS-CPZ ---?????-------?A?---?-????G???--??                                      196
```