Sequences in the *LTR* Alignment

COMMON NAME	LOCUS	ACC #	FIRST AUTHOR	REFERENCE
SUBTYPE A:				
ROD	HIV2ROD	M15390	Clavel,F.	Nature 324, 691–695 (1986)
ST	HIV2ST	M31113	Kumar,P.	JVI 64, 890–901 (1990)
NIHZ	HIV2NIHZ	J03654	Zagury,J.F.	PNAS 85, 5941–5945 (1988)
ISY	HIV2ISY	J04498	Franchini,G.	PNAS 86, 2433–2437 (1989)
BEN	HIV2BEN	M30502	Kirchhoff,F.	Virology 177, 305–311 (1990)
CAM2	HIV2CAM2	D00835	Tristem,M.	Unpublished (1991)
D194	HIVD194	J04542	Kuehnel,H.	PNAS 86, 2383–2387 (1989)
GH1	HIV2GH1	M30895	Hasegawa,A.	ARHR 5, 593–604 (1989)
KR	HIV2U22047	U22047	Kraus,G.K.	PNAS 90 (9), 4226–4230 (1993)
MDS	HIV2MDS	Z48731	Becker,M.	Unpublished
UC2	HIV2UC2	U38293	Barnett,S.W.	Unpublished
SUBTYPE B:				
UC1	HIV2UC1GNM	L07625	Barnett,S.W.	JVI 67, 1006–1014, (1993)
D205	HIVTRENGE	X61240	Dietrich Et Al,U.	ARHR (1992) In press
GH2	HIVENVA	D10458	Kawamura,M.	Virology 188, 850–853 (1992)
EHOACG	HIV2EHOA	L14545	Rey-Cuille,M.A.	Virology 202, 471–476 (1994)
SUBTYPE D:				
FO7841	HIVLTRC5	M87115	Gao,F.	Nature 358, 495–499 (1992)
SUBTYPE SD:				
MM251	SIVMM251	M19499	Franchini,G.	Nature 328, 539–543 (1987)
MM1A11	SIV1A11AA	M76764	Luciw,P.A.	ARHR 8: 395–402 (1992)
MM32H	SIVMM32H	D01065	Rud,E.W.	Vaccine (1992) In press
MM239	SIVMM239	M33262	Regier,D.A.	ARHR 6, 1221–1231 (1990)
MM142	SIVMM142	M16403	Chakrabarti,L.	Nature 328, 543–547 (1987)
MNE	SIVMNE	M32741	Benveniste,R.E.	Unpublished (1990)
SMMPBJ	SIVSMMPBJA	M31325	Dewhurst,S.	Nature 345, 636–640 (1990)
SMM9	SIVGAGAB	M80194	Courgnaud,V.	JVI 66, 414–419 (1992)
SMMH4	SIVSMMH4	X14307	Hirsch,V.M.	Nature 339, 389–391 (1989)
SM62A	SIU04982	U04982	Hirsch,V.M.	JVI 68, 2649–2661 (1994)
SMB670	SIVENV	M90048	Mullins,J.I.	Unpublished (1992)
SUBTYPE STM:				
STM	SIVSTM	M83293	Novembre,F.J.	Virology 186, 783–787 (1992)
STAK1	SIVLTRDNA	X57323	Khan,A.S.	J. Med. Primatol. 20 (4), 167–171 (1991)

HIV2/SIV LTR

```
    nef cds ->
CONSENSUS-A   TGgAaGGGaTgTtTTAcAGTgagagaAGa..?CaTAgAaTCcTagAcaTaTaCtTaGAaAAgGAaGAaGG     67
ROD           ----------------------A------..----A----T--A-T------------------------     67
ST            --------C---A---------T--G---...-G----G----------------------------G--     67
NIHZ          --------C-------T---C--------...---------T-----T----------C---            59
ISY           ------------A----------------...--------------------------------------     67
BEN           --C------------------AG---G---...---------------------C-------A--G-----     67
CAM2          --------C-------------A------...-----------G--T--------------A--------     67
D194          ----------A---------AG-GAG---...---------------T-G-T-C----------G-----     67
GH1           ----T---------------AG-GAT---...---------------T-G---C----------G-----     67
KR            ----T-------A---------------G..A---------T-----------A-G--------------     68
MDS           ----------------------A------...--------------T-----------------------     67
UC2           --------------------AG-GAT---...---------------T-G---C----------G-----     67
CONSENSUS-B   TGGAAGGGATtTa?TAtAGTGAGAGAAGa...CA?AgAATA?TAGACACATAttT?GAgAATGAaGAaGG     63
UC1           -------------C---------------...--T------C-----------C-A--------G-----     67
D205          ----------G--T---------------...--C------T-------------T--------------     67
GH2           -------------T--C------------...--C------T-------------T-----------G--     67
EHOACG        ------------TC--------------G...--T-A----C----------C--A--A-----------     67
CONSENSUS-D   TGGAAGGGATTTATTACAATCATAGAAGG...CATAGAATCTTAGACATTTACTTACAAAATGAAGAAGG     67
FO7841        ------------------------------...--------------------------------------     67
CONSENSUS-SD  TGGAAGGGaTTTATTAcagTga?AGaagA...CATAgAATcTTAGAtaTgTACtTaGAAAAgGAAGAAGG     66
MM251         ----------------------CA------...--------------C-----------------------     67
MM1A11        ----------------T----CA------...--------------C--A--------------------     67
MM32H         ----------------------CA------...--------------C-----------------G-----     67
MM239         ----------------------CA------...--------------C--A--------------------     67
MM142         ----------------------CA------...--------------C--A--------------------     67
MNE           ----------------------A------...----A---------C-----------------------     67
SMMPBJ        ----------------------T------...----A---A------C-----------------------     67
SMM9          --------G-----------ATT------...----A---A------C-R-----------R--------     67
SMMH4         ------------------A---G------...--------A--------------G--------------     67
SM62A         ------------------A---G------...--------A------------A-G--------------     67
SMB670        ----------------TGA-A-T--GGA-...-----------------A----------------------     67
CONSENSUS-STM TGGAAGG?ATTTATTACAGTGAGAGAAGA...CATAGAATATTGG??ATGTACTTAGAAAAAGAAGAAGG     64
STM           -------G----------------------...--------------AC-----------------------     67
STAK1         -------.----------------------...--------------GT-----------------------     66

CONSENSUS-A   gaTAATtccAGAtTGGCAGAA?TAtA.CTcaTGGgCcAGGagtaAGgTAcCCaAtGTtcTTtGGGTGGcT    135
ROD           -------G-------------C--C-.--------------------A-----------------------    136
ST            A------GG---C--------C----.-------A--------------T----A-------------T-    136
ISY           ----------------------C----.---------T-----------------------------------    136
BEN           ------A--------------T----.---------------------------A---C--------------    136
CAM2          -------G-------------C----.--AG---------------A-----------------------    136
D194          ------A--------------T----.--------------AC--------------A---C--------    136
GH1           ------A--------------T----.------------------------------GT--C--------    136
KR            ----------------------C----.---------------------------A---------------    137
MDS           ----------------------T----.-------------GAC---A-----C-A--G------------    136
UC2           -G----A--------------T----.----------------G-------------G---C--------    136
CONSENSUS-B   CATTGTgTCTGG?TGGCAaAACTAtA.C?cATGGGcCAGGg?TAAGgtATCCcAa?ttCTTTGGcTGGcT    128
UC1           ------A-----A-------------.-AT-----------A----------A-GGAC------G-----    136
D205          ------------C-------------.-T------------A-----C-------A-A------T-----    136
GH2           ------------C-------------.-T------T-----G-------------A------------T-    136
EHOACG        ------------A-----G-----C-.-A-----------AG----A--------G--------------    136
CONSENSUS-D   CATAATACCAGATTGGCAAAATTACACCTCA.GGGCCAGGAGAGAGACTTCCAATGATGTATGGGTGGCT    136
FO7841        ------------------------------.--------------------------------------    136
CONSENSUS-SD  cATcATaCCAGATTGGCaaaatTACAcatCa.GGaCCAGGAattAGATACCcaAtG??cTtTGGcTGGcT    133
MM251         ------------------GG-------C---.----------------------A-ACA-----------    136
MM1A11        ------------------GG-------C---.----------------------A-ACA-----------    136
MM32H         ------------------GG-------C---.----------------------A-ACA-----------    136
MM239         ------------------GG-------C---.----------------------A-ACA-----------    136
MM142         ------------------G-..----.C--C.-------------------T--A-ATG-----------    133
MNE           ------G-----------G--------C--G.---------CC-----------A-ACA-----------    136
SMMPBJ        A--A------------------------G--.--G--------C--------T---TT------A-----    136
SMM9          A--A------------------------G--.--G--------C--------T---TT------A-----    136
SMMH4         A--A---------------------------.--G-----------------T---CA--A---G-----    136
SM62A         A--A---------------------------.--G-------C---------T---TA------G-----    136
SMB670        ------C----------C----------C--.---------GAG------------TT----------T-    136
CONSENSUS-STM GATAGTTCCAGATTGGCAGAATTACACAGCA.GGACCAGGG?TAAGATA?CCAAAGCA?TTTGGATGGCT    130
STM           ------------------------------.---------A-------C--------G-----------    136
STAK1         ------------------------------.---------G-------T--------T-----------    135
```

```
CONSENSUS-A   aTGGAAgCTAGTAcCAGTAgatgtc?CACAAGagg?a...GAggAca?tgag???????????actcaC    187
ROD           -------------------------C-------A-GG...-------C----..................    191
ST            -------------------------C---------G-...--T----G----...................    191
ISY           -------------------AC----C-------A-GG...-------C----................T-    191
BEN           G------------T-------AC--T---------C-...-----AGA----............G-CA--    191
CAM2          ----------------------AC-T---------G-...-------C----ACTGACACTGAG------    203
D194          G-----A--------------CA--T---------C-...-----AGTA----............--CA--    191
GH1           ------------------------T---------C-...------GA----..............--CA--    191
KR            ---------------------C---C------GT-A-...------.....................---    183
MDS           ----------------------C--C-------T........---A---C-----................    188
UC2           G-----A------------A-CA-GT---------C-...-----TGA----............--CA--    191
CONSENSUS-B   gTGGAAGCTaGT?CCAgTAgA?atgccAgcaGaggc????gaGGagGaGGAA...........ACCcaT    180
UC1           ------------G--------T--A----AG----AA...AG--GA-C----...............--AG-    191
D205          ---------G--A--------GG---------C-A-CCGA------------...............------    194
GH2           ------------A--------G-C----A-------CCGG------------...............------    194
EHOACG        A-----------G---A--A-T---AT------AC-A...-----C---------------------------    191
CONSENSUS-D   GTGGAAGTTAGTACCAGTAGATGTGCCAGATGAGGCC...CAAGGAGATGAG...........AGGCAT    191
FO7841        ------------------------------------...------------...---------------    191
CONSENSUS-SD  aTGGAAATTAgtCCC?GTAaATGTcTCAgATGAgGC?...CAGGAaGacGAG...........acacAt    186
MM251         ---------------T--------A-----------A...-----G--T--------------GG---    191
MM1A11        ---------------T--------A-----------A...-----G--T-------------GAG---    191
MM32H         ---------------C--------A-----------A...-----G--T--------------GG---    191
MM239         ---------------T--------A-----------A...-----G--T-------------GAG---    191
MM142         ----------A----T--------A-----------A...-----G--T-------------GAG---    188
MNE           ---------------T--------A-----------A...-----G-GT------------GAGA--    191
SMMPBJ        C--------------G-----------------A--T...------------...---------------    191
SMM9          C----------W---G-----------------A--T...------------...---------------    191
SMMH4         C--------------A---G-------------A--T...------------...---------------    191
SM62A         C--------------A---G----------------C...------------...---------------    191
SMB670        ---------------A---G--------A----A--T...------------...----------------C    191
CONSENSUS-STM ATGGAAACTAGTACCAGTAGAT?TGTCAAATGAGGCA...CAGGAGGATGA?.........???ACACAT    183
STM           ----------------------A--------------...-----------T.........GGG------    194
STAK1         ----------------------G--------------...-----------G..................    190

CONSENSUS-A   TgCTTagtaCAccCAGCACAAacAAGCag?taTGATGAcc?gCATGGgGAgA..CAcTagT?TGGagGTT    252
ROD           -----------T----------------AG-T--------C-----------..-------C---GA---    259
ST            --------G--T-----------------G-T--------C------A--A-..--T----T--------    259
ISY           ------A-G---T--------GT------A-T--------C-----------..-------C----A---    259
BEN           ----------------------------AC-------TGA-----------..--T----G---CA---    259
CAM2          ------T----------------------GC--------AT-----------..----G--C----A---    271
D194          ----------------------------A---------GA-----------..-------T---C----    259
GH1           -A----AC---------------------AC--------GA------A--A-..-----C-T---C----    259
KR            ------C--------------------G-G-C--------CT--------A-..--T--A-G--------    251
MDS           -----G--G--T----------T-----AG-T--------A---------A-..--T----T--------    256
UC2           ------A-G--------------------A---------ATA----------..-------G---C----    259
CONSENSUS-B   TG?CT??TGCAcCCaGCACAGAtCTCctCATGGGATGACatCCA?GggGAGA..C?CTTgtCTGGcaGTT    243
UC1           --T--GG-------------------T-----------------C-------..-C----C-----G---    259
D205          --C--AA-------G-----------------------------T-------..-T---A----------    262
GH2           --C--AA-------------------------------------T-------..-T---------A----    262
EHOACG        --T--GG----T----------C----G-----------CC---C-AA----..-C--------------    259
CONSENSUS-D   TGCTTAGTGCATCCAGCACAGACTTACCAGTAGGATGACCCC..TAAGAAGAGGTGCTGGTATAGAAATT    259
FO7841        ------------------------------------------..--------------------------    259
CONSENSUS-SD  TactTg?TGCAtCCaGCtCAaACttcccAGTGGGAtGAcCCc..TGGGGAGAGGttCTgGcaTGGAAGTT    253
MM251         --T--AA----G---------------A-------------T..--------------A--G--------    259
MM1A11        --T--AA--------------------------------T..--------------CA-----------    259
MM32H         --T--AA----G---------------A-------------T..--------------A-----------    259
MM239         --T--AA--------------------------------T..--------------A-----------    259
MM142         --T--AG----C-----------------------------T..--------------A-----------    256
MNE           --T--AC--------------------------------T..--------------A-T---------    259
SMMPBJ        ------A----------A--------T---------------..-----------A--------------    259
SMM9          -G----A----------A--------T---------------..-----------A--------------    259
SMMH4         -G-C--G-------G--A--G----AT---------------..-----------A--------------    259
SM62A         -G-C--G----------A--G---CAT---------------..-----------A--------------    259
SMB670        -G----G----A--------G--A-----------A--T---..----------C-----T---------    259
CONSENSUS-STM T?TCTGGTGCATCCAGCACAG??A?ATCAGTGGGATGACCCT..TGGGGAGAAGTACTGG?TTGGAAATT    246
STM           -A-------------------AC-C-----------------..----------------T----------    262
STAK1         -G-------------------GA-T-----------------..----------------C---------    258
```

HIV2/SIV LTR

```
CONSENSUS-A   TgAccCcatGCTgGCctat?agTAcaaggCcTTtA?tCtgtAcCCAGAaGAaTTTGGGcAcaAgTCAGGa    320
ROD           ---T---T-------T---AGT---G----T----T--G---------G--------------------C    329
ST            --------C---A--T-T-AGC---G---------T--GA--------G--G------T----------C    329
NIHZ                                     --T----C------------G-----------T--T------    101
ISY           ---------------TC--G------C-A------T---A--------G---------------------    329
BEN           ----T--------------A-C-----------C-C---------------G------------------    329
CAM2          ----T-----------CT-A----TG---------C--GA----------------------------C    341
D194          -------------------AGT-----------C-T----C-----------------------------    329
GH1           --------C----------G-T--------T--C-T----C-T--------G------------------    329
KR            ------T-G----------G----T-C---T----A--GA------------------T-T--------C    321
MDS           ----T--C----------CG----T-CA-------AA-----------G------------C-------C    326
UC2           -A--T--------------G-------------C-C---A-----------------------------    329
CONSENSUS-B   TGA?tCCCTCCTgGCAtATgAcTATGtgGCcTTCaa?AGGTt?CCAGAaGAGTTtGGGta?CAGTCAGG?    308
UC1           ---CC-----------C----------A--------C----AC-----------------T--------A    329
D205          ---T-----------------T--------T-----T-----T-----------C-----C--------G    332
GH2           ---T---------------A-G----A-------G-T-----T---------------CTC--------G    332
EHOACG        ---C--------A----------------------GC-----C-----G-----------T--------A    329
CONSENSUS-D   TGACCCCCGGCTAGCTTATAACTATGAGGCATTTATTAAATACCCAGAAGAGTTTGGCAGTAAGTCGGGT    329
FO7841        ------------------------------------------------------------------------    329
CONSENSUS-SD  TGATCCAaa?cTaGCcTAca??TATgAGGCaTtTatTaaatACCCAGAAGAGTTtGGtAGtaAGTCaGGC    320
MM251         --------CT----------CT----------A-GC--G---------------.--A--C---------    328
MM1A11        ---C----CT--G-------CT----------A-G---G------------------A--C---------    329
MM32H         --------CT----------CT----------A-G---G------------------A--C---------    329
MM239         --------CT--G-------CT----------A-G---G------------------A--C---------    329
MM142         --------CT----------CT----------A-----G------------------A--C---------    326
MNE           --------CT----------CT----------A-----G------------------A--C---------    329
SMMPBJ        ---------GT----T--T-AC---A--------G--G-GC--------------------C--------    329
SMM9          -------R-GT----T--TRAC---A--------G--G-GC--------------------C--------    329
SMMH4         -------G-AT----T--T-GC---A-------------G-----------------------------    329
SM62A         -------G-AT----T--T-GC---A-------------G-----------------------------    329
SMB670        -------C-A----------GA--------T-----------------------------------G---    329
CONSENSUS-STM TGATCCA??A?TAGCC?ATACTTATGAGGCCTTTGTTAGA?A?CCAGAAGAGTTTGGTTCTAAGTCAGGC    310
STM           -------CT-T-----C-----------------------C-C---------------------------    332
STAK1         -------AA-C-----T-----------------------T-T---------------------------    328

                                                <- nef cds
CONSENSUS-A   cTgccAGAggAaGAgTGGAAGGCaAaACTGAAAGCAAGaGGgATACCaTtTAgttAA.?aaaCAGGAACA    388
ROD           -----------------------G-G---------------A---------------..-G---------    397
ST            -----------T--A----------G---------------------G-----C---..-----------    397
NIHZ          ---------A-------------G-G------------G--A---------------..-----------    169
ISY           A--GA---A--T--C-----------------------------------------..-----------    397
BEN           T--------A----A---------------------------------A----G--..T----------    397
CAM2          --A-----A--T-----------G--------------------------------..GGG--------    409
D194          T--------A-------------------------------------A----G--..T----------    397
GH1           T--------A-----------------------------------------A-------..C----------    397
KR            --------A-----------------------------------------------..-G---------    389
MDS           --A-----A--G--A--------G-G------------G--A-----C----AC---.G-G---------    395
UC2           T--------A-------------------------------------A----G--..T----------    397
CONSENSUS-B   cTacCAGAGaAgGAGTGgAAGGCTAgACTaAaAGCAAGAGGgATACCTACAGAtTAGgCAaGAgAcAgCA    378
UC1           T----------------A---------------------------------C----------------    399
D205          ---------G-------------------------------------------------------------    402
GH2           ---T------------------------------------------------------------------    402
EHOACG        A-G--------A-------------A---G-G---------A-----------G---A--G--A-T-A--    399
CONSENSUS-D   CTGCCAGAGGATGAGGTTAGGAGAAGACTAACCGCAAGGGG.............................    370
FO7841        ---------------------------------------.............................    370
CONSENSUS-SD  tTGTCAgAGgAAGAGGT?aagAGAAGGCTAaCCGCAAGAGG.............................    360
MM251         C----------------T-GA--------------------.............................    369
MM1A11        C----------------T-GA--------------------.............................    370
MM32H         C--C-------------T-GA--------------------.............................    370
MM239         C----------------T-GA--------------------.............................    370
MM142         C--------A-------T--A---------G----------.............................    367
MNE           C----------------T-GA--------------------.............................    370
SMMPBJ        ------A----------GC----------------------.............................    370
SMM9          ------A----------GC----------------------.............................    370
SMMH4         -----------------A-----------------------.............................    370
SM62A         -----------------A-----------------------.............................    370
SMB670        -----------------A-----------------------.............................    370
CONSENSUS-STM TTG?CA?AGGAAGAGGTT?AGAGAAGGCTAACCGCAA?AGG.............................    347
STM           ---C--A-----------G------------------G---.............................    373
STAK1         ---T--G-----------A------------------A---.............................    369
```

```
                                                                  enhancer
CONSENSUS-A   gCcATActTGGtCAgggCAGGAAgTAgcTact?a??????aaacaGcTGagaCTGCAGGGACTTTCCAGA    451
ROD           --T----------------------A---ACAG......-------------------------------    461
ST            --T----------------------A---ACAG.....A------------------------------    462
NIHZ          --T-----------------------------G......G------------------------------    233
ISY           A---------------A---------------G......------------------------------    461
BEN           A-------------A-----------------A.....G-----------G------------------    462
CAM2          A------A---C--------------------G......------------------------------    473
D194          A----------------------A--------A......G------------------------------    461
GH1           --------------A-----------------G-GAACAGCTGAG----CAG------------------    467
KR            --T---T--------AA----------A-................-A---A------------------    443
MDS           --T-----------------------A-----G......-------------------------------    459
UC2           A-------------AA----------------A-.....G---T--------------------------    462
CONSENSUS-B   GCAtAAAcAGGAACTAGCTgACACTGCA?..caAGA?GGAAACTAGCtGAcACtGCAGGgACTTTCCAaA    444
UC1           ----------------------------...-----G----------------C----------------    466
D205          ----------------------------...-----A----------A----------------------    469
GH2           ----------------------------...-----G----------------------------------    469
EHOACG        ---C---G-----------A--------T..AG---A-------------T--------.--------G-    466
CONSENSUS-D   ............CCTCTACAAAACAGCTGACAAGAAGGAAACAGGCTGAGGCAGCAGGGACTTTCCACA    427
FO7841        ------------------------------------------------------------------------    427
CONSENSUS-SD  ............CCTttttaAaATGGCTGACAaGAaGgAAACaaGCTgagAcAGCAGGGACTTTCCAcA    417
MM251         ............----C----C-------------G------TC-------T------------------    426
MM1A11        ............----C----C--------------------T--A----------------------    427
MM32H         ............----C----C--------------------TC-------------------------    427
MM239         ............----C----C--------------------TC-----A------------------    427
MM142         ............----C--G------------G---------T------C------------------    424
MNE           ............---C--A----------------G------T-------------------------T-    427
SMMPBJ        ............------A------------------A---------A----------------------    427
SMM9          ............------A------------------A---------AG---------------------    427
SMMH4         ............----.------------------------------------------------------    426
SM62A         ............-----A-----------------G--------------------------------    427
SMB670        ............-----CC-------------------------------------------------    427
CONSENSUS-STM ............CCTTCTAAAGATGGCTGACAAGA?GGAAACAAGCTGAGAC?GCAGGGACTTTCCACA    402
STM           ------------------------A----------------A----------------------------    430
STAK1         ------------------------G----------------G----------------------------    426

                                      enhancer   Sp-1         Sp-1         Sp-1
CONSENSUS-A   A.......................GGGGCTGTaaCCAaGgG.AGGGAcaTGGGAGGAgCtGGTGgggaac    497
ROD           -------------------------------------------.----------------------------    507
ST            -------------------------------T----G---.-----------------C----------    508
NIHZ          -------------------------------G-A-.------------------------------------    279
ISY           -------------------------------G---.------------------------------------    507
BEN           -------------------------------------------.----------------------------    508
CAM2          -------------------------------.---G---.-----T----------------------    518
D194          -------------------------------------------.----------------------------.....    501
GH1           -------------------------------------------.----------------------------    513
KR            -------------------------------G---.------G--------A-C----------------    489
MDS           -------------------------------------------.----------------------------    505
UC2           -------------------------------------------.----------------------------    508
CONSENSUS-B   a.......................GaGGCTGTAACat?gGG?AGGg?CAtGGgagG?gttgGttgGGAAC    487
UC1           -------------------------------.---.----A---------A--------------------    511
D205          -------------------------------.---.---AG--A------G--------------------    514
GH2           G------------------------------.---.----G---------A--------------------    514
EHOACG        -------------------------G----------.AGT--G----A-----.GA-GAGCA-GGA-----    511
CONSENSUS-D   A.......................TGGGCTGAGAC..AGGGGAGGTACTTGGGAGGAGCTGGTGGGGAAC    472
FO7841        ------------------------------------..-----------------------------------    472
CONSENSUS-SD  A??????????????????????GGGGaTGTtAt..gGGG?aggtactggggAGGAGCtGGttGG?AAC    460
MM251         ------------------------------------..----------------------C---C--G---    459
MM1A11        ------------------------.-----C..----.-----------------C---C--G---    470
MM32H         ------------------------------C..----.-----------------C---C--G---    471
MM239         ------------------------------C..----.-----------------C---C--G---    471
MM142         ------------------------C--..----.-----------------C------G---    468
MNE           ------------------------C--..----.-----------------C---C--G---    471
SMMPBJ        -AGACAGCAGGGACTTTCCACAAA----------C..----.---------------------C---.---    493
SMM9          -------------------------A----------C...---G----T----------------C---.---    471
SMMH4         ------------------------C---C--...---.--------------------C---.---    468
SM62A         ------------------------C---C--...---G--------------------C---.---    470
SMB670        -------------------------A------------..----.------------------------.---    471
CONSENSUS-STM A.......................GGGGCTGTAAC..AGGGGAGGTACTGGG.AGGA?CTGGTGGGGAAC    445
STM           ------------------------------------..----------------.----A------------    474
STAK1         ------------------------------------..----------------.----G------------    470
```

HIV2/SIV LTR

```
                         signal ->                           mRNA ->        /<- tar core I
CONSENSUS-A   gccc?TCATActttCTGTATAAATgtACcCGCT?gCttgCAtTGTA?TTcaGtCGCTCTGcGgAGAGGCT    564
ROD           ----.-----T-C-----------A--------A------------C---G--------------------    576
ST            ----.----------------------------.A--C--------.----------------------    575
NIHZ          ----T----------------------------.------------.-------------.-C-------    346
ISY           ----.----------------------------.---C--------.----------------------    574
BEN           ----.--------A-------------------.T-----------.----------------------    575
CAM2          ----.------C------------TC-------.------------C----------------------    586
D194          .....-----T-C--------------------.T-----------.----------------------    564
GH1           ----.--------A--------------T----.T---A-------.-------------.-C-------    579
KR            ----.--------.-------------------.------------.----------------------    555
MDS           ----.------C---------------------.------------C----------------------    573
UC2           ----.--------A-------------------.T-CC---C----.--T--C-----------------    575
CONSENSUS-B   GCCC.ATtAAatCTCTGTATAAATgTACCCGCT.Tct?GCATTGTA.TTCAGTCGCTCTGCGGAGAGGCT    553
UC1           ----.----------------------------.---T--------.----------------------    578
D205          ----.----------------------------.---C--------.----------------------    581
GH2           ----.--------------------A--------.---C--------.----------------------    581
EHOACG        ----.--C--GA---------------------.-TGT--------.----------------------    578
CONSENSUS-D   GCCC.TCATATTCTCTGTATAAATATGCCTGCA.TATCGCTCGGTA.TTCAGTGCCTCTGCGGAGAGGCT    539
FO7841        ----.----------------------------.------------.----------------------    539
CONSENSUS-SD  gCCC.ACtTatTttcTGTATAAATAc?ACTGCA.TTTCGCTCTGTA.TTCAGTCgCTCTGCGGAGAGGCT    526
MM251         A---.----TC--GA----------TC------.------------.----------------------    526
MM1A11        A---.----TC--GA----------TC------.---T---A----.G----------------------    537
MM32H         A---.----TC--GA----------TC------.------------.----------------------    538
MM239         ----.----TC--GA----------TC------.------------.----------------------    538
MM142         A---.----TC--GA----------TC------.------------.----------------------    535
MNE           A---.----TC--GA----------TC------.------------.----------------------    538
SMMPBJ        ----.--G----C-------------A------.------------.-------A---------------    560
SMM9          ----.-------C-------------A------.------------.-------A---------------    538
SMMH4         ----.-------C-------------A------.------------.----------------------    535
SM62A         ----.-------C-------------A------.------------.----------------------    537
SMB670        ----.---------------------G------.------------.----------------------    538
CONSENSUS-STM GCCC.TTTTACTTTCTGTATAAATACAACCGCT.TATAGCTCTGTA.TTCAGTCACTCTGCGGAGAGGCT    512
STM           ----.----------------------------.------------.----------------------    541
STAK1         ----.----------------------------.------------.----------------------    537

                                                \/ 5′ sj
                         tar core I ->/          /<- tar core II                ->/
CONSENSUS-A   GGCAGATtGAGCCCTGgGAGGTTCTCTCCAGCAcTAGCaGGTAGAGCCtGGGTGTTCCCTGCTaGACTCT    634
ROD           ----------------------------------G-------------------------------------    646
ST            ------------------------------------------------------------------------    645
NIHZ          ------------------------------------------------------------------------    416
ISY           ------------------------------------------------------------------G------    644
BEN           -------C--------A-----------------------------------------------G------    645
CAM2          ------------------------------------------------------------------------    656
D194          ------------------------------------------                                606
GH1           ------------------------------------------------------------------------    649
KR            -------C----------------------------------------------------------------    625
MDS           ------------------------------------------------------------------------    643
UC2           -------C--------A---------------------C---------C----------------------    645
CONSENSUS-B   GGCAGAT?GAGCCCTGGGAGGTTCTCTCCAGCACTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTAGACTCT    622
UC1           -------C----------------------------------------------------------------    648
D205          -------T----------------------------------------------------------------    651
GH2           -------T----------------------------------------------------------------    651
EHOACG        -------C----------------------------------------------------------------    648
CONSENSUS-D   GGCAGATTGAGCCCTGGGAGGTTCTCTCCAGCACCAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTGGACTCT    609
FO7841        ------------------------------------------------------------------------    609
CONSENSUS-SD  GGCAgATTGAGCCCTGGGAGGTTCTCTCCAGCACTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTaGACTCT    596
MM251         ------------------------------------------------------------------------    596
MM1A11        ------------------------------------------------------T-----------------    607
MM32H         ------------------------------------------------------------------------    608
MM239         ------------------------------------------------------------------------    608
MM142         ----C-------------------------------------------------------------------    605
MNE           ------------------------------------------------------------------------    608
SMMPBJ        ------------------------------------------------------------------------    630
SMM9          ------------------------------------------------------------------G------    608
SMMH4         ------------------------------------------------------------------------    605
SM62A         ------------------------------------------------------------------------    607
SMB670        ------------------------------------------------------------------------    608
CONSENSUS-STM GGCAGATTGAGCCCTGGGAGGTTCTCTCCAGCACTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTAGACTCT    582
STM           ------------------------------------------------------------------------    611
STAK1         ------------------------------------------------------------------------    607
```

```
                                                                  signal ->
CONSENSUS-A   CACCAGtgCTtGGCCGGcaCTGGGCAGA.CGGCtCCACGCTTGCTTGCTTAAA?gaCCTCtt?AATAAA.    700
ROD           ------CA---------TG---------.----C-------------------.A-----C-T------.    713
ST            ---------------------------.-----------------------A--------.------.    712
NIHZ          ------------------G---------.-----------------------.-------.C------.    482
ISY           ------------------G---------.-----------------------A--------.------.    711
BEN           -------A---------T----------.-----------------------.--------C------.    712
CAM2          ---------------------------.-----------------------.--------.------.    722
D194                                                -------------------.--------.------.    639
GH1           ---------------------------.-----------------------.--------.------.    715
KR            -------A---------T----------.-----------------------.--------.------.    691
MDS           ---------------------------.-----------------------.-T------.------.    709
UC2           ----------C-----------------.-----------------------.--------.------.    711
CONSENSUS-B   CACCAGCACTtGGCCgGTGcTGGGCAGA.CGgCTCCACGCTTGCTTGCTTAAA.AcCCTCTT.AATAAA.    688
UC1           ---------------------------.-----------------------.--------.------.    714
D205          ----------A----A---T--------.-----------------------.--------.------.    717
GH2           ---------------------------.--A--------------------.-A------.------.    717
EHOACG        ---------------------------.-----------------------.--------.------.    714
CONSENSUS-D   CACCAGTGCTTGGCCGGCACTGGGTAGAGCGGCTCCACGCTTGCTTGCTTAAA.GACCTCTTCAATAAA.    677
FO7841        ------------------------------------------------------.---------------.    677
CONSENSUS-SD  CACCaGCACTTGGCCgGtGCTGGGCAGAGTggCTCCACGCTTGCTTGCTTAAA?GaCCTCTTCAATAAA.    664
MM251         --------------A-------------------------------------.---------------.    664
MM1A11        ------------------------------A---------------------.-C-------------.    675
MM32H         ------------------------------------------------------.---------------.    676
MM239         ------------------------------A---------------------.-C-------------.    676
MM142         ------------------------------------------------------.---------------.    673
MNE           ------------------------------------------------------.---------------.    676
SMMPBJ        ------------------------------------------------------.---------------.    698
SMM9          ------------------------------R----------------------A---------------.    677
SMMH4         ------------------------------------------------------.---------------.    673
SM62A         ----G-----------C-----------------------------------.---------------.    675
SMB670        ------------------------------------------------------.---------------.    676
CONSENSUS-STM CACCAGCACTTGGCCAGTGCTGGGTAGAGTGGCT?CACGCTTGCTTGCTTATA.TA?CTCTTCAATAAA.    648
STM           -----------------------------------C------------------.--T------------.    679
STAK1         -----------------------------------T------------------.--C------------.    675

                              <- R rpt                        \/ 3' sj
CONSENSUS-A   GCTGCCAg.TTAGAAGCAAGTTAAGTGTGTGtTCCCATCTCTCCTAGTCGCCGCCTGGTCA.TtCGGTGT    768
ROD           --------.----------------------C-----------------------------.--------    781
ST            --------.----------------------C-----------------------------.--------    780
NIHZ          -------A.----------------------C-----------------------------.-C------    550
ISY           --------.-------------------------------------------------------.--------    779
BEN           --------.-------------------------------------------------------.--------    780
CAM2          --------.-------------------------------------------------------.--------    790
D194          --------.-------------------------------------------------------.--------    707
GH1           -------A.-------------------------------------------------------.--------    783
KR            --------.-------------------------------------------------------.--------    759
MDS           --------.-------------------------------------------------------.--------    777
UC2           -------A.-------------------------------------------------------.--------    779
CONSENSUS-B   ?CTGCCaA.TTAGAAGCAAGtt?AGTGTGTGTTCCCATCTCTCCTAGTCGCcGCCTGGTCA.?TCggTGC    753
UC1           .-------.-------------G-------------------------------------.T--AA---    781
D205          .-------.-------------.A----------------------------.----------.C-------    782
GH2           .-------.-------------G-------------------------------------.C-------    784
EHOACG        A-----T-.-----------ACA-------------------------------------.T-------    782
CONSENSUS-D   GCTGCCAT.TTAGAAGTAAGCA.AGTGT                                             703
FO7841        --------.-------------.-----                                             703
CONSENSUS-SD  GCTGCCat?TTAGAAGTAAGC?.AGTGTGTGtTCCCATCTCTCCTAGtCGCCGCCTGGTCA?CTCGGTAC    730
MM251         --------T------------C.-------------------------------------A--------    733
MM1A11        --------T------------T.-------------------------------------A--------    744
MM32H         --------T------------T.-----------------------------------A--------    745
MM239         --------T------------T.-----------------------C-------------A--------    745
MM142         --------.------------T.-------------------------------------A--------    741
MNE           ------T-.------------C.--------C----------------------------A--------    744
SMMPBJ        --------.------------C.-------------------------------------T--------    766
SMM9          -------G.------------C.-----------------------M-------------T--------    745
SMMH4         -------A.------------A.-----------------------------------T--------    741
SM62A         --------.------------A.-------------------------------------T--------    743
SMB670        -------A.------------T.----------------------------
CONSENSUS-STM GCTGCCA?TTTAG?AGTAAGCA.AGTG?GTGTTCCCATCTCTCCTA?TCGCCGCCTGGTCAACTCGGTAC    713
STM           -------A-----A--------.----G------------------G-----------------------    748
STAK1         -------T-----G--------.----T------------------A-----------------------    744
```

HIV2/SIV LTR

```
CONSENSUS-A   TCacCTg?AgTaACAAgACCCTGGTCTGTTAGGACC................CTTcttGCTTTGgGaAaC    821
ROD           -------.----------------------------.................------------------    834
ST            ---T--AA----------------------------...................---TC-------------    834
NIHZ          -------T-.--------------------------.................------------------    603
ISY           --T----.----------------------------.................------------------    832
BEN           ---T---.----------------------------...................-----C----------T-    833
CAM2          -------.-A--------------------------.................------------------    843
D194          ---T---.----------------------------...................----CC------A---T-    760
GH1           ---T---.-A------.-------------------.................----C.----------T-    834
KR            ------A.---G------------------------.................--------------G---    812
MDS           -------.-A--------------------------.................------------------    830
UC2           ---T---.----------------------------...................----CC----------T-    832
CONSENSUS-B   TCcACtgata???a??gACCCTGGTCTGTTAGGACC................CtT??TGCTTTGGGAAAC    800
UC1           --T---A-A-TAA-..--------------------.................---TC-------------    833
D205          ----------......--------------------.................---CT-------------    830
GH2           -----G----TAAG..--------------------.................---CT-------------    836
EHOACG        ------.......-GAA--------------------.................-C-TC-------------    829
CONSENSUS-SD  TCg??.?taATAAgAAGaCCCTGGTCTGTTAGGACc?????????????????CTTTCTGCTTTGggAAAC    780
MM251         ---...G----------------------------.................------------A-----    784
MM1A11        ---...G----------------------------.................------------------    795
MM32H         ---...G-------G--------------------.................------------A-----    796
MM239         --A...A----------------------------.................------------------    796
MM142         ---...G------A----------------------CTGGTCTGTTAGGACC------------------    808
MNE           ---...A----------------------------.................------------------    795
SMMPBJ        ---...GAC--------C------------------.................------------------    817
SMM9          ---...AAC--------S-----------------Y................------------------    796
SMMH4         ---AC..AC--------------------------.................-------------A----    793
SM62A         ---AC                                                                     748
CONSENSUS-STM TC?............AGACCCTGGTCTGTTAGGACC................CTTTCTGCTTTGGGCTAC    754
STM           --A...........---------------------.................------------------    790
STAK1         --C...........---------------------.................------------------    786

                                          <- lys-tRNA pbs
CONSENSUS-A   CaAgGCaGG???AAAATcCCTAGCAGgTTGGCGCCcgAACAGGgACTTGAagaaG?ACTGaga.agcctt    886
ROD           -G-------...-----------------------T-------------------.-------.--T---    899
ST            ---------...-------------------------------------------.-------.------    899
NIHZ          -G-------CGG-------------------------------.-----------.-------.------    670
ISY           -G-------...----------------------------------------G----.-------.------    897
BEN           ---------...-------------------------------------------G-.-------.----C-    898
CAM2          ---------...-------------------------------------------.-----A-.------    908
D194          ---------...-----------------------------------------AG--G-------.----C-    826
GH1           ---------...------------------------.--------------AGG-.-------.----C-    898
KR            -G-A--G--...-----A--------A----------------.--------G--.----..........    867
MDS           -G-------...-------------------------------------------.-------.--T---    895
UC2           ---A--G--...-------------------------------------------G-.-------.----C-    897
CONSENSUS-B   Caa?GC?GG...AAAATCCCTAGCAGATTGGCGCCCGAACAGGGACcTG?aGaAg?AGTGAGAGTCTTC?    862
UC1           ---G--A--...----------------------------------A--A-----.-------------.    898
D205          -G-A--G--...--------------------------------------.G----.-------------A    895
GH2           --GA--G--...----------------
EHOACG        ---G--A--...-------------------------------------.--G-AG-------------.    894
CONSENSUS-SD  CGAaGCAGG...AAAATCCCTAGCAGaTTGGCGCCcGAACAGGgACTTGAAGGAG.AGTGAGAGaCTCCT    846
MM251         ---------...-------------------------------.-----------.--------------    849
MM1A11        ---------...-------------------------------------------.--------------    861
MM32H         ---------...-----------------------T-------------------.--------------    862
MM239         ---------...-----------------------T-------------------.--------------    862
MM142         ---------...-------------------------------------------.--------------    874
MNE           ---------...-------------------------------------------.--------------    861
SMMPBJ        ---G-----...--------------G----------------------------.--------.-----    882
SMM9          ---G-----...--------------G----------------------------.--------.-----    861
SMMH4         ---G-----...--------------G----------------------------.--------.-----    858
CONSENSUS-STM TGAGGCAGA...AAAATCCCTAGCAGATTGGCGCCCGAACAGGGACTTGAAGGAG.AGTGAGAGACTCCT    820
STM           ---------...-------------------------------------------.--------------    856
STAK1         ---------...-------------
```

```
CONSENSUS-A   ggAACacGG?CTgaGTGAaGGcAGTAAGGgCGGCAGGAACAAACCAcgACGGAGTGCTCCtagAAAgGCG    955
ROD           ---------.------------------------------------------------------------    968
ST            ---------.------------------------------------------------------------A---    968
NIHZ          ------A--G---G-------------------------------GC----------------------    740
ISY           ---------.------------------------------------------------------------    966
BEN           -----T---.------------------------------------------------------------    967
CAM2          ---------.--------G-----------------------------------------------AGT-------    977
D194          ---------.------------------------------------------------------------A---    895
GH1           ---------.--.--------T-------.-----------------------------------A---    965
KR            .--------.------------------------------------------------------------    935
MDS           -A-------.------------------------------------------------------------A---    964
UC2           ---------.------------------------------------------------------------A---    966
CONSENSUS-B   gGagCACgG.CTGAGTGAAGGCAGTAAGGGCGGCAGGAATCAACCACGACGGAGaGCTCCTGTAAAagCG    931
UC1           ---------.------------------------------------------------------------G---    967
D205          A------A-.------------------------------------------------------------    964
EHOACG        --GA-----.--------------------------------------------T------------A--    963
CONSENSUS-SD  .GAGTACGG.CTGAGTGAAGGCAGtAAGGGCGGCAGGAACcAACCACGaCGGAGtGCTCCTAtAAAGGCG    914
MM251         .--------.------------------------------------------------------------    917
MM1A11        .--------.------------------------------------------------------------    929
MM32H         .--------.------------------------------------------------------------    930
MM239         .--------.------------------------------------------------------------    930
MM142         .--------.------------------------------------------------------G-------    942
MNE           .--------.---------------------------------------G-------------G-------    929
SMMPBJ        .--------.--------------C---------------A-----------------------------    950
SMM9          .--------.--------------C---------------A-----------------------------    929
SMMH4         .--------.------------------------------A-------------A-------G-------    926
CONSENSUS-STM .GAGTACGG.CTGAGTGAAGGCAGTAAGGGCGGCAGGAACAAACCACGACGGAGTGCTCCTGTAAAGGCG    888
STM           .--------.------------------------------------------------------------    924

                                                                 major 5′ sj \ /
CONSENSUS-A   CgGGCCgAGGTACCaAa?gGCgGCGTGTGGAgCGGGAGtgaAaGAGGCCTCCGGGT.GAAG?GTAAGTaC   1022
ROD           -----------------.---A----------------GAG----------------.----.--------   1035
ST            -A--------------G.--------------------------------------.----.------G-   1035
NIHZ          -----------------..-------------.-------CG-.--------------.----G--------    805
ISY           -A----A----------.---------------------C--.--------------.----.--------   1032
BEN           -----------------.--------------------------------------.----.--------   1034
CAM2          -A---------------.---------------------C--.--------------.----.--------   1043
D194          --------------G--..--------------------------------------.----.--------    961
GH1           -----------------.--------------------------------------.----.------G-   1032
KR            -----------------.---------------------.----------------.----.--------   1001
MDS           ------A----------.--------------------------------------.----.--------   1031
UC2           ------A----------A--------------------------------------.----.------G-   1034
CONSENSUS-B   CAGGCCG..GTACCA...GGCAGCGTGAGGAGCGGGAGGAgAAGAGG?CTCCGGGAGtAAa?Gt?Agta?    992
UC1           -------..------...----------------------A------C---------G---G--G----.   1031
D205          -------..------...---------------------------.------------G.--A----.   1026
EHOACG        -------..------...----------------------------.-------------A-GT-AGTA   1027
CONSENSUS-SD  CGGGtCG..GTACCA...GaCGGcGTGAGGAGCGGGag??GaaGAGGCCTCCgGtT?GCAG.GTAAGTG.    974
MM251         -------..------...--------------------AG--G-------------.----.-------.    979
MM1A11        -------..------...--------------------AG----------------.----.-------.    991
MM32H         -------..------...--------------------AG----------------.----.-------.    992
MM239         -------..------...--------------------AG----------------.----.-------.    992
MM142         -------..------...------------------GAGA------------T-G-T----.-------.   1005
MNE           -------..------...--------------------.A----------------.----.-------.    990
SMMPBJ        ----C--..------...-G---A--------------TC-G--------------.----.-------.   1012
SMM9          ----C--..------...-G------------------TC-G--------------.----.-------.    991
SMMH4         ----C--..------...-G------------------TC-G--------------.----.-------.    988
CONSENSUS-STM CGGGCGAA...........GCGGCGTGAGGAGCGGGAGGCGAAGAGA.CTCCGGTT.GCAA.GTGAGTG.    943
STM           --------..........-----------------------------.--------.----.-------.    979
```

HIV2/SIV LTR

```
CONSENSUS-A   CTACACCaAAaACtGTAGCCagAaaagGc?.....TtGtTATCCTAccTTT?AGACaG...GTAGAAGAT   1082
ROD           --------------------.----G---.........---C------------.------...---------   1094
ST            ----------T--A----------.G---.....----------------.----G-...---------   1094
NIHZ          ---------------------A-G-G---......----------------.------...---------    865
ISY           --------------------G--------.....----------------.------...---------   1092
BEN           ------------------------------.....----------------.------...---------   1094
CAM2          --------------------T----G---......----------------.------...---------   1103
D194          -------G----------------------.....----------------.------...---------   1021
GH1           -------G-----C---------------------.....-A---------T----T------...---------   1093
KR            --------------------------A-GC.....----------------.------...---------   1062
MDS           -------G-------------A---G---......----------------.------...---------   1091
UC2           ------------------------------.....------------T---.------...---------   1094
CONSENSUS-B   CTCC.....AAATTtt.Gc.................?ATTgt?CTaCTCT?.aaagAg?GaGTAgGGcAT   1034
UC1           ----.....-----C-.-A..................-----.--G----A.-G-A--.-----------   1074
D205          ----.....--------.--..................-----.-------..------G-----------   1069
EHOACG        ----.....--------..--..................A---CGT-------...-G--CA-G---C--A--   1070
CONSENSUS-SD  CAACAcAAaaa.........aGa?ATAGc??TGtcTT?ttatCC????????AGgAAggGataAtaAGAt   1023
MM251         -----------.........---A-----..------G------.......------------------   1030
MM1A11        -----------.........---A-----..------.------.......------------------   1041
MM32H         -----------A.........---A-----..------.------.......------------------   1043
MM239         -----------.........---A-----..------.------.......--------G---------   1042
MM142         --------------------G--A-----..------.------.......------------------   1055
MNE           -----------.........---G-----..------.------.......------------------   1040
SMMPBJ        -----A---G..........--TC----GAC--AG--....C--TACTTTTG--A--A.--GT-GG---.   1066
SMM9          -----A--G...........--TC----GAC--AG--....C--TACTTTTG--A--A.--GT-GG---.   1044
SMMH4         -----G---...........--TC----GAC--AG--....C--TACTTTTG-----A.--GT-GG---.   1041
CONSENSUS-STM CAACA........AGTAGCCAGA..GGGC..TGA.TTGTT...CTACTCTTGAGGGAAGAGGTAGAAG..    995
STM           -----.......----------..----..---.------...--------------------------..   1031

CONSENSUS-A   T..GTGGGAGA                                                              1091
ROD           -..-------                                                               1102
ST            -..-------                                                               1102
NIHZ          -..-------                                                                873
ISY           -..-------                                                               1100
BEN           -..-------                                                               1102
CAM2          -..-------                                                               1111
D194          -..-------                                                               1029
GH1           -..-------                                                               1101
KR            -..--------                                                              1071
MDS           -..--------                                                              1100
UC2           -..-------                                                               1102
CONSENSUS-B   A.AGTGGGAGA                                                              1044
UC1           -.--------                                                               1083
D205          -.--------                                                               1078
EHOACG        -.---------                                                              1080
CONSENSUS-SD  agaGTGGGAG                                                               1033
MM251         ----------                                                               1040
MM1A11        ----------                                                               1051
MM32H         ----------                                                               1053
MM239         ----------                                                               1052
MM142         ----------                                                               1065
MNE           ----------                                                               1050
SMMPBJ        ...-------                                                               1073
SMM9          ...-------                                                               1051
SMMH4         ...-------                                                               1048
CONSENSUS-STM ...GTGGGAG                                                               1002
STM           ...-------                                                               1038
```