HMMER Sequences in the Nef Alignment

A_U455	HIVU455	M62320	Oram,J.D.	ARHR 6, 1073 (1990)
B_SF2	HIVSF2	K02007	Sanchez-Pescador,R.	Science 227, 484 (1985)
D_ELI	HIVELI	K03454	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
O_ANT70C	HIVANT70C	L20587	Vanden Haesevelde,M.	JVI 68, 1586 (1994)
O_MVP5180	HIVMVP5180	L20571	Gurtler,L.G.	JVI 68, 1581 (1994)
CPZGAB	SIVCPZGAB	X52154	Huet,T.	Nature 345, 356 (1990)
A_ROD	HIV2ROD	M15390	Clavel,F.	Nature 324, 691 (1986)
B_EHOA	HIV2EHOA	U27200	Rey-Cuille,M.A.	Virology 202, 471 (1994)
SD_MM251	SIVMM251	M19499	Franchini,G.	Nature 328, 539 (1994)
STM_STM	SIVSTM	M83293	Novembre,F.J.	Virology 186, 783 (1992)
VER_AGM3	SIVAGM3	M30931	Baier,M.	Virology 176, 216 (1990)
GRI_AGM677	SIVAGM677	M66437	Fomsgaard,A.	Virology 182, 397 (1991)
SAB_SAB1C	SIVSAB1C	U04005	Jin,M.J.	EMBO J. 13, 2935 (1994)
SYK_SYK	SIVSYK	L06042	Hirsch,V.M.	JVI 67, 1517 (1993)

HIV1 NEF

The following alignment was generatede using the HMMER program as described in the introduction to this Part and in Part III. For simplicity, only representative types and subtypes are shown. An ordinary consensus sequence (lowercase signifies majority, uppercase signifies 50% or greater) was created from these sequences using MASE; this is not a "most likely sequence" based on a HMMER model (Part II). Annotation is based on HIV-1s, therefore the user should be cautious about its applicability to other PIV sequences.

```
NEF_CONSENSUS ATGGGtg?ca???g?tcaAa??????????????????g?a?g???g?gggatgg???g??cT??ggga?a     34
A_U455        -------G--AGT-G-----A...........AAGA-C-GA...-T--A----CCT-AGG-TA--A-A-      55
B_SF2         -------G--AGT-G-----A............CGTA-T-T-...-GT------TCT-CTA-AA----A-      55
D_ELI         -------G--AAT-G-----A............AGTA-T-TA...-T-------CCT-CTA-AA----A-      55
O_ANT70C      -----AAA-GCATTGAG---A...............G-T-AATTT-A-------GCA-CAG-AA-A--A-      55
O_MVP5180     -----GAATGCAT-GAGC--A...............A-C-AATTT-CA------TCA-AAG-AA-A--T-      55
CPZGAB        -----AAC--AAT-G--T--A............AGTA-TCT-...-TA------CCT-AGG-CA-AAGA-      55
A_ROD         -------CG-GTG-A--C--G.........AAGCATTCC-G-CCGCC-C--G--.......--ACAA--G-      55
B_EHOA        -----ATCAGCTG-T--C--G.........AAGCAATCC-A-CAGCA-CC-G--........--GC----G-      55
SD_MM251      -------GAGCTATT--C-TG.........AGGCGGTCC-A-CCG-CT---GAT.......--GC-AC-G-      55
STM_STM       -------CATCTG-A--C--G.........AAGCAGC-C-A-CAGCAT---GA-........--GC----G-      55
VER_AGM3      -----CTTGGGGAAC-----GCCGCAGCACAAGAAGCAGTT-...TC-CTT---CAC-CCT-GCAC....      63
GRI_AGM677    -----CTC--GCAAC--C--G............AGGCAGCAA...CA---C-T-CTCAAG--CT-----C      52
SAB_SAB1C     -------G--AGA-C-----G.........CAGCAGCAGCGTCACTCACTG---.......--GT--TCC-      55
SYK_SYK       ------TCA-CGA-C-----A........................TC-CAGCA-.......--TC-CTCGG      40

NEF_CONSENSUS ga?tgagacgagcgc??gca????c?????????????????t?tg????????gcagatggggtggga??     70
A_U455        --A-----GA-A-T-CT---.............................GCA---A-A--A--A---..      93
B_SF2         --A----------TGAGC--...CGA...............GC--AGCCAGCA---------------..     105
D_ELI         --A-A---A--A-TAATC--.............................GCA-----------A---..      93
O_ANT70C      --A-----A--A-TAGAA-TTTCC-TGAG............-C--AACCATGC---CC---A--A---..     111
O_MVP5180     --A--------T-CTCCT-TGATC-T..............CAACAACCATGT---CC---A--A---..     108
CPZGAB        --A-A--GGA---T-CAA--.............................GCA-----G--A--A---..      93
A_ROD         --C-CTTG--G----GT---GGGG-T...............-G--GAGGGTATTGGA-C-AATC----GG     110
B_EHOA        --C-CTTG-------GGCG-GGAC-TCGT............GGG-AGTCCTCA-G---GC--CA--AG..     111
SD_MM251      A-C-CTTG--G----GT-G-GAGA-T...............-A--GGAGACTCTT--GA-A-----A-GA     110
STM_STM       --C-CTTG-------GG-G-GAGA-T...............-A--GGAAACTCTTG--A---T-----GA     110
VER_AGM3      ........AA-A---GG--TACCAGA...............-A--GCTTGCTT------CC-C-TAT-GG     110
GRI_AGM677    --GG-CTG----G-AAGC-TGGGG-AGAC............-GG-TGCTATTGT-C---CC-C-TATCGG     110
SAB_SAB1C     AGC--C---A-----CA-TGATTCAG...............-AC-ACATGCTT------CCAT--TT-GG     110
SYK_SYK       A-GG--A-TAC---ATT-GGTGGCGGCTATTTGGCAAGCAA-A-ACGCCGCTAC----C-A-T--TCG..     108

NEF_CONSENSUS ?g?atcatcgc?a???gacctaGaag?at??Ggcaag?????????????????????????g?c??g     101
A_U455        .-C-GT---T-A-...--TT----TAA--AT--AGCA...........................-T-ACA     132
B_SF2         .-C-GT---T-G-...-----G---AA-CAT--AGCA...........................AT-ACA     144
D_ELI         .-C-GT---T-G-...-----G---AA-CAT--GGCA...........................AT-ACA     132
O_ANT70C      .CAGATC--CAGG...--AT---C--CTAGA--AGG-...........................ATACCA     150
O_MVP5180     .-CTGTC--CAGG...--GT---C-ACTAGA--GGGA...........................ATATCA     147
CPZGAB        .-A-GTT---AAG...---------AG-CAC--AGCT...........................AT-ACT     132
A_ROD         G-A--AC----GG...TT--A-----G--CA-A--G-...........................-AGCA-     150
B_EHOA        .AG-----T--A-...T---C--G--G--CA-A----...........................-GGCT-     150
SD_MM251      T-G---C----A-...TC-----G--G--TA------...........................-G-TT-     150
STM_STM       A-G---GGG--C-...TC--A--GC-C--CA-A----...........................-G-TT-     150
VER_AGM3      GCA------AACT...CT--A-----AG-GC-A----...........................-C-TT-     150
GRI_AGM677    GCAG-----AAC-...-T--A-----AG-GC------...........................-C-TT-     150
SAB_SAB1C     GCAG-------AC...AT--A-----A--GC-C----AGCTTGAGAGATGGTTTAATTAGGCAA-GAGAC     177
SYK_SYK       .AGGC-G-T--AGCCTTG--GC-G--GC-TC-A----...........................-CTTG-     150

NEF_CONSENSUS ag?tc?????????????????????????????????????????aatactcca??????a?????g     116
A_U455        --CAGT..............................................-----AT--...TCT-CTAAT-     157
B_SF2         --TAGC..............................................-----AG--...GCT-CTAAT-     169
D_ELI         --TAGC..............................................-----AG--...AGT-CTAAT-     157
O_ANT70C      --T--C.........................................C-------T...CAA-ACAAT-     175
O_MVP5180     --T--C.........................................C-C-----T...CAA-ACAAT-     172
CPZGAB        --TAGG.........................................--C--C---...GAG-CTAATC     157
A_ROD         -AA--GCCCTCCTGTGAGGGACGGCAGTATCAGCAGGGAGACTTTATG---------TGGAAGGACCCA-     220
B_EHOA        -AC--GCCCTCTTGTGATGGACAA.......................--G---TTG.............     183
SD_MM251      --C--ACGCTCTTGTGAGGGACAGAAATACAATCAGGGGCAGTATATG---------TGGAGA-ACCCA-     220
STM_STM       -AC--ACACTCTTGTGAGCCTCAGAGATATAATGAAGGTCAATTTATG-----C--TTGGAAA-ACCCG-     220
VER_AGM3      -AGGAATCCTTAATTAGGAAG...............AGAAATGGTAAA-TG------.............     192
GRI_AGM677    -AAAAG.......................TCCTGGGGTAAAGGTAAA-TG------.............     183
SAB_SAB1C     TCC--T.........................................-GA--AGA-.............     192
SYK_SYK       --A--TACCTTAACTGAGCCC..................ATTGACCCAC-CGGG--G.............     189
```

```
NEF_CONSENSUS c?ga?ggagc?t??cta??????gaag?aca??????????????????????????????gA????ga    139
A_U455        -CAGTT-T--C-GG--G.....----CG--A.................................--G.....    186
B_SF2         -T--TT-T--C-GG---.....----C---A.................................--G.....    198
D_ELI         -T--CT-T--C-GG---.....----C---A.................................--A...--    188
O_ANT70C      -A-CCCTT--A-TC---.....---AGT--C...............................C-A.....    204
O_MVP5180     -A-CCCTT--A-TC---.....--CAGC--C...............................A-A.....    201
CPZGAB        AAACTCT---T-GG---.....--G-A-ATG.................................--C.....    186
A_ROD         -A-CA-A-AGGGAGAA-......A-TTTGT-CAGGCAACAAAATATGGATGATGTAGATTCA--T...--    281
B_EHOA        .....-----AGAAGGGGGA...-G-AA---A............GATTCAGATGAGGATGAT--G.....    228
SD_MM251      -T--A-A-AAAGAAAA-......TT--C-T-CAGAAAACAAAATATGGATGATATAGATGAG--A...--    281
STM_STM       -A-CA-A-AGCGCTAAG......CT--A-T-TAGACAGCAAAACATGGATGATGTAGATGAG--A...--    281
VER_AGM3      ..--A---AGAAAAT--CAA...----G-G-T............AAATGGGATGAATGGTCT--T...--    242
GRI_AGM677    ..--C--CCGCCGC--GCAA...----G-G-C............ACCTTTGATGAGTGGGAT--T...--    233
SAB_SAB1C     ..--A--T-TAAAAA-G......A--CAT--AGGAAGACAGCCC......TCGTGGTATGAT--G...--    245
SYK_SYK       ..--CA---AC-GGGG-CATTCG-G--G---AAAATTCTCACCTGGAGATATAGTGCAGGAT--AGGA--    257

NEF_CONSENSUS ?ga?ga?gaaGTagG?tT?ccaGTaagaCC?caagt?CC?ctaaGaccaaTgAC?tatAaattaGCa?Ta    199
A_U455        .--A-GA--C-----C--C-----T--G--A--G--A--TT-------------T-----GGC---TT-T    255
B_SF2         .--G--A--G--G--T--T-----C-----T--G--A--TT-------------T--C--GGC---TT--    267
D_ELI         GAGC--C--G--G--C--T-----C-----C--G--A--TT-------------T--C---GA---TC--    258
O_ANT70C      .--G--A--------T--T------GC---T-----G--T-----G--------C------GG----T-T    273
O_MVP5180     .--T--G--T-----C--C----------T-----G--T-----G--------C-T----GC---CT-T    270
CPZGAB        .A-T--A--------A--C-----------A--G--T--AACG-----------T------GC---TT-T    255
A_ROD         T--T--CC-----A-AG-TT-T--C-C---AA----A--A--------------AC---G---G---A--    351
B_EHOA        .--CA-T--------GG-C-GT--------CGGG--C--A--G--G--------A-TC---C-----G--    297
SD_MM251      T--T--CTTG-----GG-AT----G--G--AA----T--C------G-------T--C-----G---A--    351
STM_STM       T--TA-TCT------AG-AG-----CAT--AAG---C--A--T--GGA------T--C--G--G---A--    351
VER_AGM3      A--A--T--------A--T-----------AAG---G--G-------A------C-----------GG-G    312
GRI_AGM677    T--A--A--------C--C--T--GCA---T-G---C--CT------AG-----C------------G-G    303
SAB_SAB1C     T--A--A--------C--T--------G--TTGCT-A--A---C--G-------A-----G--G---A--    315
SYK_SYK       CACA-GTCTC-----T--C--T--GT-T--T---ACA--A--C---A--T-A--C--C-----G---A--    327

                                   3' LTR start ->
NEF_CONSENSUS GAccT?tcccacTTttTAAAAgaaAaGGGgGgACTGgAaGGgaTattttactctgaaAgaAGacaagaaA    268
A_U455        --T--CAG-TT----------------------------T---T--A--C----AC-G-A-----------    325
B_SF2         --TA-TAG-----------------------------------C--A---GG--CC-------------G-    337
D_ELI         --T--CAG-----------------------------------C--A---GG--CA---AG--------G-    328
O_ANT70C      -----CAG-TT------------------A-------------T--A-------CC-T-A----GC-----    343
O_MVP5180     -----CAG-TT------------------A--------T---T--A-------CC-T-AG---GC-----    340
CPZGAB        --T--T--A---------------------------------T--G-------CAGG-----------G-    325
A_ROD         --TA-G--A--T--AA-----AC--G------------------G------AG------------TA---    421
B_EHOA        ---A-G--T--T-------------------A-------------T--C--TAG---G-----G--TA---    367
SD_MM251      --TA-G--T--T---A----------------------------T-A----AG--C---------TAG--    421
STM_STM       -----G--A--T---A-----AGC---------------------T-A----AG---G--------TAG--    421
VER_AGM3      ---T-T--G-----------------------------T-----T-A------C--C--G--GA-TC-G-    382
GRI_AGM677    ---T-T---------------TC---------------T-------A----------------G--A-G-    373
SAB_SAB1C     ---T-TGG-----------------------------------T-A----AG------G---A-GA-G-    385
SYK_SYK       -----C--T--T---A-----A-C-----A------C-G--C--GAA---T-G-----AG---G-T----    397

NEF_CONSENSUS TccT?gAtct?Ta?gt?ta?aAcgaacaaGG?atc?T?cctGattGGcagaatTacaCaccaGGgCCaGG    330
A_U455        ----T-----G-GG--C--TC--AC------AT--T-C--------------------------------    395
B_SF2         ----T-----G-GGA-C--CC--AC------CTA-T-C--------------------------------    407
D_ELI         ----T-----T-GG--C--C---AC------C---T-C-----------A--C-----------------    398
O_ANT70C      ----G-----T-GG--G--T---ACT--G--AT--T-C--------------C------------A-----    413
O_MVP5180     ----G-----C-GGA-A--TC--ACT--G--AT--T-C------------TG---------G--A-----    410
CPZGAB        ----T--C--C-GG--C--TC--AC------CT--T-C-----C--------C------A----A-----    395
A_ROD         --T-AA--A-A--CT-AG-A--G---G----G--AA-TG-A-----------C-----T-AT--------    491
B_EHOA        -A--A--CACA--CT-AG-A--T---G----C--TG-GT---GA--------C-------AT--------    437
SD_MM251      --T-A--CA-G--CT-AG-A--G---G----C---A-A--A---------G-------CT----A-----    491
STM_STM       -AT-G--CA-G--CT-AG-A--A---G----G--AG-T--A------------------G----A-----    491
VER_AGM3      ----AA-C--G--C-CCCTC--T--GTGG--A---A-TGA-------A-TGC--GGT--GA---A-----    452
GRI_AGM677    ----GA--T-G--T-CC-TG-----GTGG--A--AA-AGA---------AGC----T-------C--G--    443
SAB_SAB1C     --T-G-----C--T-CTCTT--T--GTGG--C--AG-AGA--GA-----------T---GAT--------    455
SYK_SYK       -T--TC----C--CC-AC-G--T--G--T--A---A-A...--CA--ATC--------CT----------    464

NEF_CONSENSUS aatcaGaTacCCaatga?cTTtGGaTggt?cTt?aAacTaGTaCCagt?ga??ta?aa??????gaagaa    387
A_U455        -------------C-A-CA----------G--AC--G-----------T--TCC-GCTGAAGTA--G---    465
B_SF2         G--------T---C---C-----------G---C--G-----------T--GCC-G-GAAGGTA-----G    477
D_ELI         G--------T---C-A-C-----------G--ACG-G-----------T--TCC-C-GGAGGTA------    468
O_ANT70C      --C---G-T----C---CA----------TG--T--------------GTCAGA-G--GAGGCA---AG-    483
O_MVP5180     -CCT----T----C---CA----------TG--T-----G--------GTCAGC-G--GAGGCA--GAG-    480
CPZGAB        --CA----T----C-CTGT----------G---C--------G--CC-GACAGAGG-GCAGGTA---C--    465
A_ROD         -G-A------------TT------G---CTA-GG--G----------A--TG-CCC-......C-----    555
B_EHOA        -G-A-----T--C-A-TT------C---CTA-GG--G-----G---A-AA-TA-GAT-......-C----    501
SD_MM251      ---T----------A--CA-----C---CTA-GG---T----C--T--AA-TG--TC-......--T--G    555
STM_STM       G--A----------A-CAG---------CTA-GG--------------A--TA-GTC-......A-T--G    555
VER_AGM3      --------------GATG---C--C-TC-G---T---T-G--------A--CC-GC-T.......--G---    516
GRI_AGM677    G--A--G-----G-GAGT------C-TC-G---T--G-----C-----G--CC-GC-T.......--G--G    507
SAB_SAB1C     T-C---G-------A-TG-----------G---T-----G-----T--G--CC-GTC-........--G--G    519
SYK_SYK       --C-C-G-----GT-A-T-----------TA-GGG-------T---AAT--GA--G-G......-G-TGC    528
```

HIV1 NEF

```
NEF_CONSENSUS gc????aagga?ggt???Gaga??cactg?cTg?TgCAtCCa???gc?cag?atgg??????gGatgacc    434
A_U455        --T...-CT-GA--A...----ACA--A-T--AC-A--C--TATATGC--AC----A...GTA-----TG    526
B_SF2         --C....-T--A--A...----ACA--A-CT--T-A--C--TATGAGC-T-C----G...AT---G---G    538
D_ELI         -AC...-CT--A--A...----CCA--A-CT--T-A--C--TATATGC---C----A...AT---G----    529
O_ANT70C      CTAGGA--TACAT--...----GGGCTAAT--CC--------GCATGTGCCC----A...TTT--A--TA    547
O_MVP5180     CTGGGT--TACAAA-...--AGATGCTA-T--TC-A------GCTTGTA-TC----A...GCT--G--TG    544
CPZGAB        --C....-T--A--A...-T-ACA----C---T-------CATATGT---C----G...AT---A--TG    526
A_ROD         -GG...G----CAC-...----CT-----CT-AG-A------...--A--AACAA-CAAGTTT-------    616
B_EHOA        C-A...G----C-AG...-A-CC--T--T---G--------...--A---ACCTCCGCATG--------    562
SD_MM251      --A...C----G-A-...----GG--T-ATT-AA----G---...--T--AAC-TCCAAGTG--------    616
STM_STM       --A...C----G-A-GAT-G--CA--T-AT---G--------...--A---ACACATCAGTG--------    619
VER_AGM3      --A...G--ACTT--...----GA--T--C---G--------...--A--AGTGA-G.......--A----    571
GRI_AGM677    --A...CGCA-CT--...----GA-----T---A--------...--A---ATG--G.......--A--T-    562
SAB_SAB1C     --T...---A-TA--...----AC-----C---C-------T...--T--AGTG-CCTATGA-------G    580
SYK_SYK       TTG...G--T-T-AG...---CATACACTC--CC-C------GCCT-T%%-G-CA-G...GGA-T-CGAG    587

NEF_CONSENSUS c??????????????agggagA?gt?cT?gt?TGGaagTTtgAcccca??cTaGc?tt?aa??Atgt?gc    479
A_U455        AA............G--AA---A--GT-AA-G-----------AGT-CC--G--A--A--AC-CAGA--    584
B_SF2         -G............G--AA---A--GT-A--G----G-------AG--AA-----A--TC-TC-CA-G--    596
D_ELI         -G............G--A--C-A--GT-AAAA----GA---A--AG--GA-----A--TG-GC-CAAG--    587
O_ANT70C      -A............C-TAA---AA-A--GA-G-----------TAGATCT----GCAAC-CCC----T--    605
O_MVP5180     -A............C-C--G--GA-A--AAAA---C-------TAGATCAT---GC--A-CAC--A-A--    602
CPZGAB        AG............G-CAA---G--CT-G--C---CGC------AG--GG--G--C--A-GAC--A-T--    584
A_ROD         -G............C-T--G--GACA--A--C---G-------T---TTG--G--T-AT-GTT-C-AG--    674
B_EHOA        -C............C-C-A---GACC--T--C---C--------T--CTC-----A-ATG-CT----G--    620
SD_MM251      -T............TG------G--T--A-CG----------T--A-CT-----C-AC-CTT---AG--    674
STM_STM       -T............TG------A--A--G--T-----A-----T--ACTAT----CCAT-CTT---AG--    677
VER_AGM3      -TGATGGAATCAACC-T-----A--CT-G--C-----------T----TGT----AG-CC-AT---ACC-    641
GRI_AGM677    -TGATGGAATAGATC-T-----A--CT-G--C--------------G-AGT-G--GG-GG-GT-CCGCC-    632
SAB_SAB1C     -C............TG-AA---GACC--G--G--------------ACTA-----AG-GG-CT----T--    638
SYK_SYK       -A............TG-...-GAAC--CA-G-----C--CA-----CAC--G--TA-AC-CC-G--T-G    642

NEF_CONSENSUS ?????????gcacccagag?a?tt?????ac?agtcaggc?tg?ca?AggaagAgg??aag????????    518
A_U455        TTATGAGCT---T--G---TTC-ATAAAG--                                         615
B_SF2         CCGAGAGCT---T--G---T-C-ACAAAG--TGC                                      630
D_ELI         CCGAGAGAT---T--G---TTC-ACAAAA--                                         618
O_ANT70C      TATGATAACT---------CTC--CCAGA-GG-C                                      639
O_MVP5180     CCTGCAAAA----------CTC--CCCCA-G                                         633
CPZGAB        CAGAGAACAA--T--G---T-C-ACAAAG--                                         615
A_ROD         TTTTATTCG-T--------G-A--TGGGC--A--------C--C--G--------TGG----------.    735
B_EHOA        CTTCAGCAG-TT-------G-G--TGGGT-TC-------AA--C--G--A-----TGG----------.    681
SD_MM251      ATATGCTAGAT-------AG-G%-TGGAAG-A--------C--T--G---------TT-GAAGAAGG     740
STM_STM       CTTTGTTAGA--------AG-G--TGGTTCTA--------T--C--A---------TTG--AGAAGGCTA    747
VER_AGM3      TAAC.........AG-A-AT-TC-CACTG--AT-CAT-ATC-TGGCA--AGG                    684
GRI_AGM677    GGAC...............ATG--TAAGG--............ATGC-C---C-T-CA---CGC         669
SAB_SAB1C     TTGGAGGCT----------C-GG-GCCGTCAGCACA----                                678
SYK_SYK       GAGA............................TG-C-C-CTTGCAGTT--AG---CAAAC--.........    676

NEF_CONSENSUS ????????????gctaga?tgaa?gcaagaggaAtacca?c?agt                           547
A_ROD         .............--G---C----A---------------TTT---                          768
B_EHOA        .............----A-C---GA--------------TA-AGAG                           714
STM_STM       ACCGCAAGAGGCCT-CT-AA--TG--TGACAAG-AGGA-A-A--C                            792
SYK_SYK       GAAAACCACAAGAGCT-CAGTC-GCACTT--T--G-A--T-TCC-                            721
```

```
CONSENSUS-A ATGGGTGGCAAGTGGTCAAAAAg?AGCAtAGTGGgATGGCCTgAGGTTAggaAAAGAATgAGAcAAACt.     68
CONSENSUS-B ---------------------?-t--t?-g-?t---------act--A---g-----------g-g--?     66
CONSENSUS-C -----G-----------------T--------T----------CT--A--AG-------A---AG----.     69
CONSENSUS-D -----------A-----------T--T-----t----------CTA-A---G-------A---Ag----?     69
CONSENSUS-E -----A-----------------T------------------C----c---G-------A-aG------.     69
CONSENSUS-F ------?----------------T--T-----T--?-------CTA-A---G-----?-?----??--C.     63
CONSENSUS-G -----A-----------------T--T-----T----------CA--A---G-------A---AG----C     70
CONSENSUS-O -----?AA?GCA-?-AG?---?---AAT-T-??------?-A-?A--A--AG-?---------?G-?-?.     55
CONSENSUS-U ------??------------???-?????????---------????-?---G-------A--?-?---??     46

CONSENSUS-A ..........................................???CCTaCAGCAGCAAaAGGAGTAGGAGC     94
CONSENSUS-B ??????????????????????????????????????---GAgC--------g-t--g--g-----     92
CONSENSUS-C ..............................................-AGC--------G-G-----------     95
CONSENSUS-D ?????????????.............................gA-C--------G-T--G--------     95
CONSENSUS-E ..............................................---c-----a--g-------------     95
CONSENSUS-F ..............................................---C--------G-?--G--G-----     88
CONSENSUS-G CACCAGCAGCAGAAAGAAAA.......................GAAG--------G-------------    116
CONSENSUS-O ........................????CT???CCT?A?---?AAC--TG?---CCT---------??     83
CONSENSUS-U ????????.......................................--?C--?---?-??------------     67

CONSENSUS-A AGtATCTCAAGAT...............TTAGATAaAcATGGAGCAaTCACAAGCAGTAATaca?ca??a    146
CONSENSUS-B --------g---c..............c-g--a--------------------t--c------g--gct    147
CONSENSUS-C --CG--------C..............---------T--------C-T--------C------C-CACC    150
CONSENSUS-D --------G---C..............C-G--A--------G-----------T--C------g--agT    150
CONSENSUS-E -------------..............C-----------------g-A-----T-------Tg......    144
CONSENSUS-F ---G--------C..............-----A-G--GG--G-----T----?---C-----TAG-G-T    141
CONSENSUS-G ---------G---..............----C--GG---------G-T--------C------G--GC-    171
CONSENSUS-O ??-C--CAGG--?..............----CA?CTAGA--?-G?--A?----TTCCC-?--TC-TCA-    130
CONSENSUS-U --?----------?????????????----?---???-------??-?-------C-?-?--G---CT    111

CONSENSUS-A AcTaAccCtagTTGtgCCTGGCTGGAA???GCacAAGag?.....GA?......Gagga?...GTAGGCT    196
CONSENSUS-B --c--tg--Ga------------a---...----------??.....-g??????-----g???--g--t-    199
CONSENSUS-C T-A--TG--GA-------------C--...--G------.......--GGAA...-GA--A...-------    205
CONSENSUS-D -----tG--gaC-----------a---...--------a........--GAGC...------G...--G----    205
CONSENSUS-E -A---Tg--GA-----T-------ag-...---------.......--a??????----gG...-------    196
CONSENSUS-F -A---T---GAC-TG-----------?...---------.......--A........?--A...-------    191
CONSENSUS-G -AC--T---GA----------------...---------.......--GGAG...TCA--A...-------    226
CONSENSUS-O -AC--TG-AGCCCT---A-TC--A--?...AG?--C?-A.......---.......--?---...-----?-    175
CONSENSUS-U -A---T?--??----????????---...?---?---?.......---???...-----G...-------    147

CONSENSUS-A TtCCAGTcAGgCCaCAGGTaCCTtTaAGACCAATGACTTAtAAGGgAGCTgT?GATCTCAGCcaCTTTTT    265
CONSENSUS-B ----------a--t--------------------------c----c----?-a-----t-----------    268
CONSENSUS-C ----------A--T-----G-----------------------------AT-T---------TT-----    274
CONSENSUS-D ----------A--t-------------------------C--A-a------a-----t-----------    275
CONSENSUS-E -------------g---------c-----------------------------T-T-----T---TT------    266
CONSENSUS-F ----------A--T--------------------?--?------------?----------T--------    257
CONSENSUS-G ----------A------------C-G-------------T---AA-T---T-T---------TT-----    295
CONSENSUS-O -?-----A??A--T--A--G---C----G--------C-?---A-?---?T-T--C------TT------    239
CONSENSUS-U --------?-?--?---------?-?-----------?-?---?--?---T-T-----?---??------    205

                     3′ LTR ->
CONSENSUS-A AAAAGAAAAGGGGGGACTGGATGGGTTAATTtACTCcaaGAaAAGACAAGAAATCCTTGATCTGTGGGTC    335
CONSENSUS-B ---------------------a---c-----------C-a-----------t------------------    338
CONSENSUS-D ---------------------A---C------GG-----a--g--------G-----------T------    345
CONSENSUS-E -------------------------c---------------g---------g--------cT-A------    336
CONSENSUS-F ---------------------A-----------?-------?---------G-----------------?    324
CONSENSUS-O ------------A--------?---------------C-T--?---GC---------G-----?---?-?    304
CONSENSUS-U -------------------------?--?---??---???--------------------?---------    267

CONSENSUS-A TAtaACACACAAGGaTtCTTCCCtGATTGGCAGAAtTACACACCAGGGCCAGGgAccAGATtC...CCAC    402
CONSENSUS-B --cc----------c-a------------------c-------------------t-----at?..----    405
CONSENSUS-D --C-----------CA--------------------C-------------------T-----At...----    412
CONSENSUS-E -----t--------c-----------------?--c-------------------t-----a-...----    402
CONSENSUS-F --CC--                                                                    330
CONSENSUS-O ---?----T--G---------------------???--------?--A-----A?-?--?---...----    363
CONSENSUS-U --?C-?--------C-?---------------?--?-------------------??----?-...----    326

CONSENSUS-A TaACaTTTGGaTGGTGCTtCAAgCTAGTACCAgTtGATCCAGc?GAaGTAGAG...gAaGccActG?aGG    467
CONSENSUS-B -G--c--------------------------------g----aga-g-----a...--g----a--a---    472
CONSENSUS-D -g--C---------------g--------------------CaG--G-----A...--g-------A---    479
CONSENSUS-E -GTGT-----------------------------c---aga---------...--G-A--acaA---    469
CONSENSUS-O -G-------------TG--T--A--?--------GTCAG?--AA--G-C---?AGACT?-G?-A-AC-??    426
CONSENSUS-U -G???--?-----------?---?--------?-???----??----------...--?----A-?----    377

                      <-              NFAT-1              ->
CONSENSUS-A AGAGAaCAACAGtcTAtTACACCCtATaTGcCAACATGGAaTgGAtGAtGA?gA?AgAgAAgtgtTaATg    535
CONSENSUS-B ------------ct-g-----------ga---tg-----g--------CcCg--G------------ga-    542
CONSENSUS-D -----c----t-CT-G-----------g-----G-----------G--CcCG--G---c---------a-    549
CONSENSUS-E ---a------T-C--g--------C--gA----G--------a--g--c--a--a---------C-G---    539
CONSENSUS-O T--????GCT-?---?C-?--T--AGC?--T???------??T--?---?CAC--???--?A-AC-?-??    473
CONSENSUS-U ----------T-?--G--------?--?A----?-----------?--?-?---A---------?---??    436
```

HIV1 NEF CONSENSUS

```
                                  <- IL2/NRE ->
                                <-    NRF     ->
CONSENSUS-A TGGAagTTTGACAGtagcCTGGCATTaAaACACAgAGCt?aaGAgcTGCATCCGGAGTtCTAc...AAAG    601
CONSENSUS-B ----g---------cc----a-----tc-t----tg--ccg----------------a----...--g-    609
CONSENSUS-D ----GA---A----C--A--A-----TG-g----AG--CCG----a-----------------...----    616
CONSENSUS-E ---------------gC---A---CG--------t---CcG---A--------a----a---T...----    606
CONSENSUS-O ---?-------T--ATC??-A-GC???-C?--T?T?--?-TG??AA??--C--A---C---T-C??--G?    525
CONSENSUS-U --------------C??---A---C?--?----??---C-G---????----------?----...----    491

CONSENSUS-A ACTGC---TGA                                                               609
CONSENSUS-B -----?--TGACATCGATGTGTCTACAAGGGACTTTCCGCTGGGGCATTTCCAGGGAGGCGCGGCTGGGC    677
CONSENSUS-D -----                                                                     621
CONSENSUS-E --------                                                                  614
CONSENSUS-O -?                                                                        526
CONSENSUS-U -----                                                                     496

CONSENSUS-B GGGACTGGGGAGTGGCGAGCCCTCAGATGCTGCATA                                      712
```