Sequences in the *Rev* Alignment

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NH52	HIVNH52	L07424	Weidt,G.	Unpublished (1992)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CAM1	HIVCAM1	D10112	McIntosh,A.	Unpublished (1991)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D31	HIVD31	U43096	Dietrich,U.	Unpublished (1992)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WEAU160	HIVWEAU160	U21135	Ghosh,S.	Unpublished (1995)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Z2Z6	HIVZ2Z6	M22639	Theodore,T.	Unpublished (1988)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

HIV1 REV

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

```
        tat ->       \/ 3' sj
CONSENSUS-A   ATGGCAgGAAGAAGCGGAgaCagCGACGAG...GAaCTCCTC...AAaGCAaTAAGGATCATCAAAaTCc     64
U455          ------A-----------A--CC-------...--C------...--G---G--------------C--T     64
UG273A        -------------------T----------...---------...-------------------------     64
SF170         -------------------------------...---------...-------------------------     64

CONSENSUS-B   ATGGCAGGAAGAAGcGGAgaCAGCGAcgaa...GAgCTccTc...aagaCaGTcAgactcaTCAAgtttc     64
SF2           -------------------------------...---------...-G--------------------C---     64
SF2B13        -------------------------------...--A-------...-G------------G------C---     64
LAI           -------------------------------...--C------...---G---------------------     64
HXB2R         -------------------------------...------A--...-GA------------------C---     64
NL43          -------------------------------...------A--...-GA------------------C---     64
NY5CG         -------------------------------...---------...--------G----------------     64
MN            -------------------------------...--------G...-------------------------     64
BRVA                                              --------G...------------G------------     34
SC            ---------------------------A---...---------...-------------------------     64
JH32                  -----------------------...-----G---...-G-C-.-----G--A----------     55
BAL1          -------------------------------...---------...--------G----------------     64
JRCSF         -------------------------------...--C------...-------------------------     64
JRFL          -------------------------------...---------...---------------------C---     64
NH52          -------------------------------...---------...-------------------------     64
OYI           -------------------------------...---------...--------A----------------     64
SF162         -------------------------------...---------...C-------G--GT------------     64
CAM1          -------------------------------...--A------...--AG----A------------C---     64
CDC42         -------------------------------...------A--...------------A--------CA--     64
SF33          -------------------G-------AG-...--------G...-CAG--------A--------A---     64
RJS           -------------------------------...------A--...--A---------A-------A--C-     64
HAN           -------------------------------...---------...-------------------------     64
D31           -------------------------------...--------G...-------------------------     64
RF            --------------A--------------G....--C------...---G------------------C--     64
YU2           -------------------------------...--C------...-G------------------AG---     64
BCSG3C        -------------------------------...---------...---------------------C---     64
P896          -------------------------------...--C------...-------------------------     64
3202A12       --------------------------A---...---------...---------------------C---     64
3202A21       -------------------------------...--T------...--------G----------------     64
MANC          -------------------------------...---------...C---------A----G---------     64
WEAU160       -------------------------------...--T------...--A------------------A---     64

CONSENSUS-D   ATGGCAGGAAGAAGCGGAGACAGcGACGAa...gACCTcCTC...AaGGCggTCAGgCTCATCAAGaTCC     64
ELI           ------------------------------G...---------...---------------------T---     64
Z2Z6          -----------------------A------...-----T---...-----------A-------------     64
Z6            -----------------------A------...-----T---...-----------A-------------     64
NDK           -------------------------------...A--------...------A--------------T---     64
MAL           -------------------------------...---------...-G---AA------------------     64

CONSENSUS-F   ATGGCAGGAAGAAGCGGAAACAGCG?CACC...GAACTCCTC...AGAGCAG?CAGATACATCAAGATCT     62
BZ163A        -------------------------G----...---------...-------C-----------------     64
BZ126A        -------------------------A----...---------...-------T-----------------     64

CONSENSUS-O   ATGGCAGGAAGAAGCGA?GA?...GAC......CAGC?GCTG???CAAGC?ATCCAGAT?ATAAAGATCC     53
ANT70         -----------------G--C...---......----T----...-----C--------C----------     58
MVP5180       -----------------A--A...---......----A----CTG-----T--------A----------     61

CONSENSUS-U   ATGGCAGGAAGAAGCGGAGACGCCGACGAG...GAACTCCTC...AGAGTCGTCAGGATCATCAAAATCC     64
DJ263A        -------------------------------...---------...-------------------------     64

CONSENSUS-CPZ ATGGCAGGAAGA???GA?C???AAG?????G?????C??CTG????A?GCAGT?AAAATAATCAAGAT?C     44
CPZGAB        ------------AGC--A-CAC---ACGAC-CACGG-TC---...C-G-----A--------------T-     67
CPZANT        ------------GAA--G-TCG---GAACA-ACGAA-AA---CTGA-A-----G--------------C-     70
```

```
                    exon \/ exon
CONSENSUS-A   TATACCAAAGCAAcCCaTaCCCCAAaCCCAagGGg...TCtCGaCAGGCCcGaAAGAATCGaAGAAGAAG    131
U455          ----------------T-G------T----GA---...-----G------A-G-----------------    131
UG273A        -----------------------------------A...-----------------------C--------    131
SF170         -------------T---------------------...--C-----------------------------    131

CONSENSUS-B   TcTAtCAAAGCaACCC?cctCCCAgccccgAGGGg...ACCCgacagGCCCGaaGgAAtcGAAGaAGaAG    130
SF2           ----------------G--------T---------...---------------C----------------    131
SF2B13        ----------------G-------A----------...---------------C----------------    131
LAI           ----------------A-------A----------...----------------------A----------    131
HXB2R         ----------------A-------A----------...----------------------A----------    131
NL43          ----------------A-------AT---------...----------------------A----------    131
NY5CG         ----------------G-----------A------...--------------------------------    131
MN            ----C-----------G--C-----TT--------...--------------------------------    131
BRVA          ----------------G--------G--G------...--------------------------------    101
SC            ----C-----------G-------AG--A------...--------------------------------    131
JH32          ----C-----------G------------------...--------------------------------    122
BAL1          ----------------A-------T--T-------...--------------G-----------------    131
JRCSF         ----C-----------T---------AA-------...--------------------------------    131
JRFL          ----------------T------------------...--------------------------------    131
NH52          ----------------T------------------...----CGACA-----------------------    131
OYI           ----------------G-------A---A------...--------------------------------    131
SF162         ----C-----------G-T----------A-----...--------------------------------    131
CAM1          ----------------G-T------TT--A-----...--------------------------------    131
CDC42         ----------------T-------AA---------...--------------------C--------G--    131
SF33          ----------------T-A---------A------...-----------------------------G--    131
RJS           ----C-----------G-------A----------...--------------------------------    131
HAN           ----C-----------T---------AA-------...----CGACA--------A--------------    131
D31           ----------------G------------------...--------------------------------    131
RF            -T--------------A------------------...---------------------------G-----    131
YU2           ----------------A---------T-A------...---------------C----------------    131
BCSG3C        -----------G----A-------A----------...--------------------------------    131
P896          ----------------T-----------T-------...--------------------CA----------    131
3202A12       ----------------G-----------A------...---------------C----C-----------    131
3202A21       ----------------G------------------...--------------------------------    131
MANC          ----------------A------------------...--------------G-----------------    131
WEAU160       ----------------A------------------...--------------------------------    131

CONSENSUS-D   TaTACCAaAGCAACCCTCCTCCCAgccCCGAGGGg???ACCCGACAGGCCCGAAGgAAtAGAAGAAGAAG    131
ELI           -----------------------------------...--------------------C-----------    131
Z2Z6          -----------------------------------...--------------------------------    131
Z6            -----------------------------------A...--------------------------------    131
NDK           -------G-----------------T---------...-----------------A--------------    131
MAL           -C-----G----------------A-A--------ACC--------------------------------    134

CONSENSUS-F   TGTACCAAAGCAACCCATATCCCAAGCCCGAGGGA...ACCCGACAGGCCCGAAG?AATCGAAGAAGGAG    128
BZ163A        -----------------------------------...-----------------A--------------    131
BZ126A        -----------------------------------...-----------------G--------------    131

CONSENSUS-O   TGTACCA?AGCAATCCC???CC??CACC???AGGA...AGCAG?AACGCCAGGAAGAACAGGAG?AG?AG    108
ANT70         -------A---------CAA--AT----AAG----...-----G--------------------G--G--    125
MVP5180       -------G---------TGT--CA----GGC----...-----A--------------------A--A--    128

CONSENSUS-U   TGTACCAAAGCAACCCTTACCCACCACCAGAGGGG...ACCCGACAGACCCGAAAGAATCGAAGAAGGAG    131
DJ263A        -----------------------------------...--------------------------------    131

CONSENSUS-CPZ T?TA?CAA???AA?CC?TA?CC?A??CCAG??GGA...?C?AG????GC??G?AGAAAT????GAAG?AG     84
CPZGAB        -A--C---AGC--C--T--T--C-GT----AG---...A-A--GAAG--TC-G------CGAC----G--    134
CPZANT        -G--T---...--T--C--C--A-AA----CA---...T-C--AGCA--CA-A------AAGA----A--    134
```

HIV1 REV

```
CONSENSUS-A   GTGGAGAGCAAGgCAgAGACAGATCGATTCGcTTAGTgAGCGGATTCTTAGCacTTGCCTGGGACGACCT    201
U455          ---------------A------------------------------------GA----------------    201
UG273A        ------------A------------------------C--------------------------------    201
SF170         -------------------------------A------------------------------------    201

CONSENSUS-B   GTGGAGagagAGaCAgaGacagATCCggtcgattAGTgaatGGaTtcTTagcacTtaTCTGGgacGAtct    200
SF2           ----------------------------T----------G-------------------------A-----    201
SF2B13        ----------------------------T----------G-------------------------A-----    201
LAI           --------------------------AT------------C----C-----------------------    201
HXB2R         --------------------------AT------------C----C---G-------------------    201
NL43          --------------------------AT------------C----C-----------------------    201
NY5CG         ----------------------------A-C------------------------C-------T------    201
MN            ---------------------C----------------C--------------A---------T---C--    201
BRVA          --------C------------------A---CC------G-----------------T------T------    171
SC            -------------------------------------G--------------A---------T---CTA    201
JH32          -------C----------------------A-------G-------A------A---------T---C--    192
BAL1          ------------------------------C---------C--------G--G----------T------    201
JRCSF         ---------------------------A-A---------C----------------------T---C--    201
JRFL          ----------------------------A-----------C----------------------T---C--    201
NH52          --------------------G---------C--------------------A-A--------AT---C--    201
OYI           ----------------------------AA--------G--------------------------------    201
SF162         --------------------------A---C-------C-------A--------C--------------    201
CAM1          ------G--------------C------G--------A-C----------------C-----------C--    201
CDC42         ------------G-------G-----AC----------C----C------------G-------------    201
SF33          --------------------------AC------------C--------------GT-------------    201
RJS           ------------------------------C--------C--------------C-----------C--    201
HAN           ------------------G--------T-----------GC---------------T----------C--    201
D31           -------C------------------AA------------A--------------------------C--    201
RF            ----------------------------CG-TGC---------------GA--------------------    201
YU2           -------------------------------C-------G----C---------A---------T---C--    201
BCSG3C        ---------------------------------------C---------------T-------------    201
P896          ------------------------------C---------C--------G------T------T----T-    201
3202A12       --------------------------TA---------G--------------------------------    201
3202A21       ---------------------------------------C------------------------------    201
MANC          --------G-----------------A----C------C----------------CG-------------    201
WEAU160       ----------------------------AA--------G-----------A------------T---C--    201

CONSENSUS-D   GTGGAGAGCgAGGCAGAGaCAGATCcaTtcGATTGgTGAACGGATTcTcaGCACTTaTCTGGGACGAcCT    201
ELI           --------------------------G-GA-----C-------------G--------------------    201
Z2Z6          ------------------------------------------------------------------T--    201
Z6            ------------------------------------------------------------------T--    201
NDK           ---------------------------------------------A-TT------T-------------    201
MAL           ---------A--------G------A-------------------------------------------    204

CONSENSUS-F   GTGGAGAGCAAGGCA??GA?AGATCCGTG?G?TTAGT??ACGGATTCTTAGCTCTTGTCTGGGACGACCT    191
BZ163A        ---------------GA--C---------A-A-----AG-------------------------------    201
BZ126A        ---------------AC--G---------C-C-----GA-------------------------------    201

CONSENSUS-O   GTGGAGAAG?AG?CAGGCCCA?GTGGA?A?CCT?GCC?C?AGG?TTCTTGC?AC?GTTGTACACGGA?CT    166
ANT70         ---------A--G--------G-----T-C---C---G-A---G-------C--T------------C--    195
MVP5180       ---------G--A--------A-----C-G---T---A-C---A-------A--A------------T--    198

CONSENSUS-U   GTGGCGAGCAAGACAGAGACAGATCAGGGCGATTAGTGAGCGGTTTCTTAGCACTTGCCTGGGACGATCT    201
DJ263A        ------------------------------------------------------------------------    201

CONSENSUS-CPZ GTGG?????AAGACAG?A?CAG?T????G???TT???G?A?GGGT?CTT??CACT??T?TGGGACGACCT    128
CPZGAB        ----CGAGC-------A-G---A-CAGT-AGA--AGT-G-A----G---GC----TA-C-----------    204
CPZANT        ----AAGAA-------G-T---G-GGAG-GCC--GCA-C-C----T---CG----CT-G-              194
```

```
CONSENSUS-A   GCGGAgCCTGTGCCTCTTCAGCTACCACCGcTTGAGAGACTTCatCTTGATTGtaGCGAGgaCtGTGgAA   271
U455          -----A------------------------A------------GC---------------AG--------   271
UG273A        ------------------------------------------------------C------------A--   271
SF170         -------------------------------------------------------C---------C------   271

CONSENSUS-B   gcGgagCcTGTgCctcTTCagcTACCaCCgCttgAgagACTTAcTcTtgattGtaacgAgGAtTGTGgAa   270
SF2           --------------------------G--------------------------C-G------C-------   271
SF2B13        --------------------------G--------------------------C-GT-----C-------   271
LAI           ----------------------------------------------------------------------   271
HXB2R         ----------------------------------------------------------------------   271
NL43          ----------------------------------------------------------------------   271
NY5CG         -------------------------------------------------------G--------------   271
MN            -----------T-----------------A-...--------------------C-G--------------   268
BRVA          -----------T----------------------------------------------------------   241
SC            ----------------------------------------------------------------------   271
JH32          ----------------------------------------------------------------------   262
BAL1          -----------T-----------------------------------------G-T-------------   271
JRCSF         -----------T-------------------------------------C--------------------   271
JRFL          ------------------------------------------------C--------------------   271
NH52          --------------------------G-------------------------------------------   271
OYI           ---------------------------------------------A-----------G--------------   271
SF162         A---------------------------------------------A---------C-G--------------   271
CAM1          -------------------------------------------------------G-A------------   271
CDC42         -------------------------------------------------------G--------------   271
SF33          T----------------------------------C--------------------G--------------   271
RJS           A------------------------------------------------------G--------------   271
HAN           --------------------------G----------------------------G---A----------   271
D31           -A-C---------------CT-------------------------------C-G--------------   271
RF            -T---C-------AG-----------------------------------A---GT-------------   271
YU2           A--------------T----------------------------------------------------   271
BCSG3C        ------------------------------------------A-----G--------------------   271
P896          -A---A-------------CT--------T-------A-------------------------------   271
3202A12       ----CC-G-----------------------------------------------G--------------   271
3202A21       ------------------------------------------------------G--------------   271
MANC          A--C-----------------T-------------------------C-----C-G--------------   271
WEAU160       A------------------CT--------------TC----------------C--A-------------   271

CONSENSUS-D   GaGGAaCCTGTGCCTCTTCAGcTACCACCGCTTGAGAGACTtAaTCTTAATTGCAgcGAGGATTGTgGAa   271
ELI           -C---G-------------------------------------------------T---------A---   271
Z2Z6          ----------------------------------------------------------------------G   271
Z6            ----------------------------------------------------------------------   271
NDK           ------------------------------------------C-------------------------   271
MAL           ---------------------T---------------------C-----------A--------------   274

CONSENSUS-F   GAGGAACCTGTGCCTCTTCAGCTACC?CCAC?TGAGAGACTTA?TATTAATA?CAGCGAG?ATTGTGAA.   255
BZ163A        --------------------------A----C-----------C--------A-------A--------.   270
BZ126A        --------------------------G----T-----------A--------G-------G--------.   270

CONSENSUS-O   CAG?ACAATAAT?TTGTGGACTTACCACCTCTTGAGCAACTTA??ATCAGGGATCC?GA?G?TGATC??C   227
ANT70         ---A--------A------------------------------GC-----------A--A-G-----AG-   265
MVP5180       ---G--------C------------------------------AT-----------G--G-C-----GA-   268

CONSENSUS-U   GCGGAGCCTGTGCCTCTTCAGCTACCACCGATTGAGAGACTTTGTCTTGATTGCAGTGAGGGCTGTGGAA   271
DJ263A        ----------------------------------------------------------------------   271

CONSENSUS-CPZ CCGAAACCTGGGGATTTGGAGCTACCAGAGCTTGACAAGCTTAGCCTGCAATGTGTGGAGACAACTCAAG   198
CPZGAB        ----------------------------------------------------------------------   274
```

HIV1 REV

```
CONSENSUS-A   CTTCTGggACgCAGcag?ctca?ggg?ctgagactGGGGTGGGAaGGccTCAAgTAtCTGTGGAAtCTtC   338
U455          -----------------C----A---A----------------G--------A----------------   341
UG273A        ----------A---.....................------------AA----------------C--C-   320
SF170         ------AA---------T----G---G----------------------------C-------------   341

CONSENSUS-B   cttctGggacgcag.................???GGGGTGGGaAgccCTcAAatattggtGGAaTCTCc   319
SF2           A-------G-A---.....................-----------------------------G-----   320
SF2B13        A---------A---.....................-----------T----------G------G-----   320
LAI           --------------.....................-----------------------------------   320
HXB2R         --------------.....................-----------------------------------   320
NL43          --------------.....................-----------------------------------   320
NY5CG         --------------.....................------------------------T----------   320
MN            --------------.....................-----------T-----------------------   317
BRVA          --------------.....................-----------T-----------------------   290
SC            --------------.....................-----------------------------------   320
JH32          --------------.....................-----------------------------------   311
BAL1          ----------TAGC.................AGG-----------T-----------------------   323
JRCSF         --------------.....................----------AT---G-----C-------------   320
JRFL          --------------.....................-----------T---G-------------------   320
NH52          --------------.....................-----------------------------------   320
OYI           --------------.....................-----------T---G-------------------   320
SF162         --------------.....................------------------G------G---------   320
CAM1          --------------.....................-----------------------------------   320
CDC42         --------------.....................-----------T-----------------------   320
SF33          --------------.....................-----------T-----------------------   320
RJS           --------------.....................------------------G----------------   320
HAN           AC------------.....................-----------T------G----------------   320
D31           --------------.....................-----------T-----------------------   320
RF            --------------.....................------------------G----------------   320
YU2           --------------.....................--------G--T-----------------------   320
BCSG3C        --------------.....................------------------G----------G-----   320
P896          --------------.....................-----------------------------------   320
3202A12       --------------.....................-----------T-----------------------   320
3202A21       --------------.....................-----------T-----------------------   320
MANC          --------------.....................----------AT------G----------------   320
WEAU160       --------------.....................------------T-----------T----------   320

CONSENSUS-D   CTTCTGGGACGCAG.....................GGGGTGGGAagcCCTCAAATAtCTGTGGAAtCTCC   320
ELI           --------------.....................---------CAT-----------------------   320
Z2Z6          --------------.....................-----------------------------------   320
Z6            --------------.....................-----------------------------------   320
NDK           --------------.....................--------------------C--------C----   320
MAL           --------------.....................-----------------------------------   323

CONSENSUS-F   ..CAGGGGGCT?AGGAG.................GGGGTGGGAAGCCCTCAAACTTCTGGGGAATCTCA   304
BZ163A        ..---------G-----.................-----------------------------------   320
BZ126A        ..---------A-----.................-----------------------------------   320

CONSENSUS-O   TA?CTG?G?CT?GGACTGTGGATCCTAGGGCAGAAGATAATTAATGTTTGCAGAATTTGTGCAGCTGTAA   293
ANT70         --T---A-G--T------------------------------------------------------------   335
MVP5180       --C---G-A--G--.............................................................   282

CONSENSUS-U   CTTCTGGGACACAGCAGCCTCAAGGGACTGAGACTGGGGTGGGAAGCCCTCCAATATCTGGGGAATCTTC   341
DJ263A        ------------------------------------------------------------------------   341

CONSENSUS-CPZ ACGTTGGGACATCTAATACTTCACAGCCTCAGACTGCTACGGGAGAGACTGTGCCTGCTGGGGGGAATTA   268
CPZGAB        ------------------------------------------------------------------------   344
```

```
CONSENSUS-A   TGcTgTaTTGGGGTCGGGAACTaAAAAt?G                          367
U455          ----------------------------                            369
UG273A        --T---T---------------C-----A-                          350
SF170         ----A----------------------A                            369

CONSENSUS-B   tgCagTATTGGagtCaGGaacTAAaGAa?AG                         349
SF2           ------------T---------------                            348
SF2B13        ------------T-----------G---T--                         351
LAI           -A--------------------------                            348
HXB2R         -A--------------------------                            348
NL43          -A--------------------------                            348
NY5CG         -----------G----------------                            348
MN            -A-------------------------G                            345
BRVA          -A--------------------------                            318
SC            -A----------------------G---                            348
JH32          -A--A-----------------------                            339
BAL1          -A--------------------------                            351
JRCSF         -A--------------------------                            348
JRFL          -A--------------------------                            348
NH52          ---------------------------G                            348
OYI           -------------C--------------                            348
SF162         ------------T---------------                            348
CAM1          ------------------------G---                            348
CDC42         ----------------------------                            348
SF33          ---T------------------------                            348
RJS           ------------TC-                                         335
HAN           -------------C--------------                            348
D31           ----------------------------                            348
RF            -------------------G--------                            348
YU2           -C----------T---------------                            348
BCSG3C        -A-----------C--------------                            348
P896          ----A--------C--------------T--                         351
3202A12       -A---------G-A------A-------T--                         351
3202A21       ----------------------------T--                         351
MANC          -------------------TT--------T--                         351
WEAU160       -------------C--------------T--                         351

CONSENSUS-D   TaCAgTATTGGaGTCaGGAACTGAgGAA?AGTGC                      353
ELI           ----------------------------C-----                      354
Z2Z6          ---------------G--------A---C-----                      354
Z6            ---------------G------------T--                         351
NDK           -G--------------------------                            348
MAL           -G--A------G------------A---                            351

CONSENSUS-F   CGCTGTATTGGGGTCAGGAACTAAAGAATAG                         335
BZ163A        -------------------------------                         351
BZ126A        -------------------------------                         351

CONSENSUS-O   CAC??T????G?T?C??G?A????AGA??ATTGA                       310
ANT70         ---AA-ACTG-C-A-AA-A-TTGC---A                            363
MVP5180       .--TG-G...-A-C-TG-G-CAAA---CA-----                      312

CONSENSUS-U   TACTATACTGGGGTCAGGAACTAAAGAATAG                         372
DJ263A        -------------------------------                         372

CONSENSUS-CPZ TTCAATATTGGGGAAAGGAGCTAAAAAT                            296
CPZGAB        ----------------------------                            372
```

HIV1 REV CONSENSUS

```
        tat ->       \/ 3′ sj
CONSENSUS-A   ATGGCAgGAAGAAGCGGAgaCagCGACGAG...GAaCTCCTC...AAaGCAaTAAGGATCATCAAAaTCc     64
CONSENSUS-B   ------------------------------a....-g------...---ga--G-c--ac-------gt-t-     64
CONSENSUS-D   ------------------------------a....-C------...--G--gg-C---C-------G----     64
CONSENSUS-F   ------------------A------?-ACC...----------...-G----G?C--ATA------G---T     62
CONSENSUS-O   ----------------A?--?...---......C-G-?G--G???C----?--CCA---?--A--G----     53
CONSENSUS-U   ---------------------GC-------...----------...-G--TCG-C----------------     64
CONSENSUS-CPZ ------------???-A?C???AA-?????G?????-??--G????-?---G-?-AA--A-----G--?-     44

                     exon \/ exon
CONSENSUS-A   TATACCAAAGCAAcCCaTaCCCCAAaCCCAagGGg...TCtCGaCAGGCCcGaAAGAATCGaAGAAGAAG    131
CONSENSUS-B   -c--t-----------?cct----gc---g-----...A-C-------------G---------------    130
CONSENSUS-D   ----------------TCCT----gc---G-----???A-C-------------G----A----------    131
CONSENSUS-F   -G-----------------T-----G---G----A...A-C-------------G?-----------G--    128
CONSENSUS-O   -G-----?-----T--C???--??C---???A--A...AGCA-?A-C---A-G-----CA-G--?--?--    108
CONSENSUS-U   -G--------------T-----ACC---AG-----...A-C------A-------------------G--    131
CONSENSUS-CPZ -?--?---???--?--?--?--?-??--AG??--A...?-?A-????--??-?-GA---????----?--     84

CONSENSUS-A   GTGGAGAGCAAGgCAgAGACAGATCGATTCGcTTAGTgAGCGGATTCTTAGCacTTGCCTGGGACGACCT    201
CONSENSUS-B   --------ag--a------------Cgg---a-------at---------------aT---------t--    200
CONSENSUS-D   ---------g---------------c-----A--G----A--------c-------aT------------    201
CONSENSUS-F   ----------------??--?-----CG-G?-?-----??A------------T----T------------    191
CONSENSUS-O   -------AG?--?---GCC--?G-G--?A?C--?GCC?C?A--?-----GC?--?GTTG-ACACG--?--    166
CONSENSUS-U   ----C-------A------------AGGG--A-----------T-----------------------T--    201
CONSENSUS-CPZ ----?????---A---?A?---?-????G???--???-?A?--G-?---??----??T?-----------    128

CONSENSUS-A   GCGGAgCCTGTGCCTCTTCAGCTACCACCGcTTGAGAGACTTCatCTTGATTGtaGCGAGgaCtGTGgAA    271
CONSENSUS-B   ------------------------------------------Ac-----------a------t-------    270
CONSENSUS-D   -a---a-----------------------------------A-----A----C--------T-------    271
CONSENSUS-F   -A---A--------------------?--A-?----------A?-A--A--A?C------?-T----A-.    255
CONSENSUS-O   CA-?-CAA-AAT?T-G-GG-CT-------T------CA----A??A-CAGGGA-CC?--?-?TGA-C??C    227
CONSENSUS-U   ------------------------------A-----------TG---------C--T----G--------    271
CONSENSUS-CPZ C--A-A----G-GA-T-GG--------GA------C-AG---AGC--GC-A---GTG---ACAAC-CA-G    198

CONSENSUS-A   CTTCTGggACgCAGcag?ctca?ggg?ctgagactGGGGTGGGAaGGccTCAAgTAtCTGTGGAAtCTtC    338
CONSENSUS-B   --------------.................???-----------c------a---tg---------C-    319
CONSENSUS-D   --------------...................-----------c------A--------------C-    320
CONSENSUS-F   ..CAG---G-T?--G--................-----------C------ACT----G-------CA    304
CONSENSUS-O   TA?---?-?-T?G-ACTGTGG-TCCTAGG-CAGAA-ATAATTA-T-TTTG--GAAT-TGTGCAGC-G-AA    293
CONSENSUS-U   ----------A------C----A---A-------------------C----C-A------G---------    341
CONSENSUS-CPZ ACGT------ATCTA-TA--TCACA-C--C------CTAC----GA-A--GTGCCTG---G--GGAA--A    268

CONSENSUS-A   TGcTgTaTTGGGGTCGGGAACTaAAAAt?G                                            367
CONSENSUS-B   ---a-------a---a---------G-a-AG                                           349
CONSENSUS-D   -a-A-------a---a------G-gG-A-AGTGC                                        353
CONSENSUS-F   C--------------A---------G-ATAG                                           335
CONSENSUS-O   CA-??-????-?T?-??-?-????-G-?-ATTGA                                        310
CONSENSUS-U   -A--A--C-------A---------G-ATAG                                           372
CONSENSUS-CPZ -T-AA--------AAA---G--------                                              296
```