Sequences in the *Nef* Alignment

COMMON NAME	LOCUS	ACC #	FIRST AUTHOR	REFERENCE
SUBTYPE A:				
ROD	HIV2ROD	M15390	Clavel,F.	Nature 324, 691 (1986)
NIHZ	HIV2NIHZ	J03654	Zagury,J.F.	PNAS 85, 5941 (1988)
ISY	HIV2ISY	J04498	Franchini,G.	PNAS 86, 2433 (1989)
ST	HIV2ST	M31113	Kumar,P.	JVI 64, 890 (1990)
BEN	HIV2BEN	M30502	Kirchhoff,F.	Virology 177, 305 (1990)
CAM2	HIV2CAM2	D00835	Tristem,M.	J. Gen. Virol. 72, 721 (1991)
D194	HIVD194	J04542	Kuehnel,H.	PNAS 86, 2383 (1989)
GH1	HIV2GH1	M30895	Hasegawa,A.	ARHR 5, 593 (1989)
MDS	HIV2MDS	Z48731	Becker,M.	Unpublished
KR	HIV2U22047	U22047	Kraus,G.K.	PNAS 90 (9), 4226 (1993)
UC2	HIV2UC2	U38293	Barnett,S.W.	Unpublished
SUBTYPE B:				
UC1	HIV2UC1GNM	L07625	Barnett,S.W.	JVI 67, 1006 (1993)
EHOA	HIV2EHOA	L14545	Rey-Cuille,M.A.	Virology 202, 471 (1994)
D205	HIVTRENGE	X61240	Kreutz,R.	ARHR 8, 1619 (1992)
SUBTYPE D:				
FO7841	HIVLTRC5	M87115	Gao,F.	Nature 358, 495 (1992)
SUBTYPE SD:				
MM251	SIVMM251	M19499	Franchini,G.	Nature 328, 539 (1987)
MMP11	SIVMMP11	M72323	Colombini,S.	PNAS 86, 4813 (1989)
MM32H	SIVMM32H	D01065	Rud,E.W.	J. Gen. Virol. 75, 529 (1994)
MM1A11	SIV1A11AA	M76764	Luciw,P.A.	ARHR 8: 395 (1992)
MM239	SIVMM239	M33262	Regier,D.A.	ARHR 6, 1221 (1990)
MM142	SIVMM142	M16403	Chakrabarti,L.	Nature 328, 543 (1987)
MM155	SIVMM155	L28171	Kodama,T.	Unpublished (1994)
MMW25	SIVMMW25	X86727	Whatmore,A.M.	JVI 69, 5117 (1995)
NEFW61	SIVNEFW61	X90853	Whatmore,A.M.	Unpublished
MNE	SIVMNE	M32741	Benveniste,R.E.	Unpublished (1990)
SMMPBJ	SIVSMMPBJA	M31325	Dewhurst,S.	Nature 345, 636 (1990)
SMM9	SIVGAGAB	M80194	Courgnaud,V.	JVI 66, 414 (1992)
SMMH4	SIVSMMH4	X14307	Hirsch,V.M.	Nature 339, 389 (1989)
SM62A	SIU04982	U04982	Hirsch,V.M.	JVI 68, 2649 (1994)
SMB670	SIVENV	M90048	Mullins,J.I.	Unpublished (1992)
SUBTYPE STM:				
STM	SIVSTM	M83293	Novembre,F.J.	Virology 186, 783 (1992)

```
CONSENSUS-A   ATGGGtGCGAGTGGATCCAAGAAGcgtTCCaaGcc?tcGCaAgGacTaCgaGAGAGACTcTTgCgggCGC     69
ROD           -------------------------A-----G---GC---G---G----A--------------------     70
NIHZ          ------------------------------------C-T-----------A--------------A-----     70
ISY           -------------------------------G---C----G---GT---A------------A--A----     70
ST            -----G-------------------------G----T----G---G-----G-----------A-AAA---     70
BEN           -------------------------T--------AT----G-----------------------------     70
CAM2          ------------------------------G---GCT------G--G-A--------------------     70
D194          ------------------------------G---AT-----------G-----------A----------     70
GH1           -----G-------------------A--------AT------A----------------------A----     70
MDS           ------------------------------G---T----G---GT---A------------A--A----     70
KR            ------------------------T-C----G-T-C-T----------------------------A----     70
UC2           -------------------------T--------AA-----------G----------------------     70
CONSENSUS-B   ATGGGATCAGCTGGTTCCAAGAAGCaaTCCaAGCaGCAgC?AGGGCTgCGgGAGAgACTCTTGCGAgcgC     69
UC1           --------------------------------------A-G---------A---------------A-A-     70
EHOA          ----------------------------------------C-----------------------------     70
D205          -------------------------GC---G---G-----A------A-------A-----------T--     70
CONSENSUS-SD  ATGGGTGgaGcTattTCCAaGA?GCgGtcCAagccggctgGAgatcTGcgacAGAgACTCTTGCggGCGC     69
MM251         -------------------T--G--------------------------------A--------------     70
MMP11         -------------------T--G-------------A------------------A--------------     70
MM32H         -------------------G--G----------T-----------------------------------     70
MM1A11        ---------A---------T--G--------G-T--A---------------------------------     70
MM239         -------------------T--G--------G----T---------------------------------     70
MM142         ----------------------A-------------C-CA-----------------------------     70
MM155         -------------------T--G--------G----T---------------------------------     70
MMW25                        ---G--G----------T-----------------------------------     54
NEF           -------------------T--G--------G----T---------------------------------     70
NEFW61                                            ---------------------------------     33
MNE           -------------C--------G----------T--C---------------------------------     70
SMMPBJ        --------C-T--CC-------A--A-CG--G--GT-G----A--T--TACG------------AA----     70
SMM9          --------C-T--CC-------A--A-CG--RRG-T-G----A--T--YRCG------------AA----     70
SMMH4         --------C-------------A--A--A-----GT-G----A-CT----CG------------AA----     70
SM62A         --------C-------------A--A--A--G--GT-G----A--T----CG-------------A----     70
SMB670        -------CC---GG--------A-----------A--A-----GG-----GG------------AA----     70
CONSENSUS-STM ATGGGTGCATCTGGATCCAAGAAGCAGCGCAAGCAGCATGGAGAGCTGCGGGAGAGACTCTTGCGAGCGC     70
STM           ----------------------------------------------------------------------     70

CONSENSUS-A   gtGgaGgggctTgTGgggggca?tgcaaCg?aTcGGgAGGGGaATaCTcGCaGTcCCAaGaAGgATCAGg    137
ROD           ---C------------A---T-T--G----A--------------------G--T--------------A    140
NIHZ          -G----A-A-------A----GC-------A-----------G-----T---------C-----------    140
ISY           -G-----A-------------TC--GG---A-----A-----G-----------T---C-----------    140
ST            C-----A-----C------A--C--GG--AA--T--------------T---------------------    140
BEN           ----G-AT-G--A----AA---GC--G---C-----------------------T--------A------    140
CAM2          ---C----A-G-------AATGT-A-----C--T--A--------C--T--G-----------------A    140
D194          ---------G--A--T-AA---GC------C--------------C------------------------    140
GH1           A---G----G--A--T-CA---G-------CG-------------------------------------    140
MDS           ---C---------------A--T--GG---A--T-----------------G-----------------A    140
KR            ------A-A-------------A--GG---G-----C-----------T-----T---------------    140
UC2           ---------G--A--TAA----G----G--C--------------C--------------G---------    140
CONSENSUS-B   ?GgaaggaCCttaTGGgaaGctCTCAGgAGagCgGCgggAGcaATCATcGCgATcCCCAGGAGgATCAGA    138
UC1           A-----AG--C-----A----------A--GA-A----A------------------------------    140
EHOA          G-CG-------CG----G--TC--------------A----AG-----T--A--A---------------    140
D205          C---GA------------G------------------A-------------------------A------    140
CONSENSUS-SD  GTGGgGAGActTATGGGaGaCTCTt?gaAGaGgTGGAAGatGgaTaCTcGCAATCCCtaGgaGgATtAGa    138
MM251         ----A--------------------A-G-----------------C-----------------------G    140
MMP11         ------------------------A-G-----------------C-----------------------G    140
MM32H         ------------------------A-G----------------------------------------    140
MM1A11        ---------------A---G-----A-G-----------------C-----------------A------    140
MM239         ------------------------A-G-----------------------------C------------    140
MM142         ---------A---------G-----CA---G--------------C------------------------    140
MM155         ------------------------A-G-----------------------------C------------    140
MMW25         ------------------------A-G----------------------------------------    124
NEF           ------------------------A-G-----------------------------C------------    140
NEFW61        -----------------R-------A-G----------------------------------------    103
MNE           ------------------------GG------T--------------------------------C---    140
SMMPBJ        ----A-------------------GG----G-T------GG-A--------------A--AC-C--C--G    140
SMM9          ----A-------------------GG----G-T------GG-A--------------MR-AC-C--C--G    140
SMMH4         ----------A-------------GG----G-T-------G--------------------C-C--C--G    140
SM62A         ----A-----A-------------GG----G-T-------G--------------------C-C--C--G    140
SMB670        ------------------------GG----G-T----------G----T--------G------------    140
CONSENSUS-STM GGGGAGAGACTTATGGGAAACTCTTGGAAGGGTTGGGAGAAGGATCGGGGCCATCCCAAGGCGCATCAGA    140
STM           ----------------------------------------------------------------------    140
```

```
                                        <- env cds
CONSENSUS-A   CAgGGaGCAGAaaTcGCcCTCCTGTGAGGGaCaGcagTATCagCAgGGaGA?TttaTgAAtAccCCATGG    206
ROD           ------------------------------G------------------C------------T-------    210
NIHZ          ------------C----------------------GA--------------T---G-A------------    210
ISY           --------------T-------------------AGA--------A-----C------------------    210
ST            -----G--------------------------G--G------A--------T------------------    210
BEN           ------------C-----------------------------------G-AC-----C-G-------    210
CAM2          ------------C----T-----------------GA-----------G--C------------------    210
D194          --------------------------------------------------G--C-----C---------    210
GH1           --A--G-----------------------------------G---------T--C-----C---------    210
MDS           --A--G-----G-----------------------------A--A--G--C--C--------T------    210
KR            -----G------C-T---------------G----G------A--------C--------C---------    210
UC2           ----------------------------------------G---------T-AC-----C---------    210
CONSENSUS-B   CAAGGactTGAACTCgCCCTCTTGTGAgGGACaaAAtgCcc?ggGaGCAGAA..................    189
UC1           --------------------------------GC-------CAA--------..................    192
EHOA          -----GGC-------------------T--------GA-TTT----------..................    192
D205          ---------------A------------------------G---G------..................    192
CONSENSUS-SD  CAAGGgcTtGAgCTcaCtCTCtTgTGAgggaCAgaaATAcaaTcAGGGacAgTatATGAAtACtCCaTGG    208
MM251         -----------------G------------------------------G---------------------    210
MMP11         -----------------G------------------------------G---------------------    210
MM32H         -------------------------------------------------G---------------------    210
MM1A11        ------------------------------------------------A------C---------------    210
MM239         ----------------------------------------------------------------------    210
MM142         ------------------------------C--A---------------G-A--C---------------    210
MM155         ----------------------------------------------------------------------    210
MMW25         -------------------------------------------------G---------------------    194
NEF           ----------------------------------------------------------------------    210
NEFW61        -------------------------------------------------G---------------------    173
MNE           --------C-----T-------------------------------------T----------------    210
SMMPBJ        ----------------------------CCT--------TTG-G----T--A-T---------C--T---    210
SMM9          ----------------------------CCT--------TTG-G----T--A-TC--------C--T---    210
SMMH4         ----------------------------CCT--------T-G-G-------A----------C--C---    210
SM62A         ------T---------------------CCT--------T-G-G-------A--------C--C--C---    210
SMB670        -----AT-G--A--TG-A---C-C---A------GG-----G-G-------A-TC--------C------    210
CONSENSUS-STM CAAGGGCTTGAACTCACACTCTTGTGAGCCTCAGAGATATAATGAAGGTCAATTTATGAATACCCCTTGG    210
STM           ----------------------------------------------------------------------    210

CONSENSUS-A   AgaaccCCaGCA?cagaaggggAgaaAga?tcgTAcAagCAgCAAAATATGGATGATgTAGATtcagaTg    274
ROD           -AGGA-------G-----A--------A-T-T-----G---A----------------------------    280
NIHZ          ------------G-----A----------A-T------A------------------------CT-----    280
ISY           ------------A-----AA---A-----A-------G---A----------------------------    280
ST            ---G--------...--------------GC-----------A----------------------------    277
BEN           ----A-------A-----A-AC-------T-T---T-G---------------------------T----    280
CAM2          ---G--------G----G---A-----A-TG-A----G-------------------A------------    280
D194          ------------G--AT----C-----A-T--A--T-----------------------------T----    280
GH1           --------G---AT------AC-----A-G-TA-----------------------A-------TAG--    280
MDS           ------------A----------------T--A--T-GA--A----------------------------    280
KR            -----T------G---G-A-----GG-ACA-T---------A---------------------G-----A    280
UC2           ------------ATG-----AC-------G--A--------------------------------T----    280
CONSENSUS-B   ..............................GGGGGAGGgcAACAAGAT?CAGATGA?agTGAT...GAGG    224
UC1           ..............................------------------A-------T------...----    229
EHOA          ...............................--------AA--------T-------GGA----...----    229
D205          ..............................------------------G-------A------...----    229
CONSENSUS-SD  AgaAAcCCAGCtgaAgAgagagaAAAatTAgcaTAcAGAaAACAAAAtATgGATGATgTaGATgaggaag    278
MM251         -----------------A-A-------------------------------------A------------    280
MMP11         -----------------A-AG-----------------------------------A----------G-    280
MM32H         ----------------------------------------------------------------------    280
MM1A11        ---------------------------------------------------------A------------    280
MM239         ---------------------------------------------------------A--------T---    280
MM142         --------------------GA--------C-------------------A------A------------    280
MM155         ---------------A------------------------------------------A------------    280
MMW25         ----------------------------------------------------------------------    264
NEF           ---------------A-----------------------------------------A------------    280
NEFW61        ----------------------------------------------------------------------    243
MNE           -A-----------G------G-----------------------------A------A-------A----    280
SMMPBJ        --G--------AAC---A----C--------AT--T---C-------C-----------G---......A    274
SMM9          --G--------AAC---AG---C--------GT--T---C-------C-----------G---......A    274
SMMH4         --G--------AAC---A----C--------GT--T---C-------C-----------G-----T----    280
SM62A         --G--------A-C---A----C--------GT--T---C-------C-----------G-----T----    280
SMB670        -----T------AC------------GC--AA---T---C-------C-----------------TA-T-    280
CONSENSUS-STM AAAAACCCGGCAGCAGAAAGCGCTAAGCTAGAATATAGACAGCAAAACATGGATGATGTAGATGAGGAAG    280
STM           ----------------------------------------------------------------------    280
```

```
CONSENSUS-A   ATgATgACCtAgTagGagtt...cCTGtcAcacCA...AgAgtACCactaAGagcAATGACatatAaatT    338
ROD           ---------A----A-----...T-----------...A-------------C--------C---G---    344
NIHZ          ---------A-------T-C...------------...---------T-----C---------TC-----    344
ISY           ----------------G--C...T---A----T--...---------T-G----------------G-A-    344
ST            ----------------G--C...------------...---------T------A-----------GG--    341
BEN           -----------A--------...-----T-------...----------GG----A------C--------    344
CAM2          -------------G--G---...----C-------...---------------A----------------    344
D194          -------------G------...-----T-TG---...--------G--G----A------C------C-    344
GH1           -------------G------...-----T-------...-----------------------C--------    344
MDS           -----------------TAC...T-----------...---AC---------------------------    344
KR            -----A-----A----G--C...------------...---------T----G--------------G--    344
UC2           --A------A---G------...T----T---T--...---------------C-------C--C--G--    344
CONSENSUS-B   AcaATGAA...GTgGGgGtC..?taTGTAAGACCC.??a??gt?CCACTGAGacCAATGACATaCAAacT    282
UC1           -T------...---------...------------...-ATAGG---------T-------------GA-    290
EHOA          --------...--A------...CG----------...GGG--C--------G----------T------    290
D205          --G-----...-----A-C-..A------------.CA-TA--A--------------------------    293
CONSENSUS-SD  aTgatGActTggTAGGgta...cCAGTgaggcCa...agaGTtCCccTAAGaacaATgagtTACAAATT    342
MM251         --------------------...T-----------...-A-------------G------C---------    344
MMP11         --------------------...T-----------...-A-------------G------C---------    344
MM32H         --------------------...-------T------...C------------------------------    344
MM1A11        -------T------------...T-----------...-A------------------------------    344
MM239         --------------------...T-----------...-A------------------------------    344
MM142         -----------------A--...-----TGA-G-C...------------------------------    344
MM155         --A-----------------...T-----T------...------------------------------    344
MMW25         --------------------...-------T------...C------------------------------    328
NEF           --A-----------------...T-----T------...------------------------------    344
NEFW61        ------------------A-...-------T------...C-----------------------------    307
MNE           --A-----------------...------------...C--------T------T---A-----------    344
SMMPBJ        G--C------A-----TTGT...--------C------...-----C---G------TC----CA--------    338
SMM9          ----A--T--A-----TTGT...--------C------...-----C---G------TC----CA--------    338
SMMH4         ----------AA----T--C...T-----CAC------...-----C---T----GG-C----CA--------    344
SM62A         ----------A-----T--C...T-----CAT------...-A---C---T----GG-C---GCA--------    344
SMB670        -------GC-A-----A-C-...-----ACAC------...--G--G--AT-----G-C---TCA--------    344
CONSENSUS-STM ATGATAATCTAGTAGGAGTA...GCAGTACATCCA...AGAGTCCCACTTAGGGAAATGACTTACAAGTT    344
STM           --------------------...------------...------------------------------    344

                                                 3' LTR ->
CONSENSUS-A   GGCAgtAGAtATgTCacATTTtaTAAAagaaAaaGggGGACTGgAaGGGaTgTtTTAcAGTgagagaAGA    408
ROD           ----A----------------A------AC--GG-----------------------------A------    414
NIHZ          ---------------T-----------------------------------C-------T---C--------    414
ISY           ---------C------G----A--------T--G------------------A----------------    414
ST            ----AG---------------G-----------G---------------C---A---------T--G---    411
BEN           ----A-------------------------------------C-----------------AG---G---    414
CAM2          ---------C-------------------------------------C-------------A------    414
D194          ----A-----------------------------A--------------A---------AG-GAG---    414
GH1           ---------------------------.-----G-..--------T---------------AG-GAT---    411
MDS           ------------------------------------------------------------A------    414
KR            ------------A---------C----T-----G-----------T-------A----------------    414
UC2           ------------------------------------------------------------AG-GAT---    414
CONSENSUS-B   aGCAgTAGACATGTCTCATTTTaTAAAAGAAaAGGGGGgACTGGAAGGGATtTacTATAGTGAGAGAAGa    352
UC1           G---A-------------------------------------------------------------------    360
EHOA          ----------------------T---------------A--------------T---------------G    360
D205          ------------------------------C------------------G--T---------------    363
CONSENSUS-D                                AGAAAAGGGGGGACTGGAAGGGATTTATTACAATCATAGAAGG     43
FO7841                                     ------------------------------------------     43
CONSENSUS-SD  GGCaaTAGAcATGTCTCATTTTATAAAAGAAAAGGGGGGACTGGAAGGGaTTTATTAcagTgaaAGaagA    412
MM251         ---------T-------------------------------------------------------C-------    414
MMP11         ---------T-------------------------------------------------------C-------    414
MM32H         ----G----T-------------------------------------------------------C-------    414
MM1A11        ------------------------------------------------------------T----C-------    414
MM239         ------------------------------------------------------------------C-------    414
MM142         ---------T-------------------------------------------------------C-------    414
MM155         ------------------------------------------------------------------------    414
MMW25         ---------T-------------------------------------------------------C-------    398
NEF           ------------------------------------------------------------------------    414
NEFW61        ----G----T-------------------------------------------------------C-------    377
MNE           ----G----T-------------------------------------------------------------    414
SMMPBJ        ------------------------------------------------------------------T------    408
SMM9          ------------------------------------------------G-----------ATT------    408
SMMH4         ------------------------------------------------------------A---G------    414
SM62A         ------------------------------------------------------------A---G------    414
SMB670        ---G-------------------------------------------------------TGA-A-T--GGA-    414
CONSENSUS-STM GGCAATAGACCTGTCACATTTTATAAAAAGCAAGGGGGGACTGGAAGGGATTTATTACAGTGAGAGAAGA    414
STM           ------------------------------------------------------------------------    414
```

```
CONSENSUS-A   CaTAgAaTCcTagAcaTaTaCtTaGAaAAgGAaGAaGGgaTAATtccAGAtTGGCAGAA?TAtACTcaTG    477
ROD           ----A----T--A-T-----------------------------G-------------C--C-------    484
NIHZ          ---------T-----T----------C---                                           444
ISY           ------------------------------------------------------------C----------    484
ST            -G----G-----------------------------G--A------GG---C--------C----------    481
BEN           --------------------C-------A--G-----------A--------------T----------    484
CAM2          -----------G--T--------------A---------------G-------------C------AG--    484
D194          ---------------T-G-T-C----------G-----------A--------------T----------    484
GH1           ---------------T-G---C----------G-----------A--------------T----------    481
MDS           --------------T-------------------------------------------T----------    484
KR            ---------T-----------A-G-----------------------------------C----------    484
UC2           ---------------T-G---C----------G------G----A--------------T----------    484
CONSENSUS-B   CAtAgAATAcTAGACACATAttTaGAgAATGAaGAAGGCATTGTgTCTGGaTGGCAaAACTAtACacATG    422
UC1           --------------------C----------G-----------A---------------------T---    430
EHOA          ----A---------------C-----A-----------------------------G-----C-------    430
D205          --C------T-------------T--------------------------C--------------T----    433
CONSENSUS-D   CATAGAATCTTAGACATTTACTTACAAAATGAAGAAGGCATAATACCAGATTGGCAAAATTACACCTCAG    113
FO7841        ------------------------------------------------------------------------    113
CONSENSUS-SD  CATAgAATctTAGA?at?taCtTaGAAAAgGAaGAAGGcATcATaCCAGATTGGCagaatTACACctCaG    480
MM251         --------------C--G--------------------------------------G------------    484
MMP11         --------------C--G---------.........---------------------G------------    475
MM32H         --------------C--G--------------G------------------------G------------    484
MM1A11        --------------C--A------------------------------------G------------    484
MM239         --------------C--A------------------------------------G------------    484
MM142         --------------C--A-----------------------------------..-----.--C-    481
MM155         --------------C--A------------------------------------G------------    484
MMW25         --------------A--T--------------G------------------------G------------    468
NEF           --------------C--A------------------------------------G------------    484
NEFW61        ---------A----T-GAAT------------G------------------------G------------    447
MNE           ----A---------C--G--------------------------G-----------------------G-    484
SMMPBJ        ----A---A-----TC-G--------------------A--A--------------A--------AG---    478
SMM9          ----A---A-----TC-R-----------R--------A--A----------------A--------AG---    478
SMMH4         --------A-----T--G-----G--------------A--A--------------A--------A----    484
SM62A         --------A-----T--G---A-G--------------A--A--------------A--------A----    484
SMB670        --------------T--A--------------------------C----------CA--------AC---    484
CONSENSUS-STM CATAGAATATTGGACATGTACTTAGAAAAAGAAGAAGGGATAGTTCCAGATTGGCAGAATTACACAGCAG    484
STM           ------------------------------------------------------------------------    484

CONSENSUS-A   GgCcAGGagtaAGgTAcCCaAtGTtcTTtGGGTGGcTaTGGAAgCTAGTAcCAGTAgatgtc?CACAAGa    546
ROD           -------------A-----------------------------------------------C-------    554
ISY           ---T-----------------------------------------------------AC----C-------    554
ST            -A--------------T----A-------------T--------------------------C-------    551
BEN           ------------------------A---C--------G------------T-------AC--T-------    554
CAM2          -------------A-------------------------------------------AC-T-------    554
D194          --------AC--------------A---C--------G-----A--------------CA--T-------    554
GH1           ------------------------GT--C--------------------------------T-------    551
MDS           -------GAC---A-----C-A--G-----------------------------------C--C-------    554
KR            ---------------------A-----------------------------------C---C------G    554
UC2           ----------G-------------G---C--------G-----A------------A-CA-GT-------    554
CONSENSUS-B   GGCCAGGgaTAAGgTATCCcAagt?CTTTGG?TGGCTgTGGAAGCTaGTgCCAgTAgAtaTgccAGcaGa    490
UC1           -------------------A-G-AC------G---------------------------A----AG--    500
EHOA          -------AG----A----------T------C-----A---------------A--A-----AT------    500
D205          ----------------------A-A------T--------------G--A--------GG---------C    503
CONSENSUS-D   GGCCAGGAGAGAGACTTCCAATGATGTATGGGTGGCTGTGGAAGTTAGTACCAGTAGATGTGCCAGATGA    183
FO7841        ------------------------------------------------------------------------    183
CONSENSUS-SD  GaCCAGGAattAGATACCcaAaGacaTtTGGcTGGcTaTGGAAATTAgtCCC?GTAaATGTaTCAgATGA    549
MM251         ----------------------------------------------------T-----------------    554
MMP11         -----A----------------------------------------------T-----------------    545
MM32H         ----------------------------------------------------C-----------------    554
MM1A11        ----------------------------------------------------T-----------------    554
MM239         ----------------------------------------------------T-----------------    554
MM142         ------------------T-----TG---------------------A----T-----------------    551
MM155         ----------------------------------------------------T-----------------    554
MMW25         ----------------------------------------------------C-----------------    538
NEF           ----------------------------------------------------T-----------------    554
NEFW61        ----------------------------------------------------C-----------------    517
MNE           --------CC------------------------------------------T-----------------    554
SMMPBJ        -G--------C--------T-T-TTC-----A-----C--------------G--------C--------    548
SMM9          -G--------C--------T-T-TTC-----A-----C----------W---G--------C--------    548
SMMH4         -G-----------------T-T-CAC-A---G-----C--------------A---G----C--------    554
SM62A         -G-------C---------T-T-TAC-----G-----C--------------A---G----C--------    554
SMB670        --------GAG----------T-TTC---------T---------------A---G----C---A----    554
CONSENSUS-STM GACCAGGGATAAGATACCCAAAGCAGTTTGGATGGCTATGGAAACTAGTACCAGTAGATATGTCAAATGA    554
STM           ------------------------------------------------------------------------    554
```

```
CONSENSUS-A   gg?aGAggAca?tgag???????????actcaCTgCTTagtaCAccCAGCACAAacAAGCag?taTGAT    601
ROD           A-GG-------C----............----------------T----------------AG-T----    612
ISY           A-GG-------C----............----T-------A-G---T--------GT------A-T----    612
ST            --G---T----G----............--------------G--T-----------------G-T----    609
BEN           --C------AGA----............G-CA-------------------------------AC-----    612
CAM2          --G--------C----ACTGACACTGAG------------T----------------------GC-----    624
D194          --C------AGTA---............--CA--------------------------------A------    612
GH1           --C-------GA----............--CA---A----AC---------------------AC-----    609
MDS           T...---A---C----............-----------G--G--T----------T-----AG-T----    609
KR            T-A-------......................---------C--------------------G-G-C----    603
UC2           --C------TGA----............--CA--------A-G--------------------A------    612
CONSENSUS-B   g?ca?ggGa?GaGGAa.........???ACCcaTTGtCTggTGCAcCCaGCACAGAtCTCctCATGGGAT    545
UC1           -GA-A---GA-C----............---AG--------------------------T---------    558
EHOA          AC--GA---C------............-----------------T----------C----G--------    558
D205          -A-CC-A--G-----G.........GAA--------C--AA-------G---------------------    564
CONSENSUS-D   GGCCCAAGGAGATGAG............AGGCATTGCTTAGTGCATCCAGCACAGACTTACCAGTAGGAT    241
FO7841        ----------------............----------------------------------------    241
CONSENSUS-SD  gGCaCAGGAgGatGAG............aagcAtTattTaaTgCAtCCaGCtCAaACttcccAGTGGGAt    607
MM251         ----------------............-G---------------G---------------A--------    612
MMP11         ----------------............-G---------------G---------------A--------    603
MM32H         ----------------............-G---------------G---------------A--------    612
MM1A11        ----------------............G-----------------------------------------    612
MM239         ----------------............G-----------------------------------------    612
MM142         ----------------............G----------G----C------------------------    609
MM155         ----------------............G------G------A--------------------------    612
MMW25         ----------------.................----------------C---------------A--------    596
NEF           ----------------............G------G------A--------------------------    612
NEFW61        ----------------.................----------------G---------------A--------    575
MNE           -----------G----............G--A--------C-----------------------------    612
SMMPBJ        A--T-----A--C---............-CA-----C--G-----------A--------T---------    606
SMM9          A--T-----A--C---............-CA----GC--G-----------A--------T---------    606
SMMH4         A--T-----A--C---............-CA----GCC-GG-------G--A--G----AT---------    612
SM62A         ---C-----A--C---............-CA----GCC-GG----------A--G---CAT---------    612
SMB670        A--T-----A--C---............-CA--C-GC--GG----A--------G--A-----------A    612
CONSENSUS-STM GGCACAGGAGGATGAT.........GGGACACATTATCTGGTGCATCCAGCACAGACACATCAGTGGGAT    615
STM           ----------------.........------------------------------------------    615

CONSENSUS-A   GAcc?gCATGGgGAgACAcTagT?TGGagGTTTgAccCcatGCTgGCctat?agTAcaaggCcTTtA?tC    667
ROD           ----C------------------C---GA------T---T-------T---AGT---G----T----T--    682
NIHZ                                                                      --T----C--    454
ISY           ----C------------------C----A------------------TC--G------C-A------T--    682
ST            ----C------A--A---T----T----------------C---A--T-T-AGC---G---------T--    679
BEN           --TGA-------------T----G---CA-------T--------------A-C-----------C-C--    682
CAM2          ---AT---------------G--C----A-------T-----------CT-A----TG---------C--    694
D194          ---GA------------------T---C----------------------AGT-----------C-T--    682
GH1           ---GA------A--A------C-T---C------------C----------G-T--------T--C-T--    679
MDS           ----A---------A---T----T------------T--C----------CG----T-CA-------AA-    679
KR            ----CT--------A---T--A-G--------------T-G----------G----T-C---T----A--    673
UC2           ---ATA-----------------G---C-----A--T--------------G-------------C-C--    682
CONSENSUS-B   GACatCCAcGggGAGACcCTTgtCTGGCaGTTTGActCCCTCCTgGCAtATGAcTATGTgGCcTTCAacA    615
UC1           ---------------------C-----G-------C-----------C----------A----------    628
EHOA          ---CC-----AA--------------------------------A----------------------G--    628
D205          --------T--------T---A-------------T-----------------T--------T-----T-    634
CONSENSUS-D   GACCCCTAAGAAGAGGTGCTGGTATAGAAATTTGACCCCCGGCTAGCTTATAACTATGAGGCATTTATTA    311
FO7841        ----------------------------------------------------------------------    311
CONSENSUS-SD  GAcCCtTGGGGAGAGGttCTaGcaTGGAAGTTTGATCCAactcTaGCcTAcacttATgAGGCaTaTgtTa    677
MM251         -----------------------G----------------------------------------------C--    682
MMP11         -----------------------G----------------------------------------------    673
MM32H         ----------------------------------------------------------------------    682
MM1A11        --------------------C---------------C--------G-------------------------    682
MM239         ---------------------------------------------G-------------------------    682
MM142         ----------------------------------------------------------------------A---    679
MM155         ---------------------------------------------G---------C---------------    682
MMW25         ----------------------------------------------------------------------    666
NEF           ---------------------------------------------G---------C---------------    682
NEFW61        ------------------------------------------------------C----------------    645
MNE           ----------------------T-----------------------------------------------A---    682
SMMPBJ        -----C-----------A--G-------------------AGT----T--T-AC---A------T----G    676
SMM9          -----C-----------A--G------------------RAGT----T--TRAC---A------T----G    676
SMMH4         -----C-----------A--G------------------GAAT----T--T-GC---A------T-A---    682
SM62A         -----C-----------A--G------------------GAAT----T--T-GC---A------T-A---    682
SMB670        --T--C----------C---G-T----------------CAA----------GA--------T-T-A---    682
CONSENSUS-STM GACCCTTGGGGAGAAGTACTGGTTTGGAAATTTGATCCACTATTAGCCCATACTTATGAGGCCTTTGTTA    685
STM           ----------------------------------------------------------------------    685
```

```
CONSENSUS-A   tgtAcCCAGAaGAaTTTGGGcAcaAgTCAGGacTgccAGAggAaGAgTGGAAGGCaAaACTGAAAGCAAG   737
ROD           G---------G--------------------C-----------------------G-G------------   752
NIHZ          ----------G-----------T--T---------------A-------------G-G------------   524
ISY           -A--------G---------------------A--GA---A--T--C-----------------------   752
ST            GA--------G--G------T----------C-----------T--A----------G------------   749
BEN           -------------G------------------T--------A----A-----------------------   752
CAM2          GA----------------------------C--A-----A--T-----------G--------------   764
D194          --C-----------------------------T--------A---------------------------   752
GH1           --C-T--------G------------------T--------A---------------------------   749
MDS           ----------G------------C-------C--A-----A--G--A--------G-G------------   749
KR            GA------------------T-T--------C--------A----------------------------   743
UC2           -A------------------------------T--------A---------------------------   752
CONSENSUS-B   GGTtcCCAGAaGAGTTtGGGTAtCAGTCAGGa?TaCCAGAGaAgGAGtGGAAGGCTA?ACT?A?AGCAAG   681
UC1           ---A----------------------------T--------------1                        675
EHOA          ----------G---------------------A-G--------A-------------A---G-G------   698
D205          ----T-----------C-----C--------GC--------G---------------G---A-A------   704
CONSENSUS-D   AATACCCAGAAGAGTTTGGCAGTAAGTCGGGTCTGCCAGAGGATGAGGTTAGGAGAAGACTAACCGCAAG   381
FO7841        ------------------------------------------------------------------------   381
CONSENSUS-SD  gatACCCAGAAGAGtTTGGaAGcaAGTCaGGCcTGtCAgAGgAAGAGGTtagaAGAAGgCtAaCCGCAAG   747
MM251         --------------.-----------------------------------------------1          741
MMP11         ------------------------------------------------------------------------   743
MM32H         -------------------------------------C-----------------------------------   752
MM1A11        ------------------------------------------------------------------------   752
MM239         ------------------------------------------------------------------------   752
MM142         ----------------------------------------A---------A----------G-------   749
MM155         ------------------------------------------------------------------------   752
MMW25         -------------------------------------C----------------------A---G-------   736
NEF           ------------------------------------------------------------------------   752
NEFW61        -------------------------------------C----------------------A---G-------   715
MNE           ------------------------------------------------------------------------   752
SMMPBJ        AGC----------------T--TC--------T-----A----------GCAG-----------------   746
SMM9          AGC----------------T--TC--------T-----A----------GCAG-----------------   746
SMMH4         AG-----------------T--T---------T----------------A-AG-----------------   752
SM62A         AG-----------------T--T---------T----------------A-AG-----------------   752
SMB670        A------------------T--T-----G---T----------------A-AG-----------------   752
CONSENSUS-STM GACACCCAGAAGAGTTTGGTTCTAAGTCAGGCTTGCCAAAGGAAGAGGTTGAGAGAAGGCTAACCGCAAG   755
STM           ------------------------------------------------------------------------   755

CONSENSUS-A   aGGgATACCaTtTAgt?AA?AA                                                   757
ROD           ---A------------1                                                        768
NIHZ          G--A------------1                                                        540
ISY           ----------------1                                                        768
ST            ---------G-----C1                                                        765
BEN           -----------A----G--1                                                     771
CAM2          ----------------1                                                        780
D194          -----------A----G--1                                                     771
GH1           -----------A----1                                                        765
MDS           G--A-----C----ACT--                                                      768
KR            ----------------T--                                                      762
UC2           -----------A----G--T--                                                   774
CONSENSUS-B   AGG?ATACCTACAGA??AG                                                      697
EHOA          ---A-----------GT--                                                      717
D205          ---G-----------T1                                                        720
CONSENSUS-D   GGGCCTCTACAAAACAGCTGACAAGAAGGAAACAGGCTGA                                 421
FO7841        ----------------------------------------                                 421
CONSENSUS-SD  AGGCCTt?ttaAaATGGCTGACAaGAaGgAAACtaGCtga                                 786
MMP11         -------C----C-------------G-------C--1                                   780
MM32H         -------C----C---------------------C--1                                   789
MM1A11        -------C----C-----------------------A1                                   789
MM239         -------C----C---------------------C--1                                   789
MM142         -------C--G------------G-------------1                                   786
MM155         -------C----C---------------------C-----                                 792
MMW25         -------C----C---------------------C-----                                 776
NEF           -------C----C---------------------C-----                                 792
NEFW61        -------C----C---------------------C-----                                 755
MNE           ------CT-A----------------G----------1                                   789
SMMPBJ        -------T-A------------------A----A---1                                   783
SMM9          -------T-A------------------A----A----AG                                 786
SMMH4         -------T-.-----------------------A------                                 791
SM62A         -------TA-----------------G------A------                                 792
SMB670        -------TCC-----------------------A------                                 792
CONSENSUS-STM AGGCCTTCTAAAGATGGCTGACAAGAAGGAAACAAGC1                                   792
STM           --------------------------------------                                   792
```