Sequences in the *Vif* 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)
JAU1	HIV2VIF1JAU	L28935	Jacinto,A.	Unpublished (1994)
KR	HIV2U22047	U22047	Kraus,G.K.	PNAS 90, 4226 (1993)
MDS	HIV2MDS	Z48731	Becker,M.	Unpublished
VALI	HIV2VIFALI	L28934	Jacinto,A.	Unpublished (1994)
UC2	HIV2UC2	U38293	Barnett,S.W.	Unpublished
SUBTYPE B:				
UC1	HIV2UC1GNM	L07625	Barnett,S.W.	JVI 67, 1006 (1993)
D205	HIVTRENGE	X61240	Kreutz,R.	ARHR 8, 1619 (1992)
EHOA	HIV2EHOA	L14545	Rey-Cuille,M.A.	Virology 202, 471 (1994)
SUBTYPE SD:				
MM251	SIVMM251	M19499	Franchini,G.	Nature 328, 539 (1987)
MM1A11	SIV1A11AA	M76764	Luciw,P.A.	ARHR 8: 395–402 (1992)
MM32H	SIVMM32H	D01065	Rud,E.W.	J. Gen. Virol. 75, 529 (1994)
MM316S	SIVMM316S	L22790	Kodama,T.	JVI 67, 6522 (1993)
MM239	SIVMM239	M33262	Regier,D.A.	ARHR 6, 1221 (1990)
MM142	SIVMM142	M16403	Chakrabarti,L.	Nature 328, 543 (1987)
MNE	SIVMNE	M32741	Benveniste,R.E.	Unpublished (1990)
SMMH4	SIVSMMH4	X14307	Hirsch,V.M.	Nature 339, 389 (1989)
SMMH9	SIVGAGAB	M80194	Courgnaud,V.	JVI 66, 414 (1992)
SMMPBJ	SIVSMMPBJA	M31325	Dewhurst,S.	Nature 345, 636 (1990)
SUBTYPE STM:				
STM	SIVSTM	M83293	Novembre,F.J.	Virology 186, 783 (1992)

```
CONSENSUS-A   ATGGAggAAGgCaaGAgaTGGATAgtgGTtCCcAccTGGAGGGTgCCAGGGAGg???ATGGAGAagTGGC     67
ROD           ----------A-----------------------------------------...--------A----     67
NIHZ          ----------------------------------TT------------------...-------GA----     67
ISY           -----CC------------------C----------------------------...--------A----     67
ST            -------------------------C------A--T------------------...-------G-----     67
BEN           ----------A--G--AC--------A--C------------------------...--------A----     67
CAM2          -----------------C-------CA--------------------------A...--------------     67
D194          ----------------AC--------A---------------------------...-------G-----     67
GH1           ----------------AC------...----------------------------AGG-------G-----     67
JAU1          ----------A------------------C-----T------------------...--------------     67
KR            ------------G----G--------A--------T--------A---------...--------------     67
MDS           ----------------C------------C-----T--------A---------...--------------     67
VALI          ----------------------------C-----T------------------...--------------     67
UC2           -----------------C--------A--C------------------------...-------G-----     67
CONSENSUS-B   ATGGAGGaGGAAAAGaATTGGATTGtaGTgCCGACaTGGAGGATACCAgGCAGG...CTAGAGAgaTGGC     67
UC1           -------G------------------G--A------------------------...-------A-----     67
D205          ---------------G------------------------------------...--------------     67
EHOA          -------------------------C---------G------------T-----...--------G----     67
CONSENSUS-SD  ATGGAGGAGGAAAAGAggTGGATAG?aGTTCCCACaTGGAGGATACCGGaGAGG...CTAGAGAgGTGGC     66
MM251         -------------------------C----------------------------...--------------     67
MM1A11        -----------------A-------C----------------------------...--------------     67
MM32H         ----------G--------------C----------------------------...--------------     67
MM316S        -------------------------C----------------------------...--------------     67
MM239         -------------------------C----------------------------...--------------     67
MM142         -----------------A-------T----------------------------...--------------     67
MNE           -------------------------C----------------------------...--------------     67
SMMH4         ----------------AT-------TG--------T------------------...--------------     67
SMMH9         ----------------AT-------TG--------T-------------G----...-------A-----     67
SMMPBJ        ----------------AT-------TG--------T-------------G----...-------A-----     67
CONSENSUS-STM ATGGAGGAGGAAAAGAGGTGGATAGTGGTTCCCACCTGGAGGATACCAGGGAGG...CTGGAGAGGTGGC     67
STM           ------------------------------------------------------...--------------     67

                <- pol cds
CONSENSUS-A   ATagccTtgTcAAgtAtcTaAAatACAgAACAaaaGAtcTaGAa?aGGTgtGCTATGTtCCCCAcCAtAA    136
ROD           ---------------------------A------G---------A------------------------    137
NIHZ          -----T-G--------CT-G-----------------CT----GA----A--------------T-----    137
ISY           --------A---------------------------------C-----C-------------------    137
ST            --------A-----------------------GG---------GA------------------------    137
BEN           --GC------------C--G-----------------C-----GG-----C----------------C--    137
CAM2          ---------------------------A----GG----------C-------------------------    137
D194          --------------C-C--G--G--------------CT----GG-----C-------------T--C--    137
GH1           ----T-----------C----------------G---C-----GG-----C----------------C--    137
JAU1          ----------G--A-----------------------------C-------------------------    137
KR            -----------------------C----------------G---GG------------------------    137
MDS           -----------------T---------A----------------G-----C-------C-----------    137
VALI          ----------------C-----G--------------------A-------------------------    137
UC2           -------------A--C--------------------C-----GGG----C----------------C--    137
CONSENSUS-B   ACAGTCTgaTtAAgTAcCTgAAgtATAGaACAaaAGAgTTGCAACAGGTCTCTTATGTcCCTCACCAcAA    137
UC1           --------G-C------------C-------------------------------------------    137
D205          ----------------T--T------------GG----------------------------------    137
EHOA          -------A-----A--------A-----G--------C--------------------T--------T--    137
CONSENSUS-SD  ATAGCCTCATaAAAtAtcTGAAATATAAaACTAAAGAtCTACAaAaGG?TTGcTATGTgCCCCATcaTAA    135
MM251         ------------------------------------------------T----------------TT---    137
MM1A11        ------------------------------------------------T----------------TT---    137
MM32H         ------------------------------------------------T----------------T----    137
MM316S        ------------------------------------------------T----------------TT---    137
MM239         ------------------------------------------------T----------------TT---    137
MM142         -----------------T------------------------------C---------------------    137
MNE           ------------------------------------------------T---------------------    137
SMMH4         ----------C---C-C-----------C--------C-----G-T--C---T-----------------    137
SMMH9         ----------C---C-C-----------C--------C-----G----C---T-----A-----------    137
SMMPBJ        ----------C---C-C-----------C--------C-----G----C---T-----A-----------    137
CONSENSUS-STM ATAGCCTCATAAAACATTTAAAGTATAACACTAAAGAGCTAAGCAAGGCATGCTATGTGCCCCACCATAA    137
STM           ------------------------------------------------------------------------    137
```

```
CONSENSUS-A   GGTgGGaTGGGCaTGGTGGACTTGCAGCAGGGTAATATTCCCatTaaaAGgaaaaAGTCatCTaGAgATA    206
ROD           ------------------------------------------------------C---------------    207
NIHZ          ------G-----------------------------------C-G----AG--C--------G------    207
ISY           ------G-----------------------------------------------C---------------    207
ST            ------------G-------------------------------------G----------G------    207
BEN           ------------------------------------------C--C-------------------A---    207
CAM2          ---A-----------------------------------------G----G-C----G----------    207
D194          ---A-----------------------------------------C--G-----G----------------    207
GH1           ------------G----------------------------TC--------G-----------------    207
JAU1          ------------------------------------------------A-GG----------------    207
KR            ------------------------------------------------C-------T-----C---------    207
MDS           ------------------------------------------------G--------C---------------    207
VALI          ------------------------------------------------C----------------------    207
UC2           ------------------------------------------------C--------G-----------------    207
CONSENSUS-B   GGTaGGATGGGCtTGGTGGACTTGCAGTAGAgTAATATTtCCCCTaAAagAAGgAGCAta?cTAGAaGTC    206
UC1           ---G--------C--------------------------C-------------A------CT----G---    207
D205          ------------------------------A----------------CA---------GG---------    207
EHOA          ------------------------------------------------G------------C-T---------    207
CONSENSUS-SD  gGTcGGATGGGCATGGTGGACcTGCAGCAGAGTAATcTTCCCacTAcagGAag?aagcCAtTTaGAAGTA    204
MM251         ------------------------------------------C----------G----------------    207
MM1A11        ------------------------------------------------------G----------------    207
MM32H         ------------------------------------------------------G----------------    207
MM316S        ------------------------------------------------------GG---------------    207
MM239         ------------------------------------------------------G----------------    207
MM142         ------------------------------------------------------G----------------    207
MNE           ------------------------------------------------A---AA------A---------    207
SMMH4         A--T-----------------T--------------T------T--AG---T-AG-CT-----G------    207
SMMH9         A--T-----------------T--------------------GT--AG---T-AGGCT-----G------    207
SMMPBJ        A--T-----------------T---------------------T--A----T-A-GCT-----G------    207
CONSENSUS-STM GGTTGGGTGGGCATGGTGGACTTGCAGTAGAGTGATTTTTCCCTTGCAAGGAGAAGCACACCTAGAAGTT    207
STM           ------------------------------------------------------------------------    207

CONSENSUS-A   CAgGCATAtTGGAACcTAACaCCAGAAAAAGGATGGCTcTCCTCttAttCAGTaAGaaTaACtTGGTAta    276
ROD           ---------------T------------------------------------------------------C-    277
NIHZ          --A------------T-----------------------------C-C-----G----------------    277
ISY           ------------------------------------------------------------G--------CT    277
ST            --------C-----------------------------------C------------C------------    277
BEN           ------------------------------------------C--G--------T----C-------    277
CAM2          ---------------T--------------------------------G----------G--------C-    277
D194          ------------------------------------------C----------GT----C-------    277
GH1           --------------------G------------------------C-------G--------C-------    277
JAU1          ------------------------------------------------G---------------------    277
KR            ------------------------------------------------G-------------C-------    277
MDS           ---------------------------------------T-----A---G-------GC-G--------C-    277
VALI          ------------------------------------------------G---------------------    277
UC2           --------------------G------------------------C-----------C----C-------    277
CONSENSUS-B   CAAGGaTAtTGGAAcCTgACCCCaGAAAGGGGATTCTTGAGcTCCTATGCTGTAAGACTAACATGGTATg    276
UC1           -----G--------T--------G-------------------------------------------A    277
D205          -----------------A------------------------------------------------    277
EHOA          --------C--------------------------------T--------------------------    277
CONSENSUS-SD  CAaGGgTATTGGaaTTTGaCACCAGAaaaAGGgTGGCTCAGTACTtATGCAGTgAG?ATAACCTGGTACT    273
MM251         ------------C---------------G---------------------------G-------------    277
MM1A11        ------------C-------------------------------------------GG------------    277
MM32H         ------------C---------------G------------------------T--G-------------    277
MM316S        ------------CG-----------------------------------------G-------------    277
MM239         ------------C-----------------------------------------G-------------    277
MM142         ----------------------------G---------------------------G-------------    277
MNE           ----------------------------G----------------C----------A-------------    277
SMMH4         -----A------------G-------------A--------------------A--A-------------    277
SMMH9         -----A--------------------GR-----------------------------A-------------    277
SMMPBJ        --G--A--------------------G-----------------------------A-------------    277
CONSENSUS-STM CAAGGGTATTGGAATTTAACACCAGAAAAAGGATGGCTCAGTGAATATGCTGTGAGGATAACTTGGTATA    277
STM           ------------------------------------------------------------------------    277
```

```
CONSENSUS-A   CAGAaaagTTCTGGACAGATGTtACCCCAGACTgTGCaGAc?cCCTAATACAtaGcACtTATTTCtcTTG    345
ROD           ----------------------------------------TGT-----------------------C----    347
NIHZ          ----------------------------------------TA----------------------------    347
ISY           -----GG----------------------------------A----------C-----------------    347
ST            -------A-----------------------------G---T----------------------------    347
BEN           ----------------------------------------AT----------------------------    347
CAM2          ----------------------C-----------------A-------------T---------------    347
D194          ----------------------------------------T----------C-----------------    347
GH1           ------G--------------------------A-------AT----------------------------    347
JAU1          ----------------------------------------T-----------G----------------    347
KR            ----G-G----------------------------------T----------------------------    347
MDS           -------A----------------------------------T-----------------------A----    347
VALI          ----------------------------------------T-----------G----------------    347
UC2           ----------------------------------------AT---------------C-------G---    347
CONSENSUS-B   AgAGGAgCTTTTATACAGATGTaACaCCTGAtGTgGCAGACCagcTACTGCATGGGTCTTATTTCTCTTg    346
UC1           -A--------------------G--------C-------------------------------------    347
D205          ------A---------------------------------------------------------------    347
EHOA          -------------------------T--------A-------GAT------------------------C    347
CONSENSUS-SD  CaAggaAcTTtTGGACAGATGtaACACCAgAcTaTGCAGAcAtTTTACTGCATaGCACTTATTTCCCTTG    343
MM251         ----------------------------------------------------------------------    347
MM1A11        ---A-------------------------A--------------------------------------    347
MM32H         ----------------------------------------------------------------------    347
MM316S        ---A-------------------------A--------------------------------------    347
MM239         ---A-------------------------A--------------------------------------    347
MM142         ---A-G-------------------------A--------T----------------------------    347
MNE           ----------------------------------G-----------------------------------    347
SMMH4         -C--A--T--C--------------------T----------C---------------------------    347
SMMH9         -C--A--T--C----------C---------T----------C----------G----------------    347
SMMPBJ        -C--A--T--C-----------G--------T----------C----------G----------------    347
CONSENSUS-STM CCAGAAATTTCTGGTCAGATGTAACACCAGACTGTGCAGATCAGCTACTGCATGGCACTTATTTCCCTTG    347
STM           ----------------------------------------------------------------------    347

                     \/ 3' sj
CONSENSUS-A   cTTTaCgGCaGGtGAAGtAAGAAGAGCCATCAGaGGgGAAAAgttAtTgTCCTGCTGCAA?TAtCCCcaa    414
ROD           ------A-----------------------------------------------------T-------G-    417
NIHZ          ----------------------------------------A-----------------A--C----G-    417
ISY           ---------------------------------G--A-------C---------------T---------    417
ST            ------------C-----------------------------C----A-----------C--C------    417
BEN           ------------------------------------------------------------C---------    417
CAM2          ------A-----G-----------------------------------------------A-------G-    417
D194          ------------------------------------------------------------C--C------    417
GH1           ------------------------------------------------------------C---------    417
JAU1          ------------------------------------------------------------T------A--    417
KR            T--------G-------------------------------------C-------------T--C------    417
MDS           ------A----------C-----------------------------------------T--------G    417
VALI          ------------------------------------------------------------T--------G    417
UC2           ----G-------------------------------------------------------C---------    417
CONSENSUS-B   cTTTaCAGCcAATGAAGTAAGGAGAGCCATCAGGGGAGAAAAGATATTGTCCtACTGCAACTAtCCATCA    416
UC1           ----------------------------------------------------------------------    417
D205          ----T-----------------------------------------------------------------    417
EHOA          G--------T-----------------------------------------C----------C------    417
CONSENSUS-SD  CTTTaCAGcGGGAGAAGTgaGaAgGGCCATCAGGGGAGAacaAcTGCTGTCTTGCTGCA?GTTCCCgAgA    412
MM251         ------------------------------------------------------------A----------    417
MM1A11        ------------------------------------------------------------G----------    417
MM32H         -------------------------T-----------------------C-------A----------    417
MM316S        ------------------------------------------------------------G----------    417
MM239         ------------------------------------------------------------G----------    417
MM142         ----------------------------------------G-----------------G------A---    417
MNE           ------------------------------------------------------------G----------    417
SMMH4         ----T---A---------AC-G-A---------------GA--T---------------A--------A-    417
SMMH9         ----T---A---------AC--------------------A--T---------------A--------A-    417
SMMPBJ        ----T---A---------AC--------------------A--T---------------A--------A-    417
CONSENSUS-STM CTTTACAGCGGGAGAAGTGAGAAGAGCCATCAGGGGAGAAAAGTTACTGTCTTGCTGCAGGTTCACGAAA    417
STM           ----------------------------------------------------------------------    417
```

```
                      5' sj \/ (rare)                          vpx cds ->
CONSENSUS-A   GC?CATAaatc?cAGGTACCgtcACTtCAaTttcTgGCCtTAGTgGTAGTgCAaCAAAATGaC...Agac    479
ROD           --T----G-G-C-------------------------------------------------..----    484
NIHZ          --G----G---C-------------------------------------------------...---T    484
ISY           --C-----G--CA-------------C-----------------A-----A--G---------...-A--    484
ST            --C-----G-AC--------------C--G-------------------------------G-...--G-    484
BEN           --T------G-A--------A----------AC--A---C----A-----A------------..----    484
CAM2          --C----G---C--------A-------------------------------------------..----    484
D194          --T------G-A--------A----------AC--A---C---------------------G-...----    484
GH1           --T------GTA--------A----------AC--A---C-----------------------..----    484
JAU1          --T--------C--------------C------T-----------------------------..----    484
KR            --C----G---TA---------T---C-----------------A----------------G-...----    484
MDS           --C--------T---------A-----------------------------------------G-...----    484
VALI          --C-----G--A--------------C----------------------------------G-...-A--    484
UC2           --T------G-A--------A----------AC--A---C-----------------------..----    484
CONSENSUS-B   GCTCAcgaAGGgCAGGTACCAAGcTTACAGTTTCTAGCCCTAAGgGTcgTACAgGAAGGAAAAgATGGAT    486
UC1           ------------------------------------------------------A---------------    487
D205          ------------------------------------------------------------------A-----    487
EHOA          -----TAC---C-----------T--------------------A--T-----A----------------    487
CONSENSUS-SD  GCTCATAagaacCAGGTACCAAGcCTACAGTActTAGCACT?A?AGTAGTa...AG?cATGTC...agaT    473
MM251         -------G-T-------------------------------A-A-------...--CG-----...----    481
MM1A11        ---------T-------------------------------G-A-------...--CG-----...----    481
MM32H         -------G-T-------------T-----------------G-G-------...--TT-----...----    481
MM316S        ---------T-------------------------------G-A-------...--CG-----...----    481
MM239         ---------T-------------------------------G-A-------...--CG-----...----    481
MM142         ---------C-------------T-----------------G-G-------...--T------...----    481
MNE           ----------C------------T-----------------G-G-------...--TT-----...----    481
SMMH4         --------A--T--------------------TC-------A-C-------...--T------...----    481
SMMH9         -----------T--------------------TC-------A-C-------...--T------...RSR-    481
SMMPBJ        -----------T--------------------TC-------A-C------G...--C------...----    481
CONSENSUS-STM GCTCATAAGAACCAGGTACCAAGCTTACAGTACTTAGCTTTAAAAGTAGTG...GAACATGTC...AGAT    481
STM           ------------------------------------------------------...---------...----    481

CONSENSUS-A   CCCAGagAaAcagTaCCaCCAGGAAACaGtGGcGAaGagACtATcGgagAGGCcTTCGagTGGCTAgAcA    549
ROD           --------G--------------------C-----------------------------CC------A---    554
NIHZ          -----G--------G--------------C-----G----------A-----------CA----------    554
ISY           --------G---A-------------------------A-------A------------T----------    554
ST            --------G---A-------------------------A------------------------------    554
BEN           ----------GG-----G--------------A--------C--T-----------------------G-    554
CAM2          --------G--C-----------------------------------A-----------CC----------    554
D194          ----------GG--G--G--------------A--------C--T-------------------------    554
GH1           ----------GG-----G--------------A--------C--T-------------------------    554
JAU1          ----------ATA-------------------A-----------T-------------------------    554
KR            ------A--------------------G---------TA-----T--------T----CT--------A-    554
MDS           --------G--------------------C----------------AGC---------CC----------    554
VALI          ------------------------------------------------------------------------    554
UC2           ----------GG--C--G--------------A--------C--T-------------------------    554
CONSENSUS-B   CCCAGGGAGAGAGTgCCACCAGGAAACAGCGaCGAAGAAACAgTAGGAGAaGCATTCGatTGGCTAGAaA    556
UC1           -------------------------------------------A----------------------------    557
D205          ------------------------------------------------------------------C-----------    557
EHOA          --------------A----------------G------------------G--------A--------G-    557
CONSENSUS-SD  CCCAGgGAGAGaATCCCACCTGGAAACAGTGGAGAAGAgACaaTAGGagAgGCcTTCGAaTGGCTAaACA    543
MM251         ------------------------------------------------------------------------    551
MM1A11        ------------------------------------------------------------------------    551
MM32H         ---------------------------------------------G-------A------------------    551
MM316S        ------------------------------------------------------------------------    551
MM239         ------------------------------------------------------------------------    551
MM142         ------------------------------------------------------A--------G----------    551
MNE           -----A---------------------------------------------A------------------    551
SMMH4         -----------G--------------------------A---------A--------------------    551
SMMH9         -----------R--------------------------A--RR----C-----Y-----C------C---    551
SMMPBJ        ---------------------------------------A--------C-----------C------G---    551
CONSENSUS-STM CCCAGAGAGAGAATACCGCCCGGAAACAGTGGAGAAGAGGCAATAGAGGAAGCATTCGAGTGGCTACACA    551
STM           ------------------------------------------------------------------------    551
```

HIV2/SIV VIF

```
CONSENSUS-A   GGAc?gTaGAaGCcaTaAACAGaGAgGCaGTgAAcCAcCtgCCccGaGAgCTtATTTTCCAGGTgTGGCA    618
ROD           ----A--------------------A--------T-----A--------A--------------------    624
NIHZ          ----A-----G--T--------------------T----AC--A--------C-----------C-----    624
ISY           ----G--------------------------------------A-G----------------------    624
ST            ----G--------------------------------------------------------------    624
BEN           ----CA--------T-------G--------------T--------------C-----------------    624
CAM2          ----A--------T--------------------T-----------G-----------------------    624
D194          ----TA--------T-------G--------------T--------------C-----------------    624
GH1           ----TA--------T----------------------T--------------C-----------------    624
JAU1          ----A--G--G--------------------A--------------------------------------    624
KR            ---TG-----G--------------------------------T--G-----------------------    624
MDS           ----A-----------------------G-----T----------------------------------    624
VALI          ----A-----G---T-------------G-----T-----------G-----C-----------------    624
UC2           ----TA--------T-G-----------G--A--------------------C-----------------    624
CONSENSUS-B   gAACAaTAacAgAgCTCAACAGgGTAGCaGTCAAcCAcTTGCCCcGaGAACTtATTTTCCAGGTCTGGCA    626
UC1           ----------------------------------------------------C-----------------    627
D205          ---------------------------G--------T-------------------------------    627
EHOA          C----T--GA-C-T--------A-----------T---------A-G-----------------------    627
CONSENSUS-SD  GAACAgTAGAgGAgATAAACAGaGagGCaGTaAAcCAccTaCCaAGGGAgcTaATTTTCCAGGTtTGGCa    613
MM251         ----------------------------------------------------G-----------------    621
MM1A11        ----------------------------G-----------------------------------------    621
MM32H         ----------------------------G-----------------------------------------    621
MM316S        ----------------------------G-----------------------------------------    621
MM239         ----------------------------G-----------------------------------------    621
MM142         ----------------------------G--------------G--------------------------    621
MNE           ----------------------------------------------------T-G-----------------    621
SMMH4         ----------A--A--------G-CA--------T-----G--G-----------------------G    621
SMMH9         -----S----A--A--------G-CA-----G--T--TT-G--R--------------------C----G    621
SMMPBJ        ----------A--A--------G-CA-----G--T--TT-G--G-----A--------------C----G    621
CONSENSUS-STM GAACGGTAGAGGACATAAACCGAGAGGCAGTAAACCATCTACCGAGGGAACTGATTTTCCAGGTCTGGCG    621
STM           ----------------------------------------------------------------------    621

CONSENSUS-A   aAGGTCCTGGagATAcTGGCATGA                                                  642
ROD           G--------------------                                                     645
NIHZ          G--------------------                                                     645
ISY           ---------------------                                                     645
ST            ---------------------                                                     645
BEN           ---------------T-----                                                     645
CAM2          ---------------------                                                     645
D194          ----------GC---T-----                                                     645
GH1           ---------------------                                                     645
JAU1          -----------C------------                                                  648
KR            ------------------------                                                  648
MDS           ------------------------                                                  648
VALI          -----------C------------                                                  648
UC2           ------------------------                                                  648
CONSENSUS-B   GAgGTcTTGGGCATAcTGGCGTGA                                                  650
UC1           -----G---------------                                                     648
D205          ---------------------                                                     648
EHOA          --A------------T--------                                                  651
CONSENSUS-SD  AAGGtCtTGGGAATACTGGCATGA                                                  637
MM251         ---------------------                                                     642
MM1A11        ---------------------                                                     642
MM32H         ---------------------                                                     642
MM316S        -------------------------                                                 645
MM239         ---------------------                                                     642
MM142         ---------------------                                                     642
MNE           ---------------------                                                     642
SMMH4         ------C--------------                                                     642
SMMH9         ----K-C--------------                                                     642
SMMPBJ        ------C--------------                                                     642
CONSENSUS-STM AAGGTCTTGGGAATACTGGCA                                                     642
STM           ---------------------                                                     642
```