```
     U3 start ->
CONSENSUS-A   TGGATGGGTTAATTtACTCcaaGAaAAGACAAGAAATCCTTGATCTGTGGGTCTAtaACACACAAGGaTt     70
CONSENSUS-B   ----a---c-----------C-a-----------t---------------a----cc----------C-a     70
CONSENSUS-D   ----A---C------GG--?--a--?--------g-----------T--------C-----------CA-     68
CONSENSUS-O   ----?---------------C-T--?---GC---------G-----?---?-?---?----T--G-----     64
CONSENSUS-U   --------?--?---??---???--------------------?-----------?C-?--------C-?     59
CONSENSUS-CPZ ----A------G---------G--G---------G--------C--C---------C----------C--     70

                                                  AP-1          AP-1
                        /<-        COUP        ->/<-->/<-COUP->/<-->/
CONSENSUS-A   CTTCCCtGATTGGCAGAAtTACACACCAGGGCCAGGgAccAGATtCCC.ACTaACaTTTGGaTGGTGCTt    139
CONSENSUS-B   ------------------c-------------------t-----at--?---G--c--------------    139
CONSENSUS-D   ------------------C-------------------T-----At--.---g--C--------------    137
CONSENSUS-O   ----------------???--------?--A-----A?-?--?-----.---G-------------TG--    126
CONSENSUS-U   ---------------?--?--------------------??----?---.---G???--?-----------    119
CONSENSUS-CPZ ---------C--------C------A----A-----A--A--------.---CTGT--------------    139

                                      /<-             NF-AT              ->/
CONSENSUS-A   CAAgCTAGTACCAgT...tGATCCAGc?GaaGTAGAGgAaGccActG?aGGAGAGAaCAACAG.......    197
CONSENSUS-B   ---------------..---g----aga-g-----a--g----a--a---------------???????    199
CONSENSUS-D   -g-------------...-------C?G--G-----A--g-------A--------c----t-.......    196
CONSENSUS-O   T--A--?--------GTCA-?AGA--AG-C--A?AGACT?-G??A-AC-??T--????GCT-?.......    176
CONSENSUS-U   ?---?--------?-...???----??------------?----A-?--------------T-.......    167
CONSENSUS-CPZ ---A-----G--CC-GACA--...G-AGC-G-----AC------A--A------T------T-.......    199

                                                        /<-  NF-AT  ->/
CONSENSUS-A   .....tcTAtTACACCCtATaTGcCAACATGGAaTgGAtGAtGA?GA?AgAGAAgtgtTaATgTGGAagT    260
CONSENSUS-B   ?????ct-g-----------ga----G-----g--------Cccg--G------------g------g--    264
CONSENSUS-D   .....CT-G---------?-?-----G-----------G--C?CG--G---?---------a-----GA-    257
CONSENSUS-O   .....---?C-?--T--AGC?--T???------??T--?---?CAC--???--?A-AC-?-??---?---    222
CONSENSUS-U   .....?--G--------?--?A----?-----------?--?-?---A---------?---??-------    221
CONSENSUS-CPZ .....C--G--G--T--C-----T--G-----G-----A-----G--C-A---G--C--GG-C---CGC-    264

                            /<- IL2/NRE ->/
                         <-     NRF     ->
CONSENSUS-A   TTGACAGtagcCTGGCATTaAaACACAgAGCt?aaGAGcTGCATCCGGAGTtCTAcAAA....GACTG..    323
CONSENSUS-B   -------cc----a-----tC-t----tg--CCG-----------------a------?..??-----??    327
CONSENSUS-D   --A----C--A--A-----TG-?----AG--CCG----?--------------------...-----..    319
CONSENSUS-O   ----T--ATC??-A-GC???-C?--T?T?--?-TG??AA??--C--A---C---T-C???A???---?..    269
CONSENSUS-U   -------C??---A---C?--?----??---C-G---????----------?-------...----?..    272
CONSENSUS-CPZ -------C--G-----C----G---T-TT--CAG---A-AA----------A-------...------..    328

                                                                          /<-NF-kB ->/
CONSENSUS-A   .............????????CTGACACAgAAGTTGCTGACA................GgGACTTTCC    354
CONSENSUS-B   ??????????????--------------tc--gc--t--.---a................----------    358
CONSENSUS-D   ......................-------C--Gt--t--.---A................----------    350
CONSENSUS-O   ..............-------??????????????????????..........???CTG?--?-------    281
CONSENSUS-U   ..............-----------------------------?...............----------    303
CONSENSUS-CPZ .........ACTTTAGA.......---G-G--.......---GC---AGAACTGCTGACTCTGC----------    379

                                  /<- NF-kB ->/      Sp-1       Sp-1     Sp-1
CONSENSUS-A   ..........aCT........GGGGACTTTCCg?.GGGAGGTGTGGTTTGGGcGGAGTTGGGGAGTGGCT    404
CONSENSUS-B   ..........g--........-----------aG.--?---c----cc-------gAC-----------g    408
CONSENSUS-D   ..........G--.......-----------aG.--.---c----ac-------GAC------------    400
CONSENSUS-O   A?????GACTG--GACACTGC-----------AG??-??--???-A?A?---GC-GT-C-----------    337
CONSENSUS-U   ..........G--.......------------AG.------?--??C?-------G???---------?-    346
CONSENSUS-CPZ A....................A-----------GG-A------GTCGGGA-----G-------T------    429

                                                          -LBP-1 -  -LBP-1
                                signal ->                 mRNA ->  -UBP-1- /<- TAR CORE
CONSENSUS-A   ...........AaCCCTCAGAtgcTGCATATAAGCAGCTGCTTtTCGCCTGTACTGGGTCTCTCTTGtTA    463
CONSENSUS-B   ??????????-g--------------------------------t-------------------g----    467
CONSENSUS-D   ...........-----------------------------------t-------------------G----    459
CONSENSUS-O   ..........----------?----------------?-----C?--T-----C------??G--AGAG    391
CONSENSUS-U   ..........------------------?-------?---------?----------------?----    401
CONSENSUS-CPZ T..........TG--------.----------------------CT-----------------T-CAC-G    488

                              TAR CORE ->/
                -LBP-1-          UBP-2 ->/                      signal ->
CONSENSUS-A   GACCAGAT??GAGcCTGgGAgCTCTCTGGCTAGCGagGG.AACCCACT.GCTTAAGCCTCAATAAAGCTT    529
CONSENSUS-B   --------ct-------------------------T----.--------?---------------------    535
CONSENSUS-D   --------TT-------a----------------T----.--------.---------------------    527
CONSENSUS-O   ------G-CT-----C--------C-----CT.-T--CTG-----G--.------CG-------------    459
CONSENSUS-U   ------?--------C------------------.-A--.--------.---------------------    465
CONSENSUS-CPZ --------TT-----------------A.-C--T--A--.--------.---------------------    555
```

HIV1 LTR CONSENSUS

```
                    <- mRNA
CONSENSUS-A   GCCTTGAG?TGCTT?AAGTA.GTGTGTGCCCGTCTG?TT?T?TGACTCTGGTAACTAGAGATCCCTCAGA    593
CONSENSUS-B   -------.G-----c-----.---------------.--g-G----------------------------    602
CONSENSUS-D   -------.G-----C-----.---------------.--G-G----------------------------    594
CONSENSUS-O   -------.G--...AG-AGCA--------T-A----.--CA...--C-----GT----------------    521
CONSENSUS-U   -------.G---C-C---C-.----------A----.--G-G----------------------------    532
CONSENSUS-CPZ -------.G--TA-TTGAGCA---------TA---A.--CAGAC--------------------------    623

                                          <- LTR
                                            <- Lys-tRNA pbs
CONSENSUS-A   CCACT?TAGACTGTGT..AAAAATCTCTAGCAGTGGCGCCCGAACAGG?????????????????GACTCG    644
CONSENSUS-B   --ct-t---t-A----gG?-----------------------------.................----t-    655
CONSENSUS-D   ?-C--T---T-a-A--Gg?-----------------------------.................---CT-    646
CONSENSUS-O   T----.-------AAGCAG-----------------------------.................----T-    574
CONSENSUS-U   -----C-----G----..-----------------------------.................----TT    584
CONSENSUS-CPZ TT-AAT--T-G-CAA.GG.-----------------------------................---?T-    674

                                                                  /<- psi locus
CONSENSUS-A   AAAGCGAAAG......................TTCCAGAGAAG?....TCTCTCGACGCA?.GGACTCG    684
CONSENSUS-B   ----------?aa...................aa------g--c....------------..-------    698
CONSENSUS-D   ----------TAG...................AA---------c....------------..-------    690
CONSENSUS-O   --.-T-----TGA...................AA----G----A.AAAC---.-------AC--G----    621
CONSENSUS-U   ----T-----TAACAGGGACTCGAAAGCGGAAG-----------T....------------..-------    648
CONSENSUS-CPZ -.?-?-??-???A...................?????-?????-....??????-----?-.-------    692

                                        - - - psi locus - - -
                                                          \/ major 5’ sj
CONSENSUS-A   GCTTGCTGAGGTGC..?CACAGCAAGAGGCGAGAG....CGGCGACTGGTGAGTACGCC.??AAATTTT?    743
CONSENSUS-B   ---------A-C--??G---g------------G-G...--------------------?aa--------    761
CONSENSUS-D   ---------A-C--..G---g------------G-G...-A-----------------T.-a-------t    753
CONSENSUS-O   ----AGC-GA----..A-C-GCT------------GAACTCA-AGAG------.........-A---T    679
CONSENSUS-U   ---------------..A------------------....----------------------.......T    708
CONSENSUS-CPZ -??-----??-?--..--??----??-------.-...---??-??---------????--????---T    731

                     -> psi locus (continues 34 nucleotides into gag cds) ->
                                        gag cds ->
CONSENSUS-A   ?.GACTAGCGGAG......GCTAGAAGGAGAGA?A                                      769
CONSENSUS-B   -.-----------......--------------G-?                                     788
CONSENSUS-D   ..-----------......--------------G-                                      780
CONSENSUS-O   ...G--G----T-GCCAGAC----GG-A--G-CG-AGTCTCTAGGGGAGG.AAG                   729
CONSENSUS-U   ..-----------------------------G                                         734
CONSENSUS-CPZ -??G----???T-???A??C----?G-A--G?CG-AGTCTCTAGG???AG?AAG                   768
```