Sequences in the *Tat* 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MDS	HIV2MDS	Z48731	Becker,M.	Unpublished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, 4226 (1993)
UC2	HIV2UC2	U38293	Barnett,S.W.	Unpublished
SUBTYPE B:				
UC1	HIV2UC1GNM	L07625	Barnett,S.W.	JVI 67, 1006 (1993)
D205	HIVTRENGE	X61240	Dietrich Et Al,U.	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)
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)
MNE	SIVMNE	M32741	Benveniste,R.E.	Unpublished (1990)
SMMPBJ	SIVSMMPBJA	M31325	Dewhurst,S.	Nature 345, 636 (1990)
SMMH9	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)
SUBTYPE STM:				
STM	SIVSTM	M83293	Novembre,F.J.	Virology 186, 783 (1992)

HIV2/SIV TAT

```
CONSENSUS-A   ATGGAgAcACcCttGAAgGcGCCAGAGagCTCATTAgaatCcTaCAACGAGCCCTcttC?tgCACtTCAG     69
ROD           -------------------------------------A-G----G-----------T---AC---------     70
NIHZ          ------------------------------------------G----------------GC---------     70
ISY           -------------------------------------GG--------------------AC---------     70
ST            ---------------------------G---------G------------------C--T----------     70
BEN           -------------------------------------A--C-------------------G----------     70
CAM2          -----------------A-A-----------------GG----G---------------AC---------     70
D194          -------------------A------------------G--------------------G-----A----     70
GH1           ----------A-C-----------------------------------------------G-----C----     70
MDS           -------T--------------------A------------T-----------------ACA--------     70
KR            -------------C---A------------------ATG----G---------------G----------     70
UC2           -----A-----------------------------A--------------------C-A-----C----     70
CONSENSUS-B   ATGGAgATACCCTTGcAGGAGCAGGAGAGCTCATTAAAaTCCTCCAgCGaGCcCTCTTCCTCCACTTCAG     70
UC1           ------------------------------------------------------------------------     70
D205          ----------------------------------------------A-----------------------     70
EHOA          -----A---------A----------------------C----------G--A-----------------     70
CONSENSUS-SD  ATGGAGACACCCtTGA?GGAGCAGGAGAaCTCATTAgAATCCTcCA?cGaGC?CTCTTCATcCAtTTcAG     67
MM251         ----------------G----------------------------A-----G--------G-----T--     70
MMP11         ----------------G----------------------------A-----G--------G-----T--     70
MM32H         ----------------G----------------------------A-----G--------G--------     70
MM1A11        ----------------G----------------------------G--G--A--------G--C-----     70
MM239         ----------------G----------------------------A-----G--------G--------     70
MM142         ----------------G----------------------------A-----G--------A--------     70
MNE           ----------------G-------------------A---------A--G--G--------G--C-----     70
SMMPBJ        ----------------A-----------G-----------------GA----A-----------------     70
SMMH9         ----------------A-----------G-----------------GG----A-----------------     70
SMMH4         ----------------A-------------------------G--GA----A-----------------     70
SM62A         ------------C---A-------------------------G--GA----A-----------------     70
CONSENSUS-STM ATGGAGACACCCTTGAAGGAGCAGGAGAGCTCATTAAGATCCTCCAGCGAGCCCTCTTCATGCACTTCAG     70
STM           ------------------------------------------------------------------------     70

CONSENSUS-A   aGcaGGatGtggcc?CTCAAGaAttgGccAaaCaAGGgGA?gaaaTCCTttctCAGCTatACCgACCCCT    137
ROD           --------------A---------------G---------G--------C--------------------    140
NIHZ          --------------A---------------G---------G--------C--------------------    140
ISY           --------------A----------------C--------A--------C--------------------    140
ST            ---------C----G------G-----T--GC-C------C----------A-----------A------    140
BEN           ---G------AA--G-------------T--------A--A---C-----G-C-----GC----------    140
CAM2          G--------CAA--A------------------T------G--------C-------------A------    140
D194          ---G-------A--G--------AG------------A--A--GC-----G-C-----GC----------    140
GH1           ------G---AA--G----------A-----------A--A---C-------C-----GC----------    140
MDS           --------------A---------------G---------G--------C--------------------    140
KR            ----------AAAAT-------------------------GAG-C------------------A------    140
UC2           --TG---G--A---G-------------T--------A--A---C-----G-C------C----------    140
CONSENSUS-B   AGccGGTTGtCAACACTCAAGGATtGGACAAcCaGGGGGAGGAAATCCTCTCTCAgCTATACCGCCCtCT    140
UC1           ------------------------C-----------------------------------------------    140
D205          ------------------------------T-----------------------A-----------C--    140
EHOA          --GG-----C-----------------------G-----------------------------------    140
CONSENSUS-SD  AgG?GGaTGca?cCAcTCcAGAATCGGCCAatCTgGaGGAgGAAATCCTCTcTCAaCTATaCCGCCCtcT    135
MM251         ---C-------A-------------------C----G--------------------------------    140
MMP11         ---C-------A-------------------C----G--------------------------------    140
MM32H         ---C-------A-------------------C----G--------------------------------    140
MM1A11        ---C--C----T------------T------C----G---A--------------G--------------    140
MM239         ---C-------T-------------------C----G------------------G--------------    140
MM142         -A-C--C----G---T---------------C----G--------------------------------    140
MNE           ---C--C----C------T-----------------------------------------------------    140
SMMPBJ        ---T-------GA-----------------G-------------------------------------    140
SMMH9         ---T-------GA-----------------G---------R-------------------------KG-    140
SMMH4         -A-T-----TGC----------------------A-----------------------------------    140
SM62A         -A-T-----TGC----------------------A----------------A--------T---------    140
CONSENSUS-STM AGGCGGTTGCCGCCACTCCAGGATTGGCCAACCAGGAGGAGGAAATCCTTTGGCAACTATACCGCCCACT    140
STM           ------------------------------------------------------------------------    140
```

```
                          <- vpR                                                  \
CONSENSUS-A   AGAggcATGcaaTAAC?caTGcTatTGtAAgcaaTGctGcTaccATTGcCAGcTgTGTTTtttaaAaAAg    206
ROD           ---AA-----------T---------------G---------------T---A--------C----C---    210
NIHZ          -----------C----T-C--------C---A-----------G--------------------C-----    210
ISY           ---AA-----------AA-----T-------GGG-------T------------------------C---    210
ST            ----------G-----AA---T--C-----AA-G------------------A-------------C---    210
BEN           ----C------C----AA--------------G----A-T-T------------------C-CG------    210
CAM2          ---A-A---TG-----T---------------G---------T-----------A------C--------    210
D194          -----------C----T----------------G---A-T--------------------C--G-----A    210
GH1           ---------T-C----T----------------G---A---T------------------C--G-----A    210
MDS           ---A------------AAT-------------G-------------------A-A-----------C---    210
KR            ----------------C----T---------A----T--T--------------A---------------    210
UC2           -----------C----C--------------A-G---A-T-T------------------C--G-----A    210
CONSENSUS-B   TaAgGCATGCgaTAATAcATGCTACTGTAAaAAATGcTgcTACCATTGCCAGCTTTGtTTtCTTAAAAAG    210
UC1           -G-A-------------A---------------------T--------------------C---------    210
D205          ------------------------------G-------------------------------------    210
EHOA          ----------AG------------------------T-C------------------C------------    210
CONSENSUS-SD  aGAgGc?TGcTATAACA??TGcTA?TGtAAaAagTGTTGCTA?CATTG?CAG??TTGTTTTCTtAAAAAg    197
MM251         T-----G----------CA-----T-----------------C-----C---TT----------------    210
MMP11         T-----G----------CA-----T-----------------C-----C---TT----------------    210
MM32H         ------G----------CA-----T-----------------C-----C---TT----------------    210
MM1A11        ---A--A----------CA-----T-----------------C-----C---TT---------------A    210
MM239         ---A--A----------CA-----T-----------------C-----C---TT---------------A    210
MM142         ---A--A----------CA-----T--C--------------C-----C---TT----------------    210
MNE           ---A-AA----------CA-----T--C--------------C-----C---TT----------------    210
SMMPBJ        ------G--T-------AG-----C-------G---------T-----T---CA----------------    210
SMMH9         ------G--T-------AG--Y--C-----G--A--------T-----T---CA---------Y------    210
SMMH4         ------G----------AG-----C-----G-G---------T-----T---CA----------------    210
SM62A         ------A----------AG-----C-----G-G---------T-----T---CA----------------    210
CONSENSUS-STM AGAGGAGTGTTGTAACAAGTGCTTTTGCAAAAAATGTTGCTATCACTGCCAGCTGTGTTTTGTTACAAAA    210
STM           ------------------------------------------------------------------------    210

              / 3’ sj rev cds ->
CONSENSUS-A   GGgCTCGGgATATggTATGa?CGaaAggGCaGAcGaAGAAGgAcTCCaAagAaaaCtAAGaCTCaTtCGt    275
ROD           --------------T-----A-------------------------------------------C---    280
NIHZ          --------------------C-----------------------------------G-----C---    280
ISY           --------------T-----C----------------------G---G------------G---------    280
ST            --------------------A------------A-------A-----G------------G---------    280
BEN           --------A----CA-----G----------------------------G--------------C----C    280
CAM2          --------------T-----C-----------------------------G-----G---------    280
D194          -------------------CG---C-----------------------GA--------------C--C    280
GH1           -------------------CA-----AA-------G-----A-------GA--G----------------    280
MDS           --------------------A--------------------------------G-----------C---    280
KR            --A-----------T-----A--G-----------------------------G-A---G---------    280
UC2           -------------------TG-----A---G----------A----------G-------------C--C    280
CONSENSUS-B   GGcCTtGGGATATGtTATGAcCgCTCG......AGAAagAGATCTtCAAAAAGgGCTAAGacTACTgCAt    274
UC1           --------------G-------A----......-----A---------------------GT--------    274
D205          --T-------------------------.....----G-------G-------A---------------C    274
EHOA          -----G--------------A------.....----------------------------------A---    274
CONSENSUS-SD  GGcTTGGG?ATAtG?TATGAGcAg??a???????GAAGAAGAACTCCGAAgAAG?CTAAGGCTAATaCAt    255
MM251         --A-----G-----T---------TC-CGAAAGA----------------A---G---------------    280
MMP11         --A-----G-----T---------TC-CGAAAGA----------------A---G---------------    280
MM32H         --------G-----T---------TC-CGAAAGA----------------A---G---------------    280
MM1A11        --------G-----T---------TC-CGAAAGA----------------A---G---------------    280
MM239         --------G-----T--------ATC-CGAAAGA----------------A---G---------------    280
MM142         --------G---A-T------A--TC-CACAGGA-------------------G---------------    280
MNE           --------G-----T---------TC-CGCAGAA-------------------G---------------    280
SMMPBJ        --------A-----C---------CA-......C--------------------A---------------    274
SMMH9         --------A-----C---------CA-......C--------------------A---------------    274
SMMH4         --T-----A-----C---------CAC......C-------------------A-----------C---    274
SM62A         --T-----A-----C---------CAC......C----------------A---A-----------C--C    274
CONSENSUS-STM GGTCTTGGAATAACCTATGAGCGATCA......AGAAGAAGAGTTAAGAAAAAGGCTAAGACTTATCCAA    274
STM           ---------------------------.....--------------------------------------    274
```

```
                          exon 2 \/ exon 3
CONSENSUS-A   CTtCTgCAtCAGAc...AAATCCATATCCAcAagGACcgGGaACAGCCaGcCAgcGAAGaAACAGAaGaA    342
ROD           --C--A--C-----...------------------------G-----------A----------------    347
NIHZ          --------------...---------------------A---------------A---------------    347
ISY           --C-----------...--------------------T------------A---A---------------    347
ST            --------------...-------------------------------------A---------------    347
BEN           --------C-----...------------------------G-----------A-----G----------    347
CAM2          --------------...---------------------C------------------------------    347
D194          --C----------T...---------------C----A---G-----------A----------------    347
GH1           --------------...---------------C--------G-----------A-----G----------    347
MDS           --------------...---------------------------------A---A---------------    347
KR            --------------...--------------------T------------A---A-----------C---    347
UC2           -----A--C-----...-------------T-CA-------G------G----A--------------G-    347
CONSENSUS-B   CTTCTGCAcCAgAC???aaATCCCTATCCGCAAggACCGGGGACAGCCAGCCAACGAAGAAACAGAAGAa    341
UC1           --------T-----...G---------------AC---------------------------------C    341
D205          --------------...------------------------------------------------------    341
EHOA          -----------A--AAC-G------------------------------------------------------    344
CONSENSUS-SD  cTtCTGCATCAaAC...aAa?cC?TAtCcaa?aGG?cCaGG?aCtGCCAACCAaAGAAGGa?aAgAAgGA    316
MM251         --------------...---CT-A--C----C---A--C--C-----------G------CA--------    347
MMP11         --------------...---CT-A--C----C---A--C--C-----------G------CA--------    347
MM32H         --------------AAC-G-C--A-------C---A--C--C-----------G------CA--------    350
MM1A11        --------------AAT-G-C--A-------C---A-----C-----------G------CA--------    350
MM239         --------------...---C--A-------C---A--C--C-----------G------CA-----A--    347
MM142         --------------...G--C--A--C----C---AT-C--CT-----------------CA--A-----    347
MNE           --------------...---C--A-----G-C---A-----C-------------------AC-------    347
SMMPBJ        -----------G--...---T--C------GAC--G-----A-------------------G--------    341
SMMH9         T----------G--...--GT--C----Y-RAC--G-----A-------------------G--------    341
SMMH4         T-C-----------...---T--C------CA---G-----A--C----------------G--------    341
SM62A         T-C-----------...---T--C------CA---G-----A--C----------------G--------    341
CONSENSUS-STM TTTCTGCATCAAACAACAGATCCCTATCCACAAGGGCCAGGAACAGCCAACCAAAGAAGGAACAGAAGAA    344
STM           ------------------------------------------------------------------------    344

CONSENSUS-A   GACGttgGagaCaaCggTGGagaCag?T??TgGCCtTGGCcgaTAg                            385
ROD           ----G----AG---------------A-AC-----C-------                                390
NIHZ          ---------AG---------------A-CT-------------                                390
ISY           --------GA--G---T----AG---A-CC-------------                                390
ST            ---------A---G--T--------AT-GG-----C-------                                390
BEN           -----C----G-G--A----TT--GAC-TG-----------A-                                390
CAM2          ----------G---------------A-CC----------A--                                390
D194          ----CC------G--A----TTT-G-C-TG-----------AC                                390
GH1           ----ACA-----G---A---TT--GAC-TG-A----------                                 390
MDS           ----------G---------------A-CT-----C----------                             393
KR            ----CC---A---G-AT---------C-CG-----------A----                             393
UC2           ----CC------GC-A----CT--GAC-TC---------------A                             393
CONSENSUS-B   GgAGGTGGAAACgAcGgGG?cTACAGATCtTGGCCCTGGCAGATCGAATACATCCACTTCCCGATTCGCC    410
UC1           -A------------A----CT----------------------                                384
D205          -------------------A---------C-------------                                384
EHOA          ------------A---A--G-----------------------------------------------------    414
CONSENSUS-SD  GAcGGTGGAGacaG?GGTGGCAaCAG?TC?TGGCCTTgGCAGATAG                             359
MM251         -----------AG-C-----------C--C-------------                                390
MMP11         -----------AG-C-----------C--C-------------                                390
MM32H         -----------AG-C-----------C--C-------------                                393
MM1A11        -----------AG-C-----------C--C-------------                                393
MM239         -----------AG-C-----------C--C-------------                                390
MM142         ----------G---C-----------C--C-------------                                390
MNE           ----------G---C-----------C--C-------------                                390
SMMPBJ        ----------G---A-----------A--T-------------                                384
SMMH9         ----------R---A-----------A--T-------R-----                                384
SMMH4         --------------A-------G---A--T-------------                                384
SM62A         --A------------A-------G---A--T----------------                            387
CONSENSUS-STM GGAGGTGGAGACAGAGGTGGAATCAACTCCTGGCCTTGGCAAA                                387
STM           ------------------------------------------                                 387

CONSENSUS-B   AACTGA                                                                     416
EHOA          ------                                                                     420
```