Romero, N. 493 Rougvie, A.E. 623 Roy, C. 517 Rudd,K.E. 637 Rudolph, L.-N. 427 Saginati, M. 525 Sancar, A. 657 Sarkar, G. 631 Satterfield, S.G. 637 Sawadogo, M. 674 Scherly, D. 455 Schroeder, H.W. Jr 673 Schroth, G.P. 511 Schwager, C. 675 Sekiya, T. 680 Setién, F. 685 Shatsky, I.N. 665 Shen, W.-F. 539 Shiraishi, M. 680

Simonitch-Eason, A. 539 Simons, F. 449 Siri, A. 525 Sommer, S.S. 631 Stark, G.R. 591 Stegemann, J. 675 Stewart, C.C. 684 Stocks, J. 690 Struksnes, K. 565 Sundaresan, V. 579 Tedder, D.G. 477 Tohda, H. 547 Tolstoshev, C. 637 Tops,C. 685 Tromp,G. 681 Trueb, B. 486 Ueda, T. 547 Ueshima, R. 461 Ugarova, T.Y. 665

Urra.J.M. 685 van Biezen, N.A. 686, 687 Van Dyke, M.W. 674 van Venrooij, W.J. 449, 455 Voss, H. 675 Watanabe, K. 547 Wedgwood, R.J.P. 673 Werner, C. 637 Wilkinson, M. 679 Wood, E.A. 443 Xiao, H. 688, 689 Yamagishi, M. 461 Yokoyama, K. 649 Zardi,L. 525 Zbar, B. 681 Zimmermann, J. 675 Zwarthoff, E.C. 686, 687

Addendum

Factor IX_{Basel}: a Swiss family with severe haemophilia B having a point mutation in EGF type B domain

by M.Alkan, M.Rodriguez Ponte, N.T.Malik, S.Hofmann, N.Bösch-Al Jadooa, Hj.Müller and E.M.Bühler

Nucleic Acids Research, 19, p. 409 (1991)

D.D.Koeberl et al. recently reported $FIX_{Toronto 2}$ mutation which Cys 56 within the EGF type B domain is substituted by thyrosine resulting also in severe haemophilia B (Am.J.Hum.Genet., 47, 202-217, 1990).

Corrigendum

Optimization of the annealing temperature for DNA amplification in vitro

by W.Rychlik, W.J.Spencer and R.E.Rhoads

Nucleic Acids Research, 18, pp. 6409-6412 (1990)

Equation (iii) from the above article is published below in complete form

$$T_m^{\text{product}} = 81.5 + 0.41 (\% \text{G} + \% \text{C}) + 16.6 \log[\text{K}+] - 675/\text{I}$$

Erratum

Structure and variability of recently inserted Alu family members

by M.A.Batzer, G.E.Kilroy, P.E.Richard, T.H.Shaikh, T.D.Desselle, C.L.Hoppens and P.L.Deininger Nucleic Acids Research, 18, pp. 6793-6798 (1990)

The publishers wish to apologize for an error which occurred during printing of the above article. Figure 1 appeared with an incorrect figure legend. The correct figure and legend are published below.

	10	20	30	40	50	60	70	80	90	100
	•	•	·		•				•.	• .
	eecceecececereec	TCACGCCTGTA	ATCCCAOCAC	TTTOGCAOO	CENOOCOOC	COGATCACGA	GTCAGGAGAT	CEACACCATO	COOCTAL	AACOG
NB 9195	•		• • • • • • • • • • • • •	•••••	T		•••••	•••••		• • • • •
BE C284			••••••••	•••••		••• A ···· T ···	•••••	•••••	•••••	••••
88 C3H1	******						•••••			
R8 C3H2			.							
BS C3H3										
88 C3H4	· · · · · · · · · A . · · · · · ·		• • • • • • • • • • •					••••••		
R8 C3N6	XXXXXXXXXX	· · · T · · · · T · ·	• • • • • • • • • • •	· · · T · · · · · ·				••••••		
28 C3W7	••••••	• • • • • • • • • • • • •	•••••	• • • • • • • • • •	•••••	•••••		•••••	•••••	
	•••••	•••••	• • • • • • • • • • •	•••••	• • • • • • • • • •		•••••	•••••	•••••	••••
	•••••	•••••	•••••	• • • • • • • • • • •	•••••		•••••	•••••	•••••	• • • • •
HE CANE				•••••••••	•••••	•••••	•••••	••••••	•••••	
MB G15W2	****	**********				•••••		•••••		
										
ES G18W2								G		
BB G19W1	c									
28 23W1	******		000000000	x						
MLVI-2	T									
2PA 25	•••••	•••••			•••••					
BB C4H5	· · · T · · · · · · · · · · · · ·	•••••	• • • • • • • • • • •	• • • • • • • • • • •		•••••	• • • • • • • • • • •		• • • • • • • •	
	110	120								
	110	120	130	140 *	150	100	170 :	180 1	.90	200
BS CON	TGAAACCCCGTCTCTA	CTANAATACA		COOCCETACT		CTOTACTCCCA	OCTACTTOOD			-
ES P185										
BS 2186				.	.					
BS C284				a	.					
BB C3W1							• • • • • • • • • • •		· · · · · · · · ·	
BS C3112						• • • • • • • • • • • •	•••••			
ES C3H3	•••••		• • • • • • • • • •		• • • • • • • • • •		• • • • • • • • • • •		• • • • • • • •	
BS C384	•••••	 .	• • • • • • • • • • •	• • • • • • • • • • •	· · · · · · · · · ·		• • • • • • • • • • •		••••	••••
BS C3N6	•••••	•••••	• • • • • • • • • • •	• • • • • • • • • • •	• • • • • • • • • •	• • • • • • • • • • •	• • • • • • • • • • •	• • • • • • • • • • •	• • • • • • • •	••••
ES C3N7	•••••	•••••	• • • • • • • • • • • •	• • • • • • • • • • •	• • • • • • • • • •		• • • • • • • • • • •		•••••	••••
	•••••	••••••	• • • • • • • • • • • •	••••••		· · · · · c · · · · ·	•••••	•••••	•••••	••••
	•••••	•••••	•••••		· · T · · · · · ·	•••••	•••••	•••••	•••••	
RE CANE		•••••			•••••		•••••	• • • • • • • • • • • • •		
RE 61582								• • • • • • • • • • • •		
HS G1091										
ES 61832										
BS G1991										
BS H3W1										
NLVI-2	x			x	x	x				
TPA 25		c	. x			. T G				
BB C4N5	· · · · · · · · · · . λ . · · · ·	c	x	• • • • • • • • • •		T .		• • • • • • • • • • •	••••	
	210	220	230	240	250	260	270	280	290	
NS CON	GAACCOGOGAGG			• . •						
MS P1N5		TT.								
HS PING	. T					· · · · · · · · A · ·				
RS C2H4										
ES C3N1										
RS C3N2	T	•••••	• • • • • • • • • • • •	•••••••••	• • • • • • • • • •	•••••		· · · · · · · · · · · ·		
BS C3H3	• • • • • • • • • • • • • •	• • • • • • • • • • • •	• • • • • • • • • •	•••••	•••••	•••••	• • • • • • • • • •	•••••	· · · · · · ·	
ES C3W4	••••••	•••••	• • • • • • • • • • •	••••••		• • • • • • • • • • • •	• • • • • • • • • • •	• • • • • • • • • • •	•••••	
ES C386	•••••••••		• • • • • • • • • • •		•••••	•••••••••	· · · · A · · · · ·		•••••	
	•••••••••		•••••		•••••	••••••••	. **		• • • • • • •	
ES CANA		•••••	• • • • • • • • • • • •			•••••	•••••	••••	•••••	
ES CANA				T		•••••				
ES CANS						· · · · · · · · · · · · · · · ·				
ES G15W2		T								
ES G18N1										
HE G1882							T			
ES G19W1						•••••				
HS H3H1						• • • • • • • • • • • •				
MLVI-2		xx	· · · · · · · · · · · ·	• • • • • • • • • •	• • • • • • • • •	•••••	•••••	•••••	•••••	
TPA 25		• • • • • • • • • • • • •		• • • • • • • • • • •		· · · · · · · · · . · ·	•••••	•••••	•••••	
ES C4N5		• • • • • • • • • • • • •	••••••	•••••	•••••	•••••	•••••			

Figure 1. Alignment of HS subfamily members. Alignment of TPA 25 (19), MLVI-2 (20), HS C2N4, C3N1, C4N4, C4N5, C4N6, and C4N8 (18), as well as several other sequences reported here. The HS-1 subfamily consensus (con) is derived from the most common nucleotide found at each position within the subfamily members. The HS-1 consensus differs from the consensus for older Alu sequences at five positions (shown as a star above the consensus) as previously reported (18). Nucleotide substitutions at each position are indicated with the appropriate nucleotide. Insertions are indicated with an ^. Deletions are marked by an X.