

E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alingments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments
E6 Alignments

E6 Protein Alignment

		-> putative Zn bind	
GROUPA.con	MHQKRTAMFqpaerPrkLhdLc??le?sihei?L?CVyCK??Lqrs		40
HPV31	--KN-----E-SSA--IPYD-LR-N-----GQ-TET		40
HPV52	--E---T---T--E--EV--E-V---R-Q--Q--KE---R		40
HPV35	-----Y-----NEV-E-----C-N-----QE----		40
HPV35h	-----Y-----NEV-E-----C-N-----QE----		40
HPV16	-----Q-----PQ--TE-QTT--D-I-E-----QQ-L-R		47
HPV33	----TE-K--T-----QA--TT--N-E-Q--E--KP----		40
HPV58	----AE-K--T-----QA--T-V---E-K--E--KT----		40
RhPV1	MKKGVTEENGATESGAYKLLKLWFFVAMVDCPGE-N-L--TI-E--EQR-ETL--LQ-E----LKE-T-I		70
		-> putative Zn bind	
GROUPB.con	Mesanastsa??idqLcKe?NlsmH?lqi?CVfCr??L?ta		33
HPV6b	-----TT-----TF-----T---N---KNA-T--		41
HPV11	---KD-----TS-----TF---L-T---Q-----NA-T--		41
HPV13	-----P-KT-----C-----S---L-----KT-S--		41
PCPV1	--K-----KT-----C--C--S---L-----KT-S--		41
HPV44	-----QS-----C-IP--N---L-----KT-S--		41
HPV34	-FFP-PEERPYPKLP--E-V-I-I-EIELD--Y-ERQ-YRC		41
		-> putative Zn bind	
GROUPC.con	MarFh?P?eRPYKLPDLcT?L?T?LqD?tIaCVyC?r?L?rT		33
HPV39	-----N-A-----T-D-T---I-----R-P-QQ-		42
HPV68	--L--N-E-----RT-D-T-H-V--D---R-Q-Q--		42
HPV18	---ED-TR-----E-N-S---IE-T---KTV-EL-		42
HPV45	---DD-KQ-----E-N-S---VS-----KAT-E--		42
		-> putative Zn bind	
GROUPD.con	Mm???Fen??ERPrtLH?LcEvlN??l??lql?CVyCKkeL??a		31
HPV51	M--DKR-----E---A--VSMHNI-VV-----CR-		40
HPV26	M--DPR-----E---S--TT-QN--VQ-----ET-QW-		40
HPV30	-AFK---TG-----V-H---QETS-LE---Q-----SSS		43
HPV53	-DRQL---TE-----Q---V-KP-LE---G--F--A-TAS		44
HPV56	-EPQ-N-PQ---S--H-S---EIP-ID-R-S-----TR-		43
		-> putative Zn bind	
GROUPF.con	M?trmsms??s??pr?iflLC??g?tl?dL?i?CifCk??L??a		28
HPV27	-R--AG--EENPC--N-----KQY-LE-E--RLL-VY--RRA-SD-		45
HPV57	--EENPC--N-----REY-LE-E--R-L-VY--RP-SD-		39
HPV2a	-H--AG--EENPC--N-----KEY-LE-E--RLL-VW--RP-SE-		45
HPV3	MAVA--MDANC-KN-----RNT-IGFD--RLH---TKQ-TTT		43
HPV10	--MGAQE--N-L---RNC-IP-E--RLC---TKQ-TA-		39
HPV7	--ARCG-T.A-TL-E--DQCNI--PT-Q-N---NSI-QT-		40
HPV40	--ARCG-Q.A-TLYE--DQCNI--PT-Q-D-V---TV-KT-		40
HPV43	--ARSC-QNA-T--E--DECNI--PT-Q-G-----KW-LTT		41
HPV32	-ASTSA-SQ-STLYQ--KDF-L--RN-Q-C--W--NH-TS-		41
HPV42	--G TSA-SQ--TLYQ--KEF-L--RN-Q-S--W--KH-TG-		41

E6 Protein Alignment

		-> putative Zn bind	
GROUPG.con	MASTSGVGSVGPASCm????p?t?rdlc????I?f?dl?l?C?fC???l??a		32
HPV1a	MATPIR-V-Q-SESLC-PYI-VL-P-N--NYF-SN-		36
HPV63	-DLTSVHSV---SSALR-P-I--VVP-N--LKF-TN-		37
HPV41	-----CETQK-H-I-E--LAQQ-TYPCIQ-C-HY-YKI-SVL		52
HPV4	-ADGR-A-LD-F-RRFD-S-F--R-T-I--SHTVDL-		37
HPV65	-ADGR-AALD-F-RRFD-S-F--H-T-I--SHTVDLQ		37
		-> putative Zn bind	
GROUPH.con	MATDSSSTma?a?a?e?ma??a??q???t?????lP?ti??LA??L?IP1?dcl?PCnFCg?FL?yl		41
HPV19	--N-Q-T-EEIEIVEEGTTAPQVTEPP--A--AG--AL-E---D---V-----K--SH-		60
HPV25	--T-N-.QSI...GPPEQAQVIQPP--A--TD--AL-E---D---V-----N--T--		55
HPV14d	-----DSADEGSPKSNYCDSTETKSSFIEPP--A--FG--NL-E---D---V-----N--TH-		68
HPV5	--EG-EH-QKL-EKDKAE--LS-RD--EA-G--VI---I-----N--N--		51
HPV5b	--EG-EH-QKL-EKDKAE--S--RD--ET-G---I--II-----K--N--		51
HPV5d	--EG-EH-QKL-EKDKAE--LS-RD--EA-G--VI---I-----N--N--		51
HPV47	--QK-LE-TTVKEEKL.E--T--RG--QL-D---V---L-----R--D--		50
HPV12	--QQ-DQ-.TV-DSTP.E--T--KE--DL-D---V---V-----K--DF-		49
HPV8	-DGQDKASYLD-NKD..E--S--KE--AA-G---Q--SV-----N--DF-		49
HPV15	MDRPK-FSVQQ--DT-C---V-I-L--R--QR--T-I		37
HPV17	MDRPK-Q-VRE--DT-C---V-I-L--R--NR--A-I		37
HPV9	MYLTEQIMDRPK-R-VKE--DT-V---I-L-I--K--NR--S-F		44
HPV49	MAR-VKVCE--HH-N--IWEV-L-----TG--T-Q		35
		-> putative Zn bind	
GROUPI.con	MFWGAL????P?S??m?lqs?????????l?C??C??l?v		18
BPV1	-D-KPFARTNPFSG-D-LW-REP--E-		27
BPV2	-D---FSRGNPFSG-A-VW-REP--E-		27
EEPV	MCGECYAY-T-IW-KKG-DK-		21
DPV	MSADYYEH-Y-VF-YCV-GK-		21
COPV	-----LSMER-T-VRDLCM-LKLSLLDLS-A-KF-GNNI-NI		43
CRPV	MENCL-R-LEKLQ-ILQISLEDLPG-IF-GKL-GAA		37

E6 Protein Alignment

```

putative Zn bind      <-
GROUPA.con EVYdFaf?DL?iVYRdg.nPygvC?kCLrfySKiSEyRhY?YSvYG?TLE??nK?lc?llIRCI?CQ?P      97
HPV31      --L---T---T-----D.T-H---T-----V--F-W-R-----T---KLT--GI-D-----T--R-      109
HPV52      ---K-L-T--R-----N.-----IM---L-----Q--L--K---ERVK-P-SEIT---I--T-      109
HPV35      -----CY--C-----E-.Q-----M---K-----W-R-----E---KQC--Q--H-----T--K-      109
HPV35h     -----CY--C-----E-.Q-----M---K-----W-R-----E---KQC--Q--H-----T--K-      109
HPV16      -----R--C-----.-A--D---K-----C--L--T---QQY--P--D-----N--K-      116
HPV33      -----A--TV-----E.---F-I-KL---L-----N---N---QTVK-P-NEI---I--R-      109
HPV58      -----V-A--R-----.-FA--KV---LL-----N--L--D---QTLK-C-NEI---I--R-      109
RhpV1      -----RW--RL-H-Q-.K-----PI-----RK--R-E--I--C---RRTR-Q-VEV---YC--K-      139

putative Zn bind      <-
GROUPB.con EvY?fayk?L?vv?Rg?.fPfaaCacCLe?qqKinQyRhfnYagya?TvEeeTn??ildvLIRCylChkP      93
HPV6b      -I-SY---H-K-LF--G.Y-Y-----FH-----D-----T-----KQD-----      110
HPV11      -I-AY---N-K--W-DN.-----L-----A--P-----ED--K-----      110
HPV13      ---A-Q--S-YI--W--Q.-----I-----F---DF--F-V---D-KQS-----      110
PCPV1      ---A-Q--D-NI-WQ-N.-----I---V-----DF-A--V---I-KS-F--R-----      110
HPV44      ---S---Q-Y--Y--N.-----I---L---V--F-----V-----KS-----      110
HPV34      ---D-IFRD-C--Y-KG.K-LGV-QP---LFYS-VR---RY-QSV-GR-L-NL--KQLCNI---GK-Q--      110

putative Zn bind      <-
GROUPC.con EVYeFAFkDL?vVYRdg.iplAAC??CI?FY??IRELRYsDsvY?tTLEkiTNTkLYnLlIRC??C?KP      92
HPV39      -----S--Y-----E-----QS--K--AK-----A---N-----MC-L--      111
HPV68      -----G--N-----V-----QS--K--AK-----E---A---T-----D-S---MC-L--      111
HPV18      --F-----F-----S.-H---HK--D--SR-----H-----GD---L---G-----LR-Q--      111
HPV45      --Q-----CI---C.-AY---HK--D--SR-----N---GE-----E-----LR-Q--      111

putative Zn bind      <-
GROUPD.con eVYNfA?tDlr?vYRdg.?PYavCk?ClfYsKvrkyR?Y??SvYGatLealTKK?L?dLlIRCyRCQ?P      89
HPV51      D---V-F-EIKI---N.N-----Q-----I-E--R-SR---T---I---S-Y--S---H---R-      109
HPV26      D---IC--V---R.S--A--R-VI---ITE--R-TC-----S-CN---H---M-      109
HPV30      -----CK--L---ED.S-----NF-----I-H-NY-L---S-V-----E-F-----Q-      112
HPV53      -----Y---V---G.Y--G---F-----L-Y-NC---S-----K-S--S-----H-      113
HPV56      -----C-E-KL---D.F-----RV-----Y-DY-----SI---Q-C-----S-      112

E7 start for HPV3, HPV10, HPV42 ->
putative Zn bind      <-
GROUPF.con evlafaf?eL?vVWrkg.fPy?AC??CL??gk?rqyrhw?ysay??tVEeETg??i????iRCy?ChkP      78
HPV27      D---IK--S-----.-FG--GK--IAA--L-----H--C-GD---T---IP-PQLFM---I---      114
HPV57      D---VK--F-----.-G--EK--IAAA-L-----H--C-GD---T---IP-PQLFM---I---      108
HPV2a      DIW--IK--F-----.-FG--GK--IAA--L-----H--C-GD---T---IP-PQLFM---I---      114
HPV3      -LQ---LR--N---R.A-G--AR--LVE-IA-RLKY-E--Y-VSG-----KQS-DTQQ---M---      112
HPV10      -LA---LR--YL---A.V--G--AR--LLQ-IV-RLKY-D--Y-VEG-----KQS-YTQL---M---      108
HPV7      -----R--Y---ND.-FA--VK--EFY--VN---NFR-A--AP-----LT-LEVR---CK---      109
HPV40      -----R--Y---DD.-HA--PR--DLH--VN---NFR-A--AP-----LT-LQVR---CK---      109
HPV43      ---S---RD-R---D.Y-FA--LA--QFH--IS---FD-A--AD-----KQTVFDLC---CK---      110
HPV32      -AY-YH-KD-H---K--.-A--AF--EFYS-VCAL--YDR--FWH---Q---LLLEEQI---AI-Q--      110
HPV42      ---YH-KD-V---D.-A--AF--EFNS-ICAL--YER--FWY---K---LLLEEQQ---AL-Q--      110

```

E6 Protein Alignment

```

putative Zn bind          <-
GROUPG.con d?lFd??L?Lvwr?n.???acCs?C?R??alleF??y?q?S??a??lee????l??i??RCv?Cl?l      68
HPV1a      EKL---HFD-H----D-.LVFG--QG-A-TVS----VL-Y-E-YEVPEI--ILDRP-LQ-EL---T-IKK      105
HPV63      EKL---YFD-H-I--D-.FVF---QC-A-HVS----ML-Y-E-FEVSEV--LLNQP-VN-GL---T-TKK      106
HPV41      -IYA--QSC-Y-S-GEG.GPTGI--Q-T-VL-R---TARHEV-CA-SR-PHFIGQS-SDLEV---R--A-      121
HPV4       -LA--YLKK-S--F-G-.CY--E-L-LS--F-QEN-F-C-IK-VH---IAQKKIKE-CI--IC--R-      106
HPV65      -LAS-YLKK-S--F-GG.CYY---E-L-LS-RF-QEN-F-C-IK-VN---VAQRKIKE-CI--IC--R-      106

putative Zn bind          <-
GROUPH.con E?cefd?K?l?LiWk???VfacCr?Cc?atAtyEFn?fyegtV?grdiE???g?sifdidiRCgtCl?f      94
HPV19      -A----D-R-S----GH.L-Y---W--T----F---E---H--T--E--FVT-K-V---V--N-MRY      129
HPV25      -I----E-R-S----EY.L-Y---C--T----F---E---S--T--E--DVT-K-----V-----MKY      124
HPV14d     -V----E-K-S----GH.C-----V--T-----E---S--E--E--SVT-K----V-V--Y--MK-      137
HPV5       -A----Y-R-S----DY.C-----V--G-----Q-----L-----LAS-L-----A-      120
HPV5b      -A----Y-K-S----DY.C-----V--G-----Q-----L-----LAS-L-----A-      120
HPV5d      -A----Y-R-S----DY.C-----V--G-----Q-----L-----LAS-L-----A-      120
HPV47      -V----Y-K-T---DY.S-Y---L--S-----V--Q---L-----LAT-L---E-----H---S-      119
HPV12      -V-D--K-Q-T---GH.F-T---S--A---I---E--Q---L-----LAT-K---Lk-----S-      118
HPV8       -L----K-R-C---NY.V-T---C--V---F---EY-----L-----LAT-R---E--V---N--S-      118
HPV15      -LVSLNR-G-Q---TEEDF-----SS-AF---QF--SN---S-CSWE--IVEQKPVG--I---KF--KK      107
HPV17      -LVA--L-G-Q---TEEDF-----SS-AY---Q---SK---S-S--EL-EIEHKP-GE-P---KF--KK      107
HPV9       -LLN--H-C-Q---TEEDL-YGL-SS-AY-S-QL--TH-FQFA-V-K---TVE-TA-GN-C---RY-FKL      114
HPV49      -LL---Y-DFN-L--DG.F--G--AA-AYRS-YH--TNYHQEI-V-IE--GRAAAN-AE-VV--LI--KR      104

putative Zn bind          <-
GROUPI.con ?a?rc??k?f??v?r?g.???g?Ct?Clenc1?ler?l??g?pvt?eeae?l?gk?l??lciRC?yCgg?      60
BPV1       D-F--MV-D-HV-I-E-.CRY-A--I-----AT--R-WQ-V---G---L-H--T-DR-----C---K      96
BPV2       D-F--MI-D-HV-Y-D-.VKF-A--T-----DK--R-WK-V---G---QL-H--S-DR-----C---K      96
EEPV       D-K--HE-KIRIAC-N-.KHCAV--S---G-Y---S-FP-R-IYPGDLY.EPDPVVMFND---M---C      89
DPV        E-R--YD-KIRT-V-G-.LRCAV--A---KG-Y---V-NAPQ--YQGSI-.EPDPFIQKA---M---I      89
COPV       EKLLFDKAG-QLIW-EN.NAF-C-QY-ARV-SVV-QCFGSHRHL-S--LVNVT.-T-QQ-SL--LG-LSI      111
CRPV       EKQLFRCTGLCI-WHK-.WPY-T-RD-TVLSCA-DLYCHLALTAPAL---A-V-QEISSWFM--TV--RS      106

```

E6 Protein Alignment

```

      putative Zn bind          <-
GROUPA.con LCP?EKqRHld?kkRFHNI?GRW...tGRC??Cwr?.....??RreTqv      130
HPV31      ---E-----K-----G---...----IA---R.....P-T-----      149
HPV52      ---E--E--VNAN-----M---...----SE-----P-PV---      148
HPV35      ---V-----EE-----G---...----MS--KP.....T---E-      149
HPV35h     ---V-----EE-----G---...----MS--KP.....T---E-      149
HPV16      ---E-----K-Q----R---...----MS-C-S.....SRT-----L      158
HPV33      ---Q--K--V-LN-----S---...A---AA---S.....R---AL      149
HPV58      ---Q--K--V-LN-----S---...----AV---P.....R--Q---      149
RhpV1      ---I-----V-QGQ---R-A-Q-...----LM---P.....TVP---PDTDQQGSSFLQA      191

```

E7 start for HPV6b, HPV11, ->
HPV13, PCPV1

```

      putative Zn bind          <-
GROUPB.con LCevEK?rHil?kaRFikln??W...kGRC?hCwt?.....cme??lp      125
HPV6b      -----VK---T-----CT-...----L---T.....DM--      150
HPV11      ---I--LK---G-----NQ-...----L---T.....DL--      150
HPV13      -----L---Q-----SS-...----F---SS.....NI--      150
PCPV1      --D---L---E-----CE-...----F---S.....NI--      150
HPV44      --H---V---D-----QDT-...----F---S.....TI--      150
HPV34      --PL--Q--V-DENK--HQIADQ-...T---TQ--RP.....SATVV      148

```

```

      putative Zn bind          <-
GROUPC.con LnPAEKlRHLnsKRRFHkIAG?y...?GQCr?C?t??R??R?r?RrETQV      129
HPV39      -C-----S-----T---R-W-TK-ED-RLT-----      158
HPV68      -S-----NF...T---H-W-SK-ED-R-T-Q----      158
HPV18      -----E---N--H-...R--HS-CNRA-QE-LQR-----      158
HPV45      -----R---KD-----S---Q-...R--NT-CDQA-QE-L-R-----      158

```

```

      putative Zn bind          <-
GROUPD.con LtPEEKQlhcd?KkRFH?Ia??W...tG?Cl?Cwr...??r??tEt?V      120
HPV51      -G-----KLV-E-----E--GR-...--Q-AN-----QRT-QRN--Q-      151
HPV26      -G-----RIV-E-R---E--GQ-...K-L-TN-----PR-Q---Q-      150
HPV30      -----EY-----R-SRT-...--L--Q-----HTTS---A-      153
HPV53      -----Y-----K-SHM-...--S--T-----HTTA--SA-      154
HPV56      -----R-R---L--HG-...--S--G-----QTS-EPR-ST-      155

```

E7 start for HPV7, HPV40, HPV27, HPV57, HPV2a ->

```

      putative Zn bind          <-
GROUPF.con Ls?eEK??hiv??rfhkisg?W...tG?C??Cw??C?e??p?s?Tl?      105
HPV27      --W---EALL-GNK---N---R-...--H-MQ-GST-TAPD-A-R--H      159
HPV57      -CW---EALL-GNK-----Q-...--H-MN-APR-M-NA-ALR-SH      153
HPV2a      --W---EALL-GNK---N---R-...--H-MN-GSS-TATD-A-R--H      159
HPV3       -VK---DR-RNEKR-L-----H-...R-S-QY--SR-TVRI-R      152
HPV10      -VR---DR-RNERR-L-----Y-...R-S-EY--SR-TVRI-Q      148
HPV7       --PV--TN---KKTQ-F-LQDS-...--Y-LH--KK-M-KGQR-E-SC      154
HPV40      --PV--TN---KKTQ-F-LKDS-...--Y-LH--KK-M-KGQR-E--C      154
HPV43      --PV--VQ---QKAQ-F--HSV-...K-Y-LH--KS-M-KRRR-E-MC      155
HPV32      --PS--DH--YNGRH-RF-LNR-...--R-TQ-RE      142
HPV42      --QS--NH--DTGT--QF-LCQ-...--R-TH-RGQ-V-RRLP      150

```


E6 Nucleotide Alignment

	E2 binding site	E2 binding site	TATA box	
	->	<-	->	<-
GROUPA.con				ATG 3
HPV16				---
RhPV1	ATGAAAAAGGGTGTAAACCGAAAACGGTGCAACCGAAAGCGGTGCATATAAAAAGCTCCTGAAACTTTGGT-T			72
GROUPG.con			ATGGCATCAACAAGCGGT	18
HPV41			-----	18
GROUPH.con	ATGGCGACAACACTGACTCTTCAACAatggctac?Gca?A?GcT?c?gaaca?atggctgag??g			57
HPV19			-----AC---C-G---A-A---G-AGA-ATA--AATT-TA	42
HPV25			-----A--T---A-T---...-----G-GCATA.....	30
HPV14d			-----GACAG-G-A-ATG-A-G-C-TTCT-CT-A-AG-A-CTATTGT	66
HPV5			-----GGA---	15
HPV5b			-----GGA---	15
HPV5d			-----GGA---	15
HPV47			-----C--AAG--T	15
HPV12			-----AC--CAG---	15
HPV8			-----AC-G-CAG-A-	15
	E2 binding site for HPV16 ->	<-		
	* RNA start site from P(97) for HPV16			
GROUPA.con	CACCAAAAAGAGAACTGCAATGTTtcAggAccCagc?gaacgACC?cg?AaatTgCatgAttTgtGc?a?G?g			69
HPV31			-----CA-AA-T--T--A---A---T--G-----AC-AA--TCG-CA	54
HPV52			-----G---T---AAC-----C--G-CCC---C--A-----TG-G-T-	54
HPV35			-----T-----TTAC---C-----A-C-A-	54
HPV35h			-----T-----TTAC---C-----A-C-A-	54
HPV16			-----CAG--G---CA-A--G--A-CAC-G--A--ACA-A-	75
HPV33			-----A--A-T-AG---AA--A--A-C-----C-A-CA	54
HPV58			-----C---G--G---AG--GAA--A--G-C-----TC-G-C-	54
RhPV1	TTTGTGGCA-TGGTA-ACTGCC-C-GGC--G---AAC---TTG--CA-G-CCA-T--C--AC-A--G-GCA-			144
GROUPB.con	ATGgaaagTgcaaATgCctccacg?ctgCAa?aacTaTAGaccagTTgTGcaAg??G			53
HPV6b			-----T-----CG--C-----AC-	57
HPV11			-----AA-G-----T-----C-T-----AC-	57
HPV13			-----C-----A-----GA-	57
PCPV1			-----AA--T-----T-C--A--G-----GA-	57
HPV44			-----T-----CA--G-----GA-	57
HPV34			---TTTTT-C-C---C-TGAGGAACGGC--TAC-AGC--CCAGCC--A--TG-AGA-	57
	* RNA start site from P(105) for HPV18			
GROUPC.con	ATGGCGCg?TTT?Ac?AtCC?T?T?aaCG?CC?TACAA??T?CCaGA?cTGTGCac??a			43
HPV39			-----A---C--A---TGAG---G--A---AT-G---C-----AACG	60
HPV68			-----TA---C--A-C---TGAGG---G--A---AT-G---C-----GGAC-	60
HPV18			-----C---G-GG---AACACGG--A--C---GC-A-T--T-----GGA-	60
HPV45			-----C---G--G---AAAGC---A--C---GC-A---TT-----AGA-	60
GROUPD.con	ATGatgg?tc??ataTTcgAaaAtaca?g?GAacGaCCacGaAc?cTgCAccA?cTatGTGAagt?			58
HPV51			--G-----G-C-AGA-G---A-----G-----TG-AT-----CT	54
HPV26			--G-----GG--C-TA-A-----CA---G--A--TG-G-----AGC	54
HPV30			----C-TTC-A---T-----G-C--G--C---T--TG-----T--T---G--A	63
HPV53			---GATCG--AGT---T-----GAA--G-----T--AT-----G-----T	66
HPV56			---AG-CACA---A-C---C--CAG---T-----GC-----CT-GA---G--A	63
GROUPF.con	ATGC?CAcaaggatggc?atgtct??G??c?cca??c?ag?AacaTaTttctacTgTGcaaa?Ag			54
HPV27			----G-----GCA-GG---AGAA-AGAAT---TGC--T--G---C---T-G--T---C--	69
HPV57			-----GAA-AAAAT---TGC--T--G---C---G---G--	51
HPV2a			----A-----GCA-GG---GAG-AGAAT---TGC--T--G---C---T-G--T---G--	69
HPV3			-TGGCAG-A--C-----ATG-ATG-AAACTGC--A-AA-----G-A-C	63
HPV10			-----CATG-GTG-A-AGGAA--C--A-----G--TT---T-G-A-T	51
HPV7			---T-TGCAG-TGC-GCT-CA--...G-T--A-CTT---GA-T-A--TG-CC--	54
HPV40			---T-TGCACGGTGC-GCT-C-AG...G-C--G-C-C-G-A-GA-----TG-CC--	54
HPV43			---T-TGCACG-AGCTGCT-C-A-AACG-AC-G-CT-----GAGT---TG-TG--	57
HPV32			-----A-GTA--TCT-CCT-AT--CAG--A--T-CAT---AC-A-T-----G-T	57
HPV42			---T-AGGTA-ATCT-CCT-AT--CAG--AC-C-CAT---AC-A-T---T--GG-A	57

E6 Nucleotide Alignment

GROUPG . con	GTGGGATCCGTCGGGCCTGCAAGCTGTatgg??g?g???a?acc?c??aCc?T??g?gA?tT?tgC??a?g?	70
HPV1a	ATG-C-ACACC-ATC-GG---G-CA-AC-GC-T-C-GA-A-C	42
HPV63	----ACCT-ACATCTGTA-ATT-GG-TC-G--TC-GA-TTCTGCT	45
HPV41	-----TGC-AGAC-CAG-AG--A-AT---A-AC-G--G--G--TTTGGCG	90
HPV4	----CA-ATGGC-G---TGCA---T-GGAC--C--C---AG-C-A	45
HPV65	----CA-ATGGC-G---TGCA-AT-GGAC--C--C---AG-C-A	45
GROUPH . con	ga??a?caa?a?a?t?acaga?aa?a???ag???gca?taCct?caactaTta??ga?tTaGctga??c?	105
HPV19	--AG-GGG-ACT-CTGCAC--C-GGTC-CAG--CCAC--T----AG----A---GCT-GA-----A-CATTG	114
HPV25	. . .GGA-C-CCAGAGCAAG-GC-GGTT-TAC--CCAC--T-G--AG----A----CT--TC----A-CTTTA	99
HPV14d	--TAGCAC-G-A-CCAAAT-TTCTTTT-TAG--CCAC--T----G-----ATTT-GC-----AA-CCTA	138
HPV5	--AC-C---C-G-A-C-G-----A--AGATA--GCA-A-T-----TT--G-----GA--C-----AG-C	87
HPV5b	--AC-C---C-G-A-C-G-----A--AGATA--GCA-A-T-----T----C----GA--C-----AA-C	87
HPV5d	--AC-C---C-G-A-C-G-----A--AGATA--GCA-A-T-----TT--G-----GA--C-----AG-C	87
HPV47	TTGG-A--GACT-C-G-T-A---GG-A-AGCTA . . . -A-C-----A-T-----GA-GC-----C-ATTG	84
HPV12	--TC-G--G . . . -C-G-G-----C-GT-CGCCT . . . -AGC-G--CA-----AA--G-----CCTT	81
HPV8	A-GGCTTC-T-TTT-GAC--TA-T--GGAC -AGC---CT-T-----AA--G-----CGG-T	81
HPV15	-TGG-TAGGC--AAG---TTTT--G-GCAGC-GC-T--A--CA-T	45
HPV17	-TGG-TAGGC--AA----CA---AG-G-GG--GC-T-----TA-C	45
HPV9	ATGT-TTT-ACAGAGC-G-TT-TGG-CAGGC--AA----AG---AG-A-AG--AC----A--CA-T	66
HPV49	ATG--TAG----GTT-AGG-ATGT--GC----CC-CCAC	39
GROUPI . con	ATGTTTTGGGGGCACTG?T???A????C??CC????TCG?T???a?g??cctg?aaact	38
BPV1	-T-GA----A--C--	15
BPV2	-T-GA----C---G-	15
COPV	-----T-ATCA-TGGAG-GC--GACG---G-GAGAGATCTTTGCATGT--	63
CRPV	A-GGAG-ACTGC-TG--ACGC---C-AGAG-A-CTG-A-C---TA	45

E6 Nucleotide Alignment

		3' sj for \\ HPV16	
GROUPA.con	?TggAaa?Aac?at?cAtgAaaT??gatTgaA?TGtGT?tAcTGCAaa?aa?a?ttAcagcgaagtGAGGTA		130
HPV31	T-----T-C-CTACG-----C-AA-----T-----C-----GGTC-G---ACAGA--CA-----		126
HPV52	C----GA-T-GG-G-----AA-GC--C-G-----GC-G-----A--G-GC---A-----A-----		126
HPV35	G-A--GA--GC--C-----TT-T-----T-----A-----C--G-A-----G-----		126
HPV35h	G-A--GA--GC--C-----TT-T-----T-----A-----C--G-A-----G-----		126
HPV16	C--C---C---T---A-----T---AAT---AG-A-----G-----GC--C-G---T---C-----		147
HPV33	T---G-C---T---A---CA-C---TGA-C-AC-G---C---GG-A-----A---CCT--G--A---TC-----		126
HPV58	T---G-C-T-TG-G-----CGA-----A--C---TG-A-----A-GACT--G-----TC-----		126
RhPV1	CGT--GGAG--CC-G--C--GC-TCA---G-G--C--G--T---CTGA-GG-AC--ACA--C-T-----		216
GROUPB.con	tt?AA?cTtTCTaTgCA?ac?tTgcAAaTtca?TG?GTGTtTGCa?gaa?gcaCTG?cCAcagcaGAG?T?		114
HPV6b	--T--T--A-----T--G-----A-T--T-----A--T-----A-----A-T		129
HPV11	--T--T-----T---C--TC-----G--C-----G---T-----A-----C-----A-A		129
HPV13	-GC--C-----C-GC-----TA-C-----C---G---AA-C---T---G-----G-T		129
PCPV1	-GC--C---G-----C-GT-----TTA-C-----G---AA-C---T-T--T---G-G		129
HPV44	-GC--CA--C-----C-ATC-----TTA-C-----GA--AA-GT-AAGT--T---G-T		129
HPV34	G-C--CA---A--A--TGAAA-AG--T-GG-C--T---A---GAACGACA---TA--G-TGT---G-A		129
GROUPC.con	?TG?AcAcC?Ca?TgCAaGAC?T?acaATagcCTGTGT?TATTGCA?aa?accA?T??AaCg?ACaGAGGTA		102
HPV39	C--G-----A-CT---G---A-T-----C-----G-CG---C-AC-G-AA--C-----		132
HPV68	T--G-----A--T---T---G-T-----A-----C-----G--GG-A-C-AC---G-----		132
HPV18	C--A---TT--C-----A-AGA--A-----A-----AG-C-GT-T-GG---TT-----		132
HPV45	T--A-T--AT--C-A-----G-AT-T--T-----A-----A-GC-A--T-GG---C-----		132
	GT repeat in HPV51 -> <-		
GROUPD.con	ttgaA?a?a?CttTgct?gAtcT?cag?Ta??gTGTGTaTatTGcAAgaAggaatTa?ca?g?gCaGAgGTA		119
HPV51	-----CGTtT--A---ACA--A-A---G--GT-----G-----T--A-----TGTA-A-----T---		126
HPV26	-----T-CTA-----AAA--T-G---G--CA-----G-AACC---CA-T-G--T--T---		126
HPV30	CAAG-A-C-T-G---G--G--A---C--CA-----T-CA-CT-----		135
HPV53	G---T-A-C-A---G--G--G--AC-TGGC-----G-TC-----C---GA--GCGT-----		138
HPV56	--AG-A-T-C---AA-T---TAGAT--TCA-----A--A---C--A--C-T--T-----		135
GROUPF.con	t?tggt?Tg?c?tTggaggattTgCGaaT???cTGcaT?T?tTGcAaaa??c?gtTaacag??gCtGA?gtg		111
HPV27	-A---C---GAGC-A-----A--T-GCT---G-G-A---G-CGAGC-C-TT---AC-----T--A		141
HPV57	-A---T---GAGC-A-----A---ACTG---G-G-A-----GCGG-C---T---AC-----T---		123
HPV2a	-A---T---GAGC-A-----T-GCT---TG-A-GG-----CGG-C---T---AG-----CA-A		141
HPV3	ACC--AA-AGGA--T--C--CC-T--CC-GCA-----A-TC--T-CG-AA-A-C-G--TACAA-----AC-A		135
HPV10	-G---AA-AC-T-----CC-T--CC-GTG---T--A-T-----C--AA-A-C-G--C-CA--G--AT--		123
HPV7	-GCAA-A-AA-A---CCTACG---A---TAAT-----A-T--T--C-GCATT---CA-ACA-----G---		126
HPV40	-GCAA-A-TA-A---CCTACG---A---TGAT--TG-G-T-----G-CGTCC---A-ACA-----G--A		126
HPV43	-G-AACA-AA-T---CCTAC-C---A---TGGG-----A-T-----G-AGTG---CTTACCA-G--A--A		129
HPV32	-T---GC--A-CC--CG-A---A-A---CTG---T--T-GG--T---AC-AC-----CAGT-----A-C-		129
HPV42	-T---GC--A-A---CG-A---A-AG--TTC-----T-GG-----AG-AC-----GC--A--G---		129

E6 Nucleotide Alignment

GROUPG .con	ctc?atAT??C?TtT?ttgattTgc??cTt?ctTGtaaTtTTGtt?t?Atatt?Tt??t?ttgc?GAtatt	127
HPV1a	---TG---CC-A-A-A-----G-TTTAT-GC-----AA-T--T--T-GTC-AA---T--G-AG	114
HPV63	---CG---CC-A--A-----GTTG--C---C-----C-TGA-AT--C--ACAAA---T--A-AA	117
HPV41	-AGC-G--AA-T-A-CCATGCA-A-AG--CTGC--CC---A---C-A-A-G--CC--AGCG-ATTG-----	162
HPV4	T--G-C--TT-C---T-----GC---A-----T-----C-C---C-G-CGA-C----G---C--	117
HPV65	T-TG----TT-T--T-----AT---A-----T-----C-C---C-G--GA-C-GCAA---C--	117
GROUPH .con	tTag??AT?CCttTagttGAttgttta?TaCctTgcAa?TtTtGtgg?aa?TtTtTaacttatttaGAagt?	169
HPV19	C---AA--A--G--G-A---C-----G-G-----T--T--C-----C--G-----T-AC-----CG	186
HPV25	--G-AA--T--A---A-----C---G-----C--C-----C--C---C---A-----GA-C	171
HPV14d	--G-AA--A--AC---A-----G-----T--C-----T--T---G---C-----C	210
HPV5	---GC--C---G-GA-----A-----T--C-----C--C---C---A-----G---CT	159
HPV5b	---GC--C---C-TA-----A--A-----T-----T--A-----A-----G---CC	159
HPV5d	---GC--C---G-GA-----A-----T--C-----C--C---C---A-----G---CT	159
HPV47	---AC--A-----A-----GC-----C-----C-GA---C-TGAC-----T	156
HPV12	---AT--A-----C-----GG-----T-----C--A--G--C---GA--T-C-G-----G	153
HPV8	---GT--T--A--GCAG--C---C-G---G---C-----T--C---GGA--TC-----C-G	153
HPV15	C-GTGT--A-----A---ATA---T-G---T-GA-----CAG-GA-----A---A---T-A	117
HPV17	--GTGT--T--A-----G---AT---T-----GA-----AAT-GG-----G---CA-----T-G	117
HPV9	C-T-TG--T-----A-A---TG--GA-----T--A---CAAT-GA-----T-----T--GC-A	138
HPV49	---AAT--A---A-TTGG--AGT---GC-T-----T--T---CACGGGG---C---A---CAG--GT-G	111
GROUPI .con	tT?a?gagagcc?atc??ta?tca??g?T?gc?TGtataT??TGcaggaag??tcTt?ca?a?gtaGA?gct	91
BPV1	--TGCA--A--A---CA-TC--GG-T-G-AT---C-G-GG---AG--CC---A--G-A--T--T---	87
BPV2	--TTCC---G-A---CT-TC--GGAT-G--C---G-T-GG---G--CC---CA--G-A--T--T---	87
EEPV	-T-T-T-G-G-ATGC--TG--TACC-CA-C--C--C-GG---A---GGCT-AGATA-G-----T--A	69
DPV	-T-TCT--TG--TAC--TGA-CATC-ATAC---G---TT--TACTGTGT---GG-A-G--G--A---	69
COPV	C-A-A-CTCT-TTTG-TTG-TCTGTC-C-T--T--C-A--TT--TG-C--TAA-A-AA--A-TA---AAAG	135
CRPV	--ACAA-T-T-ATTGGAGG-C-TGCC-T-T-GT-----TT---G---ATTG---GGGCT-C---AAAA	117

E6 Nucleotide Alignment

GROUPA.con	TatgAcTTTgcaTtt?caGATTTa?gaaTaGTaTATAGaGA?gg?...aatCCatAtGgagTaTGta??aaa	193
HPV31	-TA--T-----A-----AC-----G--C-AC...-CA--C-C----G----CA---	195
HPV52	--CA-G---CT---A-----C-----CAAT...-----C--G----TT-TG	195
HPV35	-----GCTAT---GT-T-----A--C...C-G-----C-TG---	195
HPV35h	-----GCTAT---GT-T-----A--C...C-G-----C-TG---	195
HPV16	-----T---CGG-----T-C-----T--G...-----CT-----GAT---	216
HPV33	----T-----G-----AC-G-T-----G--A...-----T---A-----AACTG	195
HPV58	-----T---G-----A-----G-----T--A...-----T--C-----AAGTG	195
RhPV1	----T-----CGGTGG-----A--T-G--GC-----C-A--C...--G-----C--G-----CCC-T-	285
	E2 binding site in HPV34 -> <-	
GROUPB.con	TATgcaT?TgcaTaTaa?aa??TA?a?gTtgTgTg?cGAg?cg??...t?cCattTGc?Gc?TGtgcacgc	170
HPV6b	---T---A-----AC-CC--A-G--CC---TT---G--GC...-A-----A---A--C--C--G---	198
HPV11	-----A--C---G--CC--A-G-----G---A-AAC...-T---C-----A--G-----C--T	198
HPV13	-----T-CAG---G-GTT--T-TA-A---G---GACAG...-T-----G--T-----	198
PCPV1	-----T-CAG---GG-TT--A-TA-----G-AG-G-AAT...-T-----G--C-----T	198
HPV44	---T---TC-----AC-GT--T-T--A---AC---GAAAC...-T-----A--C-----CATT	198
HPV34	---AT-T-AT--T--GAG-TT--TGT-----A-ATA--AAG-GG...AAA---C---GG-TA---CA-CCG	198
GROUPC.con	TaTgAATTGCaTTTa??GatTTataTgTaGt?TATAG?GACgG?...?tAcCa???GCTGCATGCCA???A	159
HPV39	-----GT-----A-----G-----G...GA---CTA-----ATC-	201
HPV68	-----C---GGT--C---A-----A-----G-----G...G---TTA-----ATC-	201
HPV18	-T-----AA-----T--G--G---A--A-T...A---CCAT-----TAA-	201
HPV45	---C-----T---AA-----G-A---G---A--T-T...A--G--TAT-----TAA-	201
GROUPD.con	TATAATtTtGCAt?tactGA??TaAga?TaGTaTATAGgGAtga?...a?tCC?TATGcaGtgTGCAaa?ta	180
HPV51	-----G-A---T-----AA-T-AGA-T-----A-T...-A---A-----A-----CA-	195
HPV26	-----AT-TG---CC---G-----A--AGG...-G--G---T-CA-----AG-	195
HPV30	-----G--AA--TT---C-G-----G--C...-GC--A-----TT-C	204
HPV53	-----A--A--TC---G---G---A--C-GG...TA---G---G-----T-C	207
HPV56	-----GC---AT--A-T---G-----T...TT--T-----G-G--	204
GROUPF.con	ctgGCaTttgcatTtaaaGAatTgtatgTaGTGTGgagaaagGgc...tt?CCatAtGg?GC?TGtgcac???	174
HPV27	T-----A-A-----C---C-----...-C--T-T---A--A---G-AAA	210
HPV57	-----G-A--G--C---T-----A...-C--T---A--A---A-AAA	192
HPV2a	TG-----A-A-----C---T-----...-C---T---A--C--C-G-AAA	210
HPV3	-AA-----ACGG--C--A---G-----G---A...GCG--C--C--T--T-----CGG	204
HPV10	GCA-----C--G---A--T-G-----GC--A...G-G---C--T--C-----CGG	192
HPV7	-----C-----G---G--A-----C-C-C-A...-T--T-T--CA--G---T-AAG	195
HPV40	-----C---C---G---G--A---T-----C-CG-C-A...-T---C-C-CC--A--C---CGG	195
HPV43	T-AT-G-----G--T--AAGG--T-----C-CG-C--A...-AT--G-T--CT--A--CTTGCC	198
HPV32	TAT---A-CAT-----T--C-C-----AG--A...-T-----CC--C-----CTTC	198
HPV42	--C--G-ACCAT-----T--GTA--G-----G---A...-T-----CT--A-----TTT	198

E6 Nucleotide Alignment

GROUPG.con	????tTTgAtcata??a?cTg?attTagtcTggaGaGa?aat...tg????t?GcatgtTGTtctga?	179
HPV1a	CTGC-T-----TTG-TT--C--C-T-----C---...-TGGTG-T--G---C---CAA-GG	183
HPV63	TTGC-G-----T--TTG-CT--C--C-TA-----C---T---...-TCGTG-T--T-----CAGTGC	186
HPV41	TACGCT--C--C--G-GCTGT--T-C---TC---G---AGGG...G-GCCAACG-GTAT-----C-G	231
HPV4	GCTT-A--CT--T--AGA-A--TAG-----A-TT---GA---...--TTAT-A-----A	186
HPV65	GCTTCG---T---T--AGA-G--TAG-----T-TC--G-GGGG...--CTAC-A-----A	186
GROUPH.con	tgtgaaTTtgAt?a?AAAag?cTtagtcTaaTtTGGAAagat?at???tttGTgTtTGc?tgcTgTcg??g?	230
HPV19	--C-----G-T----A-----T-G-----G-C--...C-----A--T-----CT-G	255
HPV25	-----G-G-----A-----T-G-----AT-...C-----A--C-----CT-T	240
HPV14d	-----G-G---AA--A-----G-C--...-G--A---T--T--C--TGTA	279
HPV5	-----C--CT-C----G-----T--...-G-----G-----CGTA	228
HPV5b	-----C--CT-C----AA----C-----T--...-G-----G--T----CGTA	228
HPV5d	-----C--CT-C----G-----T--...-G-----G-----CGTA	228
HPV47	-----T-T---AG---C-T-----CT-C...AG---T-A---C-----C--TTTG	225
HPV12	----T-----CA-A--GCAG--A-CA-----G-C-...-----TAC--T-----AA-T	222
HPV8	----G-----CA-A--G--A--GT-C-----A--T-C...G---TAC--G--T----TT-T	222
HPV15	GTAAGT--GA--CGT---G-T--GCAGT-----CT--GG-AGAT----T----C--T--TCTA-T	189
HPV17	GTG-CG-----TTA---G-TT-GCAGT-----CT--AG-AGAT-----C--T--CA-TA-T	189
HPV9	CT-A-T-----C-C--GT-TT-ACAG--T-----C--GG-GGAT--G---A--GACT---A-TA-C	210
HPV49	-TA-----CT-T---GACT---A-T-GC-G-----CGGA...-----C---GT--T---GCAGCT	180
GROUPI.con	ct?cggTgcaatga?aaaga?tTtc??at?gtatg?cgagaagg?...??a?at?TGgtgccTGtac??ct	145
BPV1	T-TA-----TG-TC-----C---ATG-T---ATT--G-----C...TGT-G--A-----A---CAT-	156
BPV2	T-TA-----TGATA-----C---ATG-T---AC-----T--T...GTG-A--T-----A---CA--	156
EEPV	AAG--A--C---A---A-AA-AAGA--A-CG--CA-GA-C--A...AAACAT-G--C--T-----AT--	138
DPV	-GC--A--T---C---A-AA--AGA-CA--GGTAA---G---G...CTC-G--G--CA-TT--C--TG-A	138
COPV	--G-TT-TTG--A-AGCT-GT----AGT-AA-C--G-----AAC...AACGC--T--ATG----CAGTAC	204
CRPV	-AATT--T---ATGC-CG-GGC-ATGC--T-----G-ATA---G...TGGCCG-A--GA---C-GAGAC	186

E6 Nucleotide Alignment

GROUPA.con	TGttTaagaTTttatTcTAAaaTaAGTGAAaTaTAGacatTATagaTATagtgTgTATGGaaaaACaTTAGAA	265
HPV31	-----A--G-----T---TGG-----C-----	267
HPV52	--CC--C-C---TA---G-----G-----CA---TCAC-----G-----	267
HPV35	-----A-----A-----TGG-----G---G-----	267
HPV35h	-----A-----A-----TGG-----G---G-----	267
HPV16	-----AG-----T---G-----T-T-----T-----C-----	288
HPV33	----GC-G--C-TA-----T-----AT--TC--A-----T-----	267
HPV58	--C--C---GCTA-----G-----AT--TCGC-A-----G-C-----	267
RhPV1	--C--G--G----C--A-----TC-AA-----G-GA--CGAG--TCAA-A-----GTGT--T-----G	357
GROUPB.con	TGctTAgaatTtcAaggaAA?aTtAacCAaTaTAGacacTtT?A?tatgCtGgaTaTgcaccaACagT?GAa	238
HPV6b	---C-----T-----A--A-----G-T-----A-----T---	270
HPV11	-----C-G-----G--A-----A-T-----C-----T-----A---	270
HPV13	-----A-A-----G-----G-T--G--T--G-C-TC--G---T--TGT-----T---	270
PCPV1	--T-----A-A-----AG---T-----C--G--T--G-C-T-----C-----TGT-----G---	270
HPV44	--T-----C-A-----T--GG-C--T---T--G--T--A-C--C--G-----GT-----G---	270
HPV34	--T--CTG--T-CTC--GG--GA-----AGA-A-A-CC-AT-A-TG---G--GG--GT-A--G	270
GROUPC.con	TGTAta?AaTTTTAT?CtA?AAT??G?GAa?TA?GAtATTA?TCagAcTC?GTgTATG?A??ACAtT?GAA	216
HPV39	-----A-----G---A---AC-G--GC--C-----C--G-----G-----C-ACT-----A---	273
HPV68	----TA-----G-G-A---AC-G--C--C-----C---A--G-----C-ACA-----A---	273
HPV18	-----G-T-----T--G--TA-A---T--A--C---T-----T-----G-GAC-----G---	273
HPV45	-----G-C-----T-C-G--TA-A---T--A-----T--A---T--A---G-GAG--C-G---	273
GROUPD.con	TGTtTa?TaTTTTATagTAAagT?agAaAgtatAGacatTATAaactgtTCagTGtAtGG?gCtAcacTaGaa	249
HPV51	-----C-G-----TCA--A-T--G-----G-----G-A-G--T-----TA-----T---G	267
HPV26	---G--A-----TCA--A-A-C-G-----GC---CA---T-----T--A--T-----	267
HPV30	-----T-----A-----AT-----C---A---T-----G--A-GC---TG	276
HPV53	-----GC-----G--CC---A-TA--T---C--T-----C--G-----GC--G---	279
HPV56	-----T-G-----T-----A---GT-----G--A-----A-----	276
GROUPF.con	TGctTa?t??ta?a?ggaAaagt?agacaata?agacAcTgg?a?tactCat??Tatgga?a?acaGTgGAa	233
HPV27	---C-GA-TGC-GCA-----C-T-----C-----T---C-T-----GC--C---G-C-----G	282
HPV57	-----A-TGC-GCA-C---C-T-----C--G-----C-T-----GC--C---G-C-----G	264
HPV2a	---C-GA-TGC-GCA-----C-T-----C-----T---C-T-----GC--C---G-C-----G	282
HPV3	--T--C-TG--G-G--C-TT-CAC---GCCTA-A-T-T--G-A--T---AT---T-CTGGC-----	276
HPV10	--T--C-CC--C-G--C-TT--AC---GCCTA-A-T-T--G-C--T---AT---T-G-AGGT-----	264
HPV7	---T--GAAT-TT-T-----G-AT--G--T--GA--TTAGA--G-TGCA---C-CCA-----	267
HPV40	---C-GGACC-GC-C-----A-AC-----C---A---TTAGA--G--GCC---C-CCA--C-----	267
HPV43	--TC--CAGT-TC-T-----A-A--T-----T--G---TTG-C---G--GCA---C-G-T--T--A---	270
HPV32	-----GAAT-TT-TTCT----GT-TGC-CTGC-----ACG-CAGA--GCA-T-T-GC-T-----A---	270
HPV42	--T--GAAT-TA-TTCT---A-TT-TGC-CTGC-----ACG-AAGA--GCA-T-T-GT-T-----G	270

E6 Nucleotide Alignment

GROUPG .con	TGt?ctaGa?t??tTgcactgtTtGAgtt?g?g??ttattatcAgg?gTCTtttgaaGc????at?Tggaa	236
HPV1a	---G---ACTG--AGC--A--G-----T-TTTTA-----A-----A---G-TACCGG-AA-A---	255
HPV63	---G---GCATG--AGT---C-----TAT-CT-----A-----C--G-TATCTG-AG-A---	258
HPV41	---A---G-GC---AG-C-G-----CACTGCACGGC-CG-A-T---G---C---CAGCCG-C---CCG	303
HPV4	--CTTA---T-AAG-----ACAA-A-AA-----T---ATGT---A--A---TGTAC--T---G	258
HPV65	--CTTAC-TT-AAG---AGA-----CAA-A-AA-----T---TGT---A-AA---TGTTA--T-----	258
GROUPH .con TGt?g?g?g?gc?aCtGCaac?tatGAaTTTaat?aaTtttatgAaca?ac?GTg?tagG?agaGAtaTtGAg		
HPV19	-----CACAA--A-----A-T-----G-G--C-----G--T--T--AAC---T-----A-----	327
HPV25	-----CACAA--A-----C--A-T-----G-----C---AGC--T--AAC---T--G---A-----A	312
HPV14d	--C--CACAA--A--A---G---G---G-----GAGT--T--TGA---C---A--A---	351
HPV5	--C--TGGC--C-----T-----CC-----G--G--A--T---A-----A	300
HPV5b	--C--TGGC--C-----A--C-----C-----G--G--A--T---A-----A	300
HPV5d	--C--TGGC--C-----T-----CC-----G--G--A--T---A-----A	300
HPV47	--C--CTCA--A---C--A-----GTT-----C---A--A---T---T-----A	297
HPV12	-----CGCA--T-----TA-----G-----C---A--A---C---T-----A---	294
HPV8	-----TGTA--A--C---G-T-----G---A-----G--A--T--C---C-----A	294
HPV15	---GCATTT--T--A---GCAG-T-----TC-A-C-----GT-G---TGTA-TT-G--A--A---	261
HPV17	---GCGTAT--T--A---CAG-----TC-A-G-----AT-A---AGT--A--G--GT-A---	261
HPV9	---GCTTAT--GT----CAG-TA-----CAC-T---T-C--TTTG-T--AG-T--A-A-----A--A	282
HPV49	---GCCTATAGAT-A---TATC-C--G---C-A-T-A-C-CC--G-A-TT--CG---C-TC--A--A--A	252
5' sj for BPV1 \/		
GROUPI .con	TG?cttgaaaactg?tt?gat?tgGAaagatg?ctttg?c??ggtctacc?gtaactgctgagga?g?tgaa	206
BPV1	--T-----T--A-C-ACT-----A-A-----G-AA---G-T--A-----A-G-----A-C-----	228
BPV2	--T-----G-----C--A---AAA-----A-A--G--GAAA---G-G--A-----A-G-----A-C-C---	228
EEPV	--C--G-----TG-GC-GT-CC-T---G-CC---TT-CT--G-G---CA-CTACC---GA--CCTGT-T	210
DPV	--CT-G-----AG-GC-CT--C-----GTG--GAATGCGCC--A---T---TA-CAG-G-TCCAT----	210
COPV	--TGCAAG-GT---CAGC-T-G---GCA---TT--G-AAGCCACAG--ACT-G---T-----GCT--TC	276
CRPV	--CAC--T-TTG-CT-GT-C-T---TCTT-ATTG-CAC-TT-C---TA-T-CTC-----TT---G-C-----	258

E6 Nucleotide Alignment

		5' sj for HPV16 \/	
GROUPA.con	?Aa??a???AACAAac??tTatgTgAttTattaATTAGgTGTATTa??TGTCAAA?aCC?tTgTGTCcagaa		325
HPV31	A--TTGACA-----GGTA-----G-----A-CG-----G---G-----		339
HPV52	G-GAGGGTA--A---CA--A---AA--ACT-----A-----A-TT-----CG--A--A-----T---		339
HPV35	A--CA-TGC-----AG-----C-----CA-----A---GC-----TT		339
HPV35h	A--CA-TGC-----AG-----C-----CA-----A---GC-----TT		339
HPV16	C-GCA-TAC-----CG--G-----G-----AC-----AG--AC-----T---		360
HPV33	C--AC-GTT--A---CT--AA--AA-----TA-----G---T-----TC--		339
HPV58	C--AC-CTA--A--GTGT--AA--AA-----A-----TT-----G---A-----C--		339
RhPV1	CGTAG-ACT-GA---AG--GTG--GG-----A-----TA-TGT----G-AG--CC-----CATT		429
GROUPB.con	gAagaaACTAA?cAaga?aTtTta?AtgTg?TAATtcGgTGctacct?TG?CacAAAACC??TGtGTgaAgT?		301
HPV6b	-----A---C---C---G-C---C-----G--T-----GC-----A		342
HPV11	-----C--TG---T-----A-A---T-----T--T-----G--T---G--GT-----A-A		342
HPV13	-----C--A--G--GTCA-----GG-----C-----TT-A--C-----AT-----G		342
PCPV1	-----TA--CA--GTCA-----TG-----AG-----A-----TT-G--C-----TT-----C--G		342
HPV44	-----A--TA--GTCA--C--GG-C--C-G--A--C---TT-G--C-----AT---CC-C--G		342
HPV34	A-TTT-----CA--C-GT-G-GTA--A-TT---AA-----GGAAAA--C--A---AC-----CC-T-G		342
GROUPC.con	AaaaTAACTAAAtACa?aGTTaTataATTTaTtAATAAGGTGC?TG?G?TGcC?GAAACC?tTga?tCCaGCa		281
HPV39	--T-----A-----A--T-T--T-T-----GC--TG-----		345
HPV68	--CC-----A-----G-----C-----A--T-T---T-----A---G---T--T		345
HPV18	---C-----C--TGG-----C-----C--C-G---A-----G---A-----		345
HPV45	-----G---G-----G-----C--C-G---A-----A---AC-----		345
GROUPD.con	gca?TaACTAAAAAaagTTAT?TgATTaTtaATAAGGTGctAcAGATGTCAAa??CCgtTgac?CCaGAG		316
HPV51	---A-T-----GC---A-----CG-----TC-T-----GA--AC-TGGG--T--A		339
HPV26	--CT-----GT---G-A---G-----TC-T-----TG--A---GGG---A		339
HPV30	---T-----G-----T-----CAG-----A-----		348
HPV53	---C-----C-----C-----CAT-----A-----		351
HPV56	AGTA-----C-----G-----GT-----A--T--G---		348
E7 start for HPV3, HPV10, HPV42 ->			
E2 binding site in HPV27, HPV57-> <-			
and HPV2a			
GROUPF.con	?aaGAgACaggA?tAcc?aTa??t?aactg?t?AT?aGaTGctacat?TGcCA?AAgCC?cTgt???ggag		289
HPV27	ACC-----A---C---CC-C-G---T-T--G-----T--C---T-----C---AGCTG----		354
HPV57	ACC-----A---C---CC-C-G---T-T--G-----T--C---T-----C---GTTG----		336
HPV2a	ACT-----A---C---CC-C-G---T-T--G-----T--T-----T-----C---AGCTG----		354
HPV3	G-----AA-CA-T-A---GA-AC--A-CAA--T-----G--T--C--A--A---GTAAA---A		348
HPV10	G-G----CAA-CA-T-T--TA-AC--A-C-G--C-----G--T--C--A--G---GTAAG---A		336
HPV7	G---A-----T--A-A--TTTAG--G--AGA--A-----G--AA-----C--A--AT---CTCCT-T-		339
HPV40	G-----T--A-C--TTTAC--G--AAGG--T-----G--AG-----C-----TT---CTCCC-T-		339
HPV43	G---A---AAGCA-A-AG-GTT-G-TT--TGC--T-----GT-AG-----C-----AT-A-CACCA-T-		342
HPV32	C---A-----C---TGT-GGAAG---AAA-A--TC-C--TGCT--A--T--A-----TT-A-CGCCAAGT		342
HPV42	A---A--T--C---TTT--GAAG---AACAA--T-----TGC-T-G--T--A-----GT-A-CACA-AGC		342

E6 Nucleotide Alignment

GROUPG .con	gAa?Tt?tt?a?aaaa???Tta?ggA?aTTgg??T?aG?TGtgTtag?TGc?taa?a?taCT??at?tTgtt	288
HPV1a	---A--T-GG-C-G-CCTT-ATT-C-A----AAC-CC-T-----CA---A---A-AA---GAG-G---C-	327
HPV63	---T-AC--A-TC--CCTC--GTAA-T-----TT-A--G-----CA---AC--A-AA---GAC-G--TCA	330
HPV41	C-CT--A-AGGAC-G-GCC-C-GC--CC---AGG-G--G-----G--G---C--GCTC-T--AC-ATC---G	375
HPV4	---A--GC-C-G----AGA---A---A---T-CA-T--A--CA--T-C---C-T-G-T---TG--A-----	330
HPV65	---G-AGC-C-A-GG-AAA---A---G---T-CA-C--A---A-AT-T--TT-G-G-C-----AG-CA-----	330
GROUPH .con	?tag?t?cagg?a??tc?aTttttgA?aTtgataT?aGgTGtcaaactTGctTga?atttcT?GAt?taaT?	350
HPV19	T-T-TAA----T-AA--TG-C-----C-----G-T--A-----A---A---G--A---T---TC---T	399
HPV25	GAC-T-A----T-AA--A-----C--A---G-T--A-----G---A---A---A---T---GC---T	384
HPV14d	AGT-TAA----C-AA--T-----TG-----G-C-----CT-T--C---A---A---T-A---TC---T	423
HPV5	T---C-T---ACTT--A--A-----T-----C-----AGC-----T--CA-T--A	372
HPV5b	T---C-T---ACTC--G-----T-----C-----AGC-----T--CA-T--A	372
HPV5d	T---C-T---ACTT--A--A-----T-----C-----AGC-----T--CA-T--A	372
HPV47	C---C-A---CCTT--C-----G-----C--A-----T--C---C--TC-----T--CA-T--T	369
HPV12	C-T-C-A-T--A-AA--T--A-----CT-AA-G--A-----G--G-----TC---T-A---AC---T	366
HPV8	T---C-A---ACGT--A-----G--A--CG-T-----AC-----TC---T-G---A-C--A	366
HPV15	A---TAGA-CAG-AGC-TG--GGA--T---AT---TC-C--CA--TT---TC---AGAAAT-A---T---T	333
HPV17	GA-ATAGAGCAC-AGC-A--AGGG--A--ACC---TC-C--CA-GTT---T--A-AGAAAT-G---T--C-A	333
HPV9	ACT-TAGA---A-CAG-T---GGAA-T---TG---T-----GCTAC--T--T-AG--AT-A--CT--G-G	354
HPV49	GG-CGAG---CGGCTAAT---GC---G--A-TAG-C--A---TC-T---C-T-AGAGG--A---T-GT-G	324
GROUPI .con	???gtgcctggt?aatcc?Tt?ataggctttgcaTaaGaTGc?t?tacTGtggggGaa?acTaAccaa?gac	268
BPV1	TTAT---A---CA--A-AC--G-----TGC-----C-A-----A--AA-T	300
BPV2	TTAT---A---CA-----C--G-----TGC-----A-----AA--	300
EEPV	...A---C-A-CC--GGG-CATGTTCAACGA---T-----A-G--T---T---TGC-----CGC---	279
DPV	...A---A-CCT-T-A--C-A-AAGCC-----A-G-----T---G---CGT---	279
COPV	AAC--AA-A...A-GA--T-GC-GCA----A-TC-T-----TT-AGGA--CCTCA-T-TT--G-GTG-G-CG	345
CRPV	GCGC--GT----C-GGAAA-ATC---CTGG-T---GC-T--TACAGTT--C--AA---G-T---T-TTCCA	330

E6 Nucleotide Alignment

GROUPA.con	GAAAAacAAaGacAT?TggAt?aAAA?aAacGaTTcCatAAtAT??ggGGtcGgTGG.....aCa	380
HPV31	-----T-----A---G-----C--C--AG-A--AA-----	399
HPV52	-----G-----G-TA--GC--C--G-----T-----TAT-----T-----	399
HPV35	-----G-----T-A--AG---A-----C--CG-T--A-----	399
HPV35h	-----G-----T-A--AG---A-----C--CG-T--A-----	399
HPV16	-----G-----C-----CA---GC--A-----AA-----C	420
HPV33	-----A--C---G---TT--C-----T-----TTC-----T---G--	399
HPV58	-----A---G---G---TT--C---A-G--T-----TTC-----T---	399
RhPV1	-----G-----CG---CC--GGAC--A-G---C-GA--AGC---A-A-----C	489
E2 binding site in HPV44 ->		
GROUPB.con	GaAAA?ctAA??CataTattgaaAAGgcaCGgTT?ataaAacTAaata??agTGG.....Aag	354
HPV6b	-----GG---AA-----C-AACC-----G-----C-----G-----TGAC-----	402
HPV11	-----A---AG--C-----G-----C--C-----ACC-----	402
HPV13	--G--A---GA---T---C-G-----A--T--T--T---C-GCAGT-----A	402
PCPV1	-----AT--CGA--C--C---G--A---A--C--T--GT---CTGCG-----A	402
HPV44	-----GG-GCGC--C-----C---G--A--C--T--T--C-AGATACC---	402
HPV34	-----G-A--GG---G--GAT---CAA-----TCACC--A--GCGGATC-----CC	402
GROUPC.con	GAAAAAct?AGaCACCT?Aatga?AAACGaaGATTTCA?Aa?ATAGC?Gga?acTat.....a?A	333
HPV39	-----T-A-----A---AGC-----T-A---A---AG---C-	405
HPV68	-----A--G---A---TCA-----T-A---A---A---T-----C-	405
HPV18	-----T-----T-----A-----C-----C--C-----T--GC-----G-	405
HPV45	-----GT-----T--G--C-----C-GC-----T--C-G--C-----CG-	405
GROUPD.con	GAAAAaCAattaca?tgtGac?aaAagaaAcGgTtTcCac?aAATagCacgt??gTGG.....Acc	371
HPV51	-----G---AA--TTGGTG--G---A---A---C--TG-----GG-ACGT---G	399
HPV26	-----AG-ATTGTG--TG---CG---A-----G-----G-GCA---AA	399
HPV30	-----G-----C-----AT-T-----AG---T-----AC-----	408
HPV53	-----G---C-----T-T-----A---TT--A-AT-----	411
HPV56	-----G---G---T-----AG--A-G--A---TCT-----A-GGT---	408
GROUPF.con	GAgAAagac??aca?cttgttgaaaa?a?gcatTccacaa?aTatcaggtc?gTGG.....Acg	342
HPV27	-----G--GGC-TTA--G---G---C-A-----C-----C--C-G-----	414
HPV57	-----G--GGC-TTA--G--C-GC--C-A---G-----G-----C-A-----C	396
HPV2a	-----G--GGC-TTA--A---G--C-A---T-----C-----C-G-----	414
HPV3	-----G---AG---C-GCAAC---GCGAA--C-G---A---T---AT---G-	408
HPV10	--A-----AG---T-G-AAC---CGGCGA---C-G---A---GTAC---GA	396
HPV7	--A---AC-AAC--CA-----A-G--G-CA-AG--TTTT--AC-GCA--A-TC---	399
HPV40	--A---AC-AAC--TA---AA-G--G-C--A---TTT--AT--AA--A-TC---	399
HPV43	--A---TACAG--TA---GC---GGCA-A---TTT--A---CATA-CGT---AA	402
HPV32	-----TCAT--TA--TA-A-CGACG--AT---AGATTC--T-T-AA-AG---	402
HPV42	--A--A--CAT--TA---A-AC-GGT-CAA---T--ATTT---TGT---A-----	402

E6 Nucleotide Alignment

GROUPG .con	GAaAAattaga??T??Tgt???ctGacgagac?gt?cAta?AaTaaGggg?at?tgg.....Agg	336
HPV1a	-----G--GG-TG---CAAAC-GA--A-GA--G----G-G-T--AAAC-GACTT.....-AA	387
HPV63	----G----CTG-TG-T-CTG---GA--A-GA--T----A-G-----AAC-AA-TC.....-AA	390
HPV41	----GGATT-CA-AT--CGGGAA---TT-T-T--G----G---TG-C--G--C---.....---	435
HPV4	--G-----TT-AT-A-ACT-----TTGCT--TT-----TT-G---.....---	390
HPV65	--G-----CT-GC---ACT-----C--G-CTGCT-CTT-----TT-G---.....---	390
GROUPH .con	GAaAAgtTaGatagcTGtgg?agaggccttcc?TTtcAtaagGT?AGaaac?ccTGG.....AAa	406
HPV19	-----C-T----T-----A--A-A-----T-----A--A--G--T-T---.....---	459
HPV25	-----C-T----TT----C--A-A-G---T--C---CTA--A---GG-T-T---.....---	444
HPV14d	-----C-T	432
HPV5	-----T-----C-----C-----G--G--G-----.....--G	432
HPV5b	-----T-----C-----C-----C-----G--G--G-----.....--G	432
HPV5d	-----T-----C-----C-----C-----G--G--G-----.....--G	432
HPV47	-----A-----A-----A-----C-----C--A--A-----G-----.....--G	429
HPV12	-----C-----TC-G-----G--C--C-----T--G--AGG-----.....--G	426
HPV8	--G--A-----T-----G-----G--C-----A--T--GGAGG-----.....---	426
HPV15	-----TT---TAC-A--AGGAG-AA--C--C-----T---CG-AAT---.....---	393
HPV17	--G-----C-CT---TAT---CAT-AG-AG-----T---CG-AAT---.....---	393
HPV9	--G-----C--CA--CTAT-AGTTTGAG-AG---T-----C-----AG-----.....---	414
HPV49	-----C-T---TT---CACAGCA-AGAGAG-----C-GA--T-----TAGG---.....---	384
GROUPI .con	GAaAA??a??g?ca?agactttttaatgagccttt?tg?ataatcagg?ataa?ata?????????agg	318
BPV1	----AC-TC-G--TGTG-----C--C-A--C---AGC---C---ATT.....--A	363
BPV2	--G--GC-GC-G--TGTG----A-----T--C-A--CG--ATC---C---ATA.....--A	363
EEPV	----AG-GA-A--C-----G---TG---AGAC--C--G---T-----C--C-GG-G.....C--	339
DPV	----GG-CA-G--C---TA---G-A---T--ACGTG--T-----A--C-GG-T.....CTT	339
COPV	--C--A...GAA-TAT-TGC-GAATTGA-CGA---T-CTG-GG-----GGG--A-CT.....---	402
CRPV	----GATTGAATTA---GC-AGA---TGCA-GC-T--TTGT--TGATA-AGGTCA-TATTTCCAGTGG---	402

E6 Nucleotide Alignment

```

GROUPA.con GG?CG?TGtatggc?TGTTGgAgacca?????. . . . . ?caCGtagagaaACccaagTGTaA 427
HPV31 --A--T--C--A--A-----AG-. . . . . C-T---CT----- 450
HPV52 --G--C---TCA-AG-----C. . . . . --ACCT-TG----- 447
HPV35 --T--G-----T-C-----A---. . . . . A-----G-G----- 450
HPV35h --T--G-----T-C-----A---. . . . . A-----G-G----- 450
HPV16 --T--A-----T-T-----C---T--TCAAGA. . . . . A-----GC----- 477
HPV33 --G--C---GC--G-----GT-C. . . . . CG-----TGC-C---G- 450
HPV58 --G--C---GCA-TG-----C. . . . . CG-----C---A----- 450
RhpV1 --AA-G--CT--ATG--C----- . . . . . A--GTACCT--G----GCCAG-C 540

```

E7 start for HPV6b, HPV11, ->
HPV13, PCPV1

<- E2 binding site in HPV44

```

GROUPB.con GGtCGcTG?ttaCacTGcTGgacAaCa. . . . . tgcattggaagacatgtTaccTAA 404
HPV6b -----CC----- . . . . . ----- 453
HPV11 -----T--C----- . . . . . -----T----- 453
HPV13 --C----T--T--T-----T--T-- . . . . . -----A-T--CC---T--- 453
PCPV1 --G----C--C--T-----T-- . . . . . -----A-T--AC---T--- 453
HPV44 -----C--C--T--T-----T-- . . . . . -----ACT--AC---T--- 453
HPV34 --A----TAC--G-----G-C- . . . . . TCT-CA-CAG-GGTG--- 447

```

```

GROUPC.con GGaCAGTgtc?tccgTgcTGga?C?ga??ACG??AgGA?cG??aCg?a?ACG?ag?GAAACaCAAGTATAa 390
HPV39 -----GA-G-----C-AC-AA---GG---C--CAG--TA-C---A--A-----C----- 477
HPV68 -----GC-AC-----C-A-TAA---AG---C--CAG--C-C---GCAG----- 477
HPV18 --C-----C-A-T-----C-A-C--GC---AC-----A--ACTC-AACG---C--A----- 477
HPV45 --G-----AA-A-A--T--TGA-CAGGC---GC-A--AA-ACCTT--C-G---T--G-----G 477

```

```

GROUPD.con GGGt?atGt?tgaa?TGcTGgaga. . . . . ??????????aga?aa?c?Ac?GAaaCa?cAGTaTAA 414
HPV51 ---CA---CGCT--T----- . . . . . CAACGTACAC--C--CGT-AC-----CCA---G--- 456
HPV26 ---TG---ACA--T--T----- . . . . . CCAAGGC-CC- . . . . . A-----CA---G--- 453
HPV30 ---T---C--C-A----- . . . . . CAC-C-ACGT-C--T--G---G----- 462
HPV53 ---CG--CC--CA----- . . . . . CAC-C-AC-G-A--T--T--G----- 465
HPV56 ---C---T--GGG----- . . . . . CAAACATCT---G--C--T-GA---T-TA----- 468

```

E7 start for HPV27, HPV57, HPV2a ->
HPV7, HPV40

```

GROUPF.con GG?cacTGtatgcA?TGc?gg?ca??AtGCa?GGaga?cg?CCcAcccTc??gGACATtacatTAA 397
HPV27 --A---C-----G---G--T--AC-----C--CACC--A---G---GC----- 480
HPV57 --A--T--C---A-C--TGC-C--AG-----T-----A--C---G---TGA-----C---C--- 462
HPV2a --A--T--C---A-C---G--T--TC-----C--CA-C--A---G---AA-----C--- 480
HPV3 --GAG---CA-T-C---T--T--CG-----C--TCCG-AT-----GA-AA 459
HPV10 --TAGT---GA-T-T---T--T--CG-----C--TCCG-AT-----AG-AA 447
HPV7 --GT-----C---C--TT--AAGAA-----T-----AA-G--A--G---GGA-----CGTG---G 465
HPV40 --GT-----C-A--T---T--AAGAA-----T-----AA-G--A--G---GGA-----GTG--- 465
HPV43 --AT---CT-A--T---T--AA-TC-----T---A--AACG--G--GA--AGA---TA-GTGC--- 468
HPV32 --T-G-----CC--G---A-AGA-TA- 429
HPV42 --T-GG---C---T---A-AGG-CA---GT-----GACG--T-----AA 453

```

E6 Nucleotide Alignment

E7 start for HPV4, ->		
HPV65		
GROUPG.con	GgaaatTgcagt??TGtat??tg?aac??t?atAg	363
HPV1a	-C---G--T---TTG---CGCT--T-TGCTAT---A	423
HPV63	-C---G-----TTG--C-GAC-CT-CATTAT----	426
HPV41	----C---TGT-CGA-----GG-AGG--TG-AT---	471
HPV4	--CT-----AAAT-----TAG-A---AA-G-	423
HPV65	--CT-----AAAT--C--TAG-A---AA-G-	423
E7 start for HPV5, HPV19, HPV25, HPV47, ->		
HPV8, HPV5b, HPV5d		
E7 start for HPV12 ->		
E7 start for HPV15, HPV17, HPV9, HPV49 ->		
GROUPH.con	GGaat?TGtAGgCagTGtaagcattT?tat?atgAttggtAa?GGTAA	450
HPV19	--G--C-----T-----C--A-----	501
HPV25	----C-----T-----C--A-----	486
HPV14d		432
HPV5	----C-----T---C-----	474
HPV5b	----C-----T---C-----	474
HPV5d	----C-----T---C-----	474
HPV47	--TG-T-----T--CA-----	471
HPV12	----T--C--A----C-----G---CTGA--AATG-TC-----	474
HPV8	--G-T--C---TT-----G---C-----	468
HPV15	---T-G----A--T---G-GCGA-AG-ATGA	426
HPV17	--CT-G--C--A--T---GG-TCGA-AGGATGA	426
HPV9	---T-G--C--A--C---GG-TCGG-AG-ATGA	447
HPV49	--GG-G-----A--T--C-GAGT-A-AG-ATGA	417
E7 start for BPV1, BPV2, ->		
EEPV, DPV		
E7 start for COPV ->		
E7 start for RhPV1 ->		
GROUPI.con	GGacg?TGctac??cTGcagcag?catggttca?Ggtcc??tac??atag?C?cc?gct?CCGgctGa?GC	375
BPV1	----C-----GA---T---A-----A-----AAA---CC----	414
BPV2	----C-----GA---T---A-----A-----AAC---CC----	414
EEPV	----T-----TCT---C---G-----C--C--CCG---AA-G-AA-A--T--CG---TA---	408
DPV	--CA-A-----AC---T-CT--G-----CATGT-C--GGCCCCCTACCG-G-GAAC---A-----	408
COPV	--CTTG--T-CGCTG---C-ATTA-CACCA-G-	435
CRPV	--T-AT--AGTTCT---AACTGTCA-ACCA-G-TGATTTGGGGGGC--TC-C--GAG-C-----A-TC--	474
RhPV1	ACTGATCAACAGGGCAGTAGTTTCTTGCAAGCATGA	576
GROUPI.con	TGCGGGGAATGTGACGAGTGTGCGTCCCGGACCTGACACATCTAACTCCGGTGGATCTGGAGGAACTTGGA	447
CRPV	-----	546
GROUPI.con	TTATATCCAGGCCCCGAAGGAACCTATCCGGATTTAGTTGACCTAGGGCCAGGCGTTTTTTGGGGAAGAAGAC	519
CRPV	-----	618
GROUPI.con	GAGGAGGGGGTGGGCTGTTTGTACAGCTTCGAGGAGGAGGATCCTGGACCCAACCAGTGTGGGTGTTTTTTT	591
CRPV	-----	690
GROUPI.con	TGCACCAGCTATCCGTCCGGAACAGGTGATACAGATATAAATCAGGGACCGGCAGGAGCTGCAGGGATTGCA	663
CRPV	-----	762
GROUPI.con	CTGCAGTCAGATCCAGTCTGTTTCTGTGAGAATTGTATTAACCTTCACAGAATTTAGATGA	723
CRPV	-----	822

