



## LCR Nucleotide Alignment

GROUPA.con	??	0
HPV31	TGGATGTGTATGTAATACATGTGTCTGTATGTGTATGTGCTTGTGCTGTATTGTATATGTGTGTGTTTGT	70
HPV52	.....CCATTGTCTGTGGGTAATTGTCTGTGTATGTGTGTTGTGTATGTCAACACAGGTTAAA	63
HPV35	.....	0
HPV35h	.....	0
HPV16	.....	0
HPV33	..CACTTTGTGTAATTGTGTTATGTTGTTGTTTGTCTGTCTATGTACTTTGTGTTGTTGTTGTTGTT	68
HPV58	.....TTGTTGTGGTACTTACACTATTTTATTATAC	31
GROUPB.con	.....????	0
HPV6b	.....	0
HPV11	.....TATA	4
HPV13	.....	0
HPV34	.....	0
GROUPC.con	t??t?gtgtat?t?t?T?TgTgTgt?TatattggttggTtt?tT?Tgt??tatGtatgt?ttt?gtgtg	56
HPV39	-GCA-----GCC-TGT-A-----G--G-----T--CC--A---GT-GA.....	56
HPV68	-TGT--A-G-T-TGT-T-G-A---TGG-TGTA--G----GTA-A---GTC---TGT-G--G--A--	70
HPV18	.....-A-G-G-----A-----ATA-ACA-C-A--G-TGTG-T-----CC-----T	55
HPV45	-ATG-TA-C-CA-A-A-G-A---T--A-G--G----T--A-G--G-.ATG-----A-----	69
GROUPD.con	.....????????????t?gt?tgt?t?t?Tggt	12
HPV51	.....TGTATGT-AGT-T--	15
HPV26	.....TCCGCATGTTG--G--G-A-A---	29
HPV30	.....T--T--G-C-G--A	17
HPV53	.....TATGT--G--C-G-A-TG-	21
HPV56	.....TGTGT----	9
GROUPF.con	????????t????????????t?T?TgTgTgt?TatattggttggTtt?tT?Tgt??tatGtatgt?ttt?gtgtg	25
HPV27	TAAACGCAAACGGGTGAGCGGT-ACGTGTGAG---C-CGATAA-TTCCTCTGTC-ACC-T--ACAT-A-A	70
HPV57	TGATTCTGTGTCTGCCTCAT-TCCTTTGCTCTAC-T-TGTATA-GTACA-A-G--TCAGTG---CTG-G	70
HPV2a	.....CTCTCAG---CGCATCA--TCC-C-G-TC-ACT-T--ACAT---A	45
HPV3	CCACATT-GTGTTTGTATG-G...AACCTG---G-ATGTT--TTA-G-A-G-ACTG-G-G-----G-	67
HPV10	CTGCATG-TTGTGTTAAATG-A-GTGCATATT--G-ATGTGG-TGGCTGT-AA-AGG-G-----G-	70
HPV7	.....T-GTGTATGTGT.G-G-GTGTGATAC-CCC-TGCAC-CCCT-A-G-G--GTTAC-C--G--G-	63
HPV40	GTATGGC-GCATATGTGTAT-C-GGGGAATACACC-TGCAC-CCCG-A-G-G--GGTAC---G--G-	70
HPV32	TATTTTT-CCTGTGTGTATG-G-TGTGCAACT---G-GTGGTG-GCA-G-A-TG-GTA-A-G--GT--C	70
HPV42	.....A-GTATG-AGTAATGT-A-GATACA-A-T--TG--	35
GROUPG.con	??at????????t?tg?a?T?TgTgTgt?TatattggttggTtt?tT?Tgt??tatGtatgt?ttt?gtgtg	28
HPV1a	.....	0
HPV63	AT--ACATGTGAA-G-TG-A-TA-A-AA-G--AATT-TG--TTC-TG--TT-G--CT-GCACT-TATTC	70
HPV41	ACGAATTGCTGGTAT--TGG-GCGG-G-C--CGACG-TCC-TG-GTC-TCTTATA-TCACT-GG-CAGTC	70
HPV4	CA--GTGAACCTCT-C--G-A-GT-T-A-----CCAG-AA--CC--CA--GA-C--AA-TA-TA-ATAAT	70
HPV65	..--TAATCCTTA-AA-A-TGCA-T-G----CCAATAG--AC--AA--GA-C--A.-TA-TA-ATAAT	67
<hr/>		
E2 binding site		
	->      <-                      -> M33	
GROUPH.con	????ttacCG?tttcggtaca?t?aaTaAActtttacaca????????GTATtcaAgGaATgTtT?t	51
HPV19	.ATT-GTT--T-----T---A-AA-G-C-----G-----A-	59
HPV25	.AAA-----C-----A---A-AA-G-C-----G-----A-	59
HPV14d	.ACA---T-A-----G--A-AA-G-C-----A-	59
HPV5	GGTC-G---AAAGT-----T-TTT-----G-	60
HPV5b	GGCC-G---AAAGT-----T-TTT-----G-	60
HPV5d	GGTC-G---AAAGT-----T-TTT-----G-	60
HPV47	.AGA-G---T-----GATTGT-T-----C-G-	59
HPV12	..ATG---AA--T-----A-TACC-C-----G-----G-	58
HPV8	.ATTG----T-----AAACC-----G-	59
HPV15	.CCGA-TT--G-CG-T.....C-AGT-AACCAATAAG---GTG-A-T--T---T.	55
HPV17	.CCGC-TT--G-C--TC.....C-A-T-AACCAAAATG---GTG-A-T--T---T.	56
HPV9	.CCGA--T-G---C.....A---AGTTATCCAATTTG---GTG-A-C--T---TA	59
HPV49	.CCG--TT--G--G-T-GGTCT-AT-----A-A--TT-T-AACTGTTTGT---GTG--C-----TA	69



## LCR Nucleotide Alignment

GROUPA.con	gt?ttttgg?t?cat?Tt?tatt????t????gttt?ttttt????atatt????aa??t?ttgt??	75
HPV31	--A-G-AT-C-ATG-A-GT--A-AAA-A-GTGTA-ACC-G-G-GTG--GTGTA-GTTGTCCT-A-ATACA	210
HPV52	-CA-G--T-T-GT--T-GTC-G-TCC-G-ATGTA-GTT--G-GTATG-AT--A-AAAGT-CTGTA-T-AC	203
HPV35	--G-G---TGC-TGT--G-G--GTACA-GGC--G-AAA-G-GTGTA-A-----GTGC--TG-G----AC	132
HPV35h	--G-G---TGC-TGT--G-G--GTACA-GGC--G-AAA-G-GTGTA-A-----GTGC--TG-G----AC	132
HPV16	T-G---GTTG-GT--A-GT-TG-ATG-GCTTGTA-GTGC--G-AAA-ATTA-G-TGTATGTG-G--TGTA	95
HPV33	C-TG----TG-G---G-C---GTAC-TGTCA----CC-G---GTG-AT--G--AATA--AC.A----GT	207
HPV58	CATG----TG-A---G--C---GTCC-TGTCA----CC-G---CTG-AT----GTAAT--AC-A----GT	171
GROUPB.con	?taTgt?tttttgt?gtgttt????ttttgtgtttgTaT?ttgTtatgtatgt?TgTgtgtt?ttTgTgT?	65
HPV6b	A-----G-A-A---AC---ATATA-A-----G-A-G-AC-----A-G-----GTG--C---G	71
HPV11	G---A-G---G---ATATG-GTATG--ATGTA-GT---G-----T-----TAG-----G	144
HPV13	AGT-TGT--A-GA-T----A-GTA-G-CAC-----T-G-AC-GTATGTATGT-----AC-G-A-----A	71
HPV34	G-G---TG-G--TGT--A-G-GTA--G-----A-GT--G-----G-A-TGTG-G-----A-A	80
GROUPC.con	??gTatgTat??cagT?Tggtat???at?aa?A??ct?tg?c??ac?gt??t?tttgt??T??a?a?c?	141
HPV39	AA-----GA----T-CA-G-GTG--TGC-C-CC--G--A-TA--A.GTG-A-----TT-AC-T-TAA	173
HPV68	AA-----GT----T-AC-T-GTGG-TG..C-CC--G--A-TA--ATATG-CC----TT-AC-T-T-A	208
HPV18	CTA---T-G-TGGTA-G---C---TAA--AA--T-TGT-T--TGTT-T--GTGT-A---GG-TG.CGC-C	185
HPV45	CT---CA--AT....G-----TAA--AA-GT-TG.CTAATAGTGT--GTAG....GG-TG.C-C-C	198
GROUPD.con	gstatg?ttttttt?gt?atgtag?Ttttggtaatt?att??aa??a??T?a?T?tta?g?gtg	109
HPV51	TGTTGTGTG--G--GT-CCTGT-----AG--A---ATT--T---ATT-AT-AAC-ATG-GG-GT-T---	155
HPV26	-----TA--ATA-GTATGCATGTT---TG---CC-GT--GTA-GC-TACTTGT-ATT-AA--AAGTAT	169
HPV30	-----AC-G-A-G-A---G-A---AC--TA-G-ATG---AA--ATG--TG-GTC-T-C-T---C-T---	157
HPV53	-----AC-G-A-G-A---G-A---T--CA-G-----AA--ATG--TG-GTG-T-C-T---C-C---	161
HPV56	TGTATGTG-ATG--G---T-GTGTA-ATGT--G---G--A-GT--GTGTGTGTAT-C-T-G-ATGTATGA	149
GROUPF.con	t?t?tc?????t?ta?a?????gt??t?tg?ttc?????????????????gt?????g	85
HPV27	-A-CC-CTCCCG-A-G-ATAAAC--GTG-CA---GT-GTG----TGTAACGTCTTCTTGTG--GCACG-	210
HPV57	-A-.-CTCCCA-A-G-ATAAAC--GTG-CA---GT-GTG---C-TGTTGCACTCTGTAAT---CCCCGC	209
HPV2a	-A-CC-CTCCCG-A-G-ATAAAC--GTG-CA---GT-GTG----TGTAACGTACGTTCTG--GCACA-	181
HPV3	-G-G--ACATAG-T-T-TATTTTT-AAT-TT---AA-TAC-----CTGTGAGTAAGAAAGG-AATTCTG-	194
HPV10	-T-G--ACATAG-T-T-TATTTTT-AAT-TG---AA-TGC-----CTGTGAGTAAGTAAGG-TGTTCTA-	210
HPV7	-G-G-ATG..AA-G-A-TGTATT--TGT-GTGT-TG-TAA-AA-AAATATATTGTGTGTTG--GGTAAA	192
HPV40	-T-G-ATGCTGTATACCTACGTT--GGT-GTGTGTT...AA-AAAGCTATA.TGTGTGG--GGTGT-	204
HPV32	.....	122
HPV42	.....	87
GROUPG.con	?t??t??aataaa?t?t?t?attcttgc??g?tc?a?tttgc?g??t?att??tcat?at?tg??tc	95
HPV1a	T-TA-ATTT-T-TACT-T-T--A----TTTA-T--T-AA-A-A-ATGTAAGA-TTACAT-AG-A-AAG-A	119
HPV63	G-TTATGCTGCTGTCAT-T-ACC-G-CTT-GA-TCATTA--GCCTA-TCAT--AGCC---G-CT--GCAT	210
HPV41	A-GTGT-----A-A-G-TGG-AAC--TGT-CA-GGG-----TCACG-TCA-GTC---G--T--GCA-	210
HPV4	A-AG-GA-----C-GCCAC--A-----AGTG--C-G-C-C--T-AG-C---TGG---AC--GC-. . .	208
HPV65	TGAG-AA-----C-GCCAC-----ACTG--C-TA-----T-AC-C---.GG--AC--G--TG--	177
GROUPH.con	?????????t??tgccaa??ag??a????????ca????????????????ct?gt??t?a?a	118
HPV19	. .AGTTATGTGCCAAAT--GATACAGTCTGAGCCGCA.T--GGCACA....GCAGCTGGCCAGA- . . .	164
HPV25	. . . . .AGT-ATG-----ATC--ATAC-GTCTGTGCCA-ACTCAGG..CAGCTGCT-GCCAGA-GCGT	168
HPV14d	GAGGTGAGTTGTTTGC-AG-AGAG-TCAG-GCCAACTCAGGTTTGC...CCAGAT-AGA-ACAGCGC	176
HPV5	. . . . .AG-TGT-----TAT--AATC-GATCAGTGC-. . . . .AACACACCGT--T-GAC-C-G-	174
HPV5b	. . . . .GG-TGT-----TAT--AATC-GATCAGTGC-. . . . .AACACACCGT--T-GAC-C-G-	174
HPV5d	. . . . .AG-TGT-----TAT--AATC-GATCAGTGC-. . . . .AACACACCGT--T-GAC-C-G-	174
HPV47	. . . . .GC-TGT-----AAC--ATAAGCTTGGCAGT--GAACAC....ACCGTGT-C--CGCA-C-	174
HPV12	. . . . .AG-TGG-----ATT--TCTC-CTTTGTTGC--GAACAT....ACCGTGT-C--CC-A-C-	174
HPV8	. . . . .AG-AGT-----AAC--ACTC-GTTTAGTGC--GAATAG....ACCATGT-C--TCAA-C-	175
HPV15	ACCTGGT.....G-GAT-TTATCAC	144
HPV17	ACCTGGT.....G-GAT-TTATCAC	145
HPV9	CACCTGGT.....G-AAT-TGAACA-	150
HPV49	GCGCCGGTGT-CACCT-TGGCTA.....CT-G-CAG-T-C-	172

LCR Nucleotide Alignment

GROUPA.con	gt???tgtttaa??ta?t?tt??t?t??t?t?tattt??gt???cat???ta???a?g??t?tgt??ta	113
HPV31	CCCTA-TAG---CA--C-A--AC-A-TT-A-AA-C-ATT--TCCT-CTTG-TCCT-CTTG-TCC-GCTCC	280
HPV52	TAAAC-A----TAG--G-C--ATGT-ATGT-A-GG--GCACCCA---GAG--ACA-TACAGT--CTCC--	273
HPV35	--GGG-----TT.G--C-TAGTG-G-A...G--G--CA--AGC---.AA-GTG-T-TG-G---TTA--	195
HPV35h	--GGG-----TTTG--TGTA-GT-G-TG-A-G---G-CA--ACG--ATAAA-GTG-T-TG-G---TTA--	202
HPV16	TGTATG--A---TAA-CACG-GTGTATG-G-T-T-AAAT-CTTGTG-AAC--TTGTGTCA-GCAACATA-	165
HPV33	--ATT---A---CTATT-G-ATG-A-GT-A-G---A-GG--GTA-C-ATA-GAGT-A-GAGT---ATTGC	277
HPV58	--ATTG..A---CTATT-G-AT.....-G---GG--GTATC-AT..GAGT-A-GTGC---CCC--	227
GROUPB.con	tgttatgtaataTaT?t?Tgt?at?tgTatgtg?gtttgTGTGcaat?a?c?attatat?gtg?ttct?g	124
HPV6b	---A-----GT---T-G---A--G-----T---A-----A-A-A---.....CC---T-	134
HPV11	-A.....-----T-G--GA--G-----AT---T-----A-A-A---TAT---TG--CT-	206
HPV13	ATG-TGTATG---G-GCA---T-CT-A-TAAA-AA-G-----TGTGTTTGT--GCA--AAATC-AA-CT	141
HPV34	-----G---G-A-TATTGTAT-G-TGTATG-G-----GT--TGTATGGC---G---T-GTACA	150
GROUPC.con	TaG?g????A??Attt?at???T??t?t?ta?gccctaccct????g??tTtgctt?ctagt?tata?t	185
HPV39	---GTCTGC-AC---C--ACA-AA-C-A--T-----AAGGT-TG---A--AC---A-A-G--A-	243
HPV68	---GACTGC-AC---CC-ACA-AA-T-G--.....AAGGT-TG--ACAG-A-AT--AAATA-	277
HPV18	---T-AGTA-CA-C-GT--TTG-GT.....TTGTGGTATG-GTG-----GT-G-GC---TA	243
HPV45	-T-T-AGTA-CA--ACT--TTG-GT.....GTATGTGTA-----TG--CCC---T-	251
GROUPD.con	gtt????ttat?taagg?g?gttgtgtcc?taa??a????g?ttg??tgtt??tt?gcgtc?ctg??ta?	155
HPV51	TG-GTG--T-TGC-T-ACT-CA-T---ATGAC-TGTACGG-TG-ATG--GGTA--ACAT-AT-CCCG--G	225
HPV26	-AATGTG-C-TC-T-CATG-T-ACATGT-T-T-CT-CACTAT---TCAT--GT--TA-CC-TGA-GTA-T	239
HPV30	---ACA-A-AC-----T-C-G-----C--GGC-TTTA-G-A-CAAT--AGG-G-----C--ATG-CC	227
HPV53	---GCA-A-AC-----C-C-G-G-----C--GGC-GTTG-G-G-CA---AGG-G-----C---TT--T	231
HPV56	C-GTATA---G-GTAAT-TTG-----TG---TA-ACAT-AA--AG--C-TT-AC---GGT--CA--A	219
GROUPF.con	gt???	87
HPV27	--TTCTGCACCCATT.....	229
HPV57	TGCATGGTTTGCACACTGT.....	231
HPV2a	A-TTCTGCACCCCATC.....	200
HPV3	--CATGCG.....	202
HPV10	--CAGGAG.....	218
HPV7	--ACTTTCTTTGTTTAAAAGTTACTTATTAACACTCACTTATTTAAAATGTCTGCTCTGCACACTGCA.	261
HPV40	--ATGGCAGTGTGCATGGCGTCTGTTCAGTGTGACCAT.....	246
HPV32	.....	122
HPV42	.....	87
GROUPG.con	cgca?????ta??ta??t??tc?????cacat????t????????c?cc?a?ag?g????atc?t?t?c	126
HPV1a	G---TGTA-T--CA--AAA-AG--TTGGAA--C-TTTATTAGTGAA-CATC-TTTACAATAG-GACA-CA	189
HPV63	GCA-TTGG-A-GTGGCAGA-AC-TCAAACAGG--ACTGGTATCCTTTTGGCGC-C-CGCG-ATT-TGAA	280
HPV41	-C-TGTAT-CCCGCCCGCCCGGGGAT-G--GATA-AATCCCCAAA--C-A--C-TTCC-A-A-TGG-	280
HPV4	---CCCCAA--AT--...-TTG-ATACA--G--CAG-AGGAGAGG-G--A-G-CG-ACAT---C-C-T-	275
HPV65	---CCCCAG--AT--CCTGGA--GCCTC---CCG-CGGATGCG-G--A-A--A-GAACG--CCC-T-	247
GROUPH.con	??ct??tggtg??tc?????????????g?t?gga?????ccaa????????t?????????????t	135
HPV19	CTGATCTTC-TTG-TTTAACACGCTCGGAT-AG--CTCTCG----TGGAATCA-AATCTTGCCAATCTC-	234
HPV25	AT-GTCTT-AGTG-TTTGACACGCTCGGAT-AG--CGTTCG----TGGAATAC-AATATTGCCAATCGC-	238
HPV14d	GAGCCGC--TGGA--AAGCTACATCGTCTGAACACGCAAAAGACTCAAGGAAA-GTAAGTGTGCCAGTC-	246
HPV5	ACAGACC---TTCGTTATAACATGCTCG-A-TA-GGACCTC--C-AAGAAGAT-TAATCTACAATCGCT-	244
HPV5b	ACAGACC---TTCGTTATAACATGCTCG-A-TA-GGACTTCG-C-AAGAAGAT-TAATCTACAATCGCT-	244
HPV5d	ACAGACC---TTCGTTATAACATGCTCG-A-TA-GGACTTCG-C-AAGAAGAT-TAATCTACAATCGCT-	244
HPV47	CG--CGGA-TAGG--TTCTGCCAAAAGAAA-TTA-TCTTGTATCGTTTTTGGCGATCACATTTGGCACC	244
HPV12	TG--CGGA-TAGG--GACCGCAAAGGACC-TT-GTTTGCCAA-TAGCTTAC.....	226
HPV8	TG--CGGA-TAGG--GCCTGCCAAGGAA-TATT--TCTTGC-A-TCTATT.....	225
HPV15	CG--TTT---GAAG-ACCCGAGGCGCC-CCAGA-CTGCTG---GTA.....	192
HPV17	TG--TTT---GAAG-ACCCGAGGCGCC-CCGAA-CTGGAG---GGTT.....	194
HPV9	TA--ATC---GAA--ACCGAGGCAACC-CAAATTCACTG---GGTT.....	199
HPV49	AGT-CACC-CTGCCAGAAGTGTGTTTTT-CCAA--CATTTG---GTACCACA-TCGTTCCAGCTACAT-	242



LCR Nucleotide Alignment

-> YY-1 binding sites <-  
 GROUPA.con tt???tttat??tt????t?????.....ctccATtTTgt?t?t?.t?c?cCCaTTTt?aat?ccta? 182  
 HPV31 -CCGT---T-GCAACTAAAGCTA.....-----AT-T-A.-G-AG-----A---C----- 410  
 HPV52 --AGCC---AC-CTCCAT-TTG.....TA-----,TAC-A.-C-A-----A---C---- 400  
 HPV35 --GTG-A---AAA-AATCTAC.....-----G-G-T.AGTG---.---AC-T-A---TT 321  
 HPV35h -GTTG-A---AACAATCTAC.....-----G-G-T.AGTG---.---AC-T-A---TT 329  
 HPV16 A-CCTG--T-TG--TTATA-ATA.....--AT-----AGCGC.CAGGC-----GT-GCTTC-. 295  
 HPV33 A-TGC---CCT--TGACA-ACTAGT....G-----A---ACAAT.-T-C-----GT--G----- 408  
 HPV58 A-TTTA-AG-TT--AACAG-ACT.GC.....-----ACT-....-A-C-----GTGCATG-- 347

-> YY-1 binding sites <-  
 GROUPB.con ta?c??cag?gtatatatatattt?t??t??a?ct??A?T?Tgttac?t?atcc?ac?T???a??t?t???? 218  
 HPV6b --CATG--CAA-----T-GT-TA-A.-T-C-A-AC-TTAT-.....T-GCA..... 256  
 HPV11 .....-TAT-----G-AA-AT-C---T-C-A-----CCCC--C--T-GCA..... 315  
 HPV13 --A-ATT--T-C.....AAC--T-T---A--.TT--TT--A-TTT-CG-C-CCAT 261  
 HPV34 --G-CA-T-T-----CC-T-T-----C--T-GC-A-TTT-TA-A-TTTA 267

-> YY-1 binding sites <-  
 GROUPC.con .....atcCATTtTa?c?tataatcc?CCATTtTG??g??ca.. 247  
 HPV39 .....C-A-----.....C-T-G-----TG.GCG... 295  
 HPV68 .....GG-----G.....TAAGG-----TGTGCA... 330  
 HPV18 .....-----T-C--C-----T-----CT-TG--.. 321  
 HPV45 .....-----T-----T-----CT-TG--.. 328

-> YY-1 binding sites <-  
 GROUPD.con t??c?ttTag?tat??t?t?t?????.....?tccaTTTtg?t????t??cc?ccatTtTg?tt????? 229  
 HPV51 -GCTA----T---AC-T-G-AGC.....T-----T-ACAGCTG-AG-----AG-GCA... 355  
 HPV26 --AAAC---T-TAG-GT-A-A-TTT.....TA-TT---ATA-TTTC-ATTACTATC-A-TGTCCCA... 369  
 HPV30 -GT-CA--TT.....A-G-----GT.....GC--T-----ACC-TTCA... 337  
 HPV53 -AG-T-A---G---CCAT-T-AGTTTGG...CG--T-----...G-AC--T-----CT-TGCA.. 361  
 HPV56 ATA-A-A--TA--CCA-AACATA.....C-----,TGTT-TT--G-----TACATGCA. 349

-> YY-1 binding sites <-  
 GROUPF.con .....?cc??t?tgt?????????c?c??ttt??t?????? 98  
 HPV27 .....GT--TT-G---AGCC.....-C-AG---CA-GCG... 255  
 HPV57 .....GG--TG-A---AGCC.....-C-TGG-AGA-ACG... 257  
 HPV2a .....GC-TTG-G---AGCC.....-C-AG---CA-GCA... 226  
 HPV3 ..... 202  
 HPV10 ..... 218  
 HPV7 ..... 261  
 HPV40 .....GTA-TT-T--GTC.TAAATC-T-CA---TG-ACTGCGC 281  
 HPV32 .....CA--AT-T-A-TTT.TCAATC-T-CA---TAGTACATGC 157  
 HPV42 .....CT--AT-T---TTT.TT.GTA-T-CA---TG-TTCTAG. 120

GROUPG.con tg??a??taggtg?g??aaagtt?tatttt?cttttg??Ag?caa??gt?ttg?gg?gct?????? 208  
 HPV1a -ATTTTCC-GTTA-GCAA-C-ACAAC--C-GTA-A-GGACC-AA---CCCACT--CATTTTA-TGTGCTG 329  
 HPV63 GAAAGTGG---C-C-AACCGT--G-GG--CC--GGG-CT--CAG-AACTCT--AG-TT--GACCGTTT 420  
 HPV41 --AA-CGG-GT--ACTGCC---AAC-----TGT-A---GA-CG-CTCCG--GC--GC-GAAGCGCAAGG 420  
 HPV4 --GG-.AAA-----A-TG-----T---GCAC-----TG--T---TTT--C-G-C-C---GAACGAA 413  
 HPV65 --GC-CAAA-----A-TG-----T---AG-AA-G---ATG--T---TTT--C-G-C-C---GAACGAA 387

-> signal <-  
 GROUPH.con c?ggtgcggt????????????t????????????t?ggtgtgccaac?accatag??a????tca 204  
 HPV19 -G--C-----.....TAGAAGT-ACTCATTCGGTGC-T-----A-T--GC-TT-TGAA-T 349  
 HPV25 -G--C-----.....TAAATTAT-ACTCATTC.GTAC-T---C-----A-T--GCATT-GTAA-T 353  
 HPV14d -G-----.....CACTGTAT-ACTCACTATGTGG-T-----T-----T-CTGATAG-- 363  
 HPV5 -A-----AT.....TGGGA-TTCACAATTATAA-G-----T-----GC-TAT-- 367  
 HPV5b -A-----AT.....TGGGA-TTTGCAATTGTAA-G-----T-----GC-CAT-- 374  
 HPV5d -A-----AT.....TGGGA-TTCACAATTATAA-G-----T-----GC-TAT-- 367  
 HPV47 -A-----ACAG.....ATCA-TTCACAATGGATA-TA-----T-----TC-TAA-- 366  
 HPV12 -A-----ACGATTTCCCAATAGCACATTACTAGA-T-----T-----CATC-GTT-- 352  
 HPV8 -A-----ATGA.....AAAT-TCTTAATCATAAG-T--A-----A-----C-TCTATAG-- 345  
 HPV15 .....ATTAT-TCTTTGA-CCGTAGGCGG 261  
 HPV17 .....ATTAT-TCTTGA-CCGTAGGCGG 259  
 HPV9 .....TCTTGGC-.CGTAGG-GG 260  
 HPV49 .....-TT---TCGGGCGC-GTCACA-T- 311

## LCR Nucleotide Alignment

region of NF-1

-> E2 bind<- -> binding sites begins -> GRE for HPV33

GROUPA.con	??...	ACCGatTTCGGTTgct?t??taa??tt?tatt?t?ttt??aaaata?t??t???	220
HPV31	.....	----T-----AT-GTT---ACA-GC--G-ACAAC-ATGCTG--GCAGTAGTT	467
HPV52	.....	-----A-----G-C-TGGC-CAAC--TGG--G-CC--GGC-C-G--ACAACATAT	457
HPV35	CA.....	-----G-TGG--GCT--A--GT-T---ACA-----C-T-CC-ACC	380
HPV35h	CA.....	-----G-TGGC--GCT--A--GT-T---ACA-----C-T-CC-ACC	388
HPV16	.....	-----A-----ATGCTT-TTGGCACAA-A-G-G---TTTT-----G-TC-ATG	352
HPV33	.....	----T-----A--TGGCA--CATACCC--GACA--GGCAG--CAGT-AA-CCT	465
HPV58	.....	-----GGCACA--CGTG-T-T--T-AAACTAC--TT--AA.....	398

-> E2 bind<-

GROUPB.con	a?????t?c???	ACCGtTTTCGGTTGCcctTa??atac?ctttcctc?aaT?tggttacaacgT?T?tc?	270
HPV6b	.....	-----GC---A-----A-C---T-----G-T--C	313
HPV11	.....	-----C-----A---A---A---T---T---G-T-TG	371
HPV13	-TTAAG-G-A...	----A-----TA--GTTTCTGCGACCGA-TTGT-GCAGC--GCT--T-A-AT	328
HPV34	-AGTTA-T-TGCG---	---C-----TA--CT---ACA-G-TT-GGTC-G-T-GTGCTGT-T-AG-A	337

-> E2 bind<- -> region of NF-1 binding sites begins

GROUPC.con	.....	ACCGatTTCGGT?g??gtggc?tatt?ttTgt?t?tttag?a?AA??cact??tcT	289
HPV39	.....	----AG-----C.GTG-GTTGAGCAT---T-T-AAAC---TGG--AC---CTT---	351
HPV68	.....	----T-----C-GTG---CTA-T-CC--C-A-ACAG--TT-A--ACT-TGTG-T-	387
HPV18	.....	-----T-CCTT---T---G-C---GGT-T-CT-C-C--TA--G-ACG--	378
HPV45	.....	-----T-CCT---T---A-G--ACCT-T-A-AC-T--TA-.-AAA--	384

GROUPD.con	.....	ACCGatTTCGGTt?????c?t?t????t????t?actt?taA?a???ca???g?c	262
HPV51	.....	-----CGTGTA-T-T-AGTATA--GCC--G--T--A-CCA--ACT-C-	412
HPV26	.....	----T-----CGTTCCTTA-T-TAGTT--A-CC----TC-TGCTGT-TCCTG-	426
HPV30	.....	-----TCCTGG-A-G-ATGAG-G---TTT-TA-G--C-TGC--AAA-TA	394
HPV53	.....	----G-----G-GCAT-T---G--A-TAC--CAA-CA	401
HPV56	.....	----A-----GCATGG-C-AGTGCCA--A--TA---AAA-GGAATTCGGTTG-	406

-> E2 bind<- -> region of NF-1 binding sites begins

GROUPF.con	?.....	ACCG?ttTCGGTtgcg??ag??cg??c??c??ggtt??ca?a?ca??at????t	130
HPV27	.....	----T-----TGC--TTT--GT-GG-GCC---GC--GCA--GC.....	304
HPV57	.....	----T-----TGC--TTT--GT-GG-GCT-C-GC--GCA--CTC--ATCC-	314
HPV2a	.....	----T-----TGC--TTT--GT-GG-GCC---GC--ACC--GC.....	275
HPV3	.....	----A-----CTCAAA-TGGC--CCTTTGCAG--GTG--C-CA-ACA--TAGTC	259
HPV10	.....	-----ACAAG-TGGC--CCTTT-CAG--GTG--C-C--CCA--TAGTC	273
HPV7	.....	----T-----C---GTTG-CAA-TCATTA-ATTTG-CAGCATGTTTTT--AACA-	318
HPV40	G.....	----C-----C---GTTG-CACACACATA-ATTTG-CAGCA-ATTTTT--TGCA-	339
HPV32	A.....	----AAA-----CGTTG-ATAATGT-CATTAAA--TAGCA-G--CATGCAGTT-	215
HPV42	.....	----A-----TATCTG-CCTGTTA-CAGGTGCA-TGGCC-TGTTTCC-AACA-	177

GROUPG.con	tttg?ctg?Caga?t?tg?a????ga?tg?t??a?atagtt?ct????taat?at?ggtg?cta?aa?	252	
HPV1a	CA-ATA-TC----	T-G-TG-GGATTTA-TTGT-T-G-CTCCGTTGCATTA--CAC-AGTG--CA-TTTTT	399
HPV63	-CG-T-G-G-CA-TAA-CTCTTC--TC-T-GTTGTTA-CAACTATCAGGCG--TC-CTAGTT--AC-C	490	
HPV41	A--TAGGCG-GA-GACA-TTTTATTGCCAAAACCTTTT-G---G--GCCAA--GCAGGC--G-T--CA-CG	490	
HPV4	----G---T---CC-T--C-CCGG--G--G-GGA-A-----T--GTCTG----G--A---G-A-C--T	483	
HPV65	----G---T---CC-T--C-CCGG--G--G-AGA-A-----T--ATTAT---G--A---G-A-C--C	457	

-> M29

"AT" dinucleotide repeat region

GROUPH.con	tgtTtttgccTgtatcgtt?tcgta?ca??t?a??a?aatc?tatatat?ataata?atatata	262
HPV19	-----C-----G-A--ACA--GG-. -TT-T-TATA-----AT---T---T-----	418
HPV25	-----C-----A---ACA--GG-. .GTGTT-TA-A-----AT---T---T-----	422
HPV14d	-----A---A---ACA--TACATATCT-TGTA-----AT---T---T-----	433
HPV5	A-----T-----T-CTG-T-AT-AT--CA-----GT---C-----A-----	436
HPV5b	A-----T-----T-CTG-T-AC-AT--CA--G--GT---C-----A-----	444
HPV5d	A-----T-----T-CTG-T-AT-AT--CA-----GT---C-----A-----	436
HPV47	A---C-----T---. TACCT-ACCT-C-G-AT-T---T---T-----A---A---	434
HPV12	A-----T-----T---TAC.TAATTCTGTA---AT-A---A-----A-----	421
HPV8	-----T-----T---CAC..CATATGTA...AT-A---A-----A-----	409
HPV15	-TC--CTGA-TGG-TTGGC-GA--GT-GT-A-CA-C---ACTCT-TAT--ATATATGTA-CCGCCTGC	331
HPV17	-AC--CTGA-TGG-TTGGC-GA--GT-GT-A-CA-C---T-C-C-CAT--ATATATGTG-CCGCCT-C	329
HPV9	-TA---.TGA-C.G-T-GGA-GA-TGTGGT-A-CA-C---TACATACAC-T-TTCAT-TG-CCGCCT-C	327
HPV49	-AC--AGT-A-C-C-T--G.....GTTGT-A-CA-C---T-GA-ACAG-TATACATGTA-CCGC-TGC	375



LCR Nucleotide Alignment

GROUPA.con	t????????????t??c??t?tt??t??att??t????c????t??t??a??	238
HPV31	CTGCGGTTTTTGG-TTC-TGAA-AC-AG--TTTGCC-ACAT-CTGGCTTGTAGTT-CCTGCC-AACACAC	537
HPV52	-TTTATATAAGTT-CAG-AAAC-GC-TAA-CCT-TGG--TCCTGCAGT-CACTGG-CTACAC-TGTTGTC	527
HPV35	-CAGCAGAACACT-AAT-CT-G-GT-CC-GATA-AT---GT-TGCCAA-TTTATA-TGGC-T-TGCC-AT	450
HPV35h	-CAGCAGAACACT-AAT-CT-G-GT-CC-GATA-AT---GT-TGCCAA-TTTATA-TGGC-T-TGCC-AT	458
HPV16	-CAGCAACTATGG-TTAAAC-TGTACGT--CTGCTTGCCA-GCGTGC-AAATCCCTGTT-TCCTGACCT	422
HPV33	-TTCTTCTGCACTGTGTT-G-CTGTAC-TGC-GC---GGCATACATACCCTATGACAT-GGCAGA-CA	535
HPV58	.....CAAT-CA	405

-> GRE for HPV6b and HPV11

GROUPB.con	tattaatcctAtatgtT?tggtgc?cagg?acacatt?ccc?gcc?agtc??ttgccaag??ca?ac?tgc	328
HPV6b	-C-----A-T-----T-----G---T--A---TGC-----TG--TCATAT-	382
HPV11	--C-----C-----G-----CA---T---T---G---T--A---ATC-----	429
HPV13	A--CTTA---CCGCC-GCCAAAATATCCAC-GC-TG--AAAATCAC-CA.....-C--C--G	388
HPV34	C-AAGG-TTA--G---T--GCTT-CT-C-GG--ACTTGGATTGT-C--AAGCA-TT--GATTA--A---	407

GROUPC.con	????aa??catgtctttacctt?ggtt?a?Cc?cc????????c??tg?t?a?a??g?g?C?t??ttg	327
HPV39	CAGCA--AA-----A---C-C--TG-ATAGTTGG-AC--G-A-C-GT.TTTA-T.....	414
HPV68	CAGCA--AA-----C-----T-C--.A-ATAGTTGG-ACC-G-A-C-GTAT-TA-T.....	448
HPV18	GGCACT--TTGCAAA----ATC-TTTGGGCA-TG-TCCTACATATT--AAC-ATG-C-CG-C-CT---	448
HPV45	GGCAC-TTT.....A-AA--CCTACATAGTT-AACCTACTG-C-CG-C-TC---	433

-> region of NF-1 binding sites begins

GROUPD.con	a?ttc????aac??tta??c??t??cata?tg?c?tt?cct?t?ctt?at??c??ttt?t?ct?t??a	301
HPV51	-G--GTTTTTGG-ATAA-CCATCA-TTTT-TA--A-A-AGTGCA-A-A-CCGCC-GCCCACGC--TGTAC	482
HPV26	-GGAACAGTT--TCC--TGG-AGACAA--C-TCCTGCC-C-TACGCT-GGC-TG-CA---TGG-AC-AT-	496
HPV30	CA---AGCAA---AC---AT-CAC-GG---GG--C-G--T---GCA---T--GTTTT---T-G-AACGT-	464
HPV53	TA---AGCAG---TG---AT-CTT-GG---G--C-G--T---G-GT--A--GTTTT---G-TT-A-AC-	471
HPV56	-TGG-CT.....AGTGC-ATTATTT-A-CCAAAAGGC---T-T-AGC-GAA-AG--AA-C--T-GGC	468

GROUPF.con	tTa?t?ctttatttgc??a?c??????t??t?c??t?t????????t?a?t?t??t?t????	158
HPV27	---A-C----A-----CAC-T-CT. .AAAGTG-TAGC-G-GCCAGCAACAA-G-G-T-GGAT-T-TGGT	372
HPV57	---A-C----A-----TTA-T-CTTTCAC-TT-TTAC-G-GCCAACTAAAA-G-T-T-GCTT-T-GATT	384
HPV2a	---A-C----A-----CTC-T-CT. .AAAGTG-TATC-G-GCCAGCGACGA-G-G-T-GGA.-T-TGGT	342
HPV3	A--C-GA-C---A-C--GCG-C-TGCCTTG-CACG-.A-AGTTTTGGCTGTGAT-T-A-CTTT-C-ATAG	328
HPV10	A-GC-GA-C---A-C--GCG-C-TGCCCTG-CACG-CA-T-TTTTGGCTAAGATTG-A-AGTT-C-ATAG	343
HPV7	G-TTAAAA--G--A---TTATATAACTATA-AAAT-CT-CAATTTCCACCCA-A-CCG-TTCCAG-CTCG	388
HPV40	G-TACA-A--G--A.....	354
HPV32	---C-G-CAA--A-ATGTACTG-CAATGG-AT-G-TAAG.....	255
HPV42	--TGCAACCTA--CACTTTTAAATTTATAAA-G-AA-A-GTGTGCCAAC-GTT-TATGGCACGTATG	247

GROUPG.con	?att??tta?agt?aTag?ta?ct??a??gta?atAtaaaaa?a?acattgc??Ttctg??a?at?c?	300
HPV1a	GTG-TC-CTG-T-G--T-TGTGT-ATTTTCC-GCA----GC--TA-A-GTGA--TG-C--TTCTTT-TGT	469
HPV63	G-ACGT---CG--CG-T-CC-G--TTTTCT-ATA-A-CTCTGGTGGGA---T-TC--GG-AC-G	555
HPV41	A---CG--GCG-CA---G--TG-ACC-TG---TGA-C--TC-T-AT---C--CC--TC-TGTT--TTC	560
HPV4	C---AC---T--CT---TA--A-CGGA-GA-A-C-----GGG---G---AT---ACT-A--C-T	553
HPV65	C--CATC--A---A---TA--A-CGGA-GA-A-C-----G-C-----TAT-C---AT-A--C-C	527

GROUPH.con	tatatata??t??t?a?att????t?tt????t????ta?tt??gagccaa	291
HPV19	-----TA.TATAT-T--ACACACACAGATACA-TTTGC-GC-GCA-A-TT	470
HPV25	-----TA-TATAT-T--ACAC.....G-AGACACTGCAGCA-TA-GA-TT	470
HPV14d	-----TA-ATACT-C-GAAAAACAGAGAATGCAGAC-C	475
HPV5	-----AG-GTC-A-G---GGGT-C-TC-GTAA-CAGGC-	478
HPV5b	-----AG-GTC-A-G---GGGT-A-TC-GTAA-CAGGC-	486
HPV5d	-----AG-GTC-A-G---GGGT-C-TC-GTAA-CAGGC-	478
HPV47	----A--GTG-ATT-ATTT-CAGGCTCAG-TCTT-GCAA-. .-ATTA--A---	486
HPV12	-----TA-ATAATGT--AAGGC-TGGT-CTTT-GCAA-GTGATT-G-A---	475
HPV8	-----TGTTACAATGCTGTGACTTG-GCAA-.T--CCT-AG---	454
HPV15	GT--CT-TAT-TAA-CTACA-ACAA-A-GC-GAGTAACTATT-AGA----T-T	385
HPV17	GT--CC-TAAATGA-CTACA-ACAA-A-G...AGACTCT--C--AA----AT	379
HPV9	GT--ATA-GC-TATAT-G-CATAAA-A-ATAAGGTGCC	365
HPV49	GT.....GC-GTAC--TCTT-A-TC-TGGAAGAA--CAGACAG-A--C	419

**LCR Nucleotide Alignment**

	cluster of AP-1 binding sites -> in Group A	-> GRE for HPV16
GROUPA.con	ctt?a?acttt????tcctgc????ttt????t????????????????????t?a??ca??t	263
HPV31	---GCC-ACA-ATAA---A-TCCAAC---GCAA-TATACTATGAATCATGTTTGTTTAAA-ACAA-TGTA	607
HPV52	-CGCCT-AAC-GACT--T-----G-CT--.CA	557
HPV35	---T-A----GATTCAT--TGCAGTA--AGTCA-T-TTCATACTTGTGGTCCACCCACAC-TGTAACAC-	520
HPV35h	---T-A----GATTCAT--TGCAGTA--AGTCA-T-TTCATACTTGTGGTCCACCCACAC-TGTAACAC-	528
HPV16	GCACTGCT-GCCAACCAT-C-ATTGT---TTACAC-GCACTATGTGCAACTACTGAATCACT-TGT-CA-	492
HPV33	G--A-TC----TCTT-----ACTGTG--TGTC-G-ACTTGCTGCAT.....-G-CT--TA-	592
HPV58	G--A-TC----CCCT-----ACTGC---TGCC-A-ACTTGCCATATG.....-G-CT--TA-	462
GROUPB.con	ct?c???c?acacacct??cgccagggtgcg?tAttgcattA?tcatt?cac?????tt??c?t?t?t	375
HPV6b	--G-CAA-C-----GG-----G-----C---C-----	429
HPV11	.....-A-----G.....-C---G-----G-C-A--GT--AAT.....	474
HPV13	-GTTGCTAGGGCGCGG-TATATATATT-A-TAA--CTT-C--A--T-T-TATCACTCA--TTA-C-T-A-	458
HPV34	T-C-TGCTT-TGTTT-ATC-TA-GCAAG-TCA--CACGT--AGGCGC--CTGGCAG--ACT-A-G-G-	477
GROUPC.con	gcg?a?at??GGCGCaCCT??taTTAgTCAT??TCCTGTCCAGGTGcacT?cAACAAATag?TTG??aa?c	384
HPV39	.....-G---TA.....-C-----CA-----G-----CT---GC--CA	472
HPV68	.....TAC.....-CA-----G-G-----T---GC-GC-	507
HPV18	---C-T--AA-----GG-----TT-----G--A-----T-C---CAT-A-	518
HPV45	---T-C--GT---A-----GG-----TT-----T---AA-----G-C---CAC-A-	503
GROUPD.con	ata?gcc??ct??tt?gt?a?t?at?ta??ct??aactat?ctta??c??cata????????a??	337
HPV51	T-GGCG-GCCT-ACCGGC-CT-G-C--AC-AC--ATT-GTC--TTG--CTTTAA--ATTGTTGGCAC-CT	552
HPV26	-GTG--GCGC--GTA--A--C-CAT--A-TTAAACAAT---TACA-A-GCA-TTTT-CTTACATTAT-A.	565
HPV30	-G-C---TCG-CTTA--A--C-TAT--G--TG--GCC-----G---TTAT-AG-----	522
HPV53	C--T---TTA-CTAT-AGTCACT-AC-G--GG--GCC-----G---TTAC-TG-----	529
HPV56	---TTG-CGTT-CCTG-GT-TTA-AC-TG-ATTATGT-CAGTAC-GC-CCCTGTAT--CTCACAGGT-CT	538
GROUPF.con	ttt?????t????t????ttt?t????????t?c??g?cc??t?g????g?a?a?ttccta	183
HPV27	-G-TTAATGC-TTTTCT-TTTAG---T-CCTTTCCTG-G-CA-G.-GCGA-AGGGT-TGTGCA-----	441
HPV57	G--TTGTGTC-GCATTAAATGCAG---T-CTTTTCCAG-G-CA-A--GCGT-TGGGC-TGC-CA-----	454
HPV2a	-G-TTAATGC-TTTTCT-TTCAG---T-CCTTTGTTTG-G-CA-G--GCGA-AGGGC-TGC-CA-----	412
HPV3	---ATTTTAT-GCTGCA-CATTC-CCC-GGCACGTCTA-CTGTCT--AT-GCAAA.TTA-C-GC---TGG	397
HPV10	---AGTTTAT-GCTGTA-CATGC--C-GGCACGGCAAAGTGTCT--AT-GCAAATTTA-C-GC---TGG	413
HPV7	G--GGCAAGTCACCATG-TTGTCAGCA-ATTTGCATTGCATGTTT-AAA-T-CTAGGTC-A-GT-C---G	458
HPV40	.....GTC-ACATGC---G	368
HPV32	.....TAGCAAAATGTT--ACATACATAACA-A-AC-C--TT-T-CACAA-C-TGTT--AGA-	314
HPV42	--CTGCCAACGTACTCCCTAA--CC-TTACATAACACA-AC-C-.T-T-CACAG-C-TGTGCA-.A-	314
GROUPG.con	ttc?agC????T??T??A?AA?A?A??C??A?????AA????G????????T??TA?????A??G	323
HPV1a	-AATCC-TCCC-AC-CCA-T--A-A-TC-CT-CCCCTA--ATCT-TTTGTGCTGG-TT--TTAATA-TT-	539
HPV41	--GT-A-GAAT-CG-TAC-A--C-C-CA-AC-GTATAT--GATA-AGGAACGGAT-GG--CACCAC-G	628
HPV4	G--C--	559
HPV65	A--C--	533



## LCR Nucleotide Alignment

### papillomavirus enhancer-associated factor binding site

	->	<-	
GROUPA.con	.....taaaa?tgCTttTAGGCACATATTTT????c?tttcTt?a?		306
HPV31	.....-T---C-----GTAGA--A-CT-T		691
HPV52	.....-T---C-----AT..TTAAACT--C-A		643
HPV35	.....-C-G-----T..G-A----AA-G		562
HPV35h	.....-C-G-----T..G-A----AA-G		570
HPV16	.....AC-T-CC---G-----GGC..T-G-T--A-C		570
HPV33	.....-C-CA-----..A-T--A--TCA		675
HPV58	.....---CA----A-----A..A.--A--TCA		544
GROUPB.con	.....a?ACctgtccttTtgta?tA?a?ttTT??tgca??gtagcca		409
HPV6b	.....-A-----GT--T-C---.A---CT-----		468
HPV11	.....-A-----GG----..-C-A-G--.G--G-TT-C----		512
HPV13	.....-T--T-T-G-----CA-G--C-T---.G-A-TTAC-----		503
HPV34	.....TT---CAC---C-CA--AA-TTGC---TAAT--CATACTGT		556

### papillomavirus enhancer-associated factor binding site

	->	<-	
GROUPC.con	.....TAAAACTGCTTTTAGGCA?AtaTTTT..a?tcTGTTTTTACT		440
HPV39	.....-T-----..AG-----		533
HPV68	.....-T-GG---.TAA-----		568
HPV18	.....-C-----..-G-T-----		578
HPV45	.....-C-----..-G-----C		563
GROUPD.con	.....ctttAcTGCTgtTgGCCAca?aTTTTt????att?cata??		370
HPV51	.....T--A-----TA-A---TGT-----TGGC.--ATTT--TC		612
HPV26	.....TAAA-----A-----T-----ATTTT--TT--GG		607
HPV30	.....-T-AG-----..---G--A-CA		559
HPV53	.....-C---G---T-----C-----..T---G--A-CA		566
HPV56	.....-G-----C-----..TA-A--GTG		604
GROUPF.con	?????????????????????????????a????t?cTttt?ggCacatatTT???ctgc???tg?ag?a		212
HPV27	.....ATGGTCTG-G.-T-----G---CTA----GTC--C--G-		490
HPV57	.....ATCTTCCTG-G.-T---GGGG---TCC---GTC--C--A-		503
HPV2a	.....ATCTTAATG-G.-T-----C---GTA---GTC--C--A-		462
HPV3	.....T-TGAC-A-----..A--ACTG-CTTGGCTGC-TT		447
HPV10	.....T-TGAC-A-----..A--ACTG-T-TGGCTGC-TT		463
HPV7	TGTFACTCATCTTATTTTATACGCTTC.C-AACT-G---A-----G--TTA-----.A-AA-CAT		594
HPV40	TGTFACTCATCTTATTGTATGCACTTC.C-AACA-G---A-----G--TTG-CTA..A-AA-AAG		493
HPV32	GTATTTGTTATGTATAA.....TTAAAA-G---A-----G..TG-GTTT--GCAC-		431
HPV42	TTAATTGTTATATGTAA.....T-AAAAAG---A-----T...CAGTGT--GCAT-		440

---

GROUPG.con	CTACACCTACAGGATGTATTGTCTTCATTGTTTATGGTTTACCGCGCTCCAAGACGGTTTGCCCAAAGA	463
HPV1a	-----	679

LCR Nucleotide Alignment

beginning of 107 bp segment containing transcriptional silencer and deleted in naturally occurring mutants\  
 putative NF-1 NF-1 binding YY1 binding site in HPV16->  
 associated factor site AP-1 bind in HPV31 AP-1 bind in HPV58  
 -> <- -> <- -> <- -> <-

GROUPA.con	??cctTaAtTgCA?gt?tTGGcTt???caattgt?t?t?tgcccaact????cct??aaaa?t???taa	355
HPV31	AT----G-----.--GC-----TTG--CA---T-AAAC----A-GG-TGTGT-ATGC-TTA-AAA---	760
HPV52	TG-AC-----A--.--G-----..A--CAA--ACA-CC-A-G-C-AATATGT--TGT---ACATGATT	710
HPV35	GG-T-----CACC-----TACAT---A-G-G-GT-TG-----ACCAC---AC-C-TCCTGCC--	632
HPV35h	GG-T-----CA.C-----TACAT---A-G-G-GT-TG-----ACCAC---AC-C-TCCTGCC--	639
HPV16	TAA-C-----TA.T-----A-AAGGTT-AAAC-TCTAA-G-----AAATGTCACCCT-G-TCA--AT	639
HPV33	AA-----G-----T-----ACA-----CT-TGTA---A----ATGC-T-GT---G-GAG-C-	744
HPV58	ATG----G----.-T-----GCA----A--T-G-TA---A----ATGT-T-GT---G-GAC-C-	613

putative NF-1 NF-1 binding  
 associated factor site papillomavirus enhancer-associated factor binding site  
 (HPV6b, HPV11) -> <- -> <- -> <-

GROUPB.con	Ac?cttaAAAga?tTtttggttctAgCagtaCATTtTgtaccctta?t?Ttttat?tacaata?c??	471
HPV6b	--T-----G-----C-----T-G-T---C-G---GG-A-----A-AT	537
HPV11	-AGG-----T-A-----T-A-----G-A-A---GC-----C-CA	581
HPV13	-TG-C-G---GT-----A-C-----AG---A-G--AC--G--T.....	564
HPV34	--TA-GT---CAGTG-ACCTTGGCAG-A--T-GT---ACATG--AGGTAA--G-TGA.....	615

putative NF-1 NF-1 binding  
 associated factor site

GROUPC.con	T?g?cTAATtgcA.TAgTTGGCtTGTAtAACTACTTT?ttaT?CAa?AaT?TGTCT?c?agTa??A?t?A	497
HPV39	.-CT-----AA-----T-G--T--GG---G-----TAC---TA-G-T-	601
HPV68	.-C-----A-----TGC--T--G---G-----TGT---GTA-G-T-	636
HPV18	-AAG-----T---C-----CA-G-C---C-T-C---A-CCT--AC-TGA-	647
HPV45	-GTG-----T---A-----G---G---C---C---C---C---A-TT--TAC-TAA-	632

putative NF-1 NF-1 binding  
 associated factor site  
 (HPV51, HPV26) -> <- -> <-

GROUPD.con	TcTgcaaatt??atgatTTGGCttgcagaatac?tT?Tggt?gccA????????????a?taT?tg	417
HPV51	.-A-T---GC-.T-G---AG-TCA---TA-G-T--TAGTGCCAAGTTTCTATCCTACT---AAA	680
HPV26	---TTT--G-GC-.T-G---AA--T-TACAC--T---T---ACTATGTGTCTGACAC-TAC-G-T	676
HPV30	-----CACA-----C---TA--T-G-A-----C---G--	612
HPV53	-----C--TAG--T-----C---G--C--C-A-----G---C--	619
HPV56	-----C--TGG--T-----AC-A---AG---AGTATCTGTC-G---C--	668

putative NF-1 NF-1 binding  
 associated factor site  
 (HPV7, HPV40) -> <- -> <-

GROUPF.con	?ta?ct??accA?a?ca????????c?t????t?????a??...	228
HPV27	AA-C--GCAG-A-C-G--CTTTGGGCG-G-CGTT-C-GCAGCC-AC.....T	537
HPV57	AA-C--GCC---C-G--CCTTGGGCG-G-CGTT-T-GCAGCC-AC.....T	550
HPV2a	AA-C--GCAG-A-C-G--CTTTGGGCG-G-CGTT-T-GCAGCC-AC.....T	509
HPV3	T-CTAGTCTG--TTGC--AT..ATGTGC-TCCAAA-CTC.....	484
HPV10	T-CTAGGTTG--TTGC--ATAAAATGTGC-TCCAAA-CTC.....	503
HPV7	T--G--AAT-G--G..TTTGGCACCACATAACAC-.ATGGTTA-CA.....	637
HPV40	T--G--AAT-G--G.TTTGGCAAAACATAACAC-TGTGGTTA-CA.....	538
HPV32	G--CT-TAC-AGTT-CTCTGGCCTAGA-AAGACTAG-GCTTTG.....TCATGCCTTATAT	487
HPV42	CACAT-TAC-AGTT-C-TTGGCTTAAA-AAGTAAAG-TATTTG.....TCACTGTTGACAC	496

---

GROUPG.con	CGGTTTGCCAACCGCGTTAGGACTTGTTCATTTGCTGCCAAACTTATCTGGTCGTGCTCCAACGGGT	533
HPV1a	-----	749

## LCR Nucleotide Alignment

overlapping YY1 binding sites in HPV16 -> <-		
E2 binding site		
-> <-		
GROUPA.con	ct??a??tTta?tca??atgta?a??at????????ta?acGg?ttt?ggtta??t???aa??gt?t	393
HPV31	G-TGTATG---C---TAT-AT--ATTGCATATAGGTAT--C---T---C-----CAG-TTT-CAA-CAA	830
HPV52	AAAT-CTG---C---.....CCAGG-GTGCACACTACAG----G--AC-----CCG-ACCC-CAACCA	772
HPV35	--TT-AG--A-AA--TGC-----A-AC--TACTCACTG--TTA-ACA--GTTA--TGCACAC-GGT--G-	702
HPV35h	--TT-AG--A-AA--TGC-----A-AC--TACTCACTG--TTA-ACA--GTTA--TGCACAC-GGT--G-	709
HPV16	A-GA-CTG-GTAAAGGTT-GTC-T-CAT-GTTCATTTG--A-A-TGCACAT-GGTGTG-GCA--CC-AT-	709
HPV33	--ACCTG---T-ACCAGG---GG-CT-.....-----T---A---C-TAT-GGTC-T.T-A-	800
HPV58	--A.-CA---T-GCCAGG---GG-CT-.....-----T---G---C-CAT-GTTC-TGT-TC	669
AP-1 binding site in HPV34		
-> <-		
E2 binding site		
-> <-		
GROUPB.con	?aaaAtgagtAacctaagGTcacacacCtgca???.ACCgGt?tcGgTtAaccacacacctacAt	530
HPV6b	A-----G.....-----T-----T-----	597
HPV11	C-----T-----	641
HPV13	.-----A.....-----A-----AA-----CT--	625
HPV34	....-AACTG-CTAAGCA--GCTTACT-ATTTTCG.....-T-GACT-T-A---GTTTGGAT--C	675
AP-1 binding site		
-> <-		
E2 binding site		
-> <- -> GRE for HPV-18		
GROUPC.con	??taagTGACTaAt?tatc?at??atAgTTTaTGCA...ACCGAAAtAGGTTGGGCa?cacatACcctA	556
HPV39	TAC.....-G--G-ACACA-----T-----	665
HPV68	TAC...-----ACCA-ATCCATA-A---G-----A-	699
HPV18	CTA---TA-----GC-G-GC--AC-----G-----	713
HPV45	CTA---C---C-CT--AC--AC-----A-----C.-TATA--AC-	698
E2 binding site for HPV30, HPV53, and HPV56		
-> <-		
GROUPD.con	t?t?gtaaa?ca?gtatg?a?????ttactcat?????aaccggttTAcggt?ttgcag?aaca?g??T	465
HPV51	.CCA-CTTA-TCA---C-GGTGTGTACACAAATGTGT...TACC--ACCGA--TGT-TTCTGCCTA-	745
HPV26	GTAACCC-TAGTTAA-CAC-GGTGTG.....TA-G--ACCGAAATGT-TTTTGTAA-	729
HPV30	-C-T-----G--G--G--T-AAACC-----ATCCAC-----G-----T-----C---A-TT-	682
HPV53	-C-A-----C--G--G-.CACCTA-----GCACCGC-----T-----C---G-CC-	688
HPV56	-T-T-C---C.-T--AC.-TACAA-----TTTTTAA-----CG---AA---G-...	734
E2 binding site		
-> <-		
GROUPF.con	????????aa?????tt?c?????t?c?ca?a?acacACctattcCGGTcgcta??tctt?taT??	266
HPV27	TTCACTTGCC--CTTGTC--G-CGCGCA-T-CA-G-A-----A-TG---AC---G.	606
HPV57	TTCCCTTGCC--GTTGTC--G-CGCGCA-T-CA-G-A-----A-TC---AC---G.	619
HPV2a	TTCACTTGCC--CTTGCC--G-CGCGCA-T-CA-G-A-----A-TG---AC---GT	579
HPV3	.....-A-CA-G-----A-----GCT-GC-T-C-AG	524
HPV10	.....-A-CA-G-----A-----GCT-GC-T-C-AG	543
HPV7	.....A--TACACA--A-TCATGG-A-A--CCTG--A---GC--T---T---CACG--T---TA	698
HPV40	.....T-GTACATA--A-TCATGG-G-A--CCTG-GG--GC--T---T---CA-G--T---TA	599
HPV32	AACTAAGTATT-GTCACTGACTGCATCTAATTA-ACTGTCA---G-AAT---GCA--AA--C-AAC-TG	557
HPV42	ATTACTCATAT-TATAAT--GTTTAAACATG--GGTGGCA---G-AA---ACA--AA--C-.C-TA	565
GROUPG.con	TTCTGCCAAGCACCTAAAACGGTAGGTGTGTACTCTTTTCAAGAATTAACAAAGGAGATTTCTCCCGCC	603
HPV1a	-----	819



## LCR Nucleotide Alignment

	Sp-1 binding	signal	
	-> <- -> E2 bind<-	->E2 bind <-	-> <-
GROUPA.con	t?taaAAAAa?tAGGG?GTaACCGAAAacGGTc..g?ACCGAAAaCGGTt??tATAtAaAGcAgAcatt?		475
HPV31	GTAT-----G-----A--G-----GT---. . .A-----GG-----C-T-G-A		930
HPV52	-AGT-----T-----T-----AG-----C---GTA-----T--A-C---G-G		873
HPV35	-A-----AC-----A--G-----T-----GCC---.-----AG-GC		830
HPV35h	-A-----AC-----A--G-----T-----GCC---.-----AG-GC		840
HPV16	-G--T---CTA---C-----T---T..A-----C---AG-----T		831
HPV33	-T-----G-----T-----G---T..CA-----GCA-----A---T		902
HPV58	CT-GT---C---T-----T-----TG-----C---GCA-----T		772

	Sp-1 binding	signal	
	-> <- -> E2 bind<-	->E2 bind <-	-> <-
GROUPB.con	agTtTAAAAaAtA?GG?GggACCGAAAACGGTT?.cAACCGAaAaCGGT??aTATATAAaccagcCcaaA		621
HPV6b	G-----A-----A-----T.G-----T--		692
HPV11	-----G-.-A-----T-----T-----		736
HPV13	-----T-----T.T-----G-----		722
HPV34	-C-A----T---G--T-TA-----G-----T-T---GC-----GTGCTG-AGT-		787

	Sp-1 binding	signal	
	-> <- -> E2 bind<-	->E2 bind <-	-> <-
GROUPC.con	...atataAaAAAGGGaGTaACCGAAAACGGTc?.ggACCGAAAaCGGTGtATATAAagctgtgc?cA?		643
HPV39	...T-TA-----A-----T-----G-----CGCAGT-A--G		764
HPV68	....-GT-T-----G-----A.T-----G---AA-A--G		796
HPV18	...TT-----G-----A-----A---AGA-A		811
HPV45	...-C-----T-----T.CA---A-----C-----T--TGG-A		796

	Sp-1 binding	signal	
	-> <- -> E2 bind<-	->E2 bind <-	-> <-
GROUPD.con	.?ttTtAta?a?AGGGaGTaACCGAAAa?GGTTta?gACCGAAAaCGGTaCATATAAAAG?ac?gtg?ta		552
HPV51	.T-G-A-A-ACT---T-----G---.T-----G-----TG-A---G--		851
HPV26	..-G---CTA-A---T-----C---.GCA-----C-----T-AAAG-C--		834
HPV30	..G-----G-A-----G-----TA-----TCA-----C--T--ACC-		780
HPV53	.C-----G-C-----TA-----G-----C--T--TAC		787
HPV56	.C-----T-TT-----G-----A-----GCAGC-TA-T		833

	Sp-1 binding	signal	
	-> <- -> E2 bind<-	->E2 bind <-	-> <-
GROUPF.con	....aaaaaatAGGG?GTaACCGAAAaCGGTc..cgACCGAAA?cGGTAcataataaAa???aacc???a		346
HPV27	.....T-----T---CGTATA---CAGG-G-AGG		700
HPV57	.....C-----A---CGTATA---CAGG-G-GCC-		715
HPV2a	.....T--G-----A-----TT---TGTATAT---CAG--G-AGG		674
HPV3	.....G---A-----A-----TGG-----GGAGG-ACAT-		652
HPV10	.....-T-----A-GG-----T---G..TGG-----CAAGG--CGT-		671
HPV7	.....TT-CT-A---C-----A-----ACC---CAA-		793
HPV40	.....TT-GT-A---T-----G-----TTCC---CAA-		694
HPV32	.....-G---A-G---T-T---T..TA-----A---G-----T--ACC-C--TGGG		657
HPV42	.....-TA---A-----TT---T..A-----C-----T--ACC-C--AAAG		663

GROUPG.con	ATTcATTATTCTAGTTACAACAAGAACCTAGGAGTTATATGCCAGAAGTAAGCCTATAAAAATACACAGGT		743
HPV1a	-----		959



## LCR Nucleotide Alignment

GROUPA .con	t??ag?aagca?ctgcagac??ACATTGTAAGGTGCGGT	508
HPV31	-TTT-TGCAA-C--A-----GCC	953
HPV52	-AGCTA-C---CGGC-	889
HPV35	ACA-AA-----GAA-TG---AG-----	869
HPV35h	ACA-AA-----GAA-TG---AG-----	879
HPV16	-	832
HPV33	-GC--T---GTA-----CGACT	924
HPV58	-TTG-T-G--TA-----GACT	794
GROUPB .con	aAtT?agcaaacGaggcat?A	640
HPV6b	----T-----T	712
HPV11	--A-T----G-----T	756
HPV13	----G-----G--G-----A	742
HPV34	C-C-GCTGG-CA--TTGGGA-	808
GROUPC .con	cagtt??ctAtAcc?	655
HPV39	TTTC-GT-C-----G	779
HPV68	-----GT-----A	811
HPV18	--CACCA-A----T	825
HPV45	A---GCAT--C-GG	810
GROUPD .con	aa?????ag?a?A?ccC?	561
HPV51	--AGTAT--A-G-A-A-C	869
HPV26	GCTACGTGCA-A-CAG-T	852
HPV30	--CGGAC--TGT-C--	796
HPV53	--CACCC--G-C-T--	803
HPV56	CTGTGTGGAC-T-T--	849
GROUPF .con	?a??ctgc??tgggg??c?GA	359
HPV57	TGTA-AAGGGCA---	730
HPV3	ATGC	656
HPV10	GCAT----AGAA-CT	686
HPV7	A-AC---ATC-----CCA-T	813
HPV40	A-AC---TT-----CCAGT	714
HPV32	C-GTGGT-CT--TTAAGG-A--	679
HPV42	T-GTGGT-CCA-TTAAGG-A--	685
<hr style="border: 1px solid black;"/>		
GROUPG .con	AAGACTCTGCACAGGACCAG	763
HPV1a	-----	979