

E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alingments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments
E2 Alignments

E2 Protein Alignment

The sequence HPV59* in the following E2 alignments was created by substituting the reverse complement of the original sequence of HPV59 for the 149 bp from nt 235 to nt 383 (aa 79 to aa 128). Because of the unusual nature of the sequences, they have not been included in the GroupA7 consensus or the SuperA consensus.

SuperA.con	MK??tmmetla?rLdacQekilelyE?ds??l?dqi?hWk??R?E?a?lykAre?g???ghqvvp?l?vsk	52
HPV54	-----T---V---RL-D---K---NK-E---E---CI-L-C-LQ-----M-YKVLQ--AL-A-A---	66
	E1 end <-	
GroupA1.con	ME?LAKRLDACQEQLLELYEE?S?L?KH?HWKCLR?EA??L?KAREMG?A??GHQIVP?LE??R	49
HPV32	--T-----D-KH-E--VQ-----I--AL-F-----Y-QV-----A--IS-	66
HPV42	--R-----N-RD-Q--IE-----M--VV-Y-----F-NI-----T--TC-	66
	E1 end <-	
GroupA2.con	METLANRLD?CQDK?LELYEKDSdKLEDQI?HWqLmRvEnALlYKARECGlThIGHQVVPpLSVtK	63
HPV3	-----V---I-----M-----L-Q-----	66
HPV28	-----V---M-----N-----M-----	66
HPV10	-----A---M-----T--H-L-----	66
HPV29	--N-----A---I---R-----T--Y---S--Y-----M-R-----T---A-	66
GroupA3.con	MRMESLADRLDACQEKLlLDLYEKDSNKLEDQILHWHYVRLenAMlFKARQAGLTRVGHQMVPtLSVtK	68
HPV61	-----	68
	E1 end <-	
GroupA4.con	METLANRLDACQETLLELYEKDSNKLEDQIKHWAQVRLenVmlFKARECGMTRVGCTtVPALtVSK	66
HPV2a	-----A-----	66
HPV27	-----	66
HPV57	-----S-----	66
	E1 end <-	
GroupA5.con	ME?LC?RLN?CQEKILd?YELDS?KL?DQI?YW?L?RYE?A?FY?ARE?N???INHQVVP?T?V?K	47
HPV26	--N--Q--A-----Y---N--T---D--K-V---C-I--K---G-MQC-----S-V-C-	66
HPV51	--T--H--V-----C---D--V---N--T-L---A-M--A---R-LRT-----A-T-S-	66
	E1 end <-	
GroupA6.con	METL?QRLdACQ?KILDCfEkDSkcI?DHIdYWKAVRhEnVlyYKAREn?it?LnHQ?VPcLQVCK	60
HPV30	---C-----E-----N---K-E---V-----VL---Q-N--K-R--V-----	66
HPV53	---C-----E-----R---N-T-----Q---I-----NM-K-G--V-----	66
HPV56	---S---N--N-----R--A---E-----D--V---M-----	66
HPV66	---S-----N---Y-----I-----Y-----D-NV---M--S-----	66
	E1 end <-	
GroupA7.con	MK??T??etLS?RL?aLQdkIl?hYE?DSkdIy?QInYW?l?RlENAIIf?aARE?G?ht??HQVVPpiniSK	56
HPV18	MQ-PK----E--S-----ID---N----DS--Q--Q-I-W----F---H-IQ-LN----AY----	70
HPV45	--MQ-PK-S--E--S-----D---N----NS--S--Q-I-----LFT---H-ITKLN-----	72
HPV39	--.E-MMK---Q--NV-----EY--Q---S--D---KCV-M---Y---R-M--ID---T-----	71
HPV70	--.E-MM---Q--N---E---E---Q---L--D---KYV-----Y---R-M--ID---GTT--	71
HPV59	MQ-VMD---Q--SV---Q--E---N---NEH---K-V-M--V-LF---NNI--LN---TFLV--	70
HPV59*	MQ-VMD---Q--SV---Q--E---N---NEH---K-V-M--V-LF---NNI--LN---TFLV--	70
	E1 end <-	
GroupA8.con	ME?LARRLDLcQEQLLELYEQ?SK?LQ?HILHWKYIRYES?IYYTARQMGIK?LGHQVVPsLdVSK	60
HPV7	--K-----D--Q--H-----V-----R-----	66
HPV40	--N-----N--E--Q-----A-----H-----	66
	E1 end for HPV16, 31, RhPV1 <-<- E1 end for HPV52, 35h, 33, 58	
GroupA9.con	MME?ls?RLna?QdkIL??YEaDs?dL?dqIehWkLiR?ECa??YkAremGi?hlnHQVVP?l?vSk	54
HPV16	--T-CQ--VC-----TH--N--T--R-H-DY--HM-L---IY-----FK-I-----T-A---	66
HPV35h	--T--Q--SVC-----EH--T--TC-S-H-QY-----L---VF-----KT-----TQAI--	67
HPV31	--T--Q--VC-----EH--N--KR-C-H-DY--H--L--VLM-----HSI-----A-S---	66
HPV52	--SIPA---V-E---DL-----N--NA-----T-M--VLF---K-L--T-IG---PMA---	66
HPV33	--EI-A---V-E---DL---KT--PS-----M--LL-T-KQ--FS---C---S-LA--	66
HPV58	--EI-A--S-V---DI---KN--TS-----M---IM-T--Q---S---C---S-VA--	66
RhPV1	--A-AE--S-L--R--EL---K--K-----CV-Q---VL---V-FS-----S-T--R	67
	E1 end <-	
GroupA10.con	METiAKhLdaCQeQLLELYEENSn?ltKHigHWKCiRyEsVLLhKakQMGLsHIG?QVVPpLtVSq	64
HPV6b	--A---R-----TD-H--VL---M-H---Y-----M-----K--E	66
HPV11	--A---R-----D-----IDIH--M-----L-----L-----M-----E	66
HPV44	-----V-----K-----C-----N--M---A-A---	66
HPV55	-----V-----N-----C-----N--M---A----	66
HPV13	-----E-K-----L-----R-----L-----	66
PCPV1	---L-----E-----V-H-N--Y--R-----L-----K---	66
	E1 end <-	
GroupA11.con	MMETLCKRLSACQDAILELYERDSIHLSdHIDHWKHVRLenVLLHkAREMGLQSVNQQAVPSLAVSR	67
HPV34	-----	67

E2 Protein Alignment

SuperB.con	M?Q?etmenLseRfnalQ??lmniyEs???tle?qi?hWq?lR?e?vlllyAr??gvtrlGyqpvP?lavSE	57
	E1 end <-	
GroupB1.con	MenLseRFnaLQd?LMniYEs???tle?QI?HWq?LR?EavlllyfAR??gv?RlGYqpVP?la?SE	54
HPV19	-----V--Q-----AE--S--E--I--K-----RK--T--I-----T--V--	66
HPV25	-----V--Q-----T-AQ--A--E--I--R-----QK--T-----A-MV--	66
HPV20	----K-----Q-----PD--S--E--T--K-----QH-IS-V-----V--V--	66
HPV21	----D--V--Q-----AN-I-S--E--T--K-----QK--T-----Y--P--V--	66
HPV14d	----D-----Q-----T-AN--S--E--T--K-----QN--T-----V--T--I--	66
HPV5	-----Q-----A-EQ--QA--K--T--K--P--Y--EK--T-----VK--V--	66
HPV36	-----L-----A-EQ--A--K--T--Q-----QR--T-----PK--V--	66
HPV47	-----EQ-----A-EQ--KA--L--T--K--T-----QK-IN-----A--I--	66
HPV12	-----V--Q-----A-EH--T--A--TL--R-----Y--QK-IT-----T--V--	66
HPV8	-----V--Q-----A-EQ--A--A--LL--K-----QK-IT-I-----P--V--	66
HPV24	---KK--DV--L-----L-----QGSD--S--E--A--R-----Y--QN--L-----L--P--T--	66
HPV15	-DT-----EN--D-----GRDDI--T--L--Y--Q--F--KH--M-----P--T--	66
HPV17	-D-----V--EN--D-----GQEDI--T--K--L--Q--Q--F--Y--KN--M--V-----P--T--	66
HPV37	-DT--D-----EN--D-----GRDD--T--M--L--Q--Q--I--FHY--KN--M-----P--T--	66
HPV9	--T--A-----ET--DL-----GRED-QS--D--T--Q--Q--I--HY--KN--M-----P--T--	66
HPV22	--K-----S--EK--DL-----GVED--T--Q--KL--Q--Q--F--Y--RH--IL-----T--T--	66
HPV23	--A-----S--K--DL-----GLED--T--Q--KL--Q--Q--I--Y--KR--IM-----P--T--	66
HPV38	--T--A--TV--EK--D-----GVED-DT--Q--L--Q--Q--I--YHY--RH--T-----S--S--	66
HPV49	--A--NA--V--EM--D-----KGED--T--E--KL--Q--QA--F--KHSIM-----PM--V--	66
	E1 end <-	
GroupB2.con	M?Q?etqesL?arfdAlQe?iLtlIE??s??l??qi?YWe??Rkenvi??yArKeg?tkLGLQPLPtlavtE	56
HPV4	M--V-----A--H--SQEST-ES--Q--NI--A--MH--Q--L-----	66
HPV65	M--V-----A--H--SQDDT-ES--R--NI--A--MHF--Q--L-----	66
HPV48	M-P-----ST--A--Q--IQ-----KE--YD--KDHLA--KAV--L--AY-----HI-----	71
HPV50	-T-M--T--S--L--Q--DIQ--N--KD--KN--KDH--D--SM--Q--LAF--K--NMSR-----PAK--S--	72
HPV60	MN-AD-TE-S-----Q--N--Y--QD--KDIQA--Q--DLN--LY--TY--YSH-----A--Q--S--	68
SuperC.con	MKM??AcerL??AQETQMqlIEKdSdKlqDHilyW?aVR?EntLLYAARKKG?tvlgHc?VP??Vcq	57
	Start of activation	
	domain in BPV1 ->	
	E1 end <-	
GroupC1.con	METACERLHVAQETQMQLIEK?SDKLQDHIlyWTAVRTENTLLYAARKKGVTVLGHCRVPHSVVCQ	65
BPV1	-----S-----	66
BPV2	-----A-----	66
	E1 end <-	
GroupC2.con	MKMSAA??LLAAQETQM??IEKDS??L?DH??WG?VRRE??LLYAAR?KGL??G??PVPVPCSV??	46
EEPV	-----SDH-----QC-----RL--Q--ACY--A--KL-----T--KTI--CV-----TA	68
DPV	---KEQ-----TL-----TD--K--IDS--P--HG-----H--IWL--LN-----KC	66
	E1 end <-	
SuperD.con	MVSLEARFDVQDQLLQVYENDSNTLELCLQYWALIRRENALYYARQQGKTRLGLYTPPTRVSE	66
BPV4	-----	66
	E1 end <-	
SuperE.con	MSQME?Ls?rLD?lQEql?LYEkds??ledqi??WnLlR?Eqvl?h?ark?Gimr?G?q?VPsl??Sq	52
HPV41	---R--LE--YI--I--T-----VD--H--RL--R--NAIWVVL--QE--HA--V--GRA--AMTV--E	69
COPV	--K--EA--L--E--S--QN--QS--A--SRH--S--K--LYY--GK--I--M--P--PQSV--	66
CRPV	--A--Q--SI--E--S--E--TS--S--LQH--K--L--FCK--H--RQL--YTP--IT--	66
	E1 end <-	
GroupE1.con	ME?L??RLD?LQEQL??LYE?DSK?IEDQI?QWNL?RQEQLVLFH?ARK?G?MR?GLQ?VPSLA?SQ	50
HPV1a	--N--SS--L--MN--Q--L--K--I--F--N--V--I--A--S--	66
HPV63	--S--NN--W--LT--K--D--M--L--Y--K--I--L--V--A--	66
	E1 end <-	
Unclass.con	MESIHSRLAAVQEELMCMYEDGEETLEAQLKHGLLRKEQVLLHAARQHGHNKIGLQAVPPLSVTQ	66
MnPV	-----	66

E2 Protein Alignment

SuperA.con	aKa??aIE?qaLe?l??s?y??e?WTLqdtse?emw?t?Pk?cfKk?G?TveV?fDg??n?m?yv?W??iy	98
HPV54	G-GHK---L-L---T-QKTV-ST-P-----CL-R-NAP-TG-L-RR-Q--D-I---HQD-T-Q--M-GD--	138
GroupA1.con	AKAH?AIEI?LALETLLQS??G?EPWTLQETS?E?W???PKKC?KKQGRTEV?FDG???NAMHYTAWT?IY	105
HPV32	---V---Q-----TF-T-----Y-M-HAE---L-----V---NPE-----F--	138
HPV42	---M---H-----SY-K-----N-L-LTN---F-----I---KQD-----Y--	138
GroupA2.con	AKArsAIEvHVaLqQLQeSayaq?pWTLRDTsREMWDtvpKkCWKKRGvTVEVRYDGEtKaMCyVqWr?ii	133
HPV3	-----S---H--H--D-----L-----N-----E--	138
HPV28	-----L-----DS-----S---H--D-F	138
HPV10	---N-----HE-----A--G-----I-----S-----ELY	138
HPV29	---C---M-----Q--GKE-----A--R-----H-L-KD--	138
GroupA3.con	GKAHKAIEVHLSLQGLQTSAYAHPEWTLQTTsLEMWNTQPQRcWKKKGRRLTVKFDGEDHKAVEYVSWGYIY	140
HPV61	-----	140
GroupA4.con	AKACQAIEVQLALQTLMQSAYSTEAWTLRDTcLEMWdAPPkCwKKKqSVLVKFDGSsDRDMIYtgWghIY	138
HPV2a	-----S--F--	138
HPV27	-----L-----H--	138
HPV57	-----E---R-----C-----	138
GroupA5.con	QKA?QAIE?H?ALQSL??DYN?E?WTMR?T?YE????PK?CFKK?G?TVTV?FD?NK?N?MDY??WK??Y	93
HPV26	---W---I-I---INT---T-A---D-S---MYMTE--H---E-T---V--C---E-T---IR--YV-	138
HPV51	---C---M-M---NKS---M-P---E-C--LWCVA--Q---G-I---I--G--D-A---TS--FI-	138
GroupA6.con	AKAC?AIElQIALeSlSkT?Y?nEEWTLrD?Cee?W?TePKqCFKKeGqhIEVWFDGsK?N?meYVvWkw?Y	123
HPV30	---V---I-M---Y--E-KV---K-V--NM-H-A---S-KR-----K-D-RT-----Q-V-	138
HPV53	---V-----C--E-NM-----V--SM-Y-----Q-----D-RA-----V-	138
HPV56	---S---V-----T-I-N-----T--L-L--K-----N-C-Q--A--YI-	138
HPV66	---S-----AI-N-I-K-----T-D-L-R---N-----N-N-C-----FI-	138
	-> putative inversion in HPV59 <-	
GroupA7.con	sKA??AIElQMALe?lAQs?yntEeWTL?DT??ElWnTePkqCFKKG?TveV??DGnKdNcMnYVvW??iy	116
HPV18	---HK-----QG---R-K--D--Q--CE-----TH-----Q--Q-YF-----T--A-DSV-	142
HPV45	---HK-----KG---K--N---Q--CE-----S-----K--H-YF-----DS--	144
HPV39	C--YQ-----SV--TE-----K--SN---H-Q-----Q-T---WY--D-C-A---L-GA--	143
HPV70	A--YQ-----S---ADF-K---K--SN-M-Q-K-----K-V---WY-----S-H---GA--	143
HPV59	N--CE-----SNRTSTVMPCFLKHFLGAVCHSSWHVSCIVHCS-LNSVCAKLSNAICS-E-T-H-TS-TF--	142
HPV59*	N--CE-----S---TEFKN-Q--MQE-CQ---Q-A--K---Q-I---RF-CS-E-T-H-TS-TF--	142
GroupA8.con	AKAHAAIEMQMCLeSLQ?TEYN?EPWTLQDTsQELWLAEPKkCFKKGKtVEVRFDCNE?NAMHYTLWT?VY	128
HPV7	-----T---L-----H-----A--	138
HPV40	-----N---V-----T-----	138
GroupA9.con	aKA?qaIElQlaLEtln?s?Yste?WTLQqtSlE?wlteP?gcfKKhG?tvvtVqfD?Dk?NTM?YtnW??IY	114
HPV16	N--L-----T---IYN-Q--N-K---DV---VY--A-T--I---Y--E---G-IC---H---TH--	138
HPV35h	---M-----M---TTE---T---E--I-LYT-V-Q-----V--E---G--Q--H---TH--	139
HPV31	---L-----MM---NTE-KN-D--M-----LY--A-T--L---Y--E---G-VH--H---KF--	138
HPV52	---C-----A--KTQ---DG-----M-RA--QKY---Y-I---Y-N--N--D---KE--	138
HPV33	T--F-V---M---SK-Q---SQ-----V--C--PK---Q-E---Y-N--K---D---GE--	138
HPV58	T--F-V---M---A-P-K-DE-----V--S--QK---K-I---Y-N--A--D---SE--	138
RhPV1	---HK---V---S-QN-E-NN-E---DA---M-H--K---T-VP--L--C--D---E-VL-GH--	139
GroupA10.con	tKGH?AIEMQMtLEtll?seygmEPWTLQ?TSrEMWlTpPKrCFKKGqTVEV?DcnadN?MeYV?W?yiY	129
HPV6b	A---N-----H--S--RT--S-----E--Y---Q-----R-K-----F-GC-N-T-D--V-TDV-	138
HPV11	---N-----H--S-AKTQ--V-----D--Y-----N-----F-GCE--V---V-TH--	138
HPV44	---Q-----N-D--T-----E-----Y-----F-----A---W-KV--	138
HPV55	---Q-----N-D--I-----E-----A--Y-----Y-----I---S-K---	138
HPV13	A---E-----E--F-----D-----Y---T--R-D--S-T---	138
PCPV1	---E-----V-K---T-----E--F-----H-----RY---E-S-H--L-K---	138
GroupA11.con	SKGHNAIElQLALESLNESSYNTEEWTLQTSWEQWVTDPKQCFKKGKtVEVRYDCDKNTMQYVWVTFVY	139
HPV34	-----	139

E2 Protein Alignment

SuperB.con	akAK?AIgmv1?lqSLqkS?y??EpWtLvdtS?Et?rspP?n?fKKgp??veVi?D?dp?Na??Yt?w?yiY	111
GroupB1.con	akAK?AIgmv1qLqSLqkS?yg?EpWtLvdtS?Et?rspPenhFKKgp??vEViYD?dpdNan?YTmW?yiY	116
HPV19	----E-----E--T--S-----A--Y--A---Y-----MPI-----K-A---L----KFV-	138
HPV25	----E-----EF-K--S-----T--YK-----MPI-----K-A---A---R---	138
HPV20	---Q-----R-----E--S--S-----A-A--F-----IS-----K-K---A---RFV-	138
HPV21	SR--Q----M-----E-AK--S-----A--F-----VS-----N-K---A---R-V-	138
HPV14d	---Q-----QF-S--S-----G--F--A-----VS-----N-K---A---KH--	138
HPV5	T--E--A-----E--T-DFAH-----I--F--A--G-----LP-----N-----L---T-V-	138
HPV36	---E--A-----T-E-AS-T-----I--F--A--DG-----VP-----N-A---L---T-V-	138
HPV47	-R--E--Y-----E-----AFAL-----T--FK-A-----VP-----K-EA---L---TFV-	138
HPV12	---E--IM-----E-AS-N-----A--YNNV--H-----VP-----KE-E--V---K-V-	138
HPV8	---Q--IM-----EFAD-----I--YKNA-----ATP-----KQ-----V---KH--	138
HPV24	---Q--S-----Q-P--T-K-----I--FKNT-----IN-----G-----L---K-V-	138
HPV15	T--D-----IL-----A--K-----TQ--L--V--A-A-C-----QNI--MF-K--E--IMV--V-T---	138
HPV17	---D-----L-----P--K-----TQ--L--V--A-C-----QNI--MF-N--E--LMS--V-SF--	138
HPV37	---D-----IL-E--Q--A--K-S--TQ--L--V--A-C-----QNI--MF-N--E--LMV--A-SF--	138
HPV9	Q--D-----L-----R-A--Q--AQ--L-AV--AYA-----QNI--V--G---VMS--I-NF--	138
HPV22	S--D--A-G-L-E-----Q-AE-----E--L--VK--ADC-----KS--YF-G--E--VMS--V-S---	138
HPV23	I--D--AIGIL-E-----K-AD-----E--L--I--VDC-----KT--YF-G--E--VMP--V-S---	138
HPV38	---D--S--L-E--K--K-AD-Q--AQ--L-AV--ADC-----KNI--VF-G--E--LMS--V-T---	138
HPV49	T--Q--M-T-----PF-K-K--N--L--YNA--AQC-----YNI--F-G--E--LMV--A-KE--	138
GroupB2.con	ykAKqAI?i?LllqSLlKS?fasErWtL?e?SaElint?PrNcfKK?gy?V?VwFDNd?N??pYtnwdyiY	115
HPV4	-N-----Q-H-T-----P-----TDV-----S-Q--L--G--D-A-----RQ-AML-----FL-	138
HPV65	-N-----Q-H-T-----PYG-----P-V-----A-Q--L--G--D-S-----RY-AMV-----L-	138
HPV48	---E--N-Q--I-----E--L-----A-T--T--SS-----VPFI-N-----ER-SF--C--F--	143
HPV50	Q--D--R-Q-----Y--D-G--P--S-C-L-ML-AP-----QFFT-T-Q-----PK-VY---ICYE---	144
HPV60	-----EMG--T--S--QY--L-G-TDT---LL-P---T--K--T-N-----NEN-TF-----E---	140
SuperC.con	erAkQAIEmQLslqeLsk??gnEPWslLd?SWdRY??ePkrc?KKGARvVEVE?DGn?sN??WYT??s?lY	115
GroupC1.con	ERAKQAIEmQLSLQELSKTEFG?EPW?LLDTSWDRYMSEPKRCFKKGARVVEVEFDGNASNTNWTYVYS?LY	134
BPV1	-----D--S-----N--	138
BPV2	-----N--C-----K--	138
GroupC2.con	??A?QAI?MQL???L??SPW??EPWSL?DLSW?RYQA?P???LKKGAR?VEVEYDG?S?NKTWYTAW???Y	94
EEPV	EQ-K--C---IVEE-LH--AK-----T--E---A-KGC-----V-----N-S-----STV-	140
DPV	LE-R---E---LGNS-KE---CN-----C---G---P-AET-----L-----S-T-----NSL-	138
SuperD.con	QKAKDAIKMYLCLESLOKSEFANQRWLSLVDTSIETFKAPPENTLKKRGQHVTVIYDQNAMNSMVYTLWKEVY	138
BPV4	-----	138
SuperE.con	?kAK?AIEm?lylesL??SpY??E?WsLqdTsrErflapP??TFKK?g??ev?yd?dp?N?tr?tlw??y	102
HPV41	AN--F----QIK----KA---AA-G---E-TK--Y--E-SR-----L-QPVTLMF-N--E-L-EVV--KWV-	141
COPV	A--Q--QS--ID--LH-K-AN-P-T-C-----LV-E-AY---G-KQID-R-GDSEE-IV-YV--LDI-	138
CRPV	EC--Q----V--I---LR---SD-P-T-----ES--QK-----NPAIV--Y--G-RG--NNEY--GIFI	138
GroupE1.con	?KAKTAIEM?L?L?L?DS?YG?E?WSLQDTSRE?FLAPP??TFKK?G?T?EV?YD??P?N?TRHT?W?H?Y	99
HPV1a	E-----V-H-ES-K--P--T-D-----L-----AG-----S-S-L--T--NN-D-Q-----I-N-V-	138
HPV63	D-----T-Y-SG-R--Q--S-Q-----I-----DH---G-Q-I--I--ED-N-S---V-R-I-	138
Unclass.con	QNAKNAIEMHLLQLSLAETPYAREAWTSLQTSREMYMAGPSGTFKKDGTIVEVIFDGDKTNMPTYTKWGIY	138
MnPV	-----	138

E2 Protein Alignment

SuperA.con	?????????w?kv?g?vdy?GlyY.??h?g?ktyyv?F??ea?kyg?t??????WeVh?gg?vi??p??	132
HPV54	YQNCDEGEG..-T--CSNI-AM-I--.MDAEH-V---D-KK--S---EYGO.....---RM-SSI-FS-A.	199
GroupA1.con	?Q..T??G.TWCKV?GHVC?AGLYY..IV?NMKQFYCNFK?EAKKYGV?T?Q.....WEVHDG?QVIVSPA.	156
HPV32	V-...-LD-.....Y---Y-----..-D-----N-----G-.....-T-----.	198
HPV42	I-...-VQ-.....Q---H-----..-E-----E-----D-.....-N-----.	198
GroupA2.con	vQNysDD?..VVKVaG?VSyEGLYY..?HEG?ktfYVvFkdDARVYGeTGk.....WeVHVGKVIHhDa.	190
HPV3	---T--N..-----L--H-----..M---Q-----D--T.....-D-----S.	199
HPV28	T-----K-.....-H-----..I---EQ-----Y-----.....-H-.	199
HPV10	-----R..---P-K-----..T--NMNIY--N---C-----.....	199
HPV29	---L---Q..---K-Q-----..V--DV-V---HK-----I.....-N-.	199
GroupA3.con	VQ..STETDLWYKVPKVSyKGLYY..EMEGQEHYVTFQAQKYGETGK.....WEVHMGNTVIYEP	202
HPV61	202
GroupA4.con	VQ.D?ndD.tWHKVPgQVDELGLyY..vHDGVRVNYVDFGtEsLTYGVGT.....WEVhVaGrVihHTSA	199
HPV2a	--TIT-.S-----.....-T-----	200
HPV27	---A-----K-----..E-----.....	200
HPV57	---I-----F-----..I-A-----.....Q-G---Y---	200
GroupA5.con	??...?????W?K??G?VD??GIYY..T??K?YV?FK?EA??YG??Q.....W?V??G?VI?CPE.	122
HPV26	YK...TDIG.-C-GT-D--AK-----..QGAY-Q---D--Q--EK--TGV-.....-A-HVC-Q--C---	197
HPV51	IY...DNDK.-V-TN-N--YT-----..VNSK-E---Q--D--KI--AQ-.....-E-ymy-T--T---	196
GroupA6.con	Y?..G?cG.WcKVsSgVdYrGIYY..vHDGhKtYtDfE?EakKyGck??.....WEVHM?neSIYCPD.	176
HPV30	-C...-DN-.-T--P-V---K-----..---N-V---ND--V---Y-GT.....-G-----.	197
HPV53	-C...-ED-.....-A-S-E-----..I-----N-KD--T---GT.....-GKQ-----.	197
HPV56	-N...-D--.-Q--C-----..-----Q---F--NI.....-E-----.	197
HPV66	-N...-E-.....M-----Q-----TNI.....-ET-----.	197
GroupA7.con	Yk...t?t?iW?KT?gcV?ywGiYY..vkeg?ktyYevFk???ekYG?sg?.....WEVhy?gN?I?C?D.	161
HPV18	-M...-DAGT-D--AT--SHR-L-.....YN-F-IE--SEC---NT-T.....FGN-V-D-N-	202
HPV45	-I...-E-G--D--AA--S---V--..I-D-DT--VQ--SEC---N-NT.....-Q-G--V-D-N-	204
HPV39	---.NNID--C--E--D-----..MN-HL-V-----IQDA-R--T--K.....-N--I-H-P-	203
HPV70	---.H-DM-C--E-Y-D-----..-H-QH-----QDAQM--T--K.....-CN--I-H-P-	203
HPV59	-V...NDVGQ-C--T-N-DF--L--..KV-EEQV--VK-IHDAK---TTDK.....-N-KV-D-Y-	202
HPV59*	-V...NDVGQ-C--T-N-DF--L--..KV-EEQV--VK-IHDAK---TTDK.....-N-KV-D-Y-	202
GroupA8.con	VQ..V?D?..WTKV?GQVD??GL?Y..TVHGCTTYVDF?KEA?TYGKTN?.....WTVIVGS?VICSPS.	177
HPV7	---E-T...---E---HR--F-.....G--H-----D.....-R-----.	197
HPV40	---D-A...---K---YK--S-.....A--Q-----R.....-H-----.	197
GroupA9.con	i?...ee?.?ct?v?G?vdy?GlyY..?h?gektYfv?F?edAkkY?k?????????WEVhVgGqVivcp?.	157
HPV16	-C...-A.SV-V-E-Q---Y-----..V-E-IR---Q-KD--E--S-NKV.....-A-----L--T.	197
HPV35h	-L...-DS.I--V-K-L-N-K-I--..V-Q-VE--Y-T-R-E---G-KNI.....-E.	198
HPV31	Lc...IDG.Q--V-E-Q-NCK-I--..V-E-HI---N-T-E---GTGKK.....-A-----F-E.	197
HPV52	LL...G-C.E--I-E-Q---Y-----..WCD---I---K-SN---Q-CVTGV.....-A.	197
HPV33	-I...-D.T--M-T-K---I-M--..I-NC--V--KY-K--A--S-TQM.....-T.	197
HPV58	-I...-T.T--L-A-E---V---..I-GN---KY-K-----S-TQL.....-SR----T.	197
RhPV1	VW...GDN.GWVKTF-EA-NW--H-..TVA--V-Y-Q-Y-----GHGNGNGDGYE-----T-MHYSD.	204
GroupA10.con	v?...d?D.kWvKVtgmVdyKGLYY..?hGq?KTY?nFeKEAkkYg?tlq.....WEVC?gStvICSPA.	181
HPV6b	-Q...-N..T---HS---A--I--..TC--F---V--V---E---S-KH.....-Y-----.	197
HPV11	LQ...-N-.S-----SS--A--I--..TC--F---V--N---Q---S-NH.....-Y-----.	197
HPV44	-F...-T-.....HI-----..V--GH---T-----E---NS.....-I--SI-----.	197
HPV55	-H...-T-.....HI-----..V--GH---T-----E---NS.....-I--S-----.	197
HPV13	-F...-T-..T--K-----..I--NL---LE-----E-----I-----.	197
PCPV1	-C...EN-.R-Q--K---I-----..MV--C---ID-----Q-SK---.....-YD-K-----.	197
GroupA11.con	YW...LEG.KWYKVSshVDYNGIYY.ETQDNEKYYTQFDRDAKRYGVKGI.....WDVCMGGKVI.CFA.	198
HPV34	198

E2 Protein Alignment

SuperB.con	yq.d?dd?..Whk??g?vd?tG?Yy.???g?fk?YyvlFaddA?rys?tG?.....weV?vnk?tvfa.pv	155
GroupB1.con	y?.d?dd?..WhK??sgvn?tGiYy.??Gtfk?YYvlFaddA?rys?tG?.....wEV?vNketvFa.PV	163
HPV19	-V.-E--N...--SE----H--L-F..MQ-N-RH-----RK--A--H.....K-----T.--	198
HPV25	-V.-D--K...--SA----H----F..MH-S-RH-----R--N--H.....K---D---T.--	198
HPV20	-Q.-D--K...--SA----Q----F..MQ--RH-----S---T--Q.....K-----T.--	198
HPV21	-V.-D--Q...--SP----H----F..MQ--RH-----S---R--H.....N-----T.--	198
HPV14d	-Q.-D-EQ...--SA----H----F..MQ--RN-----T--K--H.....K-----T.--	198
HPV5	-M.-A--K...--AR----H----LQ---N-----K--GT--E.....K-----T.--	198
HPV36	-M.-E--V...--AR----E-----LQ---Y-----RK--Q--Q.....K-----T.--	197
HPV47	-M.-S--V...--TT----Q-----LY---H-----K--A--E.....K-----T.--	198
HPV12	-M.-PE-V...--TT----Q-----LH-D--H-----G-RM--K--Q.....K-----T.--	198
HPV8	-T.-A--K...--TT----Q-----MQ-S-RH----V-----R--A--E.....KI--D----T.--	198
HPV24	-M.-DN-Q...-Q-TE--A-H-----LI-E--H-----N--KS-Q.....RI-----T.--	198
HPV15	-Q.TL--T...-N-VEGKIDYH-A--.LE--L-V--IQ-EV--A-FGK--I.....H--ED-I--T.--	198
HPV17	-Q.NL--T...-N-VEGR-DYH-A--.ME-SL-V--IQ-EV--A-FGK--R.....H--ED-I--T.--	198
HPV37	-Q.TV--T...-N-VEGH-DYY-A--.FE-DL-V--IQ-EG--A-FK--R.....H--D-I--T.--	198
HPV9	-Q.TVN--T...-E-VQGH-DYF-A--.FE--V-T--IN-DK--A--GR--V.....H--D-I--T.--	198
HPV22	-Q.TD--ES...-E-VEGH-DY--A--.IE---T--IK-ET--K--GT--H.....H--D--T--T.--	198
HPV23	-Q.TDE--T...-E-VEGH-DY--A-F..YE-QL-N--IK-EA--K-FGT--M.....H--D--T--T.--	198
HPV38	-L.TDE--I...-E-VEGH-DY--A--.YE-KL-V--LK-EN--K--GV--L.....H--D--T--T.--	198
HPV49	fv.-s--m...-Q-VQGE-DYA-A--.KD--I-Q---T-----V--GTS-Q.....Y--RI-N-----T.--	198
GroupB2.con	YQ.Dd?e?..WhkvkGeVdynGlyf.td?tG?raYfTlF?DA??ys?tGl.....WTVhfKng?Iss.sv	166
HPV4	---MN-Q...-----D-----H--E-----SS--QRF-R-----T-V---PI	199
HPV65	---VN-I...-----D-----H--E-----ST--HRF-R-----T-V---T---	199
HPV48	---QNK...--TE-L--H--C-Y.V-LN-DFV----QP--VK-GK-----R---KT--A---	204
HPV50	---RDK...-----L--H-----KEV--DSV--K--QP--TV-GKS-Q.....I---KT-H---	205
HPV60	---I-Q...--RTR-----ENN-N---L--DS--QT--Q--T.....Y---I--A.P-	201
SuperC.con	mR?te??G..W??AkagADgtGlyYctmagagr?Yy?rF??AaRfStTgh.....??VR.D?DrvY??vs	163
GroupC1.con	MR.TED.G..WQLAKAGADGTGLYCTMAGAGRIYYSRFG?EAARFSTTGH.....YSVR.DQDRVYAGVS	194
BPV1	-----D-----	199
BPV2	-----E-----	199
GroupC2.con	?R??E?EG..WETA??AD??G??Y??????VY?E?FE?DA?R?S?TG?.....WTVR.DND??YHS??	127
EEPV	V-GTE---...---VCA--GQ-IY-C.AGMSSK--F-T--T--R-W-R--H.....---VI---TF	202
DPV	L-KPD---...---TGG--AD-LF..TTMSGTR--Y-L--R--A-Y-T--T.....---RT---H	199
SuperD.con	YV.DETET..WHKTSDDLDDYDGIFY.IDNQGNKIYVNFQDDAALYSNSGM.....GQVHFESKVL.SPSV	199
BPV4	-----	199
SuperE.con	yq.n?dd?..W?Ka?sgvD??GvyY..?dheg?k?YYVdF?eeA?r?s?tG?.....y?v?y?g?r1?nvs?	144
HPV41	-I.TPT-E...-Y--RG-I-DT-I--.I---SV-M---R-DM--ENF-E--T.....VTYR.L-SA-V--PE	202
COPV	---DEF-T...-E--HGKL-HK-LS-.M-GTQQV----E--NKY-E--K.....-EILNQPTTIPTT-A	199
CRPV	IG.-A-GE...-V-TE----YR-I--.V-S--NYV-----STD-G-FAAN-H.....-D-VFQNM--S.S-V	199
ROPV	VP-T--EK----R-T--NNI-----ETD-A-F-SK-E.....-E-V-KSQK-SVS-V	52
GroupE1.con	YQ.NGD??..WRK??S?VD??GV?Y.LE?DG?KNYV?F?EEA??YS?TG?.....Y?V?Y?GKRFTNVMS	142
HPV1a	---D-V...--VS-G--AV--Y--H--Y-----L-A--SK--T--Q.....-A-N-R-----	200
HPV63	---NR...--AA-D--VH--F--Y--V-----D-Q--NR--K--R.....-T-Q-E-----	200
Unclass.con	FA.DPNGN..WSRTTSHDTDINGIYF..NKSGDKYVRFKKEAKRYSLTGT.....WEVHDGLETHSLIIP	199
MnPV	-----	199

E2 Protein Alignment

SuperA.con	svsst????????vs????????t????????????????????????????????pp?kr?r??	145
HPV54	-----EEALSISSTGTAETRPNANSTPRNDNSTKAIPCTP.....--R--A..	246
GroupA1.con	?ISST?T..?AE??S?G?T?LVQ????N??T?T?I???.N??D?TDG??Y??P?T?PPRKRYRQ?	190
HPV32	S-----T..E--VS-S-L-E---TTDLY-TTP-P-T-TRS...-CDP-G---IL-KD-TP-T-----S	265
HPV42	P-----S...D--IP-T-S-K---QVCTT-PLH-T-S-D.....-HHA-C---TA-NV-IQ-S-----C	263
GroupA2.con	FDPVS...STrEipapGPl??t?nTt?a?TqaqvGasEGpeqKRqRLE?v?geqQQqqqqq?Q?Q?Tq??	245
HPV3	-----Y.ACT-Q.-P-----T-Y-----Q-QQ-H--TP	265
HPV28	-----A--C.-GD--K-S-ETS---T---Q-----TLNW---R-YP-TPST-T...	263
HPV10	-----ST---VC.-S---P-S-----A-D-QH---R-GSKDST-KAA..	264
HPV29	-----Q-V--T---YASH---RSP---PL-PE--Q-R--R---A-GPGP-----H-QQ-QQ-TP	267
GroupA3.con	SVSST..QDAVREVSTAET.AGHLRDNTTQTTTTPTCVGPTQTSTSVQT.....PPHKRQLH	257
HPV61	-----	257
GroupA4.con	SVSSTQA?asDDepLSPiR?AvspVpAp??A?a?tg??aaPPT?llcsAqAP?S.....PPaKRQRVI	252
HPV2a	-----S-----T-----VA-S-ES--AGR-----QA-----T-----	265
HPV27	-----T-----L-----AS-ASAR---...T---N--T-P--P-----	262
HPV57	-----AT---DT---L-S-AAA-T-T...-T.....TT-V---QD-----S-----P-----	257
GroupA5.con	?VSST?...?S??ST?T?E??SN??T?????VG?KE????.....??KR?RL?	142
HPV26	F---C...S-NQI--AK-A-PV--AT-QTTEAYVP--T--TEAP.....YPG--R--S	248
HPV51	Y---...C-DAL--TT-V-QL--TP-TNPLTTC.--A--A.QT.....QQR--Q--T	244
GroupA6.con	SVSST...cR?NVspVETVnEYnthkTttT?ts??vgaqdaavshr.....PGKRPRtt	223
HPV30	-----L-S-----V---YN-YQ-PT--TP---NE--S-A-----	249
HPV53	-----F-S---S-----YS---P--STPVGTYE-SSSLR.....	246
HPV56	-----Y-----TS--...-N-----LR	247
HPV66	-----Y-P-----N-R---AS-F.....AS	247
GroupA7.con	SMcST...SDdtV??T?l??Lqht??hs??t??T?Kt??q?.....p??krprqc	192
HPV18	-----SA-Q-VKQ----PSPY-STVSVG-A--YG-T.....SAAT--GH-	252
HPV45	-----SA-QIVRQ---ASTSTPKTASVG-P-PHI-T.....-AT-----	254
HPV39	-----GS-PT-E-TTE-SN--AT--TA-TPC-Q--IPP.....-SR-----	252
HPV70	--Y--...PT-E-TAE---PA-TAA-TPC-K--KSA.....-SC-CGVSR	252
HPV59	-----EQ-STAGSSEQ-SYPSATPPEA-YLGPQTWNR-T.....KTG-----	252
HPV59*	-----EQ-STAGSSEQ-SYPSATPPEA-YLGPQTWNR-T.....KTG-----	252
GroupA8.con	T?E??GLPIV??D?R?P?ATD?DA????????PA????????.....PPKRKR?G	202
HPV7	-V-..----APV-I-H-A.--AT--TKVHDAPYAL--STTKVYNDSHA.....-----D-	253
HPV40	-I-EH----ETA-A-P-TT---TP--PATATTETVG--QA.....-----N-	247
GroupA9.con	Sv?S?.....e?st?eia??l??????t??k????????.....????????????????krrr??	173
HPV16	--F-S.....N-V-SP--IRQHLANHPAA-H-T-A.....VALGTEETQTT.....IQ-PRS	243
HPV35h	--F-S.....T-L--A---TQ-HAYNTTE-H-T-A.....CSVGTTETQKTNH...--L-GG	246
HPV31	--F-S.....D-I-FAG-VTK-PTANNTT-SNS-T.....CALGTSEGVRRTTST.--P-TE	249
HPV52	--S.....N-V--T-T-VH-C...TE..S-T.....SAVSVGAKD.THLQPPQ---PD	242
HPV33	-IS.....NQI--T-T-DIQTNDNRPP.....QAAA----PA	231
HPV58	-IP.....DQI--T-T-DPKTTEATNNSTQGT.....-----LD	232
RhPV1	--S...ATHCDKLP-V--VSG-QHINPSPPPANPSAKENVWSS.....PA--V-RS	253
GroupA10.con	SvSST...vqeVSIagp?s?????Ttll?gastavs?t?Ed?Vqa.....PPcKR?RGp	221
HPV6b	-----T-----PESTTY.....PAQT...L--SS-K--A--T.....--R--A--V	243
HPV11	-----R-----E-TTY.....-PAQTT-P--AC-T--G-S.....--R--A---	244
HPV44	-I---...D-----A-HSSSST---A---STLPIG-A--C-D.....-----P---	250
HPV55	-I---...D-----A-HTSSST---A---P-LPTC-S-ER-DP.....-----P---	250
HPV13	-----A-Y...S---ST-----CSAS-EC---Q---	246
PCPV1	-----T-H...S---A--TC---SIAT--S---Y--L---	246
GroupA11.con	PVFSP.....CEVSTPEIVRPLHTSNSSNAQDAGVPT.....RKRHRQC	237
HPV34	-----	237

E2 Protein Alignment

SuperB.con	tSSStpp?s????????t????????????????????????????????rr?sr?r????????	168
GroupB1.con	TSStPp?spggq?d????t??t????????????????????qq????????yrrpss?tr????????	187
HPV19	-----D-----R-PNTSSK-PT-TT...DSASRLSPTASRE.QS--TNTKGRR-E-----R--RQ.TQTRQ	265
HPV25	-----E-----A-SNTSSK-PT-DT...ASRLSPTGSGE.RS--TSTKGRR-E-----R--RQQAQARQ	264
HPV20	-----D-----A-SNASSQ-PA-TT...DSTTRQSP...RK.QS--TNTKGRR-G-----R--RT.TQTRQ	262
HPV21	-----D-----A-SNTSST-PA-TT...DSTSRLSS...TRK.QS--TNTKGRR-G-----R--RT.TQTHQ	263
HPV14d	-----E-----A-SNTSSK-PT-AT...DSTSRLSPADSRK.QS--ANTKGRR-G-----R--RT.TETRQ	265
HPV5	-----G-----A-TNTTPA-PT-STTAVDSTSRQ...LTTSKQP--TETRGR--G-----KS-RSQTQQR.	266
HPV36	-----G-----A-TNASSK-ST-TTATVDSTTKQ...LTTSEQP--TETKGRK-G-----R--RPQAKQR.	265
HPV47	-----G-----T-PDTSSK-PT-TAATDTSRRQ...SINKQS--TETKRRG-G-----R--RP.QTHQ	265
HPV12	-----G---R-PDATSK-PA-SS...DSTTR...SSDKQS--ADPRRKG-G-----R--RQ..ETQQ	259
HPV8	-----G--P--A-TDAAK-PT-SA...DSTSRQ..QRSPAKQP--TETKGR--G-----R--PQ.KE.QR	263
HPV24	-----D----SRELPGSTANSKASSPTQQPQQACSDETTKRKYGRRESSPTDSRC-RR-SS-QKKQGRRA	270
HPV15	---S-A.....AGEGATSIDS	214
HPV17	---S-A.....AGEGTDASPI	214
HPV37	---S-A.....AGEGTDGAAS	214
HPV9	---S-.....GDGGETSKH	214
HPV22	-----.....VGVASQNSAP	214
HPV23	-----.....VGDASNNAV	214
HPV38	-----.....VGDSTDSASR	214
HPV49	-----.-T-LRESSNASPVHDTVDEPTSTTATTTTFSTTTATATATGAPELSSKTGTRKGRYGRKDSPT	269
GroupB2.con	tSS??s?s?d?????pgpsts??????sp?g?ks?????tstTSp?t??vRlRR?r?re????????e	199
HPV4	V--TY-S-F-TEEQQL-----YSEVTEQA--TRRR-PRKSDA-----E-EG-----R--GKSGPGSG-	270
HPV65	V--TNTP-F-FEEQQL-----PTYTELTA--C-RG--RESQP-----E-SGL-V-G-.-QRKSGPGPG-	270
HPV48	---.-RNTNPSSERSV-L---SSSESPRR-SISEN-NTESP--S--RLRE..-R--EP--SGTTDTTPR	271
HPV50	---.-R-AFGPADEQ-----YDKSQQER-GS-QP-ALQDT.EPP--TS-.....G-...RE...R-	264
HPV60	---SKQS-D-.YTSKAGQQPHFFASSSSPTTTD-GQT-QEGVSS-----SA.....R-SN-QQRELSR-	270
SuperC.con	s??s??Rdrpdg?ega?egp?gd?g?eaepa??ssllgspac?pir??gw??g?r?h?y??g?g??	205
	-> E2 spliced here in BPV1 producing E8-E2 repressor	
	Start of internal	
	hinge in BPV1 ->E3 start for BPV1 ->	
	<- End of conserved N-terminus activation domain in BPV1	
GroupC1.con	STSSDFRDRPDGV??ASEGPEGDPAKAEPAQPVSSLLGSPAC?PIRAGLGWVRDGP?HPY?FPAGSGGS	261
BPV1	-----WV-----G-----S---N-----	271
BPV2	-----S-----V-----P---H-----	270
	E3 start for EEPV ->	
GroupC2.con	?AP?HSR????IEG?W???G??RG??R????DRA????????PVR??ENR?R??R??PYS?P?SP	157
EEPV	G--P---NDRDC---F-SDA-ER--S-GSDTT---LPYPAARQSPICR---TG---S-AVH-QA---A-S--	274
DPV	S--S---ET...--L-NSG-RE--.-PTNSP---VLTHTPPGGNTVHG---AC---G-SIN-PT---T-Q--	267
SuperD.con	TSSLRVGSTGGQRGTQTDHARGRSRPSRSPSSRDARGR.....	237
BPV4	-----	237
SuperE.con	??ss?p???a???t????????????????g????r????s????r??r??sr??r??p??sr??g???	161
HPV41	PVTVTDSSSTRER-PKVLRPQGSRRRNEET-EPVAPAPKRRRGAYGRRSSPKAQR-TAAS-VSRGNG-SSD	274
COPV	AGT-G-ELPGHSASGSGACSLTPRKGPSRRP-RRSS-FPRR-GGRG-LG-GG-GELPPQPQ-SS-WSPPSPQ	271
CRPV	TS-PQ-LVS-PED-VPEEAPDSAVPAAQKKT-PKTT-TL.....G-RR--SPGVQRR-AKQ-KQAAPD	262
ROPV	TS-TPLRPI-LGN-LDNATASPAPAVSAGPAHQTPVKSL-GPVS-YG-RR--SPGVGFD-AR--RQ-KHP	124
GroupE1.con	???S????????P????T????????????????????R????R????R?P????R?????	149
HPV1a	STS-PRAAGAPAVHSDY-TLSESD-AQQSTSIDYTELPGQGETSQVRQ-QQKTPVR-R-YGRRRS-SPRGGG	272
HPV63	PVN-SPLRTSGSPTDIN-ATQGS-QTARKAETKGRSHHPKSPAVRKR-PYGRRRS-S-RDTTLR-GEGESA	272
Unclass.con	VTSSPTQTGFPRGDPVRLHGNTTGLPIPLRNSSNQILLREGRGDYPDGARRETRRYQGPPTPRSLSP	271
MnPV	-----	271

E2 Protein Alignment

SuperA.con	??n?r??????t.....	148
HPV54VYSTDQQPHSTSDPVGCDNDRHISDDNNK-QG-HTSSGDT-.....	287
GroupA1.con	?Q?P?HLQH?????.....?????VDPG??V?T??N?N?RRN?CG?Q?T.....	211
HPV32	L-P-TK---Y.....GVTNVP---SQR-.SDN-N-Q---P--N-T-.....	308
HPV42	G-S-SQ---SNPSIP.....SIPSAS---LCG-R-NSE-C-K---H--S-A-.....	312
GroupA2.con	?????????.....eRag?p?DsdRTrdcDtt?phpv?HpSDPDca.....	273
HPV3	APQTT.....---RQ-L-T-----R---C---IG-R-----V.....	302
HPV28---SQ-L-VT--S-----C-YT-G-----.....	295
HPV10---GQV-----L---RSA---R-----.....	296
HPV29	THTPSTQAC.....A-T-G-V--N-----S-SQN-YR-----.....	308
GroupA3.con	RDREQQPDTTQKDNHKRVDSTDQWINGHRNSTETGDNCDSYSS.....	300
HPV61	-----.....	300
GroupA4.con	VGQQh?.rPDSTRtVgEGqVEC.....ynkRSIsn?nsTdPRwgHgDtD?V.....	294
HPV2a	-----P-----E-----DS-R-----S-.....	310
HPV27	-----L-----D-----T---A---D-----T-.....	307
HPV57	----WQ.Q----K-R-----Q-D---R-PD-----R--S-L-A-.....	302
GroupA5.con	?PD?????????????.....T????SVD?TNN??H...?SG???G???S??QT?.....	158
HPV26	G--TTVTTVTIVTTAA...-QPGQ--Y--NL-...ST--GHHP-RDT-SD--V.....	297
HPV51	E--SS.....-ISPL--N--QI-...CG--STNT-GHQ-AT--A.....	282
GroupA6.con	E??s??s?e?sa?c??stais??nt?Ntn?????????????ciNte??G?KIt.....	249
HPV30	-PD-TDTTRQ--.ARE-H-NRV...-N---N..RQCL.GGAT-Y---VDG-Y---.....	298
HPV53	-PD-TD-TTQ-TTTARE-Y-ECVAR--D---NNTRKHLPGGAS-N---IDS-Y--A.....	302
HPV56	-SEFDS-R-SH-K-VTTH-H--...D-D--D.....SRSRS--NNNHP-D---.....	292
HPV66	-SEPDS-R-SY-H-VTTD-D--...N-A-.....SRSRSPR---QSHC-D---.....	290
GroupA7.con	glte?h?g?vnt??gnn?l?sn??g???.....nkrkrlcsgntt.....	220
HPV18	--A-KQ-C-P--PLL-AATPTG-.....	287
HPV45	----QH-.R--HVH-PL-C-STSN.....-----V-----.....	291
HPV39	AV--PTEPDG-SLDHL--P-H--ST-H.....-T--Y-SC-----.....	291
HPV70	PSETDGVFVDLV-SK-C-KRRHQCC-DTT.....	281
HPV59	-Y-QHPQSTS-SVDYCD-PVVRLLHP-N.....-P--HIPCS---.....	291
HPV59*	-Y-QHPQSTS-SVDYCD-PVVRLLHP-N.....-P--HIPCS---.....	291
GroupA8.con	?L?I????G?S?.....G??YVDT??R?R?PD?ESNN??RN?GGG?ST.....	226
HPV7	D-S-SAVD-C.....-RK---GN-A-S--I---KI--S--H--.....	295
HPV40	H-P-TTIV-K-L.....-GE---AD-T-T-P---GH--C--S--.....	290
GroupA9.con	????n?????l1????svd????g??sa?????.....ctnk?r????s?t?.....	189
HPV16	EPDTG-PCHTTK--HRD...-SA..PILT-FN.....SSH-G-INCN-N-T.....	286
HPV35h	TELPY-PTKRVr-SAVD...-R...-VY-TSD.....-D-CGSC-T-T.....	288
HPV31	P.EHR-THHPNK--RGD...-SVNC-VI--AA.....-QT-AVSCPA-T.....	293
HPV52	VTDSR-TKYPNN--RGQQ...-STTR-LVT-TE.....-G-VAHTTC-A.....	288
HPV33	DTTDT..AQPLTK-F.CA.DPALDNRTART-TN.....-Q-TVCS-NVA.....	274
HPV58	LPDSRDNTQYSTKYTDCAVDSRPRGG-LH-TTN.....-Y-G-NVCS-KVS.....	279
RhPV1	DSGGDPVRALDGKRSVLCGSAHNNATGS-GDSYD.....	289
GroupA10.con	s????na??.....?ntvcv??dsvDStnnni??n?yn?n?gR?Ns??aT.....	249
HPV6b	QQSPC-----L--AHIGP---G-H-LIT-NHDQHQR-N--NSS--.....	285
HPV11TN--L--ANIR-----I---VTDN--KHQR-N-CHSA--.....	284
HPV44	PTNTN--R.....-----RNS-----LP-S--S-K--D-NYCT--.....	295
HPV55	TTNTN--R.....D--S-RHS-----YP-S--S-K--D-NFCT--.....	295
HPV13	-RPIG-PQN.....TQSI---TDY-TL--A---NV-H--N-K--D--YCA--.....	294
PCPV1	-HCARKLQN.....TS-I--ATDRGTL--E--INNN--YN-N-QQ-N--NSSG-.....	294
GroupA11.con	DPDEGPLDFVHNLQPTTDSSTQCTLHNVA.....	266
HPV34	-----.....	266

E2 Protein Alignment

SuperB.con	??rsr????s?s????????????r??r????????????????????????????????	176
GroupB1.con	??rsrs??srsrs?s????????????r??r??s????????????????????????????	200
HPV19	.K----KSK-----R-RSLSSNR.RSRKSRKASTTRGRGRGSPT.....ATSD	313
HPV25	.R----KSR-----Q-RSRI RSRSRSRSESQSSKRRSRSRSRK.....TSATRGRGPGSPT	322
HPV20	RR----KSK-K---R-RSRHRSRSRSRSESPR-RSRYRSRSGSRGR.....VALRAITTT	317
HPV21	RR----KSR-----R-RLRSRSRSRSRYSRS-SQ-SDQPQYFRSGGQ.....VSLITTAITTT	323
HPV14d	RR----KSR-----R-RLRSRSRSQSSER-SRYRSRSRQKEVSR.....	311
HPV5	RS---HRSR-----R-KSQTHTRTSTRS-STSLTKTRALTSRSRSGRSPPTCRRGGGRSPRRRSRSPSTS	338
HPV36	RS---HRS.-----R-QSRSHTP..TTRSATT-SR-PSLAKTGVQVSTRSRSRSTSRRGRRRRSRSPSTS	334
HPV47	.R----RSR---S-QTHSSTTTTTTYRS-STSLNKTRARSRSRSTSR.....STSTTSRRGGGRSSTR	328
HPV12	.R----RYR-Q-N-R-RSQSQTRALGATSVSRSSR-PSVTQIRNRRS.....RSQ.SRGRGGR	315
HPV8	RS---HRTR-----L-RVRAVGSTTVSR-SSSLTKAVRPRSRSR.....GRATATSRRR	320
HPV24	RS-T--RCS-TQTRSRSTRRSRSTSRGN-RC-GDTPRGQGVSTSSRGRGRSRRSSSSSPTPTKASQR	342
HPV15	APE-PANRQLS-T-V-SRKRTPPRTEARRYNRKES-PTTTTRRQKRQQRQEDTARRSRSTSRGRQEISRG	286
HPV17	NAA---SP.A-GL-ATSVSTRTTQRTSPR-YR-KA-SPTATTTRH.KRQDI.....RRSRSTSRGRQAISR	278
HPV37	VHTVSGSPLA-GF-TTSVSTR..KRTPPR-YR-KA-SPTTTA.ARQKRQGEDTARRSR.....TSRGKQ	277
HPV9	TLRSRGSPTT SRLPATTVP TGG.SRTSSR-YQ-KA-SPTTRKKRQQRQEGEGEGEETNYRRQRSRKGR	285
HPV22	EPA-T-D.-PQ--S.....QVTH-YG-KA-SPTITTI RRQKRER.....QRQETP	259
HPV23	E.A-TTSLS-PQ--P.....STNR-YG-KA-SPTATT.RRQKR.....QGKETL	256
HPV38	AALPEPSTSVSPERPP.....SQTAR-YG-KA-SPSTTS.RRQRKQRETTGTQRRR.....	265
HPV49	AASNSRKEV--R--R-RTRTRREASTSRSQKASR-RSRRS.....	311
GroupB2.con	?p??kRrrg????g????gSaptp?evg?rhrtv?r?GLS.....	224
HPV4	T-R.-----GGRGG-ETEL----S-A---S---Q-E-Q---.....	310
HPV65	T-S.-----GGRGG-ETRL--S-G---I-----E-Q---.....	310
HPV48	RRGT--KL-SDSAPTSEV--RS-.....-LA-H-Y-.....	303
HPV50	HH.SY-H-KSQSEL-AD.....E---R-SH--AAH---.....	301
HPV60	S-RT---VPDEVDRQSAV-----AE---S---SLP-S-I-.....	311
SuperC.con	??r?g??pv?g?vpv??a?rqe?e?pqspdsteeep??sP??tdvidgfhlka?fs????????.....	245
	Start of conserved C-terminus DNA-binding and dimerization domain of BPV1 -> End of internal hinge for BPV1 <-	
GroupC1.con	?LRS?STPVQG?VPVDLA?RQEEEE?QSPDSTEEEPVT?PR?T??DGFHLLKAG?S.....	307
BPV1	I---S-----T-----S-----,-----L--R-TN.-----G-.....	326
BPV2	L--A-----P-----P-----N-----V--H-SDA-----Q-.....	327
GroupC2.con	?S?VGPD??S?????VP?????V?LP?????????PSPD??DVI????????RFS?????GG?.....	181
EEPV	G-S----SP-ESSRQ--L...-L--GPSDPA.....ST---AEGDKEPE---ILSKP--Q.....	331
DPV	R-G----TT-PLPSP--QNPRC-S--DGFRGGEEDN----QH---PNPQKPEP---LFGSS--L.....	332
SuperD.con	QQRAQSSSRSRSRSRSPTKGPHSSGRDTRLPSGPRPPGRRRGTPERERCPTPTPPTPDQ.....	300
BPV4	-----	300
SuperE.con	????s????????????????r?p????g????????????????.....	165
HPV41	FTSGE-DEGHRVRRHRALRKKTAGVAPAEHG.....	304
COPV	QVGSKHQLRTTSSAGG.....	287
CRPV	EADSAAGDI.....-P-APEDV-RRTTTVGRTPPPGRNR.....	295
ROPV	TDFNANTISADSTDFSPAF-P-TPSEV-RRNTTAPRESARGLGG.....	171
GroupE1.con	R????S????????S????????????????????.....	152
HPV1a	-REGE-TPSRTPG-VPSARDVGSIH TTPQKGHSS.....	306
HPV63	-ASAG-GERVAFI-PGDVGTSTRSPPKGGQS.....	303
Unclass.con	IYRPPPSYEESSRRRKLRRRQDGRVKYPASPYRTKPPGETSSDDEDEGRGGHEPRPQRRLLRGLRDRGERAP	343
MnPV	-----	343

E2 Protein Alignment

SuperA.con	148
HPV54	287
GroupA1.con	211
HPV32	308
HPV42	312
GroupA2.con	273
HPV3	302
HPV28	295
HPV10	296
HPV29	308
GroupA3.con	300
HPV61	300
GroupA4.con	294
HPV2a	310
HPV27	307
HPV57	302
GroupA5.con	158
HPV26	297
HPV51	282
GroupA6.con	249
HPV30	298
HPV53	302
HPV56	292
HPV66	290
GroupA7.con	220
HPV18	287
HPV45	291
HPV39	291
HPV70	281
HPV59	291
HPV59*	291
GroupA8.con	226
HPV7	295
HPV40	290
GroupA9.con	189
HPV16	286
HPV35h	288
HPV31	293
HPV52	288
HPV33	274
HPV58	279
RhPV1	289
GroupA10.con	249
HPV6b	285
HPV11	284
HPV44	295
HPV55	295
HPV13	294
PCPV1	294
GroupA11.con	266
HPV34	266

E2 Protein Alignment

SuperB.con	??rsr????s????gvsp??v	185
GroupB1.con	??r??ss?s???krsr????s????Gvsp??V	214
HPV19	QSSRSPSATSSSTSLRSRGSRRVGRSRGGRSRVGRSRGRGK-SRE-P-PTNT----RQSG-SRLH---ADA-	385
HPV25	TTTSDRAARSPSTTSSATSQRSQRSRSRAGSSRGGRRGGR-RHRLSESPTS----RESG-VRLH---ADA-	394
HPV20	TTTTTRRAGGGSPTSTSSSTTSQRSRQLRGGGRGGSQRARG-RS--T-PTPS----GESE-VRQH-I--SD-	389
HPV21	TTATNYSTRGSGRGSSTSSSTSKRPRRPRGGAIGGSSGRG-RS--T-PSPS----GKSE-VRQR-I--DD-	395
HPV14dITTTTRGRGRGSSSTSSKRSQRARGRGRGGSRG-RS--T-PTSS----RESE-SRQR-I--SD-	375
HPV5	SSCTTQRSQRARAESSTT.RGARGSRGSRGGSRRGRRRG-SS--S-P.AH----GG..-AKLR----GE-	406
HPV36	SSSTTTNKRSRVRAETTGSRGARGGRGARGGSGGGR..RRG-SS--T-P.AH----EH..-VRSR----DQ-	401
HPV47	QRSRSPSTYTSKRSREGNTRGRGRGRQGRAGSSGREQRRR-RSF-T-PDSS--V-RE..-PKYR----SE-	398
HPV12	GSSTDTTKRRRSRSSSNTRKRSQRGERGRGERGGRGKRRDRS--T-PTP,----AGSR-SRQR----EQ-	386
HPV8	AGRGSPPRRRSTSRSPSTNTFKRSQRGGRRRGRGRGSRGRRERS--T-PTPT----GE..-SRLR----SE-	390
HPV24	GCDTR.....-VRDS-I--GD-	359
HPV15	GNQRRRRRSR.....ETSLSPAWRGGRSRRGPTTRSQSKSL-RSRRSRKS---G...-SPRG-I--AD-	348
HPV17	GGERRQRRRER...SYSRDSSRSPNRRGGSSGGPTTRSQS-SL-RSRRSRS---G...-SAGG--A-EQ-	344
HPV37	ATSRGGDRRRRRRERSYSRDTSSSPDRGGRSRGGPETRSQSR-LSRRSRS---G...-SSRG--A-DA-	346
HPV9	ETERGGERRRR.GRSSADSTTPTDRRRRGGGGRGPTTRSQSRSR-R-HSRRSRGG...TASRV----DE-	353
HPV22	TRRRKTRRSRSTEQGGRATRRLSRESAESPRRGGGGGGLTRRSRSRS-T-E...-VDGG--A-DE-	328
HPV23	TRRRKTRRSRSREQRGGRETQRSSSRGASKSPRRGGRSGGGLTRRSRSRS..PE...-VTGG--A-SE-	323
HPV38	.KRSRSRSTNRGGRDTRRSSSRGSSVPTRRRRGGGDSR-RGPVTRRSRSRL--A...-SAGG-I--DK-	333
HPV49	TSRGSRGSGSVTTSRDSSPKRTRRGRGRGGRSRRSPTPTSTSKRERRRSRSRGGEP...VSGGV-I--DK-	380
GroupB2.con	224
HPV4	310
HPV65	310
HPV48	303
HPV50	301
HPV60	311
SuperC.con	245
GroupC1.con	307
BPV1	326
BPV2	327
GroupC2.con	181
EEPV	331
DPV	332
SuperD.conV	301
BPV4-	301
SuperE.con	165
HPV41	304
COPV	287
CRPV	295
ROPV	171
GroupE1.con	152
HPV1a	306
HPV63	303
Unclass.con	ERRRPPVQEGEEDVDGVGALLDDLKLYQEPGDPVEDSDSPGSRLTPAPPDLSTRYDSTRLQVDAESSPPRTP	415
MnPV	-----	415

E2 Protein Alignment

SuperA.conpivhLkGd?N?LKClRyRl??k?k??ly	169
HPV54----F--EP-T---F-Q-I.Q-Y-H.-F	313
GroupA1.conPVIHLQGDPNCLKCLR?RLK?NCSH.LF	236
HPV32-----W---K-----.-	335
HPV42-----F---R-----.-	339
GroupA2.conPVIHLrGDPN?LKCFRYRL.hkGKrKLY	299
HPV3-----C-----N---N---	329
HPV28--V--K---C-----.-	322
HPV10-----S-----.-H-----	323
HPV29-----S-----.-QN--KG--	335
GroupA3.conPVIHLKGDPNKLKCFRYRL.QHSVPELFF	327
HPV61-----.-	327
GroupA4.conPVIHLrGdANCLKCFRYRV.QKHKdVLY	321
HPV2a-----.-	337
HPV27-----.-K--	334
HPV57----Q-E-----.-F	329
GroupA5.conFIVHLKGDNTN?LKC?RYRF.?KHKG.LY	181
HPV26-----S---L-----K-----.-	323
HPV51-----C---F-----.-T-----.-	308
GroupA6.conPVvHLKGE?NRLKC?RYRf.QK?Kt.LF	272
HPV30-----P-----L---C---H-H.-	324
HPV53----I---A-----L-----.-H-Q.-	328
HPV56-----P---C-----.-Y--.-	318
HPV66--I---A-----C-----.-Y--.-	316
GroupA7.conPIiHLKGDkN?LKCLRYRL.rKy?d.?y	243
HPV18-----R-S-----.-HS-.H-	313
HPV45-----S-----.-A-.H-	317
HPV39-----G-----.-Q--DT.LF	317
HPV70--V-----G-----.-FNS.L-	307
HPV59-----G-----.-VHW.LF	317
HPV59*-----G-----.-VHW.LF	317
GroupA8.conPIIQLEG?ANCLKCFRYRL.?KVSH.L?	249
HPV7-----D-----.-T-----.-Y	321
HPV40-----E-----.-G-----.-F	316
GroupA9.conPIvHLKGD?N?LKCLRyRl.kk?k?.LY	211
HPV16-----A-T-----.-F--HCT.-	312
HPV35h-----A-T-----.-G-Y-A.-	314
HPV31--I---A-I-----.-S-Y-Q.-	319
HPV52--I---P-S-----.-V.-TH-S.-	314
HPV33-----ES-S-----.-PY-E.-	300
HPV58-----P-S-----.-PF-D.-	305
RhPV1-----ES-C-----.-F--.G-H-H.-	315
GroupA10.conPiVQLQGsNcLKcfRYRLhdkykh.LF	276
HPV6b--F--E-----.-N-RHR.-	312
HPV11-----N-----.-	311
HPV44-V-----A-----L-----A--T.-	322
HPV55-V-----P-----L-----A-H-T.-	322
HPV13-----E---D.-	321
PCPV1-----N-----.-	321
GroupA11.conPIVHLKGDKNsLKCLRYRMHKGYSH.LF	293
HPV34-----.-	293

E2 Protein Alignment

SuperB.con	g?s??svs??h?gRLgrLleeA?DP.....Pvil?rG?aNtLkcfRnRak?ky?g.lf	226
GroupB1.con	G?svrsvs??h?GRLgrLleeA?DP.....Pvil?rG?aNtLkcfRnRak?ky?g.l? 256	
HPV19	-T--HT--GRNT-----L-----V--EP--RS-----HM-R-.F 437	
HPV25	-T--HT--SR-T-----L-----V--D--RS-----HM-T-.F 446	
HPV20	-TA-YT--SR-T-----D--L-----V--EP-----QR-T-.Y 441	
HPV21	-K-LQ--TRNT-----D--L-----V--EP-----L--A-.Y 447	
HPV14d	-K-LQ--SRNT-----D--L-----V--DP--R-----Q-FT-.Y 427	
HPV5	-G-L---SK-T-----R-----IVK-A----NV-----I--M-.F 458	
HPV36	-K-L---SK-T-----L-----V--E-----I--M-.Y 453	
HPV47	-KQL---GAK-S-----R-----V--D-----RN--R-.F 450	
HPV12	-R-LQ--SK-R-----L-----ICK-G-----RH--T-.F 438	
HPV8	-R--Q--AK-T-----D--I-----V--E-----RVR-R-.F 442	
HPV24	-RKLQT--GRNS-----L-----L--G-----LR-R-.HY 411	
HPV15	-S---LGRK-T--E-----R-----L--D--K----F--K--QD-.V 400	
HPV17	-K---GRNPG--T-----R-----L--E--K----Y--KR-GS-.V 396	
HPV37	-K---T-GRD-S--K--D--R-----VL--D--K--Y--Y--K-HGN-.V 398	
HPV9	-TR---GAG-H--A--A--K-----LM-L--D--V--Y--F-ERK-KR-.V 405	
HPV22	-ATL---IGRQ-S--AQ--DA-K-----L--A-----Y--Y-FRK-HA-.SF 380	
HPV23	-A-L---RHSS--AQ--DA-K-----L--G-----Y--Y-FRK-HA-.KF 375	
HPV38	-TA---GRQSG--T--AD-A-----L--D-----Y--Y-FRK-HA-.GF 385	
HPV49	-SR-QT--GR-L-----S-----L--DP-I--Y--Y-D-KRKL-.V 432	
GroupB2.conRLgrLQ?EARDP.....P??l?kG?aNsLKCWRYR?????.?f 250	
HPV4L--A-----MI-L--T-----KVNSNCC.N- 349	
HPV65Q--A-----MI-L--T-----KQNSSNC.G- 349	
HPV48E-----LV-FT-QQ-N----N-CTTKYAS.L- 342	
HPV50R--E-----VLIIT-QQ-N-----FSQKYAD.LY 340	
HPV60A--G-----IL-I--L-----LKKYTRY..- 349	
SuperC.con???liSGt?NqVkcYrFRvK?nhRh.rY 267	
GroupC1.conCFALISG?ANQVKCYRFRVKKNHRH.RY 333	
BPV1T----- 353	
BPV2S----- 354	
GroupC2.conPCL??SG?GNQ?KCY?FR?KR??R?.?Y 198	
EEPVIL--N--A--R--C--YF-E.H- 358	
DPVLI--T--V--S--V--WH-D.K- 359	
SuperD.con	GGRSSTPKRQASSRLAQLIDAAYDP.....PVLLLQGAANTLKCFRRRATQAHPH.KF 353	
BPV4 353	
SuperE.conrlrrliqea?dp.....pviclkGg?NqLkClRYrlkakhs?.?f 200	
HPV41YLVGA--PV-S-R----KW-N-Y-G.DI 331	
COPVG--L--Y--LV-A-DP-S--I--SH--RG.LY 326	
CRPVE--T--S-----H-----S--S.L- 334	
ROPVV-Q--S--R-----N-----RT.L- 210	
GroupE1.conRLRRL?QEA?DP.....P??C?KGG?NQLKCLRYR?KAS???.DF 181	
HPV1aL--W-----VV-V--A-----L--TQV.-- 345	
HPV63I--R-----II-L--P-----I--NSS.-- 342	
Unclass.con	RPAPTILVAECTPGRPSPQTGSGQALGEPSPSRGHCRRDPTACLLIIKSSNQVKCLRFRLKSWHHS.LF 486	
MnPV 486	

E2 Protein Alignment

SuperA.con	???sTwhw??????????.?aivT?ty?se?Qr??F1?tvkiPp?????g?ms???l?	197
HPV54	EQA-----ACVPGTTKNR...G---L--S-VE--QQ--V--R---SISMSL-V--L	367
GroupA1.con	TQVSSSTWHLTE?D?TRD?K?..GIITIHYY?E?QR??FL?TVK?P?GIKSCIGYMSMLQF?	283
HPV32	-----K-Y---S-D...-----N-E--DK--S---L-P-----M	394
HPV42	-----N-C---T-T...-----D-A--NL--N---I-S-----I	398
GroupA2.con	??tSSTWRWSCeSsENQa....AfVTiWYTSytQR?eFLstVKvPPGiQvILGhMSmF?	349
HPV3	SR-----C.....-Y-----G--EA-----T	383
HPV28	CK-----S---N-----S-N-----V	376
HPV10	SRS-----L---D---T---NV-----Y--I-	376
HPV29	CKA-----P---S.....-V---A--AN--I--M-A-----V-	388
GroupA3.con	DKASSTWHWAGGQSTTRA....AFVTLWYVNVEQRKQFLNRVTIPKGIQATAGYMSMCI	382
HPV61	-----	382
GroupA4.con	?rvSSTWHWAgGngDKT....AFVTLWYtSvEQR?EFLTRV?iPKGviALPGYMSAFV	372
HPV2a	A-----T-----S---L-----	391
HPV27	D-----KC-----V-----K-----N-----	388
HPV57	VKA-----C-----K-Q---A-----HL---K-----	383
GroupA5.con	?NVSSSTWHW.TSN?????..GIVTI?F?S??QR??F??T?K?P?S?T??LGIM?L	212
HPV26	C-----DTNQQ.....-T-N-IT--NN-LT-V-I-Q-I-ST---S-	375
HPV51	K-----TKT.....-V-D-AH--ET-IK-I-V-P-V-LS---T-	358
GroupA6.con	vdv?sTYHWtstdnk?????..S?IT?vYKDETQR??FLnvVKIPpsv?lvlgHmTcvDM	319
HPV30	-NIS-----N-HTEY.....-Y--V-----AN-----IKI-M---G---	378
HPV53	-T-S-----TNV-CAVNN...-Y--V-----QK--DI-----S-----	384
HPV56	---T-----NY.....-I--II-----NS--SH---VVYR--WDK	367
HPV66	T--TT-----DS.....-I--IL-----DT-----QVI--Q-S-P	369
GroupA7.con	enIS?TWHW?tGkgnknt....GILTVTY??E?QRqkFLdtV?IP?SV??svGYMTl	287
HPV18	RD--S-----A--EK.....-HS-T--T---N--A--D--QIL-----M	365
HPV45	SE--S-----C.....-NS-V--NT--V-T--N--QI-----I	368
HPV39	---C---IR---T--A.....-AT-S-----K--S--HV-L-----	370
HPV70	---C---IG---S-H.....-TT-A-----E--R--P--HV-----	360
HPV59	---S---TGNR-SAK.....-L--TS-T--NE-----K--N--QIH---SV	370
HPV59*	---S---TGNR-SAK.....-L--TS-T--NE-----K--N--QIH---SV	370
GroupA8.con	?NSSTWRWTESRT?KN....AIITLYSSV?QRS?FLA?VKIPKTIKHSGLMLT?M	297
HPV7	T-----N-----H---Q---L-----I-	375
HPV40	C-----E-----Q---D---I-----L-	370
	E5 start for HPV31 ->	
GroupA9.con	???SSTWhWt????n?k???.?aIVT?Ty??e?Qr??FL?tvkiP?Tv?vstG?Ms?	245
HPV16	TAV-----GH-V-HK..S---L--DS-W--DQ--SQ---K-IT---F--I	365
HPV35h	QDA---R---CT-D-KQ..I---L--TT-Y--DK--T---N--T--K-Y--I	367
HPV31	EQV-----CTDG-HK..N---L--ISTS--DD--N---N--S---Y-TI	372
HPV52	VQI-----SNECT-N-L...G---I--SD-T---Q--K-----N--Q-IQ-V--L	368
HPV33	SSM-----SDN.K-S...NG--V-FVT-Q-Q-M--G-----P--QI---F-TL	353
HPV58	CNM-----SDD.KGD-V...G---V--TT-T---L--N---P--QI---V--L	358
RhPV1	INI---R--ANHASEK.....-V-FAN-L---Q--N---S--TL-Q-V-TV	366
GroupA10.con	?laSSTWhWt?s?s?kh....A?VTlTYvNE?QRqqFLntVkiPptithk?GfMSlqLL	324
HPV6b	D-I-----AS-KAPH--...-I--V--DS-E-----DV-----S--L-----H--	368
HPV11	E-----ASPEAPH-N...-I-----SS-E-----S-----R--V-----H--	367
HPV44	VA-----R--C-DT-SN.....-L-----D-Q-----L--KV-Y-V-Y-----	377
HPV55	VA-----R--C-DT-S.....-L-----E--E-----RL---V-Y-V-Y-----	378
HPV13	L-----APNN-Q--...-L-----Q---D--K-----L-----	377
PCPV1	M-----A-SN-T-N...-I-----Q---D-----A--K-TL---F---	377
GroupA11.con	NNVTTTWHWT.NN..TNSKC..GVITFMFSSTSQQKQFLQCAKIPPTISVSSGYMSI	345
HPV34	-----	345

E2 Protein Alignment

SuperB.con	??fSttwsWv?gd??er?gr?..srmlisF?s??qR??f??vk?Pkgvd?s?G?ldsL	264
GroupB1.con	k?fSTtswSwagd?teRlGR...srmlisF?s??qR??fd??vkyPkgVdws?G?fDsL	301
HPV19	SS---A-----GI-----...T-----V-FN--KH--DT-R-----R-F-S----	493
HPV25	SS---A-----GI-----...-----I-NS--KH--DA-R-----R-F-S----	502
HPV20	-S---A-----G-----...-----I-FS--KD--ET-----R-F-S----	497
HPV21	-A---A-----G-----...-----F-FE--KD--KT-----R-Y-S----	503
HPV14d	RA---A-----G-----...-----F-FN--RD--QT-----R-F-S----	483
HPV5	RS-----G-----...P-----S-YT--RD--EA-R-----KAY-NL---	514
HPV36	RS-----G-----...P-----S-YN--RD--DV-R-----EK-Y-NL---	509
HPV47	RS---F-----SI-----...-----SCLT--RD--DA-----E--Y-SL---	506
HPV12	-A-----S-----...P-----T-TN--KD--ET-----ETAY-NL---	494
HPV8	-Y-----S-----...-----L-T-AG--KD--ET-----T-Y-NL---	498
HPV24	-A---S-----A-G-----...-L-V--T-FK--SG-LDL-RF-----L-S--K-	467
HPV15	-YY-----G-TSND-I--...-L-LA-S-NTE-EL-IKIM-L-P-----L-YL-D-	456
HPV17	-YY-----GANTND-I--...-LA-NTYDE-EL-IQKM-L-P-----L-HL-D-	452
HPV37	-YY-----G-STND-I--...-LA-Q-NTE-EL-LKTM-L-P-----L-HL-E-	454
HPV9	-YY-----GE-SCD-V--...A--ILA-DTYEH-QQ-IRTM-L-PT---L-NV-D-	461
HPV22	QFI-----G-HT-D-I--...-I---HTDRE-EKCLQQM-L-L--E--Y-Q--D-	436
HPV23	YYV-----IG-HS-D-V--...A---A-H-NHE-EKCIQEM-L-L---Y-Q--D-	431
HPV38	RFV-----IGDASND-I--...-LA-Y-ES--EK-IQTM-L-T--E--L-Q--D-	441
HPV49	-HY-----GV-GN--I--...-L--T-NST-SQYVKIM-L---E--F-N--K-	488
GroupB2.con	lcmStvw?Wv?gd?se?????..?k?LiaFks??QRd?F?k?v??Pkc?cTyt?G?LnSL	287
HPV4	-F-----N--.-C-HNH...SRM----D-TD---A-V-HNLF--L----Y-S----	402
HPV65	-F-----N--.-V--NH...SRM-----PG---S-V-HNLF--L----Y-S----	402
HPV48	--F-S--K-L.-PN-DGGA...A-V-V---DA--QV-LNT-HI--GT-I-L-R-D--	396
HPV50	E-C-SA-K-L.-PK--GYRGD..A-L-----NPE--LS-LNT-GL--NT--SM-H-D--	396
HPV60	K-----FR--DI-VP-SSR...H-L-VV-NDTT---V-M-L-TL-RG---F-T----	404
SuperC.con	e?cTTTw?tV??nG?ERqG?...Aq?l?TF??psQRqdFLkhVPLPPGMn?sgfT?sldF	312
	End of DNA-binding and dimerization domain for BPV1 <-	
GroupC1.con	ENCTTT?FTVADNGAERQGO...AQILITFGSP?QRQDFLKHVPLPPGMNISGFTASLDF	388
BPV1	-----W-----S-----	410
BPV2	-----S-----G-----	411
GroupC2.con	?H?TTTW?VGE?GSER?GD...A?V?VTFKD?SQR??FL??VPLPPGM?A??TM??DF	237
EEPV	Q-I-----T---R---H--...-C-L-----S---GV--KR-----R-QAL--IA--	415
DPV	H-C-----A---Q---P--...-T-I-----Q---SM--QQ-----S-HGV--TV--	416
SuperD.con	LCMSTSWTWVSKTSPKSG...HRMLIAFSNSEQRNCFLASVRLPKGVSAVKGALDGL	408
BPV4	-----	408
	E5 start for HPV41 -> -> E5 start for CRPV	
SuperE.con	d?isTtw?W?d????t?r?g?????Rml?kF?de?qRekfl?rV??Pksv?vflg?f?gl	237
HPV41	MYLG--FT-TESDG-E-C-S...G-FFCA-SN-TK-----KS-KI--NIGL-RAHAEK-	387
COPV	LGA---K-TSGGDGASKHDRGSA---LA-LSDQ---D-MD--TF---R--R-GLDE-	385
CRPV	-C-----S-V-TTS-C-L...GSG---I--A-SE--D---S--PL-STTQ---N-Y--	390
ROPV	-C-----S-V-NSS-C-V...GSG-V-I--K--A---V--EE-PI-RHMQ--V-N-F--	266
GroupE1.con	?SISTTWHW??K?T?R?G?...ARMLV?FI??QR??FL??V??P?SVSV?LG?F?GS	215
HPV1a	D-----TDR-N-E-I-S...-----K--DEA--EK--ER-AL-R----F--Q-N--	401
HPV63	E-----VHN-C-D-V-H...-----R--STE--DR--DK-VV-K----I--A-D--	398
Unclass.con	SYISTTWQWVPSVGSNRIGR...SRILVMCEDSAQMDRFLCTVKIPAGMTVEQCSMASV	542
MnPV	-----	542

E2 Nucleotide Alignment

SuperA.con	ATGAtGA?G?AGAcAatGAtGgAgacacTagccaa?CgTtTAgaTgcgtgcCAGgA?aaaaT?cTAgaact?	66
HPV54	-----C-----A-CA-----T-----A-GGC-T-----C--A	54
GroupA1.con	ATGGAGA?ACTGGCCAAACGTTTAgATGCGTGCCAGGAACAGTTGTTAGAACTG	53
HPV32	-----C-----	54
HPV42	-----G-----	54
GroupA2.con	ATGGAAaAccCTAGCGAACCGTTTAgATG?GTGCCAGGACAAAAT?CTAGAActg	52
HPV3	-----A-----T-----A-----	54
HPV28	-----T-----G-----T	54
HPV10	-----C-----G-----A	54
HPV29	----G-A-----C-----A-----	54
GroupA3.con	ATGAGGATGGAGTCACTAGCCGACCGTTTAgATGCGTGCCAGGAGAAATTACTAGACCTC	60
HPV61	-----	60
GroupA4.con	ATGGAAACACTgGCGAaCCGTTTAgATGCGTGCCAGGAGACGTTGCTAGAACTg	54
HPV2a	-----	54
HPV27	-----A-----T	54
HPV57	-----G-----	54
GroupA5.con	ATGGAGA?CCT?TGCCA?CGTTTTAAATG?GTGCCAGGAGAAAATACTAGACT?T	49
HPV26	-----A---T---G-----C-----A---	54
HPV51	-----C---A---C-----T-----G-	54
GroupA6.con	ATGGAGAC?CTaT?CCAACGTTTAgATGCGTGCCAG?A?AAAAT?CTAGACTGT	49
HPV30	-----T---G-----G-G---T---	54
HPV53	-----G---G-----G-G---T---	54
HPV56	-----G--T-C-----A-----A-C---A---	54
HPV66	-----T---C-----A-C---A---	54
GroupA7.con	ATGAtGA?G?AGACA??GA?GgAAaC?CTtTCg?AACGTTTAA?TGcGTTaCAGGAcAAAATacTAGA?cAc	63
HPV18	-T-C-----CC-A-----C-----G-----G-----G-----CA---C---	66
HPV45	---A--T-C-----CC--A---T-C-----G-----G-----G-----CA---C---	72
HPV39	---A-G-----AT--T-A---A---AC-----A--T-----AT---	69
HPV70	---A-G-----AT--T---A--A--CC-----A-----G-----A--T---	69
HPV59	-T-C-----GT--T---C---C-----C-G-----G--T-----TC---T---A--T	66
HPV59*	-T-C-----GT--T---C---C-----C-G-----G--T-----TC---T---A--T	66
GroupA8.con	ATGGAGAA?CTAGCCAGGCGCCTAGATTTGTGCCAGGAACAGTTGTTAGAACT?	52
HPV7	-----A-----T	54
HPV40	-----T-----G	54
GroupA9.con	ATGATGGAG?c?cTttc?gaaCGTTTAAaTGcgttgCAGGAcAaAATacTAgaactt	54
HPV16	-----A-T---GCC-----T--GT-----AC--A-	54
HPV35h	-----A-G---CC-G-----G--T--GT-----A-	57
HPV31	-----A-T---TC-----T--GT-----T-----A-	54
HPV52	-----T-GA-AC-G-C-----AG-----A-----T--A	54
HPV33	-----GAAA-A--A-C-----AG-----G-----T---	54
HPV58	-----GAAA-A--A-C-----G--AG-----C---CA-A	54
RhPV1	-----AG-A--G-A--G-----G-----G---CT-----G	57
GroupA10.con	ATGGAGaCAaTAGCCAAGCaTTTAgATGcGTGCCAGGAaCAGTTGTTAGAACTg	54
HPV6b	-----AG-----G-----T	54
HPV11	-----AG-----G-----T-----T	54
HPV44	-----T-----	54
HPV55	-----T-----	54
HPV13	-----	54
PCPV1	-----C-----	54
GroupA11.con	ATGATGGAGACTGTGCAAACGTTTAAAGTGCgTGTcAGGACGCAATCCTAGAACTG	57
HPV34	-----	57

E2 Nucleotide Alignment

SuperB.con	ATGA??CAG??gaGAc?atGGagaatCTcagcga?CGTTTcaaTGcactgCAaGA?cagctaaTGaacatt	64
GroupB1.con	ATGGAgaaatCTcAgcga?CGTTTCaaTGctcTgCAaGAtcagcTAATGaACaTt	53
HPV19	-----A-----T--A-----	54
HPV25	-----G-----T--A-----	54
HPV20	-----A-G-----	54
HPV21	-----T-----T-----	54
HPV14d	-----C-----	54
HPV5	-----G-----	54
HPV36	-----G-----G--T-----	54
HPV47	-----G-----A-----	54
HPV12	-----G-----T-----A	54
HPV8	-----G-----T-----	54
HPV24	-----C--G--AAA-G-----G--TGT-----TA-----	54
HPV15	-----T-C-----A-----A--A-----GA-T-----G-----	54
HPV17	-----C-----A-----TA-----GA-C-----G-----	54
HPV37	-----C-CA-----T-----A-----GA-C-----G-----	54
HPV9	-----A-C-----CA-----A-----GACTT-----G--C-G	54
HPV22	-----A-----A-----G--A--A-----GA-T-----G--T-A	54
HPV23	-----AGCA-----A-----G--A--A-----CA--T-----G--C-G	54
HPV38	-----A-C-----CA-----C--TA-----GA--T-----G--A	54
HPV49	-----GCA-----A--CT-----TA--A-----GAT--T-----G-----	54
GroupB2.con	ATGA??CAG??gaGAc?caGGag?ccCTga?Cgc?CGTTTcgaTGCACT?CAaGaa??aat?cTGAcTct?	58
HPV4	AT----T---AGT---A-----T-----GC--T-----AT	54
HPV65	AT----T---AGT---G-----T-----GC--T-----AT	54
HPV48	-TG---CCA----C-----AG----G-A-C----T-C----AG----ATTCACT-----T-G	69
HPV50	----CC---ATG----A-----AA-T---G--A-----TCT-----AA-----CATCAAT---A---G	72
HPV60	AT--AT---CCGAT---C--AG---C-----G--G--CA--A---A---A	60
SuperC.con	ATGAAGATG????CAGC??gcGAaC?tTAC?TG?AGCGCAAGAAACaCAaATGca?Ttg	50
GroupC1.con	ATGGAGACAGCATGCGAACGTTTACATGTAGCGCAAGAAACACAAATGCAGTTG	54
BPV1	-----	54
BPV2	-----	54
GroupC2.con	ATGAAGATGAGTGCAGCCA??GA?CA?TTACTTGCAGCGCAAGAAAC?CA?ATG??AT??	50
EEPV	-----GC--T--T-----A--G--CA--GC	60
DPV	-----AA--A--G-----G--A--AC--TA	54
SuperD.con	ATGGTGAGCCTCGAAGCCCGTTTCGATGCTGTCCAAGATCAGTTGCTACAAGTT	54
BPV4	-----	54
SuperE.con	ATGAGTCAGATGGAgaga??CTCagc?a?cgcTTAGACT??cTaCAaGAGcAgcTAcTgA?tCTa	56
HPV41	-----GA---CTGG-A--A-----ATA-----A-----CA---	63
COPV	-----AA-----G--GGC-----TA--G-----G--A-----G--G	54
CRPV	-----GCT-----C-G-----CCA---G---G--A--T--C-G---C	54
GroupE1.con	ATGGAAA?CCTCA?CA??CGCTTAGACT??CT?CAAGAGCAGCT??T?A??CTA	42
HPV1a	-----A-----G--GT-----TA--G-----AA--G--AC---	54
HPV63	-----G-----A--AC-----GG--A-----TC--A--CT---	54
Unclass.con	ATGGAGAGCATACACAGCCGTTTAGCTGCTGTGCAAGAGGAAGTGTGTCATG	54
MnPV	-----	54

E2 Nucleotide Alignment

```

SuperA.con   TatGAA???aagAtAgtaa??a?cTa?a?ga?CA?aTa?a?cAtTGGaaat???t?cG??t?GAaa?tGca   117
HPV54        -----...A-----TA-A--G-G--C--A--G-A-----GCA-A--CC-G--GTG-----   123

      E1 end <-
GroupA1.con  TATGAG...GAA?ATAGTA???ATTTA?AAAAACAT?T??A?CA?TGGAA?TGTTTACG?AT?GA?GCAG??   106
HPV32        -----...---G-----AAC-----G-----G-GC-G--C-----G-----C--A--A---CC   123
HPV42        -----...---A-----GGG-----C-----A-TG-A--T-----A-----T--G--G---TG   123

      E1 end <-
GroupA2.con  TATGAA...AagGATAGCgACAAACTTGAGGACCAGAT?A?GCATTGGcAatTgaTGCgtgTAGA?aatGct   118
HPV3         -----...-----A--A-T-----GT---GC-A---   123
HPV28        -----...-----A-----A-T-----A-----   123
HPV10        -----...-----C-C-----C--AT-----A-----   123
HPV29        -----...-GA-----C-C-----T-TC-T-----G-G---G   123

GroupA3.con  TATGAA...AAAGATAGCAACAAGCTTGAGGACCAAATATTGCATTGGCACTATGTGCGTTTGGAAAATGCA   129
HPV61        -----...-----   129

      E1 end <-
GroupA4.con  TATGAA...AAaGATAGCAACAAACTTGAGGAtCagATTAAGcATTGGGCGCAGGTcCGGCTAGAAAATGTc   123
HPV2a        -----...-G-----   123
HPV27        -----...-----T-----   123
HPV57        -----...-----C--A--A-----A-----   123

      E1 end <-
GroupA5.con  TATGAA...CTGGACAGT?ATAAATTA???GATCAAATT?A?TATTGGA?A?TG?TACGATATGAA??TGC?   106
HPV26        -----...-A-----ACT-----G-T-----A-C--G-----TG---A   123
HPV51        -----...-G-----GTA-----A-C-----C-T--T-----GC---T   123

      E1 end <-
GroupA6.con  TtTGAA???AaaGATAGtAaA??tATT?cAGA?CatATAGacTA?TGGAAAGCTGT?CGACatGAAaATGTa   112
HPV30        -----...-C-----AAA--GA--C-----TG--C-----A-----T   123
HPV53        -----...-G-----C--AA--A--C-----C-----G---A-----   123
HPV56        -----...%A-----G-TG-----G--T-----A--T-----G-----G   124
HPV66        -A-----...-----TGC--AT--T--C-----T-----A-----T-----   123

      E1 end <-
GroupA7.con  TATGAA...?AtGACAGTAAAgA?ATAtA???CAAATaaatTATTGG?AA?tt?T?CG?ttGGAAAATGCA   121
HPV18        -----...A-----C--G-CAGC-----C-G-----C--C-AA-A--T-G-----   135
HPV45        -----...A-----C--A-CAGC-----G-----C--C--A-A--T-----   141
HPV39        -----...C-A-----TCA-----TGAT-----T-----A--TG-G-G--AA-----   138
HPV70        -----...C-G-----CTA-----TGAT-----C-----A--TA-G-G--AC-----   138
HPV59        -----...A-C--T-----C--TA-TGAA--C-----C-----A--C-GG-G--TA-----T-   135
HPV59*       -----...A-C--T-----C--TA-TGAA--C-----C-----A--C-GG-G--TA-----T-   135

      E1 end <-
GroupA8.con  TATGAA...CAA?ACAGCAAA?AGCTACAGCA?CATATATTGCACTGGAAATATATACGTTATGAAAGTG?A   117
HPV7         -----...-G-----C-----C-----T-----   123
HPV40        -----...-A-----G-----A-----C-----   123

      <- E1 end for HPV52, 35h, 33, 58
      <- E1 end for HPV16, 31, RhPV1
GroupA9.con  TAcGAa...gcTGATAg?Aa?ga?tTa???ga?CAaATagA?cAtTGGAAAct?at?CGcct?GAaTGTGct   112
HPV16        --T---...AA-----T-CA--CC--CGT--C--T-----CT-----AC--G---A-----   123
HPV35h       -----G...A-----C-CATGT--GTCT--T--C--C-GT-----G--T--T-----A   126
HPV31        --T---...AA-----T--ACGAC--TTGT--T--T-----CT-----AT--T--A--T-----TA   123
HPV52        -----...-----T--T--CC--AAC-CA-----T--A-----T-G-CT--AA-G-----T-   123
HPV33        -----...-----AA-CT--T--CCATCA-----T--A-----G--A--A-G--G-----   123
HPV58        -----...-----AA--T--T--ACATCA-----T--A-----A--A--A-G--G-----   123
RhPV1        --T---...-----C--G--C--AAA--C-----G--C-----TGTG-G---AA-----A   126

      E1 end <-
GroupA10.con TATGAA...GAAAAtAGTAaTgAacTta?aAAACataTacaacATGGAAATGcaTa?GatatGAAagTGTA   121
HPV6b        -----...-----C---C---C--ACAC-----G--TTG-----GA--C-----   123
HPV11        -----...-----C---T---TA-ACAC-----C--TATG-----C---TG-----   123
HPV44        -----...-----A-----C-----T--C-----T---G   123
HPV55        -----...-----A-C---C-----A-----T---G   123
HPV13        -----...-----A-----T--A-G--C-----   123
PCPV1        -----...-----C-----TG--C--GC-C---A---   123

      E1 end <-
GroupA11.con TATGAA...CGTGATAGTATACATTTAAGTGATCATATTGATCACTGGAAACACGTGCGACTGGAAAATGTA   126
HPV34        -----...-----   126

```

E2 Nucleotide Alignment

SuperB.con	taTGAA...tcag??g?aga?ac?cTtgAg?c?CAaaTtgaacAtTGGcaa??ttt?aGaaaagaa?atgt?	121
	E1 end <-	
GroupB1.con	TATGAA...tctGcag?agA?ac?cTtgAg?caCAaATtga?CAtTGGcaa?t?tTgcGaaaaGAagctgt?	114
HPV19	-----...-----C--A--C-----T-----A--C-----A-T-----A	123
HPV25	-----...A-----C-C-A--C-----G-----G-----GA-T-----G-----G	123
HPV20	-----G...-----CC--C--T-----T-G-----G--C-----ACCC-----G	123
HPV21	-----G...-----C-A-C--TA-----T-G-----G-----ACAC-----G	123
HPV14d	-----G...A-----C-A-C--A-----T-G-----G-----ACTC-T-----G	123
HPV5	-----...G-----A-C-A--AT-GC--G-----A-A-----ACC--A-----C--A	123
HPV36	-----...G-----A-C-G--A-----G-----G--AA-A--C-----ACC-----C-----T	123
HPV47	-----...G-----A-C-G--AT-AA--G-----TTA-----GACA-----G	123
HPV12	-----...G-----A-C-T--A-----A--G--CC-----AC-C-T-----G-----T	123
HPV8	-----...G-----A-C-A--A-----G--G--CG-----TGC-T-----G	123
HPV24	-----...CAA-GCAGT--T--A--A--AT-----A-----GGCC-----G--G--A--G	123
HPV15	-----G...--A-GTCG--CGACA--A--AA-T--ATTG--C-----TAT--A-GC--CAA--A	123
HPV17	-----G...--A-GTCA--AGATA--A--A-T--AA-A--C-----T-A--AA--C-G--CAA--A	123
HPV37	-----G...--A-GTCG--TGAC--A--A-C--ATG-----C-TC-AA-GC-G--GCAGA-C	123
HPV9	-----...--A-GTCG--GGAT--AC-AAGT--G--C--C-----GACT--AA--C--GCAA-A	123
HPV22	-----...--A-GT-T--GGAT--AA-C--C-A--A--T-A--AA--C--CAA--G	123
HPV23	-----...--A-GTTT--GGAT--AA-T--AC-G--A--C-C--AA--C--CAAA-T	123
HPV38	-----...--A-GT-T--GGAC--G--TA-----C-G-----GC-T--AA--C--GCAA-T	123
HPV49	-----...--A-GGAA--GGAT--AA-----A--A-----A--C-G--AA--C-G--CAA-CT	123
	E1 end <-	
GroupB2.con	atTGAg...?aagA?tc?aa?aattT??AagccCAaaTacaATatTGGgAa??tat?AGAAAgaAaAtGt?	117
HPV4	-----...TC-C-GGAG-GC-C--GG--T-----C-----AA--C-----CT	123
HPV65	-----...TCTC-GGACG-T-C--GG--T-----T-G-----AA--C-----CA	123
HPV48	-----A...A--A--TT-TG--C-TA--AT--TT--GC--C--A--GC-G-A--TT-----T	138
HPV50	-----A...A--A--T--A--A--AA--A--T--G-C-----TC--G-----C-A--G	141
HPV60	TA----...C--T--A--GG-CA-TC-G-----TTTA-AT-----CT-T--C	129
SuperC.con	ATTGAg...AAAgATAGtgataagTtgcAaGATCAtatAct?TatTGG??tgCtGTtAGaA?tGAgAcaca	115
	E1 end <-	
GroupC1.con	ATTGAg...AAA??TAGTGATAAGTTGCAAGATCATATACTGTGA?TGGACTGCTGTTAGAACTGAGAACACA	120
BPV1	-----...--AG-----C-----	123
BPV2	-----...--GC-----T-----	123
	E1 end <-	
GroupC2.con	ATTGA?...AAAGATAG??????TT??A?GATCA??A?CT?TGGGG??C?GT?AG?AG?GA??A???	90
EEPV	-----G...-----TCGCCTG--AC-G--TGC-TG--A-----GG-A--A--A--G--AA-ACTG	129
DPV	-----A...-----CACAGAT--GA-A-----CAT-GA--C-----TC-G--C--G--A--GC-TGGT	123
	E1 end <-	
SuperD.con	TATGAA...AATGACTCTAATACATTAGAAGTGTGTTTACAATACTGGGCACTCATAAGGAGAGAGAATGCA	123
BPV4	-----...-----	123
	E1 end <-	
SuperE.con	TATGAg...aAggA?AGtaaa??t?T?GaagatCA?ataa?GCa?TGGaatcTacT?AGaaaaGAacAaGt?	115
HPV41	-----...--A--T--GTGACC--A--G--T--G--TA-----G--A--G--GG--A--T--CA	132
COPV	-----...C--A--T--CC--AG--C--T--C--ATC--G--C--TCAT--G--C-----G--C	123
CRPV	-----...--G--C--CGAG--T--G--GTCC--GC--CA--C-----CT--A-----G--C	123
	E1 end <-	
GroupE1.con	TATGA?...?A?GACAGTAAA??AT?GAAGATCA?AT?A?GCAGTGAATCTA?TTAGACA?GAACAAGT?	98
HPV1a	-----A...C-G-----TTG--A-----A--T--A-----A-----A-----T	123
HPV63	-----G...A-A-----GAT--T-----G--A--T-----C-----G-----G	123
	E1 end <-	
Unclass.con	TATGAG...GATGGGGAGGAGACACTGGAGGCCAGCTTAAACATGGGGCTTGTGAGGAAAGAGCAAGTC	123
MnPV	-----...-----	123

E2 Nucleotide Alignment

SuperA .con	?Tatt?tataaaGCaag?gAAat?gg?at?a?aca??T?ggccaccaggtggTgCCa?c??t?a??gt?tca	172
HPV54	T-GCAA--C-----CC-G-----G--ATAC-A-GTGT-ACAG-----CAC---TG-AC-TGCT--G---	195
GroupA1 .con	?TATT?T?TAAGGC?CGTGAAATGGGCT?TGCA?A??TAGGACATCAAATAGT?CCA?CA?TGGAAA?AT??	164
HPV32	T----A-T-----T-----A----C-AG-----G--G--C-----T--CC	195
HPV42	G---G-A-----C-----T---A-TA-----A--A--T-----C--GT	195
GroupA2 .con	TTG?tgTAcAAAGCAAG?GAATGTGGatTgACACatAtTGGCCA?CAGGTGGTGCCAcCtCTTAGTGTaAaCt	187
HPV3	---T-----G-----A----C-----C-----C-----C	195
HPV28	---C-----G-----T-----	195
HPV10	---C-----A-----C-----T-----	195
HPV29	---TAT--T-----A-----A-----G--A----C-----A-A-----G--	195
GroupA3 .con	ATGTTATTTAAGGCACGACAAGCAGGACTAACGCGTGTGGGCCACCAGATGGTGCCAACACTTAGTGTTACA	201
HPV61	-----	201
GroupA4 .con	ATGcTGTTTAAGGCcCGgGAATGTGGAATGACACGAGTCGGCTGTACAaCaGTGCCcGCCCTCACCGTGTCA	195
HPV2a	-----A-----G-T-----T-----	195
HPV27	-----	195
HPV57	---T-----T-----G	195
GroupA5 .con	AT?TTTTAT?AGC?CG?GAA?GAAAC?T?C?A??AT?AA?CACCAGGT?GT?CC??C?AC??GT?T??	152
HPV26	--A-----AA---T--T--G-----A-G-A-TGT--A--C-----G--G--CT-T--TGTT--G-GT	195
HPV51	--G-----GC--A--G--A-----T-A-G-ACA--C--T-----A--A--AG-A--AACA--A-CA	195
GroupA6 .con	?TATatTATAAaGCAAGAgAAAAT?A?AttAcT?ACTAa?CCACCAG?TGGTGCCcTgTTTACAAGTgTGT	177
HPV30	G---TA-----C-----A-T-----AA---CG-----G-----A-----	195
HPV53	A-----G-----A-T--G--AA---GG-----G-----	195
HPV56	C---C-----G-C-----GT-----A-----A-----T-----A---	196
HPV66	T-----G-C---A-GT---A-----A-----C-----	195
GroupA7 .con	ATAtTtT?TgCAGCA?GgGAAC?TGGcATgcatAc?aTa?ACCACCAGGTGGTGCCacCattAacAtTTCA	188
HPV18	----C-T-----A-----A-----A--G--AT--A-----G--TA-----	207
HPV45	---C-A-T-A-----A-----A--T--TACC-AA--A-----T--T-----	213
HPV39	-----A-----C-A--G-----T--TG-----A--A-----	210
HPV70	-----A-----C-----G-----T--G-----AGGC-CT-C---	210
HPV59	--T--A-T-----A-A--GAACAAT--A-----AT--A-----A-GT--TTGG-G--T	207
HPV59*	--T--A-T-----A-A--GAACAAT--A-----AT--A-----A-GT--TTGG-G--T	207
GroupA8 .con	ATATATTATACAGCAAGACAAATGGGCATTAAC?T?T?GGCCACCAGGTGGTGCCAAGTTTAGATGT?TCA	185
HPV7	-----G-C-G-----G---	195
HPV40	-----A-T-A-----T---	195
TATA box for HPV31, 35h, RhPV		
-> <-		
GroupA9 .con	?TattgTAtAaaGCaagagAAaTgGGaaTt?cacat?T?aaCCAcCAGGTGGTgCCa?CattggcagtaTCa	179
HPV16	A-T-AT--C--G--C-----T--AA---A-T-----A--C---T-----	195
HPV35h	G----T-----AA-AC-C-T-----A-----T--A-GCA---CA-T---	198
HPV31	T--A-----ACACAG-A-T-----G-G--T-----	195
HPV52	T-G--T--C-----AG--C-----AA-T--A-AGG-----C--A-----G--T	195
HPV33	T-----C--C-A-C-----T--T-----T-ATG-----TT-T--TT--C---	195
HPV58	A--A-----C--C--C-----AT----T-GTG-----GT-----T--C---	195
RhPV1	G-G-----G--C-G--G-A--GT--T-C--CC-G-----T-----T---AA-T--G---	198
GroupA10 .con	tTatTAcAcAAAGCAaa?CAAATGGGCCTaAgCCAcAtTGGaat?CAAGTgGTgCCAcCATTaacaGTgTCa	191
HPV6b	-----T-T-----A-----A-----G-----A-----AG-----C	195
HPV11	---C-----A-----G-----C--GT-A-----A-A-----T-----	195
HPV44	---C-----T--G-----G-A-----G-----G-----G-----	195
HPV55	-----G-----A-----G-----G-----	195
HPV13	C-C-----CGC-----T-A-----G-----A---	195
PCPV1	C-G--T-----CGC-----T-----C-A-----T-----A--A---	195
GroupA11 .con	TTATTACATAAGGCACGTGAAATGGGACTGCAATCAGTTAACCAACAAGCGGTGCCAAGCCTTGCGATATCA	198
HPV34	-----	198

E2 Nucleotide Alignment

SuperA.con	aaagc?AAAGcacc?t?a?Gc?ATtGAa?TgCAaaTggc?tTagaaccatTa??aaa?actga?tata??a??	229
HPV54	--G-GC----GG-ACA-G--C-----C-----C-T--A-----G-----GCA---G--A-TA--C-GC-CC	267
GroupA1.con	AG?GCCAAGGCCAC?T?GCAATTGAAAT?CA?TTGGC?TTAGAGACATTATTGCAGTCC?C?T?TGgTA?A	226
HPV32	--G-----G-T-----T--A-----G-----A-A-T-----C-	267
HPV42	--A-----A-G-----A--C-----A-----T-G-A-----A-	267
GroupA2.con	AAAGCtAAgGCACGCAGTGCcATTGAAgTGCATGTAgCTTT?CaaCAATT?CAa?AaAGTGCatATGcAcAa	256
HPV3	----A-----T-----G-----A--GC-C-----C-----	267
HPV28	-----G-T-----A--G-----	267
HPV10	----C-----A-----A--G-----G--G-----C-----C	267
HPV29	-----A--T-----T-----A-----A-----G--C-----G-A-G	267
GroupA3.con	AAAGGCAAAGCACATAAAGCAATTGAAgTACATCTGTcATTGCAAGGGTTACAAACAAGTGCATATGCGCAT	273
HPV61	-----	273
GroupA4.con	AAAGCTAAGGCaTGTcAGGCCATAGAGGTaCAGCTGGCATTACAGACATTGATGCAGAGTGCcTATAGCAGC	267
HPV2a	-----	267
HPV27	--G-----	267
HPV57	-----T-----T-----A-----	267
GroupA5.con	AAACAAAAGGC?TG?CA?GCAATTGAAAT?CA?AT?GC?TT?CA?TCG?T?A??AA??C?GACTATAA?A??	205
HPV26	-----A-G-G-----A-T--A--A--G--G--T-A-TA--CA-G-----T-CA	267
HPV51	-----C--T--A-----G--C--G--C--A--A--C--T--AC--AT--A-----C--TG	267
GroupA6.con	AAAGCAAA?GCATGt??TGC?ATAGAA?TaCAAATaGCA?TGGAAtCAtTa?gTAAaACA?aTATAAaa??	238
HPV30	-----G-----GT---T-----A-----G---T-----TA-----GAG-----GTG	267
HPV53	-----G-----CGT---T-----C-----T-----C--TT-----GA-----T--TG	267
HPV56	-----A-----AG---A-----G-G-----C-----A-----C-----AT-----C--AT	268
HPV66	-----A-----AG---A-----T-----C-----G--A--A-----C-----AT-----AT	267
	-> putative inversion in HPV59	
	-> mRNA start site from P(3036) promoter	
GroupA7.con	AAAagtAAAGCA?AT?AAGCTATTGAACTGCA?ATGGCccTagA??GccTTGCACAAA?tgaaTa?AAtA?a	252
HPV18	-----C--A-----A-----C--AG-----G--CG-----C--A--CC	279
HPV45	----C-----C--A-----A-----T--A--GG-----GCA-G--T--C--AT	285
HPV39	----T-----T--C-----G-----A-----AA-TG-----C-----C	282
HPV70	---GCA-----T--C-----G-----GA-----GC--C--TT---A-	282
HPV59	---AC--G---TG-G-----GTCAAA--GTACTTC-AC--T--ATGCCCTGT-TTTTA-A-	279
HPV59*	---AC--G---TG-G-----G---GT---GA-TT-G-----C--G--TT--A-AT	279
GroupA8.con	AA?GC?AAAGCCCATGCAGCAATTGAAATGCAAAATGTGT?TAGAATCTTTGCAAA??ACTGAATATAA??TA	250
HPV7	--A--C-----C-----C-----CT-----CT--	267
HPV40	--G--T-----T-----T-----AC-----TG--	267
	TATA box for HPV58, RhPV	
	-> <-	
GroupA9.con	aaggc?AAAGC?tt?cAAGCaATTGAAcTgCAa?TggcaTTaGAgacatTAaataaatCacaaTAtAg?Aca	246
HPV16	---AAT-----A--A-----C-AA-G-----A--A--T---C-----T-AT	267
HPV35h	--A--C-----AA-G-----T--AATG-----C-A-TG-G-----C---	270
HPV31	----C-----C--A-----T-----A--A--ATG--G--A-----CA-TG----C-AA-AT	267
HPV52	----A--G--C-GC-----T-----A--T-----G--G-----C--A-----C---	267
HPV33	---A-C-----A--T-----T-----A--A-----G-----G-----T---	267
HPV58	---A-T-----G--T-----T-----A-----GC-----G-----AA---	267
RhPV1	CG---T-----CCACA-----G---GC-----GT---C-A--T---GG-G---AC-AT	270
GroupA10.con	cA?ac?AAgGGACat?AgGCaATTGAAATGCAAAATGactTTAGAAaCatTactAaagtCtAgTaTgGTatG	260
HPV6b	G-AG-A--A-----A-T--C-----CA-----T-----T--G-A-----A-----	267
HPV11	G-G--T--A-----A-T--T-----CA-----T-C--GC--AA--C-----G--	267
HPV44	--G--A-----CC-----A-----C-----C-----C-----C-	267
HPV55	--G--A-----CC----C-----A-----C--T---C-----C-----	267
HPV13	--AG-T-----G-----G-----G-----G-----T-----	267
PCPV1	--A--T-----G-----G-----G-G-----A-----C-----	267
GroupA11.con	CGATCCAAAGGGCATAATGCAATTGAACTACAATTAGCCCTAGAAAAGTTTAAATGAATCAAGCTATAACACA	270
HPV34	-----	270

E2 Nucleotide Alignment

SuperB.con	GAagc?AaaGC?AAagA?GcTATagg?ATggtg?Tgc?gtTgcaatc?tTacaAAAACTctga?TaTG?a?a?	241
GroupB1.con	GAagc?AaaGC?AAagA?GcTATagg?ATggtg?TgcagTgcAatc?tTacAAAACTctga?TaTGgaaa?	238
HPV19	-----A-----T--G--A--G-----G-----A-----C-----G--A-----A-----CT	267
HPV25	-----A-----T--G--A-----G-----AC-----G--A-----G-----A-T-----A	267
HPV20	-----C-----T--C--G-----A-----AT-AAG--A-----A--G-----A-----GT	267
HPV21	---T-A-G---T---C-G-----G---A-----A---G-----A---C---G	267
HPV14d	-----A-----C--GC-G--C-----G-----AC-G-----G--C-G-T--C-GT	267
HPV5	---A-A--G--T---A--C---CA-----C-TG-G--AC---G-C-----T-T--CTC-T	267
HPV36	---A--A--T---G-----CA-----C-T--G--TC-----CG---A---C-TCT	267
HPV47	---G--A--GG--C---G-----TAT-----T-----AG-G--GC-----A-CG-T--CTTTG	267
HPV12	---A-----A-----G-----G--AA-----A-----TC---G--G---G---CTTCG	267
HPV8	---A-----C--GC-G-----A--AA--T---C---G--AC---G-----G-T--C-G-T	267
HPV24	---C-----T--C--G---TA-T-----T---C-----T-----CCT-----C-CA	267
HPV15	--GA-C-----G-----T-----T-----A-T-T---A---AGT--G--G---A-CA-----C-G	266
HPV17	--G--T-----A--G--T-----T--C-----TT--TTA---GAGC--G-----ACCG---C--A	267
HPV37	---T-----A-----T--A--T--C---TA-ATTA--AG--AGT-----C-G---CT-----T--A	267
HPV9	---CAG--T-----T-----T--C-----TT-A-TA---AGCC-T---G---A-CT-----C-G	267
HPV22	--GAGT-----A-----T-----CC---GA--ATT-C--G--AGC-----AC-A-----C-G-G	267
HPV23	---ATT-----A-----T-----CA--T-GAA-TTT-C--G--AGT-----CA-A---C-G-T	267
HPV38	---C-----A-----T--C--TTCT---C--TTTAC-TG--AGCC-GA-----CA-A---C-G-T	267
HPV49	---A-C-----C---C-A---T--C---A---AACT-----AGC--G-----G---CCT-T-----A	267
GroupB2.con	GAatA?AAaGCaAAacAaGCaATt?aaATaca?tTg?tttTgcaatc?TTatt?AAaTctca?TtTgc?Tc?	244
HPV4	---C--T-----G-----T---C-G-----T--AAC-----A--G--A-----CC-----A--T	267
HPV65	---T--T-----AC-----T---AC-----G--A-----A--G-----T--A--GA--A	267
HPV48	---T-----G-----A--T---GC--C--A--T---AGT-----G-----AG-G-----T-TG	282
HPV50	--GC-A-----G--T-----AG---T--A--AC-----C--G-AT--G---G-T---GG--T	285
HPV60	--G--C-----C--G--G---CG---GGGA---T-A--AACCAGT---AGC-----C--A-A---T--A	273
SuperC.con	caaga?a?AGC?aaGCA?GCaATtGaaATGCA?tTgt?t?TgCaggagTTAag?aAaA?t???T?T?gg?aAt	230
GroupC1.con	CAAGA?AGAGC?AAGCAGGC?ATTGAAATGCA?TTGTCTTTGCAGGAGTTAAGCAAAACTGAGTTTGGG?AT	255
BPV1	-----G-----C-----C-----G-----G-----G--	267
BPV2	-----A-----A-----A-----A-----A-----A--	267
GroupC2.con	?????AAGC???GCAAGCAAT???ATGCA??T??T?G?G?A? ???TTA??G?A?AG?CCATGG??CAA?	171
EEPV	GCAGAGC---GAA-----ATGC-----AT-GA-T-T-G-GGAA---CT-C-C--T-----GC---A	273
DPV	TGCTTAG---TCG-----TGAG-----GC-TC-G-G-A-CAGC---AA-G-G--C-----TG---T	267
SuperD.con	GAACAAAAGGCTAAGGATGCAATCAAGATGTACTTATGTTTTGAAAGCCTGCAGAAATCAGAGTTTGC CAAT	267
BPV4	-----	267
SuperE.con	cAgGa?aa?GCaAAg?agc?ATaGAAatG?gcT?ta??Taga??gccTaa??gactcacc?TATgc??ct	227
HPV41	G-A-CC--T--C--ATTC--A-----CA-A-AA-GC---ATCA---AG-C-AGT--C-----GG-C	276
COPV	--A-CC--A--T---CAG--C-----GCA-TCA--T--CA---CA--T-GTTAC---AAG---AAA-	267
CRPV	-----ATGT-----CA--C-----GT---G--CA-T--AA-----CTCAGG--C--G---T-AGA-	267
GroupE1.con	CAGGA?AA?GCAAA?ACAGCTAT?GAAATG????T?AT?T?????T?A??GACTCAC??TATGG??C?	190
HPV1a	-----G--G-----G-----T-----GTGT-AC--T-AGAGTCTT-A-AG-----CT-----CA-A	267
HPV63	-----T-A-----A-----A-----ACTC-TT--C-TAGTGGCC-C-GA-----AA-----TT-T	267
Unclass.con	CAGCAGAATGCCAAGAATGCTATTGAAATGCATTGCTGTTGCAAAGTCTTGACAGACACCATATGCTAGG	267
MnPV	-----	267

E2 Nucleotide Alignment

SuperA .con	gaa?caTGGACatTgcaagacacaagt???gaaatgTgg???acag?aCC?aaa?a?TgttttAAaAaa?a?	288
HPV54	---C-G-----A--G-----T-CCTG---CG----AATG--CC---A-CTGGT--C--A----G-CGT	339
GroupA1 .con	GAACCATGGACATTGCAAGA?ACAAGT?ATGAA?TGTGGC?T?CG?A?CC?AAAAA?TGTTT?AAAAACA?	287
HPV32	-----G-----T-----A-----A-G--G-G--C-----G-----A-----G	339
HPV42	-----A-----A-----C-----T-A--A-T--T-----A-----T-----A	339
GroupA2 .con	GA?cC?TGGACAcTgCG?GACACaTCACGaGAAATGTGGGACaCaGt?CCcAAga?GTGCTGGAAAAAAGa	323
HPV3	--C--C-----A-----G-----G-----T-----A-----	339
HPV28	--CT-A-----A-----A-----A-----A-----A-----	339
HPV10	--A--C-----T--G-----T-----T-CT--T--AGG-----G	339
HPV29	--A--A-----T--G-----T-----G-----A--A--G-----G	339
GroupA3 .con	GAACCTGGACATTGCAAACACCTCTTTGGAAATGTGGAATACGCAGCCACAACGATGCTGGAAGAAAAA	345
HPV61	-----	345
GroupA4 .con	GAGGCATGGACCcTaCGAGACACGTGtCTGGAGATGTGGGA?GCACCTCCAAGAAaATGCTGGAAAAgAAA	338
HPV2a	-----C-----A---	339
HPV27	-----T-----T-----	339
HPV57	-----G-----C-----A-----G-----	339
GroupA5 .con	GAA?C?TGGACAATGCG?GA?ACA?G?TATGAA?T?T?????G??CC?AA?CA?TGTTT?AAAAA?G??	252
HPV26	--G-T-----A--C--A-C-----A-G-ATATGACA-AA--T--A--T-----T-----A-AA	339
HPV51	--C-A-----G--G--T-T-----C-A-GGTGTGTG-CT--C--G--A--C-----G-GG	339
GroupA6 .con	GAaGAGTGGACATTaagaGat??ATGtGaa?a??TgTGGcatACaGaaCctAAA?AgTgtTTTAAAAAagaa	304
HPV30	--G-----A---GT-----A-TA-----C---A---C-----AGT	339
HPV53	-----G---GT-----AGTA-----T-----C---C-----C--	339
HPV56	-----CAC---C--GG-AC-A---T---T-----A-A--C-----	340
HPV66	-----C-T---AC-----TG-AC-----GC--G--G-----A-C-----	339
GroupA7 .con	GAGGAgTGGACA?T??AaGAcAcA?G??A?GAAC?T?TGG?AtACAgA?CCaa?aCAaTgtTTTAAAAAag?a	312
HPV18	-----T-----C-GC-----T-CG-G---A---A-----A--T-CT--C--C-----GT	351
HPV45	-----A-----C-GC---T---T-CG-G---A---A-----A--GT-CG--G---G-----GC	357
HPV39	-----T-AA-----TA-TA-T---G---C---C-G---A-----CA	354
HPV70	-----T-AA-G---A-TA-T---A-G---C-G---A-G---A-----AA	354
HPV59	C-TTTT-TAGGTGCTGTTTG-CATA-TTCTTGG-ATGTTTC-TGCATTGTCCATTGC-CA---TT---CTC-	351
HPV59*	--C-A-----A-GC---A---T-CC-A---A---C-A---CA--T-A-A-----CAG	351
GroupA8 .con	GAGCCATGGACG?T?CAGGACACAAGTCAAGAA?TATGGCTTGCAGAACC?AAGAAATGTTTAAAAAAGG?	317
HPV7	-----T-A-----C-----A-----A-----A	339
HPV40	-----C-G-----T-----T-----T-----T	339
GroupA9 .con	ga?gaaTGGACatTgCAacAaacaAGc?T?GAA?TgTgg?taacaGaaCCacaaggaTgttTtAAAAAacat	313
HPV16	--AA-G-----A---G-CGTT---C-T---G---ATT---T-C---AC-----A-A-----	339
HPV35h	--AAC-----C---G-----TA-T---T-A-ATAC---TT-----	342
HPV31	--G--C-----A---G-----TC-T---C---ATT---T-C---TAC---G---A-----	339
HPV52	--T-G-----A-----TC-A--A---CGTG-----AA--AC-----	339
HPV33	AGCC-----T-A--GG---C--TTGT-----C-AA-----A	339
HPV58	--T-----T-A--G---C--T---G---AA---C-----A-A	339
RhPV1	--G--G---GC---G-TG-C---T-G--GA-----CAC-----TA-G---C--C-----ACA	342
GroupA10 .con	GAACCaTGGACaTTaCAaGA?ACaAGT?gtGAAATGTGG?tAACAcCaCCcAAAc?cTgtTTTAAaAAaCaG	328
HPV6b	-----G-----A-----TA-----CA-----T---G-----G	339
HPV11	-----T-----G--C--C---TA-----C-----T---GG--C-----	339
HPV44	-----G-----G-----C-G-----T-----TAT--C-----G---	339
HPV55	-----G-----C-----C-----T-----G-----TA-----	339
HPV13	-----T-----T-----C-----C-----C--A---G-----G-----	339
PCPV1	-----G-----G-----TT-----T-----A---AT-----	339
GroupA11 .con	GAAGAATGGACATTACAACAGACAAGTTGGGAACAGTGGGTAACGGACCCAAAACAATGTTTAAAAAAGGT	342
HPV34	-----	342

E2 Nucleotide Alignment

SuperB.con	GAaccaTGGacatTagtagA?actAGt?taGAgac?tttagaagtcctCCagaaaatt?ttTtAAaAAagg?	308
GroupB1.con	GAgcc?TGGaCatTagt?gA?ac?AGt?taGAgac?tttagaagtcctCCaGaaaatcatTTtAAAAAaGG?	303
HPV19	-----T---T-C--G--T--C--C---GC-----G-A-----G-----T-----G--T	339
HPV25	-----A---T---G--T--C--C---AC-----T-A--A-----A-----C-----C-----C	339
HPV20	--A--A---T-T--G--A--TG-A--GC-----A-----C--G-----C-----T	339
HPV21	--A--A---T--C-G--A--T--C---GC-----A-----C-----T-----C-----G	339
HPV14d	--A--A---T--C-G--T--T--C---GG--A--A-----G-----C-----G--T	339
HPV5	-----A-----TC---T--T--C--CA---A--A-----CG-----GG---C--C-----C	339
HPV36	--AA-T-----T--C--C--A--A--T-----CG-----CGG---C-----G--T	339
HPV47	-----T-----C-----G--C--T---AC-----T---AG---G-----G--G	339
HPV12	---AAC-----G--C--A--GC--A--G-A--AC-A-GT-----C---C-----G--T	339
HPV8	-----T-----G--C--A--A-----T-A--AG-A-G-----C-----C	339
HPV24	---AAAG-----C-G--G--C--A--CA---A--C---A--A-----G--C-----A	339
HPV15	-----A-----C--ACAC-G--T---T-G---TG-G---G-A--T-C---CTGC-----G	338
HPV17	-----A---GC--ACAC-A--T---T-G---TG-GC-----A--C-C---CTG-----G--T	339
HPV37	---T-C-----C--TACAC-A--T---T-G---CG-G--G---A--T-C---TG-----G--C	339
HPV9	--A--T-----C-G--CAC-A--T---C-T---G--GG-AC-C---A--T-C-T---GCC-----G--T	339
HPV22	--A--G-----C---A--A--T---T-G---AG--A---C-----C-G-CTG-----A	339
HPV23	-----A-----T--G--T---CT-G---AA-----A---T-G--TGC-----G--A	339
HPV38	--A-AA-----CTC-A--T---CC-G---G-TG--C-C--C---T-C-G-CTG-----A	339
HPV49	---AAAG-----T-----AA-C--A---C-T--A--A-AC-ATGCA--A---C-C-GTGC-----T	339
GroupB2.con	GAacgaTGGacttT??CAGAA??tAGTgcAGAA?tgaTaaatac??CtCCaagaAAAttgttT?AAaAAag?a	307
HPV4	-----G-----A--GA---TGT-----C-----CT---CA---C---A---G--G	339
HPV65	--G--T-----C-GC---GT-----C---T---TG---CAG--C---C-A--G---G	339
HPV48	---A-----C-TG---AC-----ACT---C-GTT-C--C-----C-----T	354
HPV50	---C-----AT---TG---TT---A--T---G-AC---T-----T-----CA	357
HPV60	---T---GG---AA---TACA-----T--T---TTA--CC-----ACA--T---GAAG	345
SuperC.con	GA?CCATGGTct?Tgct?Gaca?AAGCTGGGaccGaTAT??g?Cag??CC?aaA?ggtg?TT?AA?AAAGGC	288
GroupC1.con	GA?CCATGGT?TTTGCT?GA?ACAAGCTGGGACCGATATATGTcAGA?CCTAAACGGTGCTTTAAGAAAGGC	322
BPV1	--A-----C-----T--C-----A-----	339
BPV2	--G-----G-----A--T-----G-----	339
GroupC2.con	GA?CCATGGTC?CT? ???GAC?TAAGCTGGG??G?TATCA?GC??C?CCA??AG??T?TTGAAAAAAGGC	222
EEPV	--A-----C--TACA---C-----AGA-A---G--TG-C--AA--GGTG-----	345
DPV	--G-----A--GTGT---T-----GAC-C---A--GC-T---GC--AAAC-----	339
SuperD.con	CAAAGATGGTCACTTGTGGACACTAGCATAGAGACATTTAAGGCGCCACCTGAAAAACACTTTAAAAAAAAGG	339
BPV4	-----	339
SuperE.con	GAgc??TGGtCatT?caaGAtAC?AgcAgaGAAaggTt?tt?gcaccaCC?gct?a?ACaTTcAAaAAg?g?	288
HPV41	---GGC-----G-----A--C--AG---C---AC--G--TGA---GT--CGG-----T--G--ATTA	348
COPV	--A-CG---A--C-ATGC---A---G--G---GG-T---GA---T--AT-C--C-----AG-T	339
CRPV	---CA---A---G--G---C--T-----CGAAAGC--T--GCAAA-G-----AAC	339
GroupE1.con	GA??A?TGGTC??T?CAAGA?ACTAGCAGAGA??T?TTTT?GCACC?CCAG?T??AC?TTCAA?AAG?G?	242
HPV1a	--GG-T---AC-T---C-----GC-G---G---C---C-GGC--C-----G---A-T	339
HPV63	--AC-G-----TT-A-----T-----AA-C-----A---A---A---CAT--A-----A---G-A	339
Unclass.con	GAAGCATGGACACTAAGCCAGACCAGCAGGGAAATGTATATGGCAGGTCCATCCGGCACCTTCAAGAAAGAC	339
MnPV	-----	339

E2 Nucleotide Alignment

SuperA .con	GGa?aaac?gTagaaGT?a?atTttGATgg?aa?aaagacAat?caatg?a?tAtgta??TGGa?a?ataTa	346
HPV54	---C---A-----T--T-T-----GC-TC-G--T--CA-----C-A-----ATG---GG-G---T	411
GroupA1 .con	GGACG?AC?GTGGAGGTT?TATT?GATGGAAA?C?GA?AATGCAATGCATTATACAGCATGGACAT?TATA	350
HPV32	-----C--T-----G---C-----T-CT--G-----T-----	411
HPV42	-----T--C-----A---T-----A-AG--C-----A----	411
GroupA2 .con	GGtgTaActGTgGAAGT?AGATATGATGGAGACGAaac?AAAgC?ATGTG?tATGTACaaTGGAggGA?aTa	390
HPV3	---T-----C-----AC-----A-----T-----A----	411
HPV28	-----C-----T-----C--T-C---T-----C-----A--C---	411
HPV10	--GA-----T---C-----T-T---C---C-----AC-T	411
HPV29	--A--G-----T-----G--T---A-----CC-----TG---A--C---	411
GroupA3 .con	GGACGCAGACTAACAGTTAAATTTGATGGCGAGGACCACAAAGCAGTGGGAATACGTTAGTTGGGGGTATATT	417
HPV61	-----	417
GroupA4 .con	GGACaaTCAGTATTAGTgAAaTTTGTGAGCAGCaGTGACAGAGACATGATaTAtACagGCTGGggccacATA	410
HPV2a	-----A-----ATT---T	411
HPV27	---TG-----T-----CA-----	411
HPV57	-----A--G-----T-----C--G-----T---	411
GroupA5 .con	GG?A?AAC?GTAACAGT??TATTTGAT?G?AATAAGGA?AAT?CAATGGA?TATA??AG?TGGAAT?T?T?	308
HPV26	--A-C--G-----GG-----T-T-----A--A-----T---TT--G-----A-G-G	411
HPV51	--C-T--T-----TA-----G-A-----C--G-----C---CA--C-----T-A-A	411
GroupA6 .con	GGAcACatATAGAAGTgTGGTTTGTGtA?cAAa?AcAAT?Gta??gAATATGTtGtgTGGaAATg??Ta	369
HPV30	---A---G-----G-AA---G-----C-A-CT-----C---GG-G	411
HPV53	-----C-G---GG---C-GGCT-----GG--	411
HPV56	-----A-----GT--A---T---TGC-----A-CC-----ATA--	412
HPV66	-----C-----A---A-T---T---TG-----G-----TTA--	411
	putative inversion in HPV59 <-	
GroupA7 .con	GGtaa?ACaGTg?AgGT?T?gT?tGATGGcaACAA?gacAAtt?TATGaacTATGTAgtaTGGG?c??taTa	374
HPV18	--CC-A----AC-A--A-AT-T-----A-----G-----C-----C-----A-AG-G-G	423
HPV45	-----A--C---C-C--A-AC-T-----G-----C-G-----A-AG----	429
HPV39	--A-CT-----G---G-G--A-----GG---ATGT---GC-----T-----GTGC---	426
HPV70	--GTT-----G---G--AC---A-----G-----C---C-T-----G---GAGCA---	426
HPV59	-T-TGTG-CAAACCTCTTAACGCCATCT--G--G--A--CACA--C-T--CAC-AGC---ACATT---	423
HPV59*	--C-TT-----G-A--ACG--T---CT---G--G--A--CACA--C-T--CAC-AGC---ACATT---	423
GroupA8 .con	GG?AA?ACAGT?GAAGTTAGATTTGACTG?AATGAA??AATGCAATGCATTATAC?CT?TGGAC??CAGTA	378
HPV7	--A--G-----A-----T-----CAT-----T--A-----TG-----	411
HPV40	--C--A-----G-----C-----ACA-----A--G-----CA-----	411
GroupA9 .con	GG??ataCagTaacaGTgcaaTttGAT?gtGataaa?acAATAC?ATGgAtTATacaaacTGGA?a?a?ATA	377
HPV16	--AT-----GGA-----G-----G-A--C-T-TG-----A--C-----C-C-T---	411
HPV35h	--GGT-----GGA--A-----G-----C-A-----T--C-----T--T---C-C-T---	414
HPV31	--AT---T---GAG-----G---GT-C---C--C---C-----T-----A-TTT---	411
HPV52	--GT---A-----AC---AA-----A-----T-----AGG-A--T	411
HPV33	--AG-A-----T-----A---CAA--C--A-A-----A-----GGTG-A---	411
HPV58	--CATA-----T--A---A---CAA-----GCA--C--A-----T---GTG-A---	411
RhPV1	--TGT-C-----TTTG---CT---C---G-----C-----G---GTGCTG---GG-C-C---	414
GroupA10 .con	GGAcAaACTGTgGaaGTaAaAT?TGActGcaaTgcAgAcAatacaATGgA?TATGT?ttgTGGa?Ata?aTt	395
HPV6b	--CA-----A-----T---T---TG--TG---A-----T-----GG-A---C-G-TG-G	411
HPV11	--A-T-----G-----T---TG--TG--A-----GT-----G-----GG-A---C-C-T--A	411
HPV44	-----T-----G-----G-----A-G-----A-GTC---	411
HPV55	-----A-----C-TT-----G-----A-C-----A--T---	411
HPV13	-----A-----T--A-----G-----T-----G-C-----C--C--A	411
PCPV1	-----G--A-----A---T-----C-T-----A-----A--C---	411
GroupA11 .con	GGAAAAACAGTAGAAGTTAGATATGACTGTGACAAGGACAACACCATGCAATATGTGGTATGGACATTTGTG	414
HPV34	-----	414

E2 Nucleotide Alignment

SuperB.con	cc??t??ctgT?ga?GT?at?T?TGAtaa?gAtccaga?AATgc?a?t?t?TAtAc?atgTggaatataT?	363
GroupB1.con	cC??t??ctgT?GAgGT?at?TaTGAtaa?gAtcc?Ga?AATgc?Aat?t?TAtAcTatgTGGA?atataTt	361
HPV19	--AA-GC--A-A-----T--A-----C--A--G-A--T-----C--T-G-----C-----A--T-G-G	411
HPV25	--AA-GC--A-A-----C--T-----C--A--G-A--T-----C--GCT-----C-----G-----	411
HPV20	--GA-TT-A--A-----C--A-----C--A--AAA--C-----C--GCT-----C-----G--T-G--	411
HPV21	--AG-GT-A--T-----T--T-----C--AAA--C-----T--GCT--C--C-----G--G--	411
HPV14d	--AG-AT-A--A-----G--T-----C--AAA--C-----A--GCT-----AGC--C--A	411
HPV5	--CC-CC-----A--A--T--T-----C--T-----A--T-----C--T-G-----A-----CC--G-G	411
HPV36	--AG-GC-----A--A--G--T-----C--T--G-A--T-----C--T-G--C-----C--CG-G	411
HPV47	--TG-AC-----G--A--GTAC-T-----GGA-----T--T-G-----C--T-G-G	411
HPV12	--AG-GC-----G-----C--T-----G--G--A--A-----A--G--G-----A-----AG--G-G	411
HPV8	G-CACAC-----G-----G--A-----AC-G--T--C-----C--G-A--C-----AGC--C--	411
HPV24	--TA-AAA--G-----T--A-----GGT-----G--C-----C--T-G-----A--G-A	411
HPV15	--ACAGAA-A-T--A--T--G-T-----G-----T--A--CATT-TGG-A--C--G-T--C--C--	410
HPV17	--TCAAAACA-T--A--T--G-T--C--T--C--T--A--CTT-TGTCA-----AG-----TC--T--	411
HPV37	--TCAGAACA-T--A--G--G-T--C--T--C--T--A--CTA-TGG-G-----GCC--TC--T--	411
HPV9	--ACAAAA-A-T--A--AG-T-----GGA-----T--T--TT-TGAGC-----A--AC-T--A	411
HPV22	--TAAAT---G--A--GTAC-T-----GGA-----T--A--TA-TGTCT-----AG--T--C--C--	411
HPV23	--TAAAA-A--G-----GTAT-T--GGA-----T--A--TT-TGCCA-----AG--A--TCT-----	411
HPV38	--TAAAA-A-T--A--TG-A-T--GGT--C--T--A--CTT-TGTCA-----G-----C-----A	411
HPV49	--TTATAA-A-A--A--T--A-T--GGA-----T--A--CTA-TGG-A-----GCT--A-G-G--	411
GroupB2.con	ggtTata?TGtaacTGTgtggTTTGAtAATgAT??aaa?AATgc?tttcc?TAtAcaaaTTggGA?TaTaTa	372
HPV4	-----GA--TG-----AG-C-G-----AA-G-TG--C-----C-T-T--	411
HPV65	-----GA--GT-----A-----AG-T-T-----TA-GGTG-----T--C--	411
HPV48	CC--TC-T-----A--A-----GA--GA--T-T-----T-----CTG-----T-T--	426
HPV50	CCG-T--C-----CAA-----C-----CCT--A--TG-A--T--T--TG--AT--A-----	429
HPV60	--A--C-----A-----A--GA--T--A--A--C-----A-----T	417
SuperC.con	GCCAG?gTGGTaGa?GTGGAGT?TGATGG?Aa??Caa??AATA?aA??TGGTA?ACTG??T??Ag?a?atTG	342
GroupC1.con	GCCAGGGTGGTAGAGGTGGAGTTTGTGAAATGCAAGCAATACAAACTGGTACACTGTCTACAGCAA??TG	392
BPV1	-----TT--	411
BPV2	-----AC--	411
poly-A signal for DPV		
-> <-		
GroupC2.con	GCCAGA?TGGT?GAAGTGGAGTATGATGGGA?CTC??CTAATAA?ACTTGGTATAC?GCTTGGa?T?CA?TG	284
EEPV	-----G---G-----A--TT-----G-----A-----G-A--G--	417
DPV	-----C---T-----G---CA-----A-----C-----A-T--T--	411
SuperD.con	GGCCAGCATGTGACTGTCATTTATGATCAGAATGCAATGAATTCATGGTATACACTTTGTGGAAGAAGTG	411
BPV4	-----	411
SuperE.con	gg??a?aca?TTgaggT?a?cTaTGatgatgatcc?ga?AAca??ac?aga?ataca?TgTGG????at?T?	341
HPV41	--GC-GC--G--ACCC-A-TG-T--CA-----C--A--CTT--AGA-GT-GT-T-----AAATGGG-T	420
COPV	--AA-GCAGA----T--C-GA----G---CAG-GAG--A---TTGTC--T--GT-T-----CTGG--A-C	411
CRPV	CCAGCT-TTG-----TTA-----G---CAGA-GG---AC-ATGA-T-C---C-----GGTATAT-T	411
GroupE1.con	GG????ACA?TTGAGGT?A?CTATGA??A??A?CC??ATAAT??AC?AG?CA?AC??T?TGG??CAT?T?	286
HPV1a	--CAGC---C-----T-C-----CA-TA-C--TG-----CAG--A--G--C--AA-T--AAT---G-G	411
HPV63	--GCAA--A-----A-T-----TG-GG-T--CA-----AGC--C--A--T--TG-A--CGC---A-A	411
Unclass.con	GGCACCATTGTGGAGGTTATATTTGATGGTGACAAGACTAATATGATGACATATACAAAGTGGGGGAAGATA	411
MnPV	-----	411

E2 Nucleotide Alignment

SuperA.con	tat?t??a?????ga?ga?ga?a?atgg??taa?gt??agg??a?gt?ga?tataagGG??TatatTat	391
HPV54	---TATC-AAACTGT--T-GG--GGG----AC---G--GTGCA-TA-TA-A--TGCA-T---TA-T-----	483
GroupA1.con	TA??T?CAA...AC??T??A?GG?ACATGGTGTAAAGTA?A?GGACACGT?TGC?ATGCAGGACTATA?TA?	404
HPV32	--CG-G---...-AC-AG-T-C-----T-C-----A---T-----C--C	480
HPV42	--TA-A---...-TG-GC-A--T-----C-A-----T---C-----T--T	480
GroupA2.con	?tTgtgCAGAACtaTAgtGATGataaaTGGGTgAAgGTggcAGGacaaGT?TCatAtGAGGGtCTaTATTA?	459
HPV3	A-----CA-----C-----TG--G--TC-----C	483
HPV28	T--ACT-----A-----C--G-----A--G-----C	483
HPV10	TA-----C---G-----C---A---C---C-----T	483
HPV29	A---A--A---CT-----CC-G---T--A--TAA---T---C-----G-----T	483
GroupA3.con	TATGTACAAAGCACAGAAACTGATCTGTGGTATAAGGTTCTCGGAAAAGTGTcATATAAGGGCCTATATTAT	489
HPV61	-----	489
GroupA4.con	TATGTGCAGGAcacTAaCgaTGataCCTGGCAtAAGGTgCCaGGGcAGGTGGACGAACtGGGAtTATaTTAT	482
HPV2a	-----T-AC---T-----	483
HPV27	-----TG-----C-----C---T---A-----	483
HPV57	-----T-----C-----C-----T---	483
GroupA5.con	TAT???A???A?TGATA?????...TGG??AA??A?TGGA?ATGT?GA??A?GG?ATATATTA?	345
HPV26	---TATA-A...-C---TAGGG...-TGT--AGGT-C---G---T--TGCA-AA--G-----T	477
HPV51	---ATAT-TGAT-A---AG.....-GTA--GACA-A---A---G--CTAT-CG--T-----C	477
GroupA6.con	TATTA??T...GG?GAgT?TGG...TGGtgtAAAGTgtctTctGg?GTaga?TA?a?AGG?ATATATTA?	425
HPV30	----CTG...-G--CAA-----AC-----C-----TA-----T--C-A---T-----	477
HPV53	----TTG...-G--GA-----CA--AGC--TGAG--C-----	477
HPV56	----CAA...-A--T-G---CAA-----G---G---C--T-G---T-----	478
HPV66	----TAA...-A---G-----A--A--G--G--T--C-G---C-----	477
GroupA7.con	TATTATA?a...ActgAtacAG?cAtaTGG??AAAACaG?ag?gTgTGTg??tA?tGGGGtTaTATTAT	432
HPV18	-----TG...-G---GA-C---GAC-----C-CTACC---AAGTC-CA---AT-G-----	492
HPV45	-----T...-G---GG-----GAC-----C-CA---TAGC--T-----G-----	498
HPV39	-----A...-A-A--T--A---TGT-----A-G-----GAC--T-----	495
HPV70	-----A...-AC---A--G---TGT-----A-G--A---GAT--C-----	495
HPV59	-----GT...-A---GT--GACAG---TGT-----CAC--GAAA---GAC--TT---AC-----	492
HPV59*	-----GT...-A---GT--GACAG---TGT-----CAC--GAAA---GAC--TT---AC-----	492
GroupA8.con	TATGTACAG.....GTGGA?GAT?CATGGACAAAGGT??AAGGCCAGGTGGAC?ACA?AGGCCT?T??TAT	435
HPV7	-----G---A-----TG-----C---G-----A--TT---	477
HPV40	-----T--G-----AA-----T--A-----C-CA---	477
GroupA9.con	TAtat?ttt.....gagGA??t??Atgtact?tggtagaaGG?caaGt?gAttat?a?GGT?T?tAtTAT	430
HPV16	----T-G...-A--AGCATC-GTA--G-----G--T-----T--C---T--T--A-----	477
HPV35h	----A-A...-CAG-AT-----G-T---A-G--A-TG--AA---A-A---A-T-----	480
HPV31	---CC-A-G...ATA--TGGCCA-----G-T--G-----G---TA---G-A-G--CA-T-----	477
HPV52	---T-AC--...-GT--GTG-GA-----AA-T-----A---A---CT--T--GT-A-----	477
HPV33	----TA-A...-AGA-AC-----A---TAC---GA---A---ATA---A-G-----	477
HPV58	----TA...-AACAAC-----T-----C---AG---T--C---GTG--GT-G-----	477
RhPV1	---G-G-GG...-G---CAA-GG---GGTGAAC-TTC--TG-G-CG--CA-CTGG--C-GC-C---	480
GroupA10.con	TAtgTg?at.....GAcA?aGAcAAAAGGgtAAA?GTga?agGaat?gTAGA?tataAaGGgtT?TAtTAT	454
HPV6b	----C-G...-AT---CC-----G---CATA-T--G-----TGC---G--TA-A-----C	477
HPV11	--CC--C-G...-AC---TC-----A--A-CTA-TTCC---TGCC--G--CA-A-----	477
HPV44	----ATT...-C-----A---C---CACA---C-----G-----	477
HPV55	----C-...-C-----A---C---CACA---C-----G-----	477
HPV13	----TT...-C---T-----AC---G---A---G---T-----G--C--C	477
PCPV1	----TG...-A-AT---G---CA---G--A-A---G---CAT-----A--A--C---	477
GroupA11.con	TATTATTGG.....TTGGAAGGCAAGTGGTATAAAGTgAGTAGCCATGTAGATTATAATGGTATATATTAT	480
HPV34	-----	480

E2 Nucleotide Alignment

SuperB.con	TATatTatcaggatga?gatgacaa?...TGGcA?Aaag?tgaagGtgg?gt?gAtcAtactGGc?taTatTat	425
	E2 bind for HPV15 -> <- E2 bind for HPV12 -> <-	
GroupB1.con	TATatTat?tgatga?gAtGaca??...TGGcA?AAag?tgaagGtgg?gt?aAtcA?ac?GGcataTATatTat	420
HPV19	-----CG-----G-----AT...-----T---AG-----G--A-----T--T--TT-----T-	480
HPV25	-----G-----T-----AA...-----T---AG--C---C--G--G--C--C--A-----T-	480
HPV20	-----CCAA-----T--C---AG...-----C---AG--CT-----T--T--C--A--A-----T-	480
HPV21	-----CG-----T--C---CAA...-----T---AG--CC---C--T--C--C--A-----T-	480
HPV14d	-----CCA-----T--C---ACAG...-----T---AG--C---C--G--C--C--A-----T-	480
HPV5	-----A-----CG-----T-AG...-----T--G--CAAG-----G--G-----C--TT-----T-	480
HPV36	-----A---A---C---TG...-----T---CCAG-----G--C---G--G--T-----T-	477
HPV47	-----CA-----TCA-----TGTG...-----T--GACAAC-----G--C-----A--T--C--C	480
HPV12	-----A---CCCA--G--TGTA...-----T---ACCAC-----T--A---G--G---T--C---	480
HPV8	--C--CACT---CA--C--T-AG...-----C---ACCACC-----G--T--C--G--T-----C---	480
HPV24	-----A-----TA-----CAG...-----A--AC-----C--CC-----T--A-----C	480
HPV15	-----CCA-AC-TTA-----CA...-----A-C--G-TG---G-AAAAA-TG-CT-TCAT---GC-----	479
HPV17	-----CCAAA--TTA-----CC...-----A-T---T---GG-CC-T--TG-CT-TCAT--TGC-----	480
HPV37	-----CA-AC--TA-----CG...-----A-C--G-T---GG-ACAT--TG-CT-CTAT--TGC-----	480
HPV9	-----CA-AC--TTA-----T-CT...-----G-A---T-C--G--CAC--GG--T-TTTT--AGCC---C	480
HPV22	-----CA-AC--T-----GTCA...-----G-A--G-TG---G--CAT--GG-CT-T--A--AGCT--C---	480
HPV23	--C---CAAAC---T--G---CT...-----G-A--G-T---G-ACAT--GG--T-T--A--AGCT---T-	480
HPV38	-----CC--ACA--T--G---TA...-----G-A---TG---G-CCAT--GG--T-T--A--AGCC-----	480
HPV49	----T-G-A--CTCA----T-TG...-----A--G-TGC--G--AG--GG--T-TG-A--TGC-----	480
GroupB2.con	TATATCAaAGATga?aatgAaaaa...TGGCAcAaagttaaAGGtgaaGTgGAtTAtaATGGctttTatTtt	440
HPV4	-----ATG-----C-G...-----G-----A--C---	480
HPV65	-----TC-----T...-----T-----G-----A--C---	480
HPV48	-----CC-AA-C---...-----GAC-G---GCTG--T--C-----A-G---A-	495
HPV50	-----T-GA--C---...-----T-----CT-----C-C-----C-----	498
HPV60	--C-----G-----T-T---C---...-----GGACC-G--A--G---C-----AC-----C	486
SuperC.con	TAC?????cg?ac?GAgGA?G?????TGG?AG??tGCgaagg?TGg?GC?GACGgAa?tGGgcTcTacTA?	392
	mRNA start from P(3080) promoter ->	
GroupC1.con	TAC...ATGCGCACAGAGGACGGC...TGGCAGCTTGC?AAGGC TGGGGCTGACGGAAC TGGGCTCTACTAC	457
BPV1	-----C-----	477
BPV2	-----G-----	477
GroupC2.con	TAC?TGCGC??A?CGGA?GAGGAGGGCTGGGAGAC?GC????GTG?TGCAGACG?A?A?GG??T?T??TAT	336
EEPV	---G---GG-A---A-----T---TGTCT---C-----G-C-G--CA-T-AT---	489
DPV	---T---AA-C---T-----G--GACTG--G-----C-G-C--TC-C-TC---	483
SuperD.con	TATTATGTTGATGAAACTGAGACA...TGGCATAAAACCAGTAGCGATTGGATTATGATGGAATATTTTAT	480
BPV4	-----	480
SuperE.con	taTtatca?aa?g??gatga?g?a...TGG??aAAagca?ctaGtggtgTtGAtgataaaGG?gTgTatTat	400
HPV41	-----ATT-CACCAACA--T-A-...-----TAT-----TAGAG---CA-----C-CT--TA-A--C--C	489
COPV	-----C--GG--T-AGTT---CACC...-----GA-----CA-G-CAAGC-A---C-C-----AC-C-CA--C	480
CRPV	AT-AT-GGG--C-CT---GG-AG...-----GTT--GA-TGAA---A--G--CT--G--GA-T-----	480
ROPV	G-T-C---CAC-----G--G--G-----	37
GroupE1.con	TATTATCAAAA?GG?GA??A??A...TGGAGAAAAG?A?C?AGTG?TGT?GATG?T??GG?GTGT??TAT	336
HPV1a	-----T--G--CG-TGT-...-----T-T-C-----G---T---C-GTA--A---AC---	480
HPV63	-----C--T--TA-CAG-...-----C-G-T---A---A---T-CAT--T---TT---	480
Unclass.con	TACTTTGCTGATCCAAATGGCAAT...TGGAGCAGAACAACCTCCCATACGGACATTAATGGCATATATTTT	480
MnPV	-----	480

E2 Nucleotide Alignment

SuperA.con	...??atacatga?gg??a?aaaacatatTatgta?a?TTtaaa?a?GAggc??aaaaaTatggg?a?aca	445
HPV54-GG--CA-AAC-C---GTG-----GG-T-----A-G--A--ATCT--G-----G-ATAT	549
GroupA1.conATTGTGGA?AA?ATGAAACAGTTTTATTGTAA?TTTAAA?A?GAGGCCAAAAAATATGGGGTAAC?	464
HPV32-----C--C-----C-----A-T-----C	546
HPV42-----A--T-----T-----G-G-----A	546
GroupA2.conat?CACGAag?ag??aAaa?aTtTTAtGTgAAATTcaAagAtGAcGCg?g?GTgTATGGGGAAACA	518
HPV3-G-----G-CAG---CT-----A-----T-----T---C-C-----C---	549
HPV28-A-----G--AAC---C-----C-----TAC-----	549
HPV10-CA--T---AATATG--C--T--A-----T---G-----TT-T--A-----	549
HPV29G-G-----AC-TA---GTG---C-----C-TA-A---AC-T-----	549
GroupA3.conGAAATGGAGGGACAGGAACACTATTATGTGACATTTGCACAGGAGGCCAAAAAATATGGGGAAACA	555
HPV61-----	555
	E2 bind for HPV57	
	-> <-	
GroupA4.conGtGCACGAtGGtGTaCGTGTtAatTATGTGGACTTTGGAAcaGAGtCctTGACCTATGGGGTcACT	548
HPV2a-----C-----	549
HPV27-A-----G-----T-----	549
HPV57-----C--C-----A-----T---G--C-----T---	549
GroupA5.conAC??A??CA?A?AA?A?TATTA?GT?A?TTTAAA?A?GA?GC??AAA?ATATGGG?CA???	385
HPV26-ACA-GGG--T-T--GC-G-----C--GG-C-----C-A--G--GG--A-----A--GGT	543
HPV51-TGT-AATT--A-A--AG-A----T--AC-G-----G-T--A--CA--T-----G--CAA	543
GroupA6.con?TaCATGA?GGccAcAAAacaTatTA?ACAgactTT?Aa?AcGAGGCcaaaAAaTaTGGGTgTaaA	486
HPV30G-----C--TA----GT-----T-----A-TG-----AGT---G-----A---	543
HPV53A-G-----CAC-TA--AGT---G-----T--A-----A--G-----CC-----	543
HPV56G-----T-----C--C-----G--C-A-----T-----	544
HPV66A-G-----T-----C-----G--C-G-----C-	543
GroupA7.con?T?aAcGag??gcatAacacaTatTATg?Ag??TTTAAA??GA??tgAaAa?TATGGgA?tAgt	483
HPV18G-A--G--AGG-T-C-----G-T---AT--AA-----AGT--ATG-----A-----AC-CA	558
HPV45A-A--A--TGGAG--C-----T-CAA-----AGC--ATG--G--A-----A-A----	564
HPV39A-G-----CAC-TA--AGT---C---A--TG---TCAA--TGCG---GG-----C---	561
HPV70G-GC---CA-----G-----A--TG---GCAG--TGCAC---TG-----C---C	561
HPV59AAAGTG--AGA-G-AC-GGTG--C---T-AAA---T-CAT--TGCCA---A-----C--CA	558
HPV59*AAAGTG--AGA-G-AC-GGTG--C---T-AAA---T-CAT--TGCCA---A-----C--CA	558
GroupA8.conACAGTGCA?GGGTGCACAACATATTATGTAGACTTTG?AAAGGAAGCACA?AC?TATGGGAAAACA	497
HPV7-----T-----G-----T--A-----	543
HPV40-----C-----A--G-----	543
GroupA9.con?t?caTga?gg?gaaaaaacaTatTtTgta?atTTTaaagA?GAtGCaaaaaAaTat?gtaaaa?a	488
HPV16G-T----A--AAT-CG-----GC-G-----T-----G-----A-----AT	543
HPV35hG-G---C-G--T-T-G-----A---TAC---GG--A--G--T---G--G-A---A-	546
HPV31G-A----A--AC-T-T-----A-----C--A--G-----G-G-CTGGT	543
HPV52TGGTG---T-A-----T-----A-A---GTA-C-----GC-----T--GT--C-	543
HPV33A-A---A-CT-T---GGT-----AA-T-----G-----TGC---G---TC-----C-	543
HPV58A-A---GCAAT---G--G-----AA-T-----G-----G--CTC-----C-	543
RhPV1ACCGT--CT--G---GGTG--C-A---GC-G---T-T-G---T-----G-AC-TGG-	546
	poly-A signal for HPV11	
	-> <-	
GroupA10.conatacaTGGacagtttAAAACaTATTATataaAtTTTgaaAA?GAGGCtaAAaAaTATgGgaacaC?	518
HPV6b-C-TG-----A-----G---C---T---A---AG---G-----G---C	543
HPV11-C-TG-----A-----G-----A-T--A---AC---G---T-GT--C	543
HPV44G-----TGG-CA-----C-----C-----G---CG-----T-T	543
HPV55G-----CGG-CA-----C-----CC-----A-----T-A	543
HPV13-----A-T--G-----T--G-G-----G-----G-A--G	543
PCPV1-GGT-----G-----G-C-----G-----C---A-T--A--A	543
GroupA11.con	...GAAACACAGGACAATGAAAAGGTATATTATACACAATTTGACAGAGATGCAAAACGATATGGGGTTAAA	549
HPV34-----	549

E2 Nucleotide Alignment

SuperB.con	...???t?caaggaa??tttaaa?a?TAtTatgt??taTTtgctgatGaTGC???agaTatagta?aaCt	478
GroupB1.con?t??aaGGaac?tTtAaa?acTAtTAtgT??taTTtGctgatGaTGCa???agaTataGta?aaCt	475
HPV19A-GC-----AC----G-C-----GT-----CGT-A-----GC----	546
HPV25A-GC-C---GC---G-C---GT-----TCGT-----C-AT----	546
HPV20A-GC-----A---G-C---C---TT-G-----GAGT-----C----	546
HPV21A-GC-----T---G-C---C---TT-----AGT-----C-G----	546
HPV14dA-GC-----C---G-A---C---TT-G-----ACT-----A----	546
HPV5T-AC-----T-----A-----AC-G-----C-----GAAA-----G---C----	546
HPV36T-AC-----A-----T-T-C---AC-----C-----CGT-A-----CA----	543
HPV47C-AT-T---A-----C-----GT-----AAG-----GCT----	546
HPV12T-AC-T---GAC-----C-----AC-T-----G---CGA-TG-----A----	546
HPV8A-GC---C-GC--C-G-C-T-----TG-G-----CGT-----GCT----	546
HPV24T-AAT---GGAG-----C-T-----GC-G-----CAAT-----C---A-T----	546
HPV15T-GG-----TC-----GTT-----CA-ACAG---AA-T-----GCC--G-T-G-C-A----	545
HPV17A-GG---CT-TC-A---GTG-----A-TCA---AA-TG---TGCC--G-T-G-C-A----	546
HPV37T-TG---GAT--A---GT-----A-ACA---AA-G---TGCC--G-T---C-A----	546
HPV9T-TG---G--TG-A---ACA---A-TAAC---ACA-A---GCC--G---G-C-G----	546
HPV22A-AG---G-C-----AC-----A-TAA---AAACA---TAAAC---G---C---A	546
HPV23TATG-G---CCAAC---A-----CA-TAA---AA-CA---AAGC-C-T-G---CT--A	546
HPV38TATG-G-C-AA--A--GGTG-----T-AAA---AAA-----TAAAC---G--GTC--A	546
HPV49AAGG-T---TA-C---C-G-----TACC--C-----TGTT-----G-G-C-T--	546
GroupB2.con	...acAGA?catActGGagAt?gaGcaTAcTTTtac?cTaTTTT?a??ctGATGCtcaaa?ATaT?gcaaAaCT	501
HPV4-C-----G-----AA---T--T---AT---AGCT-----G--T-A---G----	549
HPV65-C-----A-----AC-T-----T--G---AGCA-A-----C-G--T-A---G----	549
HPV48	...GT---T-TA-A---T---TTT-T-----TT---C-AC-----GT--A---G-A-----	564
HPV50	...-A---AGTG-----T---TC--T-----AA--C---C-AC-----CACTGT---G---T--	567
HPV60	...-----AA--A---A--A-----T--CTC-----G-TAG-----A---C---TCAC-----	555
SuperC.con	tgcaCCatG??ggtg?t?gacg??TtTAcTaT??gcgCTTTG??a?GA?GCagcCAGATttAG?AcaACA	449
GroupC1.con	TGCACCATGGCCGGTGTGGACGCATTTACTATTTC?CGCTTTGGTGA?GAGGCAGCCAGATTTAGTACAACA	527
BPV1	-----T-----C-----	549
BPV2	-----G-----G-----	549
GroupC2.con	????CC??G...????G?A???GGT?TA?T?TGA??CTTTGAAA??GATGC??CAGAT??AGCA??AC?	374
EEPV	TGCG--GG-...ATGA-C-GTAA--G--C-T---AAC-----CT---CCG---GG---GG--G	558
DPV	ACTA--AT-...TCCG-T-CACG---T--T-A---GCT-----GA-----AGC---AC---CT--A	552
SuperD.con	...ATTGATAATCAGGGGAACAAGATATATTATGTGAACTTTCAGGACGATGCAGCATTGTATTCTAATTCT	549
BPV4	-----	549
SuperE.con	...?t?ga?catGa?ggt?acaAaatgTAtTATGTggacTTtgaa?agGAgGCCcga???T?tagc?a?Aca	456
HPV41	...A-T--C--C--GTC-GTT-----C-----AGA-----CAT---A--G--GAAC-T---G-G---	558
COPVATG---GGAC-C-GC-GG-----C-----G-----A-CAAA-A---G-G--T	546
CRPV	...G-G--CTC---A--AA--T-TG-----CTC-ACC--C--G-GACGT-T-GCTGCT-AT	549
ROPV	...AGG--TACA--A--AA---T--A-----GACT--T--T-CACGC-T-TCAAGC-A-	106
	TATA box for HPV1a	
	-> <-	
GroupE1.con	...TTAGAA?A?GATGG??A?A?A?A?A?A?TA?TATGT??T??T??GA?GAGGCC??T??TA?AGCA?AACA	382
HPV1a	...-----C-C-----CTAT-----T--T-----GTTA---GCT--G-----TC-AAG--C---C----	549
HPV63	...-----T-T-----TGTC-----C--C-----TGAC---CAA--A-----AA-CGA--T---A----	549
Unclass.conAATAAGTCTGGGGATAAAGGAGTACTATGTGCGGTTCAAAGAGGAAGCAAGAGGTACTCATTAACA	546
MnPV	-----	546

E2 Nucleotide Alignment

SuperA.con	g??a?a????????????????TGGga?GTacatgtg.....	462
HPV54	-GACAG.....-----G--G-G-A--.....	570
GroupA1.con	G??CAA.....TGGGAGGTACATGAT.....	483
HPV32	-GA--.....-----.....	567
HPV42	-AC--.....-----.....	567
GroupA2.con	GG?AaA.....TGGGAgGTaCATGTG.....	538
HPV3	--A-C-.....-----C-----.....	570
HPV28	--A--.....-----.....	570
HPV10	--C--.....-----.....	570
HPV29	--C-T-.....-----G-----.....	570
GroupA3.con	GGCAAA.....TGGGAGGTACATATG.....	576
HPV61	-----.....-----.....	576
GroupA4.con	GGGACG.....TGGGAGGTGCacGTg.....	569
HPV2a	-----.....-----.....	570
HPV27	-----.....-----.....	570
HPV57	-----.....-----G--C-----.....	570
GroupA5.con	??CA?.....TGGG??GT??AT?TG.....	397
HPV26	GTG--A.....---CT--AC--G--.....	564
HPV51	...-G.....---AG--CT--A--.....	561
GroupA6.con	??CA?A.....TGGGAAGT?CATATG.....	503
HPV30	GG--C-.....-----G-----.....	564
HPV53	GG--C-.....-----G-----.....	564
HPV56	AA--T-.....-----A-----.....	565
HPV66	AA--T-.....-----A-----.....	564
GroupA7.con	ggtA??.....TGGGAAGT?CatTaT.....	501
HPV18	---CG.....-----A---T-----.....	579
HPV45	AA--CG.....-----A--A---.....	585
HPV39	--C-AA.....-----G-----.....	582
HPV70	--A-AA.....-----G---G-----.....	582
HPV59	-AC-AG.....-----G-----.....	579
HPV59*	-AC-AG.....-----G-----.....	579
GroupA8.con	AAT???.TGGACTGTTATGTG.....	515
HPV7	---GAC.....-----.....	564
HPV40	---AGG.....-----.....	564
GroupA9.con	aaa?ta????????????????TGGGAaGT?CATGtg.....	507
HPV16	---G--.....-----T---C-----.....	564
HPV35h	--TA--.....-----G-----.....	567
HPV31	--AA-.....-----G---C-----.....	564
HPV52	GG-G--.....-----A-----.....	564
HPV33	C--A-G.....-----A-----.....	564
HPV58	C--T--.....-----G--A-----.....	564
RhPV1	--TGG-AATGGAGATGGCTATGAG----G--G----T.....	585
GroupA10.con	ttaCAa.....TGGGAaGTaTGT??T.....	537
HPV6b	AA--T.....-----TA-----.....	564
HPV11	AAT--T.....-----TA-----.....	564
HPV44	-----.....-----G-----AT-----.....	564
HPV55	-----.....-----G--C---AT-----.....	564
HPV13	-----.....-----AT-----.....	564
PCPV1	-----.....-----TA-----.....	564
GroupA11.con	GGAATA.....TGGGATGTATGTATG.....	570
HPV34	-----.....-----.....	570

E2 Nucleotide Alignment

SuperB.con	GGacaa.....TgggaaGT?aa?gtTAAaaggAaacTgTgttt...gCtcCtgTtacc	527
GroupB1.con	GGaca?.....TggGAaGT?aa?gTTAAaAgGAAAcTgTgTtT...gCtCctGtCACc	523
HPV19	----T.....A-A.....A-----	597
HPV25	----T.....A-A-----C-----A-----	597
HPV20	----A.....G-A-----	597
HPV21	----T.....T-C-----	597
HPV14d	----T.....T-A-----A-----	597
HPV5	---G-A.....A-A-----	597
HPV36	---A.....G-A-----C-----C-----	594
HPV47	---G-A.....T-A-----A-----T	597
HPV12	---A.....T-G-----	597
HPV8	---G-A.....A-AA-----C-----T---	597
HPV24	---C-A.....G-C-GGA-----C-----	597
HPV15	---ATC.....G-GC-T-----G---C---A-C-----T--T	596
HPV17	---GT.....GC-T-----G---C---A-C-----T--T	597
HPV37	---GC.....AC-T-----C---C---A-C-----T--T	597
HPV9	---CGTT.....GC-T-----C---C-T-----T--T	597
HPV22	---T.....G-GC-T-----A-T-----A-C-----T---	597
HPV23	---ATG.....AC-T-----A-T-----C---A-C-----T--T	597
HPV38	---TTA.....AC-T-----A-C-----A-C-C---T---	597
HPV49	---A.....AT---CCGCA---C-C-----T--T	597
GroupB2.con	GGacta.....TGGACTGtgcAtTtTAAAAaccAAatTATtct...tCctCTgTtact	552
HPV4	---G.....C---G---C---C---A---GT-	600
HPV65	---CA---G---C---GTC	600
HPV48	---A---TAGA---A---C---G---	615
HPV50	---A---TATA---A---C---CA---C---	618
HPV60	---GAC---A---A---G-TC---C---	606
SuperC.con	GGGcat.....T??CTGT?AG?GAT?A?GA?aga?tgTAT??t??gTcTc?tcc?Cc	487
GroupC1.con	GGGCAT.....TACTCTGTAAGAGATCAGGACAGAGTGTATGCTGGTGTCTCATCCACC	581
BPV1	-----	603
BPV2	-----	603
GroupC2.con	GGG???.TGGACTGTGAGGGATAACGAT??A??TATCA?TCA??T?T??GC?	411
EEPV	---CAC.....GTG-TA---T---ACC-T-GGT---A	612
DPV	---ACT.....CGT-CT---C---CAT-C---G	603
SuperD.con	GGCATG.....GGGCAAGTGCATTTTGAAGCAAAGTTCTTTCT...CCCTCTGTTACC	600
BPV4	-----	600
SuperE.con	GGacaa.....tatg??gttctatat?aaagcaaaagg?Ttacta??cta?tgct?cc	501
HPV41	---CACT.....GTCACCTAC-GGCTAGGC---GCCCT-G-A-A-GTAC--GAAC--GTA	612
COPV	---GA---AGG---A-CC--CC--CT-CTA--C-C-CCA-C-G---CG--	600
CRPV	---C.....AC--GG-G-T-C---A---TGC-CC-CT---T--TC--TCA--	600
ROPV	---G-G.....AA--G---A---C---AAC--T--GTGT-CTC--T-A--	160
GroupE1.con	GG?C?A.....TAT?CTGT??A?TA??GGGTAAAAGGTT?ACAAATGTTATGTCT???	423
HPV1a	---A-A---G---AA-T--CAG-----T-----	600
HPV63	---T-G---A---TC-A--TGA-----C-----CCT	603
Unclass.con	GGAACT.....TGGGAAGTACATGATGGACTAGAGACACATTCCCTTCTTATTCTCTGTC	600
MnPV	-----	600

E2 Nucleotide Alignment

SuperA.con	462
HPV54	570
GroupA1.con	483
HPV32	567
HPV42	567
GroupA2.con	538
HPV3	570
HPV28	570
HPV10	570
HPV29	570
GroupA3.con	576
HPV61	576
GroupA4.con	569
HPV2a	570
HPV27	570
HPV57	570
GroupA5.con	397
HPV26	564
HPV51	561
GroupA6.con	503
HPV30	564
HPV53	564
HPV56	565
HPV66	564
GroupA7.con	501
HPV18	579
HPV45	585
HPV39	582
HPV70	582
HPV59	579
HPV59*	579
GroupA8.con	515
HPV7	564
HPV40	564
GroupA9.con	507
HPV16	564
HPV35h	567
HPV31	564
HPV52	564
HPV33	564
HPV58	564
RhPV1	585
GroupA10.con	537
HPV6b	564
HPV11	564
HPV44	564
HPV55	564
HPV13	564
PCPV1	564
GroupA11.con	570
HPV34	570

E2 Nucleotide Alignment

SuperB.con	AGcTCcaC?cc?cc?g???ca??agga???a???g?c?ca??c??c????????????????????	553
	\ 3' sj for HPV8	
GroupB1.con	AGcTCcaC?CC?cCag??tcaccaggaggacaa?cagac?ca?ac?cc????????????????????	563
HPV19	-----A--A--C--C--AC-----AG----C--A--A-----	645
HPV25	-----C--C--C--AG-----G----T--A--A-----	645
HPV20	-----C--C--C--AC-----G----T--A--G-----	645
HPV21	-----C--A--C--AC-----G----T--A--A-----	645
HPV14d	-----C--T--C--AG-----G----T--A--A-----	645
HPV5	-----G--T---GG--G-----G----A--A--A-----	645
HPV36	-----C--T---GG--G-----G----A--A--G-----	642
HPV47	-----A--A---GG-----A----C--G--A-----	645
HPV12	-----A--A--C--GG-----AG----C--G--G-----	642
HPV8	-----C--C--C--GA-----CC-----G----A--G--A-----	645
HPV24	-----A--A--C--AC--C-----GTCCCG---ACT-CC-GGATCCACCCTAACTCCAAGGCCTCA	669
HPV15	----TT-G--GG---CTGG-GA--G-----	623
HPV17	----TT-G--GG---CTGG-GA--G-----	624
HPV37	----TT-G--GG---CTGG-GA--GAC-G-CGGG-CAG-CTC-GT-CACACCGTATCCGGG	660
HPV9	----TT-G--A---ACTGG-GAC--G-----	624
HPV22	--T--T--G--G---TTGG-GTC-CCTCC--GAATC-G--CC-GAACCGGCATCCACCTCCGAC...TCC	666
HPV23	--T--T--G--G---TTGG-GAC-CCTCCA-CAAC-C-GTTCC-GAAGCATCTACCACCTCCTGTCTCTCC	669
HPV38	--T--T--G--G---TTGG-GACTCCACCG-CT-C-CAT-CAGGG-GGCACCTCCCGAGCCTTCCACCTCC	669
HPV49	-----C--A---TCCA-GGGGCT-C--G--T-CTC-AACGC-AG-CCGTTTACGACACC	660
GroupB2.con	AGCTCc?ca	560
HPV4	-----TA-----	609
HPV65	-----AA-----	609
HPV48	-----	621
HPV50	-----	624
HPV60	-----T-----	615
SuperC.con	?C?tCt?A?T?TAGAgAtcgCccagacgga?Tc?aagg?g?at?g?a?gg??ctG?aggagac??G??gga	539
	\ 3' sj for BPV1 E3 orf start for BPV1 ->	
GroupC1.con	TCTTCTGATTTTAGAGATCGCCAGACGGAGT?T??CGCATC?GAAGGACCTGAAGGAGACCCTGCAGGA	647
BPV1	-----C--GGGT-----C-----	675
BPV2	-----T...C-----A-----	672
	E3 orf start for EEPV ->	
GroupC2.con	CCC?C?CACTCTAGA?A??C????????ATCGAAGGA?T?TGGA?C??CG??GG????AGAGGC???	451
EEPV	---C-T-----A-CGA-AGAGACTGC-----T-C---G-GA--CC--GGAGCGT-----TCG	684
DPV	---T-C-----G-GAC-.....-C-G---A-TC--GG--CCGTGAA-----...	663
SuperD.con	AGTTCGCTTCGTGTTGGGAGTACCGGAGGACAACCGGGACCCTAAACCGGGGACCACGCCCAGGACGTAGC	672
BPV4	-----	672
SuperE.con	agcactacC?ccccac??c?cactgct??ggc??ccaCag????c??cgcc????cg?cccccgccag??a	551
HPV41	-CTGT---GA-AGCTCCTC--GAGGGA-AGAA--C--AAGGTACTACGACCGCA-GGGT-GAGAC-ACGC	684
COPV	G-A--CT--GGA--GGAA-T-C-C-G-CACT-CG--T-G-GGTC-GGT---TGTT-CCTTA--C---GAA-	672
CRPV	---T-CC--CAG--G-TGGT--G---CCCT-AAGA--C...GT-C--GAAGA-G-----A---TGC-	666
ROPV	---T-A--C--T--GG-C--TC--CTT-GCAA--CCTTGA-AA---ACCG--T-G-----CCTGC-	232
	\ 3' sj for HPV1a	
GroupE1.con	??CA?TAGCTCCCCA????GG?CT?CTGGG?CTCCT?CAG????C????????????A?CC?A?CC?????	459
HPV1a	TC--C-----...A--G--G-----G-----TACA-TCCGACTACCCA-C--T-T--GAGAGT	669
HPV63	GT--A-----CTAC--A--T-----T-----A--ACAC-.....-A--C-G--ACCCAA	663
Unclass.con	ACCAGCTCTACACCGCAGACCGGATTTCTTAGAGGGGATCCGGTACGCCTTACGGGAATACCACCACAGGA	672
MnPV	-----	672

E2 Nucleotide Alignment

SuperA.con	462
HPV54	570
GroupA1.con	483
HPV32	567
HPV42	567
GroupA2.con	538
HPV3	570
HPV28	570
HPV10	570
HPV29	570
GroupA3.con	576
HPV61	576
GroupA4.con	569
HPV2a	570
HPV27	570
HPV57	570
GroupA5.con	397
HPV26	564
HPV51	561
GroupA6.con	503
HPV30	564
HPV53	564
HPV56	565
HPV66	564
GroupA7.con	501
HPV18	579
HPV45	585
HPV39	582
HPV70	582
HPV59	579
HPV59*	579
GroupA8.con	515
HPV7	564
HPV40	564
GroupA9.con	507
HPV16	564
HPV35h	567
HPV31	564
HPV52	564
HPV33	564
HPV58	564
RhPV1	585
GroupA10.con	537
HPV6b	564
HPV11	564
HPV44	564
HPV55	564
HPV13	564
PCPV1	564
GroupA11.con	570
HPV34	570

E2 Nucleotide Alignment

SuperB.con	?cc??c??gaccccc?ccacc?cc?c?????????g??c??cg?cca?????????c?c???????????	580
GroupB1.con	?cc?ccaagacccccaccaccaccac?????????gactcc?cg?ccaga?????g??c?????????????	602
HPV19	T--T-----T.....G--T----CTCTC-CC-ACAGCCTCC...	705
HPV25	T--T-----TGA--C.....G--T----CTCTC-CC-ACAGCCTCC...	699
HPV20	T--T--C-----G-----T.....A--A----CAGTC-CC-.....	696
HPV21	T--T--C-----G-----T.....A--T----CTCTC-TC-ACC.....	699
HPV14d	T--T-----G-----T.....A--T----CTCTC-CC-GCAGATTCC...	705
HPV5	A--C--GC-----T---AACCGCCGTT-----A--T----CAGCTCAC-.....	705
HPV36	T--T-----T-----AGCCACCGTT-----A--A---AGCAGCTCAC-.....	702
HPV47	T--T-----AGCCGCCACT---A--T--C----CGCCAATC-.....	705
HPV12	A--AG-----G-----T--T-C.....A--A---TCC.....	687
HPV8	G--G-----T--G-T.....A--T----CAGCA-CGGTCC.....	699
HPV24	AG-C-A-CCCAA-AGC-ACAACAAG-CTGTAGTGAC--AA-AA-CAAGC-GAAGAG-TA-GGGCGAAGGGAG	741
HPV15G-A--T--T-GACTCCGCACCC--A--GC--G--ACAGACA-CTTCTTCCACCTCC	683
HPV17CCGA-G-GT--C--T--ACGCCCATCCCGG--GT-AC-A...GCAAG-GGACTCTCTGCCACC	687
HPV37T--C-GCTCGCACG-GGATTCTCTACCACC	690
HPV9	..GGAG----T---AGCA---CTTTCAGGTCG-GG--GC-AA-A-C-TCGCGACT-CCTGCCACCACC	693
HPV22	C-ACAACG-T-AT-ACAAGT---CAC.....	693
HPV23	C-ACAACG-T-A--AT-----A-CGC.....	696
HPV38	GTGT--CCCGAA-GGC-AC-AT--CAAACAGCA.....	702
HPV49	GT-GA-G----A-----G-----AGCAACCACCAC-A--TTCAG--CCACCACAGC-ACAGCCACAGCC	732
GroupB2.con?a?tc??cctcc??c	569
HPV4T-C--CT----TT-	624
HPV65A-CA-CC----TT-	624
HPV48-GAGAAATACA	633
HPV50-AAGGAGTGCG	636
HPV60A-ACAAT----GA-	630
SuperC.con	A?AgaagCCgA?cCagCC?A?c?tg?Ct??cTt??c??g??tC?c??gcctgCgccc??atcaGa?C?G?C	588
GroupC1.con	AAAGAAGCCGAGCCAGCCAGCCAGCCTGTCTCTTCTTTGCTCGGCTCCCCCGCTGCG??CCCATCAGAGCAGGC	717
BPV1	-----GT-----	747
BPV2	-----TA-----	744
GroupC2.con	AGA????CC?AC?C??CCGAC?G?GCC?TGC?T?AC?CT?CT?CT?GA?????C?CC?TT????G?CCCGTC	494
EEPV	---GGGT--G--A-AA-----A-A---C---C--T--C--G--G--C--CAATC-C--A--TGTC-C-----	756
DPV	---CCCA--A--T-GC-----C-C---G---T-C--A--C--C--G--GGCAA-A--G--CACG-T-----	735
SuperD.con	AGACCGTCCCCCGATCTTCCAGAGACGCCCGGGCCGGCAGCAGAGGGCGCAGTCGTCTTCGCGATCGCGA	744
BPV4	-----	744
SuperE.con	ggaccgcgcy??caa?cgga?cc?a?ggcc??ac????c?g?caagac??gga?cga??tcacggy??cgga	601
HPV41	A--AA--AG-AAACGGG---G--GGTC---CCAG-CCCTAA-CG-----GA---G--TTACGG---CAGATCC	756
COPV	--G--GT-ACGG-GGC-T-GA-GG-G-T-GTCGCGGTTCCAG--GTCA---GGACGAGG-A-ACT----	744
CRPV	-TG-----CT---AA-A-AA-AGG-C--AAA--CACG-GTA--CTGGGCA--CGA-GG---A--TCACC-	738
ROPV	-T-T---A-GC-CCG--C-C-ATCC-CAAACCC-GGTCAA-T-GTT-TCG--GC--GTT--T--TTA----	304
GroupE1.con	G?????CC??CAA?C??C????A?G??A?AC?A?????C??GACA?????GA??TCGC?GG?????	486
HPV1a	-ACACCG--CAG---T-GA-GTCC-TC-ACT-C--CG-ACTCC-AG---GGGGGA--CC---A--TCCGA	741
HPV63	-GACAAT--ACC---A-TG-CAGA-AA-CAG-G--GA-GGGGT-GA---CCACCC-AA---C--CTGTT	735
Unclass.con	CTGCCATACCGCTTCGGAACAGCAGCAGCAACCAGATATTACTACGAGAGGGAAGAGGAGACTATCCAGAC	744
MnPV	-----	744

E2 Nucleotide Alignment

SuperA.con	462
HPV54	570
GroupA1.con	483
HPV32	567
HPV42	567
GroupA2.con	538
HPV3	570
HPV28	570
HPV10	570
HPV29	570
GroupA3.con	576
HPV61	576
GroupA4.con	569
HPV2a	570
HPV27	570
HPV57	570
GroupA5.con	397
HPV26	564
HPV51	561
GroupA6.con	503
HPV30	564
HPV53	564
HPV56	565
HPV66	564
GroupA7.con	501
HPV18	579
HPV45	585
HPV39	582
HPV70	582
HPV59	579
HPV59*	579
GroupA8.con	515
HPV7	564
HPV40	564
GroupA9.con	507
HPV16	564
HPV35h	567
HPV31	564
HPV52	564
HPV33	564
HPV58	564
RhPV1	585
GroupA10.con	537
HPV6b	564
HPV11	564
HPV44	564
HPV55	564
HPV13	564
PCPV1	564
GroupA11.con	570
HPV34	570

E2 Nucleotide Alignment

SuperB.con	??????c???a?aacag?cac?acaa?cc???acca?a?g?g?tacgg?cgaa?acc?tc?agcc??	621
	5' sj for HPV8 \/	
GroupB1.con	?????????a?aacag?cacaacaa?cc???acca?a?ga?ga?ggtAcggacgaagacc?tc?agcag?	650
HPV19AG-G----T-----A--AAC----A-G--C-GA-----AGA--C----T--C-----G	768
HPV25GG-G---G-T-----A--AGC----AGG--C-GA-----A---G--G--C--C-----G	762
HPV20AG-A----T-----A--AAC----A-G-GA--A-----G-----T--C--T--G	759
HPV21AG-A----T-----A--AAC----A-G--A--A-----G-----G--C--T--G	762
HPV14dAG-A----T-----G--AAC----A-G--A--A-----C-----G--C--T--G	768
HPV5ACATC-A----C-----A--GAA---G-G--A--A-----G--G--C--C-----AG	771
HPV36ACATC-G----C-----A--GAA---A-G--A--AA-----G--G--C--C-----G	768
HPV47ATCAATA----T-----A--GAA---A-C--A--G-----G-----A--A-----A	771
HPV12AGTGACA----T-----G--GACC---GGA-GAA-G-A-----C-----A--T-----A	753
HPV8CCTGC-A----C-----A--GAA---A-G--C--A-----GA--C-G--G--C-----A	765
HPV24	TCAAGCCCCACTG-CTCCAG-TGCAG-CGACGAT--TCGTCCC-GCAAA-GAAG-A-G-G-GACGAGCAC-G	813
HPV15	GTGTCTCCAG-A---G-A---C--C-. . .CGA--GA-GCCA--C-C---AAC---A-GAA--T--CCT	752
HPV17	TCCGTGTCCACCCG-. . .A-CAC----. . .CGG--ATC-CC-C-GC-A---A-G--G-A-G-G--T--CCT	753
HPV37	TCCGTGTCCACCCAG-A-A.CGG--ACC-CC-C-GC-A---A--A--A-G-A--T--CCT	750
HPV9	GTGCCACCCGG-.GG-TCC. . .AGG--ATC-TCCC--C-A--CA---A-G-C--T--CCC	753
HPV22C-A----C---A-G-A--T--TCCT	720
HPV23C-A----C---A-G-A--T--CCT	723
HPV38C-GC-A----GA--A-G-A--T--CCT	732
HPV49	ACAGGAGCACCTG--TCT--TCCA--A--GGT-----GGAA-G--A-----G---A-GAC--T--TCCT	804
GroupB2.con	gac????ctgc??Aa?a???gccccgggCcc. . . tccacctcc??Ct?c?c?g?????ccgca?acgagccc?	616
HPV4	---ACTGAG-AAC--C-GTTA----- . . .-----AG-TA--C-GAA-TTACCGA---GG-----T	693
HPV65	---TTTGAG-AAC--C-ACTA----- . . .--A--AC--AC--A-A-C-AGCTTA-C--GG-----T	693
HPV48	A-TCCCT--T-TG--AGCAG-GT-----T- . . .--G-----AG-AG-T-G-AGAGC--T-GA-G--A--G	702
HPV50	TTTGGGC---TG-CG-ACA-----T- . . .--A--GTA-GA-AAGAGCCAA-A-G-A-GATCTGGA	705
HPV60	---TACA--T-CA--GCCGG--AGCAA--- . . .CA-TT--T-GC--CAT-CTCATCG---ACT--T-C-GAC	699
SuperC.con	??g?TtG?G?A?????gGTC??c?C??cACC?C?a?a?T????????g??C?ggg??C?C?a?????	616
GroupC1.con	CTCGGTTGGGTACGGGACGGTCCTCGC?CGCACCCCTAC?ATTTTCCTGCAGGCTCGGGGGGCTCT?TTCTC	786
BPV1	-----T-----A-----A-----	819
BPV2	-----C-----C-----	816
GroupC2.con	AGA?CT?GCGAAAACCGG?GTCGG?CC?TT?ACCGCC?G?CTCCCTACAGC?CACCA??TCCCCG?GGAGT	553
EEPV	---A--G-----A-----G--G--C-----A-G-----G-----TCA-----G-----	828
DPV	---G--T-----G-----T--A--A-----C-A-----A-----CAG-----A-----	807
SuperD.con	TCACGGTCACGATCAGATCGCCTACGAAGGGGCCCACTCCAGTGGACGAGACACGCGGCTACCGAGTCCC	816
BPV4	-----	816
SuperE.con	cg?aggc?acgcaga?c??ca?????????ca??c??c??taccgga?????????c?????g????	629
HPV41	TCCCC-AAGGC-CA-CGCAGGACCGCGGCTCG-CTGTTT-T.	798
COPV	--AG-AGG-A--G--GAATT-CCCCCCAGCCG--GC-GT-CTCG-CGT-GTCGCCGCCGT-TCCACAACAA	816
CRPV	G-GGT--A---A--GC-GG--AAGCAACGAAAA--GG-CG-CCCCG--A-GCGGATTCTG-TGCCG-G. . .	807
ROPV	--G---AG-TC---T-CC--GGAGTTGGATTTCG-CC-AG-AAGA-C-A--AGACAAGGAAAAACATCCACC	376
GroupE1.con	C??A??C??C?G?????????TACG?A????G?????C?????G????	499
HPV1a	-AA-GA-AG-A-AAAACACCTG.----C-GACG-CCTTA-GGACG-CGAA	790
HPV63	-GC-AG-GA-G-CCC.----G-CGAA-AAGGT-CAGAA-TCCC	777
Unclass.con	GGCGCACGCCGCGAGACGAGGAGGTACTACCAGGGGCCAACACCGACGCCAGGTCTCTATCTCCCCCATC	816
MnPV	-----	816

E2 Nucleotide Alignment

SuperA.con	462
HPV54	570
GroupA1.con	483
HPV32	567
HPV42	567
GroupA2.con	538
HPV3	570
HPV28	570
HPV10	570
HPV29	570
GroupA3.con	576
HPV61	576
GroupA4.con	569
HPV2a	570
HPV27	570
HPV57	570
GroupA5.con	397
HPV26	564
HPV51	561
GroupA6.con	503
HPV30	564
HPV53	564
HPV56	565
HPV66	564
GroupA7.con	501
HPV18	579
HPV45	585
HPV39	582
HPV70	582
HPV59	579
HPV59*	579
GroupA8.con	515
HPV7	564
HPV40	564
GroupA9.con	507
HPV16	564
HPV35h	567
HPV31	564
HPV52	564
HPV33	564
HPV58	564
RhPV1	585
GroupA10.con	537
HPV6b	564
HPV11	564
HPV44	564
HPV55	564
HPV13	564
PCPV1	564
GroupA11.con	570
HPV34	570

E2 Nucleotide Alignment

SuperB.con	acaag????c?????ca????a?????gg???cgatcaaggtc??a??c?g?tc?cg?tc??g?	653
	E2 bind for HPV5, 8 -> <-	
GroupB1.con	aCaag????c?????ca?g?a?????gg???cgatcaaggtcca?a??caggtcccg?tc?ag?	690
HPV19	--CC-ACGACAA...ACC--A-C-CGC.....CA-AAA-----A-TC--A-----G--GC-G	831
HPV25	---C-ACGACAGCAAGCC--AGC-CGC.....CA-AGG-----AGTC-C-----G--CC-G	828
HPV20	----GCGAA-A...ACC--A-C-CGC...CAGA--CGA--G--C----A-AGTC--A----AAG--C--G	825
HPV21	--CC-GCGAA-G...ACC--A-C-C-T...CAAA--CGG----G-----AGTC-----G--G--GC-G	828
HPV14d	--CC-GCGAA-GACCGAAACGCG-C-G.....A--CGGA----G-----AGTC-----G--G--G--G	834
HPV5	T----G.....AGATCG--A-C-C-GCAA...A--...-----CG-CA-C-----G--TC-G	831
HPV36	----G.....AGACCG--AGC-A-GCAA...A--...-----G-CA-C-A----...--T--G	825
HPV47	----G.....CGACCG--A-C-C-C-CAA...A--...-----C--A----G-TC-C----G--G--C--T	831
HPV12	----G.....CGA--GGAAACGCAG...CAAAGG-----GCG-TA-C-C---AG--T-AC	813
HPV8	----A.....CGCAA-AGAG...CA-AGG-----GCG-CA-C-CA--A-G--TC-C	822
HPV24	T-CC-CACCCGGTCGCGCTGC-GCTCCACTCAAACCTCGATCTAG-TCCA--TC-AGG-----A-A--A-CC	885
HPV15	---CCACCA-CACCCGGAGGCA-A-AAGACAAG-ACAAA--CA-GAAGA-.....	803
HPV17	---GCCACCA-CACCCGG--C.....AAA--CA-.....	783
HPV37	---CCACCG-CGCCCG--A-AAAGACAAGGAGAAGACACCG--CAAGGCG-TCA-----ACC--CC-G	822
HPV9	--C-CCAGGAAGAAAAGA--G-GAC-AGGAGAAG-AGAAG--GA-G-AGAA.....GGAGAAGAA-CC	816
HPV22	---TCACCA-CATCAGGAGGCAAA-AAGGCGAGA-AGA-A-AG-CAAGAA-CCCA-CAAGG--AAGA-AA	792
HPV23	---GCCACCA-C...AGGAGGCAAA-AAGA.....-A-GG--AAGAA-CCCT--CCAGG--AAGA-AA	783
HPV38	T---CCACCT-CCGCAGG--A-G-A-AGGACAAA-AGAAACCA--G-CA--CA-AGG--AAGAAAAGC--A	804
HPV49	---GCAGCCT-CAACTCCAGG-AAG-GGTCTCGC-ACGA-----C-----T-G-AC---A---CAGAC-G	876
GroupB2.con	ag????????????????????g??c?g?ac??ccac?tCgacg????????????cgacg??ga	640
HPV4	-CT.....C-A-GGAGG-AAC---G-.....	714
HPV65	T-T.....G-T-GGGGG-AA---G-.....	714
HPV48	--CATCTCAGAAAACCTCCAACACC-AGT-GCCC--CT--T-GA-AT-CAGACTACGAGAGCGA-----AC--	774
HPV50	--CGGTCAACCAAAAGCCCTACAG-ACA-CGAAC-AC----C-----ATCAACAGTACGACTT-----AG--	777
HPV60	G-AGGACAGACCTCACAAGAGGGA-TCT-TA-CT-TA---G---C--AGTGCTGTTTCGATTA-----CC--	771
SuperC.con	cgC??g?C?CC??cC?g???g?cg?c??tGG????G?c??caagcgaggaaG?a?ag??acc?	655
GroupC1.con	CGCTCT?CCTCCACCCCGGTGCAGGGC?CGGTACCGGTGGACTTGGCA?CAAGGCAGGAAGAAGA?GA????	850
BPV1	-----T-----A-----T-----G--G...	888
BPV2	-----G-----C-----C-----A--AAAT	888
GroupC2.con	??CGTGGGCCCCGAT?CC?CCTCC?G????CG?GCC?GGTACCGC?G?????????GT?T??CTACC?	596
EEPV	TC-----T--C-----GA-AGCT--C--A-----T-.....-T-TG----A	888
DPV	GG-----A--A-----CC-CTGC--A---C-----A-AACCCCGGTGC--A-CT----C	879
SuperD.con	GGGAGACCCCGGGAGGAAGACGAAGGGGCACCCCGAACGGGAACGATGCCCTGGAACACCGACTCCGCCA	888
BPV4	-----	888
SuperE.con	??	629
HPV41	798
COPV	GTGGGATCAAAACATCAACTACGAACCACCAGCAGCGCCGGAGGA.....	861
CRPVGACATCAGACCGCCT	822
ROPV	GACTTCAACGCCAACACCATCTCCGCCACTCCACCAGCTCCACCAGCTTCTCGCCCGCCTTTAGACCACCT	448
GroupE1.con	?????????????.....	499
HPV1a	790
HPV63	AGAGATACCACC.....	789
Unclass.con	TACCGTCCCCCGCCAAGCTACGAAGAGTCGAGGAGGAGGGAAGCTAAGGCGCCGCCAAGACGGGCGAGTC	888
MnPV	-----	888

E2 Nucleotide Alignment

SuperA.congg?gg?aa?gt?ATt???	473
HPV54--CA-C-GCA-C---	585
GroupA1.conGGCA?TCAGGTGATT...	497
HPV32---C-----	582
HPV42---A-----	582
GroupA2.conGGAGGCAAAGTAATTcAc	556
HPV3-----	588
HPV28-----	588
HPV10-----	588
HPV29-----T	588
GroupA3.conGGAAACACAGTGATT...	591
HPV61-----	591
GroupA4.conGctGGgcgTGTtATTcAc	587
HPV2a---AC-----	588
HPV27---A-----	588
HPV57-GG-----T-T	588
GroupA5.conT?TGGT??GTAAT?...	407
HPV26-G---CAG----C...	579
HPV51-A---ACT----A...	576
GroupA6.conG?AAatgA?AGTATT...	516
HPV30-G---A-----	579
HPV53-G---AC-A-----	579
HPV56-A---G-----	580
HPV66-A--CC--G-----	579
GroupA7.con???ggcAA??TAATT...	511
HPV18GGGAAT--TG-----	594
HPV45GGG---TG-----	600
HPV39AAT---CA-----	597
HPV70AAT---CA-----	597
HPV59AAT---GG-T---	594
HPV59*AAT---GG-T---	594
GroupA8.conGGTTCAC?CGTTATA...	529
HPV7-----G-----	579
HPV40-----A-----	579
GroupA9.conGGTgGtcaGGTAATt...	522
HPV16-----A...	579
HPV35h-----	582
HPV31-----	579
HPV52-----	579
HPV33-----	579
HPV58--A--G-----	579
RhPV1----GAC-----G...	600
GroupA10.conGgcAGCAcagT?ATA...	551
HPV6b-----T---	579
HPV11-----T---	579
HPV44-----GTA-C---	579
HPV55--T---GT--C---	579
HPV13-----C---	579
PCPV1-A----A---T---	579
GroupA11.conGGCGGTAAGGTAATA...	585
HPV34-----	585

E2 Nucleotide Alignment

SuperB.con	tc?cggtc?cg?tc????ca????????????????????????????c??g????g??c????????????	670
GroupB1.con	tccccggtc?cg?tc??g??c????????????g????????????cc?g????g??c????????????	712
HPV19	--G----G--G--T.....	846
HPV25	---A--C--C---.....CGTATCC-ATCGAGGTGCGGTT-GC-GTCCG-GT-T.....	879
HPV20	--G----GA-G--G.....	840
HPV21	--G----G--GCT.....	843
HPV14d	--G----T--G.....CTCC-ATCTAGATCCCAGT-GCAATCG...T-T.....	876
HPV5	-----G--G---AA-TC-CAAACCCACACCCTCGTCCACCA--A-GTCCC-GT--...ACGTGCGTTC	900
HPV36	-----A--G--G---CA-TC-CGGTCCCACACCCCA.....ACCA-TC-GTCTGCCA--ACCCGGTCTAGG	891
HPV47	--T-AAA-C-AC--T...TC-ACCACCACCACC...ACCACCTA-A-GTCCA-GT-T...ACGTGCGTTC	894
HPV12	-----G--C---CA-TC-CAAACCAGGGCCCTTGCGCCACCT--GTATCCA-GT--TCCAGGTCCCCG	885
HPV8	-----G-TC---CG-GTTAGGCGCTTG-CTCCACCACCGTAT--A-GTCCA-GT--...TCGTGCGTTC	891
HPV24	---A--GGCAACAGGAG-TGTAGGGGAGACCCCCAGAGGGCAACGAG-AGTCTCAA--TCCTCCAGGGGA	957
HPV15	A-AGCAAGG--A--AAG-TC-ACCTCAAGGG-GAGACAAGAAATCT--A-GGGAG-GAA-CAGCGCCGACGG	875
HPV17	GA-ATCAGA--A--AAG-TC-ACCTCACGGG-GAGACAAGCAATCT--A-GGGAG-GGAGCGACGCCAGCGG	855
HPV37	GGGAAACAAGCAA--TCCAGGGGAGGGGACC-ACGACAGCGGAGACGAGAACGCTCCTA-TCCCGAGACACC	894
HPV9	AA-TACAGGA-ACAAAG-TC-AGATCCAAGG-TCGAACGAGAAACCGAAA-GGGAG-GGAGCGACGG.....	882
HPV22	A--A-A--AA-G---CGAAG-ACCGAGCAGC-GGGAGGGAGGGCCA--A-ACGATCCCT-TCCAGAGAATCC	864
HPV23	A--A-A--AA-G---CG-AG-AGAGAGCAAC-GGGGGGAGGGAAA--CAAAGATCCT--TCCAGAGGAGCC	855
HPV38	--AA----C--AAG-ACCAA-AGGGGAGGGA-GGACACCCGCGCAT--TCCTCCA-AGGATCCTCAGTCTCC	876
HPV49	GAAGC-AGCACC--AAG-TC-CAA...AAAGCCAGCCGTTCCAGAT--A-ATCCA-AT--.....	933
GroupB2.con	??a?????gaatc?caa?c?acct?caccac??cc?????acc?g?a?ta?Ga??a?ga?ga??????	677
HPV4A----CG-CG-G---C-----GT--CCTGA-A--GAG-G-G--C--CT-C--C--AGACGA	777
HPV65T---C-G---C---A--GT--CCCGA-A--TCG-GGC--C--GT--C--C--GGACGA	777
HPV48	GA-CCGAGA-----TGG-A-C---GA-----AC--AGAAG--GAGGAAC-AAGA-GAA-TTGG-GTCCGAC	846
HPV50	CG-CGAGAAAAG-GAA--CCATT--A--GACACAGAAAATC--AATCA-A-T-GG--GCCGAC.....	840
HPV60	AG-TCCAAC--GCAA--AGAGAATAT--T-CAGAGAGTCG--CGTACCAA-A--CGCA--GT-CCCGAC	843
SuperC.con	?aatcg?ccGac?ca?c?gaggaggaacc??G?C?t?gCca??gcacaccg?cg??atcg?tg?cttccAc	709
GroupC1.con	CA?TCGCCCCGACTC?ACAGAGGA?GAACC?GTGACT?T?CCAAGGC?CACC?C??AT??GATGG?TTCCAC	908
BPV1	--G-----C-----A-----A-----C-C-----G-----A-CA--...-----A-----	957
BPV2	--A-----A-----G-----T-----G-A-----A-----T-TG--GCT-----C-----	960
E3 end for EEPV <-		
GroupC2.con	G?????T?G?C?AG?G????????????CCGCCGTCGCC?GA??????GACGTAATC?C??A?????A?	628
EEPV	-GACCA-CA-AT-C--C.....-G--CTCTACA-----G-AG-GGGTG-C	948
DPV	-ACGGT-TT-GA-G--G-GAGGAGGATAAC-----A--TCAACAC-----C-CA-CCCC-C	951
SuperD.con	ACTCCTGACCAA.....	900
BPV4	-----.....	900
SuperE.con	??.....	629
HPV41	798
COPV	861
CRPV	GCTCCAGAGGACGTTGGACGAAGAATACTACGACGGTTGGAAGAACACCTCCCGGGCGGAATAGA.....	885
ROPV	ACTCCTTACAGAGTTGGAAGAAGAAATACGACAGCTCCAAGAGAGTCTGCAAGAGGACTTGAGGA.....	514
GroupE1.con	499
HPV1a	790
HPV63	789
Unclass.con	AAATACCCCCGCTCTCCCTACAGGACAAAACCACCGGGGAAAACCAGCAGCGACGACGAAGACGAGGGGAGA	960
MnPV	-----	960

E2 Nucleotide Alignment

SuperA.con	?????ttctctcg?atctgTatctagtagc?????????????????????a?gaagTatCCacT?cTgaa	514
HPV54	..TT-----C-----CGAA.....GAGGCATTGTC-A-----T--A---GC	642
GroupA1.con	...GTTTCTCTGCA?CCATATCTAGCACCACA.....?CCACCGA?GCAGAG?TA?CCTCT?CTGGA	551
HPV32	..-----T-----A-----A-----G--T-----T-----	642
HPV42	..-----C-----T-----C-----A--C-----A-----	642
GroupA2.con	CacgATgCATTTGACCctGTATCTAGCACA.....CgAGAAaTAcCCgTcCTGGA	607
HPV3	-----T-----G-----	639
HPV28	---C-----C-----G-----	639
HPV10	---T-----T-----A-----	639
HPV29	---A-----A-----G-----A-----	639
GroupA3.con	TATGAACCCTGCGCCTCTGTATCTAGTACCCAGGAC.....GCCGTGCGAGAAGTATCCACTGCTGAA	654
HPV61	-----	654
GroupA4.con	...CATAcATcGCATCTGTGTCTAGcACCCAGGCCacCgCCTCGGACGACGAacCACTATCCCCTaTTAGA	656
HPV2a	..-----G-----	657
HPV27	..-----T-----	657
HPV57	..-----T-----G--A-----CA-----C-----	657
GroupA5.con	...??TGTCTGAAT?TGTATCTAGTACC.....TGCAGC??AC??TATCCACT?CTA?A	450
HPV26	..TGT-----T-----AGCA--CAAA-----G--A--	636
HPV51	..ACA-----A-----G--GCGT-----A--C--	630
GroupA6.con	...TatTGTCC?GACTCTGTGTcTAGTACC.....t?tAGAT?CAACGTAtCCcCTGTTGAA	567
HPV30	..-----C-----CTC---C-----	633
HPV53	..-----C-----C-----T---C-----T-----	633
HPV56	..-----T-----G---A-----	634
HPV66	..---C---T-----G---A-----C-----G	633
GroupA7.con	...?ATTGT??TGACTCTATGTgCAGTACC.....AGTGACGacaCgGTA?CC?CTACT?Ag	559
HPV18	..G---AA-----T--G---C--	648
HPV45	..G---AA-----T--G---C--	654
HPV39	..C---CC-----GAT---C--A---G-A	651
HPV70	..C---CC-----A-----A---C---A---G--	651
HPV59	..G---TA-----GCAA---T--A---G--GGA	648
HPV59*	..G---TA-----GCAA---T--A---G--GGA	648
GroupA8.con	...TGTTCCTCTAGTACT?TCGA??????.....GG?CTACCCATTGTTG?G	564
HPV7	..-----G---A-----G-----C--	618
HPV40	..-----A---GGAACAC.....A-----A--	624
GroupA9.con	...gttTgTcCTgcaTCTgTatcTAGc.....?????????g?aacgAA?TatCCacT?cTgaa	566
HPV16	..T-A-----A-----G-T-----A-C-----G-----T--C-----	627
HPV35h	..-----A-----T-----A-C-CA--C-----G-----	630
HPV31	..---T---A-----T-----A-TG---A-----TT-G---GG	627
HPV52	..-----T-----G-----A-----	624
HPV33	..-----A-G--A-----C--A-----A-----	624
HPV58	..--A---A---A---C---T.....G-TC--A---A-----A-----	624
RhPV1	..CA--A-T--AC---G-----GCTACCCACT-CG--A--C--C---GT---	657
GroupA10.con	...TGTTCCTCTGCATCTgTATCTAGtACTgt?.....CaAGAAgTATCCATTgCTGgg	601
HPV6b	..-----C---ACA.....C---AA	630
HPV11	..-----C---A.....G-----AA	630
HPV44	..-----A-----G-----C-----	630
HPV55	..-----A-----G-----C-----	630
HPV13	..-----A-----	630
PCPV1	..-----G-----	630
GroupA11.con	...TGTTTTGCT...CCTGTATTTAGC.....CCGTGTGAAGTATCCACTCCTGAA	630
HPV34	..-----	630

E2 Nucleotide Alignment

SuperB.con	????????c????????????g????g????????????g????????????????????	674
GroupB1.con	????????c????????????g?atc?g?tc????????g??g?????c?????????a	724
HPV19-TTTCGTCTAACCGGC---AC-A--C...AAATCCA-AA-AAAGGCCT-CACCACT...AG-	903
HPV25	...GAATCT-AGTCGTCTAAGCGGC---AA-A--C...AGATCCA-AA-AAAAACCT-AGCCACC...AG-	942
HPV20CGG-ACCGGTCTCGGTCTC-G--TC-G--TGAATCGCCGC-CC-GCGGTCTCGGTACCGATCACG-	906
HPV21CGATCCCGATCCCGGTCCC---CC-G--CTATTCCTCCCGTCCC-GTCTCAAT-GTCTGACCAGCCG	909
HPV14d	...GAG...-GGCGGTCTCGGTACC---AA-A--C...AGATCCA-ACAAAAA.....	921
HPV5	ACCAAGACT-GGGCCTTACAAGCA---GC-A--C.....AGAG-AA-GTCCCAA-CACCTGC...AG-	963
HPV36	TCCCCGTCTG-TGCCAAGACTGGGGTCCAGC-GGTATCAACCAGATCAC-ATCCAGAAGCACCTCTAGAAGG	963
HPV47	AACAAGACT-GTGCTCGT...TCCA-G--AA-G--C...ACCTCCA-ATCTACCAGCA-CACCAGT...AG-	957
HPV12	TCGGTACACA-AGATTAGGAACCGGA-G--GC-A--GCAATCCAGAG-AA-G...GGGGTTCGAGGG...TC-	951
HPV8	ACCAAGGCAGTTCGGCCCCGTCCA---GC-A--C.....AGAG-AC-GGCTACAG-CACCTCTAGGCG-	957
HPV24	AGGGGAAGGGGAGTAGAAGGTCAATCC--CTCC--CTCCCCACCCCA-ACCCTAAG-CTCACAACGGGG-	1029
HPV15	CGACGA.....	881
HPV17	AGACGA.....	861
HPV37	TCCAGTTCC-CCGACAGGGGAAGGG--GGGA-AAGTAGAGGGGGCCCGAGACACGAT-CCAATCAAGTCC	966
HPV9	AGACGA.....	888
HPV22	GCAGATCC-CAGGCGGGGAGGGA--GGTG-AGGGGGCCCTCACCA-GTCCCGCT-AAGGTTCGCGATCC	936
HPV23	TCAAAATCC-CCCGCGGGGAGGGA--AGTG-AGGGGGCCCTCACCC-CTCCAGAT-AAGATCCAGATC-	927
HPV38	CCCACCAGGGGAAGGAGAAGGGGAG--GGGACAGCAGAAGGCGGG-GCCGGTACCCGCTCGAGATCAAG-	948
HPV49ACTTCCA-AG-A.....	945
GroupB2.con	??ag?a??aa?a?c??	684
HPV4	CG--A-GG--A-T-A.....	792
HPV65	CG-CA-AG--A-T-A.....	792
HPV48	TCT-C-CC--CTC-TTCGGAAGTGGGATCAAGATCTACA.....	885
HPV50	840
HPV60	GA--TCGACCG-CAGAGTCCCGTGGGG.....	870
SuperC.con	ctG??aaaggcg?G?tt????t?c??	724
GroupC1.con	CTG?T?AAGGC?GGA??TTCATGC.....	926
BPV1	---T-A-----A---GGG-----.....	981
BPV2	---C-G-----G---CAA-----.....	984
GroupC2.con	??G?AA????GCGGTT?AGC?T??T??	642
EEPV	AA-G--CCTGA-----C---A-TC-CTCAAAA.....	981
DPV	CC-A--GAACC-----T---C-AT-TGGCTCT.....	984
SuperD.con	900
BPV4	900
SuperE.con	629
HPV41	798
COPV	861
CRPV	885
ROPV	514
GroupE1.con	499
HPV1a	790
HPV63	789
Unclass.con	GGGGGGCACGAACCCCGTCCCCAGAGACGACTGCCAGAGGCCAAGAGACCGCGGAGAGCGTGCACCCGAA	1032
MnPV	-----	1032

E2 Nucleotide Alignment

SuperA.con	acTgct????????????????????????????????c?cc?cc?c?cca?c?ccacc?c? ??????cc?tg	539
HPV54	-----GAACACACCAGACCAGCCAATTCACACCACGTA--GACAA-TC-A-A-AAG-AATCCCGTG-AC-	714
GroupA1.con	?TACT?A?TTGGTACAA???.?????ACCAC??ACC?AT??ACACCACA???. . . ?????AC?	585
HPV32	CT---G-A-----CG---T--ACA-----CCT...ACACCC--A	696
HPV42	TC---A-G-----CAA.....GTGTGC---AA--C--TGC-----G	696
GroupA2.con	CCTcTgT?C?CctgtaaCacC.....??acccaagCG?CcACCCaAGCCc?GgTG	651
HPV3	-----A-G-----C-----C-----A-----	684
HPV28	---T--G-A-G--G--G-----A-G---T-G--G--A--TC---	687
HPV10	---G--G-A-A-----C---T-----A---	687
HPV29	----A-A-G--CCC--A-.....ACC---GCT--C-----C-T--	690
GroupA3.con	ACTGCT...GGACACCTGCGG.....GACAACACCACACAGACCACCACCACCCCGTGCCTG	711
HPV61	-----G-----G-----G-----G-----G-----	711
GroupA4.con	?cTGCTGtatCCcCAGTCcCAGCCcCAGcc?CAGCc?CA?CAGcA??aacagga?ca????????GctCCG	712
HPV2a	A-----T-G-----T-G--A-TC-----G--GGAAGAGCA-----	729
HPV27	CT-----AT--AG--T--AG-----A-----	720
HPV57	T-----CGG--G-----A-----A-----A-----TC---	708
GroupA5.con	ACTG?TGA?C?A?TATCA.....AAC?CC?C?AC??A??CC??CC?C?C?G?G?GTG	481
HPV26	---C--G-C-G-----G--A-C--CCAG-CCA--GAAG--TA-GTGCCC---	693
HPV51	---T--A-A-C-----A--C-A--GACC-ATC--CTTA--AC-TGC...---	684
GroupA6.con	ACTGT?TaaCGAATAcACacC.....cacaagacca??a?cACCcCC?CCACcTcc????GTG	617
HPV30	-----GT-----T---C---TATCAA-----A-----ACGCC---	693
HPV53	-----T--T-----CAT-AG-----A-----ACGCC---	684
HPV56	-----CC-C---A--T---G-----	688
HPV66	-----A-----G-----CC-C---G--T-----TT.....---	687
GroupA7.con	cTT??Taca?A?cTAcAA.....cACaCCaCC?Cg?C?cattCCacc?C?...ca?CC???	599
HPV18	---GT--A-C-G-----G-----C--T-AC-GT-----G-A-C...GTGT--GTG	702
HPV45	A--GT--G-C-G-----G--T--A--T-GACCC---AAA-C...G--T--GTG	708
HPV39	---AC--CG-AT--TC.....A-----G--A-C-----G-A...A--A--CCA	705
HPV70	---AC-G--G-A-----C-----C--G-C---A--G--G-A...A--A--CCA	705
HPV59	TC-TC-GAGC-A--TC.....T--C--T--G-AA-G-CCC--GAAG-C...A-GTA-TTG	702
HPV59*	TC-TC-GAGC-A--TC.....T--C--T--G-AA-G-CCC--GAAG-C...A-GTA-TTG	702
GroupA8.con	?CTG?TGAC??CAGA??C??CC?C?GCCACCGAC?CC?CCGACGCC?CC????????????????	600
HPV7	C--T---AT---. . .-ATC--G-G-----G--A-----A--AAGGTGCACGACGCCCTAC	687
HPV40	A--C---GC---CCC-CGA--A-T-----A--C-----C-----	675
GroupA9.con	AtTgcTa?cca?ct????????????cc?a?aaC?cc?cc?????a?accaa?gc?????c?cc?tg	601
HPV16	---AT--GG--G-ACTTG.....G--A-CC--C--G--GCGACCC-T-----A--C...GT-G--T--	687
HPV35h	-----CA--G--ACAC.....G--T-C---A--A--GAGACCC-T-----A--C...TG-T--G--	690
HPV31	---T--CAA-G--ACCAACA.....G--A-C---A--A--ACATCGA-TT---AA-C...TG-G--T--	690
HPV52	-C---GT---C--ATGC.....A--G-A-C-T--.....A-G---TCC--A...GTGT--G--	675
HPV33	-C---GA-ATA-AGACAGAC.....AA-G-T--CGAC-A.....	660
HPV58	-C---GA--CAAAGACC.....A--G-GGC-A-----A--C-AA...AGTA-ACA-	672
RhPV1	---T--G-GGA--GCAACACATCAACC-ATCACC-C--C--GCCAACC-C-G-GCCAAGGAAAA-GTGTG-	729
GroupA10.con	cCT?CT.....?????CataCtCC?CcaCcaccaccaCc?????caggcctcc	637
HPV6b	T--A-----A-----A--C--G-ACAG---T-----	660
HPV11	---A-----A-----A--C--G-ACAG-----G--	663
HPV44	---G-----TCACACT--C-C---T-----CTTGCA-----A	681
HPV55	---G-----TCACACA-C-C---T-----CTTGCA-----A	681
HPV13	---G-----T-----A-----T-----A-----	669
PCPV1	---A-----T--C-----A-A-----CTTG-A.....A--	669
GroupA11.con	ATTGTTAGACCCTGCAC.....ACAAGCAACAGCAGCAACGCA...CAGGACCGG	678
HPV34	-----G-----G-----G-----G-----G-----	678

E2 Nucleotide Alignment

SuperB.con	??	674
	5' sj for HPV8 \/ ??????g??	728
GroupB1.con		
HPV19	GGGAGAG-TCGAGGGTCACCCACCGCCACC...AGTGACCAATCTCCAGGT-AC-CT-AGCCACTTCC...	969
HPV25	GGGAGAG-TCCAGGGTCACCCACAACCACCACCAAGTACCGAGCCGCAAGGT-AC-TT-CACCACCTCC...	1011
HPV20	TCCGGATCCAGAGGGAGAGTCGCCCTCCGGCCATTACCACCACCACACAA-CA-CA-CAGACGGGCAGGT	978
HPV21	CAATACC-ATTCAGATCCGGAGGGCAAGTGTCCCTCATCTACTACCGCCACCA-CA-CA-CACCACCGCAACC	981
HPV14d	.GAGT-TCCAGAATC...ACAACCACCACCAGAGGGAGAGGTCGAGGGT-AT-CT-CACCTCTCC...	984
HPV5	AGGGGAG-TGGAAGGTCACCCAGGCGG.....CGATCA...AGGT-AC-CT-CACCTCTCC...	1017
HPV36	GGAGGTA-A.....AGGCGG.....AGGTCA...CGGT-AC-AT-CACCTCTCTCC	1008
HPV47	AGGGGAG-TAGAGGGTCATCCACAAGGCAA.....AGATCG...CGAT-AC-CT-CACCTACACC...	1014
HPV12	TCCACCGACACCACCACCTAAGCGGCGG.....AGATCC...AGAT-AT-CT-CTCCAAC.....	1002
HPV8	AGGGCAG-TCGAGGGTCACCCAGG.....CGACGG...CGAT-AA-CT-AAGGTCACCCTCC	1011
HPV24	TGCGACACACGG.....	1041
HPV15	881
HPV17	861
HPV37	CTCTCAC-ATCCCAGTTCGCGGTCGCGATCCAGAGGG.....	1002
HPV9	888
HPV22	CGTACAC-AGAG.....	948
HPV23	CCA.....GAG.....	933
HPV38	TCCCTCTCACGAGCC.....	963
HPV49TCCAGA...GGGTCCGAGGAT-TGTCA-AACCTCCAGAGAT	984
GroupB2.con	684
HPV4	792
HPV65	792
HPV48	885
HPV50	840
HPV60	870
SuperC.con	724
GroupC1.con	926
BPV1	981
BPV2	984
GroupC2.con	642
EEPV	981
DPV	984
SuperD.con	900
BPV4	900
SuperE.con	629
HPV41	798
COPV	861
CRPV	885
ROPV	514
GroupE1.con	499
HPV1a	790
HPV63	789
Unclass.con	AGGAGGAGACCCCCAGTTCAGGAGGGGAGGAGGACGTGGACGGCGTAGGGCCCTTGCTGGACGACCTGAAG	1104
MnPV	-----	1104

E2 Nucleotide Alignment

SuperA.con	ggc?c????a??	544
HPV54	CCG.....	717
GroupA1.con	?CCAT????????AAC??C?AC?CAGAC?G?ACAGACGGAA?A??ATACAA?G??CCCA?CC?ACC?C?	629
HPV32	A---CACAAAGGAGT---TG-G--C-----G-C-----T-TT-----A-AC---C--CG---A-C	768
HPV42	T---T.....GAC---CA-C--G----T-T-----C-GC-----C-TG---T--AA---T-A	762
GroupA2.con	GGcgCgtccGA?GGACcGgA?CaaAA?CGACagcGaCTcGAg?C?gTCgacggg????????????????	700
HPV3	-----A-----A-----G-----G-----A-G--T-----	738
HPV28	-----A---A-----C-G-----A-----A-AC--A--T--GAGCAGCAGCAGCGACAG	759
HPV10	-----G-----A-----G-----G-G-----A.....	741
HPV29	--GC-TGAG--G---A--A-GG--A---GCA-G--T--AG-A---GGCCTGGGCCACAGCAGCAGCAG	762
GroupA3.con	GGCCCCACCCAGACATCCACCTCGGTGCAGACGCCGCCCTCAT.....	753
HPV61	-----	753
GroupA4.con	CCCACacac??G?tgtgCtCCGCCCaGGCGCCA?CGAGT.....	747
HPV2a	----C--AGC-T-----A-----	768
HPV27	----A--TT-C---A-----C-----C-----	759
HPV57	----T-CA-...GA-----T-----	744
GroupA5.con	GGC?CCAA?GAA?CC?AG?C?C?A?A?C?A???	501
HPV26	---A---G---A---G---G---C---T---C---GGA.....	726
HPV51	---G---A---G---C---A---A---C---G---G.....	714
GroupA6.con	GGC?cCcA?GA?GCCgC??aTCCcac?G?CC?GGA.....	644
HPV30	---G---A-C--A---GTCC---GCAC-G--G---	729
HPV53	---A--T-C--A---T-ATC-----TGC-G--G---	720
HPV56	---AA--A--C---AGT-----A-A-A---	724
HPV66	---G---A--C---GGT-----A-A-A---	723
GroupA7.con	?GCACCc?AAAa.....aCc??atcc?GaCGcCG?CT??t.....	626
HPV18	G----GC---G.....TACGG--A---T--G--GC---	738
HPV45	G-----C-----C--CAC---A-----G--AC-	744
HPV39	T-----A-----A.....C-C-----T--CGA.....	738
HPV70	T----AA-----T...AGTC-G---T--TGC.....	738
HPV59	G--C---A--CG.....TGGAACCGT-A---AA-A--GGA.....	738
HPV59*	G--C---A--CG.....TGGAACCGT-A---AA-A--GGA.....	738
GroupA8.con	??????CC?C??CGACCACC?AA?????C??C??C??CCA?GCA.....	622
HPV7	GCCCTGC--G-GT-----A--GTATA-AA-GA-AG--C---	732
HPV40G--A-AG-----G--ACGGT--GG-CC-GC--G---	714
GroupA9.con	gg?acc???gaa????????????????????????????????ca??c??c????a?.....	614
HPV16	--C---GAA-----ACA--GA-GA-TATCC-G.....	717
HPV35h	--C---ACA-----ACC--GAAGA-AAATC-C.....	720
HPV31	--C---AGT---GGTGTGCGG.....CGGGCGA-GA-GTCTACT.....	729
HPV52	--TG---AAA--CACACAC.....CTA--AC-AC-ACAGA-A.....	711
HPV33CCA--AG-AG-GGCCA-A.....	678
HPV58	--G--A.....	678
RhPV1	TCAT-GCCT-C-AAGCGAGTGCCTCGGTGCGTCACTCAGGTGGA.....	771
GroupA10.con	?ccgcagTGtCctccagCaCCacgGAaGAc?gcGTGcaagCG.....	677
HPV6b	A--CTT-----A-----A-----GCA-----A---	702
HPV11	C-TA-----G--T-----G-----TCG---	705
HPV44	T--A--C--C--ATTG-----G-C--G--T-----G-C---	723
HPV55	C-T---C--C--A--T-----T-C--G--AC-----G-CC---	723
HPV13	A-----G--T-----G--T-----AT-T-----	711
PCPV1	TG-----A---T-G---A-----TA-T-----	711
GroupA11.con	GGTGTGCCAACA.....	690
HPV34	-----	690

E2 Nucleotide Alignment

SuperB.con	??	674
GroupB1.con	??	728
HPV19	TCCACAACCTCCTTGCGATCAAGAGGGAGCAGCAGGGTCGGGCGCAGCAGGGGGGGCGCAGC.....	1032
HPV25	TCTGCCACCTCCCAACGGTCACAACGATCGCGATCC.....	1047
HPV20	GGAGGGTCACCCACCTCCACCTCCTCCACCACCTCACAACGGTCGCGACAGCTGCGGGGAGGGGGCCGTGGG	1050
HPV21	AACTACTCCACCAGAGGGTCAGGGCGAGGGTCATCCTCCACCTCCTCCTCCACCTCCAAACGGCCACGACGG	1053
HPV14d	...AAACGGTCACAACGGGCACGAGGAAGG.....	1011
HPV5	TCCTGCACCACACAACGGTCACAGCGGGCAGAGCCGAAAGTTCAACAACCAGAGGGGCCCGAGGGTCGAGA	1089
HPV36	ACCACCACCACCAACAAACGGTCACGAGTGCGGGCCGAAACCACAGGGTCCAGAGGGCGCGAGGGGGTAGA	1080
HPV47TCAAAACGGTCACGG.....GAAGGAAACACAAGGGGCAGAGGG...AGGGGGAGACAA	1065
HPV12ACCAGAAAACGGTCACAACGGGGAGAA.....AGA	1032
HPV8	ACCAACACCTTCAAAACGGTCACAACGGGGAGGA.....GGGAGA	1050
HPV24	1041
HPV15	881
HPV17GAACGCTCCTAC	873
HPV37	1002
HPV9GGAAGGTCCTCC	900
HPV22	948
HPV23	933
HPV38	963
HPV49	984
GroupB2.con??????????	684
HPV4GGGCCCGGG	801
HPV65GGGCCCGGG	801
HPV48	885
HPV50	840
HPV60	870
SuperC.con	724
GroupC1.con	926
BPV1	981
BPV2	984
GroupC2.con	642
EEPV	981
DPV	984
SuperD.con	900
BPV4	900
SuperE.con????????????????????????????????	629
HPV41	798
COPV	861
CRPV	885
ROPV	514
GroupE1.con????????????????????????????????	499
HPV1aGATCCAGAAGTCCCAGAGGTGGA	813
HPV63	789
Unclass.con	CTGTACCAAGAACCACCTGGAGACCCAGTGGAGGACTCGGACTCCCCAGGCAGTCGCTTACCCCCGCCCGG	1176
MnPV	-----	1176

E2 Nucleotide Alignment

SuperA.con	????????????aa?cgac??cga????????????c????c????c????????????	556
HPV54CCGCCTAGA--A---GCTA--.....	738
GroupA1.conCCGCC?CGAAAACGATAC?GACAGT?T??CAG?C?CCA?CA?AGCACCTGCAGCACT????????	677
HPV32-----G-----C-----C-TTG---C-A---A-A-----AC.....	828
HPV42-----A-----A-----G-GGA---T-G---T-C-----CAAACCC	828
GroupA2.con	?????????accagcagcagcaacagca?cagca?cagc?aca?????????acccaagcctcc?????	743
HPV3G-G-----G-----A---A---GCAACAACAT---A-C--GCCCCG	801
HPV28	TACCCCAAAC--CCTCCAC---ACCACT.....	789
HPV10-----C-----G---G---A.....GGGT--A---AT---ACCCAG	783
HPV29	CAGCAGCAGC-----G-----A---ACC-C-ACC--CACCCCTCC--G-----GT.....	828
GroupA3.conAAGCGACAGCGACTCCACAGAGACAGAGAGCAGCAGCCCGACACAACACAAAAGAC	810
HPV61	810
GroupA4.conCCGCCgGCCAAGCGCCAGCGg.....GTCATCGTCGGACAGCAGcatC?cCgGCCCGAC	800
HPV2a-----T.....C-----	822
HPV27-----T-----	813
HPV57-----AC-----TGG-AA-A-----	798
GroupA5.conAA?CGAC??CGACT?A?TG??CC?GAC?CC?CC??A?C?C????????????	527
HPV26-G---GA---C-G---GA---T---A---A-GTC-C-A-AGTCACCACTGTCACC	783
HPV51-A---AG---T-C---AG-C---T---T-ACA-T-T-C.....	756
GroupA6.conAAACG?CCcAGAac?a?aGA??C?GA?agT??GACTCC?CCAgA?AGTCC??gC?	685
HPV30-----T-T-----C-C---GC-C---C---ACA---A-A---C-----GCT--C	786
HPV53-----T-----C-C---GC-C---C---ACT-----A---C---ACTA-C	777
HPV56-----A-----CTACGG--AT-A---ATT-. . .-----T---G---CAC--A	778
HPV66-----A-----G-A-GT--AT-A---ACC-. . .-----T---G---TAC--A	777
GroupA7.conAagcgacct?gacagTGTGgA?TCaCagagc??c??A?.....	657
HPV18-CA-----G---C-----C--G-G---AAG-AGC-T.....	777
HPV45-----A-----C-----AG-ACC-C.....	783
HPV39-----C-----C-G-----CCACTG-G.....	777
HPV70-----G--T-CAGA-CCTCAG-A.....	765
HPV59-----AA-----TA-----C---AC-CTC-G.....	777
HPV59*-----AA-----TA-----C---AC-CTC-G.....	777
GroupA8.conCCGCC?GAAAGCGA.....?G?AGA?ACGGA?AC?TG?CCATC??A?T?C?	657
HPV7-----C-----A-G---G---G---T-T-----G-G-A	777
HPV40-----A-----C-A---A---C---C---ACC-C-A-T	762
GroupA9.con?????acgac?ac?a??g??cagac?ccaga?acacc??c???.?acccc	644
HPV16-----C-AG-TCA-AGC-----A-G-A-C-TG-.C--A--	759
HPV35hAA----TT-G-GGG-GTA-C--GCT-.C--TA-.A----	759
HPV31AAG----C-AG-ACA-AGC---GCA---A---CA-.C-----	774
HPV52CG----G--C-GAC-TCA----T----A---AAG.T-----	756
HPV33CG----G--CT.G----A---C-G-----GC-CAG.CC--TT	720
HPV58AAGCG----G--TCGATTTAC----T----G--A-AC-CAG.T--T--	729
RhPV1	771
GroupA10.conCCGCcttgtAAaCGAccaCGAGGAccc?ccc??tccacta?cAAcgcCc?g.aac	726
HPV6b-A-G-----G-----GT-CAA-AG---C-TG-----TT.....	753
HPV11-----A-G-G---G---T---G.-----A---A---T.....	750
HPV44-----A-----C-----C--ACAAA---C-A-----AGA.	777
HPV55-----A-----C-----A--ACAAA---C-A-----AG-.G--	777
HPV13-----A-----TT-A-GTC---T-GGA---C---A. . . AACACACAA-G-	774
PCPV1-----C-A-----TT-----T---AC-GTG--CGA--ACT--AA. . AACACCTCT--	774
GroupA11.conCGGAAACGGCATAGACAGTGTGACCCAGAC.	720
HPV34	720

E2 Nucleotide Alignment

SuperB.con	????????????????c????g??g?????????ga?g??g??g????????????????????.....	682
GroupB1.con	????????g?????g????c?g??gggg??g?????g?ga?g??g??g????????????.....	743
HPV19A-GGTCG-GCG-A-TA----GA-AGGGAAC--TCCA-AGAG.....	1074
HPV25A-GGCAG-GAG-A-CA----GG-CCGCGCA-GG-CG-GA-ACGACGACAC.....	1098
HPV20	GGGAGCA-ACAAA-AGCA.....AG-G--A-GC-ATCATCA.....	1086
HPV21	CCACGAG-AGGGGCCATTG-AG--A-CA-TGGGAG-G-GA-AC-GTCATCC.....	1104
HPV14dG-CCGTG-GGGGA-CA----GA-ACGG.....	1038
HPV5	GGGTCAC-AGGAG-GAG-C-TG----GA-AGGGCG-C--C-AG-AA-GTCA.....	1140
HPV36	GGGGCCA-GGGTG-GAG-G-TG----G.....CG-C--C-AG-AC-ATCA.....	1125
HPV47	GGG...A-AGCAG-GAG-A-TG----GA-AGAGCA-C--C-GA-AA-GAGA.....	1113
HPV12	GGACGGG-AGAAA-GGG-G-TA----G.....AA-C--C-AGACC-A.....	1074
HPV8	CGGGGAA-AGGAA-GGG-A-TA----G.....A--C-GGAAC-A.....	1089
HPV24	1041
HPV15	TCCCGAGAAACCTCCAT-TCCCCC-CCT-GGGAAG-G--G-GA-AA-TAGAAGG.....	935
HPV17	TCCCGAGACTCCTCAAGATCCCCCAACA-GGGAAG-G--G-GA-CA-T...GGG.....	924
HPV37	1002
HPV9	TCCGCAGACTCCACTAC-CCCACC-ACA-GCGAAG-G--A-GG-AG-TGGAAGG.....	954
HPV22	948
HPV23	933
HPV38	963
HPV49	TCCAGCCCCAAGA-AAC-C-CA----CA-AGGGAG-G--G-GA-AA-TAGAAGG.....	1038
GroupB2.con	??.....	684
HPV4	TCAGGAGAAACCCCGCAAAAGAAGAAGAGGAGGAGGAAGAGGAGGAGAGACCGAATTGGGA.....	867
HPV65	CCAGGAGAGACCCCGAGCAAAAGAAGAAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGAGACCGATTGGAG.....	867
HPV48	885
HPV50	840
HPV60	870
SuperC.con	724
GroupC1.con	926
BPV1	981
BPV2	984
GroupC2.con	642
EEPV	981
DPV	984
SuperD.con	900
BPV4	900
SuperE.con	??.....	629
HPV41AGAGGAAACGGAGGATCG.....	816
COPV	861
CRPV	885
ROPV	514
GroupE1.con	????????????????????????????????CT??GAC????GA????????????????????.....	506
HPV1a	GGACGAAGAGAAGGAGAATCAACGCCCT--AG--ACCCG--.....	855
HPV63--CA--GAGGA--AGGAGAATCGGCCAGAGCCTCTGCCGGTAG.....	833
Unclass.con	CCAGACCTATCTCGGTACGACTCTACCCGGTTACAGGTGGACGCGGAGAGCAGCCCTCCTAGGACACCCAGA.....	1248
MnPV	-----	1248

E2 Nucleotide Alignment

SuperA.con	????????????????????g???ccgtggacagt???a?caac????????????????????	573
HPV54GTCTACAGCACAGACCAGCAACCAC----CACCTCAG--CCCCTGGGCTGTGACAACGACAGGCAC	804
GroupA1.con	?????????GC?TC?C?A?CG?A?CCGTGGACCC?GGAT?G???GG.....GTC	706
HPV32G--G--A-A-A--T-C-----C---C-CAAA-----	870
HPV42	AGCATCCCCA--A--C-C-G--C-T-----T---T-TGTG-----	879
GroupA2.con	?????????GaACGAgC?gGT??ACcAgTGGACagT?acAGGACCcGg.....	778
HPV3	CAAACCACT-----AC--CA--T-----C-G-----	849
HPV28AA--CA--C-----GT-ACA-----A-C.....	828
HPV10	AAGGCCGCG-----G--GG--A-----G-----	831
HPV29-C---A-G--GG-----A-----	867
GroupA3.con	AACCACAAGCGGGTGGACAGTACTGACCAGTGGATCAACGGTCACCGTAACAGCACAGAAACAGGGGACAAC	882
HPV61	-----	882
GroupA4.con	TCTACGCGaAcGGTCgGAGAgGGGcAaGTGGAGTGTtAcaACaA?aGGAGCATCaGTaAC?CTaAC.....	864
HPV2a	-----G-----GC-----G--T-----	888
HPV27	-----G--A-----A-----	879
HPV57	-----G-A---A---A---G-----C-A--G-C-----C---C-G-----	864
GroupA5.con	????????????????????AC?GTC?GTGGAC?ATACAAACAAC.....?A??TA	552
HPV26	ACAGCTGCCACACAGCCCGG--A--A-----T-----A-CC--	834
HPV51CC--T--C-----A-----C-AA--	789
GroupA6.con	?????????gAgT??g?C?CA?????acagacacaaACatc?gcaACaCa?aCAAcaccaacAgtAgA??t	734
HPV30	AGA.....-CCCA-G--.....-CGTGT-----A-----A---AC---CAG	837
HPV53	ACAGCCAGA---CCTA-G--GAGTGTGTC-CA-GG---CAGA-----A-----A--C---A-A-CAC	849
HPV56A--GT-T-A--.....-C-----C-----A--G---G---T---G-----AG-	835
HPV66C-C-GT-T-A--.....-G-----A-T---ACGC-----AG-	828
GroupA7.con????????????cgTGGACct?????tcAac?cactcctca????????????????	680
HPV18T-----G-----C---T---GGTGCA.....GCT	810
HPV45-G...G---A-C-A-G-GCACAACCCGCTCCTGTGT	822
HPV39CCCGACGGAGTGTTC-C-----ATCTTAA---C-----A--GT.....	822
HPV70ACAGACGGAGTGT---TGTTACA-GTAA-GG-TG--AC.....	810
HPV59TCTACCAGCGTGTCA-----TAC.....TGTGACAACCCAGTCGTCCGT	822
HPV59*TCTACCAGCGTGTCA-----TAC.....TGTGACAACCCAGTCGTCCGT	822
GroupA8.con	GTGG?C??AT????GGA?GA?A?TACGTGGACACTG?A?ACAGA?CACGC?CGCCTGA??TGAA.....	705
HPV7	---A-GG--GTAGT--A--A-A-----G-A---G---T-----TAT---.....	843
HPV40	---G-AA--CACTC--G--G-G-----C-G---A---A-----CCC-----	828
GroupA9.con	ac?aag?t?ttgcg??a????cgCcgTGGACagTa??aca?g?gg?.....??????tc	678
HPV16	--T--T-G---ACAG...GA-T-A-----GCTC-----A--	801
HPV35h	--C---CGAG---ACTC...AGT-----GTTGACA-A-G.....G--	807
HPV31	-AC--T-G---AGGC...GA-T-----GTC-ACT-T--G.....G-T	822
HPV52	-AC--CC-T---GGG-CAACAAT-----CT--C-G--A.....C--	807
HPV33	--A--C-G--CT-TGC-GACCC---T-----A--GA--GCAC-T.....	768
HPV58	--A---...TATAC-GACTG-----GAC--C-A-A.....GGAGGAC-A	780
RhPV1GATCC-GTGCGG---T---G---AA-GCC-GTCA.....G--	810
GroupA10.con	a??gt?tGTGtcaca?ACagcg??tCCgTGGACAGT?cAAaCaACAaC.....atC	770
HPV6bGG-CC---TT-GAC-----GG---C-----C--	798
HPV11-GG-CA---T-AGA-----A---T-----	795
HPV44	-CC--C-----G-A-----AC-----A-----	828
HPV55	-CC--CA-----CG-C-----AC-----A-----	828
HPV13	-TT--G-----G--TA--ACA--C-----G-----	825
PCPV1	-TT--G---C---GG--C-T-GAA--T-----GA-----T.....-A-	825
GroupA11.conGAGGGGCCCTTGGACTTTGTACATAACCTA.....CAGCCCAACA	762
HPV34	-----	762

E2 Nucleotide Alignment

SuperB.con???tc????tccc??cc?????aa?	692
GroupB1.con?????????????????????????????????????tc????tcc?cctcccc?cc????c?aaa	762
HPV19--AC-A-----A--AACA-C---	1098
HPV25AGATTG--TGAA-----A-...T-C-G	1125
HPV20--A-----A--CCCT-A---	1110
HPV21--A-----AG-CCCT-C---	1128
HPV14d--ATCC--A-----A--TCCT-C---	1068
HPV5--CTCC--T-----G-CAC...---	1167
HPV36--CTCC--A-----G-CAC...---	1152
HPV47--ATTC--AA-----TGA-TCCT-C---	1143
HPV12--ATCC--A-----A--CCA...---	1101
HPV8--ATCC--A-----A--CCCA-C---	1119
HPV24	1041
HPV15GGGCCACAACAAGGTCCCAATCGAAG--CCTC--ACGA---GAT--CGAT-C--G	992
HPV17GGGCCACAACACGGTCCCAGTCGCGG--CCTC--CGA---GAT-GCGGT-ACG-	981
HPV37	1002
HPV9GGGCCACGACCAGTCCCAGTCCCCT--CCGT--CG----A-T--CGGT-GCGG	1011
HPV22	948
HPV23	933
HPV38	963
HPV49--ACCCA--C--A--T--A--...AGT---	1065
GroupB2.con	684
HPV4	867
HPV65	867
HPV48	885
HPV50	840
HPV60	870
SuperC.con	724
GroupC1.con	926
BPV1	981
BPV2	984
GroupC2.con	642
EEPV	981
DPV	984
SuperD.con	900
BPV4	900
SuperE.con	??????????????...	629
HPV41	816
COPV	861
CRPV	885
ROPV	514
GroupE1.con	??????????????...	506
HPV1a	855
HPV63	TGGAGAACGGGTG.....	846
Unclass.con	CCGGCCCCACTCTCGTGGCAGAGTGCACCTCTGGGAGACCTTCTCCGCAGACTGGAAGCGGACAGCAAGCA	1320
MnPV	-----	1320

E2 Nucleotide Alignment

SuperA.con	??c??t????t????gca??aaciaa??gacgg?ac??c?gt????t?a??ctac?.....	600
HPV54	AT-AG-GACGA-AACAA--AG---C-AG-----C--ACAA--AGTGG-G-CA---A.....	861
GroupA1.con	A?A?CT?ACA?T???AAC??TAAC?AGCGACGGAACC??TGTGGAA?TCAG?CTACG.....	749
HPV32	-C-T--G---A-. . . --AA----C-----CG-----A---A-----.....	924
HPV42	-G-A--A--G-GAA--TG---A-----AC-----G---G-----.....	936
GroupA2.con	gactGTGACaCTAca?GTccAcACcCCgtC?GGCacCcAAGTGacCCTGACTGTGca.....	833
HPV3	---C-----GT-----A--G---T-G-----TG.....	906
HPV28	-----T-----T-A-----G-----.....	885
HPV10	TTG-----G-A--G-----C-----.....	888
HPV29	-----T-----A--A-A-----TA-C-----T-----.....	924
GroupA3.con	TGTGACAGTTACAGTTCA.....	900
HPV61	-----.....	900
GroupA4.conaGCACAGacCCCcGGtGGGgCCACgGTGACacTGAC?CTGTG.....	905
HPV2aC-----A-----T-----.....	930
HPV27-CT-----A-----A-----.....	921
HPV57-C-----A-----CT-----G-----.....	906
GroupA5.con	CAC?GT??AAGTGGa?GC??T?AC?C?GGA?GG?AC??AGT????CA?ACTG?G.....	587
HPV26	---A--AC-----G--CA-C--C-G--A--G--ACG--AGTGAC--A---T-----.....	891
HPV51	---T--GG-----A--AC-A--A-T---G--C--CAA--GCAACT--G---C-----.....	846
GroupA6.con	?????????????acatGTa?CAACAc?gAaatC?AC?gTGGT?ATAA?ACTaC?.....	769
HPV30	TGCCCTGGTGGAGCT-----TA-----A--G--G--G-----T---A---A.....	894
HPV53	CTCCCTGGTGGAGCTT-G---A-----C-----G--A-----T---G---G-A.....	906
HPV56-G-A--T---ACA-C-A-C--CC---G---G---G.....	877
HPV66C-C---T---AC---G-C--T---G---A---G.....	870
GroupA7.con	acaagtacaggcaac.....aacAaAaGAcGGaA?ct?tGT?GTGGTaACACTACg.....	728
HPV18	---CC-----A-----A-C---A-----.....	861
HPV45	T-----A-T---.....-A---AG-G--A-----.....	873
HPV39	-AC-----C-.....-C-----T-C--CA--T-----.....	873
HPV70-C---C-AG--T---G-----A.....	843
HPV59	TTGCA-C-----CCGC-----C-CA-CCC-T-CA-----.....	873
HPV59*	TTGCA-C-----CCGC-----C-CA-CCC-T-CA-----.....	873
GroupA8.conAGCAACAAC????CAGGAAC?GTGGTGGAGGT??TTCTACA.....	739
HPV7-AAAAT-----A-----CA-----.....	885
HPV40GGGCA-----T-----TC-----.....	870
GroupA9.con	?tcacTgcA?cTgactgcacaaACaaag?acGGa?tg??gTagtacTaa?acTaCa.....	727
HPV16	C-----TT-A--A--T--C-----G-----T-AACT--A--G---C-----.....	858
HPV35h	TA-T--A--T-----AC--TG--GTA--T--G--CA-----.....	864
HPV31	A--G---G---CA-----C--AC-A--GC--TCA--T--C--GCA-----.....	879
HPV52	G-----A---G-----G---GT--CACA--CA--TGT---G-----.....	864
HPV33-A--A-----GCAG---C--TGT---T---CGT-G-----.....	822
HPV58	CA--G-A--A--A--T---T---GG---AC-TGT---T---AGT-T-----.....	837
RhPV1	C-TTG--G-T---CACA--AC---GCTAC-G---G-TCCG--GAC-G-G-CTA---G.....	867
GroupA10.con	a?cactaAcaattACaACAataAC?AaggAcGG?ACAACagTtac?GTacaGcTACg.....	823
HPV6b	-T-----C--G--C-GC--C--A-----A-----A--A--T-----.....	855
HPV11	GT---G-----GC--C--A--A--A-----T--C--A--G-----.....	852
HPV44	CT-C-----G-----G---A-----G-----A---TT-----.....	885
HPV55	TA-C-----G-----G---A-----G-----A--TT-----.....	885
HPV13	-A-GT---C-----A-----G-----T--G-----A.....	882
PCPV1	-AT-AC--TT-CA-----C---C-GCA---A-----A--A--GT-G---A.....	882
GroupA11.con	GACTCATCGACCCAGTGTACTCTACATAATGTTGCG.....	798
HPV34	-----.....	798

E2 Nucleotide Alignment

SuperB.con	????a?ga?g??g?tc????tc????????????????????????????????gtggcgtctctcctga?gaa	719
GroupB1.con	cg???a?ga?g?g?g?tc????tctg?tagg????????????????????????cgTGGcgTctCtcCTga?gaa	800
HPV19	--GTC-C--A-ACA---AGGG---TC---CTC.....-A-----G----C-C-	1152
HPV25	--ATC-C--A-A-A---AGGG---T---CTC.....-A-----G----C-C-	1179
HPV20	--GTC-C--G-G-A---AGAG---T---CAA.....-A---A-----TCT--C	1164
HPV21	--GTC-C--G-AAA---AGAG---T---CAA.....-A-----C--C	1182
HPV14d	--GTC-C--C-A-A---AGAG---TC---CAG.....-A-----AGT--C	1122
HPV5	--GTC-C--G-G-G-.....-C--A-CTC.....-G-----GT---	1215
HPV36	--GTC-A--GAGCAC.....-T---AGC.....-G-----CC--	1200
HPV47	--AGTCA-C-G-A-.....-CC--AATAC.....-G-----AGC--G	1191
HPV12	--ATCCC--GCA-G---TAGG---AGC---CAA.....-G-----GC--	1155
HPV8	--TTC-A--G-G-A-.....-TC---TTG.....-G-----TCT--	1167
HPV24-T---GAC.....A---A-----GG--C	1074
HPV15	TCGAG-TC-C-A-G---TTCTC-ACGG.....G---A---G---CA--C	1040
HPV17	TCGCG-TCCA-A-G---TTCTG-C-GG.....G-----TG-G---GC--	1029
HPV37-TTCT--CAGG.....G-----TG-G---C-C-	1035
HPV9	TCCCG-...G-A-G-A-TGCT--CAGG.....GT-----G---T---	1056
HPV22-TGTTGAC-GG.....G-----G-G---C---	981
HPV23-TGTTA-A-GG.....G-----TG-A---AGT---	966
HPV38-TTCTG-A-GG.....G---A-A-G---CA--	996
HPV49	--GGA-A--A-GCGCAGCCGG--AAGGG--GGAGAGCCTGTTTCTGGAGGGT---A---G---CA-G	1137
GroupB2.contctgc?cca?ctcctg?agaa	702
HPV4-A---T---C---	888
HPV65-G---T---GG---	888
HPV48	885
HPV50-G---A---A---	861
HPV60-C---A--G---A---G	891
SuperC.con	724
GroupC1.con	926
BPV1	981
BPV2	984
GroupC2.con	642
EEPV	981
DPV	984
SuperD.con	900
BPV4	900
SuperE.con????????????????????	629
HPV41TCTGACTTCACTTCTGGAGAG	837
COPV	861
CRPV	885
ROPV	514
GroupE1.con?C??TC??TTCT?CG?GAGAC	520
HPV1aT-TG--CC---G--C----	876
HPV63G-AT--AT---C--G-----	867
Unclass.con	CTGGGAGAACCGCCTTCTCGGCCTTACGCGGACATTGCCGCGACCCTCGGACTGCC.....	1377
MnPV	-----	1377

E2 Nucleotide Alignment

SuperA.con	600
HPV54	861
GroupA1.con	749
HPV32	924
HPV42	936
GroupA2.con	833
HPV3	906
HPV28	885
HPV10	888
HPV29	924
GroupA3.con	900
HPV61	900
GroupA4.con	905
HPV2a	930
HPV27	921
HPV57	906
GroupA5.con	587
HPV26	891
HPV51	846
GroupA6.con	769
HPV30	894
HPV53	906
HPV56	877
HPV66	870
GroupA7.con	728
HPV18	861
HPV45	873
HPV39	873
HPV70	843
HPV59	873
HPV59*	873
GroupA8.con	739
HPV7	885
HPV40	870
GroupA9.con	727
HPV16	858
HPV35h	864
HPV31	879
HPV52	864
HPV33	822
HPV58	837
RhPV1	867
GroupA10.con	823
HPV6b	855
HPV11	852
HPV44	885
HPV55	885
HPV13	882
PCPV1	882
GroupA11.con	798
HPV34	798

E2 Nucleotide Alignment

SuperB.con	gtgggaa??tcacttcgatcagTTagt?gaaaacaTa?aggacGACTTggaagatTactgGa?GaaGCTc??	784
GroupB1.con	GTGGGAa?atcagTtcgatCagTTaGT?cAaaacaTacaGGacGACTTggaagatTAcTGGa?GaaGCT???	866
HPV19	-----C-----ACA-G-----GG-G-A-----A-----A--G---CTT	1224
HPV25	-----C-----ACA-----T--G-----A-----T---A--G---CTT	1251
HPV20	-----C-G-----TACA-----T--G-----A-----T-----CTC	1236
HPV21	-----AG--TC--A-----A--G-A-----T-----C-----CTC	1254
HPV14d	-----AG--C--A-----T--G-A-----A-----G-----C-----CTC	1194
HPV5	-----GGG--C-----T--G-----A-----A-----CGC	1287
HPV36	-----AG--C-----T-----T-----A-----A-----CTC	1272
HPV47	-----AGCA-C-----G--G-----T--G-----G--T--G-----AGG	1263
HPV12	-----G--TC--A--T-----T-----G-----G-----T--A-----CTC	1227
HPV8	-----G-----A--T-----G-----G-----C-----C-----ATC	1239
HPV24	-----G-AAGC--AGA-----GG-G-A--T--A-----C-----T--G--G---CTC	1146
HPV15	-----GC-A--C-----C--G--AG-----T--G-----A-----A--G---AGG	1112
HPV17	-----A-----G--AG--C-C-GGT--G-----AC-----T--A-----AGG	1101
HPV37	-----AG-----A-----G--AG-G-C--GT-----AA-----C-----AGG	1107
HPV9	-----C-CG-----G--G--GG--CAC-GA-----C-C-----CT--G---AAA	1128
HPV22	-----GC-A--C-----A--G--AG-C-G--GT--G-----CGCA-----C-C---AAA	1053
HPV23	-----GCG--C-----AG-C-CAG--GT--A-----CGCA-C--T--T-C---AAA	1038
HPV38	-----CGG-----G--AG-C--AG-GGT--A-----ACGC-GC-----CA--C---GCA	1068
HPV49	-----TC-AG--A-A-A-----GG-CG---CTT-----G-----G--G---AGC	1209
GroupB2.con	gtgggaagcagacat?gaacagTTgcaagaca?GGTctgTCacGACTTggAagatTaCAaG?aGAAAGCTcGG	771
HPV4	-----G-----C--CA-----A-----A-----G-----TC-----C-----A--	960
HPV65	-----T-----A-----A-----A-----G-----AA-----C-----CT-----A--	960
HPV48--GC-----C--TAC-----G-A-----	939
HPV50	-----A--TC-CAC-----GCG--T-----A-----A-----AG-----	933
HPV60	-----A--T-TC--C-T--AGC--A-A--A-----C-A--C-T--G-----	963
SuperC.con???????	724
GroupC1.con	926
BPV1	981
BPV2	984
GroupC2.con?CAGGT	647
EEPVC----	987
DPVT----	990
SuperD.con	GTGGGAGGACGATCTTCAACGCCTAAGAGACAAGCTTCGTCTAGACTTGCTCAGCTTATAGACGCGGCATAC	972
BPV4	-----	972
SuperE.con	??agacttcga?gactTaTac??gaaGCT?gg	655
HPV41	TCTGACGAAGGACATCGA...GTCAGACATAGAGCACTTCGA-AGAAAAGTGCAGG-G-TGCTCC---AGAA	906
COPVC---GG-A---C-G-AA-----TAC	891
CRPVC-G---CGAG-----ACA-----A-C	915
ROPVG---GCA-----TCT--G--C--	544
GroupE1.con	GTTGGAA????A??A??A??CGCCTC?AAAGGGA?T??TCAAGACTT?GA?GACTT?T?CAGGA?GCT?GG	570
HPV1a	-----GTAT-CAC-CAA-----A-----CA-TCT-----A--C-----C-G-----A--T--	948
HPV63	-----CATC-ACT-GGT-----C-----GG-CAA-----C--A-----A-A-----G--C--	939
Unclass.con	1377
MnPV	1377

E2 Nucleotide Alignment

SuperA.concctaTagTaCA?tTaaaAGGTGA??caAAtagttTaaaTGttt?aGatataGattacaaaaa???	659
HPV54-----G--C--T-----AC-T---CA-----T--GC-A---A-----G...	924
GroupA1.conCC?GTAAT?CA?TTACAAGGTGA?CCTAATGCCTAAA?TG??TA?G?T??AGG?TAAA?A?AAAT	801
HPV32--A-----A--C-----T-----G--TT--A-G-GG---T---G-A----	990
HPV42-T-----T--T-----C-----A--CC--C-A-TT---C---A-G----	1002
GroupA2.conCCTGTAaTACACcTA?gAGGTGAtCCTAAc?GtTTaaaATGtTTAGATATAGgTTAcAcaA?GGa	896
HPV3-----A-----T-----A---A--T	972
HPV28-----G-----AA-----TT-C--G-----A--G	951
HPV10-----C-----A-----C-----A-----C-C----	954
HPV29-----T--C-----C--A--A-----A--C----	990
GroupA3.conCCTGTAATACACCTAAAAGGTGATCCAAATAAATTAAGTGTTTTCGGTATAGGTTACAACATTCA	966
HPV61-----	966
GroupA4.conCCTGTAATCCAccTGcgAGGTGAtGCAAAATGTTTTAAAGTGCTTCaGATACAGGGTgCAAAAACAT	971
HPV2a-----A-----	996
HPV27-----TT-----C-----A-----	987
HPV57-----G-----A-----A-----C-----	972
GroupA5.conTTTATAGT?CA??TAAAAGGTGATACAAAT?GTTTTAAATGTTT?AGATA?AGATTTA?AAA?CA?	644
HPV26-----A--CC-----A-----A-----T-----A--G--T	957
HPV51-----G--TT-----T-----T-----C-----C--A--C	912
GroupA6.conCCTGTAgTaCAttTAAAAGGTGAA?C?AacAGAtTAAAgTGTT??AGaTat?G?TtTCAAAAA?AT	828
HPV30-----G-----C-A-----TA-----A-G-G-----C--	960
HPV53-----A-----G-A-----C-----TA--G--C-G-----C--	972
HPV56-----C-T-----A--GT-----C-A-----T--	943
HPV66-----A-C-----G-T--T-----GT-----CA-A-----T--	936
GroupA7.conCCTATAaTaCAttTAAAAGGTGACAAaAAA??GTTTTaaaTGTTTaaG?TataGa?T?CgaAAA...	786
HPV18-----G--CA-----C-G--C--T-G-----	924
HPV45-----C-----CA--G-----A---GC-A--C--...	936
HPV39-----TG-----A-----C-A-A-----	936
HPV70-----G-G-----TG-----G--C--T--G--C--T-G-----	906
HPV59-----C-----TG-CC-T--G-----G-----T-AA-----	936
HPV59*-----C-----TG-CC-T--G-----G-----T-AA-----	936
GroupA8.conCCTATAATACAA?T?GAAGGTGA?GCCAATTG?TTAAAGTGTTTAGATATAG?CTA??AAA?...	794
HPV7-----C-G-----T-----T-----G--AC--G--...	948
HPV40-----T-A-----A-----C-----A--GG--A--...	933
\ / 3' sj for HPV16		
GroupA9.conCCTaTagTaCAttTAAAAGGTGAt?CaAAtagttTaaaTGTTTaaGaTatAGatT?aaaaa...	788
HPV16-C-----G-T--C-----T---G...	921
HPV35h-----G-----CA-----G-----GGGT---	927
HPV31-----A--C-----G-----TA-----GC-GTC---	942
HPV52-----A--CC-----C-T-----GG-A--C--...	927
HPV33-----G-----AT-----C-----A--CCT...	885
HPV58-----C-G-----CC-----A-----CC--...	900
RhPV1-----G--CC-----AT-T--CT---G--G---GC-G-TC---C-GGG---G...	930
GroupA10.conCCTaTAGT?CAATaCAAGGTGAttCtAATtgttTAAAgTGTTTtaGATATAGatTacATGa?Aaa	887
HPV6b-----G-----T-----A--C-----GC--A---C-G-	921
HPV11-----G--C--G-----C-----A-----C-GA---C---	918
HPV44---G---T-----G-----A-----CA--G	951
HPV55---G---T-----C-----A-----CA--G	951
HPV13-----T-----C-----C-----A---	948
PCPV1-----G-----C--A--AAC-----C-----G-----C---	948
GroupA11.conCCAATAGTACATTTAAAAGGTGACAAAAACAGTTTAAATGCTTAAGATATAGGATGCATAAAGGG	864
HPV34-----	864

E2 Nucleotide Alignment

SuperB.con	GATCCcCCagTaaT?tT??t?ag?GG?ga?gc?AA?ac??TaaaatgcttttcGc?ataGagctaa?aa?aaa	842
GroupB1.con	GATCCcCCAgTaAT?tT??t?cg?GGgGa?gC?AACacacTaaaatgcttttcGcaataGagctaagaa?aaa	930
HPV19	-----T--AG-TA-G-----AC-T-----G---CGTA-----C-----C-C-TG	1296
HPV25	-----T--AG-TA-A-----T--T-----G---TCG-A-----C--G--A---C-T-TG	1323
HPV20	-----G--T--AG-TA-G--A--GC-T--T--G--T--G-----G--C--AC-A-G--	1308
HPV21	-----C--AG-CA-G-----AC-C--T--G-----AC-C-----C---CTT---	1326
HPV14d	-----C--AG-CA-G-----CC-T-----G---CG-----C-A--G	1266
HPV5	--C-----CA-TG-CAAA-----CG--T-----G---AATG-C-----C-----A-TT---	1359
HPV36	-----G--CC-TG-TA-A-----G--A--T-----C-----A--G-----TA---	1344
HPV47	--C-----TC-TG-G--A-----C--A-----T-----C-----A-G--C---	1335
HPV12	--C-----G--CA-TTGCAAA-----GG--A-----G-----C-----GAC-C---	1299
HPV8	--C-----A--GG-T--A-----G--A-----T-----C-----GAGTT-G-	1311
HPV24	-----T--AC-T--T-----GT--T-----T-----T-----C--G--A---CTT-G-	1218
HPV15	--C-----C--GC-G--C--T--T--T-----A-T-----TT---G--A---A--G	1184
HPV17	-----T--GC-G--C--C--A--T-----A--G-----AT-----A--A--GCG-	1173
HPV37	-----TG-GC-G--T--T--T-----A-T-----A--T-----A--G	1179
HPV9	--C-----T---GC-GT-G--T--C--C--C--TGTG--T--G---A---TT-C-G-AACGC--A---	1200
HPV22	--C-----TC-GC-A--C--T--CA--A--T--T-----A---T-----TT--GA--G---	1125
HPV23	--C-----A--GC-G--C--C--GT--A--T--T-----A---T---GTT--GA--A--G	1110
HPV38	--C-----A--GT-A--T--A--T--C--T--CT-----A---T--C--TT--GA--A---	1140
HPV49	----T-----AC-TT-G--A--A--CC-A--T-TTT-----T--ACA-AT-C---A-----GCGT	1281
GroupB2.con	GATCC?CCaaT??TatT?tTtAaaGGtc?AgcaAAtcttTgAAATGTTGGAGatAtaG?t???aaa?taa	832
HPV4	----G--T--GA---G--A--G--CAC-----AAAAGTT--C-C-	1032
HPV65	----A--C--GA---G--A--G--CAC-----G-----GAAACA--T-CC	1032
HPV48	----G---T-AG-G--A---C---A-CA---AA-----A--C-C-GTACT-CAA--	1011
HPV50	----A--G--CC--A-TA---C-----A-CAG---AA-C-T-----G-----G-TCTC-C-AA--	1005
HPV60	----T---CC-GC-AA-----T-----C--CC-T-----C-A-TGAA--G--T	1035
SuperC.con	?????????T?T??tTAaTT??GGaactG?tAACCA?GtaAAGTGCTATcgcTT?CGcgtgAaaA??ac	775
GroupC1.conTTTGCT?TAATTTTCAGG??CTGCTAACAGGTAAAGTGCTATCGCTTTTCG?GTGAAAAGAAC	985
BPV1-----C-----AA-----G-----	1044
BPV2-----T-----CT-----T-----	1047
GroupC2.con	GGGC?GCC?TGTCT??TA?TTAGTGGAA??GG?AACCAAG??AAGTGCTAT??TTCGCC??AA?AGAT??	700
EEPV	---A--A---GA--C-----AC--A-----CT-----CGT-----TGC--G---AT	1059
DPV	---T--C---TC--A-----CT--G-----TC-----TCC-----GTG--A---GG	1062
SuperD.con	GACCCTCCAGTACTCCTGCTACAAGGTGCTGCAACACTTTAAATGCTTTAGGCGCAGGGCAACGCAGGCT	1044
BPV4	-----	1044
SuperE.con	GatCc?ccccTgaTttgttttaaaGGggg?cccAAtcagcTtaagTGctTaAGgTAtagatttAaagccaag	725
HPV41	-GA-ACTATC-AG--G-CGCC-----TCCAGTG---AGC--GCG-----C-A--GG---AA---	978
COPV	----C--A--TC--GT---GCT---AT--T---AGTT-A--A--A---A-----A-GTCAT---	963
CRPV	----G-----C--G-----G--A---C-----C-CC-----AG----	987
ROPV	----G--A-----C-----CAA---C-----C-C--A-----A	616
5' sj for HPV1a \/		
GroupE1.con	GATCCACCC?T??T?TGT?T?AA?GGGGG?C?AATCA?CTTAAGTG??T?AGGTA?AG??TTAAAGC?TC?	623
HPV1a	-----G--GG-C---G-A--A-----TG-C-----G-----TC-C-----C--AC-----A--T	1020
HPV63	-----A-AA-T--C-G--G-----CC-T-----A-----CT-A-----T--GA-----T--A	1011
Unclass.con	...TGCCTTTTGATCATCAAAGGATCATCAAATCAGGTTAAGTGCTTGCGATTTAGACTTAAATCCTGGCAT	1446
MnPV	1446

E2 Nucleotide Alignment

SuperA.con	?ataaa?a?ttgTat????a?gtatCatc?ACaTggcattggac?gt???a????a??aa?aaaa?????	704
HPV54	T-----C-T-----T-GAAC-A-C---C--A-----G-AT--GTACCAGGT-CC-CT--G-ATAGG	996
GroupA1.con	TGTTC?CA?TTATTTAC?CA?GTGTCATC?ACATGGCA??T?ACAGAAAA?GA?T?TACACGTGAC?C?AA?	859
HPV32	-----T--C-----T--A-----C-----CC-G-----A--C-A-----T-A--G	1062
HPV42	-----A--T-----A--G-----T-----TT-A-----T--T-G-----A-T--A	1074
GroupA2.con	AAAA?aaa??T?TA?T??a??aC?TCtTCCACaTGG?GGTGGtcTGTGAatCAGAAAAatCA??ca.....	949
HPV3	----AT--GT-A--T-CA-GG--C-----A-----GTGT.....	1038
HPV28	----G--AC-G--T-GT-AA--C-----C-----AG-----AG-----	1017
HPV10	----GG--AC-A--C-CACGGT-A--C-----A-----T-----G-----C--GG--.....	1020
HPV29	----A--GGGT-G--C-GT-AAG-A--G----G--C-----C-----AT--.....	1056
GroupA3.con	GTACCTGAGCTGTTTGACAAAGCATCATCCACATGGCATTGGGCCGGTGGACAAAGTACAACCAGAGCA...	1035
HPV61	-----	1035
GroupA4.con	AAAGACgtaCTGTaTG?cAgGGtgTCCTCCACgTGGCAcTGGGCggGTGGgAA?gGTGAtAAGACa.....	1035
HPV2a	-----C-----C-----	1062
HPV27	-----AAG--A-----C-----A--GT-----	1053
HPV57	-----T--TG-A--CA-----C-----T-----T-----C-----T.....	1038
GroupA5.con	AAA...GG?TT?TAT??AA?GTATC?TC?ACCTGGCATTGGACCAGTAAT????A?T?AA??A.....	689
HPV26	----...-A--G--TGC--T--A--T-----GATACC-A-C--CA-----	1020
HPV51	----...-G--A--AAA--C--C--A-----C-A--AC-----	969
GroupA6.con	AAa??a...?T?TTTgta?ATgTA?CatCaACaTATCATTGGACaA?TacAgA????ataaaaaataat...	882
HPV30	--GCAC...C-A-----A--A--T-G--T-----C-A---C-TACAG-GT-C.....	1020
HPV53	---CA-...C-G-----TAC---T---C--C-----A-GT-A-CTGTGC-GT-----	1038
HPV56	---AC-...T-G---GG---A-----G-----C...A-----T--...	1006
HPV66	---AC-...T-A---AC-G---A--A-----G-----T...A-----G-C-G--...	999
GroupA7.con	taT?acg????gTatgaA?AtAT?TCaT?ACcTGGCATTGGA?AgG????aaggGaAataAAAaCaC?...	840
HPV18	C--AG--ACCAC---AG-G---A---CC-----C---T...GCA--C---G---A--A...	990
HPV45	---GCA-ACCAT--CTC-G-A--A--C-CC-----C---T...T-T-----T...	999
HPV39	---G--ACATT--T---A---T---GT-----T-C-GGGT-----CC-----G-T...	1005
HPV70	-T-A-TTCATT-----A---T---GT--T-----T--GGGC-----G---C-T--A...	975
HPV59	GTAC--TGGTTA-T---A---T---C-CT-----C---AAAC-GA---TCAGCC--A--A...	1005
HPV59*	GTAC--TGGTTA-T---A---T---C-CT-----C---AAAC-GA---TCAGCC--A--A...	1005
GroupA8.con	GT????CATTAT?T??AATTC?TCAACTACATGGAGGTGGAC?AC?GAATC?AGAAC??A?AAAAAT...	848
HPV7	--TAGC-----A-ACA---T-----T-A---T---AA-T-----...	1017
HPV40	--GTCA-----T-TGT---C-----C---T---C---CG-G-----...	1002
GroupA9.con	taTaaa?a?tTgTat??t?atatgTCaTcTACaTGGcatTGGaCaagt?atga????aaaaataa?Aaa???	846
HPV16	C--TGTACA-----AC-GCAG---G-----G-AC--A-TGTA---C---A-GT...	990
HPV35h	-----GCA-----CAAG--GCT-----AGA-----T-ACAA-CGAT---AC-A-T...	996
HPV31	-----C-A-----GAAC-AG-----T-ACA--TGGA---C---A--T...	1011
HPV52	C-----AGT-----GT-C-A--T-----C-----C--A---ATGT-C-----T---CTA	999
HPV33	-----G-G-----AG-TC-----C--C-----C--G-CA-C...GT---AAT	954
HPV58	-T---G-C--A--CTG-A-----C-----C--G--C...GG-G-C---GTA	969
RhPV1	C---GC-CC---AT-A---A--G--C---AGG---G---ACC---CA...G-G-G---...	993
GroupA10.con	tAtAaAcatTT?TTTgtattAgcATCgTC?ACaTGGCa?TGGaCctcctC??atac?tCa?atAAacat...	949
HPV6b	C-C-G-----A---AT---AT---A--A--G-----C---G-----AA-GG-AC--C-----...	990
HPV11	-----G---A-----T--A--G---T---G---AC-TG-GG-AC--C-----A--...	987
HPV44	-----ACA--G-----GC-----C-----GC-----A-GT--AG---A--CAG---T...	1017
HPV55	C-----ACA--G-----GC-----C-----GC-----A-GT--AG---T--CAG-----...	1020
HPV13	-----G---A---T-G-----A--T-----T-----G--C-TA---AT---C-A-----...	1017
PCPV1	-----A---A-GC-----T-----T-----G---TAGC-AT---ACA---A--...	1017
GroupA11.con	TATTACATTTGTTTAATAATGTAACAACTACATGGCATTGGACCAATAAT.....ACAAATAGTAAATGT	930
HPV34	-----	930

E2 Nucleotide Alignment

SuperB.con	tat??agg?ct?tttaa?t?ttttAGcaC?ac?TggtcaTGGgT?g??ggagat?gcactgAgcgtctagg?	901
GroupB1.con	tata?agg?ct?tttaa?tc?tttAGcAC?ac?TggTcaTGGgTgGctGgagat?gcactGAgcGtcTaGGc	994
HPV19	---CG---G--T---GC--A-----TG-A-----G-A-T-----	1368
HPV25	---CT--G--A---GC--A----T--GG-C----G-----G--T-----	1395
HPV20	---C---G--G-A---G--T-----GG-C---G-----G---G-----	1380
HPV21	---CGC---GT-G-A---GG-T--C--T--GG-C----G-----G-T-----	1398
HPV14d	-T--C--G--T-AC-GGG-C-----GG-T---G-----G-----	1338
HPV5	---C-TG--A--G---GG--A-----T--T--C-----A-----G-----	1431
HPV36	---C-TG--A--G-A--GG--A-----T--A--T-----A-----G-----	1416
HPV47	---G---G--T---GA--A--C---T--A--TT--C-----A-----A--T-----	1407
HPV12	---C--G--G---GG-T-----A--A-----A-----	1371
HPV8	---G---A--G--C--A-AC-----C--G-----C--C---A-----	1383
HPV24	---G---A-AT-A---AG-A-----AT-T-----A---C---G---A-----	1290
HPV15	---CAG-ATT-AG-A--A-AC-A-----C--G-----A-GG--TACAA-T-A---TA-AA-T--A	1256
HPV17	---GGCA-TT-AG---A-AT-AC---T--A-----G--C-A--ACT-A---CA-AA---T	1245
HPV37	C--GG-AAC--AG---G-AC-AC--T--C--G-----T-GG--CAGCAC--A---TA-AA-T--A	1251
HPV9	A-A-G---CT-AG-A--A-AT-A--T--T--G-----A-GG-A--CA-TTG--TA-AG-T--A	1272
HPV22	C--GCT--AAGC--CC-A-TTA---T--A--G---C-----A-GG--GC--ACA--C--TA-AA-C--G	1197
HPV23	C--GCT--TAAA---T-T-ATG-----A--G-----A-T-GG--TC--TCT---TA-AG---G	1182
HPV38	C--GCT--TGGC---CGC--TTG-----A--A-----A-A-GA-AT-CATCA-A--T--CA---G	1212
HPV49	A-ATT---TT-AG-A--ACAT-A--T--C--C-----T-G--T---G---A---AA-AA---T	1353
GroupB2.con	aat??tgt??Ttt?taTgtatgAGcaCtGttTggAa?TGGgTt??g?gat??tCagA??t?at???	882
HPV4	---TGC--CAAC--CT---TC-----T-----C-----A---TGC---C-TAA-C---...	1098
HPV65	-G-AAC---GGG---C-C-T-----T---GTG---AAA-C-...	1098
HPV48	T--GCTA--TTA---T---CT-C---T-----G---C--...TCC-AAT--T--TGGGGG-GCT	1080
HPV50	T--GCAGA--CTC-A-GAG---TGT---T---CA---G---T-G...CCCAAAA---GGGAT-CAGG	1074
HPV60	-CACGT-A-...AA-----T--A--A-TT-GA---AGACATA--CGTAC---ATC-TC-AGA	1104
SuperC.con	catAgA?Acc?cTA?Ag?ACTgcAC?ACCACCTggT??aCaGtTg?tGA?acGG??CTGAAAGaCaaGGa	834
GroupC1.con	CATAGACA?CGCTACGAGAACTGCACCACCACCT??TTCACAGTTGCTGACAACGGTGTCTGAAAGACAAGG?	1053
BPV1	-----T-----GG-----A	1116
BPV2	-----C-----CC-----T	1119
GroupC2.con	??AG?GA??A?TATCA?CAC??ACGACCACCTGGTGG?C?GT?GG?GAGC??GGATCTGAAAG?C??GG?	751
EEPV	TTC--A--AC-C----G---ATA-----A-T--A--A---GA-----G-AC--A	1131
DPV	CAT--G--CA-G---C---TGC-----G-A--C--G---AG-----A-CA--C	1134
SuperD.con	CATCCTCACAAATTTCTGTGCATGAGCACAAGCTGGACATGGGTTAGCAAAACTTCCCCTTTGAAATCGGGA	1116
BPV4	-----	1116
SuperE.con	cat?gCGctg?ctttgactgtat?aGcActACaTggaatTGG??agata?taa?agcacaga?agg?taggt	788
HPV41	T--A---G--A-A-AATG-A-C-GG-G-----T-TC-CA---ACG--GTC-G-CG-G-----AC--TGT--G	1050
COPV	---A-G-GGTTA-A-TTGG-GGCC-----G--G---A---AC-TCAGGCGGGGATGG--CATCTAAGCA-	1035
CRPV	---CTC-T-ACTA--C-----C--A-----T---GC---GTT--C-CA-CG-----TGC---C---...	1056
ROPV	---CC--A--TTG-----T--T--C-----G---GT-----A--GC-----TGT--AG--...	685
GroupE1.con	A?T??A??TGACTTTGA?AG?AT?AG?AC?ACATGGCATTTGG??A?ATA??AAA??CAC?GA?AG??TAGGT	674
HPV1a	-C-CA-GT-----C--C--A--C--C-----AC-G---GA---AA---C--G--GA-----	1092
HPV63	-A-TC-TC-----A--T--C--T--T-----GT-C---AT---TG---A--T--AG-----	1083
Unclass.con	CACAGCCTGTTTTCTACATCAGCACCACATGGCAGTGGGTTCCCTTCAGTAGGAAGTAATAGGATTGGACGG	1518
MnPV	-----	1518

E2 Nucleotide Alignment

SuperA.con	???.gc?attgTaACa?TaacaTata??agtgaa??aCAacg??aa?aaTTttTaaa?actgta	754
HPV54-GC-----T----C---GT---T-GA---A-GC--C-----GTA-----T	1056
GroupA1.con	??T.GGTATAATAACAAT?CATTATTAT?ATGA?G?ACAA?GA?AT???TTTTTAA?TACTGTA	910
HPV32	GA-.-----T-----A---G-A---C--G--AAG-----G-----	1125
HPV42	AC-.-----A-----G---A-C---A--A--TTA-----A-----	1137
GroupA2.conGCgTttGTaAC?aTtTGGTAtACaAGt?aTacaCAGCGt??tGaATTttTgtc?actGTA	1004
HPV3-----AC-----C-----T--GGT-----GGAA-C-----C--C---	1098
HPV28--T-----T-----T-----AA-----C-----C-----	1077
HPV10-----GC-----C--CG-----AC-----C-TAATGT---	1080
HPV29--A-----A--A-----C-----GT-----AGCC-----G-T-A---T	1116
GroupA3.conGCATTTGTAACATTGTGGTATGTTAATGTGGAACAACGAAACAATTTTTAAATCGTGTA	1095
HPV61-----	1095
GroupA4.conGCCTTTGTaACA?TGTGGTACAccAGtgtgGAaCAGCGTAcAGAgTTCCTgACAAGgGTC	1094
HPV2a-----C-----C--T-----A---	1122
HPV27-----G--G-----G-----A-----	1113
HPV57-----T-----AA--CA-----G-----A---T-----	1098
GroupA5.conGGCATTGT?AC?ATT???TTT?ACAGT?A???CAACG?A?A??TTT?TAA?AAC??TT	729
HPV26-----A--A---ACC---A-----AT-ACA-----TA-T-AT---T---C---TG--	1080
HPV51-----T--C---GTG--G---GC-CAT---GG-A-CA---A--A---CA--	1029
GroupA6.conAG???tATTAC?TtGTATATAAaGATGAaAC?CAaCG?gacAacTTTTTaaaTgtTGTA	935
HPV30--CTAC---TG-----G--C--G--T-C-----	1080
HPV53--TTA---TG-----C---CC-A--A---GG--A---	1098
HPV56--CATA---AA--A-----G-----A---AA--G---G-CA---	1066
HPV66--TAT---AA-AT-----A---G---C-----	1059
GroupA7.conGGtATA?TaACTGTaACATata?tA?tGA?gcACAA?G?aaAaaTTTTTggAtactGTT	893
HPV18--A--C-G-----CCA--G---AA---A-AAC-----AA---	1050
HPV45-----T-----A--G--G-T---A-AA-T-CC-----GTA---	1059
HPV39--C--T-----T-----GCC-CA--GT---C-CC-----C-----	1065
HPV70-----C-----C--C--A---C-CC-----A---	1035
HPV59--C--TT---AT-----CA-GC--AA---C-CA-TG-----A-----A	1065
HPV59*--C--TT---AT-----CA-GC--AA---C-CA-TG-----A-----A	1065
GroupA8.conGC?AT?ATAAC?TTAACATATAGTAGTGTACA?CAACGGTC??A?TT??TAGC??TTGTA	897
HPV7--C--T---A-----C-----AC-A--TC---AC---	1077
HPV40--T--A---G-----G-----TG-C--CT---TA---	1062
GroupA9.conGcaATTGTaAC??TaACaTata?aa?tgaa??CAAcgacAaca?TTTTTaaactactGTA	898
HPV16-----T--AC-T-----GAT-G---TGG---TG-C--A---GTC-CAA--T	1050
HPV35h-----AT---T--C-C--CA--TAT--A-GG-TA-A-----C--A---	1056
HPV31--T-----CT-----T--G-AC-TCA--A--G-CG-T-----	1071
HPV52-GT-----AA---G--C-GTGA---ACA---T---A-----A---T	1059
HPV33-G-----TG-----T-GT--C---CAG---A---ATG-----GG--C---	1014
HPV58-G-----T-TG-----C-C--CG--ACA---TG-----C-----T	1029
RhPV1-----TG-G---T-GC--A---GCTT--A-----G-----C-----	1053
GroupA10.conGCa?T?GTAACatTAACaTATgttaaTGAA?AaCAA?G?cA?cAgTTTTTAAAcacTGTA	1003
HPV6b--CA-T---TG-----A--G---GG---A-G--A-----G-TGT---	1050
HPV11--A-T-----AGC-G---GG---C-T--G--A-----G---	1047
HPV44--C-G-----G-----C-G--C--G-----	1077
HPV55--C-G-----G-G---C-TG-G-----	1080
HPV13--C-G---C---C---A-----C---A-A--AG-C-----A-----	1077
PCPV1--A-T-----G-----C---A-A--AG-T-----T-----	1077
GroupA11.conGGTGTAATTACATTATGTTTTCCAGTACATCCCAACAAAAACAATTTTTACAATGTGCT	990
HPV34-----	990

E2 Nucleotide Alignment

SuperB.con	agg???.....tc?agaaTgcT?aTt???TTt???tc??ata??caaaGa?aaga?Tttgtt?a?actgtg	948
GroupB1.con	aGg.....tCcaGaaTgcTcaTtag?TtT???tcc?ata??caaaGaaaa?a?Tttgat?a?actgtg	1046
HPV19	-----A-----T---GTC---TT--AT---C---GC-C-----G-T--A--A	1431
HPV25	-----C---ATT---A-C-GT--G-----C-T-----G-TG-----	1458
HPV20	-----C---ATA---TTC-GT-----G-T-----G-G-----	1443
HPV21	-----C---CTTC---TT-GAG-----G-T-----A-G-----T	1461
HPV14d	-----C---TTC---TT--AC--G---G-G-T-----C-G-----T	1401
HPV5	-----C---TCT---T--CT-----G-G-G-T-----G-AG-G---	1494
HPV36	-----C---TCG---T-C-AT--G---GGG-T-----G-CGTG---	1479
HPV47	-----C---TCC-G-CTC-CT--G---GGG-T-----G-TG-----C	1470
HPV12	-----C---ACT--AAC--AT--G---GG-T-----G-G-----	1434
HPV8	-----CTG---ACT--AGC-GGC-----GG-C-----G-G-----	1446
HPV24	-----T-----G-C--T---ACCAGTTT--AG--GC---GTGGG---CTCG-CCTA--A	1353
HPV15	C-C.....-AC--T--T-AC-GGCA--CTCT--A-C-CCG-----G-GCTC---ATCA-A-TAA--	1319
HPV17	--A.....-A-----T-AC-AGCA--AACA-AT--GATG-----G--TTG---ATCC-A-AAA--	1308
HPV37	-----AC-C---T-AC--GCA--CAA--A--CAG-----G-GTTG---TTAA-A---A--	1314
HPV9	--A.....G-GC---A-TT-AGCC--GACA-AT--GAG--C---C--C-A--CAT-AGG---A--	1335
HPV22	C-C.....-T--G--A--A--ATCA--CATA-AG--GGG-----G-GA-G-GCTTGC-ACAAA--	1260
HPV23	C-T.....G-A--G--T-A--AGCA--CAT--TA--CATG---GG--A-A-G-AT-C-AGAAA--	1245
HPV38	C-C.....-AC-----TC-AGCT--TAT--AG-ATCA-----G--A-G---ATAC-G---A--	1275
HPV49	--A.....-AC-T-----TT-A--T---ACT--AA-C-GCACT---TC-C-G-A--T-A-A-T-A--	1416
GroupB2.con	?????.....??taaa?TgtTaaTTGctTTTaaagt?ctg??CAaaGaga?gctTTt?TaAAa??gtt	931
HPV4AG-CGCA--C-T-----A--G-T--CA--AC-----C-----G-----CACAAc	1158
HPV65AG-CGCA-----C-----G-T--G-----CT-A--G-T---CACAA-	1158
HPV48GCA--G---G---A-----GA--CC-----C-A-TG--CT---CACAA---	1140
HPV50	GGTGAT.....GC---T--C-T-----A-C--AA-----GCTAT-----T---CACT---	1140
HPV60CA---T-----G--T-----TGA-A-CACA--C---T-T---A-G---TTA--A	1164
SuperC.con	?At.....GC?caa?TgcTg?TcACcTT??A??cccaagtCA?AG?caag??TTTcTGaA?CatGTg	883
GroupC1.con	CA?.....GCACA?AT??TGATCACCTTTGGATC?CCA?GTCAAAGGCAAGACTTTCTGAAACATGT?	1109
BPV1	--A.....-A--AC-----G--A-----A	1179
BPV2	--G.....-G--CT-----A--G-----C	1182
GroupC2.con	GAT.....GCC??GTG?T?GT?AC?TTCAAAGAC??????CAGAGA????TGTTT?TG?AGC??GTG	793
EEPv	-----TGT---C-G--G--A-----AGTTCC-----GGGG-----T--A--GA---	1194
DPV	-----ACA---A-C--C--C-----CAAAGT-----TCAA-----C--C--AG---	1197
SuperD.conCATAGAATGCTGATTGCATTTTCGAACCTGAGCAAAGGAACCTGCTTTTTGGCTTCTGTT	1176
BPV4	1176
E5 start for HPV41 ->		
SuperE.con	??????????G?gcG?aTgcTg?taaa?TTtatagatgaag?acAacG?GA?aagtTtcT?ga?aggGT?	838
HPV41	TCG.....-G---CT--TT--TTGTGCT--CTCTA----AC-A--A--A--A----C--CA-ATCT--C	1113
COPV	GACCGGGGCAGT-C---G-----T--GCA--T--AG---TCA-----G--GG-C---A-G--C--A--G	1107
CRPVGGTAGC-G---C---TA---G--GCG--CTCT-AG--G--C--T-----TAGC-----C	1122
ROPVGGTAGT-G-A-AG-----A---A--C-A-----C-----T--A---G--T-A--GGA---A	751
GroupE1.con	??T.....GC??G?ATG?T?GT???TTTAT??????G??CAACG?GA???T?T?T?GA?A?GT?	706
HPV1a	AG.....-TA-A---T-A--AAAG-----TGATGAG-CT-----A--GAAG---C-T--G-GA--T	1155
HPV63	CA.....-AC-T---C-G--GCGT-----ATCAACA-AA-----T--CCGA---T-A--T-AG--G	1146
Unclass.conTCACGCATTCTGGTGTGTGTGAGGACTCAGCGCAGATGGACAGATTCTATGTACTGTTAAG	1581
MnPV	1581

E2 Nucleotide Alignment

SuperA.con	aaaaTaCCacc?agt?Taaaa?t?a???t?GGatataTgtca?t?t?a?tattataaT??	800
HPV54	CGC--T-----T---A--TCTA-GTCAT-A--GGTA-----T-A-A-	1104
GroupA1.con	AAA?T?CCT?CTGG?AT?AAATC?TG?ATTGG?TA?ATGTC?ATGTTACA?TTTAT?T??	956
HPV32	---C-T---C---T--T-----T--C-----G--C-----A-----A-----G-AG	1185
HPV42	---A-A---T---G--A-----C--T-----A--T-----T-----G-----A-GA	1197
GroupA2.con	AA?gTaCCaCC?GGtATaCA?GtgAT?tTgGGacAtATGTCaATgTT?t?ATAA	1052
HPV3	--A--G-----A-----T--A-----AC-----C-----CAC----	1152
HPV28	--G-----T-----G--A-----A-----A-----TGT-----	1131
HPV10	--G--T--C--T--C-----A-----T-----GT-----A--C-A-	1131
HPV29	--AA-----A-----G--G-CC--T--A--C-----TG---T-G-	1167
GroupA3.con	ACCATTCCAAGGGTATACAAGCCACTGCAGGCTATATGTCAATGTGTATATAA	1149
HPV61	-----	1149
	E2 bind for HPV27, 57	
	-> <-	
GroupA4.con	aataTACcTAAgGGggTGAtaGCAtTGCCAGGGTATATGTCTGCaTTTGTATAa	1148
HPV2a	-G-----AT-----	1176
HPV27	--C-----C-----G-----	1167
HPV57	C--C---C--A-----AG---C-----	1152
GroupA5.con	AAA?TACC?C?AAGT?TAAC?????CATTGGGAAT?ATG?CA?TGTA	765
HPV26	---A---A-A---A---TTCAA-----A---T--T-----	1128
HPV51	---G---C-C---G---ACTGT-----T--A--C-----	1077
GroupA6.con	AAAATaCCacctAGTgTaca?gTt?t?TGGGACA?ATGacatGTgttgAtATGTAA	988
HPV30	-----C---A--A-AA--G-AA-----T-----G-----	1137
HPV53	-----C-----TCAC-GG-AC-----T-----	1155
HPV56	-----T---G-----G---AGT-----A---	1105
HPV66	-----G---A-T-----A---GT---CCAT-A	1110
GroupA7.con	acaATtCC???tAGTGTACA??TaTcggTGGGaTAcATGACa?TgTaA	935
HPV18	G-----AGA-----AA---T-----A-----	1098
HPV45	--T---TAAC-----AA-C-----TA-A-G-	1107
HPV39	-A--A--TTC-----TG-T--AT---T-----T-----	1113
HPV70	-G-----ACC-----TG---T-----T-----T-----	1083
HPV59	-A-----TAA-----AA--CAT--T--G--T---GTG-----	1113
HPV59*	-A-----TAA-----AA--CAT--T--G--T---GTG-----	1113
GroupA8.con	AAAATACC?AAAAC?AT?AAACATAG?TT?GG?ATGTTAAC??T?ATGTAA	939
HPV7	-----T-----T--T-----T--A--C-----TA-A-----	1128
HPV40	-----A-----A--A-----C--G--T-----AC-G-----	1113
	E5 start for HPV35h, 16 ->	
GroupA9.con	AAAATACcaaa?ACTgT??cagTgtctacaGGatttATGtCt?T?Taa	941
HPV16	-----A---A-TA-----T-----A-A-G-	1098
HPV35h	-----T--C--A--TA-----A-----A-----A-A-G-	1104
HPV31	-----T--C--A--AT-----A-----A---A--T--G-	1119
HPV52	-----T-----GCA---TATACA---TG-C-----AT-G-G-	1107
HPV33	-----CCT---GCA-A-AAG---T-----A-AT-A--	1062
HPV58	-----CCC---GCA-A-AAG---T--TG---AT-G---	1077
RhPV1	-----TTCT---AA-TC---ACA---G-A---A--G-G--G	1101
GroupA10.con	aaaaTACctcCaAcCaTtAcacAtAaagT?GGaTtTATGTCatTaCAaT?TT?TAA	1057
HPV6b	-----C--T-----GC--C---C-G-----C-G--CC-A--G---	1107
HPV11	-----A--C-----GG-----G--G--G-----T--A--G---	1104
HPV44	--GT---A---AAG-----T-----T---A-----T-----G--A---	1134
HPV55	CGGT-----AG---T-----T---A-----T-----G--A---	1137
HPV13	-----A-----C-A--T-----G-----G--A---	1134
PCPV1	-----G-C--T--A-A-----C-T-A--G-----G--T-----A--G---	1134
GroupA11.con	AAAATACCACCAACTATATCAGTGCATCAGGGTATATGTCCATATAA	1038
HPV34	-----	1038

E2 Nucleotide Alignment

SuperB.con	aaatt?CC?aaagg?ggtga?tggtC?tttGG??a?tTgAtagtcTaTaa	991
GroupB1.con	aaata?CC?aaaggaGTtGA?tggtC?tttGG??a?tTtGAtag?cTaTaa	1089
HPV19	-GG--T--T-----T--G--CC-A--G-----CTCA-----C--T---	1482
HPV25	-G---T--G--G-----CC---A---ATCA-----C--T---	1509
HPV20	----T--G--G--G-----CC---G---TTCA-----C--CT---G	1494
HPV21	----T--G-----T-----CC---G-A---TTCC-----C-----G	1512
HPV14d	--G--C--G-----G--CC---G---CTCA-----C-----	1452
HPV5	CG---C--C-----TAA-G-C-A---CA-CC-G--C--T--T---	1545
HPV36	-G---C--G-----AAAA--A-A---CA-CC---C--T--C---	1530
HPV47	----T--A-----C--G-----A-A---TAGTC-----C--T---	1521
HPV12	----T--G--G-----AACTG-A-A---CA-C--A--C--C-----	1485
HPV8	----C--G--G-----TACA--T-A---TA-CC-G--C--T-----	1497
HPV24	-G--TT--T--G--T--A--T-----AC-G--AAGT-----AA--G---	1404
HPV15	---CTG--ACC---C-----T-----GC-A--AT-T--A---GATT---G-	1370
HPV17	--GCTA--ACC---T-----T-----AC-A--AC-TC-A---GATT---G	1359
HPV37	----TA--ACC-----T-----AC-G--TC-T--A---GAAT-G-G-	1365
HPV9	----TA--ACCTAC---A--T-----T--A--AA-TG-----GAT--G---	1386
HPV22	---CTT--TTT---T--A--A-----A-A---CC-G-----GATT-----	1311
HPV23	--G-TA--TTT-----A--T-----C-A---AC-A-----GATT-----	1296
HPV38	----TA--T-C---T--A--G-----A--A--AC-A-----GATT---G	1326
HPV49	--GCTC--T-----T--G--A-----T-----TA-T-----AG--T---	1467
GroupB2.con	c?ttT?CC?AaA???tgTACatataC?tt?GGa?catT?aAcagttTaTAA	972
HPV4	-T---T--T---CTG-----C-AC--CT---G--T-----	1209
HPV65	-TA--C--A---CTC-----C-AT--TT--T--A---T--C-----	1209
HPV48	-A-A-T--T---GGAAC---TATA--TC-G---AG-C-TG-----	1191
HPV50	GGA--A--C---AATAC---G--CT-TA-G---CAT--GG--TC-C-----	1191
HPV60	AC---G--A--G-GGT-----A--T--A---A---TC--G---	1215
SuperC.con	CCa?TaCCTCCTGGaATGaac??t??cGg?tTtAcA???Ag??tgGACTTtTgA	926
GroupC1.con	CCACTACCTCCTGGAATGAACATTTCCGGCTTTAC?GCCAGCTTGGACTT?T?A	1160
BPV1	-----A-----C-G-	1233
BPV2	-----G-----T-A-	1236
GroupC2.con	CC?TT?CC?CCTGG?ATG???GC?CA?G?A?T?AC?ATGA?TG??GACTTTTGA	831
EEPV	--T--G--A-----A---CGC--G--G-C-C-T--A---T--CG-----	1248
DPV	--C--A--G-----T---TCA--A--T-G-G-G--T---C--TT-----	1251
SuperD.con	CGATTACCAAAAGGTGTCAGTGTGTGAAAGGGGCTCTTGACGGGTTATAG	1227
BPV4	-----	1227
E5 start for CRPV ->		
SuperE.con	?cg?T?CCTaaatct?tgc??gTgtTTtt?Gg??a?tttgatgggtt?Taa	878
HPV41	AA-A-T-----AACA-TGGGC-----CGC-CAC-CGCA--AAA-C-G-G-	1164
COPV	A-TT-T-----G---G---GA--A---CGG--AGGG--A---A---A---	1158
CRPV	C-AC-C--ATC-A-AAC--AG-----A--GA-T---T---C-T--G	1173
ROPV	C--A-A--C--G-CA-A---AA-----G-T--GA-C--CTT---C--G---	802
GroupE1.con	G???TGCC?A?ATC?GT?TCTGT??TTTT?GG??T?TTT?A?GG?TC?TAA	739
HPV1a	-CTT---C-G---A--G-----GT---G--ACAG---A-T--G--T---	1206
HPV63	-TGG---T-A---T--T-----TA---A--GGCA---G-C--T--C---	1197
Unclass.con	ATCCCTGCTGGTATGACAGTTGAACAGTGCAGCATGGCGTCTGTCTGA	1629
MnPV	-----	1629

