

E5 Protein Alignment

| | | |
|---|---|--|
| SuperA.con | IVVCIGTQWSHFKPVHTL????????n??me???p?????????l?f??cf?vc???c????pl??s | 32 |
| GroupA1.con HPV42 | TVIGLQYCDSTTCGTGQKLLLLLFIIVVGACVVCWISLQNYPPYVW ----- | 47 47 |
| GroupA3.con HPV61 | TINNPGRACVDFRMMVYDTPAAAYTFLAFLSFLTKRIFGVFLCHICRIVVHIHAS ----- | 54 54 |
| GroupA5.con HPV26 HPV51 | ????V?I??FI??FVLC?CVC??LCCLL.PLLLS HTYIP-I-IP--VYV---V---VL----- LYRHI-T-AV--ILL---L---LV----- | 21 35 35 |
| GroupA6.con HPV30 HPV66 | LYNNKRHILLR??YIATI??V??VF?LC??VCLCVC??V.PLLLS -----LL-----VLF-SF--L--CF-----LY-.----- SP-----DFC-IC--A--FC-----HF-.----- | 34 46 34 |
| GroupA7.con HPV18 HPV45 HPV39 HPV70 HPV59 | Mi?LvFl?cf?VClyvCCnV.PllpS -LS-I--F--C--M---H-.----- -LS---L--S-----VQ- --L---VW-G--I-I----- --A---VW-A---I--S-.----- --T---VC-VC---C-----Q- | 22 25 25 25 25 25 |
| GroupA9.con HPV16 HPV35h HPV31 HPV52 HPV33 HPV58 RhPV1 | IVVCIGTQWSHFKPVHTLNSIQVLCKANCCCYACKPPmi?l?tas???l?cf?lCF??llc?cl??rpl?LS -TN-D---TTL-A--L---CV---V--LI---L-- --D-.---STV-L--L---CV---L--LV-S-L-- --E-NISTVSIVL--L---CV--FV--VI--V-- M-GL-VF--IL-MVF-AVL---L-- MIFV-V---ILF--LS-LL---I-- MI-PI-VV--ILF--L-IFL--V-- -----PFCCFWLFCFCF-LA--VH--SR-FCVF-VC-- | 59 35 34 35 25 25 26 72 |
| GroupA10.con HPV6b-E5a HPV11-E5a HPV44 HPV55 HPV13 PCPV1 | ME??v?Pvd?tagaTstslLPvviAl?VCfvSI?li.i?is? ---V--QIA--T---FI---I--FV-----I--VW--E ---V--QIA-AT-T-LI-----FA--IL--V--L--D ---HI-I-A-I-----F-----V--C--D ---HI-I-G-I-----L--F-----V--Y--D ---FI--VSTQ--K---L---T--V---IT.LC--E --LQ-V--F--K---Q---LL---T---L--IIL.-FV-E | 33 39 39 39 39 39 41 |
| GroupA11.con HPV34 | MIIFIFVILFVFGFYMCLSV.SLAVS ----- | 25 25 |
| SuperB.con | LHVQTAHHIKTATTNRNQRKKVRTEALQQVKEIANAAKAIKVPTPVPVSVVAVQVPNPHSHVHHQVPVHVA | 72 |
| GroupB1.con HPV5 | LHVQTAHHIKTATTNRNQRKKVRTEALQQVKEIANAAKAIKVPTPVPVSVVAVQVPNPHSHVHHQVPVHVA ----- | 72 72 |
| SuperC.con | M????gllLFLGLVfa?QLlLLVfLlFfflVwWdQfGc?C?g??? | 35 |
| | hydrophobic region hydrophilic domain which mediates membrane in quiescent cells for BPV1 can induce DNA synthesis -> localization in BPV1 <- -> <- Cysteines which may be involved in dimer formation for BPV1 * * | |
| GroupC1.con BPV1 BPV2 | MPNLWFLFLGLVAAQLLLLLFLFLVYWDHFECSCSTGLPF ----- ----- | 44 44 44 |
| GroupC2.con EEPV RPV DPV | MnhpGLfLFLGLtFgvQLlLLVfLlFfflVwWdQfGCrCenf?l -TY.--L-----L--M-----MQ- -----A-----DG-I- -----V-----I----F-----K----HM | 43 43 44 44 |
| SuperD.con BPV4 | QTVPPIFQRRPGPAAEGAVVFAIAITVTITIAIEGAALQWTRHAATESRETGRKTKGHPRTGTMPTWNTDSA ----- | 72 72 |
| E2 end for CRPV <- SuperE.con HPV41 CRPV | ????????????sa?????????ahtqk????????q?Llgk?n?l????fi?hakl????l?? MKQKEK-SSNLSRFLKTLGCF-----SCDLCIK-C---GL-A-ILNNC-R---QRGAIIVHML MGFSDVYACNFFP--AFVTQRFFVPINL-----.....VSW-H-HENAG-HHKT--Q---LAlAQ-TYR | 21 65 65 |
| GroupE1.con HPV1a | SLQHCNKCIAYVENALPPKIYTPHAKYQTPAHLTFKIKLSIQQLLIKYCNMAVWEFFVWALEQPEALEEE ----- | 72 72 |
| E5b.con HPV6b-E5b HPV11-E5b | M?MLTC??NDGDTWL?LWL??AF?V??LGLLL?HYRAV?G???TKC?KC????????DYV?M????GDY?Y M-----QF-----G---LC--I-GM-----M-----Q-DKH---K---NKNHNCND.---T-HYTTD---I- -V---HL-----F---FT--V-AV-----L-----H-TEK---A--KSNRNTTV---Y-SHGDN---V- | 42 70 72 |

E5 Protein Alignment

| | | |
|--------------|--|-----|
| SuperA.con | ??vya??l?l?????l?w?v??ts??l??f??yl?f?y?p????h?ha????q??YFAIVAVNIYFVLALL | 69 |
| GroupA1.con | ASCLASYLTL...VLLSW.LQVLTY.FDYFFLCLIIILGIPSVLTLHLAIQ | 95 |
| HPV42 | ----- | 95 |
| GroupA3.con | VVVGITVAPPPIHCCSYVNSVPCVCCSFAIC IPL | 89 |
| HPV61 | ----- | 89 |
| GroupA5.con | ?YVFAA?LLL...??CFWFVV?TS?.?TT??VY??F??P??LH?YT?????T | 48 |
| HPV26 | I-----S-----VF-----S--Y.I--YI--ICL-FI-ACF--F--VMVIA- | 85 |
| HPV51 | Q-----A-----IL-----A--Q.L--FF--LIF-YL-CLL--L--FLLLQ | 84 |
| GroupA6.con | ASLF??CL?L...IILFWFVVA?S?.??F??FLLFFYIP?L??Y?HA?WLIN?? | 68 |
| HPV30 | ----ST--L-...-----S-Y.ITA-TI-----L-LV-A--V----TQ | 97 |
| HPV66 | ----TS--I-...-----T-F.FDT-IL-----T-CI-C--L----HL | 85 |
| GroupA7.con | V??CAy?Wll...vFvf.IvviTsp.l??F?vY?lff?lPm?lLh?ha???iQ | 57 |
| HPV18 | -CM---A-V-...---Y-.....ATA-T--VFC-L---L---I--ILSL- | 73 |
| HPV45 | -YV--FA---...--L-.....-TA-A--ICCYL---FV--M--LHT-- | 73 |
| HPV39 | -HV--V-II-...-----LIR-T-.-EV-F-L--V--W--RL-MDM- | 72 |
| HPV70 | -HL--M---...L---H-T-.-QM-CI-L---I--WF--ILSVYA | 71 |
| HPV59 | -YM---T---...---Y-.....S.YEC-LL-I---II-LL--YA--ILS-- | 73 |
| GroupA9.con | vs?Ya?ll?l????vlllW?v?v?sp?lr?F??yl?flyipm??i??hAq?l?qq?YFAIVAVNIYFVLALL | 109 |
| HPV16 | --T-TS-II-...-----ITAA-A.F-C-IV-II-V---LFL-HT--RF-IT | 83 |
| HPV35h | --L-SA-IL-...---I---T-AT-.-C-CCF-C-----GM-NA---Y-AV- | 83 |
| HPV31 | --V--T--L-...IVI--IAT--C-CI-VV-I---LFV-HT--SF-S-- | 84 |
| HPV52 | I-V--QV-V-...-----SIG--FKV-FL--L--F--FC-HC---Y-A-LQ | 75 |
| HPV33 | I-T--W--V-...-----F-G--KI-FC-L---L--MC-NF--HMT--E | 75 |
| HPV58 | I-I--W--V-...-----S-G-A.--I-FC--I-----MC-NF--Y-T--D | 76 |
| RhPV1 | -AA--VV-GVHSEP-CSF-S-F-LFFNPVA-DTPACQCGLQNDVNT-HRHVIIS----- | 144 |
| GroupA10.con | FivYtstvLVLTLLLYLLW?LLlttp.LQF?lLTlcvCffPA?yih?yIvqTQq? | 82 |
| HPV6b-E5a | -----F---L--YC--L---Y---T--- | 91 |
| HPV11-E5a | -V-----F-----Y---F---I----- | 91 |
| HPV44 | -----I-----L--TSA...Y-----W---FH--H---E | 92 |
| HPV55 | -----I-----M---L--T-A...YV-----W-L-F---H--E | 91 |
| HPV13 | -L--N-----I--V---Y---SL--L--LCV-Q--L---E | 91 |
| PCPV1 | -LL-S-----P-----F---SL--L--FC--Q--L---Q | 94 |
| GroupA11.con | VCVYAWLLLL...IITFLHVSQSL.LKVYILYVCFYIPMALVHYHATLQVT | 74 |
| HPV34 | ----- | 74 |
| <hr/> | | |
| SuperB.con | HQDSGPKQIAIQRKVPNHLQKGRWKVTQAAIKVTLHLLLLHHTT VTAGTSRKFNNQGRPRVERVTRREPWG | 144 |
| GroupB1.con | HQDSGPKQIAIQRKVPNHLQKGRWKVTQAAIKVTLHLLLLHHTT VTAGTSRKFNNQGRPRVERVTRREPWG | 144 |
| HPV5 | ----- | 144 |
| <hr/> | | |
| SuperD.con | NS | 74 |
| BPV4 | -- | 74 |
| <hr/> | | |
| SuperE.con | ln???k????????????SLEDLESVVPEVLGV D | 40 |
| HPV41 | --AMS-LHLLIVY | 78 |
| CRPV | I-LKT-QLQIKFCSMAALVF----- | 101 |
| GroupE1.con | LVILPSVRVVGLELLLVQLQ | 92 |
| HPV1a | ----- | 92 |
| <hr/> | | |
| E5b.con | MN | 44 |
| HPV6b-E5b | -- | 72 |
| HPV11-E5b | -- | 74 |
| | | |
| SuperA.con | VGAAFKATSRART | 82 |
| GroupA9.con | VGAAFKATSRART | 122 |
| RhPV1 | ----- | 157 |
| <hr/> | | |
| SuperB.con | ERAATRKVILLLLPRPQTVTRGVC | 168 |
| GroupB1.con | ERAATRKVILLLLPRPQTVTRGVC | 168 |
| HPV5 | ----- | 168 |

E5 Nucleotide Alignment

| | | |
|-----------------------------------|---|----------------------|
| SuperA.con | ATTGTGGTGTGCATTGGCACACAGTGGTCTCATTTC AAGCCTGTACATACATTGA?CA??A?C?A???????? | 60 |
| GroupA3.con HPV61 | ACCATAAACAAATCCTGGAC ----- | 19 19 |
| GroupA9.con RhPV1 | ATTGTGGTGTGCATTGGCACACAGTGGTCTCATTTC AAGCCTGTACATACATTGAACAGTATCCAGGTACTGT ----- | 73 73 |
| SuperB.con | CTCCACGTCCAGACAGCTCACCACATCAAAAACAGCCACAACAAACCGAAACCAGAGGAAGAAGGTACGGACGG | 73 |
| GroupB1.con HPV5 | CTCCACGTCCAGACAGCTCACCACATCAAAAACAGCCACAACAAACCGAAACCAGAGGAAGAAGGTACGGACGG ----- | 73 73 |
| SuperC.con | ATGac??Atc??gGgtTtcT?tTGTtTcTGGGact?gt?ttTGcA?TgCAacTgCtgcTatTagT?Ttt?T?c | 62 |
| GroupC1.con BPV1 BPV2 | ATGCC?AATCTATGGTTTCTATTGTtTCTTGGGACTAGTTGCTGCAATGCAACTGCTGCT?TACTGTT??T?C ----A-----A-----CT-A- ----G-----G-----TC-G- | 68 73 73 |
| GroupC2.con EEPV RPV DPV | ATGAaccAtcc?GGtcTgtTtcTGTtTCTGGGactcaccTTTgGAgTaCAgcTG?TactTtGTaTTT?T?t ----CAT-C...-T-C-T-----G-----A-----C-----A-G-----C---C-GC -----G-----T-C-----C-----A---T-T-----T-A- -----T-G-----GGT-----G---T-C---GT-A-----A-T- | 69 70 73 73 |
| SuperD.con BPV4 | CAGACCGTCCCCCGATCTTCCAGAGACGCCCGGGCCGGCAGCAGAGGGCGCAGTCGTCTTCGCGATCGCGA ----- | 73 73 |
| E2 end for CRPV <- | | |
| SuperE.con HPV41 CRPV | A?????????T?????A????a???ac?aagt??aAa??gC??c???tctaacga?At?t?t???t??a? ATG-AAC-AA---AGA---GTT-CT-AAA---GT-A-G--TCC-AAAAAC-T -TGGGCTTAG-GACGTGT-TGCATGTA--CC-T-CCC-TCA--AG-TTT-G----CA-CG-T-TTT-GT-C | 30 52 73 |
| GroupE1.con HPV1a | AGCTTGCAACATTGTAACAAATGTATCGCCTACGTAGAAAACGCGCTGCCCCCAAAGATATATACCCCTCATG ----- | 73 73 |
| E5b.con HPV6b-E5b HPV11-E5b | ATG?TGATG?TAAC?TGTCa?TT?AATGATGG?GATAC?TGG?TG??T?TGTGGTTGTT??TGC?TTT?TTG A-----C---A-----A--T-----A-----C---GG-T-----ATG---C---A--- ---G-----T---C---A-----T---A---T---TT-C-----TAC---A---G--- | 57 70 73 |

E5 Nucleotide Alignment

| | | |
|---|---|---|
| SuperA.con | G?aca???a??tgt?atatggaa?????t??tacct?t?????ta?tg?aa???caac?a??at??tatt | 100 |
| GroupA1.con HPV42 | ACAGTTATAGGACTTCAATACTGTGACTCCACAACGTGTGGGACAACCGCCAGAACTGCTGCTTTTATT ----- | 71 71 |
| GroupA3.con HPV61 | GAGCTTGTGTGTTTGTATAGATGGATGGTGTACGATACTCTGCTGCTTATACTTTTCTGGCTTTCTATCTTT ----- | 92 92 |
| GroupA5.con HPV26 HPV51 | ?????????????TGTAACATT?????TTTAT??T CACACCTATATACC-----T----ATTCTT-----AG- TTGTATAGACATAT-----C----GCAGTG-----TA- | 15 38 38 |
| GroupA6.con HPV30 HPV66 | TTATACAACAACAACGCCATATTTTGTGCTACGC??G??ATATATTGCAACCATTG?TTT?T?TGT?A? -----CT-TT-----T---A-T---T-G TC-CC-----A---T-G---A-T | 62 71 35 |
| GroupA7.con HPV18 HPV45 HPV39 HPV70 HPV59 | ATGaTatc ---T--- ---C--- -----T -----TG- -----A- | 8 8 8 8 8 |
| GroupA9.con HPV16 HPV35h HPV31 HPV52 HPV33 HPV58 RhPV1 | GTAAGCCAATTGTTGTGCTACGCTTGTAACCGCCAatgatagacct?atact?cttccat?a??at?tt -----C-A-T---G-----G-A---CA-CAT-AC- -----AG-----GT-CTG-G-- -----T--A--AA---T-T--A-AG-A-GC--TG- --G-- --GA- -TG--A-- -----CCAT-CTG-TG-TTCTGGTTG-GTT-TTGCTGC-G | 140 35 32 35 5 5 8 146 |
| GroupA10.con HPV6b-E5a HPV11-E5a HPV44 HPV55 HPV13 PCPV1 | ATGGAa?????gtt?TaCCTgTagAtgttacT?cAgg?gCAACcAgcacaTcatT -----GG-G-----C-AA-AG--G---AA-----TCA- -----G.....-AG-G-----C-AA--G--G---CAA---T-CA---TGA- -----CACa-----A-----C---AT--G----- -----CA-A-----A-----G---AT--G----- -----T-A-----G-----G-A--CAG-----AG----- -----TTACAG--G-----T-----G--AAA-----TCA----- | 47 50 50 50 50 50 56 |
| GroupA11.con HPV34 | ATGATCAT ----- | 8 8 |
| <hr/> | | |
| SuperB.con | AGGCCCTCCAGCAAGTCAAGGAGATCGCAAACGCAGCAAAGGCGATCAAGGTCCCAGACCCGGTCCCAGTCTC | 146 |
| GroupB1.con HPV5 | AGGCCCTCCAGCAAGTCAAGGAGATCGCAAACGCAGCAAAGGCGATCAAGGTCCCAGACCCGGTCCCAGTCTC ----- | 146 146 |
| <hr/> | | |
| SuperC.con | TgtTtTTtTtTcTtGTaTggTGGGAtCagTTTGggTgC??TGTgaaggt?Tgc?ctTgTAA | 119 |
| GroupC1.con BPV1 BPV2 | T??T?TTTT??T?GTATACTGGGATCATTTTGTAGTGTCTCTGTACAGGTCTGCCCTTTTAA -CT-G----TC-T----- -GC-A----CT-G----- | 124 135 135 |
| GroupC2.con EEPV RPV DPV | TGTTTTTcTTtTcTtGTaTGGTGGGAtCAGTTTGGgTGtcggTGTGAaaactT?ca??TGTA -----C-----C-----C--C--T-----A-G--GT----- -----T-----G-----TGGT--TATAC----- -----CT-----AA-----C--CA----- | 128 132 135 135 |
| <hr/> | | |
| SuperD.con BPV4 | TCACGGTCACGATCACGATCGCCTACGAAGGGGCCGACTCCAGTGGACGAGACACGCGGCTACCGAGTCCCG ----- | 146 146 |
| <hr/> | | |
| SuperE.con HPV41 CRPV | E2 end for HPV41 <- -> L2 start for CRPV, HPV41 caa?ataTct?gCaCataCgCA?aaga??t????a??atacaAtg?TTGct?gg?aAaga?t? TGGGC-G-T-C--G--C-----G--A-GC-GTG-CC-GTGTa-C-TT-A-----C-----A--C---GG-T ---T-A---T-----A.....G-GTC---G---AC--TC-C---AAA | 80 125 125 |
| GroupE1.con HPV1a | CAAAATATCAAAACCTGCCACCTGCATTTCAAATAAAATTGAGCATACAACAATTGCTGATAAAATATTG ----- | 146 146 |
| <hr/> | | |
| E5b.con HPV6b-E5b HPV11-E5b | TAG??T??T?GG?TF?TT?TT??T?CA?TA?AG?GCTGTACA?GG??T?AA?A?AC?AAATG??AAGTG ---GGA-GT-G--G--A--A--GA-G--C--T--A-----A--GGA-A--C-C--C-----AAG----- ---CTG-AC-T--A--G--G--AC-A--T--C--G-----T--TAC-G--A-A--T-----GCT----- | 104 143 146 |


E5 Nucleotide Alignment

| | | |
|---|--|--|
| SuperA.con | t?tggtgatgcat?t?t??tg?tact?????????????t?tt??t?ttttgg??ggtt???taac?tc?c | 190 |
| GroupA1.con HPV42 | TCCTTGCCCTGCTAGCTACCTAACATTG.....GTGCTATTATCATGG...TTGCAGGTACTAACAT ----- | 202 202 |
| GroupA3.con HPV61 | GTGGTATATGGAATAAAGTGTGGCGCCACCAGCCATACACTGCTGCTCATATGTAAGTGTTCCTTGTGTCT ----- | 238 238 |
| GroupA5.con HPV26 HPV51 | TA?GTGTTTGCAGC??C??TATTATTA.....?T?TT?TGTTTTTGGTTTGT?GT??C?ACATC?? --T-----CT-GC-----G-G--T-----G--AT-T---AT --C-----TG-CT-----A-T--A-----T--TG-A----CC | 116 169 169 |
| GroupA6.con HPV30 HPV66 | TC?TT?TTT?C?A??TGT?T??TACT?.....AT?AT?TT?TTTGGTTTGTGT?GC??C?TC?T --G--G---T-T-CC---T-AT---T.....-A--A--G-----T--AT-G--C- --T--A---A-A-GT---C-TA---A.....-T--T--A-----G--TA-A--A- | 161 202 166 |
| GroupA7.con HPV18 HPV45 HPV39 HPV70 HPV59 | taT?TGTTGTCgTaTgc?TGG?Ta?T?.....gTaTTTgTgTtT...ATtgTgTaattACctCcc -G-A-----A--G--T-G.....-A-...-G-----A--G---- --G-----T-T--T--T-GT-G.....-G--C-T---A---T---A--- C--G-----TG--A--A-T.....-G-----C--A--CG---A-A- C--T-----ATG--C--C-T.....T-----CA---A-A- --A-----A--A--T--C-A.....-A-...-G--T--C-----T | 125 136 136 136 136 136 |
| GroupA9.con HPV16 HPV35h HPV31 HPV52 HPV33 HPV58 RhpV1 | tCt?taTatgC???tT?cTggt?Tg????????????gT?tt??t?cT?TGG??gT?tctgt?g??tctc ---AC---CA-ATCA--AA-AA-A.....-A--AC-AT-G---A-AA-A-CA-CC---G --AT---CT-AGCA--AA-AT-AC.....-T--AA-A--G---TA---A-CAA-A- --GG-----AACAC-A--AT-A--A.....A-TG-GA-TT-A---TAT--CAACC--- --GG-G---GCAGG-GT---GC.....-GC-TT-G--A---A--A-T-GG--A- --ACC---TTGG--G---G.....-A--GC-G--T---G-T--G-GA--- --A-----TTGG--G---G.....-G--GC-G--T---G---G-GG--GG G--GCT---TGTTG-T---GTG-CCATAGTGAACCC--T-GCAGCT-T--TCT--G-T---TTTG-T-T | 239 166 163 166 136 136 139 292 |
| GroupA10.con HPV6b-E5a HPV11-E5a HPV44 HPV55 HPV13 PCPV1 | aTagTgTAcacATctgT??T?GTACTAAC?tTacTttTATAT?Tg?TatTgTGG...CTttTAcTAAcCaaC?c --T-----GC-A-----AC-G-----T-AC-----GC--T-----C- G---A--T-----GC-G-----AC-T-----T--C-T-----T-----C- -----A-AT-G-----C-----GC-----C--T--C-T---CT-TG -----A-AT-G-----C-----GC-----A--T--C-T---C--TG T-G-----AAC--TT-A-----A--A-----G-AC-T-----T- C--C-A--TT---TC-A-----C-----C--T-G-----TC-C- | 174 190 190 190 190 190 196 |
| GroupA11.con HPV34 | TGTGTTTATGCATGGTTATTGCTTTTG.....ATTATAATTACTTTTTTACATGTGTCCCAATCCC ----- | 139 139 |
| <hr/> | | |
| SuperB.con | CAAGACTCGGGCCCTTACAAGCAGATCGCGATCCAGAGGAAGGTCCCCAACCCACTGCAGAAGGGGAGGTGGA | 292 |
| GroupB1.con HPV5 | CAAGACTCGGGCCCTTACAAGCAGATCGCGATCCAGAGGAAGGTCCCCAACCCACTGCAGAAGGGGAGGTGGA ----- | 292 292 |
| <hr/> | | |
| SuperD.con BPV4 | TCCTGA ----- | 225 225 |
| <hr/> | | |
| poly-A signal for HPV41 <- | | |
| SuperE.con HPV41 CRPV | aat?t?at?accaaacta??gctG?Tga?atTata?t???T???G?C???T???T??TTGGAGGACTTGG --CGCT--G-G-----CAC---C---T-G---T-AA --T-G-AA--A---A-TT--A-A-A-A---C-GCAGTA-GGCA-C-TTGG-GTTT-CT----- | 179 237 271 |
| GroupE1.con HPV1a | GTTTACTCCCTCGGTGAGGGTGGTGGGGTTAGAGTTGCTACTCGTCCAACTCCAGTAA ----- | 279 279 |
| <hr/> | | |
| E5b.con HPV6b-E5b HPV11-E5b | AA?TAG --T--- --C--- | 152 219 225 |

E5 Nucleotide Alignment

| | | |
|---|--|--|
| SuperA.con | c????tt??a????tnttttt?tatat?t?tt?ttttttat?t?cct?tggt?ttt?tacat???catgc??t | 239 |
| GroupA1.con HPV42 | AC...TTTGACTATTTTTTCTATGTTTAATCATCTTGGTATTCTTCTGTCTTACTAACATTACTAATACA ----- | 272 272 |
| GroupA3.con HPV61 | GTTGTTCTGTTTGCAATATGTATCCCCTTGTAG ----- | 270 270 |
| | GRE for HPV51 -> <- | |
| GroupA5.con HPV26 HPV51 | A?...?TAACACT?T?T?TTGT?TAT?T??T?TTTT??TACCT??T??TTTTACAT?T?TATAC??T -T...A-----C-A-A---G---A-TTGC--A---TTA-----GC--GTT-----T-T----TG- -A...T-----A-T-T---A---T-GATT--T---ACT-----TG--TAC-----C-A----AT- | 162 239 239 |
| GroupA6.con HPV30 HPV66 | ??...?TT??T?C?TTTA??T?TTTT?CT?TTTTTTTATATACCT??A?T??T?TATAT??CCATGCT?T AC...A--AC-G-A---CTA-A---G--G-----TT-T-ACT-G---GC-----G- TT...T--GA-A-T---TAC-G---A--A-----AC-C-GTG-A---TG-----T- | 208 272 236 |
| GroupA7.con HPV18 HPV45 HPV39 HPV70 HPV59 | Ca...tt??aag??Tt?tgTATAt?Tatt?TttTtT?TATgCC?atGTt??TatTacAtat?CatgCaaT -T...GCCAC--CA--CACA-----G---T-G---T-----C---AC---G---A----T-- --...--AAC--CA--GC-----CA-T-GT-GC-A-T--C-A--T---TG-----G---TT- --...--GG-G-TG---T-----T--C-A-----G-----C-----GGT-G--G---GA-TG--- --...--GC--ATG---G-A---T--C-A---A-----T---GGT-T---C--C-T-T--G- --...--ATG-GTGT---TAC---A---G---A--A-T--AC---AC---C--T--GCC----- | 183 206 206 206 206 206 |
| GroupA9.con HPV16 HPV35h HPV31 HPV52 HPV33 HPV58 RhpV1 | c????tta?g??tTtTttt??tat?t??t?ttTtaTaTataccaatg?t?tatt?at??tcaTGCACA -G...--TA-GTG---A--GTA---A-TA-A---G-T---G-----T-AT-T-TA--AC--ACA-----G -A...C--C--TTGC---G--GT-T-C--TTGC---G-----T---GGAATG---A-CGC----- -A...--C--TTG---G-ATA---G-TG-G---A-----T---T-AT-TGTA---C--ACA-----TC -A...--TAAAGTG-----TG--CC-AC-G-----T-T---T-T-G---C-CTG----- -T...--AAAAT-----GC---T-GT-G-----T-----A-G-G---A--TT----- -T...C--C--AAT-----C-GT--CT-AA-A-----A-G-G---A--TT----- TTAACCCCGTTGC---GA-ACACC-GCATGCC-CAG-G-GGTTT-CA-CAGAA-GA-GTAAA-AC----- | 292 236 233 236 206 206 209 365 |
| GroupA10.con HPV6b-E5a HPV11-E5a HPV44 HPV55 HPV13 PCPV1 | Cc...tTGCAaTtTtT?ttTACTAACaCTgtgTgTgTgTcTtttttCCtGCgTtgTaTaTACA?t??tAtATTgT --...-----TCC-----T--ACT-----T-AC-G---C--A-----C-AC----- -T...-----C-T-----A-----C--T-----CATA--C----- --...C-----A-----C-----G-----T-TCC----- --...C-----A-G-----C-----G---C---T-TC----- --...-----C-A-----C---C-C-T-----C-----G-G---CCAA-----T- --...-----G---T-----C---C-T-----G-----T-G---TCAA-----T- | 240 260 260 260 260 260 266 |
| GroupA11.con HPV34 | TG...TTAAAAGTATATATATATATATGTGTGTGTGTTTTATATTCTATGGCACTGGTACATTACCATGTCTAC ----- | 209 209 |
| <hr/> | | |
| SuperB.con | AGGTCACCCAGGCGGCGATCAAGGTCACCTCCACCTCCTCCTCCTGCACCACACAACGGTCACAGCGGGCAC | 365 |
| GroupB1.con HPV5 | AGGTCACCCAGGCGGCGATCAAGGTCACCTCCACCTCCTCCTCCTCCTGCACCACACAACGGTCACAGCGGGCAC ----- | 365 365 |
| <hr/> | | |
| SuperE.con CRPV | AATCAGTAGTGCCGGAGGTTCTGGGGTCTGACTAG ----- | 214 306 |

E5 Nucleotide Alignment

| | | |
|--|--|-----|
| SuperA.con | ?ta??a?tacaataataaTAaTTTGCTATTGTTGCTGTTAATATTTACTTTGTTTTGGCACTACTTGTGGT | 307 |
| GroupA1.con | TTTAGCAATACAATAA | 288 |
| HPV42 | ----- | 288 |
| GroupA5.con | ??T??T??T?????TAG | 168 |
| HPV26 | AA-GG-AA-TGCTACT--- | 258 |
| HPV51 | TT-AC-TT-GCAATAA | 255 |
| GroupA6.con | GTGGTTAATAAAC????TAA | 224 |
| HPV30 | -----ACACAA--- | 294 |
| HPV66 | -----CATTTG--- | 258 |
| GroupA7.con | a?a??c?atAcA?TAA | 194 |
| HPV18 | -TTGT-TT----G--- | 222 |
| HPV45 | -C-CA-C----A--- | 222 |
| HPV39 | GG-TATG---T-G | 219 |
| HPV70 | -T-TG-TTA- | 216 |
| HPV59 | -CTGT-C----A--- | 222 |
| GroupA9.con | ?tattt?ac?caaca?aaTAaTTTGCTATTGTTGCTGTTAATATTTACTTTGTTTTGGCACTACTTGTGGT | 360 |
| HPV16 | C-T---A-TTAC-T-A | 252 |
| HPV35h | A-----GG-AGT---GT-- | 252 |
| HPV31 | T-T---A-GT-----GT-- | 255 |
| HPV52 | G-----GG-A----TGC----- | 228 |
| HPV33 | GC--A-G--A-----AG-G--- | 228 |
| HPV58 | A--C--A--C-----AG-C--- | 231 |
| RhPV1 | TAGACATGTTATTATCAGT--T----- | 438 |
| GroupA10.con | acaaACaCAacAAtaATAA | 259 |
| HPV6b-E5a | TACC-----G----G- | 276 |
| HPV11-E5a | G-----G----- | 276 |
| HPV44 | ---T-----G----- | 279 |
| HPV55 | ---T-----G----- | 276 |
| HPV13 | -----G----- | 276 |
| PCPV1 | G-----T--G---C----- | 285 |
| GroupA11.con | CTTGCAAGTAACATAA | 225 |
| HPV34 | ----- | 225 |
| <hr style="border: 1px solid black;"/> | | |
| SuperB.con | GAGCCGAAAGTTCAACAACCAGAGGGGCCCGAGGGTCGAGAGGGTCACGAGGAGGGAGCCGTGGGGGGAGAGG | 438 |
| GroupB1.con | GAGCCGAAAGTTCAACAACCAGAGGGGCCCGAGGGTCGAGAGGGTCACGAGGAGGGAGCCGTGGGGGGAGAGG | 438 |
| HPV5 | ----- | 438 |
| |  | |
| SuperA.con | GCTGCGTTTTAAAGCCACCAGCAGGGCGCGCACGTAA | 343 |
| GroupA9.con | GCTGCGTTTTAAAGCCACCAGCAGGGCGCGCACGTAA | 396 |
| RhPV1 | ----- | 474 |
| <hr style="border: 1px solid black;"/> | | |
| SuperB.con | GCGGCGACGAGGAAGGTCATCCTCCTCCTCCTCCCCGCCACAAACGGTCACGAGGGGGTCTGCTAA | 507 |
| GroupB1.con | GCGGCGACGAGGAAGGTCATCCTCCTCCTCCTCCCCGCCACAAACGGTCACGAGGGGGTCTGCTAA | 507 |
| HPV5 | ----- | 507 |

