

# II

---

## ALIGNMENTS

---


Part II of this compendium contains alignments of PV coding sequences and their corresponding protein sequences. You can find your way in this section by looking at either the headline or the page number, both of which contain the gene name. Unless there is evidence for believing that a coding sequence begins later in the open reading frame, coding sequences are presented from the first methionine codon of the reading frame, and protein sequences from the corresponding methionine.

The order of the alignments is E6, E7, E1, E2, E4, E5, L2, L1, L1 Consensus Primer Region, and LCR. The L1 Consensus Primer Region alignment includes an expanded set of PV types, as well as many novel sequences that will probably attain type status in the near future. Many of these sequences have been sequenced only over this fragment of L1. The LCR was operationally defined as the region after the end of L1 and before the first methionine of the E6 ORF. The LCR region is presented as a nucleotide alignment only, and contains only HPVs (no animal PVs).

This year, the sequences have been grouped within the alignments according to the taxonomic system proposed in Chan et al., *J. Virol.* **69**:3074–83. Under this system, sets of relatively close sequences are termed “groups”, while sets of relatively close “groups” are termed “super-groups”. Each of the groups has at least two members, although in some cases, e.g. GroupA3 and GroupA11, only one member of the group has been sequenced over its complete genome, so that the group will have only one representative in many of the alignments. Some sequences clearly belong to a particular supergroup but are not related closely enough to any other sequence to justify including them in a group. In addition, some few PV sequences (FPV, MmPV, MnPV) are so distant from all other PVs that they cannot be considered as belonging to any of the supergroups. These sequences have been placed together at the very bottom of the alignments.

At the head of each group is a consensus sequence for that group. Within the consensus, capitalized letters indicate that the base or amino acid is present at that location in all taxa in the group, that is to say, it is completely conserved; lower case letters indicate that the base or amino acid is present in 50% or more of the group sequences; a question mark indicates that no one base or amino acid is present at that position 50% or more of the time. Each supergroup consensus sequence represents a consensus for all sequences in that supergroup (not including the individual group consensus sequences). Each supergroup consensus is placed at the head of the groups which are its members. Immediately following the supergroup consensus are sequences belonging to the supergroup, but not assigned to any group, e.g. HPV54. A consensus sequence for those sequences belonging to no supergroup is given as “Unclass.con”

Each set of sequences is referenced to the consensus sequence immediately above them. Agreement with the consensus sequence at any location is shown by a dash (-) while gaps are indicated by dots (. . .). Blank spaces within the alignment indicate lack of sequence information over that region. Occasionally, a nucleotide sequence will contain a percentage sign, (%), which indicates that the sequence appears to contain a frameshift indel at that position.

Typically, the alignments are displayed so that all the sequences on the same page, as well as the sequences on the facing page, are homologous to one another. There are two exceptions to this general rule. At the beginnings and ends of some of the alignments, some sequences may be separated by lines of arrows (➡). This indicates that these sequences are significantly longer than the rest, and that they continue below on the same page. The other exception is found in the E4, E5 and LCR alignments. These differ from the other alignments in two respects: first, sequences on facing pages are not homologous to each other; second, these regions contain solid “separation bars” (  ) throughout the alignment, to indicate that no significant similarity exists between sequences above and below the bar, and they could not be aligned for that reason. In some cases, it seems probable that this lack of similarity may be attributable to an absence of homology between the sequences.

The alignments have been created progressively, beginning with pairwise alignments within the groups and then proceeding to inter-group comparisons.

## Contents

### PART II Alignments

Introduction . . . . .	II-1
Contents . . . . .	II-2
E6 Protein Alignment . . . . .	II-E6-2
E6 Nucleotide Alignment . . . . .	II-E6-9
E7 Protein Alignment . . . . .	II-E7-2
E7 Nucleotide Alignment . . . . .	II-E7-8
E1 Protein Alignment . . . . .	II-E1-2
E1 Nucleotide Alignment . . . . .	II-E1-22
E2 Protein Alignment . . . . .	II-E2-2
E2 Nucleotide Alignment . . . . .	II-E2-18
E4 Protein Alignment . . . . .	II-E4-2
E4 Nucleotide Alignment . . . . .	II-E4-10
E5 Protein Alignment . . . . .	II-E5-2
E5 Nucleotide Alignment . . . . .	II-E5-4
L2 Protein Alignment . . . . .	II-L2-2
L2 Nucleotide Alignment . . . . .	II-L2-22
L1 Protein Alignment . . . . .	II-L1-2
L1 Nucleotide Alignment . . . . .	II-L1-21
L1 Consensus Primer Region Protein Alignment . . . . .	II-L1 CPR-2
L1 Consensus Primer Region Nucleotide Alignment . . . . .	II-L1 CPR-8
LCR Nucleotide Alignment . . . . .	II-LCR-2



## E6 Protein Alignment

		cysteine doublet	
		-><-	
SuperA.con	MKKGVTENGATESGAYKKLLKLW?m?m???f????pr?l?Lc?????l?l?l?l?Cv?Ckk?l???ev		42
HPV54	MSATEPHTDQ--T-AD--KVCNIPMHS-Q-P-AF---TVCTA-I		44
GroupA1.con	M??TSASSQP?TLYQLCK?FGLTLRNLQI?CIWCK?HLT?AE?		35
HPV32	-AS-----S-----D-----C-----N---S--A		43
HPV42	-SG-----R-----E-----S-----K---G--V		43
GroupA2.con	MAVAMSm?q?PknifLLCR?sGipf?DLRLhCiFCtKqLTtaEL		40
HPV3	-----DANC-----NT--G-D-----T--		45
HPV28	--DD-R-----D--S-D-----A-V-----		39
HPV10	---GA-E-R--L---NC---LE---C-----A---		41
HPV29	--RGDGY-----D--V--E---Q-V---E---SP--		41
GroupA3.con	MGPCNPNTNIFLLCKDYEVDFEDLRLTCVFCKNELTTEEL		39
HPV61	-----		39
GroupA4.con	M?TRAGMSEENPCPRNIFLLCkeYGLELEDLr1LCVyCkRpLsDADv		46
HPV2a	-H-----W-----E--I		47
HPV27	-R-----Q-----R-A-----		47
HPV57	-----R-----I-----		41
GroupA5.con	MFED?RERPTLHELCE?LN????N?QV?CVYCK??L??ADV		30
HPV26	----P-----S--TTLQ-L--Q-----ET-QW---		42
HPV51	----K-----A--VSMH-I--V----KE-CR---		42
GroupA6.con	Mm???FeNtqERPR?lHhL?EVleipLl?L?LsCVyCKKeLtsEv		39
HPV30	-AFK----G----TV---C--Q--TS--E-Q-Q-----S----		45
HPV53	-DRQL---E---T--Q-C--Vnk---E-Q-G--F---A--A---		46
HPV56	-EPQ-N-P-----S---S-----ID-R-----RA--		45
HPV66	-DSI-S-----S---S---Q---D-R-----L-L		45
GroupA7.con	MARF??P?eRPYKLPDLcttL?ttL?DitI?CVyCk??Lq?teV		35
HPV18	----ED-TR-----E-N-S-Q--E-T-----TV-EL---		44
HPV45	----DD-KQ-----E-N-S-Q-VS-A----AT-ER---		44
HPV39	----HN-A-----D---Q---A---RRP--Q---		44
HPV68ME180	--L-HN-E-----R--D--H-V--D---RRQ--R---		44
HPV70	----PN-A-----A-D--H---D---TQ--Q---		44
HPV59	----ED-TQ-----S--NIP-H--R-N--F--GE--ER--		44
GroupA8.con	MSARcgSq?ARTlfELCDqCNITLPTLQI?CiFck??L?TaEV		38
HPV7	-----T-----N---NSI-Q----		42
HPV40	-----Y-----D-V---TV-K----		42
HPV43	----SC--N---I---E-----G----KW-L-T--		43
16 E6 start ->			
GroupA9.con	MKKGVTENGATESGAYKKLLKLW?????mfqdp?erPrtlh?Lc??le???hei?L?CVyCk?Lqr?EV		54
HPV16	MHQKRTA-----Q---K-PQ--TE-QTTI-D-I-E-----QQ-L-R--		49
HPV35h	-----A---YK--D--NEV-ESI---C-N-----QE---S---		42
HPV31	--KN-A---K--E-SSA--IPYD-LR-N-----GQ-TET--		42
HPV52	--E--AT-----E--EV--ESV--R-Q--Q---E---R--		42
HPV33	----TE-K-----D--QA--TTI-N-E-Q--E---P---S---		42
HPV58	----AE-K-----D--QA--TSV--E-K--E---T---S---		42
RhPV1	-----FFVAMVDCPGE-N-L---I-E--EQR-ETL--LQ-E---L-E-T-I--		72
GroupA10.con	MESanASTsA?IDQLCKecNlsmH?LQilCVFCrktL?TAEv		39
HPV6b	-----TT-----TF-----T---N---KNA-T---I		43
HPV11	---KD-----TS-----TF---L-T--Q-----NA-T---I		43
HPV44	-----QS-----IP--N-----S-----		43
HPV55	-----A-QS-----IP--H-----T-----		43
HPV13	-----P-KT-----S-----S-----		43
PCPV1	--K-----KT-----C--S-----S-----		43
GroupA11.con	MFFPNPEERPYPKLPALCEEVNISIHEIELDVCYCYRQLYRCEV		43
HPV34	-----		43

## E6 Protein Alignment

	cysteine doublet	
	-><-	
SuperB.con	MAt?dSStdsadegp????????????????p?t???la??l?ipl?d?llpCnFC??fl?ylel	36
GroupB1.con	MAt?dSStdsadegp????????????????p?lP?ti??La??L?iPl?dcl?PCnFCg?FL?ylel	40
HPV19	MANAQATEEEEEIEIVEEGTTAPQVTEP---A--AG--AL-E---D---V-----K--SH--A	62
HPV25	MATANA.EQSI...GPPEQAQVIQP---A--TD--AL-E---D---V-----N--T---I	57
HPV20	---PP--E-----S.....NIGEAKPPILEP---A--CG--KL-E---D---I-----N--TH--V	64
HPV21	---.-----SPK.RRHLEEENTSSFLEP---A--RD--NL-E---D---V-----N--TH--V	67
HPV14d	---T-----SPKSNYCDSTETKSSFIEP---A--FG--NL-E---D---V-----N--TH--V	70
HPV5	MAEGAEHQKLTTEKDKAE--LS-RD--EA-G--VI---I-----N--N---A	53
HPV36	MAEQASEQQNITEKEKEQ--L--KG--SES-G--FV---I-----K--D---A	53
HPV47	MAQKALEQTTVKKEEKL.E--T--RG--QL-D---V---L-----R--D---V	52
HPV12	MAQQADQQ.TVTDSTP.E--T--KE--DL-D---V---V-----K--DF--V	51
HPV8	MDGQDKASYLDTNKK..E--S--KE--AA-G--Q--SV-----R--YR--A-I--	51
HPV24	MAQPGK-QSVLE-SRL-N---D--VV-----KR--S-T--	40
HPV15	MDR-K-FSVQQ--DT-C---V-I-L--R--QR--T-I--	39
HPV17	MDR-K-Q-VRE--DT-C---V-I-L--R--NR--A-I--	39
HPV37	MAR-K-QSVQQ--DT-C---V-V-L--R--YR--A-I--	39
HPV9	MYLTEQIMDR-K-R-VKE--DT-V---I-L-I--K--NR--S-F--	46
HPV22	MQPLVVIYALLAYLSRMGCYSVFMALQR-L-VQQ-SDK-TV-VV-L-L--R--SR--T----	63
HPV23	MQTVHYLSRMICYTKLLMDSTR-L-VQQ-SDK-TV-VV-L-L--R--SR--T----	55
HPV38	MEL-K-Q-VQQ-SDK-TV-VE-L-L--R--NS--T-I--	39
HPV49	MAR-VKVCE--HH-N--IWEV-L-----TG--T-Q--	37
GroupB2.con	MQMmed?rp??lddyC??fdIsffdL?L?CiFC?f?v?l?dL	31
HPV4	-A-G--AT---F-RR-----R-T---SHT-D-A--	39
HPV65	-A-G--AA---F-RR-----H-T---SHT-D-Q--	39
HPV48	--PQF-TD--S--KY-N-----V-K---K-S-SIV--	39
HPV50	--PQ-AKN-V---KQQQ---E-E-Q-L--K-VIT-P--	39
HPV60	---E--RF-TTVA---SE---PLK--K-K-V--R-YLTEQQ-	42
	cysteine doublet	
	-><-	
SuperC.con	MDL??Fmrgnp?sgL?CvwCrepLt?VdA	24
GroupC1.con	MDL??F?R?NPFSGL?C?WCREPLTEVDA	23
BPV1	---KP-A-T-----D-L-----	29
BPV2	---QS-S-G-----A-V-----	29
GroupC2.con	M????Y??L?C??C??L?KV?A	9
EEPV	-CGEC-AY-T-IW-KKG-D--D-	23
DPV	-SADY-EH-Y-VF-YCV-G--E-	23
	cysteine doublet	
	-><-	
SuperE.con	MASTSGVGS?????m????p?svr?L????l?i????dl?l?C?fc?k?l?naek	29
HPV41	-----VGPA SCCTQK-HTI-E-CLAQQ-TYPCIQ-C-HY-Y-I-SVLDI	54
COPV	MFWGALLSMER-T---D-CMS-KLSLL--S-A-K--GNNIT-I--	45
CRPV	-ENCL-R-LEK-QQI-Q-SLE--PFG-I--G-L-GA---	39
GroupE1.con	M??T????VR?LS??L?IP?ID??PCNFC??FL?NAEK	22
HPV1a	MA-PIRT--Q--ES-C--Y--VLL-----NY--S----	38
HPV63	-DL-SVHS--D--SA-R--F--LVV-----LK--T----	39
	cysteine doublet	
	-><-	
Unclass.con	MPQPTRPYSFMELC??T??????L?????L?LPC?FCS?F??????	24
MnPV	MDR-VHSFVER-GIPRED-L---T---R-LTQEEL	35
MmPV	-----REY-LEQLLK-F-NVTLDT-M---H---S-MDLNNK	49

## E6 Protein Alignment

	cysteine doublet	cysteine doublet	
	\ / E6*truncation	-><-	
SuperA.con	y?fa??dl?vvyr?g.?pyaaC??Cl?f??k?r?yrhy?ys?yg?t?e??t???l??l?l?rC??C?kPL?p?		84
HPV54	-A-QYK--F--W-H-.F-H---AL--ELHGQINRY--RDRACLWE-V-QECGKP-EEIF--WL-H---CNV		115
E7 start for HPV42 ->			
GroupA1.con	?AYHFKDL?VWV?K?.FPYAACAFCLF?SK?CALRHY?RSAFW?TVE?ETGLLLEEQ?IRCA?CQKPLS?S		94
HPV32	Y-----H---K-G.------Y--V-----D-----H---Q-----I---I-----P-		114
HPV42	L-----V---R-D.------N--I-----E-----Y--K-----Q---L-----Q-		114
E7 start for HPV3, HPV10 ->			
GroupA2.con	aAFalRElnvVWr?G.apYGACARCLLl?GivRRLKyWdYSyyVeGVEeETkqSI?TQ?iRCYMCHKPLV?E		106
HPV3	Q-----R-.-----VE--A-----E-----S-----D--Q-----K-		116
HPV28	S-----T-.-----Q-----H---L-----D--QV-----K-		110
HPV10	-----YL--A-.V-----Q-----Y--L-----R-		112
HPV29	---CI-----KS-.-----FE--K-----Q--CF-----A--NE--Y--L-----R-		112
GroupA3.con	LAFALKELSIVWRHN.WPFGVCAPCLAREVKVRELRHWDHSCYGPTEVETQTTGRSLAELYIRCHACSKPLSIQ		110
HPV61	-----		110
GroupA4.con	lAFaIKELfVWVRKG.FPFGACgKCLIAAgKLRQYRHHWHYSCYGDVETETGIPiPQLFMRCYICHKPLsWE		117
HPV2a	W-----		118
HPV27	-----S-----		118
HPV57	---V-----Y--E-----A-----C--		112
GroupA5.con	YN?A?????VYRD?.?PYA?CK?C??FYSKI?EYRRY??SVYG?TLEA?TKKSL??L?IRCHRCQ?PLGPE		79
HPV26	--F-ICDLRV---R.S---A--R-VI---T---TC---A---L---CN-L---M---		113
HPV51	--V-FTEIKI---N.N---V-Q-LL---R---SR---T---I---YD-S---R---		113
GroupA6.con	YnFAct?L?lVYRdd.?PYaVCr?CLLFYSKVRKyRyYnySvYGA?Le??TKKqLsDL?IRCYRCQ?PLTPE		101
HPV30	----KD-R---E-.S---NF-----I-H---L---S-VAL---E-F--L-----Q----		116
HPV53	----Y-D-RV---G.Y--G--KF-----L---C---S--AL--K---S-----H-----		117
HPV56	----E-K-----F---V-----D-----T--SI---C--L-----S-----		116
HPV66	-R---IE-K---NN.W-----V-----K-----T--SI---S-----C-----		116
GroupA7.con	yeFAF?DLf?VYRdg.?pyAACqkCIkFya?iRELRYsdSVY?tTLE?iTnTkLynLlIRCmrClKPLcPa		100
HPV18	F---K---V---S.I-H---H---D--SR-----H---GD---KL---G-----L--Q---N--		115
HPV45	-Q---K--CI---C.IA---H---D--SR-----N--GE--K---E-----L--Q---N--		115
HPV39	----S--YV---.E-L---S-----K-----A---N-----C-----		115
HPV68ME180	----G--NV---.V-L---S-----K-----E--A---T-----D-S---C---S--		115
HPV70	----S--I---N-.E-----H-KV---H--N--A---S-----S-----S-----		115
HPV59	F---N---I---C.T---L---S--RV---R---GE--AE-K-P-HE---Y-----T		115
GroupA8.con	LaFAFReLyVWVRdd.fPfAAC??CL?fhGKvnQYRnFrYAAYApTVEEETglTil?vrIRCCKCHKPLSPV		105
HPV7	-----N-.-----VK--E-Y-----E-----		113
HPV40	-----H--PR--DL-----Q-----		113
HPV43	-S---D-R---G.Y---LA--Q---IS--H-D---D---KQ-VFDLC-----		114
GroupA9.con	ydFaf?DL?iVyRdg.nPygvC??CLrfySKiseyRhY?YS?YG?TLE???K?l?e?lIRCi?CQ?PLCP?		108
HPV16	----R--C-----A--DK--K-----C--L--T---QQYN-P-CDL---N--K---E		120
HPV35h	---CY--C---E-.Q---MK--K-----W-R--V--E---KQCN-Q-CHL---T--K---V		113
HPV31	L---T--T---D.T-H---TK-----V--F-W-R--V--T---KLTN-GICDL---T--R---E		113
HPV52	-K-L-T--R---N---IM---L-----Q--L--K---ERVK-P-S-IT---I--T---E		113
HPV33	---A--TV---E-.--F-I-KL---L-----N--V--N---QTVK-P-N-I---I--R---Q		113
HPV58	---V-A--R-----FA--KV---LL-----N--L--D---QTLK-C-N-I---I--R---Q		113
RhPV1	---RW--RL-H-Q-.K-----PI-----RK--R-E--I--C---RRTR-Q-V-V---YC--K---I		143
GroupA10.con	Y?faYK?Lyvvwrgn.fPfAACAcCLElqGK?NQ?RHFd?AgyAvTVEEet?qsIldVlIRCYLCHKPLCev		104
HPV6b	-SY---H-K-LF--G.Y-Y-----FH--I--Y---Y---T-----K-D-----		114
HPV11	-AY---N-K---D-.-----I--Y---NY-A--P-----NED--K-----I		114
HPV44	-S---Q---Y---.-----I-----V--F--NY-----NK-----H-		114
HPV55	-S---Q---F---.-----I-----V--F---L-----K-----F-----H-		114
HPV13	-A-Q--S--I---Q-.-----I--I--F---F--F-----D-K-----		114
PCPV1	-A-Q--D-NI--Q-.-----I--V--Y---F-A-----INK--F--R-----D-		114
GroupA11.con	YDFIFRDLcVVYRKG.KPLGVCQPCLLFYSKVRQYRRYNQSVYGRtLENLTnkQLcNlIRCGKcQKPLcPL		114
HPV34	-----		114

E6 Protein Alignment

	cysteine doublet -><-	cysteine doublet -><-	
SuperB.con	?efd?K?l?liwk???vfacC??C?atA?fEf??fy??tv?gr?ie???g??i??i?iRC??Clk?Ld?i		77
GroupB1.con	cefd?K?l?LiWk???VfacCr?Cc?atA??Efn?fyetv?greiE???g?sif?i?iRC??Clk?Ld?i		88
HPV19	----D-R-S----GH.L-Y----W--T---TF---E---H--T-----FVT-K-V-D-DV--QN-MRY--S-		133
HPV25	----E-R-S----EY.L-Y----C--T---TF---E---S--T-----DVT-K---D-DV--QT-M-Y--A-		128
HPV20	----E-K-T----DH.L-----V--S---TY---Q---S--L--D--QVT-K-V-D-DV--YT-M-F--S-		135
HPV21	----E-K-S-L--DH.C-----V--A---TY-Y-E---S--V--D--EIT-K---D-DV--YN-M-F--S-		138
HPV14d	----E-K-S----GH.C-----V--T---TY---E---S--E-----SVT-K---D-DV--YT-M-F--S-		141
HPV5	----Y-R-S----DY.C-----V--G---TY---Q---Q--L--D--LAS-L---D-D---QT--AF--I-		124
HPV36	---EV-K-S----DY.C-----V--G---TY---Q--QQ--L--D--LAA-R---E-D---QT--AF--I-		124
HPV47	----Y-K-T----DY.S-Y----L--S---TY---V--QQ--L--D--LAT-L---E-D---HT--SF--I-		123
HPV12	-D--K-Q-T----GH.F-T----S--A---IY---E--QQ--L--D--LAT-K---DLK---QT--SF--T-		122
HPV8	----K-R-C----NY.V-T----C--V---TF---EY---Q--L--D--LAT-R---E-DV--SF--I-		122
HPV24	TD--T-C-S----DD.F-----Y--V---AF--ENYFVES-I-W---QKENTPLSD-IV--HH---L-NQ-		111
HPV15	VSLNR-G-Q---TEEDF-----SS-AF---QF--SN---QS-CSW---IVEQKPVGD-I---KF---K--L-		111
HPV17	VA--L-G-Q---TEEDF-----SS-AY---QY--SK---QS-S---L-EIEHKP-GE-P---KF---K--LL		111
HPV37	IA--R-G-Q---TEEDL-Y---TS-AY---QF--TS---HS-S---EIEQKP-GE-A---KF---L--LL		111
HPV9	LN--H-C-Q---TEEDL-YGL-SS-AY-S-QL--TH-FQFA-V-KD--TVE-TA-GN-C---RY-F-L--LV		118
HPV22	RQ--Y-N-Q---TDED-----SG-AY-S-QF--QQY-QV-LY-----QEEQRPVQ-QM--QY---S--LL		135
HPV23	R---Y-H-Q---TEEDF-----SG-AY-S-QF-IQQ--QL--Y-----QEEQRP-GQ-C---QY---S--L		127
HPV38	R---Y-N-Q---TQEDF-----SS-AY-S-QY-CQQ---L--F-----QVEQQT-GL-V---C--L-		111
HPV49	L---Y-DFN-L--DG.F--G--AA-AYRS-YH--TNYHQEI-V-I---GRAAAN-AE-VV--LI--R--LL		108
GroupB2.con	AsFy?KkLslv?r???.??fAcC??CLRLsA?fE?enyfqCsiKa??Le?l????lsei?iRC??Cl?lLd??		79
HPV4	-L--L-----F-GN.CYY---SE-----L--Q-----VH--EIAQKKIK--C---IC--R---IV		110
HPV65	----L-----F-GG.CYY---SE-----R--Q-----VN--EVAQRKIK--C---IC--R---IV		110
HPV48	---HN-R--VIW-DN.TP---TK----T-LY-KD-F-V-TA-SHL-TG-VKKE--D-N---QH-YSF--YL		110
HPV50	---HC---A--Y-DG.IA--A-AK-----I--N-R-YT-----YL-SD-IGRP----A---EN-MC---YI		110
HPV60	-A--I-N-K--WKNR.YC---TP---T-K--A-----MC-GEV--V-TRIP--SLSV--FD--T--SFA		113
	cysteine doublet -><-	cysteine doublet -><-	
SuperC.con	fRCm?K???vv?R?G.?rc??CT?CLEn?LylERrLw?gvPv?g?eae?????ldrlcIRC?YCGGkLT??		72
GroupC1.con	FRcm?KDFHVv?R?G.???GACT?CLENCL??ERRLW?GVPVTGEEA?LLHGK?LDRLCIRCCYCGGKLTKN		82
BPV1	----V-----I-E-.CRY----I-----AT-----Q-----E-----T-----		100
BPV2	----I-----Y-D-.VKF----T-----DK-----K-----Q-----S-----		100
GroupC2.con	?RC??KKIR???R?G.??CAVCT?CLE?GLYLER?L????P?Y?G??? .EPDP?????IRCMYCGG?LTRD		51
EEPV	K--HE----IAC-N-.KH----S--N-----S-FPGR-I-P-DLY.----WVMFND-----C----		93
DPV	R--YD----TVV-G-.LR-----A---K-----V-NAPQ-V-Q-SIE.----FIQKAC-----I----		93
	cysteine doublet -><-	cysteine doublet -><-	
SuperE.con	llFd???l?l?Wr?n.??fgcCq?Car??s?lef?????s???e?e????q?l????lRCv?C???L???		61
HPV41	YA--QSC-Y-S-GEG.GPT-I-SQ-T-VLAR---TARHEV-CAASRLPHFIG-S-SDLEV---R-LAL-QSV		125
COPV	----KAGFQ-I--E-.NA----Y--VC-VV-QCFGSHRHLTSE-LVNVT.KT-QQLS---LG-LSI-SEA		115
CRPV	Q--KCTG-CIV-HKG.WPY-T-RD-TVLSA-DLYCHLALTAPAL-A-ALVG-EISSWFM--TV-GRR-TIP		110
GroupE1.con	LLFD?FDLHL?WRDN.?VF?CCQ?CAR?VSLLEF?LYYQES?EV?E?EE?L??PL??I?LRCVTC?KKL?V?		74
HPV1a	----H-----V----.L--G--G---T-----V-----Y---P-I--I-DR--LQ-E-----I---S-A		109
HPV63	----Y-----I----.F--A---C---H-----M-----F--S-V--L-NQ--VN-G-----T---T-S		110
	cysteine doublet -><-	cysteine doublet -><-	
Unclass.con	????S?????????.C??G?C??C?R??A????????????????V????????L??RC??C??L???		37
MnPV	TAFDF-AFNLVWRGR.-AH-I-TA-A-VC-SLDLFLHHQNSRPLAD-LRDENLTLHG-KA--RV-MKI-SVT		106
MmPV	ASYLA-QLKVIVKDC.-FK-A-IK-R-KL-FAERQKYQVCVGEADL-EAMVGSVHVIN-TV--SE-LAL-TAS		120

## E6 Protein Alignment

		cysteine doublet	
		-><-	
SuperA.con	eK?rh???k?rfh?i?g?w...tG?C??Cw?????????et?v??DQQGSSFLQA		113
HPV54	--Q--VDYNR---CVR-Y-...K-R-LH--KP		144
GroupA1.con	EK?HHI??G??F?FIL??W...TGRCT?CR?QCVERRLP		120
HPV32	--D---YN-RH-R---NR-...-----Q--E		142
HPV42	--N---DT-TR-Q---CQ-...-----H--G-----		150
GroupA2.con	EKDrHRNE?RRLHkIsGyW...RGSCqYCWsRctvrip?		140
HPV3	-----K-----H-...-----R		152
HPV28	-----R---C-A---...-----L-----Q		146
HPV10	-----R-----...-----E-----Q		148
HPV29	---K---K-----...-----L-----MGQS-R		148
GroupA3.con	EKEHQVQAYIHfHYIAGQW...TGRCCQCRGPCTARWQP		146
HPV61	-----		146
E7 start for HPV27, HPV57, HPV2a ->			
GroupA4.con	EKEALLVGnKRFHnISGrW...TGHCmncgs?Cta?dPasRTlH		156
HPV2a	-----S---T-----		159
HPV27	-----Q---T---P-----		159
HPV57	-----K---Q-...-----APR-MENA--L--S-		153
GroupA5.con	EKQ??VDEK?RFHEIAG?W...?G?C?NCW?...??RQ??ETQV		105
HPV26	---RI---R-----Q-...K-L-T---R....PR--.T----		150
HPV51	---KL---K-----R-...T-Q-A---...QRT--RN----		151
GroupA6.con	EKQLHC?yK?RFH?I?h?W...TGsCLqCWR...??tatEs?V		130
HPV30	-----E-K---R-SRT-...-L-----HT-S--TA-		153
HPV53	-----D--K--K-S-M-...-----T-----HT----A-		154
HPV56	-----DR-R---L-A-G-...-----G-----QTSREPR--T-		155
HPV66	-----EH-R---Y-AYA-...-----HTSRQ----T-		155
GroupA7.con	eKlRHln?KRRFH?IAG?y...tGQCr?Cwt?aRedRrrrrretqvLV		140
HPV18	-----E---N---H-...R---HS-CNR--QE-LQ-----		158
HPV45	--R---KD---S---Q-...R---NT-CDQ--QE-L-----		158
HPV39	-----S---K---S-...-----R---TK----LT-----		158
HPV68ME180	-----S---K---NF-...-----H---SK-----T-Q-----		158
HPV70	-----V-T---Q---S-...-----H---SN-----I-----		158
HPV59	D--K-ITE---N---I-...-----G-R-R---HL-QQ-QARSET--		160
E7 start for HPV7, HPV40 ->			
GroupA8.con	EKtnHIVkKtQFFKl?dsW...tGYCLHCWkKcMEKggRSET?C		144
HPV7	-----Q---...-----S-		154
HPV40	-----K---...-----L-		154
HPV43	--VQ---Q-A---IHSV-...K-----S---RR---M-		155
GroupA9.con	EKqRHvd??kRFHnI?GrW...tGRC??Cwr?.....??rreTqvDtdDQQGSSFLQA		149
HPV16	-----L-KKQ-----R---...-----MS-C-S....SRT-----L		158
HPV35h	-----LEEK-----G---...-----MS--KP.....T---E-		149
HPV31	-----L-KK-----G---...-----IA---R.....P-T---		149
HPV52	--E---NAN-----M---...-----SE-----P-PV---		148
HPV33	--K---LN-----S---...A---AA---S.....R---AL		149
HPV58	--K---LN-----S---...-----AV---P.....R-Q---		149
RhPV1	-----QGQ---R-A-Q-...-----LM---P.....TVP---P-----		191
E7 start for HPV6b, HPV11, HPV13, PCPV1 ->			
GroupA10.con	EK?rHIL?KARFIKLn?tW...KGRCfHCWts.....CME?iLP		136
HPV6b	--VK---T-----C---...-----L---T.....DM--		150
HPV11	--LK---G-----NQ-...-----L---T.....DL--		150
HPV44	--V---D-----QD-...-----T---		150
HPV55	--V---E-----QN-...-----T---		150
HPV13	--L---Q-----SS-...-----S.....N---		150
PCPV1	--L---E-----CE-...-----N---		150
GroupA11.con	EKQRHVdENKRFHQIADQW...TGRCTQCWRP.....SATVV		148
HPV34	-----		148



E6 Protein Alignment

	cysteine doublet -><-	
SuperB.con	EKld?c?????fhkvR??W...kg?CR?Ck???dwDR	98
	E7 start for HPV19, HPV25, HPV5, HPV47, HPV8 -> E7 start for HPV12 ->	
GroupB1.con	EKLdiCgr??pFhkVR??W...KG?CR?Ckh??ndwDR	115
HPV19	-----RL-----DS-...-I--L---FY---	166
HPV25	-----RR--L--GS-...-I--L---FY---	161
HPV20	-----KR--YL--GS-...-I--L---FQ---	165
HPV21	-----KFF-----GS-...-I--L---FQ---	168
HPV14d	---R-	146
HPV5	---C---GL-----NA-...-I--Q---FYH--	157
HPV36	---C---GL---R--NA-...-I--Q---FY---	157
HPV47	---S---GL-----NA-...-V--Q---FY---	156
HPV12	---S---GL-----DR-...-I--Q---LYLNN--	157
HPV8	---C---GR-----GG-...-V--L---LYH--	155
HPV24	-----SEL-----RG-...-L--Q--QI	140
HPV15	-----YKEEQ-----RN-...-L--H-RAIE	141
HPV17	---T-Y-HQQ-----RN-...-L--H-GSIG	141
HPV37	---ET-YTQQ-----RN-...-L--H-GSIG	141
HPV9	---AT-YKFEQ-Y---NS-...-L--H-GSVE	148
HPV22	-----CSNQ-----DH-...-R--H--AIE	165
HPV23	-----SFNQ-----NH-...-R--H--EIE	157
HPV38	-----CSHQA-----GN-...-R--H--AIE	141
HPV49	-----AQHRE--R--NR-...-V--H-RVIE	138
GroupB2.con	EKld?lysd??fyLiRG?W...RgyCRNCi?k?GR	105
HPV4	---L---ETC-----L-...-----R-Q	140
HPV65	---L---QAC-----L-...-----R-Q	140
HPV48	---YH--N-VD-L---T-...-V----SHE--	142
HPV50	---Y-CICHGGY-H-V--N-...-C---YEHE-	141
HPV60	---I-CII-GQN--V--R-...-S-----E-	142
	cysteine doublet -><-	
SuperC.con	EK?RH?lfnEpfc??R????...rGRCYdC?RHGsrs?yp???A??	100
	E7 start for BPV1, BPV2 ->	
GroupC1.con	EK?RHVL?NEPFCKTR?NII...RGRCYDCRHRGSR?YP	115
BPV1	--H---F-----A---...-----K--	137
BPV2	--Q---Y-----S---...-----N--	137
	E7 start for EEPV, DPV ->	
GroupC2.con	EK?RHR?F?E??IFR?QV...?GRCY?CTRHG???????A??	73
EEPV	--E---L-C-DFW---H---...R---L-----SRPPYKETP-AV	135
DPV	--D---Y-E-LYV---N---...L---T-----MCSAPYRAN-TG	135
	cysteine doublet -><-	
SuperE.con	eK?e???????vh?vr?????rg?CslCrl??iGDLGGYPPSPGSRGECDECCVPLDHLTPVDLEELG	114
HPV41	--DYILREDLS--RIGGIW...-T-VR-MVGLY	156
COPV	D-.-LCAELNDFSV--GKT...-L-----PP	144
CRPV	--I-LRARNCTLCCIDKGQYFQW--H--S-K-SDQ-----	182
GroupE1.con	EKL?VVS?GERVH?VRN??...KAKCSLCLRY?I	99
HPV1a	---E---N-----R---RL...-----A-	140
HPV63	---A---A-----K---KF...-----I-	141
	cysteine doublet -><-	
Unclass.con	EKL????????F??VR??W...R??CR?C??AIEC	52
MnPV	---ECAERGES-AK--GQ-...-AR--I-KPV	135
MmPV	---DAKCELQT-IL--HM-...-TS--A-RTP----	153
SuperE.con	LYPGPEGTYPDLDLPGVGFGEEDDEGGGLFDSFEEDPGPNQCGCFCTSYPSGTGDTDINQGPAGAAGIA	186
CRPV	-----	254
SuperE.con	LQSDPVCFCENCINFTEFR	205
CRPV	-----	273

## **E6 Protein Alignment**

## E6 Nucleotide Alignment

SuperA.con	ATGAAAAAGGGTGTAACCGAAAACGGTGCAACCGAAAGCGGTGCATATAAAAAGCTCCTGAAACTTTGG?T?	70
	TATA box E2 binding site E2 binding site RhPV1 ->in RhPV1<- ->in RhPV1<- -> <-	
GroupA9.con	ATGAAAAAGGGTGTAACCGAAAACGGTGCAACCGAAAGCGGTGCATATAAAAAGCTCCTGAAACTTTGG?T?	70
HPV16	A-G	3
RhPV1	-----T-T	72
SuperB.con	ATGGCtaca?ctgacTCTTCAacagaca?tgctGa?gaaggtcct?c?c??atgg???a??a?g??	51
	E2 binding site ->in HPV22<-	
GroupB1.con	ATGGCtaca?ctgacTCTTCAacagaca?tgctGa?gaaggtcct?c?c??atgg???a??a?g??	51
HPV19	ATGGC-AAC-CAC-G-C-A-AGAAGAAGA-ATAG-AATT-TA	42
HPV25	ATGGCAA---CAA-T-C...GAA-AG-GCATA.....	30
HPV20	-----C--CCT-----GA-----GC-----T-----A--AT-T.....	48
HPV21	-----.....-G-----C-----T-T-CT-A-...CGTAGACAT	57
HPV14d	-----G--A-----G--A--T-----T-T-CT-A-AGTA-CT-TTGT	66
HPV5	----CTG-GGGA-CC	15
HPV36	----CAG-GC-A-CC	15
HPV47	----CTC-GA-G-CT	15
HPV12	----CAC-GC-G-CC	15
HPV8	----ACGGGC-G-AC	15
HPV22	-TGC-ACCGCT--TG-T-AT-TA-G-A-TGC-T-CAT-TT-TTTA	45
HPV23	ATG-AG-CT-TGC-TT-TTTA	21
SuperE.con	ATGGCATCAACAAGCGGT	18
HPV41	-----	18
Unclass.con	ATG	3
MmPV	---	3

## E6 Nucleotide Alignment

SuperA.con	???atg???atgatg?tg???ttt???aat?c??c??aacg?cCa?g?a???Taca??a?tTgtGcaa?gag	114
HPV54	---TCTGCTAC-GAACCCACA-GG-C-AG--GC-T-CTC--GCTG-T-----G-TA	60
GroupA1.con	ATG?CA?GTAC?TCTGCCTCATCACAGCCA?G?ACATTATACCAATTGTG?AA?GA?	49
HPV32	---G--A---T-----A-T-----C--A--T	57
HPV42	---T--G---A-----C-C-----T--G--A	57
GroupA2.con	ATGGCAGTAGCCATGTCCAtgG?TG?acact??CCaAaAAAcATATTcTatTGTGcAGA?Ac	58
HPV3	-----T---A--C-A--GC-----T---C-----A--	63
HPV28	-----A--AC--ACGG--T-----G--	45
HPV10	-----G--C--GGAA--C-G-----G--T---T--A-T	51
HPV29	-----GA-G--ATGG--AT-----T-----G-----G--	51
GroupA3.con	ATGGGACCGTGCAATCCAACCTAATATTTTCTGCTCTGCAAGGAC	45
HPV61	-----	45
GroupA4.con	ATGC?CACAAGGGCAGGGATGTCTGaaGAgAATCCATGCCCTAGGAACATCTTTtTGCTtTGCAaAgAG	68
HPV2a	---A-----G-----	69
HPV27	---G-----A-----C--	69
HPV57	-----A-----C---G---G---	51
GroupA5.con	ATGTTTCGA?GA?AG?GAA?GACC??GAACGCT?CATGA??TATGTGAA???	39
HPV26	-----G--TCCT--A---C---CA-----A-----GC-----AGC	54
HPV51	-----A--CAAG--G--A---AC-----G---AT-----GCT	54
GroupA6.con	ATGatggat?cca?ATT??a?AAtaCA?agGA?CGtCCACG?A?ccTGCACCAcTg?GtGAGGTa	56
HPV30	---C--TT--A---TG-A-----GGC--G--C---T-CTG-----TT-----	63
HPV53	---GATCG-CAGTT--TG-A-----G-A-G--A---T-CAT-----G--AT---A--T	66
HPV56	---GC-ACA--CA-C---C--C---A-----A-G-----CT--A-----	63
HPV66	---T--T---CAGC---C---A-----A-G-----A-C-----	63
	* RNA start site from P(105) for HPV18	
GroupA7.con	ATGGCgCg?TTT?ac?AtCCT?ca?aaCG?CCaTACAAa?TgCC?GA?cTGTGCAC??ca	49
HPV18	-----C---G-GG---AA--CGG--A--C---GC-A--T--T-----GGA-	60
HPV45	-----C---G--G---AAAGC---A--C---GC-A--A--TT-----AGA-	60
HPV39	-----A---C--A---G--G---G-----T---A--C-----AA-G	60
HPV68ME180	-----TA---C--A-C---GAGG---G-----T---A--C-----GGA--	60
HPV70	-----A---CC-A---G--G---G-----T---T--C-----GG-G	60
HPV59	-----A--C---G-GG---A--C---A-----C---T--TT--A---AA--	60
GroupA8.con	ATGTCTGCACGtGcGCTCCcaa??GC?aGgACT?TaTtTGAatTgTGTGAccAG	52
HPV7	-----AC-. . . .T--A--T-----A-----	54
HPV40	-----G-----G. . . .C---CC-G-A---C-----	54
HPV43	-----A--T-----AAC--AC---A-----G-----TG--	57
	degenerate E2 binding site	
	->in HPV16<-	
	* RNA start site from P(97) for HPV16	
GroupA9.con	????????A????G??atgtttcaggAccCaga?gaa?gaCC?cggAcatTgCatgA?tTgtGc?agg?g	120
HPV16	CACCAAAAG-GAACT-CA-----C-G--GC---CA-A-AG--A-CAC-G--A---ACA-A-	75
HPV35h	-----CT---C---TTAC-A-C-----T-----A-C-A-	54
HPV31	-----CA-AA-T--T-CA---A---T---A-----AC-AA--TC--CA	54
HPV52	-----G---T---CAAC-C---C---CC---C--A---TG---T-	54
HPV33	-----A---A-T--G---AA---A--A-----T-----C-A-CA	54
HPV58	-----C-----G---G--GAA---A-----T-----TC---C-	54
RhPV1	TTTGTGGCA-TGGTA-ACTGCCC-GGC--G--A-C---TTG--CA---CA-T--C--AC-A--G--CA-	144
GroupA10.con	ATGGAAAgtgcaaATGCCTCCACGtCtGCaAaaaactATAGACCAGTTGTGCAAGGaG	57
HPV6b	-----CG--C-----AC-	57
HPV11	-----AA-G-----C-T-----AC-	57
HPV44	-----C---G-----	57
HPV55	-----G---C---G-----	57
HPV13	-----C-----	57
PcPV1	-----AA--T-----C-----G-----	57
GroupA11.con	ATGTTTTTTCCAATCCTGAGGAACGGCCATACAAGCTACCAGCCTTATGTGAAGAG	57
HPV34	-----	57

E6 Nucleotide Alignment

SuperB.con	?a?ga???a?a?a????ac??a?at?atgga????cca?tacCt?caact?T??a?ga?ct?gc?ga????		90
		E2 binding site in HPV23, HPV49	
		->      <-	
GroupB1.con	?a?ga???a?a?a?????c??a?at?atgga????cca?taCCt??aac?aT???ga?cTagc?ga????		88
HPV19	G-A--GGG-ACT-CTGCAC-AC-GG-C-CA--GCCA---T---AGC---A--TGCT-GAT----A-CATTG		114
HPV25	. . .-GACC-CCAGAGCAAG-GC-GG-T--AC-GCCA---T-G--AGC---A--TACT--T-----A-CTTTA		99
HPV20	A-TATGG-G-GGC AAAAC-TCCA--CT-A--GCCA---T-G--GC---A--CTGT-GC-----AA-ACTT		120
HPV21	TTA--AGA-G-A-ATACAT-TAGCT-TT-A--GCCA---T---AGCT--A--TCGT--C-----CA-TCTG		129
HPV14d	G-TAGCAC-G-A-CCAAAT-TTCTT-T--A--GCCA---T---GC---T--ATTG-GCT-----AA-CCTA		138
HPV5	G-AC-CCA-C-G-AACTGA-AG-A-AAGATA-GGCAGA-T-----TT--GT--TAGA--CT----T--AGCC		87
HPV36	TCC--ACAGC-G-ATATTA-AG-A-AAGAAA-AGAA-AGC-G---TT---T--TAAG-GC--GT-A--ATCA		87
HPV47	TTG--ACAGACT-CAGTTAAAG-GGAA-A-CTA . . .GA-C-----ACT--T--TAGA-GCT----TC-ATTG		84
HPV12	G-TC-GCAG . . .-CAGTGA-AG-C-GT-C-CCT . . .GAGC-G--CAC---T--TAAA--GT---T--CCTT		81
HPV8	A-G-CTTC-T-TTTAGACA-TA-T-AGGAC . . . .GAGC---CTCT--T--TAAA--GT---T-CGGCT		81
HPV24		--GGCTC-ACCAGGTAA----CAGT-AG-GTTA--A--TAGTAGATTA	48
HPV15		-----TAGG---AAG---TTTT-TG-GCAGC-G--T--A--CACT	45
HPV17		-----TAGG---AA---CA---AG-GAGG--G--T--T--TACC	45
HPV37		-----CTAGG--TAAG---CA-T-TG-TCAAC-G--T--A--TACT	45
HPV9	ATGT-TTTAACAGAGC-G--T-----CAGG---AA---AG---AG-AAAG--A-----A--CACT		66
HPV22	AGTAGGATGGGCTGCTATT-TGTAT-C---CTTTG-A-AG---ACTG--AG-ACAGC-A--TAGT--TAAG		117
HPV23	AGTAGGATGTGCTACACCAAATTAT-G-----CTCGA-GCG---ACTG--GG-ACAGC-A--TAGT--TAAG		93
HPV38		-----ACTA---AA---CA---TG-GCAGC-G--CAGT--TAAG	45
HPV49		ATGG-TAG---GTT-AGG-ATGT--G-----CC-CCAC	39
GroupB2.con	ATGCAGATGatgGaagat?g?agacCtacaacttTGga?gacTactGCa?acaa		50
HPV4	----C-----G-C-----G-----C-----C-----T-----G--G-		45
HPV65	----C-----G-C-----G--G-----C-----T-----G--G-		45
HPV48	-----GCCACAATTT-----TGA-----TTCA-----A-T-T		45
HPV50	-----GCC-CAG--G--A--A-----TG-----T---AG---		45
HPV60	-----GAA-----CA-GTTT--A-----AG--CT--T--T---TCTG--		54
SuperC.con		ATGGACCTG?AA??T	12
		degenerate E2 binding -> site in BPV2	
GroupC1.con		ATGGACCTG?AA??T	12
BPV1		-----A--CC-	15
BPV2		-----C--AG-	15
SuperE.con	GTGGGATCC?T?????G?????tggaga?g???c??ccac??tCggT??gggAgcTgtg?????c?		57
HPV41	-----G-CGGGCCT-CAAGCTGTTGC-----C-CAGAAG-----ATA-CA-AC-----T----TTTGG-G		90
COPV	A-GTTTTGG-GGGCACTGT-ATCA-T-GAG-GC--GACG-----GA-A--T--T--CATGT-T		63
CRPV	A-----ACTGC-TG---GC---C-AGA-A-----CAGCAAATA		45
GroupE1.con	ATG????GACA?C??T?C??C?GT??G??A?CT????????		17
HPV1a	ATGGC-----C-AA-C-GGA-C--CA-AC-G--TTCCGAAAGC		42
HPV63	---GACCT---T-TG-A-ATT-G--TC-GG-T--GAGTTCTGCT		45
	degenerate E2 binding site ->in MmPV <-		
Unclass.con	CCGCAGCCACCAGACCGTATTTCGTTTATGGAACCTTTCGCA??GA????AC??TG?A?????T??TG?A????		54
MmPV		--TG--TAGG--CG--C-CTCCT-TG--G-GCGG	33
MmPV		-----GA--GTAC--TT--G-GCAGC-AC--A-ATTT	75

## E6 Nucleotide Alignment

SuperA.con	tt?ga?at??c??tgca?ga??T?caa?T??a?TGtgt?tatTGcaaaaaa??tTa?c????gcaGAggta	163
HPV54	-GCA-T--TC-TA----TAGTT-G---C-TCCT----CC-T-----G--GACGG-GTGTACA-----A-T	132
GroupA1.con	TTTGGGCTGAC??TGCGGAATTTACA?AT?T?CTG?ATTTGGTG?AAAAA?CACTTAAC??G?GC?GA?G?G	107
HPV32	-----CC-----A-C-G---T-----T-----C-----CA-T--T--A-C-	129
HPV42	-----AT-----G--T-C---C-----C-----G-----AG-C--A--G-T-	129
GroupA2.con	agtGGAaTAcCaTTtGAgGACCTtCGccTgcacTG?aTaTtCTGcaCgAAA?agCTgACcacagCgGAacT?	127
HPV3	-CC-----GG-----C-----C-----C-----T-----C-----T--A-T-----A	135
HPV28	-----T-----T-----C--TT-----C-----G-C---GT-----G--A	117
HPV10	T-----T--G-----TG--T---T---A--C-----G-----T-G	123
HPV29	-----G-----A--G--TG-T-----G--A---GCC-A-----G	123
GroupA3.con	TACGAGGTGGACTTTGAGGATTTAAGGCTGACATGTGTATTTTGCAAAAATGAATTAACAACAGAAGAATTG	117
HPV61	-----	117
GroupA4.con	TATGGTtTGGAGCTAGAGGATTTGaGATgTCTcTGcGTgTatTGCaaaCGgcCGtTaTCAGAcGCTGAtgTa	140
HPV2a	-----C-----T--A-GG-----G-----CA--	141
HPV27	-----C-----G--AG--C-T-----	141
HPV57	-----A-A--G-----G-----G-----	123
	GT repeat in HPV51	
	->      <-	
GroupA5.con	TTGAA??T?CT?TGCA?AAT?T?CAGGTA?GTGTGT?TATTG?AA??A??T?TA??G?GC?GATGTA	87
HPV26	-----TAC-A--T---A---T-G-----CA-----A-----C--GG-AAAC--CAAT-G--T-----	126
HPV51	-----CGT-T--A---C--A-A-----GT-----G-----T--AA-GGAA--TGTA-A--A-----	126
GroupA6.con	ttagAaAtAcCtTT?cT?GA?CTt??a?TatcaTGTGTaTa?TGCAA?AAGGaA?TaaCaagttcaGAGgTA	119
HPV30	CA----C-T-G--G--G--G--ACAGC--CAG-----T-----G-----T--T-C--C-----	135
HPV53	G-GA-T-A---A--G--G--G--GCA-C-TGGC-----G-TC-----G-----C-T-G--GCC-----	138
HPV56	-----AA-T--T--AG-T-----T-----A--A--C-----C--G-T-----	135
HPV66	---C-----A--T--T--AG-T-----C-----A-----C-T-----T---C--	135
GroupA7.con	?TG?AcActaCa?TgCA?GAcAtTacaATag?cTGTGTcTaTTGcAaaa?acaacT?cAacaaAcaGAGGTA	114
HPV18	C--A-----T--C---A---AGA---AC-----A-----G-C-GT-T-GG---TT-----	132
HPV45	T--A-T--AT--C-A--A--G-AT-T--T-C-----A-----GC-AC-T-GG--GC-----	132
HPV39	C--G---C--CT---G-----C-----G-CG--C--A--G-----C-----	132
HPV68ME180	T--G---C---T---T---G-----A-----G--GG---A--GG-----	132
HPV70	C--G-----T---C-----A-----T---C--G--A--G-----	132
HPV59	T--A-T-T-C-TC---T--T---CGC--CAAT---G-T-----GGGG---G--G--G-----	132
GroupA8.con	TGcAAAtATAcATTGCCTACgtTGCAAATgattGcaTaTTTGcAAgA?g?tTAcAAcAgCtGAgGTA	121
HPV7	-----A-----T--C-GCA-T-----G	126
HPV40	-----T-----TG-G-----C-G-CC--A-----	126
HPV43	--T--C-----T-----TC-----GG-----A-TGG---TT--CA-G--A--	129
	16 E6* 5' sj \	
GroupA9.con	?tggAaa?aac??t?cAtgAaaT??atTg?A?TGtGTgtA?TGcaaaaaa?atTacaacgaa?tGAGGTA	178
HPV16	C--C---C---TA-A-----T--AAT---AG-A-----C-----GC--C-G---TG--CG-----	147
HPV35h	G-A---GA--GCA-C-----TTGT--A-T---A--C-----C--G-A---G--G-G-----	126
HPV31	T-----T-C-CTACG-----C-AAG---A-T---C--C-----GGTC-G--AC-GA--CA-----	126
HPV52	C-----GA-T-GG-G-----AAGGC--C-G-----C-G-----G-GC-----GA-----	126
HPV33	T---G-C---TA-A--CA-C--TGA-C-AC-G--C--G-A-----CCT--G---TC-----	126
HPV58	T---G-C-T-TG-G-----CGA-----A-A--C--TG-A-----GACT--G--G---TC-----	126
RhPV1	CGT--GGAG--CC-G--C--GC-TCA---G-G--C-----T---CTG--GG-AC--AC--C-T-----	216
GroupA10.con	TgcAAccTtctTaTGCaCa?ttTGCAAATTTtaTgCgGTGTtTGCaggAAaaCccTgaccACTGCAGAgTt	128
HPV6b	-TT--T--A-----T-CG-----AAT--T-----A--TG-A-----A-----A--	129
HPV11	-TT--T-----T-----C-C-----CAG-----TG-A-----C-----A-A	129
HPV44	-----A-C-----A-C-----A-----GT-A-GT-----	129
HPV55	-----A-C-----CA-----A-----T-----	129
HPV13	-----GC-----C-----C-----T--G-----	129
PCPV1	-----G-----G-----T-T-----G	129
GroupA11.con	GTCAACATTTCaATACATGAaATAGAATTGGACTGTGTATTGCGAACGACAActGTACAGATGTGAGGTA	129
HPV34	-----	129

## E6 Nucleotide Alignment

SuperB.con	ttaga?ATtaccctttagt?GAtttttt??TaccctTGtaa?TTtTgt?g?a?ttt?TaccctatttagAa?t?	150
GroupB1.con	tTag??aTaCC?tTagt?GAttgttta?TaCCtTGtAa?TTtTgtgg?ag?TTttTaac?tatttaGAa?t?	149
HPV19	C---AA-----G-G-AT--C-----G-G-----T-C-----C-AG-----T-AC-----GCG	186
HPV25	--G-AA--T--A---AT-----C--G-----C-C-C-----C-AC--C---A-----GA-C	171
HPV20	---AA----GC---AT-----GA-----C--C--C--T-AT--CC-T--AC-----G-T	192
HPV21	---AG----A-G-AT-----G-----C-----C--T-AT--C-T--TC-----G-T	201
HPV14d	--G-AA----AC---AT-----G-----C-----T-AT--G--TC-----G-C	210
HPV5	---GC--C--TG-GA-T-----A-----C-T-C-----C-AC--C--AT-----G--GCT	159
HPV36	---GC--T--G--T--A--C--C--A-----C-----C-AA-----GAT-----GCT	159
HPV47	---AC----T---A---CT-----GC-----C-C-----C--A---C-TGAC-----G-T	156
HPV12	---AT----T---T--C---GG-----C--T-----C--A-AG--C--GAT-T-C-G--G-G	153
HPV8	---GT--T--A--GCAG--C---C-G---G--C--C-----T-AC-----GGAT-TC-----C-G	153
HPV24	---AAT----A---AC-----G-TG---A---C---CAAA--A--C---GT---AC---GT-A	120
HPV15	C-GTGT---T---A---ATA---T-G-----GA-----CAG--A-----A--A---T-A	117
HPV17	--GTGT--T--A---G---AT---T-----C-GA-----AAT--G-----G-T--CA---T-G	117
HPV37	--TGT---T---A---GT---C-G---C-GA-----TAT--A--C---G-A--A---T-G	117
HPV9	C-T-TG--T--T---A-A---TG-GA-----A---CAAT--A-----T-T---T--GC-A	138
HPV22	--GACTG---TG---A---CT---GC-----GA--C--CA-T--G-----C---G---T-G	189
HPV23	--GACAG---AG-G--A---CTC--GC-----C-GA-----TCT--G---C-T--C-----GT-G	165
HPV38	---ACAG-T--TG---AG---CTG--T---C---GA--C--CAAC--T--CC-C--G--CA-T--T-A	117
HPV49	---AAT----TA--TTGG--AGT---GC-T-----T-----CACGG-G--C---A---CAG--GT-G	111
GroupB2.con	tttgA?ATt?ctTTttttGAtT??a?cTtaa?TGtaT?TTTTGTa?attT?ctgT??cT?c??gAtcTt	107
HPV4	--C--C---T-C-----GCGC---CT---T-----TCTCA-A---CGA-C-TGCG-----	117
HPV65	---T---T-----G-C-T---CT---T-----TCTCA-A---TGA-C-G-AA-----	117
HPV48	---A-C--AAGC-----C--AGTT---G---C-----A---T---AT--A-TGTT-----	117
HPV50	CAAC-G---AG-----A--AG-G--AC-G--CT-G-----A---GT-A-TA--T-G-CT--CT-A	117
HPV60	-----T--C---AAAA--C-TA-GT-A--A--G-A-----G---TACT-AA--GAA-AGC-GT-G	126
SuperC.con	TTTa?g?g?g?c?At?ccT???cAg???Tgg?cTgtgT?TggTGCa?ggag?ctcTt?ca?A?GTtGAtGct	65
	degenerate E2 binding	
	<- site in BPV2	
GroupC1.con	TTT?C?AGA??CAATCC?TTCTCAGG?TTGG??TGT?T?TGGTGCAG?GAGCCTCT?ACAGAAGTTGATGCT	72
BPV1	---G-A---AC-----A-----G---AT---C-G-----A-----T-----	87
BPV2	---T-C---GG-----T-----A---CC---G-T-----G-----C-----	87
GroupC2.con	ATGT?TG??GA?T?CTATG?A?A?CT???CTG??T?T??TGC?A??G??T?G??AAGGT?GA?GC?	39
EEPv	---G--GC--A-G-----C-T-C--CAC---CA-C-GG---A-GAAG-GCT-A-AT-----A--T--A	69
DPV	---C--CT--T-A-----A-C-T--ATA---TG-A-TT---T-CTGT-TTC-T-GA-----G--A--T	69
SuperE.con	ct?ca?aTc?CaTtt?ttgat?Tg??g?Tt?ctTGcaatTtTTGc??aA?tttcTtac?aatgc?GAaAa?	113
HPV41	-AG--G--AA-T-A-CCATGCA-ACA-C-CTGC---C---A---TAT--GA-C---GCGTATG--T-T	162
COPV	--AA-GC--T-T--GC-----C--TC-C--G-----A---TGGC--TAA-A-A--A--ATA-----G	135
CRPV	T-A--A--AT---GGAG--CT--CC-T--GG---T-TA-----GGG--A--G---GGGC---A-----A	117
GroupE1.con	CTC?GTATCCCAT?TATTGAT?T??T??T?CCTTG?AATTTTG?????A?TTT?T??C?AATGCTGA?AA?	68
HPV1a	---T-----A-----G-TT-AT-G-----T-----TAATT-T---T-GT-T-----G--G	114
HPV63	---C-----T-----T-GG-TG-T-----C-----CTTGA-A--C-TA-A-----A--A	117
Unclass.con	CT????TT?CT??GGA????CT??TGCT?CC?TGC??T?TGC??AG?TTT?T??C??A??A???	88
MnPv	--GGGAA--C--CG---GGAC--CC---G--G---ACA--C---TCG--G---C-TACC-AGG-GG-ATTA	105
MmPv	---AAATG--A--TT---TACT--TA---A--T---CAT--T---AGT--T---A-GGAT-TTA-TA-TAAG	147

## E6 Nucleotide Alignment

SuperA.con	tatgcatTTgcattt?aga?tTa??tgTagTgtatagaga?gg?..??tcCatatGc?gcaTgt??a???	218
HPV54	-----CA--A--AG--CC--TT---G---GG---C-C--C...TT---C---T-----GC-CTG	201
GroupA1.con	??GC?TA?CATTTTAAAGATTTG??GT?GTGTGGA?GAA?G?C...TTCCATATGC?GC?TGTGC?TT?	160
HPV32	TAT--A--T-----CAC--A-----A--A-G...-----C--C-----C--C	198
HPV42	CTC--G--C-----GTA--G-----G--G-A...-----T--A-----A--T	198
GroupA2.con	gcAGCATTtTgcatT?G?GAA?TaaATgTGGTGTGGAgAa?gGGA...GcgCCcTAcGGTGCcTGTGCaCgG	191
HPV3	CA-----AC-G---C-G-----G-----...-----T-----	204
HPV28	T-----AA-A--C-----C-----C-----T-----T-----C---	186
HPV10	-----C-TA-A--T--T--T-----GC-----...-T--A-----	192
HPV29	-----TGCA-TC-G--T-----A--GT--...--T-G-----A-----C	192
GroupA3.con	CTGGCGTTTGCACtAAAGGAGCTAAGCATTGTGTGGAGACATAAC...TGGCCATTGGAGTATGCGCACCA	186
HPV61	-----...-----	186
GroupA4.con	ttGGCATTtTGCaAATAAaGAACTGTtTGTAGTGTGGAGAAAGGGc...TTCCcTtTGGAGCaTgTgAAAA	209
HPV2a	-G-----A-----C--C-----	210
HPV27	-----C-----	210
HPV57	C-----G---G-----A...-----A-----A---	192
GroupA5.con	TATAAT?T?GCA?TT?TGA?T?A?T?GTATATAG?GATA??...A?TCC?TATGC?G?ATGCAAA??A	135
HPV26	-----T-T---A--TG---CC-A-GAG-A-----A---GG...-G--G-----T-C-----AG-	195
HPV51	-----G-A--T--AC---AA-T-AGA-T-----G---AT...-A--A-----A-T-----CA-	195
GroupA6.con	TATAAtTTTGCATgtAc?GAttTAA?AcTaGT?TATAG?gAcgat...tgtCCaTATGcAGTgTgCa?a?T?	181
HPV30	-----AA-----G--G--A---G--G--C...A-C-----ATT-C	204
HPV53	-----A--A--C---G-G---G---A---GG...-A--G---G-----A-T-C	207
HPV56	-----C--T--A---A-T---G---G--T---...-T--T-----G-G-A	204
HPV66	---GG-----TT--G---A---A---AA--A---...-G-----A--T-GGG-A	204
GroupA7.con	TaTgAATTTGCaTTTa?tGAtTTAttT?TaGT?TATAGagACgG?...?tacCatatGCtGCatGcCaAAA	178
HPV18	-T-----AA-----G-G-G-----A-T...A---CC-----T---	201
HPV45	---C-----T---AA-----G-A---G-----T-T...A--G-----T---	201
HPV39	-----G-----A-G---A---G---G...GA---CTA-----TC-	201
HPV68ME180	-----C---GG---C---AA-G---A---G---G...G---TA-----TC-	201
HPV70	-----G-----A---A---A---A---G---G...GAG-----	201
HPV59	-T-----T---A--C---A---G-----T-T...AC--G---A--G--T-TG--	201
GroupA8.con	cTggCcTTTGCaTTTAGAGgTTAtatGTtGTGTGGCGcGACGac...TtTCC?tttGC?GCaTgt?ta??g	185
HPV7	-----A-----A-----...---T---A--G--G--AA-	195
HPV40	-----C-----...---ACAC--C-----CC--CG-	195
HPV43	T-AT-G-----T---AGG-----GA...-A--G---T---CT-GGCC	198
GroupA9.con	TatgA?TTTgcattt?caGATTtaagaaTaGTatATAGAgA?gg?...aatCCAatGgagTaTgTa?ata	241
HPV16	----C----T---CGG-----T-C-----T-G...-----CT-----GAT-A-	216
HPV35h	----C-----GCTAT-----GT-T-----A-C...C-G-----C-TG-A-	195
HPV31	-TA--T-----A-----C-----G--C-AC...-CA--C-C---G---CA-A-	195
HPV52	--CA-G---CT---A-----C-----CAAT...-----C--G---TT--G	195
HPV33	----T-----G-----C-G-T-----G--A...-----T---A-----AAC-G	195
HPV58	----C---T---G-----G-----T--A...-----T--C-----AAG-G	195
RhPV1	----T-----CGGTGG-----T-G--GC---C-A--C...--G---C--G-----CCC--	285
GroupA10.con	TAT?CATttgcaTATAA?ca?tTA?AtgTagTGTggCgaGgcaac...TtTCCaTtTGCaGcCtGtGCctgt	193
HPV6b	---T---A-----A--CC--A-G--CC---TT-----GG...-A-----A-----C--G--C	198
HPV11	---G---A--C---GA-CC--A-G--T-----A-----...---C-----G-----	198
HPV44	---T---C-----A--G--T-----AC---A---...-----AT-	198
HPV55	---T---C-----A--G--T-----TT-----T-----...-----AT-	198
HPV13	---G---CAG---GAGT---T--A-----AC-G...-----G--T---A--C	198
PCPV1	---G---CAG---GG-T--A--A-T-----AG-----T...-----G-----A---	198
	E2 binding site	
	->in HPV34<-	
GroupA11.con	TATGATTTTATATTTAGAGATTTATGTGTGTATATAGAAAGGGG...AAACCACTTGGGGTATGTCAACCG	198
HPV34	-----...-----	198



E6 Nucleotide Alignment

SuperB.con	?gtga?TTtgAt?a?AAAAa?cT?a?ttTaaTtTggAaaga??at??t?tttgt?ttTGC?tgtTGt?gt???	204
GroupB1.con	tgtga?TTtgAt?a?AAAAa?cT?a?ttTaaTtTGGaAaaga??a??t?tttGT?ttTGC?tgctGtctgt?gt	206
HPV19	--C--A-----G-T----GA--T-G---G-----GTC-T...C----G-A---T-----CT-G	255
HPV25	-----G-----G-G----GA--T-G---G-----AT-T...C----G-A---C-----CT--	240
HPV20	-----G-----G-G--G--G--T-C-----TC-T...-G--T-----A-----GT-	261
HPV21	-----G-----G-G----G--T-G---C-----TC-T...-G--G-----C--T-----GT-	270
HPV14d	-----A-----G-G----A--A-G-C-----GTC-T...-G--A---T--T--C---GTA	279
HPV5	-----A--C--CT-C---GG--T-G-C-----TT-T...-G--G-----G-----CGTA	228
HPV36	-----G-----GGTT----G--T-G-----G--TT-C...-G--A---C-----GT-	228
HPV47	-----T-T-----G--T-C-----CT-C...AG--T-A---C-----C---TTG	225
HPV12	-----T-----CA-A--GC-G--A-CAC-----GTC-T...-----TAC---T-----AA--	222
HPV8	-----G-----CA-A--G-GA--GTGCC-----A-TT-C...G---TAC---G--T---T--	222
HPV24	AC--C-C-----CACC--TGCT-A-G---G-----CG-T...-----G-----A--T---A-ATA-	189
HPV15	GTAAGT--GA--CGT--GGT--GCAG-----CT--GG-AGAT---T---C--T---TC-A--	189
HPV17	GTG-CG-----TTA--GGTT-GCAG-----CT--AG-AGAT---G---C--T---CA--A--	189
HPV37	ATC-CA-----CGA--GGT--TCAAC-----CC--AG-AGAT--A--G-A---G-----AC-A-C	189
HPV9	CT-A-T-----C-C--GTGTT-ACAGC-T-----C--GG-GGAT--G--G-A--GACT---A--A-C	210
HPV22	C-GC-A-----T-T--G--TT-GCAA-----C--CG-GGAC---G-----A--T---CA-CG-C	261
HPV23	C-A--A-----T-T--C--TT-GCAG---C---C--AG-AGAT---A---A---CA--G-C	237
HPV38	C---G-----T-C--G--CT-ACAG---C---CTC-AG-GGAT---T---A--T---A-CA--	189
HPV49	-TA--A-----CT-T--G-CT-T-A--GC-G-----CGGA...-----C---GT--T---GCAGC-	180
GroupB2.con	GCTtc?TTtAt?ttAaGaa?cT?a?ttTagTtT??Agaga??gT...t?tt??TtTGCatgtTGt?CT?aa	162
HPV4	----TA--C---C-----A--T-G-----A-TT---GAAA-...-G--AT-A-----T--G--	186
HPV65	----G-----C-----G--T-G-----TC--G-GGG-...-GC-AC-A-----C--T--G--	186
HPV48	----T--C--AAC--ACGA--GTC-G--A--GG-----TAA-...ACACCA-----A--A--	186
HPV50	---AGC---C--TG---A--GT-AGC-C-T---AT-----TG--...AT-GCT---TGCG--CG--A--	186
HPV60	---G-A-----A-----TT-A-AG-----GG-A-A-CC--...-A--GC-----T-----A--CCG	195
SuperC.con	ttt?G?TGCa??g??AAA?A??Tt???t?Gt?ttc?G?gaaGG?...?t?a?aTgTG?tG?aTGTACcact	111
GroupC1.con	TTTAGGTGCATG?T?AAAGACTTTTCATGTTGTA??CG?GA?GG?...??A?AT?TGGTGCATGTACCA?T	127
BPV1	-----G-C-----ATT--G--A--C...TGT-G--A-----T-	156
BPV2	-----A-A-----TAC--A--T--T...GTG-A--T-----C-	156
GroupC2.con	??CGATGC?ATGA?AAAAAAT?AGAA?AG?G??AG???GG?...????TGTGC?GT?TG?AC??C?	80
EEPV	AAG-----C---A-----A---T--C-TGC--GAAC--A...AAACAT----T--C--T--AT-T	138
DPV	CGC-----T---C-----T---C---T-GTA--AGGA--G...CTCAGA-----A--T--C--TG-A	138
SuperE.con	ctgcttTTtgAt?a??tggttTgca??Tt?tcTGGcgagAaaa?...t?ggcgtttGg?tgctGtca??ac	170
HPV41	TACGC---C--CC-GAGCT--C--T-CT-ATC---G-----GGG...GG-C-AACG--TATT---TCTC-G	231
COPV	-----A-AGC-----T--GT-AA-----C...AAC--A-----A-----GT--	204
CRPV	-AAT-G--CA-ATGCACG--GC-ATGCA--G-A---ATA--GGG...-G-C---A--GAC---CAGAG--	186
GroupE1.con	?TGCT?TTTgAT?ATTTTGA?TTGCATCTT?TCTGG?GAGA?AAT...TT?GTGTTG??TG?TGTCa??G?	123
HPV1a	C----T-----C-----T-----G-----A-----C---...-G-----GA--C-----AG-G	183
HPV63	T---G-----T-----C-----A-----C---T---...-C-----CT--T-----GT-C	186
Unclass.con	?C????T??????T??T??T?AA??TT?TT??A?AG???G?...TG????A?GG????TGCA?????	112
MnPV	A-TGCA-TTGACTT-AG-GCTT-T--CC--G--TGG-G--GAA-G...--TGCCC-T--AATC---CAGCC	174
MmPV	G-CAGC-ACCTTGC-TC-CAAC-A--GG--A--GTT-A--ATT-T...-CTTTA-G--GGCT----TTAAA	216

## E6 Nucleotide Alignment

SuperA.con	TGttTa??atattatgg?aaa?t?ag??aatatagacattat?a?tattc?gt?tatggag?aacagT?Gaa	277
HPV54	--CC--GA-C-GC-C--GC--A-A-ATT-TAGA--G---CGCG-CCG-G-GTGCCTGT-G-A-----G---	273
GroupA1.con	TG?TTAGAATTT?ATTCTAAA?T?TGTGCACTGCACACTACGA?AGATCAGCATTTTGG?ATACAGT?GA?	224
HPV32	--C-----T-----G-G-----C-----C-----A--A	270
HPV42	--T-----A-----A-T-----A-----T-----G--G	270
GroupA2.con	TGtTTAct?cTa?AgGGCATtgt?CGaCGCTaAAaTa?TGGgAcTATTCaTatTaTGT?gaaGGcGTGGAA	258
HPV3	-----TG--G-----CA-----T-----A-----ATCT-----	276
HPV28	-----A--GC-----G-----G--GC-C-----TG-----G-----	258
HPV10	-----C--C-----A-----T-----A-----T-----	264
HPV29	--C---T-GT-TG-A-----AAAG--G-----C---C-G---T-G--T--G-----	264
	degenerate E2 binding site ->in HPV61<-	
GroupA3.con	TGCTTGGCACGTGAAGTAAAAGTGAGGGAGCTGCGACATTGGGACCATTCTGTACGGACCCACTGTGGAA	258
HPV61	-----	258
GroupA4.con	TGCcTgATTGCAGCAGgAAAACTTAGACAATACAGaCaTGGCATTACTCATGCTACGGAGACACAGTGGAG	281
HPV2a	-----	282
HPV27	-----	282
HPV57	---T-A-----C-----G--C-----	264
GroupA5.con	TGT?TA?T?TTTTATTCAAAAAT?A?AGAGTATAGACG?TATA??G?TCTGTGTATGGT?C?ACATTAGA?	194
HPV26	---G--A-A-----A-C-----C---CAT-T-----G-A-----A	267
HPV51	---T--C-G-----T-G-----T---GCA-G-----A-T---G	267
GroupA6.con	TGTTtAtT?TTTTATAGTAA?GTTaGAAAat?TAG?tAtTA?aAcTaTTCAGTGTATGGgGC?A??cTaGaa	245
HPV30	-----A-----A--A---GAT---AC---C-----T-----A-GC---TG	276
HPV53	-----GC-A-----G--CC-----TA--A-----C--T-G-----C---T-GC--G---	279
HPV56	-----G-----A---C-----A--G---TG-----A--T-CA-----	276
HPV66	-----G-----G-----A--G--C--T--A-----A-CAT-----	276
GroupA7.con	TGtAT?aaaTTTtATgCtA?AaTaaG?Gaa?TA?GatATTAttcagAcTCgGTgTATG?A??aACatT?GAA	241
HPV18	----AG-T-----T--G--T--A--T--A--C-----T-----G-GAC-----G---	273
HPV45	----AG-C-----T-C-G--T--A--T--A-----A---T--A---G-GAG---C-G---	273
HPV39	----A-----A---C-G--GC--C-----C--G-----C-ACT---A---	273
HPV68ME180	----T-----G-A---C-G---C--C-----C---A-----C-AC---A---	273
HPV70	----T-----C-----A-G---G--C--C-GC-----GA-----C-AC---T-G---	273
HPV59	--C--TTC-----A-G-G---A--T--A-----AG--T--C-----G-GA---A--G	273
GroupA8.con	TGtcTagA?tTtCAtGGAAAaGtaAatCAaTAtAGgACTTTagaTACGCaGCaTATGCACcaAC?GTgGAA	255
HPV7	--T--A--T-----G---G-----T-----A-----	267
HPV40	--C--G--CC-G--C-----C-----C--A-----C-----C-----	267
HPV43	-----C-G-----A--G-----C---GAC-----GAT--T--A---	270
GroupA9.con	TGttTaag?TTtTa?TCtAAaaTaaGtgAaTaTAGacatTATAaa?TATtct?TgTATGGaaaaACaTTAGAA	309
HPV16	-----AG----T-----T-----G-----TGT--AG-T-----C-----	288
HPV35h	-----AA----T--A-----TGG---GA--AG-G-----G---G-----	267
HPV31	-----A----T--A--G-----T---TGG---GA--AG-G-----C-----	267
HPV52	--CC--C-C---TA-----G-----G-----C-A-----AC-----G-----	267
HPV33	----GC-G--C-TA-----T-----T-----G-A-----T-----	267
HPV58	--C--C-A--GCTA-----G-----T-----GC-A-----G-C-----	267
RhPV1	--C--G--G-----C--A-----TC-AA-----G-GA--CG-G---AA-A-----GTGT--T-----G	357
GroupA10.con	TG?tTAGAAcTaCaAGGAAA?TtAA?CAaT?tAGgCATTTgAcT??GC?GgATaTGCagtaACAGTgGAA	257
HPV6b	--CC----T-T--T-----AA-A--C---A--A--C---T-AT--T-----AC-----T---	270
HPV11	--C-----G---G--AA---C---A--A--C---A--T-AT--T-C-----CCT---A---	270
HPV44	--T-----T--GG-C--T---T-----A--AC--G-----	270
HPV55	--T-----T--GG-C--T---T-----TC--G-----T-----	270
HPV13	--C-----A-----GA---C--G-T-----TC--G---T---T-----T---	270
PCPV1	--T-----A-----AG---T---AC-----TT--T-C-----T-----	270
GroupA11.con	TGTTTACTGTTTACTCAAAGGTTAGACAATATAGAAGATATAACCAATCAGTGTATGGACGGACGTTAGAG	270
HPV34	-----	270

## E6 Nucleotide Alignment

SuperB.con	TGtt?????gcaactGCaa?atTTGAatttaaat?a?Ttttatgaa???actgt???aggtagaga?aTagaa	261
GroupB1.con	TGtttgct??gc?aCaGCaacatatGAattTaata?Ttttatgaa?actgt??tagG?agaGA?aTaGAA	268
HPV19	-----ACA--A--T-----T-----G--G--C-----G--T-----AAC---T-----A--T--G	327
HPV25	-----ACA--A--T--C---T-----G--A-----C---AGC-----AAC---T--G--A--T---	312
HPV20	--C---CG--A-----G-----G-----C--A-----GAGT-----TT---C-----C-----G	333
HPV21	-----GCA--A-----G-----A-----G--A-----TCT-----TG---T-----T-----	342
HPV14d	--C---ACA--A-----G-----G-----G--A-----GAGT-----TGA---C-----A-----G	351
HPV5	--C---TGGC--C--T-----T-----CC--A-----G--G--A--GT-----A-----T--T---	300
HPV36	-----TGGT--A-----C-----G-----C--G-----C--G--G--A--AT-----A-----T--T---	300
HPV47	--C---CA--A--T--C-----GTT-----C---A--A--GT-----T-----T--T--G	297
HPV12	-----GCA--T--T---T-----G--A-----C---A--A--GC---T-----T-----G	294
HPV8	-----TGTA--A--C-----G--T-----G--A--A-----G--A-----GC---C-----T--T---	294
HPV24	-----TGTT--T-----G---T-----G--AA--T--A--T--T--G--G--G---GA---TT--G--A-----	261
HPV15	-----GCA--TT--T-----GCAG--T-----TC--A--C-----GT--G--GTGTA--TT--G--A-----G	261
HPV17	-----GCG--AT--T-----CAG-----TC--A--G-----AT--A--GAGT--A--G--GT---G	261
HPV37	-----GC--AT--T-----CAG--T-----CCAGT--C-----G--CT--A--TAGT--G--G--G-----	261
HPV9	-----GCT--AT--GT--T-----CAG--TA-----CAC--T-----T--C---TTTG---AG--T--A--A---T-----	282
HPV22	-----GC--AC--TT-----CCA--T-----C--GC--G--A-----C---GTT---T--GTAT--TC--T--A--T--G	333
HPV23	-----GCT--AT--TT--T--TCA--T---A--C--AC--A-----C--G--TA-----GTAT--TC--T--A--T--G	309
HPV38	-----GCT--AT--TT--T--TCA-----G--C--GC--G-----TTA-----CT--T--CC--T--A--T---	261
HPV49	-----GC--ATAGAT-----TATC--C--G---C--A--T--A--C--CC--G--A--T--CG---C--TC--A-----	252
GroupB2.con	TGctTaaGatTaaTGCaataTtTGAA?aaGAgAatTaTtTca?TGttctataAAAgtga??t?TTaga?	228
HPV4	-----G-----C--G-----C-----A-----T-----TACAT--G--G	258
HPV65	-----C--T-----G-----G-----G-----G-----G-----TTAAT--G--A	258
HPV48	--T-----T-----T---A---A---T---T---GTC---A--GC---AG--C--TT--G---ACT	258
HPV50	-----GT-----T--C-----A--T---GA---A--ACT--C-----T--CT--GC---TCT	258
HPV60	--TC--T---C--T-----T--A-----GCT--A--C-----G---ATGTGT---GA--AG--A-----A	267
SuperC.con	TG?cT?GAaAAc?Gg?Ta?at?ttGAAAGaagaCT?tg?c?aggt?taCCagTa??a?gtG?gga?g?tgAa	167
	5' sj for BPV1 \/ -----A-----T---C---CT-----T---C-----T-----T-----G---	190
GroupC1.con	TGTCCTGA?AACTG?TTAG?TA??GAAAGAAGACT?TGG?AAGGTGT?CCAGTAACAGGTGAGGAAGCT?AA	190
BPV1	-----A-----T---C---CT-----T---C-----T-----T-----G---	228
BPV2	-----G-----C---A---AA-----G---A-----G-----C---	228
	E2 binding site ->in EEPV <-	
GroupC2.con	TGC?TGAAAA?GGGCT?TA?CT?GAAAG?CT??T?C??C?ACC??T?TA?C??GG??C?T??A?	121
EEPV	---C-----T-----G--C--T-----GTCC--TTT--C--TGGG--G---CA--C--C--CT--AGA--C--GT--T	210
DPV	---T-----A-----C--T--G-----AGTG--GAA--G--GCCT--A---TG--A--T--AG--GTC--A--TG--A	210
SuperE.con	TGtgCtaga?t??ttag??t??TgGAgttt?tttt?a??atca?g?gtctt?tgc?gc??gga??t?gaa	220
HPV41	---A-----G--GC--GCAAGGC-----CAC--GCACGGC--CG--A--T-----G---A--CAGCCGTC--GCCG	303
COPV	-----A---G--CTGC--CG--TG-----CAATG-----GGAAGC--CAGACAC--TGA--TT--TGA---GC--T--TC	276
CRPV	--CA--GT--T--GTC--T--TGCTT---TC--TA--G--C--CCT--GCTCTTA--GC--C--T---TTT---GGCT---	258
GroupE1.con	TGTGCTAG??TGTAG?CT??T?GAGTTT?T??T?TATTATCAGGAGTCTT??GAGGTA?C?GAA?TAGAA	179
HPV1a	-----AAC-----C--AT--G-----G--TT--A-----AT-----C--G---A-----	255
HPV63	-----GCA-----T--GC--T-----A--GC--T-----TC-----T--T---G-----	258
Unclass.con	TGT??CGT????TGC?T??AGA??G?????A?CA?????T????G?????AG????GT??G	136
MnPV	---GCT---GTCTG---A--CCCT---CCT--TTTCTGC--C--TCAGAA--TCGC--ACCATT--CAGAT--TCT-	246
MmPV	---CGC---AAGCT---T--TTGC---AAG--CAGAAAT--T--AGTATG--GTTG--GGAGGC--ATTTG--AGA-	288

## E6 Nucleotide Alignment

SuperA.con	?aagaaac?aaaaaa?c?ttat?tga??tgtaaT?aGgTGcta?a??TGtca?aaaCC?tTgtgtccag??	334
HPV54	C----GTGTGG---GC-A--GGAA--AA-A--T--A-----GGCTG--C--T-----T-----CAAC-TG	345
E7 start for HPV42 ->		
GroupA1.con	?AAGAAAC?GGACTACT?TT?GAAGAACAA??AATT?G?TGTGC??T?TGTCAAAGCC?TTATC?C??AG?	280
HPV32	C-----A-----G--G-----AT----C-C-----TA-A-----T-----G-CA--T	342
HPV42	A-----T-----T--A-----CA-----A-A-----CT-G-----G-----A-AG--C	342
E7 start for HPV3, HPV10 ->		
GroupA2.con	GagGAGACaAAacAaTcTATA?ATACACAGC?aaTtaGaTGCTACATGTGtCACAAaCCaCTgGTaA??GAA	326
HPV3	--A-----A-----G-----A-----AG---	348
HPV28	-----G-----A-G-----T-AA---	330
HPV10	-----C-----T-----TG--C-----G-----GG---	336
HPV29	-C-----CG-G--C--T-----T-----C-C-----C-----G-----T--C-GA--G	336
GroupA3.con	CAGACAACAGGACGGTCATTAGCTGAACTATATATACGGTGCCATGCATGCAGCAAACCGTTAAGTATACAG	330
HPV61	-----	330
degenerate E2 binding site in HPV27, HPV57, HPV2a -> <-		
GroupA4.con	ACcGAGACAGGAATACCCATACCTCAGCTGTTTATGAGATGCTATATcTGCCATAAGCCCCTGaGcTGGGAG	353
HPV2a	--T-----T-----	354
HPV27	-----	354
HPV57	-----T-T-----	336
GroupA5.con	GC??T?ACTAAAAAAG?TTAT?T?ATTT?T??ATAAGGTGTCATAGATGTCAAA??CCA?T?GGGCC?GAA	252
HPV26	--CT-A-----T---G-A---G-TA-----TG---T-G---A---	339
HPV51	--AA-T-----C---A-G---A-CG-----GA---C-T-----T---	339
GroupA6.con	??aTAActAAAAAcAGTTATcTGATTTAT?AATAAGGTGCTACaGATGTCAAc?tCCGTT?AcACC?GAG	310
HPV30	GCAT-----G-----T-----T-----AG-----G-----A---	348
HPV53	GCAC-----A-----C-----A-----G-----A---	351
HPV56	AGT-----G-----T-----AG-----A--T--G---	348
HPV66	AGT-----C-----C-----TG-----A-----G---	348
GroupA7.con	aa?atAAcTAAACaaGTtAtaAttTattaATAaGgTGcatg?GtTGcCtgAAACcAtTg?gtCCagCa	310
HPV18	--AC-----C--TGG-----C-----C--C-G---A-----G--AA-----	345
HPV45	--A-----G---G-----G-----C--C-G---A-----AAC-----	345
HPV39	--T-----T-----T-----T-----GC--T-----	345
HPV68ME180	-C-----G-----C-----T-----A-----T--T	345
HPV70	-GC-----C-----C-----A-----T-----	345
HPV59	GCTGA--C--G--CC--C--G-GC-GC-G--C-C--TTATA-A-----A-----TC-AT-----A--	345
GroupA8.con	GAAGAaACAggattAACaaTtTtagAagTgaG?AtTAGATGCTGcAAgTGCCACAAGCCaTTgTcTCC?GTG	325
HPV7	-----A--A-----A-----A-----T---	339
HPV40	-----G-----C-----C---A--G-----T-----C---	339
HPV43	-----AAGCA---G-G--T--TT--T-C-----T-----A--A--A---	342
5' sj for HPV16 \/		
GroupA9.con	caaa?a???AaaAAac??tTa?gtgA??TattaATtAGgTGtatta??TGTCaAa?acc?tTgTGTCc?gaa	367
HPV16	--GCA-TAC--C---CG--GT---TT-G-----AC-----AG--AC-----T---	360
HPV35h	A--CA-TGC--C---AG--T--C--TT-----CA-----A---GC-----A--TT	339
HPV31	A--TTGACA--C---GGTA--T---TT-G-----A-CG-----G---G-----A---	339
HPV52	G-G-GGGTA-----CA--A---AA--ACT-----A-----A--TT-----CG--A--A-----T---	339
HPV33	---C-GTT-----CT--AA--AA-----TA-----G---T-----TC--	339
HPV58	---C-CTA-----GTGT---AA--AA-----A-----TT-----G---A-----AC--	339
RhPV1	-GT-G-ACT-G-----AG--GTG--GG-----A-----TA-TGT-----G-AG--CC-----CATT	429
GroupA10.con	GAAGAaAcaAA?cAgtcaAttTggAcGTGctaAttCGcTGcTAttTgTGcCACAAaCCatTGTgtgA?gTg	327
HPV6b	-----T--A--AGAC--C--A-----G-----CC---T-----GC-----A--A	342
HPV11	-----C--TG-AGAT-----AA-A--T-----T--T--CC---T-----G---G-----AA-A	342
HPV44	-----TA-----C-----G--A-----CC-C---	342
HPV55	-----G---G-----T-C--A-----T-----CC-C---	342
HPV13	-----C---G-----T-----A-----A-----A---	342
PCPV1	-----T---CA-----T--T--AG-----A-----T-----C---	342
GroupA11.con	AATTTAACTAACAAACAGTTGTGTAATATTTTAATAAGGTGCGGAAAATGCCAAAACCACTGTGTCCATTG	342
HPV34	-----	342

## E6 Nucleotide Alignment

SuperB.con	?aagtagcagg?aaa?ctaTtt?tga?aTtgataT?aGgTGtca?a?ttGcttgaattt?T?gattt?att	322
GroupB1.con	??agtagcagg?aaatctaTtttttga?aTtgataT?aGgTGtca?a?ttGctTgaaatttct?gAttttaaT?	331
HPV19	TTT---A---T-----G-C-----C-----G-T--A-----A-A---A---G--A---T---C---T	399
HPV25	GAC--TA---T---A-----C--A---G-T--A-----A-CG---A-----A---T---GC---T	384
HPV20	CA---A---C---G-----T--A---G-C-----CT-C-CC--TA-----T-A--C-C---T	405
HPV21	GA-A--A---C-----T-----G-C-----CT-C-A---A-----T-A--C-C---A	414
HPV14d	AGT---A---C-----TG-----G-C-----CT-T-CC--A-----T-A---C---T	423
HPV5	TT--CTT---ACTT--A--A---T-----C-----A-C-----AGC-----T--CA-T--A	372
HPV36	TTG-CT---TCGC--C--A---A---C---T-----G-CG---AGCT---T--CA---T	372
HPV47	CT--CTA---CCTT--C-----G-----C--A-----T-CC---C---TC---T--CA-T--T	369
HPV12	CTT-CTA-T--A-----A-----CT-AA-G--A-----G-CG-----TC---T-A--AC---T	366
HPV8	TT--CTA---ACGT--A-----G--A--CG-T-----A-AC-----TC---T-G---A-C--A	366
HPV24	CA-AA--A-AAT-C-C--C---CG--C---AT-G-A-----CCA-----A-----A--TA--CA---T	333
HPV15	AT-----A-CAG--GC--G--GGA--T---AT---TC-C--CA-ATT---TC---GAAAT-A-----T	333
HPV17	GA-A--AGCAC--GC-A--AGGG--A--ACC---TC-C--CA-GTT---T--A--GAAAT-G-----C-A	333
HPV37	GAGA---AGCAA--GC-A--AGGA--A--A-CC--AC-C--CA-ATT-----A--G--AT-G-----GT-A	333
HPV9	ACT---A---A-C-G---GGAA-T---TG---T-----GCTAC--T--T--G--AT-A--C---G-G	354
HPV22	CA--A--A-CAACG-C--G--AGGCC-A---T---G--A-----ATA-----G-C---T---GC-A	405
HPV23	CAG-AG-AGCAACG-C---AGGCC-A---TG---T-----GTA---T---G-C---C---G--A	381
HPV38	CAG--G-AGCAAC-GA-A--AGGCCTT---T--A-----GTA---T--A--G-G---T---G--A	333
HPV49	GG-CG-----CGGCTAA---GC---G--A-TAG-C--A---TC-T---C-T--GAGG--A-----GT-G	324
GroupB2.con	Gat?TagcTca?A??a?Tga??ga?aTtt??aTtaG?TGt?ta?atTgt?ttagatT?TtagattTgTt	284
HPV4	--AA-T-----G-AAA-GA-T-AG--A---GC---A--CA-TTGC--CC-----AC-T---A-----	330
HPV65	--AG-----A-GGA-AA-T-AG--G---GC--C--A--A--TG---T-G---C-AC---CA-----	330
HPV48	-G-T---T-A-A-AGG-A---TCA--T---AAT-----G--CCA-C-----TA-TC---T-----A-T-A	330
HPV50	---T--GAT--GGT--GACCT---GT--A--CGCA---C-C---GA-A-----A-GT-T--G--G---A-A--	330
HPV60	-T-C--A--GT--TTCCT---GTTCTC---CTG-AC-C---T-TG---CC---C---G---TC-----CA	339
SuperC.con	????GC?tG????atcccTtgataggct?tgCAtaAGATGC??TAcTGTGGgGGaaaCTaAcC??a?Ac	222
GroupC1.con	TTATTGCATGGCAAA?C?CTTGATAGGCTTTGCATAAGATGCTGCTACTGTGGGG?AAACTAAC?AAAAA?	257
BPV1	-----A-A-----C-----A-----T	300
BPV2	-----T-C-----A-----C-----C	300
GroupC2.con	...GAGCC?GATCC?T??T?????????C??CAT?AGATGCATGTA?TGTGG?GGA??CT?ACCCG?GAC	166
EEPV	...-----C-----A-GGG-CATGTTCAA-GA---T-----T-----T---TGC--A---C---	279
DPV	...-----T-----T-TCA-TCAAAAAGC-TG---A-----C-----G---ATA--G---T---	279
SuperE.con	ga??t??T?g??cag?c??T?????a??ttg??T?aG?TGtTgt?a?aTGC?taa?aa?acTga?tggtgc?	263
HPV41	C-CT-TA-A-GA---AGCC-CAGCG-CC---AGG-G--G-----G-GG---C--GCTCTT--ACAATC--TG	375
COPV	...AACG-AACAA--A-CT-GCAGC-GC--AGTC-T--A---T-AGG---C-C-GT-TT---G--AG--G	345
CRPV	-CGC--GG-T-GT---GAAA-ATCTAGCTGTTCA-GC-T---ACAGTT---GG--G--G-T-A-C-A--C-A	330
GroupE1.con	GAA?T??T??A??ACCT?T??T??A?ATTG??T??G?TGTGTTACATGCA?AAAAAACTGA?TGTT?C?	227
HPV1a	---A--TT-GG-CAG---T-AT-GC-A---AAC-CC-T-----T-----G---G--T	327
HPV63	---T-AC-TA-TCA---C-TG-AA-T---GTT-AA-G-----C-----C---T-A	330
Unclass.con	?????G????T?????????CT?A??G??CG?TGT?G?G??TGC?T?????T?CT??C?G?G?CA	162
MnPV	CGGGAC-AAAA-CTTACAC-CCACGGA--G-AA-CA--G---C-C-TG---A-GAAGA-A--GT-A-T-A--	318
MmPV	GCTATG-TTGG-TCACATG-TATTAAC--A-CC-TT--C---A-T-AA---C-TGCTT-G--TA-T-C-T--	360

**E6 Nucleotide Alignment**

SuperA.con	GAAAAa?aaagaca??t?ga?gaaaa?a?acgatT?ca?aaaaTa?c?gg???gTgg.....aca	380
HPV54	-----GC--C-G--CG-A--TT-C--C-GG-----C--CTGTG-TAGA--CTAT-----AG	405
GroupA1.con	GA?AAA?A?CATCATATT?ATA??GG??????TT??AT?AT?TT??T??GTGG.....ACG	317
HPV32	--G--G-T-----T---AC--ACGCAT--CAG--C--T--AAA-AG--------	402
HPV42	--A--A-C-----G---CA--TACAAGA--TCA---T--A--GTG-CA--------	402
GroupA2.con	GAAAA?GACAgACAccG?AACGAA??GCGA?GACTgCACaaaATatCtGG?tAcTGG.....AGa	380
HPV3	--G--G-----C-----AA---A-----TC-T-----G	408
HPV28	-----G-----A-G-----CG---C-----TGC---G-----C-----	390
HPV10	-----A-----T--T---CG---C-----A--G-----	396
HPV29	-----A---A-----A-----AA---A---A-----T-----A-----	396
GroupA3.con	GAAAAGGAGCATCAGGTACAGGCATACATCCACTTCCACTATATAGCTGGACAGTGG.....ACG	390
HPV61	-----	390
GroupA4.con	GAGAAGGAGGCATTACTgGTtGGaAAACAAGCG?TTCCACAaATATCaGGCCgGTGG.....ACg	412
HPV2a	-----A-----T-----	414
HPV27	-----A-----C-----	414
HPV57	-----C-C-----G-----G-----A-----C	396
GroupA5.con	GAAAA?CAAA?A?T?GTGGA?GAAAA??A?G?TT?CA?GAAATAGC?GG?C??TGG.....A??	294
HPV26	-----A---G-A-T-----T---GCG-C-A--T--C-----A--G-AG-----AA	399
HPV51	-----G---A-T-G---C---AAA-A-G-C--T-----G-A-GT-----CG	399
GroupA6.con	GAAAAaCA?TT?CAcTGTGA?tataA?A?ACG?TTTCA?aaaATA?CAcaT?cgTGG.....ACC	361
HPV30	-----G--A-----A-----G-A--G---C-G---T--G-A-----	408
HPV53	-----G--A-----C---G-A--G---C---TT---AT-----	411
HPV56	-----G--A--G--T---CAGA--A-G--A---TCT---G---GGT-----	408
HPV66	-----A--G-----AC-----A-G--A---TT-T--G--T--G-A-----	408
GroupA7.con	GAAAAA?taAg?CAccT?Aatga?AAAcGaaGATTtCA?aaaATAGC?GGaaacTat.....acA	364
HPV18	-----C-T--A-----T---A-----C-----T--GC-----G	405
HPV45	-----CGT--A-----T--G--C-----C-GC---T---C-G--C.....CG-	405
HPV39	-----T--A-----A--AGC-----T-----A--G-----	405
HPV68ME180	-----C---G---A---TCA-----T-----A-----T-----	405
HPV70	-----T---G--TG-T---ACC---A-----CC-----A-----G-----	405
HPV59	--T---T---AG--TA-A-C--A--A-----C--T--T---T---TA-----	405
GroupA8.con	GAAAAAaccaAcCatATTGT?aAgAAGaCaCAaTTcTTTTAAA?TacAagattcGTGG.....AcA	383
HPV7	-----C-----T-----G--T-----C-G-----	399
HPV40	-----A-----G-----T--A-----	399
HPV43	-----GTAC-G-----GC-A--G-----A---TAGCGT-----A-	402
GroupA9.con	GAAAAacAAaGaCATgTggAt?aAaa?aAacGaTtCcCatAatAT??gGGtcggTGG.....aCa	422
HPV16	-----G-----C---CA---GC--A-----AAG-----C	420
HPV35h	-----G-----T-A--AG---A-----C-----CGGT--A-----	399
HPV31	-----G-----T---A---G-----C--C--AGGA--AA-----	399
HPV52	-----G-----TA--GC---C--G---T-----TAT-----T-----	399
HPV33	-----A--C-----TT---C-----T-----TTC-----T-----G--	399
HPV58	-----A---G-----TT---C---A-G--T-----TTC-----T-----	399
RhPV1	-----G-----C---CC--GGAC--A-G---C-GA--AGC---A-A-----C	489
		E2 binding site
		in HPV44, HPV55
		->
GroupA10.con	GAAAA?gTa?gaCacATatTggagAAGGC?cGaTtCAAtTAAaTAaA?A??acgTGG.....AAG	381
HPV6b	-----G--AA--T---C--AACC---G--G---A--GC---TTGT-----	402
HPV11	-----AC--AAG-----GA---A---C-----A---C---T--ACCA-----	402
HPV44	-----G--GC-C-----C-----G-----C-AGAT--C-----	402
HPV55	-----G--GC-C-----G-----T-----C-G-AT--C-----	402
HPV13	--G--AC-A---T--T---C-----A-----T-----C-GC-GT-----A	402
PCPV1	-----AT--C-----C-----A--AA-----G-----CTGCGA-----A	402
GroupA11.con	GAAAAGCAAAGGCATGTAGATGAAAACAACGGTTTCACCAAAATAGCGGATCAGTGG.....ACC	402
HPV34	-----	402

## E6 Nucleotide Alignment

SuperB.con	GAAAAGttagatat?tgt?g?ag??a?c??cc?TttcataaagT?aGaggc??tTGG.....Aaa	370
GroupB1.con	GAAAAGtTagatatacTGtgga?aga?a?c?tcc?TTtCAtaa?GTtAGa??c??tTGG.....AAa	381
HPV19	-----C-T-----A---AGA-T---T-----A--A---GA-TC-----	459
HPV25	-----C-T-----T-----C---AGA-G---T--C---CTA--A---GG-TC-----	444
HPV20	-----C---C-----C---A-G-G---A---T---TTA--G---GG-TC-----	465
HPV21	-----C---C---T-----T--GA-GTT-TTT-----A--G---GG-TC-----	474
HPV14d	-----C-TCGC---	438
HPV5	-----TG-----C---GGC-T---C-----G--G---GAA-GCC-----	432
HPV36	--G-----TGT-----A---GGA-T---C-----GA--C---AA-GCC-----	432
HPV47	-----G-----A---GGA-T---C-----C--A--A---AA-GCC-----	429
HPV12	-----C-G-----TC-GGGC-T---G--C--C--G-----GA-AGG-----	426
HPV8	--G--A-----TG-----G---GGC-G---C-----A---GGAGGC-----	426
HPV24	-----C-T-----A---TCTGAATTA-----A--G---GAGGGGC-----	393
HPV15	-----T---TAC-A-G-GGAG-AA--C--C---G-----CG-AA-----	393
HPV17	--G-----C-CT---TAT---C-T-AG-AG-----G-----CG-AA-----	393
HPV37	--G-----G--G-CT---CTAT-CTC-G-AA-AA---C--G---GCG-AA-----	393
HPV9	--G-----C--CA---CTAT-AGTTGAG-AG---T---G--C---AA-AGC-----	414
HPV22	-----CT-TTCCA-T-AA--A---C---G-----GATCA-----	465
HPV23	-----C-----A-TTTTA-T-AA--A---C--G-----AATCA-----	441
HPV38	-----A-----T-CTCTC-T-AAG-A---C--G-----GG-AA-----	393
HPV49	-----C-T-----T---CACAGC-CAGAGAG---C-GA-----AATAGG-----	384
GroupB2.con	GAAAAttagAtt?t?Tatat??tGatga??atTtttattTaaTaaGgGGt??tTGG.....AGg	335
HPV4	--G-----TAT---CTC---C--GAC--GC-----TTG-----	390
HPV65	--G-----C-TGC-G--CTC---CC-GGCC-GC--C-----TTG-----	390
HPV48	-----G--GT-CCA-T---AA---TTG---CTG---TC-C--GACT-----	390
HPV50	-----G-AC---G-A-T-G-CAC-G--GTT-----C-----G-T-A---AAT-----	390
HPV60	-----A-----G-A--AT-AG--G-C-AA-C-----C-TG-----CGC-----	399
SuperC.con	GAAA??Ag?GgCA????cttTtTaatGAgcctTtctg?A?A??cAG??T?A??Ta???.?ga	264
GroupC1.con	GA?AA?CA?CGGCATGTGCTTT?TAATGAGCCTTT?TGCAAAAC?AGA?CTAACATAAT?.....AGA	312
BPV1	--A--A--T-----T-----C-----C--G-----T.....	363
BPV2	--G--G--G-----A-----T-----G--T-----A.....	363
GroupC2.con	GAAAA?GA?AG?CACAGA??TTT??GA??T?C??GATATTCAGG?ATCAGGT?.....C??	206
EEPV	-----A--G--A-----CTG---TGT--AGAC-T-TG-----C-----G-----GG	339
DPV	-----G--C--G-----TAT---GAA--GCTT-A-GT-----A-----T.....TT	339
SuperE.con	GAAAAG?t?ga??Ta?t??ctgaag??a?a??gTtcaTagagTtag?aa?a?a??????????Agg	304
HPV41	-----GATT-CA--T-GCGG---ACTTGTCT--G-----A--G-CGGG-TCTGG.....	435
COPV	--C--A...--AC--TGTG-----TTGA-CGATT--TC-GTG--C--GGGG-A-ACT.....	402
CRPV	-----A-T--AT--AGAG--AG-AATTGC-CGC--TG-T-TA--GAT--AGGTCAATATTTCCAGTGG---	402
GroupE1.con	GAAAA?TT?G??GTTGT?TC????GGAGAAAGAGT?CATA?AGT?AG?AACA?A?T?.....AAA	271
HPV1a	-----A--G-AG-----G--AAAC-----G---G---T--A---G-C-T.....	387
HPV63	-----G--A-CT-----T--TGCT-----T---A---A--G---A-T-C.....	390
Unclass.con	GA?AA?CT?GA?????????????G?A??C?TTT?????AGT??GG??C??GTGG.....AG?	188
MnPV	--A--G--A--GTGTGCAGAAAGAGG-G-AT-C---GCCAA---CA--GG-CA-----	378
MmPV	--G--A--T--TGCCAAGTGTGAGCT-C-GA-T---ATTTT---GC--CA-AT-----	420

## E6 Nucleotide Alignment

SuperA.con	GG?cg?TGt?t?ca?TGctgga?a??at??a?g????????????????c?ac???agaaacac?agt?taa	419
HPV54	--TA-G---C-A--T-----AGCC--AA	435
GroupA1.con	GGTCG?TGTAC?CA?TGCAGAG?A?AATGCCTG.....GAGAGACGCCTACCCTAA	363
HPV32	-----C-----C--G-----A-T--	429
HPV42	-----G-----G--T-----G-C-----.....	453
GroupA2.con	GGgAG?TGTcagTA?TGCtGGTcAcGATGCACG...GtCCGcAtCCCAC?gTAA	428
HPV3	-----C-----C-----.....GA--	459
HPV28	-----C-----A--C-----T-A-----.....	441
HPV10	--T--T--G---T-----.....A---	447
HPV29	-----T--C--T--T--T-----T...-G--AA-G---G---	447
GroupA3.con	GGAAGGTGTTGCCAGTGTAGAGGGCCATGCACG...GCCAGGTGGCAACCATAA	441
HPV61	-----.....	441
E7 start for HPV27, HPV57, HPV2a ->		
GroupA4.con	GGACAtTGCATGAcTGCgGtCAacATGCACG.....GcaacCGaCCCAGCCTcgaGGACATtACAcTAA	478
HPV2a	-----T-----.....A-----	480
HPV27	-----C-----C-G-----.....C-----C-----T---	480
HPV57	-----T-C-C--G---T-----AG-A--C-----T-----C-----	462
GroupA5.con	GGG??TG??C?AATG?TGG???.?????CA?G?C??C??A??GAAAC?CAAGTGTAA	328
HPV26	---TTG--TA-A---T---AGA.....C--A-G-GC-AA-CA---A-----	453
HPV51	---CAA--CG-T---C---.....CAACGTA--C-A-AA-GT-AC---C-----	456
GroupA6.con	GGGTcaTGt?TGca?TGcTGGAGA.....?????ca?A?Aa?agCtAc?GAatC??CAGTATAA	407
HPV30	----T---C---A-----.....C-C--CGT-C--T--GA-AG-----	462
HPV53	----G--CC--ACA-----.....-C-C--C--A--T---AG-----	465
HPV56	-----T--GGG-----.....CAAACATCT-G-GA-C---GA-----TA-----	468
HPV66	-----T---G--T-----.....CATACGAGT-G-CA-----A---TA-----	468
GroupA7.con	GGaCAGTGTcgtc?gTGctGgacC?ga??acG??Agga?cG??gaCgaagACgaag?gaaAcacAAgtAtaa	426
HPV18	--C-----C-A-TC-----C-A-C--GC--AC---A--ACTC-A-C---C--A-----	477
HPV45	--G-----AA-ACA--T--TGA-CAGGC--GC-A-AA-ACTT--C-----T--G-----G	477
HPV39	-----A-G-----AC-AA--GG--C--CA--T--C-----A---C-----	477
HPV68ME180	-----C-AC-----A-TAA--AG--C--CA---C-C---GCAG-----	477
HPV70	-----C--A-AC-----A-CAAC--GG--C--CA---T-T-----A-----	477
HPV59	-----GG--TC-----C--GC-A-AC-CCTAA-ACAG-A-C---A-GCGCGT-GTG--AC-CTG	477
E7 start for HPV7, HPV40 ->		
GroupA8.con	GGgTACTGtCtAcAtTGCtGGAAgaaATGCATG.....GAgAAAgGCCaACGcTCgGAGACattGTGtTaa	449
HPV7	-----G--C--T-----.....C-----G	465
HPV40	-----.....	465
HPV43	--A-----CT-----ATC-----.....-A---C--G--A--A---TA---C---	468
GroupA9.con	GG?cG?TGt?tgccgTGtTGgAgacca?????.?????cacgtagagaaACcCaagtgtaa	469
HPV16	--T--A--A--T-T---C---T--TCAAGA.....A-----GC-----	477
HPV35h	--T--G--A--T-C-----A-----.....A-----G-G-----	450
HPV31	--A--T--CA-A--A-----AG-.....C-T---CT-----	450
HPV52	--G--C---TCA-A-----C-----.....ACCT-TG-----	447
HPV33	--G--C---GC-----GT-C-----.....CG-----TGC-C---G-	450
HPV58	--G--C---GCA-T-----C-----.....CG-----C---A-----	450
RhPV1	--AA-G--CT--AT--C-----.....A--GTACCT--G----GCCAG-C	540
E2 binding site		
in HPV44, HPV55		
<-		
-> E7 start for HPV6b, HPV11, HPV13, PCPV1		
GroupA10.con	GGtCGcTGctTcCAtTGCtGGAcAtCATGCATG.....GAAaataT?cTACcTaa	431
HPV6b	-----C-A-C-----A-----.....G-C--GT---C---	453
HPV11	-----T-----A--C-----A-----.....G-CT-GT---C---	453
HPV44	-----T-----T-----.....C---A-----	453
HPV55	-----C-----C-----G-	453
HPV13	--C-----T--T-----T-----.....C-----	453
PCPV1	--G-----.....A-----	453
GroupA11.con	GGACGCTGTACACAGTGTGGAGACCA.....TCTGCAACAGTGGTGTAA	447
HPV34	-----.....	447



## E6 Nucleotide Alignment

SuperB.con	gga?t?TGtAGgcatTGtaag?a??ta?aatgagattggtAaCGGTAA	412
	E7 start for HPV5,       -> E7 start for HPV15, HPV17, HPV9, HPV49 HPV19, HPV25, HPV47, HPV8 ->       -> E7 start for HPV12	
GroupB1.con	GGaat?TGtAGgCagTGtaagcattTa?aat?agATTggtAaCGGTAA	426
HPV19	--G--C-----T-----CT-TAAT-----	501
HPV25	----C-----T-----CT-TAAT-----	486
HPV20	----C-----T-----TC---A-	498
HPV21	----C-----T-----TC---A-	507
HPV5	----C-----TT-TCAT-----	474
HPV36	----C-----TT-TAAT-----	474
HPV47	--TG-T-----TT-CAAT-----	471
HPV12	----T-C--A---C-----GT-TCTGA--AATG-T-----	474
HPV8	--G-T-C---TT-----GT-TCAT-----	468
HPV24	---C-C-----GA--T--	423
HPV15	---T-G----A--T---G-GCGA--G---G-	426
HPV17	--CT-G--C--A--T---GG-TCGA--GG--G-	426
HPV37	--CT-G----A--T---GG-TCGA--GG--G-	426
HPV9	---T-G--C--A--C---GG-TCGG--G---G-	447
HPV22	---GG--C----C----AGCAA--G---G-	498
HPV23	---GG--C----T-----G-AA--G---G-	474
HPV38	---GG--C----T--C--AGCAA--G---G-	426
HPV49	--GG-G----A--T--C-GAGT-A--G---G-	417
	E7 start for HPV4, HPV65 ->	
GroupB2.con	ggctaTTGtAGAAATGtattaggaAa?aa?G??GATAA	370
HPV4	-----C-----C--T-A	423
HPV65	-----C-----C-----C--T-A	423
HPV48	--TGT-----C--CC-TG-GG-GA-----	429
HPV50	---G-----TACGAAC-TG-GG-GT--	426
HPV60	TCA-----C---GA---TG-	429
SuperC.con	GGacGcTGCTAcgaCTGc??cAG?CATGGttcaaGgtCca?ctacc?atag?C????GC??CCG??TGA	319
	E7 start for BPV1, BPV2 ->	
GroupC1.con	GGACGCTGCTACGACTGCTGCAGACATGGTTCAAGGTCCAA?TACCCATAG	362
BPV1	-----A-----	414
BPV2	-----C-----	414
	E2 binding site ->in EEPV <-	
	E7 start for DPV, EEPV ->	
GroupC2.con	GG??G?TGCTA??CTG?AC?AGGCATGG????G??C??C????A????C??GC??CCG??TGA	240
EEPV	--AC-T----TCT--C--C-----TTCAC-GC-CC-GTACA-AGAAA-ACCT--CG---TA---	408
DPV	--CA-A----CAC---T--T-----CATGT-CT-GG-CCCTT-CCGGG-GAAC--TA---GC---	408
	E7 start for COPV ->	
SuperE.con	GgaaagTGtagtttgTGcaga?T?t?a????atagGATTGGGGGGCTATCCCCGAGTCCCGGCAGTCGC	368
HPV41	----CT---GT-CGA--T-TGG-AGG-CTGTAT---	471
COPV	--CTT----TCGC-----C--T-ACC-CCATG-	435
CRPV	--TC-T--C---CT---A-C-G-C-GACCA-GGT-----	474
GroupE1.con	GCAAAGTG?AGTTTGTG??G??T?TA??TATATA?	297
HPV1a	-----T-----TC-CT-G--TGC-----A	423
HPV63	-----C-----CA-AC-C--CAT-----G	426
Unclass.con	?C????TGcAGA??TGCA?A?C??G??AATAGAATGCTAG	215
MnPV	G-ACGG-----ATT----A-C-CGT-TA-	408
MmPV	A-TTCC-----GCG---G-A-TCC-GC-----	462

