



## E7 Protein Alignment

SuperA.con	MLHVSQTTGKGREGQTPQRKAKTAQNIWSLEGELSVLLVTMhG??ptl?..divl?l?p?????????v?d	54
HPV54	---NVA-IE.....D-K-.....EPF.-	21
	E6 end for HPV42 <-	
GroupA1.con	MRG??PTLK..DI?L?D?PT?????C?TP??D	17
HPV32	---NA-----I-Y-L--CDPTT-D--PV-	30
HPV42	---ET-----V-F-I--.....E--.I-	24
	E6 end for HPV3, HPV10 <-	
GroupA2.con	MLHVSQTTGKGREGQTPQRKAKTAQNIWSLEGELSVLLVTMHGPhPtVk..DIElsLAP.....Edv.P	61
HPV3	-----I-----	61
HPV28	-----	21
HPV10	-----I--	21
HPV29	----K-----D---.....-A--	21
GroupA3.con	MHGQVATIK..DIVLEERP.....EVV.D	21
HPV61	-----	21
	E6 end for HPV27, HPV57, HPV2a <-	
GroupA4.con	MHG?RPSL?..DITLILeEIP.....Eiv.D	21
HPV2a	---N---K.....D-----	23
HPV27	---T---A.....I--	23
HPV57	---E---E.....	23
GroupA5.con	M?GN?????.DV?L?L?PQ?EI.....D	12
HPV26	-H--IINIE...-I-D-V--P-----	22
HPV51	-R--VPQLK...-V-H-T--T-----	22
GroupA6.con	MHGkVpTl?..e?ileL?PQTEI.....D	19
HPV30	----T-IP...-Y--D-V-----	22
HPV53	---N---P..QY-I--I-----	22
HPV56	-----Q..DVV---T-----	22
HPV66	-----Q..-V---A-----	22
GroupA7.con	MhGpKpTlq..eIVLdLePqNei....?pv.D	24
HPV18	----A---.D---H-----	24
HPV45	----RE---.-----H-----L....D--	25
HPV39	-R-----C-Y-----Q--	25
HPV68ME180	-----V-.....E-C-C-----E--	25
HPV70	----R-----Y-Y-----Q--	25
HPV59	----A--C..D-----YE....EV..	24
	E6 end for HPV7, HPV40 <-	
GroupA8.con	MHGERTLG..DIVL?L?P.....EPV.?	18
HPV7	-----D-Q-----S	21
HPV40	-----N-H-----C	21
	-> pRb bind	
	[ Contains NLS	
	- CR1 domain -     - CR2 domain	
	E6 end for RhPV1 <- High vs. Low D	
GroupA9.con	MrG??pTl?..dyvLDLqP?????e?t.D	17
HPV16	-H-DT---H..E-M-----T--	21
HPV35h	-H-EIT--Q.....E.....A--	21
HPV31	---ET--Q.....A--	21
HPV52	---DKA-IK...-I-----T--	21
HPV33	---HK---K..E-----Y-----P--	21
HPV58	---NN---R..E-I---H-----P--	21
RhPV1	-I-PK---E...I-----FPQP....QPV.-	25
	E6 end for HPV6b, HPV11, HPV13, PCPV1 <-	
GroupA10.con	MHG?y?TLK..dIVLdL?Pp.....DPV.G	19
HPV6b	---RHV-----Q-----	22
HPV11	---RLV-----Q-----	22
HPV44	---N-T---.E---Q-E-----	22
HPV55	---N-P---.E---E-D-----	22
HPV13	---K-P---.-----E-T-----	21
PCPV1	---K-T---.-----S-----	21
GroupA11.con	MHGKKPSVQ..DIVLDLKPTTET.....D	22
HPV34	-----	22

## E7 Protein Alignment

SuperB.con	MiGke?t???divLel?el???v...?p??d	17
	E6 end for HPV15, HPV17, HPV9, HPV49 <-	
	E6 end for HPV5, HPV19, HPV25, HPV47, HPV12, HPV8 <-	
GroupB1.con	MIGKevt?q..divLel?elq?ev...qpv?D	23
HPV19	-----IL-.....S---P-.....-	26
HPV25	-----L-...FT---S---P-.....-	26
HPV20	-----L-.....N---P-.....-	26
HPV21	-----L-.....N---P-.....-	26
HPV5	-----V-...-I---S-V-P-...L-..-	26
HPV36	-----V-.....S-V-P-...L-..-	26
HPV47	-----VR-.....S-V-P-...L-..-	26
HPV12	-----V-...-FT---S---P-...L-..-	26
HPV8	-----V-...-F--K-S-I-P-...L-..-	26
HPV24	-----L-.....T-P-.T-.....-	22
HPV15	-----A-IP-.....Q-.....-T-..-	23
HPV17	-----A-IP-.....QQ-.....-T-..-	23
HPV37	-----A-IP..E-----Q-.....-TA-	24
HPV9	-----A-IP..EV-----Q-.....-TA-	24
HPV22	----QA-LC.....-.....L-I-..-	21
HPV23	----QA-LR.....-.....-I-..-	21
HPV38	----QA-LR.....-.....-I-..-	21
HPV49	-----IP-...-I-Q.E-FG.....-I-..-	22
	E6 end for HPV4, HPV65 <-	
GroupB2.con	MrG??ptv??D?nLE??eLVLp?.....n	16
HPV4	---AA---A..-L---LND---A.....-	23
HPV65	---AA-R-A..-L---LND---I.....-	23
HPV48	---DKA-IP-..-IE--..-----A.....-	21
HPV50	---DK--IP-..-IV--..-----V.....-	21
HPV60	-I-NQ-N-NNL-V---..-----V.....S	23
SuperC.con	MmvqgP?Thrn..L?ds???pL??l????gtptr	21
	E6 end for BPV1, BPV2 <-	
GroupC1.con	MVQGP?THRN..LDDSPAGPLLILSPCAGTPTR	30
BPV1	-----N-----	31
BPV2	-----T-----	31
	E6 end for DPV <-	
	E6 end for EEPV <-	
GroupC2.con	M????P?T???..LP??ESP?LTL?LEPV?????	15
EEPV	MVHG-R-KKH...-PY---P---L---APVQQ	31
DPV	-ACAR-L-GRT...-AD---C---I---SGEAA	32
SuperD.con	MKGQ?vtLk..d?A?ELEdvvSPI.....n	20
BPV3	----D----.NV-V-----I.....I	23
BPV4	----N--Q...-I-I---TI---I.....-	23
BPV6	----SMI--...-L-A---E-----I.....-	23
	E6 end for COPV <-	
SuperE.con	MYGRTVLAVRLIYCLLYCIAIVRKLlyPVMIG??p?l?..dlv1????v?e?....??d	42
HPV41	-----R-NSVD-Q..EI--VQGE-P-N.....A	54
COPV	-I-QCAT-L...-I--..TE.QP-.....PI.-	21
CRPV	-I-RT-K-S..E---.GE.TA-.....AL.S	21
GroupE1.con	MVGE?P???..DLV?Q?EPSVL??.....D	15
HPV1a	----M-ALK.....L-L----DL.....-	23
HPV63	----Q-NIG.....S-E-----I.....-	21
Unclass.con	MIGPDTTRC..LTGETPDS.....VS	19
MnPV	-----I.....-	19

## E7 Protein Alignment

		cysteine doublet	
		-> <-	
SuperA.con	l?C?eq1?????.?dss?e?e?de?d????????????????????????????y?ivt?Cc??..C??vrLv??		79
HPV54	-Y-R-----E--DA-D-TAV..TQPKQA.....FKVLSQ-GGV.-CKT--C-YS		67
GroupA1.con	LYCYEQ?.....D?SDEDD????Q??KQDIQR.....YRI?C?CTQ..C??SVKLVV??		50
HPV32	-----F.....-T-----EDDD-PI-----V-G---..-GR-----SS		77
HPV42	-----L.....-S-----..-A.....-L-V---..-YK-----QC		66
GroupA2.con	v?CNvQL.....??DEedy.???..vEPAQQA.....YrVVTlC?K..CSspLRLVVEc		98
HPV3	AL-----DE-.INA.....-C---V-P-----Q-----	103	
HPV28	-Q-----TNV...E-----P-----		63
HPV10	-----TDA.....E-T---L---		62
HPV29	LV--E-----DSS---C.IDV.....-T---TT-----S		66
GroupA3.con	LHCNEQLL.....DSSSEEEEDSVREQLVEQAQQA.....YRVVTCGI..CKCPVRLVVQC		71
HPV61	-----		71
GroupA4.con	LHCDEQF.....DsSEEnNh...QLTEPaVQA.....YGVVTCCK..CgrtVRLVVEC		66
HPV2a	-----D-----		68
HPV27	-----A-----		68
HPV57	-----N---DT-Y.....-HS-----		68
GroupA5.con	L?CYEQ?????.DSS?E?..DE?DNMRDQ???R?AGQ??C.....YRIEA?CC?..C?S?VQLAV?S		49
HPV26	-R---LDYEQF...-D-...-T-----QA-Q---EV.....-Q-M...-N-I---Q-		78
HPV51	-Q---F.....-E-E...-V-----LPE..R---AT.....-P-R...-S-V---E-		75
GroupA6.con	LqCnEQL.....?SSEdEDEDEvDhLqe?PQARqaeQHpC.....YLIh??CCr..CesvVQL??QS		69
HPV30	-H-Y-----N---E-----N-KQ---E-----NTQ---..-A-A---AV---		78
HPV53	-----H-----N-----Q---RD-----L---ETQ---..-L---AV---		78
HPV56	-----D-----R---K---T.....-VP--E...-KF---DI---		78
HPV66	-----D-----I---L-R-----K.....-VP--K...-L---DI---		78
	CKII binding region for HPV18		
	-> <-		
GroupA7.con	LvChEQL?.....dS??e?E?DEpD?gVnH?qhqLlARRaEpQR....HtiqC?CCK..Cnn?lqLvVEa		74
HPV18	-L---S.....-E-N--I-----P-----ML-M---..-EARIE---S		78
HPV45	-L-Y---S.....E...-E-N--A---S...A-P-----K-L-V---..-DGRIE-T--S		79
HPV39	-----G.....E...-D-I---HA-----D-----S.....-T-----		81
HPV68ME180	-----G.....DD-I---HA---H-----D-Q-----T-----L-----		82
HPV70	-----E.....DN-T---HV---Q-----E-----K---M---..-TT-H-----		81
HPV59	---Y---P.....-DS-N-K-----PL.....-N-V-V---..-Q-----T		80
GroupA8.con	L?CNEQL.....DSSDSEDHEQDQLDS?H?R?REQPTQQLQVNLQSFK?VT?CVF..C?CLVRL?VHC		73
HPV7	-S-----S-N-Q-----I--H---..-H---V---		84
HPV40	-N-----L-S-E-----V--R---..-Q-----A---		84
	Contains NLS		
	CR2 domain	-  -	CR3 domain
	prb bind	CKII binding region for HPV16	cysteine doublet
		-> <-	C C
GroupA9.con	L?CYEQL?.....DSSdEee????d??p?gQa?p?tan?????????..Y?IVt?C??..C??tLRlcV?S		52
HPV16	-Y----N.....-E--D..EI-.G-A--E-DR-H.....-N---F-CK..-DS-----Q-		71
HPV35h	-Y----C.....-E---DTI-.G-A--K-D-S.....-N---S-CK..-EA-----Q-		72
HPV31	-H----P.....-DV..I-.S-A--E-D-S.....-N---F-CQ..-KS-----Q-		71
HPV52	-H----G.....-DTDGV-.R-D--EQA-S.....-Y---Y-HS..-DS----IH-		73
HPV33	-Y----S.....-D..GL-.R-D--Q-A-D.....-Y---C-HT..-NT-V---N-		71
HPV58	-F----C.....-D-I.GL-.G-D--Q-A---.....-Y---C-YT..-GT-V---IN-		72
RhPV1	-M----S.....-D-DEVDDHHNNQ-QHHQH-RPEVPEGDGC..-R--SD-YS...-GKP---V-V-		86
	CKII binding region for HPV6b		
	-> <-		
GroupA10.con	LHCnEQL?.....DSS?EDEVDe?a.tQatQ?????tQh?????..yQIvTcCg?..CdsnVRLVvqC		63
HPV6b	---Y---V.....-VD.G-DS..PLK--.....F-----CG.....		71
HPV11	---Y---E.....-KVD.K-DA..PL--.....L---CG.....E-		71
HPV44	-----L-----DV...-P.....-T--T...-SRK-----		70
HPV55	-----L-----DV...-P.....-T--T...-NR-----		70
HPV13	-----Q-----A.....STLLQC.....-L-S-SK..-C-----E-		74
PCPV1	-----E-----Q-----A.TF-----Q-----D-		71
GroupA11.con	LTCYESL.....DNS.EDE.DETDSHLERQAEQAW.....YRIVTDCSR..CQSTVCLTIES		70
HPV34	-----		70

E7 Protein Alignment

SuperB1.con	L?c?Eelp?e????qe?eee????e?????.....yki??Cgc??c?vklr?fv?A	44
	cysteine doublet in HPV5, 36, 47, 12, 8 -><- cysteine doublet in HPV19, 25, 20, 21, 15, 17, 37, 22, 23, 38 -> <-	
GroupB1.con	L?CeEeLp?e????qeteeee????er?????.....yKivapCgc??c?vklr?fv?A	56
HPV19	-F-----T-Q...-----PAI.--SA.....-V-VL---.K---I--K-	70
HPV25	-F-----A-H...-----PAI.D-TP.....-V-----..E---I--K-	70
HPV20	-F-----N-Q...--R---PQI.--AS.....-V-----..K---I--IS-	70
HPV21	-F-----S-Q...-----LP..--TA.....-V-T-----.K---I--N-	69
HPV14d		6
HPV5	-F-----N-....-----PDN.--IS.....-VI-----RN-E---I--H-	71
HPV36	-F-----N-....D---LDT.--IV.....F-VI-----SH-E---V--Q-	70
HPV47	-F-D---N-....-QA---LDI.D-VV.....F-VI-----SC-E---I--N-	71
HPV12	-L-----N-....-----SDI.D-TV.....F--I-----SS-E-N--I--N-	71
HPV8	-L-----N-....-----LDI.--TV.....F-----SC-Q---L--N-	71
HPV24	-H-----..-D--V-P...--RA.....-I-LC--G.G-GTR--L--A-	63
HPV15	-H-Y---SE-....P.RFIP.....-V---.F-DS---LI-V-	63
HPV17	-H-Y---SE-....-T--EEP.R-IP.....-F-GS---LI-L-	65
HPV37	-H-Y---SE-....R.PHIP.....-F-GS---LI-V-	64
HPV9	-H-Y---TE-.PAEE-QCLT.....P.....-G---.GAR--LY-L-	63
HPV22	-H-H---ELP...-EL--SVVE-EPEYTP.....-VY--G...DT--KLYIL-	68
HPV23	-H-H---T.....EV--AVVE-EPEYTP.....-IVV--G...ETQ-KLY-L-	65
HPV38	-H-H---DLP...-DI-ASVVE-EPAYTP.....-IVL--G...E-R-KLY-W-	68
HPV49	-Q-Y-N-TA-APAE--L-A-EELIQGIP.....-VI-T--GG.-GAR--V--L-	71
	cysteine doublet -> <-	
GroupB2.con	LlSdE?l.....????d???EeE???P.....frIDtcC???.C??vRt??A	39
HPV4	---E-V-.....QSSDDEYEIT--SVV-.....-----YR..EVA--I-LY-	67
HPV65	---E-V-.....QPSDDESEAP---LF-.....-----YR..EVN--I-LF-	66
HPV48	-I---S-.....SP-ATA---FC-.....Y---SK-HN..GCRl-V-VA-	60
HPV50	----SI.....ET-DIA-S.RS.....-K--ST-KH..HCRl-LCCV-	60
HPV60	--A--E-.....SP-GDP---EHY-.....YT----KP..GAG--F-II-	63
	cysteine doublet -> <-	
SuperC.con	?paapdapdf?lpchfg?p????????????????????.....rrvYsVTVcC???.C?K?LtFavkT	56
GroupC1.con	?PAAPDAPDFRLPCHFRPTRKRG?TPPLSSPGK?CATGP.....RRVYSVTVCCG?..CGK?LTFavkT	89
BPV1	S-----N.....-E-----	95
BPV2	V-----S-----V-----H....-D-----	95
GroupC2.con	????????P?????K?H.....??Y?VTV?CN?..CDK?L?F??T	30
EEPv	TGIQAPQRKP-SQKGHK-G.....KKV-S---P--G....-N-E-CAR-	74
DPV	KNSTPVVVDK-GKPPP.-R.....RRQ-N---S--D....-R-N-SVK-	74
	cysteine doublet -><-	
SuperD.con	LdCEEEI.....etEEVDCp?pfa?veav.....CyvCEqvLRLAvV?	55
BPV3	-----A-Y-.....-NP---L-S	60
BPV4	-H-----T-N---ITAT.....-A-----T	60
BPV6	-----AN-----VT-CL-----H-----A	61
	cysteine doublet -> <-	
SuperE.con	l?cye??p??...??d?E?????????????????.....Yav??C???.C????rf?cv?	58
HPV41	AVHSGEH.....S-D-GESEEEEREQVQVPTPRRTL.....-L-ESQ-PF...QAI--V--A	106
COPV	-Q---QL.....SS-E-EEEEEPTEKNV.....-RIEAA-GF...GKGV--F-LS	65
CRPV	-H-D-ALENL.....SD-D-EDHQDRQVFIERP.....-SVP-KR...RQTIS-V--C	69
GroupE1.con	L?CYE??P?.....??E?E?????P.....YA?V??C???.C??L?RLT???	32
HPV1a	-Y---EV-P.....DDI-E-LVSPQQ.....-V-AS-AY...EK-V---VLA	65
HPV63	-N---DI-A.....EEE-S-Y.....-I-LP-GL...DQ-L---CVS	58
	cysteine doublet -> <-	
Unclass.con	LYCHEVL.....DEDELKEPTEAAPPEQYTL.....YQVLI ECPE..CNKTIRLTCAA	66
MnPV		66

## E7 Protein Alignment

		cysteine doublet	
		-><-	
SuperA.con	???dir?l?qll??gtl?iv.Cp?Ca??q		96
HPV54	THTG--V-QE--HQDA-Q--.--T--SRL		95
GroupA1.con	T?ADI??L?QMLL.?TL?IV.CPLCA?VE		70
HPV32	-G---QQ-H-----D--G--.-----C--		104
HPV42	-E---RN-Q-----G--D--.-----R--		93
GroupA2.con	ShADIRA?eqLLL.gTL?vV.CPRCv		120
HPV3	-----F-----.-T--.-----		127
HPV28	-----L-----.-T--.-----		87
HPV10	-----L-----.-KL-.-----		86
HPV29	-E-----FQE----.R--KI-.-----A		90
GroupA3.con	GDADLKVHLELLL.GDLSIV.CPGCA		95
HPV61	-----.------.------		95
GroupA4.con	G?aDiR?LEQLFL.kTLt1V.CPhCa		88
HPV2a	-Q--L-E-----.------		92
HPV27	-PE---D-----.-N--.------		92
HPV57	-A---H-----.-N---I-.--R-V		92
GroupA5.con	S????RV??QMLM.??SLV.C??CA???		62
HPV26	-RQNV--LE----.EDV---.-HQ--A..Q		104
HPV51	-GDTL--VQ-----GEL---.-PC--.NN		101
GroupA6.con	t??eLRv?QQ?LM.Gal???.CPLCA??r		87
HPV30	PTK---AL--M--.-ELV.-----TR-		105
HPV53	STK---IL--M--.-TVELV.-----TR-		105
HPV56	-KED---V--L--.-TVT.-----SSN		105
HPV66	-KE---V--L--.-TVT.-----SSK		105
GroupA7.con	S???LR?lqqLFm.dtLsFV.CPwCat?nQ		97
HPV18	-ADD--AF----L.N-----.-S.Q-		105
HPV45	-AED--T----L.S-----.----		106
HPV39	-RDT--Q-----.-S-G--.------A--		109
HPV68ME180	-REN--NVEL----.-S-N--.------ET-		110
HPV70	-QEN--S-L----.-E-----.-SGT-		109
HPV59	-QDG--A-----.-L--A.--		107
GroupA8.con	??TDI?Q??QLLM.GTL?IV.CPNCAAT?		93
HPV7	TA---R-VH-----.-N--.------A		111
HPV40	SI---T-FQ-----.-H--.------E		111
		CR3 domain	
		cysteine doublet	
		C C	
GroupA9.con	t??d?Rtlq?lLm.Gt??iV.CP?C?qr?		70
HPV16	-HV-I---ED----.-LG--.-I-S-KP		98
HPV35h	-HI-I-K-ED----.-FG--.-G-S--A		99
HPV31	-QV-I-I--E----.-SFG--.-N-ST-L		98
HPV52	-AT-L----QM-L.--LQV--.-G-.A-L		99
HPV33	-AS-L--I-Q----.-VN--.-T-A-Q		97
HPV58	-TT-V---Q----.-CT--.-S-A-Q		98
RhPV1	SHEEL-V-ED----.-LD--.-S-AS-V		113
GroupA10.con	TgtDI??lh?LLL.G?LnIv.CP?CAPkt		85
HPV6b	-E---REVQQ---.-T-----.-I-----		98
HPV11	-DG--RQ-QD----.-T-----.-I-----P		98
HPV44	-----HH--T---.-S-D-L.-V-----		97
HPV55	-----CQ--T---.-S-E-L.-V-----N		97
HPV13	--P--HD--D----.-T-----.-L-----S		101
PCPV1	--S--QH--K---.-S-----.-L---Q-		98
GroupA11.con	THADLLVLEDLLM.GALKIV.CPNCSRRL		97
HPV34	-----.------.------		97

## E7 Protein Alignment

cysteine doublet		
-><-		
SuperB.con	t?fgir?fq?ll?.?elqll?Cp?Cr?g??rhggs	68
GroupB1.con	T?fgiR?fq?lL?.??lqll.CP?CR?gnc?hgg?	79
HPV19	-Q---TL-DI-I.EE----.-E--.-N---V	102
HPV25	-D---TL-N--I.EE----.-E--.-K---S	102
HPV20	-E-A--S--Q--I.DE----.-D--.-K---S	102
HPV21	-Q-A--T--N--F.EE----.-E--.-K---S	101
HPV14d	-E-AL-T--N--F.EQ----.-E--.-K---S	38
HPV5	-E---A--Q--T.GD----.-D--.-K-D-S	103
HPV36	-E---A--Q--T.GD----.-E--.-E---S	102
HPV47	-NR---T--E--T.GD----.-E--.-K---F	103
HPV12	-DT---TL-D--I.SD----.-E--.-K---F	103
HPV8	-DS---T--E--F.RD----.-E--.-K---S	103
HPV24	-Q---GL-D--L.EEVVI--.-D--NSDLQ---Q	96
HPV15	-P---SQ-D--L.EEVK-V.--G--.EKLR-V	93
HPV17	-HA---SQEE--L.GEV--V.--N--.EKLR-D	95
HPV37	-PI---SQEE--L.GEV--V.--N--.KLR-D	94
HPV9	-NL---AQ-E--L.GDI--V.--E--.-RLR-E	93
HPV22	-LS---D--TS-L.GPVK--.-T--.EEIRN-RR	100
HPV23	-D---S--AS-L.ENVK-V.--A--.EDIRN-RR	97
HPV38	-DA---NL-DC-L.GDVR--.-T--.EDIRN--R	100
HPV49	-DAA--S--E--L.EE--F-.-Q--.EEIRN--R	103
GroupB2.con	te?g?r?leqLl?.?e???f?C??Csr?L?RnGRs	60
HPV4	A-L-L-T-----V.EGKLT-C-TA-A-S-N----	100
HPV65	V-F-L-A----IV.DGKLT-C-TT-A-T-.-----	98
HPV48	--F-I-CF----L.K-LCL-. -PA---Q-P-----	93
HPV50	-DAAI-VF-C--Q.S-FSFL.-LK--KE-L----T	93
HPV60	-PSAVIT-R---L.Q-VFLT.-LR---S-F-H----	96
cysteine doublet		
-><-		
SuperC.con	ssst?L???hLLn.sDLD?L.C?rCESre?HGKR	81
GroupC1.con	?ST?LLGFEHLLN.SDLDLL.CPRCESRERHGKR	119
BPV1	S--S-----.------.------	127
BPV2	G--T-----.------.------	127
GroupC2.con	???TILTLQ?LL?.?DLDFL.CS?CE???G	48
EEPV	SSA-----N--L.K-----.-T--TNH-	102
DPV	TCS-----Q--T.E-----.-F--AKN-	102
cysteine doublet		
-><-		
SuperD.con	SpdGihQLqQLLl?D?lslL.Ca?CSrevfcNRRPqRNGP	91
BPV3	-----H-----.-CI---.-N-----YS-----	98
BPV4	-TE-----F.-N-F--.-A--KQ-----E----	98
BPV6	-----L-----T-S--F-. -TS---A-----S	100
cysteine doublet		
-><-		
SuperE.con	????ir?L?lLl.?Sl??v?Cp?C????qrq???HRQWQ	78
HPV41	SNTG--N-QA--V.N-HLDLA-HA-VEQNGV-GLR-----	145
COPV	QKEDL-V-QVT--.-.-SL-. -TT-VQAKLDHGG	97
CRPV	APEA--T-NR--S.A--SL-.-E-CN	94
GroupE1.con	D?S????LEELLl.?SL?IV.CPLC????QR?	50
HPV1a	-H-AIRQ-----R--N--.-TL..--Q	93
HPV63	-L-TLTR-----G--R--.-----AIRH--H	88
cysteine doublet		
-><-		
Unclass.con	QAHQIRGLEHLLL.DGLRVI.CPRCNQKNGRS	96
MnPV	-----.------.------	96





## E7 Nucleotide Alignment

SuperB.con	ATGAttGG?aaagaggc?Ac??T?	19
	E6 end for HPV15, HPV17, HPV9, HPV49 <- E2 binding site	
	E6 end for HPV5, HPV19, HPV25, HPV47, HPV12, HPV8 <- in HPV9 ->	
GroupB1.con	ATGATtGGtAAagAgGtcAc??Tg	22
HPV19	-----G-----G-TAT--	24
HPV25	-----G-----AT--	24
HPV20	-----AT--	24
HPV21	-----AT--	24
HPV5	-----CG--	24
HPV36	-----CG--	24
HPV47	-----CG--	24
HPV12	----C-----CG--	24
HPV8	-----TG--	24
HPV24	-----A-----TC-A	24
HPV15	-----G----A-CT--TA-A	24
HPV17	-----G----A-CT--AA-A	24
HPV37	-----G----A-CT--AA-A	24
HPV9	-----G----A-CT--TA-A	24
HPV22	-----G---C-A-CT--TC--	24
HPV23	-----G---C-A-CT--TC-T	24
HPV38	-----G---C-A-CT--TC-T	24
HPV49	-----G----A--T--AA-A	24
	E6 end for HPV4, HPV65 <-	
GroupB2.con	ATGAg?GGagat?agcC?ActgTT	21
HPV4	----A----CAGC---C--G---	24
HPV65	----A----CAGCA--C-GG---	24
HPV48	----G-----A--G-T--A--	24
HPV50	----G--T---A-A--A---A--	24
HPV60	----TT--TA--C---T-A-----	24
SuperC.con	ATGatggtTcaagGtCC??TACcca?agA	26
	E6 end for BPV1, BPV2 <-	
GroupC1.con	ATGGTTCaAGGTCCAA?TACCCATAGA	26
BPV1	-----A-----	27
BPV2	-----C-----	27
GroupC2.con	ATG????T????G?CCCC?TAC??G??A	14
EEPV	ATGGT-CACG-C----G---AAA-AA-	27
DPV	---GCATG-GCTC-G---T---CGG-CG-	30
SuperD.con	ATGAAGGGcCAGaaCgTGActTTg	24
BPV3	-----G-----	24
BPV4	-----G-----A--A	24
BPV6	-----G-A---T----	24
	E6 end for COPV <-	
SuperE.con	CTGTATTGTATTGCTGTAATCGTGCCTAAATGCTATACCCTGTAATAATGat?GG??aaa??cctT?	110
HPV41	-----GA--GA-T-GTGTG-C--G	117
COPV	----T--GC--TGCG---CC--T	24
CRPV	----A--CAG--CT--T--G--T	24
GroupE1.con	ATGGTGGG?GA??GCCA??T?	16
HPV1a	-----C--AAT----GCAC--	24
HPV63	-----A--GCA----AATA--	24
Unclass.con	ATGATAGGACCTGACACCACGCGC	24
MnPV	-----	24

## E7 Nucleotide Alignment

SuperA.con	.....?aagA?attgt?tTagat?tg?aacc??a??c?g??t????????????????????gac	163
HPV54	.....G-G--T--A--CC-T---T-AA----A...GAACCGT-T.....	63
		degenerate E2 binding site in HPV32 ->
E6 end for HPV42 <-		
GroupA1.con	.....AAGGACATT?TTTTGT?TGAC?T?CCAACG????????????????TG?GA?ACACC????TTGAC	58
HPV32	.....A-----A-----A-----C-G-----TGTGACCCGACAACG--C--C-----GCCGG-----	90
HPV42	.....-----G-----T-----A-A-----.....-T--G-----C...A-----	72
		<- E6 end for HPV3, HPV10
GroupA2.con	.....AAAGATATaGAATTGagTCTTGCACCAGAGGacgTc.....CCT	182
HPV3	.....-----	183
HPV28	.....-----A-----	63
HPV10	.....-----C-----TA-----	63
HPV29	.....-----T-----GA-----C--A-----	63
GroupA3.con	.....AAGGACATAGTCCTTGAAGAGCGTCCT...GAGGTGGTT.....GAC	63
HPV61	.....-----	63
		degenerate E2 binding site in HPV45 ->
E6 end for HPV2a, HPV27, HPV57 <-		
GroupA4.con	.....gaGGACATtACAcTAATATTGGAaGAAATACCCGAAATTgTT.....GAC	69
HPV2a	.....A-----T-----	69
HPV27	.....-C-----T-----A-----	69
HPV57	.....-----C-----	69
GroupA5.con	.....?AAGATGTA?TA?T??AT?T??CC?CA??C?GAAATT.....GAC	41
HPV26	.....G-----A--C--AG--C--GGTG--G--AC--C-----	66
HPV51	.....A-----G--T--GC--T--AACA--A--GA--T-----	66
GroupA6.con	.....C?AgAa??TaT?tTaGAaCTt??ACCgCAAActGAaATT.....GAC	58
HPV30	.....-C---TA---T--G--C---GT-----	66
HPV53	.....-C-C---TA---TA-----AT---A-----G-----	66
HPV56	.....-A---CGT-G-A-----AAC---T---A-----	66
HPV66	.....-A---GGT---A-----GC-----G-----	66
		degenerate E2 binding site in HPV35h, HPV31, RHPV1 ->
GroupA7.con	.....caaGAaATTGTaTTagAtTta?atCCa?acAATgAaatagagccggtt.....GAC	72
HPV18	.....-----C-----GC-----G-G--CC-A-----T.....	72
HPV45	.....-----GC-----GG-A--TC-G-----T--T-----	75
HPV39	.....-G-----TG-----TT-----C-----	75
HPV68ME180	.....-G-----G-----G--TG-----TG-----C-----	75
HPV70	.....-----G-----T-----T-----C-----C-----	75
HPV59	.....TGT--C----T-----GG-A--C-A--T-TGAG--AGTT.....	72
		degenerate E2 binding site in HPV6b, HPV11 ->
E6 end for HPV7, HPV40 <-		
GroupA8.con	.....GGAGACAT?GTGTTA?AC?TGCA?CC?GAACC?GTA.....?GT	56
HPV7	.....-----C-----G--T---A--C-----A-----	63
HPV40	.....-----T-----A--C---C--T---T-----T-----	63
		degenerate E2 binding site in HPV35h, HPV31, RHPV1 ->
GroupA9.con	.....?aagA?taTgT?tTAGATtTgcAaCCTga??CAact????????????.....GAC	55
HPV16	.....C-T--A--A--G-----A--GA-----T-----	63
HPV35h	.....C---C---T-----G---C--GG-----	63
HPV31	.....C---C---G-----GG-----	63
HPV52	.....A---T---A-A-----C-----AA-----	63
HPV33	.....A-G--A---T-----AT-T---AC-----	63
HPV58	.....AG--A--A-T-----A--T---AC-----	63
RHPV1	.....G-G--CAT---CC-----ATTTC--CAACCGCAACCGGTC.....	75
		E2 binding site in HPV6b, HPV11 ->
E6 end for HPV6b, HPV11, HPV13 PCPV1		
GroupA10.con	.....AAGGA?ATtGTtTAgA?CTg?atCCTcctGACCCTGTA.....GG?	61
HPV6b	.....-----T-----A-----C---A-----A-----	66
HPV11	.....-----T--A--AC---C---C-G-----	66
HPV44	.....-----A-----C-G---G-A-----	66
HPV55	.....-----A-----G---G-----	66
HPV13	.....-A--C-----G---AC-----	63
PCPV1	.....-----C---G---C---AAG-----	63
		degenerate E2 binding site in HPV34 ->
GroupA11.con	.....CAGGACATTGTGTTAGATCTGAAACCAACGACCGAGACT.....GAC	66
HPV34	.....-----	66

E7 Nucleotide Alignment

SuperB.con	?????c?AGAtaTtgttcT?gAg?t?a?tgag?t????????gt?c??cc??tt???. . . . .gac	52
	degenerate E2 binding site in HPV37, HPV9 ->	
	E2 binding site                      degenerate E2 binding site in HPV9 <-                                      ->in HPV8 <-	
GroupB1.con	.....caaGAtaTtgt?cT?gAg?t?a?tgagct?cagcctga?gt?caaccagtt???. . . . .GAc	68
HPV19	.....-----C-----AT-A--AT-A-G---T-G-----G--A-----	78
HPV25	.....-----T--ACAT-A---T-A-G---AT-G-----G--A-----	78
HPV20	.....-----G--G---T-A-A--AT-G-----G--T-----	78
HPV21	.....-----T--G---T-A-A--AT-G-----G--A-----	78
HPV14d	.....	0
HPV5	.....-----A-T--G---C-C-G---G-G---C--A--G-T-----	78
HPV36	.....-----T--G---C-C-G---G-G---A--A-T-----	78
HPV47	.....-G-----T--G---T-A-G---G-T--A---A--ATT-----	78
HPV12	.....-----T--ACCT-G---C-T-G---G---A--GTT-----	78
HPV8	.....-----T---GT-GA--T-A-G---A-A--A---A--GTT-----	78
HPV24	.....-----C-----CT-A---T-G-C---CA--A---T-----	66
HPV15	.....-C-----A--G--T---C-GCAA---T.....-C--G--CAC-----	69
HPV17	.....-C-----A--G--T---C-GCAAC---T.....-C--G--CAC-----	69
HPV37	.....-C---A--A--G--T---C-GCAA---T.....-C--G--CAC-GCT-----	72
HPV9	.....-C---GG-G--T--A--AC-GCAA---T.....-C---CAC-GCT-----	72
HPV22	.....TGT-----A--T--T--A.....-T.....-C-TG--CA-----	63
HPV23	.....-GT-----A--T--T--A.....-T.....-C--G--CA-----	63
HPV38	.....-GT-----A--T--T--A.....-T.....-C--G--CA-----	63
HPV49	.....-C-----AA-A--AC-AGAAGAGTTTGGC----CATT.....	66
GroupB2.con	?????cctGAt?TtaatTTaGAA?????GAgT?GtTTgCCtgt?.....Aac	57
HPV4	.....G-A--C-----CTAAAT--C--A--G--A--A-CA-----	69
HPV65	.....G-A--C-----TTAAAT--C--G--G-----A-A-----	69
HPV48	.....-----CA-AG-G-----C-T-----CT-----	63
HPV50	.....-----A--GT-----C-T-----G-----T-----	63
HPV60	AATAAC-T---G-A-----G--G.....-G-----A-----C-----GT	69
SuperC.con	.....aac?Tg???g?tt?????CA???cc?tTg???aT?tTaa?t?????G?ag?caca?ctac?agg	62
	3' sj for BPV1 \/ E2 binding site 3' sj for BPV1 \/    3' sj for BPV1 \/    in BPV2 ->	
GroupC1.con	.....AACTTGGATGATTACCTGCAGGACCGTTGCTGATTTAAGTCCATGTGCAGGCACACCTACCAGG	92
BPV1	.....	93
BPV2	.....	93
	E6 end for DPV <- E6 end for EEPV <-	
GroupC2.con	.....???CT?CCG?C??ATGAATCACCT??C?T?ACA?TG?T??T?GAGCCAGT??C? ???G? ???A???	51
EEPV	.....CAC--G---C-GT-----CC-C-C---C--C--CC-A-----TG-TCCG-TGCA-CAG	93
DPV	.....ACG--A---G-TG-----TG-T-A---T--A--TT-G-----CT-GGGA-AAGC-GCC	96
SuperD.con	.....aAagAC?TtGctgtAGAATTAGAgGAtgtAgTcAGTCCAATT.....Aac	68
BPV3	.....-A--G-----	69
BPV4	.....C-G---A---AA-----AC-A-T-----	69
BPV6	.....-----T-A---C-----A--G-----	69
SuperE.con	.....???GA??TgGTgctt?????gaag?a??gt?cc?GA???????. . . . .gat	134
HPV41	.....CAA--AA-T-----GTTcAGC-G-GGGAG--A--T--GAAT.....-C	162
COPV	.....TTG--TA-T-----G.....AC--AG...CAG--G--GCCGATA.....-C	63
CRPV	.....AGT--GC---TT-A.....-GT-A...ACTG-T--AGCGCTT.....AG-	63
GroupE1.con	.....???GA??TGGT??TCAA??GAACCAAGCGTCTAGAT?TA.....?AT	48
HPV1a	.....AAG--CC---TCT---CTT-----T-----G--	69
HPV63	.....GGT--TT---GAG---GAA-----C-----A--	69
Unclass.con	.....TGTCTCACCGCGAAACTCTGACTCG.....GTC	54
MnPV	.....	54

## E7 Nucleotide Alignment

SuperA.con	ctaca?TGc?atGagcaaTTa????????????gacagctcaga?ga?ga?ga????gatgaa?t?gac	209
HPV54	--GT-C--AGG-----.....--AGA--T--T-CA--A--TGAGACA-C-G-A...	117
degenerate E2 binding site in HPV32 <-		
GroupA1.con	CTGTATTG?TATGAACAATT?.....GACA?CTCAGATGAAGATGA????????????... 96	
HPV32	-----T-----T.....C-----TGAAGACGATGAC... 144	
HPV42	-----C-----G.....G-----C..... 114	
GroupA2.con	gta?tATGCAATGtGCAATTA.....????????GATGAAGAAgATaTaTA?A?ATG??GtG 225	
HPV3	-C-C-----.....-T-G--T-A--CT-- 231	
HPV28	--GCA-----.....-C-A--TG-A- 111	
HPV10	..G-----.....C-G--CG-- 108	
HPV29	T--G-----A-----GACAGCTCA-----G--T-G--TT-- 120	
GroupA3.con	CTACATTGCAATGAGCAGTTA.....TTAGACAGCTCAGAGTCAGAGGAGGAGATAGTGTGCGT 123	
HPV61	-----..... 123	
GroupA4.con	CTACATTGCGACGAGCAATTT.....GACAGCTCAGAAGAAGAgAaTAACcATCAACTGACA 126	
HPV2a	-----..... 126	
HPV27	-----..... 126	
HPV57	-----A-----T-C--T- 126	
GroupA5.con	?T?C??TGCTACGA?CAATT????????????GACAGCTCAGA?GAG???. . . . .GATGAA??AGAT 80	
HPV26	C-A-GC-----A----GGACTATGAACAATTT-----T-----AC-- 129	
HPV51	T-G-AA-----G----T.....G--GAG.....GT-- 117	
GroupA6.con	CT?CAaTGCaATGAGCAATG.....?ACAGCTCAGAGGatGAGGATGAGGATGAAGTAGAC 113	
HPV30	--G--T--T-----.....A-----A----- 123	
HPV53	--G-----C-----.....A----- 123	
HPV56	--A--G-----.....G----- 123	
HPV66	--A-----.....G-----A----- 123	
degenerate E2 binding site in HPV45 <-		
GroupA7.con	CTtgTaTGtcACGAGCAATTAgga.....GA?TCa.....GA?gatGAaAaGAtgAAcccGAC 124	
HPV18	---C-----A-C-----C-----G--A--C-----ATA--T 126	
HPV45	--GT-G--T-----A-C-----G-----G--G--C-----G-A--T 129	
HPV39	-----.....G-----G-----T----- 129	
HPV68ME180	-----.....T-----C-----T----- 129	
HPV70	-----A-----T-----CA-----C----- 129	
HPV59	----G--CT-----CCT.....C--C.....CTCC--G--T--AA--GAT--A 126	
GroupA8.con	?TAA??TGCAACGAGCAATTA.....GACAGCTCAGACTCAGAAGATGACCATGAACA?GAC 109	
HPV7	T--GT-----.....A-- 120	
HPV40	C--AC-----.....G-- 120	
degenerate E2 binding site <- in HPV35h, HPV31, RHPV1		
GroupA9.con	CTatacTGtTATGAGCAATTa?gt.....GACAGCTCAGA?GAgGAGat?????g??T?GAC 103	
HPV16	--C-----AA-----G-----AAA-A--T 117	
HPV35h	-----GT-----G-----A...GATACTA-T-- 120	
HPV31	--CC-----CCC.....T-----GTC....A-A-- 117	
HPV52	--C--C-----G-----T-----ACAGAT-GTG-G-- 123	
HPV33	-----C-----A-----T-----T--A.....GCT-G-- 117	
HPV58	---T--C-----T-----C-----T--AATA...GCT-G-- 120	
RHPV1	--TATG-----TC-----G--T-----GAA.....G-A-- 129	
E2 binding site <- in HPV6b, HPV11		
GroupA10.con	cTACATTGCaATGAGCAATTA???.....GACAGCTCA???GAaGATGAGGTGGA?gAactaGcC 114	
HPV6b	T-----T-----GTA.....C--G-G-A- 123	
HPV11	T-----T-----GAA.....CA-GG-G-A- 123	
HPV44	-----.....T----- 120	
HPV55	-----.....G-----T----- 120	
HPV13	-----.....C-----C--A-- 117	
PCPV1	-----.....GAA-----T--A-- 120	
degenerate E2 binding site in HPV34 <-		
GroupA11.con	CTTACATGTTACGAGTCATTA.....GACAACTCA...GAGGATGAG...GATGAAACAGAC 117	
HPV34	-----..... 117	

## E7 Nucleotide Alignment

SuperB.con	cTgcTttgtgA?GAggagT?cc??a?ga????????????a?ga?acagaggaggag???g????????	92
	degenerate E2 binding site in HPV37, HPV9 <-	
GroupB1.con	cTGc?tTGtgA?GAggAgtTacc??a?ga????????????cagga?acagaggaggagc??ga????????	112
HPV19	---TT-----A-----GACC--ACAG.....A-----CT-CTATT...	138
HPV25	---TT-----A-----G--GGCT--GCAT.....A-----CT-CTATT...	138
HPV20	---TT-----A-----GA-C--GCAG.....G-G-----CTC-GATT...	138
HPV21	---TT-----A-----GAGC--GCAG.....A-----TACCA.....	135
HPV5	---TT-----A-----A-----AA-C--G.....A--G-----CT--CAAC...	135
HPV36	---TT-----A-----A-----AA-C--G.....-T--G-----TT--CACC...	132
HPV47	---TT--C--C--A-----AA-T--A.....AC-GG-G-----TA--CATC...	135
HPV12	---T-----A-----A-----AA-C--G.....A--G-----TCA--TATC...	135
HPV8	---T-----A-----A-----AA-C--A.....A--G-----TA--CATC...	135
HPV24	T--AC-----A-----G--A.....G.....T--G--T-----CT.....	114
HPV15	---A--CT-C--A-----AGTG-A--A.....-G-----.....CCA...	117
HPV17	---A--CT-C--A-----AGTG-A--A.....-G-----ACA--GAG--GCCT...	123
HPV37	---A--T--C--A-----GAGTG-A--A.....-G-----.....CGT...	120
HPV9	---A--T--C--A--A--GA-AG-A--A...CCTGCAGAGG--GCAGTGTCTCACT.....	129
HPV22	---A--CC-C-----C-G--TG-ACTTCCA.....GAAG--TTAGA--ATCA-T-GTA--GGAGGAG	129
HPV23	---A--CC-C-----C-CA-T.....GAAG--TAGA--A-CA-TCGTA--GGAGGAG	120
HPV38	---A--CC-C-----G--TG-TCTTCCA.....GAGG-TATTGA--CATCA-T-GTA--GGAGGAG	129
HPV49	---AA--CT-C--A-TC--A-AGCT--AGCACCAGCTGAA--A--GTTG----CA--GAG--GCTTATC	138
GroupB2.con	cTgcT?agTGA?GAgg??tTg.....????????????gaa?c?gaTGA?a?t?CaGAggag	93
HPV4	---G-----G-----TC-----CAATCTTCAGAT--TGAGT---G-T-A-----	126
HPV65	---G-----G-----TC-----CAACCTTCAGAT--TGAGTC---GGC-C-----	126
HPV48	T-AA-TTC---C---TCA.....TC-C-A---CT-C-G-----	108
HPV50	T---T---C---ATCTA-T.....-A-T---C-TAG---ATCT	108
HPV60	---TT-AGC---T---AG---TC-C-C---GTGA-C-T-----	114
SuperC.con	actcc??c?gcacC?gatgcaccggAtttc??cttccg??cat?tCggc??c?t????????????	104
	E2 binding site in BPV2 <-	
GroupC1.con	??TCCTGCAGCACCTGATGCACC?GATTTACAGACTTCCGTGCCATTTCCGCCGTCTACTAGGAAGCGAGGT	161
BPV1	TC-----T-----	165
BPV2	GT-----C-----	165
GroupC2.con	A????CA?T????CA?????G?A????CCT????AAA??C?C??AAA?G?CAC.....	74
EEPV	-CAGG--T-CAGG--CCGCAGAG-A-GCCA--TCCCAG--GGA-A-AAA--G-A--	153
DPV	-AGAA--G-ACAC--GTCGTTGT-G-TAAG--GGA...--CCG-C-CCT--C-C--	153
SuperD.con	TTGgAtTGtGAaGAgGAGATt.....GaAAcTGAGGAaGT?GACTgtCctg?CcC?TtT	119
BPV3	---C--G-----A.....A-----G-C--G-A-	123
BPV4	---C-----.....G--G--ACC--AA--T---	123
BPV6	---C-----A-----C--A-----T-A-C---	123
SuperE.con	?t??a?tgTta?Gagga??tacc????.....????a?t??ga?gatGAggatgag??gga??agcaa	174
HPV41	GCAGTGCA--CA-G--GCAT.....CT--T-----G--AGC--GG--G-G	213
COPV	T-GC-A--C--T--AC-AT---A.....TCG-CT--C--G--G--GA--GG--C-	120
CRPV	C-GC-T--CG-C--A-CAT--GAG.....A-T-TAAGT-----T-----GA--TC-T---	120
GroupE1.con	?????TGTTA?GAGGA??T?CCT?CT.....GA?GA???GAG??GA?T????????????	74
HPV1a	CTTTAT-----C-----GG-G--C-----T--CATA--GAG--G-TAGTGTGCGCTCAGCAA	132
HPV63	.....T-----TA-A--G-----G--GGAG--TCT--A-AT.....	111
Unclass.con	AGCCTGTATTGTACACGAAGTTCTC.....GACGAGGACGAATTAAGAGCCAACA	105
MnPV	-----	105

## E7 Nucleotide Alignment

SuperA.con	????????????a?c?ag????aca?gc????c?g?g?ac??a????????????????????	224
HPV54	.....ACAC-A-CT-ACAA--A-A.....	138
GroupA1.con	.....CAA?C????AAACAGGACATACA?CGT.....	117
HPV32	.....-C-TATA-----A-----	171
HPV42	.....-G-C.....-G-----	138
GroupA2.con	.....GAACCAGCaCAACAaGCG.....	243
HPV3	.....-G-----	249
HPV28	.....-----	129
HPV10	.....-----	126
HPV29	.....-G-----	138
GroupA3.con	GAGCAACTTGTGAACAAGCACAGCAGGCC.....	153
HPV61	-----	153
GroupA4.con	.....GAACCAGcTGTGCAGGCC.....	144
HPV2a	.....-A-----	144
HPV27	.....-----	144
HPV57	.....-----	144
GroupA5.con	AATATGCGTGACCAG.....??c?g??AGAC??GCTGGACA?G????GTGT.....	114
HPV26	.....-AG-CC---AA-----A-AAGT-----	174
HPV51	.....CTA-CA-AA---GG-----G-CTAC-----	165
GroupA6.con	cATTtGcAgGAGC?G.....CCACAGCAAGCTAGACaag?tgAACACAT?c?TGT.....	160
HPV30	A---A---A---A.....AA-----C-T-----	174
HPV53	---C-----A-.....-GG-AC-----C-T-----	174
HPV56	-----G-.....C-A-----A-G-----	174
HPV66	-----T---G-.....C-----AAG-----	174
GroupA7.con	??gCAGtTaatca?...??caacatcaacTACTAGCcaGACG?G?cGAACcACAgCGT.....	172
HPV18	...-G-----T.....T---C---C---A-C-----A-----	174
HPV45	...-G---G---T.....GCA-----C---C---A-C-----	177
HPV39	CAT-----C.....G-AT-----	183
HPV68ME180	CAT-----C...CAC-----G-A-----A-----	186
HPV70	CAT-T-----C.....A-----G-AA-----	183
HPV59	...C---A-GGAGTT...AAT--T-C-TTG-----T---A-CT-----	180
GroupA8.con	CAACTAGACAGCT?ACACA?TAGA?AGCGTGAGCAACCCACGCAACAGGAC?TGCAAGTAAATTTGCAATCA	177
HPV7	-----C---A---C-----T-----	192
HPV40	-----T---G---G-----C-----	192
GroupA9.con	????????????gtCcgatggaCAagca?AaCc?GcCAca?ccaAt????????????????????	135
HPV16	.....G-----C-----G---G-A--G-G--C-----	153
HPV35h	.....G-----C-----A---A-A---CT-----	156
HPV31	.....A-----C-----G---G-A---T-----	153
HPV52	.....C-G-----G---AA-----AG-----	159
HPV33	.....C-G-----C---A-----G-TG-----	153
HPV58	.....G-G-----C---G-----G-T-----	156
RhPV1	CATCATCACAATAA--AGC-GCAG--TCATC-G-AC---G-C-TG-AGTACCAGAGGATGGTGATTGT...	198
GroupA10.con	.....acgCAaGccaCgCAAg?c????????AcaCAaCaT????????????????	140
HPV6b	.....GGA---ATT-A---...CCTTTA-A-----	153
HPV11	.....AA---A-G-A---...CCTTTA-----	153
HPV44	.....-A-GTT.....-G-C-----	150
HPV55	.....-G-----A-GTT.....-G-C-----	150
HPV13	.....-C.....-G-----AGCACACTATTACAATGC.....	162
PCPV1	.....-C...ACGTT-----	153
GroupA11.con	.....AGCCATCTAGAAAGACAAGCTGAGCAAGCCTGG.....	150
HPV34	.....-----	150



E7 Nucleotide Alignment

SuperA.con	taca?aaT?gtaac????TGttgtaag???. . . . .	TGt?a?a??acagT?cggcTggt?gT??agagcaca??a	274
HPV54	-TT-AGG-GT--GCCAG--G-AGGTGTG. . . . .	---TGT-AG-----A-----ATGT--GT-T-----GCAC	207
GroupA1.con	TACAGAATA?TGTGTG??GTACACAG. . . . .	TGT?????GTC?GTTAAACT?GTTGT?????GTACAG??	166
HPV32	-----G-----GT-----	----GGACG---A-----T-----CAGTA-----GC	237
HPV42	-----C-----TG-----	----TACAA---T-----C-----GCAGT-----AG	204
GroupA2.con	TATaGgGTgGTaACagtgTGT?CaAAG. . . . .	TGTAGTtcAccACTgCGACTGGTGGTAgAGtGCAGCcAc	308
HPV3	---T-T-A-C-----C-G-----	-----A---T-----	315
HPV28	-----C-----C-----	-----	195
HPV10	-----AA-A-----	-----T-----	192
HPV29	-----TT---A-----	-----A-A-----A-----G-A	204
GroupA3.con	TACAGGGTGGTTACTACCTGTGGCATT. . . . .	TGTAAGTGTCCAGTTAGGCTGGTGGTGCAGTGGCGGAGAC	219
HPV61	-----	-----	219
GroupA4.con	TACGGGGTGGTAAC?ACcTGCTGtAAG. . . . .	TGcggCAGaaCcGTCCGGCTGGTGGTTGAGTGGCGGAcca	209
HPV2a	-----T-----	-----T-----A-----	210
HPV27	-----A-----C-----	-----G-----	210
HPV57	-----G-G-----	-----CA--T-A-----G-G	210
GroupA5.con	TACAGAATGAAGC?C??TGTtgTA?G. . . . .	TGT???AGT?TAGT?CA?CT?GC?GTG?A?AGCAGT?GA	164
HPV26	-----A-AA---T-T-----	-----AAT--A---G--A---T---C-G-----C--	240
HPV51	-----T-CG---C-G-----	-----TCA--G---A--A--G--A---G-A-----G--	231
GroupA6.con	TACCTAATtAc??AC??TGTtGTa?G. . . . .	TGTgaGT??gtGGTGCAGTTGG??TTCAGAGTAcCa?A	215
HPV30	-----A-AC--AG-----G-----	-----C-CT-C-----CTG-----C---C-	240
HPV53	-----G-AAc--AG-----G-----	-----CGT-----CTG-----T-A-C-	240
HPV56	-----A---GT-CT---GA-----	-----A---TT-----ACA-----A-	240
HPV66	-----GT--CT-----A-----	-----TG-----ACA-----A-	240
GroupA7.con	CACA?aATtc?GTGTatgTGTGTAAAG. . . . .	TGTaAcaaca?AcT?cAgcTagtAGTAGAa?ccTC?c?a	231
HPV18	---C---GTT-----G-----	---AGC--G-A-TG---AG---AGC-	240
HPV45	---A---TT---G-A-----	---G--GG--G-A-TG---TAC---GAG---GGC-	243
HPV39	---C---A-A---TC-----	---C---G---G---G---G---A-GG	249
HPV68ME180	---C---A---C-----	---CT---G---A-----G-G-G-GG	252
HPV70	---A---A-A-----	---T-CT-C---G---CT-----G---A-A-	249
HPV59	---AC---GT---G-----	---T---TCA---T-----A---G-A-	246
GroupA8.con	TTTAAA?TAGTAAC?C??TGTGTATTT. . . . .	TGTCA?TGTTT?GT?CGC?TAG?AGT?CATGTG?C????	228
HPV7	-----A-----A-AT-----	-----C-----A-T---C---T---C-----A-TGCT	258
HPV40	-----G-----T-GG-----	-----G---G---T---C---G---T-CATC	258
GroupA9.con	TAcAA?ATtGTaAcct?tTGTtaca?? . . . . .	TGTgacac?aCacTtcGttTgtgtgT?ca?AGcAcaca?	193
HPV16	-----T-----T---G--AG-----	-----T-T-G---G---C--A--A-----C	219
HPV35h	--T--T-----G-CC---GT-AA-----	-----GG-G---A---C-----A-G-----C	222
HPV31	-----T-C---T---T---GTCAG. . . . .	-----A-GT-T-----A-G-----A	219
HPV52	---T-C---G-A-A---C---GT-----	---T-GC---A--GC-A--CA-T-T---TGCG	225
HPV33	---T-C-----G---C---CT-----	---A---C---G-----A---CA-C---T---GCA	219
HPV58	---T-C-----T-G-----CT-----	---G---C---GG-----A-CA-C---T---ACA	222
RhPV1	---T-GA---G-G-GA-----GC-----	---G---AGC---GA-GC---GT---GGTT---T-GC---C	264
E2 binding site			
in HPV44, HPV55, PCPV1			
-> <-			
GroupA10.con	TaCCAAATAgTaACct??TGTgGTa?a. . . . .	TGTgacaGcAAcGtTCGgcTGGTtGTG?AgTG?ACAGga	201
HPV6b	-T-----G---GT---CT---GG-----	-----A-----C---T---A-	219
HPV11	-----C-G---GT---CT---GG-----	-----C-A-----G---C---AC	219
HPV44	-----ACC---C-----AGTC-G--G-----	-----C---C-----	216
HPV55	-----ACC---C-----A-C-G-----	-----C---C-----	216
HPV13	-----C---G-CC---A---A-----	-----TGT-----C-----G---T-----	228
PCPV1	-----GT---CAG-----	-----G---TT-----G-C---T-----	219
GroupA11.con	TACAGAATAGTTACTGATTGCAGCAGA. . . . .	TGTCAGTCCACAGTGTCTTACCATTGAGAGCACACAC	216
HPV34	-----	-----	216



E7 Nucleotide Alignment

SuperB.con	TacaAAAAtgtg?gc?cctTGtgg?tg?????tgga?gt?aagcTtcg??T?tttgt????GC?ac?ga?	149
GroupB1.con	TaCAAAaTgTgacacctTGtgg?tg?????tgtaggcaagcTtcg??T?tttgt????GC?AC?ga?	177
HPV19	-----G-----T--T-----C-----CA-----G-----CA-C-----GAAA--C--GC-A	216
HPV25	-----G-----G-----T-----C-----CA-----GAAA--C--T--T	216
HPV20	-----G-----C--C-----CA-----G--A-----CA-C-----A--AAGC--T--A--A	216
HPV21	-----G-----A-----C--C-----CA-----CA-----AAAC--T--AC-A	213
HPV14d	-----G-----A-----C--C-----CA-----CA-----A--AACT--T--A--A	24
HPV5	-----G--A--A--T--G--C--T--AGGAAC-----CA-T-----CCAC--C--A--A	219
HPV36	-T---G-CA-----G---T---AGCCAC-----C---CG-T---CCAA--T--A--A	216
HPV47	-T---G-GA-----G--C--T---AGCTGC--C-----CA-T-----GAAC--A--AA-C	219
HPV12	-T-----CA-----G---C---AGCTCC-----C-----TA-T-----CAAC--A--T--T	219
HPV8	-T-----G-----C---AGCTGC--C-----A---TC-T-----CAAC--A--T--T	219
HPV24	-----AA--ACTTTG--C--CG--GGT...--GAAC-CG-----AT-A-----AGCA--A--AC-G	195
HPV15	-----G-----A--TT--G---...TTT-----TTC-----AC-TA-A--GGTT--A--TCCA	195
HPV17	-----G-----A--T--G--C...TTT---GTTCT---A--GC-TA---TCTT--A--GC-C	201
HPV37	-----G-----A--T--G--CT-C--TT...GTTCT--A--A--AC-GA-A--TGTT--A--GCCT	198
HPV9	-----G--C--A--TGGC-----T---...GT-CA-GA-----TT-A-AC--GCTT--T--AA-T	195
HPV22	-----G-----A--T--TA-----GG-T...TACA-----GAAGC-G-A-A--ACTA--A--TCTC	210
HPV23	-----G--CA-C-T-GT-----AG--...ACAC--T-AAAGC-T-AC--GCTA--C--A--T	201
HPV38	-----CA-A--TT-T-----GG-T...A--A-G--AAAAC-A-AC--GTGG--C--C--C	210
HPV49	-----G--A---TA-----CG--GGATGC...GT-C--GA--G--AG-C--C--GTTA--C--T--C	219
GroupB2.con	TttagaATaGAcacCctgtTGc?A?a?t...TGTgaag?tg?gtgTaAGa?Ttact?t??ttGctactga?	157
HPV4	-----T-T-GA...T-GC-----A---AT-GTA---G-----G	207
HPV65	-----T-T-GA...T-AA-----GA-----C-GT---GTG--G	204
HPV48	-ACC-G-----T--AAG--TC-C-A...GCTG-C-CA---GG-G--AG-CGC---A-----A	186
HPV50	--C-AG--T--TT-TACG--TA-GCA...C-TTG-C-C--T---C-GTG-TGTG-C--C--C--C	186
HPV60	-A--C-----A-ACC...G--CAG---T--T---A-TA-----CCT	195
SuperC.con	TattcTGTGACTGTct?cTgc??agac...TG?G??AA?gacCTga?aTtt?cTgtcAa?Acta?Ct?c	166
GroupC1.con	TA?TCTGTGACTGTCTGCTG?GGA?AC...TGCGGAAA?GA?CT?AC?TTTGTGT?AAGAC??GCTC?	274
BPV1	--T-----T--A...A--G--G--T-----G-----CA-----G	291
BPV2	--C-----C--C...G--C--T--A-----C-----TG---T	291
GroupC2.con	TAT??TGTGACTGT??C?TGCAA?G??...TGTGACAA??CTG?A?TT?T?TG??A?AACT?CC?GC	121
EEPV	---TC-----GC-T---T-GA...AAAC---G-A--T-G--CA-G---T--A--	228
DPV	---AA-----TT-C---C-AC...GCGT---A-C--C--C--TC-A---A--T--	228
degenerate E2 binding site ->in BPV3 <-		
SuperD.con	.....TGTtATGtTTGtGAacAagtctT?CGTTTAGCtgTcGT??CcTCacCa	179
BPV3	.....A-CCC---A-----C-----CT-----G	186
BPV4	.....C---C--G-----C-T-----T--AA-G---A--	186
BPV6	.....C-----T--G-----C-----TG---G---	189
SuperE.con	TAtgcagT?g?gg?tcc?TGTg?ttt...TGcgag?aa?tg?T?aG?tT??tctgcgT?tctga?ca?	228
HPV41	--CCTG--A-A-AG--AG---CCA...C--GCTA-CA-AC-A--TG-A---AG-AAGCA-C	324
COPV	--CAG-A-A-A--C-G-C---GA...T-G-A--GG-G-G--G--TT-T--TC-G---C-AA-A	201
CRPV	-----GTCC-TG--A---AAGCGC...TAG-C--ACTA-C--C--CG-----C-G--CT-CA	213
GroupE1.con	TATGC??T?GT??T?C?TGTG??T??...TGCGA??A?CTG?T??G??TGACC??C?T??C?GA?C??	113
HPV1a	-----TG-C--TGC-T-C---CC-AT...GA-A---G-TC-AT---GT-C-CG-G--T-AC	201
HPV63	-----AA-T--GCT-C-T---GT-TG...TC-G---T-AA-GC---TG-G-TT-T--C-TG	180
Unclass.con	TACCAGGTACTCATGAGTGCCTGAG...TGTAATAAGACAATTCGGCTGACGTGCGCGGCACAAGCA	204
MnPV	-----	204

## E7 Nucleotide Alignment

SuperA.con	gc?gacaT?cg????cTaca?cagcTgcT??tg??ggcacactg?a?at?gtg...TGcCc???cTGtgca	325
HPV54	A-A-G---AA-GGTA--G--GG-A-----TCATCAG-A-G-----C-A--A---...-T--CAC-----T	276
GroupA1.con	GCGGACATA??A?A?CTGCA?CAGATGCTT?TG...G?CACACTGG??ATTGTG...TGTCC?TTGTGTGCC	222
HPV32	-----CA-C-G-----T-----C-...-A-----GC-----...-A-----	303
HPV42	-----AG-A-C-----A-----T-...-G-----AT-----...-T-----	270
GroupA2.con	GCAGATATAAGGGCAtT?gAgcAGCTcCT?cT?...gGCACA?TGA?GgTcGTG...TGTCCtCGCTGcGtG	369
HPV3	-----C--C-----T--G--G...-----C--C--T-----C-----	381
HPV28	-----G-----GT-G...-----C--C-----...-C-----	261
HPV10	-----C-G--A-----G--A--A...-----T--A-C-----...-----	258
HPV29	-----CC--G-----A--A...C-----T--A-A-----...-----T-C-	270
GroupA3.con	GCAGACCTGAAGGTGCTACATGAActACTGCTG...GGCAGCTTGTCCATAGTG...TGTCCCTGGCTGCGCA	285
HPV61	-----	285
GroupA4.con	GcaGACaTAAGagAtCTGGAAcAGCTGTTccTG...AAGACGcTGActcTAGTG...TGCCCCCaCTGCGc?	274
HPV2a	-----C-----G-----T-----...-----T-----C-----	276
HPV27	-A-----T-----...-----A-----...-----G-----	276
HPV57	--G-----GC-----G-----...-T--T--CA-----...-----G-----TA	276
degenerate E2 binding site ->in HPV51<-		
GroupA5.con	?A?A?C?TTCG?GT??T??AGCAGATGTTAATG...G??GA??T??C?TGGT?...TGCC?????TGTGC?	206
HPV26	C-G-A-G---A--GC-GG-----...-AA--CG-GTC-T---G...-----ATCAG-----T	306
HPV51	G-C-C-C---C--TG-AC-----...-GC--AC-AAG-C---T...-----CGTGT-----G	297
GroupA6.con	?AgGAgCTgCGTgttgTACAACAg?TGCTTATG...GG?gC?tT????Ta??G...TGcCC?CTcTGcGCA	269
HPV30	A-----CCC-----A-----...-C--AC-GGAGC--GT-...-T--C--G--T--	306
HPV53	A-A-----A--T-----AA-----...-CA-AG-GGAGC-TGT-...-----C-----	306
HPV56	G---C-----C-----...-T--G--AACAG--AC-...-----A-----	306
HPV66	G-----A-----G-----C-----...-T--G--AACAG--AC-...-----A-----	306
GroupA7.con	GAg?accTgcGa?cacTacagCaGCTGTTTaTG...gacaCacT?tccTTTGTG...TGTCCgTgGTGTGCA	294
HPV18	--CG---T---G--T-C-----C-...A--C--G-----...-----	306
HPV45	--G---TA--A-----T-----...AG---CT-G-----...-----	309
HPV39	--TACT---CA-----...-T---AGGA-----...-----	315
HPV68ME180	--A-----GAACG--G-A-T-----...-T---AAAT-----...-----	318
HPV70	--A-----T-T---T-----...-G---G--A-----...-C-----	315
HPV59	--CGGAT---G-CT-----...-----A-----...-----T-T-----	312
GroupA8.con	ACTGATATAA??CAG?T?CA?CAGTTGCTGATG...GGCACA?TA?ATATAGTG...TGCCCCAACTGTGCA	287
HPV7	-----GG---G-T--T-----...-----C--A-----...-----	324
HPV40	-----CA--T-C--G-----...-----T--C-----...-----	324
GroupA9.con	a??GAc?TaCGtac??TacAggA?cTgcT?aTG...GGCaCatttg?aaTtGTG...TGcCCcagCTGT?c?	249
HPV16	GTA---A-T-----TT-GG-A--C---T-A-----...-C-A-G-----...-T---T-T	285
HPV35h	-TT---A-----AAT-GG-A--TT-AT-A-----...-----G--A---...-G---T-A	288
HPV31	GTA--TA-T--C-TAT-G--A--G---T-A-----...-T-----G--C---...-A---T-T	285
HPV52	-CG---C-T-----TC-----C-AA---GT-...-----ACA-G-----...-G-----	288
HPV33	-GT---C---A--CA-----C-A--A--T-----...-G-GAAT-----...-T-C---G-A	285
HPV58	-CC---G---A--CC-----C-G---T-----...-----G-ACC-----...-T-----G-A	288
RhPV1	GAA--GT----GTGC--G---C---G---...-----GC--AC-----...-T-----G-C	330
GroupA10.con	acaGACATcc?acA?cTaCA?aagCTtcTGcTG...GGc?CacT?aAtATagTG...TgtCC??TgTgTGCa	260
HPV6b	-----AG-G-AG-G--AC-----T-...-AA---A--C-----...-CA-C--C---	285
HPV11	GG-----AG---A-----AG-C---T-----...-A---A---T-----...-CA-C--C---	285
HPV44	-----AT--C-----T-C-----...-TT---GG---T-...-----TG-----G	282
HPV55	-----TGT--A-----T-C-----...-TT---GG-A--C--...-----TG-----G	282
HPV13	C-T-----T-ACG-C-----CG-C--A-----...-A-G--G-----...-C--TT-----	294
PCPV1	T-G-----T-A--C-----C-----G-----...-T--T-A-----...-C--CT-----T	285
GroupA11.con	GCTGACCTATTAGTGTTAGAAGACCTGCTTATG...GGTGCACATAAAAATTGTG...TGCCCCAACTGTTC	282
HPV34	-----	282

## E7 Nucleotide Alignment

SuperB.con	tttGg?aTtagaac?tt?caaga?ct?cTg?t?...gaagaa?tgacagctg?tg??TGtcc?gagTG?cg?	203
GroupB1.con	tttGg?aTtagaac?tt?cAaga?ct?cTg?t?...ggaga??TgcagcTg?Tg...TGtCC?gagTGtG?	231
HPV19	-----T-----CC-A--G--CA-C---A-T...-A---AT---A---T---...-C--G-----C--T	282
HPV25	-----T-----AC-A--A--C--T--AA-T...-A---AC-----T---...-G-----C	282
HPV20	----CT-----GC-T---C-AT-G---A-T...-AC--GC-----T---...-T---C-----C	282
HPV21	----CT-----A--T--GA-T--G---T-T...-A---AT-----T---...-T---C-----C	279
HPV14d	----CTC-----C--C--GA-C--GT-AT-T...-A-C-AC-----T---...-T---C-----T	90
HPV5	-----T-----G-T--C---C-G--A---ACC...-TC-----CC---...-C--T--C-----C	285
HPV36	-----C--C---G-A--T---C-GT-G---ACC...-T---CC-----TC---...-C-----T	282
HPV47	CG---C--C--G--A--T--G--A--TT--ACT...-T--TC-----CC-C...-C--A-----C--T	285
HPV12	AC---C---G--CC-A--G--C--G---A-C...-A-T--CC-----C---...-C--A-----C--T	285
HPV8	-CG--T--C--G--C--T---AT-G---T-C...-A---CC-A-----TC---...-T---C-----C--C	285
HPV24	-----A--AC--TGGCC-G-----CT-A---C-A...-A---GG--GTCA--TT---...-C--C--C--T	261
HPV15	-----A--C--CT--ACAA-----CT-AT-AT-G...-A---AG--TA--T--G---...-A--G-----A	261
HPV17	GC---A---C--TT--ACAAG-G--G--TT-AT-A...-T--AG-A--T--G---...-TA-C--CA--A	267
HPV37	A-----A-----T--ACAAG---G--AT-AC-T...-T--AG-----G--T...-AA-C-----G	264
HPV9	--A--A--C--G--GCAA--G--A--TT--C-G...-T--TA-A--A--G---...-G-----C--A	261
HPV22	-C---A---C--CGAC--T---ACATCT--AC-T...-CCTG-AA-A--TT---...-CACC-----A	276
HPV23	-----A---C--CT-G--C---CATCTT--C-A...-A--A--CG--A-----G---...-T--CC-----A	267
HPV38	GC---G---C--G--ATC-G---TTGTT--C-G...-C--CG--AAG--TC---...-CACC-----A	276
HPV49	GC--CT-----GT--C-----A--G--TC-G...-AG--AC---AT-CT---...-TC-----T	285
GroupB2.con	tttGga?Tacg??c?tTtga?caaCT??T?ct?...aaGaa?tggt??tggtt??TGt?ctacgTGctCc	209
HPV4	C-C---C---GA-C--G--A-----TC-TG-A...G---G-AA-C-GAC---TGC--CA-CG-T--TG-A	276
HPV65	-----C-T--AG-G--G--A-----CA-AG-G...G-C-G-AA-C-GAC---TGC---A---T--TG-A	273
HPV48	-----A---TTGT-----G-----GT-A--G...A---GC-T-GTT-A---...-C--G-----	252
HPV50	GCA-CTA-C--TGTG-----GTGC--TC-T-AA...TC---T-T-CTT-TC-G...-CT--A-----	252
HPV60	-C--CTG--ATAA-TC--CGT-----AT-G--T...C-----G---CC--ACC...-TTG-G-----	261
SuperC.con	ac?aCcaTgcT??c?Tg?AacAcCTc?T?aac...t?aGaa??T?GAc?Tc?TG...TGt?Ctcg?TG?GA?	214
GroupC1.con	ACG?CC?TGCT?GG?TT?GAACACCT?TTAAAC...TCAGATTT?GACCT?TTG...TGtCC?CGTTG?GAA	330
BPV1	--T--C---T--A--T-----T-----...-A-----C---...-A-----T---	357
BPV2	--A--T---G--C--C-----A-----...-G-----G---...-C-----C---	357
GroupC2.con	??CAC?AT??T?AC?CTGCA??A?CTCCTG??...?A?GACCT?GA?TTCCTG...TG?TCT??CTG?GAG	166
EEPV	GC---C--CT-A--G-----AA-C-----CTG...A-A-----A--C-----...-C---AC---C---	294
DPV	AG---A--AC-C--C-----GC-A-----ACA...G-G-----G--T-----...-T---TT---T---	294
SuperD.con	GAcGGgAT?CatCAAcTGCAgCAACTgCTGTg??GACT?CcTcTc?tTaCTG...TGtGCAa?cTGCTct	241
BPV3	-----C-----T-----...-G-A---C-----...-A-----	252
BPV4	--A--A--T-----C-----...-AA---TTC-----...-GCT-----C	252
BPV6	-----A-TG---T-----C--C--ACG---C--G--G--T---...-A---G-----	258
SuperE.con	???gc?aT?ag???cTg?Agg?act?cTg?t?...???tc?ct?a?c?tcgTg??TGcccc??gTGtg?c	270
HPV41	ACT-GG--AC-GAAT--AC---C---G-C...AACAGT-ACCTTGA-C-CGCT--T-A-GCC---T-	393
COPV	GAG-ATC-GC-TGTG--C---TCACTT--C-G...AGC--C-G-C-G---...-A--ACC---TG	264
CRPV	GAA--C--A--AACCT--A--TCG---G--ATCC...GCA--G--TTC-C-G---...-GGA---TGT	279
GroupE1.con	????C??TTA??C??CTGGAGGA?CT?CT??T?...?G?TC??TGA??ATCGTG...TG?CC?CTGTG??CC	154
HPV1a	AGCG-CA---GA-AG-----A--C--TC-G...C-A--TT--AC-----...-C--A-----CA--	267
HPV63	TCTA-TC---CG-GT-----G--GT-A...G-C--AC---GG-----...-T--C-----TG--	246
Unclass.con	CACCAGATCCGTGGGCTAGAACATCTACTGCTT...GACGGGCTAAGAGTGATC...TGtCCGCGGTGTAAC	270
MnPV	-----...-----	270

## E7 Nucleotide Alignment

SuperA.con	?c????????TAA	329
HPV54	T-ACGACTA...---	288
GroupA1.con	?GCGTGGAGT?A	232
HPV32	T-----G-	315
HPV42	C-----A-	282
GroupA2.con	TAA	372
HPV3	---	384
HPV28	---	264
HPV10	---	261
HPV29	---	273
GroupA3.con	TAA	288
HPV61	---	288
GroupA4.con	TAG	277
HPV2a	---	279
HPV27	---	279
HPV57	---	279
GroupA5.con	???...???A?TA?	209
HPV26	GCA.....C-G--A	315
HPV51	.....AACA-C--G	306
GroupA6.con	?CAag???aTAA	277
HPV30	A---GCGG---	318
HPV53	A---GCG----	318
HPV56	T---TAAC---	318
HPV66	T--TCTAA----	318
GroupA7.con	aC????aacCagTAA	305
HPV18	T-C...C-G-----	318
HPV45	--T...-----A---	321
HPV39	--TGCA-----	330
HPV68ME180	--GGAA-C-----	333
HPV70	T-GGGA-C-----	330
HPV59	G-A...-----	324
GroupA8.con	GCTACAG?GTGA	298
HPV7	-----C----	336
HPV40	-----A----	336
GroupA9.con	???agac?a???TAA	257
HPV16	CAG-A--C...---	297
HPV35h	CAG---GC-...---	300
HPV31	ACT---TG...---	297
HPV52	GCAC-G-T-...---	300
HPV33	.....-A-CAA---	294
HPV58	.....-AGCAA---	297
RhPV1	AGC---GTG...---	342
GroupA10.con	CCaaAaacc...TAA	272
HPV6b	--G--G---...---	297
HPV11	-----C-A...---	297
HPV44	--C-----...---	294
HPV55	--C----A...---	294
HPV13	-----G...---	306
PCPV1	---C-----...---	297
GroupA11.con	AGACGCCTA...TAA	294
HPV34	-----...---	294

## E7 Nucleotide Alignment

SuperB.con	???gg?aac??ccgacATGgcgGAtccTAA	227
	E1 start ->	
GroupB1.con	???gg?aactgc?a?cATGgcgGAt?cTAA	254
HPV19	...-G-----A-T-----GT----	309
HPV25	...-G-----A-A-----C----	309
HPV20	...-G-----A-A-----C----	309
HPV21	...-A-----A-A-----C----	306
HPV14d	...-G-----A-A-----C----	117
HPV5	...-A-----A-A---A-----C----	312
HPV36	...-G-----G-A-----C----	309
HPV47	...-G-----A-A-----T----	312
HPV12	...-T-----A-A-----T----	312
HPV8	...-T-----A-A-----CA----	312
HPV24	AACA-CG-TCTGC-G-----CAA----	291
HPV15	...-AG--GCTTCGC---T-T--	282
HPV17	...-AG--GCTTCGC---A-T--	288
HPV37	...-G--GCTTCGC---A-T--	285
HPV9	...-C-GACTTCGC---AGT--	282
HPV22	...-AAG-GATTTCGCA---AC--CGA---	303
HPV23	...-AAG--ATTTCGCA---AC--CGA---	294
HPV38	...-AAG--ATTTCGCA-----CGA---	303
HPV49	GAA-AA...ATTTCGGA-----CGA---	312
	E1 start for HPV4, HPV65 ->	
GroupB2.con	AgA??cTt??cGaaATGGCAGAtcaTAA	233
HPV4	---AGT---AACA-----A-	303
HPV65	---ACCT-A...A-----A-	297
HPV48	---CAA---CCC--C-----	282
HPV50	-A-GAAT-GCTA-----A-T---	282
HPV60	---TCC---TTT---C-----C---	291
SuperC.con	tC???cgA?Gt?a?GGCAAACGATAA	234
	E1 start for BPV1, BPV2 ->	
GroupC1.con	TCTCGCGAGCGTCATGGCAAACGATAA	357
BPV1	-----	384
BPV2	-----	384
	-> E1 start for EEPV, DPV	
GroupC2.con	?CCAA??ATGG?T?A	176
EEPV	A----CC----C-G-	309
DPV	G----GA----A-A-	309
	E1 start for BPV4 ->	
SuperD.con	AgAgAaGtgTtCTgTAACCGCAGACCccAaCGaAATGGAcCCTAA	286
BPV3	-----G--C-A--C-----	297
BPV4	-A-C-----G-G-----	297
BPV6	-----C-----A-----C-----T-----	303
	E1 start for HPV41 ->                      -> E1 start for COPV	
SuperE.con	?a????accagc?acA?ta??c?G??A?CGGCAATGGCAATGA	300
HPV41	G-GCAGA-TGGCGTC--GGTCT-A-AC-C-----	438
COPV	C-GACCGC-A---TTG-CC-TGG-G-CT-G	294
CRPV	A-CTGA	285
GroupE1.con	?T??????CA?CGACA?TAA	165
HPV1a	C-A.....-G-----G---	282
HPV63	A-TCGACAC--A-----C---	267
Unclass.con	CAGAAGAATGGAAGATCTTGA	291
MnPV	-----	291

