LCR Alignments

LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alingments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments
LCR Alignments

LCR Nucleotide Alignment

```
SuperA.con         CACTACTGTGTTTTGTATGTTTGCCTGTTGTTGTCCTGTGTGTCAGTGTATGGGCGTCCCTGATAT     66
GroupA2.con        CACTACTGTGTTTTGTATGTTTGCCTGTTGTTGTCCTGTGTGTCAGTGTATGGGCGTCCCTGATAT     66
HPV28              ----------------------------------------------------------------     66

SuperB.con   a?aa?t?g?a??ttaccgttttcggt????????????aataaa?t??caa????t?tta?a??gtat?t?     40
                          E2 binding site
                           ->        <-
GroupB1.con  AATAAAGG?a??tgacCGttttcGgTac??????????Aataaa?t???aac???ttttacac?gtattca     50
HPV19                 -TT--TT--------T---.................G-..C---...----G---A-------     47
HPV25                 -AA-T----C-----A---.................G-..C---...----G---A-------     47
HPV20                 -CCC---------------.........------G-..C---...--------G-------     47
HPV21                 -CA----------------.........------G-..C---...--------A-------     47
HPV14d                -CA-T-T--A-------G-.................G-..C---...--------A-------     47
HPV5                GGTC------AAAGT----............-T-TTTA-..A---...--------A-------     48
HPV36                 TA----------T-----............-GATTTA-..A---...--------A-------     46
HPV47                 -GA----------------...........-GATTGT-..T---...--------A-------     47
HPV12                 ATGT----AA--T-----............---T-CC-..C---...----G---A-------     46
HPV8                  -TTGT--------------.............A-CCA-..A---...--------A-------     47
HPV24        --------CTGT-T--------------.............----T-TGTGT-TTC.................C     44
HPV15                      ---A-------CGCT...............-----....C--GTAAACCA-T-AG----GTG     44
HPV17                      ---C-------CTCTC..............-----....C--ATAAACCA-A-TG----GTG     45
HPV37                      -----------TTCC...............-----....C--ATAAACCA-T-AG----GTG     44
HPV9                       ---A-A-----TTCC...............------A-.TT--GTTA-CCA-TTTG----GTG     47
HPV22                      -----------TGCTTT.............------A...TCTATTAAC-A-TCTG----GTG     47
HPV23                      ---A-A-----CGCC...............------A...T-TGTTAAC-A-TCTG----GTG     45
HPV38                      -----------CGCCC.............------A...TTTATTAAC-A-TGTG----GTG     46
HPV49                      -----------TGCTGGGTCTTAT------A-ATTTTATAAAC-GTTTTG----GTG     57
GroupB2.con  ?caa?t???a?t?tt?t???attatt?attctg??a?taaaa??taat?ctg??c??a?a?a?t?ta?aatc     45
HPV4          ---TGTGA-C-C--C-GGA--GT--T------CC-GG----CC-TCAA---AG-CA-ATT-T-A--T----     71
HPV65           -T-AATCC-TA-AAGAATGC---TG-----CC-A--G--AC-T-AA---AG-CA-.TT-T-A--T----     68
HPV48        TA--GATGT-GAA-GT-TAC------A--A---TG-A-C---CAA-C-GTGATCAAT-A-C-C-G-GA-TAT     72
HPV50        G-TGC-GAC-TGC--TCTTGGC-T-ACTG-GAATATTGT-CTGTG---T--ATA-TGTG-ATGCT-TAG---     72
HPV60        AT-CA-ATATA-A--A-ATG----A-G-AGGATAT-T---TTAA----G---CTGTTGT-A-A-GA-GG--T     72

SuperE.con    A???A????TG????T????T????T????T??A??GT??AT???T?A??TT???A????????T?A?TC?     22
HPV41         -CGA-TTGC--GTAT-GTGG-GCGG-GTCC-CG-CG--CC--GTG-C-TC--ATA-TCACTTGG-C-G--C     71
GroupE1.con   ATATACATGTGAATGTTGAATTATATAATGTGAATTGTGAATTCTTGACTTTGGCACTTGCACTTTATTCT     71
HPV63         ----------------------------------------------------------------------     71
```

```
SuperA.con   GTGTTTGTACAAAGTATGGTGTATGTATTTGTGTATGCATGTAAt????ttt????t?tt?tttgt?t?t?t    125
GroupA1.con                                                TATTTTTTCCTGTGTGTATGTGTTGTG     27
HPV32                                                      ---------------------------     27
GroupA2.con  GTGTTTGTACAAAGTATGGTGTATGTATTTGTGTATGCATGTAA?c?gcaTgTttgTgT?ttaTGTaTgtt?    134
HPV3                                                       -CA---T-G---T-TG-----G-...A     24
HPV28        ---------------------------------------------TGT-GT-A-AAC---G--T--------T    138
HPV10                                                      -T------------TAA--------GC     27
HPV29                                                     C-CCAG----GT---G-GC--------G     28
GroupA3.con                                               TGATGTTTGTCTGTATGCTGTTGTTGTG     28
HPV61                                                     ----------------------------     28
GroupA4.com                                                T?A??????????G???????T????T      5
HPV2a                                                                               C-      2
HPV27                                                      -A-ACGCAAACGG-TGAGGCG-TACG-     27
HPV57                                                      -G-TTCTGTGTCT-CCTCATT-CCTT-     27
GroupA6.con                                               TTGTGTGTTGTGTGTTGTATGTATTGTA     28
HPV66                                                     ----------------------------     28
GroupA7.con                                               Ttt??tttgt?t?t?ttttt?tgt?tgt     21
HPV18                                                                   -A-G-G---G---     13
HPV45                                                      -ATG--A-CACA-A-A-G-A---T---     27
HPV39                                                      -GCA-G---A-GCC--G--A---G---     27
HPV68ME180                                                 --GT-G-A-G-T-TG----G-A-G-TG     27
HPV70                                                     -G-ATG-ATGT-G-A-GC-GTGTAT-A-     28
HPV59                                                     -G-TG-----TATGTG---GTATGTGTG     28
GroupA8.con                                                GTATGG?TG??TATGTGT??T?TG?G?     19
HPV7                                                              T--TG-------.G-G--T-T     20
HPV40                                                      ------C--CA-------AT-C--G-G     27
GroupA9.con                                                TG?A??T??att?a?Tgt?tg?t??Tg     16
HPV31                                                      --G-TG-GT--GT-A-ACA--TGTC--     27
HPV52                                                              CC---GTC---TG-G-AA-T     20
HPV33                                                        C-CT-TGTG-A-T---G-TA-GT--     25
GroupA10.con                                              TATGTGTTATTGTTTTGTTTGT??ATGT     26
HPV44                                                     -----------------------..----     26
HPV55                                                     -----------------------GT----     28
```

```
SuperB.con   aggaatgttt???????tt???t?tgactaa?????a?????c?????a?a?caaccgcacccggtacat?a     83
                                AP-1 binding site                 E2 binding site
                                         ->   <-                    ->        <-
GroupB1.con  AgGaATgttT???????tt??ttgTGACTaA?????a?????c?a??ga?a?caaCCGCaCCCGgtacat?a     97
HPV19        ----------A.......--TAC-A-------C............TAA--A-CG-----------A-----.-    100
HPV25        ----------A.......--TG-GC-------C............TAG--T-C------------A-----A-    101
HPV20        ----------A.......--TAC-C-------C............TAA--T-C------------AC----.-    100
HPV21        ----------A.......--TAC-C-------G............CAAA-T-C-------G----AC----.-    100
HPV14d       ----------A.......--CAC-C-------G.............CAA-T-TG-G----G----A-----.-     99
HPV5         ----------G.......--TAC-C-------GTATA-GTCTT-C-AG--T-C-G---------------C.T    113
HPV36        ----------G.......--TAC-C-------GTATA-CTCTA-C-AG-GA-C-G---------------G.T    111
HPV47        --------C-G.......--TAC---------GTGTA-CTCTG-C-AA--A-C.----------------C.G    111
HPV12        ----------G.......--TAC-C-------GTCTA-CTCTA-C-AG--A-CAG-----G----------.-    111
HPV8         ----------G.......--TA--C-----C-GCATC-CTCTA-CTAA--A-C-G----------------.-    112
HPV24        -A-----C--GTTATTCA-GTGC--------TTTGA-CTTTGGCTTGA-TGT-----------------AGT    116
HPV15        -A-T--T---T...ACCA-GT-C--------ACCGC-TAGGT-ATT.-CC-A--------------TA--C-    112
HPV17        -A-T--T---T...ACCA-GT-C--------ACCGTCTTCGT-A-C.-CC-GA-------------TA--C-    113
HPV37        -A-C--T---T...ACCA-GT-C--------ACCAT-TAAGT-A-C.-CC-A--------------TT-ATC    112
HPV9         -A-C--T---T..AACCA-CT-C--------ACCGT-CAAGT-A-CAC-G-G-G------------TT--CT    117
HPV22        -A-C--T---T..GACCACCT----------ACCGA-CAAGT-A-C.ACC-G--------------TTT-A.    115
HPV23        -A-T--T---T..AACCG-CT----------ACCGA-CAAGT-A-C.ACC-G------------T-T-CA..    112
HPV38        -A-C--T---T..GACC--CT----------ACCGA-CAAGT-A-C.ACC-GT------G------TA--C-    115
HPV49        ---C------T..AACCGAGT-C--------GATTG-TTAAC-C-...CCTG--------------TA--C-    124
GroupB2.con  ttt????tg?tca???t??a?????t???????g????????a???t??tg??tc?tgt?tt???aa?t??a     72
HPV4         G--CTTAATC---AAA-TG-GCTAA-TATATAA-ATTTGCAA-CGTGTA--TA--TGT-T--GTG--C-AT-    143
HPV65        ---GGAAACG-GTATG-ATT...............................--CT-TT-C-G-GAGA--C-TG-    111
HPV48        ---ACCG--G-GTCAT-TATACGCC-CCATTGG-TGGGTTCTGACC-ATAAAC--C--GG-C..........    134
HPV50        -GAGTCT--AA--TTTCAC-AAATGAATAAACAAATAAAGTT-ATG-ACA-GTGTG---TG-CTTTGAGTC-    144
HPV60        AA-AAAT--CA--TCAGCA-GTGTC-GACTCAC-GGGTCTAC-TTT-TG-CTAC-GC-CC--CAT--T-ATC    144
```

```
SuperE.con   ?GG???????A??C????A?ctt?Tt??aT???t?a???Tt?t???t??t?????t?Tt?ttattaa???Tt     53
HPV41        A--GTACACC-CT-CATT-T--AT--ACT-CGCATGTAT--C-CTG-TA-GTTCC-G-ATGGG---TGAA-G    143
GroupE1.con  TGGCATACTGATACTTGAAA??T?T???AT???T?A???T?????????????????TT?TTA???A???TT    106
HPV1a                                 TA-A-ATT--ATA-A-CTA-ATTTATTAGTAGATTAT--A---TAT-TTT--     52
HPV63        --------------------CT-G-TCA--GCT-G-AGG-TACACACCTGTACAGTA--G---ATA-ACG--    143
```

LCR Nucleotide Alignment

```
SuperA.con    ?t???t?t?ttt?tt?t?t?ttttt??tgt???ttt?t?t?tt?t?t?t?t?t?t?t?tt?ttt??tt???t    165
GroupA1.con   CAACTTGT?TGT?????G?A????T????TA?AT?T?T?T?T???T????????TA?T????TA??A???T?     57
HPV32         --------G---GGTGT-C-TGTA-TGTG--T--G-G-G-T-CGG-GTGCATAT--A-AAAG--TG-TTG-G     99
HPV42                 A---ATGTA-T-ATGT-ATGA--C--A-T-A-G-TAT-TATTTGTG--C-GTGT--AT-AAC-A     64
GroupA2.con   acctgTgtgtatgttgTttgt?ttT?ttaggtgtttgtaaTgTgT???tgtatgt?tgt?t?tgt?atgtgT    197
HPV3          ---------------T---A-G-A-G-ACT----G----------AC..........---C-G--CT------     87
HPV28         G-----TGT-G-CC---G---CAG-G-GT--GCG-CC-GC-A---GCT----CAAAGTATGG---ATGTAT-    210
HPV10         -TA-T---------G---G-CTG--AA----------------C-ATG-A-G---G-A-G-A---A------     99
HPV29         TGTAA---AATGTG---A---A---A---CCATA-GTGTT---A-GTC-------C---ACAATGT----A-    100
GroupA3.con   CATGTGTTGTTTTGTATTGTGCTGTACTGGCCTTGTGCATGTGCTGTTTGTATGGTGCCTGGTTTGTATGAC    100
HPV61         ------------------------------------------------------------------------    100
GroupA4.con   gt?agtgTctcgt?aaTttcc?t?ttcTaC?tTtTacata?TaTtTtgttgT?TgTgtg??TatgtTt?TgT     67
HPV2a         C-C------G-A-C-T--C-TC-G------T---------T-----------C---AA...-------A---     71
HPV27         --G---------AT-------TCTG-----C---------A-----G--GT-G-T----CT-------G---     99
HPV57         -CTCTAC-T-T--AT--G-A-A-A-GT-T-AG-G-TGTCTG-G-G--TG---T------TG-TGTC-GT-A-     99
GroupA5.con                  TTCCGCATGTTTGT???????TA??T?TT????G??TGT???????G?TGT?T???T?     29
HPV26                        --------------GTGTGTG--TA-G--TGTG-TA---TATGTAA-G---G-TTG-A     58
HPV51                                     TGTATGT--GT-T--GTAT-CT---GCACACT-T---A-GCC-G     44
GroupA6.con   TGGTTGTGCTTGTACTGTATGTT?T?tTGT?TGTtt?tgTgtt?taTgttTgtgTat?TgttgTgctttttt     94
HPV30                                  ----T---G-C-----ATGT-TCC-TAC---T-A------A-GAA-     46
HPV53                                -A-G----G---C-G-A-TG-G-----A--GT-G-A-TA---A--A---A     50
HPV56                                           -GTGT----G-G----------AC---GT-TG-G-G--     38
HPV66         ------------------------T-TG---A-----A---A--T---AA--------G--C-A--TG-A-G-    100
GroupA7.con   gtatttt??ttt?Ttt?tt?ttttgt?tgtttgt?tttgt?t?tt?t?????tgtttgtttttttatt?gtt     77
HPV18         A---A-ATA-ACA-C-A--G--G---T---A---CC.---G-T-G......--------G-A-G---GCA-     77
HPV45         A-G-A-GGT---G-A-G--G-.A---A---A---A-----G-GA-A-ATTAC---A-T--G---GT--GCG-     98
HPV39         ----G--GT--GT--CC--A-G-GT-GA-.................................-G---AT--G     66
HPV68ME180    --TG-A-GTG-GG--GTA-A-G-GTCA----GT-G--G--A-G--G-GCATG-A-G---A-A-G---AT--G     99
HPV70         ---C-A-TACA-A---G-GT----A-G-TG-ATGC--GCACAC-GT-TACATAT--GTG---G-ATG-T--A    100
HPV59         CATG--GTA-G-T--GTA-TG----CC-------A-G-TGTGTA-A-GTACA---------G-C-GC-GTA-    100
GroupA8.con   ?ATAC?CCCTTGCACTCCC?TATGTGTTG?TACT?TGGAATGTATGTATGT?TTGTTT?TGTATGT???TTT     81
HPV7          G----T-------------T---------T----C----------------G------A-------GTG---     92
HPV40         A----A-------------G---------G----T----------------A------G-------...---     96
GroupA9.con   tt?tttt?t?tgttt?tgttgtatt?t?tatatgtgt?tttat?tgtt?t?tttgtt??tt?t?t??tt?t?     70
HPV35h                                                                -G---AAA-GTGTATGCATGT     21
HPV31         -ATG-G-A-G--C--G--C------G-A---G-----G---G-G----A-A-A--G-ATA-G-A-GT--A-G     99
HPV52         G-C-G-GTCA---A-G------G-ATGTC-A-CACAGG--A-AAG--AACCA-----TG--A-G-AA--G-T     92
HPV33         --G----G-TCTG-CTATG-ACT--G-G-TGT-----TG-GT-G-TG-T-G---T--GTG-A-G-GT-ACAA     97
HPV58                   --GT---G---C-TACAC---T-TAT-A--CA----TGT--GT--TA-GTATGTG--G-C     60
GroupA10.con GTGTCATATGTTATTGT?T??TATATGTGTTGT?TTGTATATATGTtgtatgt?tatgTtgtgTAaTgtTgT     93
HPV11                                          -------GTGTCAGTGTGT-GTGT--T-TA-A-     33
HPV44         -----------------G-TA------------G--------------------G------------------     98
HPV55         -----------------T-GT------------A--------------------C------------------    100
```

```
SuperB.con    ?a?????????????????a??t?t???ccaa?t?ag?t??????????gc?????????????????????     97
GroupB1.con   ?a?t?????????????a???gt??gccaa?t?ag??????t?????gcca?aa?????????????????    117
HPV19         A-GGTG............-GTTA-GT-----A-C--ATACAG-CTGA.---G.C-TCA.GGCACA......G    151
HPV25         A-GGTG............-GTTA-GT-----A-C--ATACAG-CTGT.----.--CTCAGG...........    148
HPV20         A-GGTG............-GTT--GT-----A-G--GTGAGT-GTGA.----G--GAGATCACAGCCAAGTC    159
HPV21         A-GGTG............-GTT--GA-----A-G--GTGAGT-GTAA.----A--GAGGTCAGAGCCAAGTC    159
HPV14d        A-GGTGCCAAATGAGGTG-GTT--TT----GAAG--GTCAGA.....-----.-CTCAGGTTTGCG.....C    159
HPV5          C-G-CA............-GTT--T.-----TAT--AATCAGATCAGT----.--CAC............AC    159
HPV36         C-ACGA............TACT-CT.-----TAT--ACTCTG-TTAGT----G--CAT............AT    158
HPV47         T-T-CA............GCTT--T.-----AAC--ATAAGC-TGGCA-T--G--CAC..............    156
HPV12         A-GGTG............-GTT-GT.-----A-T--TCTCAC-TTGTT----G--CAT..............    156
HPV8          A-GGTG............-GTA--T.-----AAC--ACTCAG-TTAGT----G--TAG..............    157
HPV24         AGA-AAAATCTTGCTACC-CAGCAGACA---AGG-ATCACTG-CGGTCT-A-C-CGCTCGGATTTGGCGC..    186
HPV15         G-TATA............-AA..-GCA--TGG-.......................................    131
HPV17         G-T-AT............-AA..-GCA--TGG-.......................................    132
HPV37         AGA-AT............-AA...ACA--TGG-.......................................    130
HPV9          G-T-AT............-AA..-GCA--TGG-.......................................    137
HPV22         C-T-AT............-AA.T-CCT-G-GG-A--ATAACCATCAGTAGATACCAT...............    159
HPV23         C-T-AT............-AA.T-CCT-G-GG-A--ATTATGATCAGCAGATACCAT...............    156
HPV38         G-T-AT............-AA.T-CCTGA-GGGC--ATTTCAATCAGT--AGAT-TCATC............    162
HPV49         G-T-AT............-AAG--GC---.GG-........G-TCACCT-TGGCTACTTGGCAGTTACAAGT    175
GroupB2.con   gtg??at??act?cc?c????tt???a?t????a??ttg?c??acTcatttggtcaacatgcg???ccg?ac    117
HPV4          ---AA--AA---G--A-ATAC--GCC-G-GTCC-GTC-CT-TG-G------------------..T---C--    213
HPV65         --AAA--AA---G--A-ATTC--GCC-C-GTCC-TA---T-TG-------.----------T-TGT---C--    182
HPV48         ......................................-G-----------G--GA--CTGAG-AG-    163
HPV50         -A-TT--TT---C--G-CCTT-GTAGTA-AAAT-TG---CACCT--GTGA-CAATC-TG-TGACCAG-TGGA    216
HPV60         T--GC--TGCA-AT-GAGACTA-AAG-AACAATCAC---G-AC----TCGGAT-T----A--ATTG-T-G--    216
```

```
SuperE.con    t?tt?tt?a?acaTtTt??t?tcgttgaGt?ct?atT?g?ta???at?atgtctcaTgattTggca?gccat    109
HPV41         -G--AA-A-A-T--G--GG-AA--C--T-CA-GGG--T-T-CACGT-C------------------CC--TG    215
GroupE1.con   ?????T?????C?TTT?????T??T??AGT??T?A?T????A???A??????????T????T?????G??AT    126
HPV1a         ATATT-TTATA-T---TATAC-TG-TT---TC-A-A-AGAC-TGT-AGATTTACAT-AGTA-AAGTA-GC--    124
HPV63         TATGC-GCTGT-A---ACCTG-CT-CG---CA-T-T-GCCT-GTC-TATAGCCTCA-GACT-GGCAT-CA--    215
```

```
SuperA.con    ttttttttt???tt?t?t?t?t?t?t?????ttt???t???????t???t?t??t?tt?t?t??t?t?t?t??    197
HPV54                                                                   CAG-GT-G-A-G-TG     15

GroupA1.con   ?T??TT?TATGTTGT?????.......................................................     68
HPV32         T-CA--G--------TGTAC.......................................................    119
HPV42         C-TT--A--------GTGTT.......................................................     84

GroupA2.con   ttgtac?t?Atg???atgtaTgtgtg?aTgTgtaAATAAA?TgTGTCACATAGTTTTATATTTTtTAatTt?    261
HPV3          ------G-T--TATG....T------T------C------C------------------------------T    155
HPV28         -GTGTATGC---TAATGTGG-TATAAGT-A-CAT------C------------------------------C    282
HPV10         -----TG-T---AGC-----------T-------------G-T-----------------------------G    171
HPV29         G-A---T-C-ACT..-----------G----A--------G-A---------------------A--CA-A.    169

GroupA3.con   TGTATTTGCTATGGTTGTGTATTGTGTGACCCTGTACTGACCCTTGTCCCCTGTGTTGTGTATCTGTGGAAT    172
HPV61         ------------------------------------------------------------------------    172

GroupA4.con   TgTtgtTtgt?cttat?tTacatGTAtACATGTaTGGTATGTATccCCTCCCgTATGAATAAACGTGTGTCA    137
HPV2a         -----.----G-----A--------------------------------------------------------    142
HPV27         ----------A-G---G--------------------------------------------------------    171
HPV57         -A-GT--GCATG-ACACA-GTCG---C------C----------.T------A-------------------    170

GroupA5.con   T?TGT?TA????TGT?T?T????T??A?G?GT?TTT?????????????T???TGT?????T???TATG?GT     59
HPV26         -G---G--CAAC---A-G-AATG-AA-G-C--G---TGTATGTATGTAT-ATA---ATGCA-GGT----T--    130
HPV51         -A---A--TGTT---G-A-GTAC-GT-T-T--T---GTGTGTGTGTGTG-TGT---TCCTG-ATG----A--    116

GroupA6.con   gTa??TgTgtgtat??tttgtgt?Tttttttttttt?tttgtatgactgt?tgtaTgTgt?a??a?t?gat    154
HPV30         ---TG-T-T-----GGA-GTATGT---G---A-A-G-T-C-----------A---------A-TG-C-GT--    118
HPV53         T-TAT-----A--CTG-A-----G-A---G--G-C-GTG------------A---------A-TGTT-GC--    122
HPV56         ---TA-A--GTATGTT-G---A-G-GC---A----A-AC--TGTATGTGTATGT-G---T-GTGT-AAT-T-    110
HPV66         A-GAC---A-----GTG-AA---T--G-G-G-A-G-AA-AAAC---CA--GT-ACT-T-ACGCGTGG-T-CA    172

GroupA7.con   t?tttt????gt???t??t?t?t?tt?tgt?Tttgttatta?tgtatgT?tg??tgt?t??taTgagataga    127
HPV18         -G-A-G..GTA-GTA-GG-TGT-G--G-A-G--GTA-G---C-A---T-G-TGG-A-G-GGC--T-A---A-    147
HPV45         GCG-G-ATGTA-GAA-GTGCCT-G-GGCA-G-A--G-G---C----CA-AAT....-G-GG---T-A---A-    166
HPV39         -A-G--TGTA-GTATGTG-G-A-A...---T-------A--AA------A--ACA--T-CA-G--T---T-C    135
HPV68ME180    -A-G--TGCA-GTATGTT-G-A-AA-C---T-------A--AA------A--TCA--T-AC-T--T-G-T-.    170
HPV70         -GC--GCACAC-GTACTG-A-A-G--TGTCC-GGTAC--ATT---GGT-G-ATG---A-ATGT--C-TGCT-    172
HPV59         GTG-G-ATTT--TTT-GTACATAA-AAA--A-GCA-G-CAGT-TC----G--GT--CACCCA-----TA--G    172

GroupA8.con   GT?T?TGTTGT?TATGTGT??G?ATG????TGTGT?T?T?????????????????AT???T???T??TG??T    115
HPV7          --A-A------T-------GA-A---TATT-----G-A-G.........AATGTA--GTA-TGT-GT--TG-    155
HPV40         --G-T------G-------CC-T---GTAC-----A-G-ATTGTTTGTATGCTGT--ACC-ACG-TG--GT-    168

GroupA9.con   t?t?tgttt?t?tttgtttttatgt?tttttgt?ttgtgtgt?tttt??gtg?at?T?ttattt?ct?ttt    128
HPV16                        G-A--G-A-G-A-G---AA--AGTGT-G---GTT---T--A-G--TG-ATG-GC--     56
HPV35h        ATAC---G-G-TA-GTG--G--GTGC--G-A-A-A-AT-A---G--G-GGTGCCTGT-TG-G--GTACA-GG     93
HPV31         -A-GC--G-G-AC----A-A-----A-AG-A---TA-------A-G-ATGC-ATG-A-G---A-AAA-A-G-    171
HPV52         -TGTGTG-GTAC-G----G--TGCATG--A-GTATG------CA-G--TGT--T--T-G-C-G--C--G-A-    164
HPV33         -G-A----ATGT-G-A-G--AC---G---G--T-A-GTGTAC-TG---GT---C--G-TC---G-A--TG-C    169
HPV58         -G-T-----A-G-----G-A-----TG-A-G---TA-----CATG---GT--AC--G-TC---G-C--TG-C    132

GroupA10.con  ?Tgt??????atgcatgtgtgTgtTgta?tTaataAacTttat?TgtgT?t???ttt???????atga?t??    142
HPV6b                                                 ---A-----A-ATG-ACTGTTATATAT-TGTG     32
HPV11         G-TGTTGTAGTGTGTATATGT-TC-TGTA--GTGT-TA-G-G-A-A---T-GTG-A-ATGTGTATGTTA-GT    105
HPV44         C---AATGGA------------------CA----------A--C-----G-CCTG--CCACCCC----G-AA    170
HPV55         A---......------------------T-----------A--C-----G-CCTG--CCACCCC----G-AA    166
HPV13                                                 --GT-TGT-TATGA--GTGTATGT---TCACG     32

GroupA11.con                                   TTAAATGTATGTGTGTTGTGTTTGTGTATGTGTATTGTGTG     41
HPV34                                          ----------------------------------------     41
```

```
SuperB.con    ?????????????????g????????c????????gt??????a?gc????????cg?????c?????t???    108

GroupB1.con   ?????????????????g????????c??????t?gt?????ca?gc??c?????cg?a??acg????t??c    135
HPV19         CAGCTGG.......CCA-A.TCTGAT-TTC..G-T--TTTAA--C--T.......--G-TT-G-ACTC-CG-    206
HPV25         CAGCTGCTCGCCAGATGCG.TATCGT-TTT..AGT--TTTGA--C--T.......--G-TT-G-ACGT-CG-    210
HPV20         AGGCTTGAGCCAGATCA-ATACACTG-GTGCCAGA--TGGCT--AA-TT-ATCGT-CC-AC---TTCGGAA-    231
HPV21         TGTTCTGAGCCAGATCA-ATACTACG-GCGCCAGA--TGGAT--CATCT-GTTGTTCT-AC---CTAAGGA-    231
HPV14d        CAG..........ATCA-ATACAGCG-GAG.CCGC--TGGAT--A--TA-ATCGT-TG-AC---CAAAAGA-    220
HPV5          CGTCTTG....GACTCA-A.ACAGAC-GTG..T-C--TATAA--T--T........--G-TT-G-GACC-CC-    217
HPV36         CATCTTG....GAAGCA-A.TC.GAC-GTG..T-C--TGTAA--C--T........--G-TT-GAGACA-TG-    215
HPV47         ........................AC-GTG..T-C--CGCAA--C--T........--G-TT-G-TCTTCTG-    195
HPV12         ........................AC-GTG..T-C--CCTAA--T--T........--G-TT-G-TCGACCG-    195
HPV8          ........................AC-ATG..T-C--TCAAA--T--T........--G-TT-G-TCGCCTG-    196
HPV24         ......................................................................      186
HPV15         ..................-CGATTTTATCACCGC-TT-G..TGG-A--AC-CGAGG--CCCGC-AGAAC-GCT    184
HPV17         ..................-CGATTTTATCACTGC-TT-G..TGG-A--AC-GCAGG--CCCGC--AAAC-GGA    185
HPV37         ..................-CGATTTTATCAGAGC-TT-G..TGG-A--AC-TGAGG--ACCGC-AGAAC-GCA    183
HPV9          ..................-CAATTTGAACAATAC-ATCG..TGG-AT-AC-GCAGG-AACCGC-AATTTCACT    190
HPV22         ..............................................CG--AC-TGGAG-AACCGC-AAAGC-.TT    187
HPV23         ..............................................CA--AC-TGGAG--ACCGC-AAGAC-.T-    184
HPV38         ...............................................TA--AC-TGCAG-AACCGC-AAGAC-.TT    190
HPV49         TCACCTCTGCCAGAAGT-TGTTTTTG-CAAGACATT-GCCAAGTAC-ACATTCGTTCC-GCTACATT.....    242

GroupB2.con   ccca?t?aatac??????c?t??a?aga??cg??g?agg?g??ccaaaa?????at??cc??c????atttt    156
HPV4          ----A-A-T--...TTTG-A-AC-C---TCA-TA-G--AG-CG----G-CGGAC--AT--T.-TTCA-A---    281
HPV65         ----G-A-T---CTGGAT-GCCTCC-C-TC--TC-G-T-C-CG------GAGGA-CGT--C.-TTCT-----    253
HPV48         AG--GACG--T-AGACGT-CATTTGT--GA--AA-ACC-TTTT-GGT--GTTTC--AG--GC-AGGT---G-    235
HPV50         -GTGC-GT-C--CGGTCA-T-TA-G---GA-ACGACC-TTTTCGGT--GTTTGT--GC-TTTAGGGA--A-A    288
HPV60         A-TTACC--CCGTAACTGGT-AA-A-AGAG--CCAA---G-AAA--GGCA......................    266
```

```
SuperE.con    t??T?t?????a?atact???ga?agcatatt??ta?cc?a????ca??gcg??c?aa?at.tg?a?a???c    148
HPV41         -AT-CCCGCCGCCGCC-GGGG--TC---G--ATAATC--C-AACC--AA---TT-C--C--.--GCA-ACGT    286

GroupE1.con   ???T?T?????A?ATA?T??????A???T??T??TA?????????????????????????.???A?????C    140
HPV1a         GTA-T-ACATA-A---G-CTTGGA-ACC-TT-AT--GTGAACCATCATTTACAATAGTGAC.ATC-TAGTT-    195
HPV63         TGG-A-GTGGC-G---C-TCAAAC-GGA-AC-GG--TCCTTTTTGGCGCGCGCGCGAATTT.TGA-GTTAC-    286
```

LCR Nucleotide Alignment

```
SuperA.con    ??t??tt??t?tt????????t????????t?????????????????????????????????????????????????    205
HPV54         TG-TG--ATGTG-TGTTGTGT-TGTACCTTGTCTGTGTGTATGTTGTGTATGTATTATGTTATGTGTGGAAT     87

GroupA1.con   ......................................................................     68
HPV32         ......................................................................    119
HPV42         ......................................................................     84

GroupA2.con   tgTAATTgctgtTcctgTGAGTAAGaAaggtagtTctaGGTCAgGcG.........................    308
HPV3          -------A-----------------------A----G-----T---.........................    202
HPV28         -----------A-------------------G----C------A---.........................    329
HPV10         -------------------------T-----T-------------A-.........................    218
HPV29         ..----------....-TTGC----------GTTA--G-A---------G-.........................    210

GroupA3.con   GTGTGTTACACTGTGTGTGCATTAATAAACTGTGTGTCATGTGTGTGTGGTGTCCGGTGCACCCTGTGAGTA    244
HPV61         ----------------------------------------------------------------------    244

GroupA4.con   TGTGTTGTGTGTtCTGTaaCtgT?cgTt?TgGTgCaCgg?tttc????TGCACcCtaT?.............    188
HPV2a         -----------------------A----C--------A-A----...-------C--C.............    197
HPV27         -----------------------T-T--G----------G----...-----------T.............    226
HPV57         ------------C----TG-AC-CT--AA-T--C-C--CTGCATGGTT-----A--G-..............    228

GroupA5.con   T?T?????TT???T????A?????TAT?T??T?????????????T?TT?????A??G???????????A     76
HPV26         -T-CCTGT--GTA-GCAT-CTTGT---T-AA-AAAGTATGAATGTG-C--CATGC-TG-TTACATGTCTTT-    202
HPV51         -A-GTATG--TAT-ATTA-TAAAC---G-GG-GTGTGTGTGTGTGT-T--GCATG-CT-CATTTGTATGAC-    188

GroupA6.con   ?t?gttAAtaaata??aatgagttTtacttttacgtgtggt?tcataaa?T??gg?g?ggt?gTgtc??Ta?    212
HPV30         G-ATG---------TG-------C-----------------TA------C-AA--T-C---T-----CC--G    190
HPV53         G-T-----------TG-------G-----------C-----TG------C-AA--C-C---G-----CC--G    194
HPV56         TGT--G--ATGT-TGTGTGTGTA--C-T-G-ATGTATGAC-G-ATAT-TG-GTAAT-TTTGT-----TG--A    182
HPV66         TAAAC---GGTGCGGT-G-ATCC--GGGCAG-GT----CAGG-T-GGTGG-GTTCCTTAC-GT-TAATG-TA    244

GroupA7.con   ??atg?tgtgt??tactttt?t?tttgt?tttg?tatc?t?g??a???aacatttcatacaTa??tt????g    177
HPV18         AT---T-T---GG-T--G-GTGT-A---GG---.CGC-C-A-TG-GTA-CA-C-GT--TTG-GT........    210
HPV45         GT---.CTAA-AG-GT-G-GTAG.....GG---.C-C-C-T-TG-GTA-CA--ACT--TTG-GT........    223
HPV39         AC-CCC----ACTA--A.G-G-A-----T--ACA---AA-A-GTCTGC---------------ATC-ATAT-    206
HPV68ME180    .C-CCC----ACTA--A-A-G-CC----T--ACA----A-A-GACTGC--------C------AT--GTA.-    240
HPV70         TGTGTA---T-TAG-AG-A-G-G-G-A-G-A--T-T-TG-TAAT-AAGT-TG-A-GGAGGT-TCA--TGTG-    244
HPV59         TAC--TCCCT-TA-TG---CT-TG-CC-TA--ACACATTATTAC-CATTG-CC-A-T------GG-GTGTTT    244

GroupA8.con   ?TGT???TAATAAA??TAT??TGTGT?GTGTGGT???GTA??????T????T??????TT??T?A?T?????    150
HPV7          T---TAA-------TA---TG-----T-------AAA---CTTTCT-TGTT-TAAAAG--AC-T-T-AAACT    227
HPV40         G---GTT-------GC---A.-----G-------GTG---TGGCAG-GTCA-GGCGTC--GT-C-G-GTTGA    239

GroupA9.con   g??ttcct?ttt?tgt?t?tatt?at??a??tatt?t??gtatttgtttaac??att?tt?tt?ttttat?t    180
HPV16         -TA-GTGCT-G-AAA-A-TA-G-TG-ATGTG-G--TGTATGTA-G--A---TAA-CACG-G-GTA-G-G-T-    128
HPV35h        CGTG-AAATG-GTGTATAA----GTGCA-TG-G--G-AC--GGG-----TTTGT--GTA-G--G--G---G-    165
HPV31         -TA-A---G-G-G---TGTGTA-GT-GTCCT---ATACACCC-A-TAG----AT-C-A--AC-A------AA    243
HPV52         -TA-GTT-TG-GTATGTAT--A-A-AGT-CTGTA-T-ACTA-AC-A----TAGT-G-C--A-GT-A-GT-A-    236
HPV33         AGT-----G---G---A-A-G--A--AA-AC.---G-GT---------A---TAT--G-ATG-A-G----G-    240
HPV58         AGT-----G---C---A-A---GT-ATA-AC----G-GT-----G..-A---TAT--G-AT..........-    192

GroupA10.con  ?tgtTgTa?tgTt?tgt?tt?ttgtgtgt?tatt?tgTata?aa??ta?gtt?tgc?tggta??t?tat???    195
HPV6b         TGTA----C----A---A-ATG-------G-G--C---G-GT--TG--A---A-TTG--TA-TG-G---GTG    104
HPV11         A----A-GT----A---A-GT--------T--G-G---G-.........TA-A-TTG---A-TG-G---GTA    169
HPV44         G-------G----G---TC-A-GT-TG--A---ATAA----T--CA--T--ACA--CAT--TA.........    233
HPV55         G-------G-A--G---G--A-GTCTG--G---ACAA----C--CA--T--ACA--CAT--TGT-T---AAA    238
HPV13         T-TG-T-GTAC-GTATGTA-G------ACTGTA-G---ATGTTGTATGTA-G---A--T--CT-A-TAAAG    104

GroupA11.con  TTTGTATATGTTTGTGTATGTGTATTGTGTGTTTGTATATGTTATGTAATGTATGTATTATTGTATTGTTGT    113
HPV34         ----------------------------------------------------------------------    113
```

```
SuperB.con    ???agga?????????????a?????ttttggc???a?????tttggca??a?????????????????    129
                                          NF-1 binding sites
                                        ->                 <-
GroupB1.con   ???agga????t??????????a??c??ttttggc???a????ttttgGca??a?????????????????    159
HPV19         CAAT---ATCA-AATCTTGCC.-AT-TC-------.A..CTGCAC------.A-GGTAA............    260
HPV25         CAAT---ATAC-AATATTGCC.-AT-GC---C--...CTCTTTG-------.G-GCTCA............    264
HPV20         AGG----AATG-AAGGCTGCC.-A.-GC--------..TCTTCT--------.C-GCAGA............    285
HPV21         TCA----AATG-AAGTCTGCC.-AT-GA-------..TCGTGT-.-------.G-AGTTA............    285
HPV14d        TCA----AATG-AAGTGTGCC.-GT-TA--..-T...GTTCGAA-------.A-GTTGA............    272
HPV5          CAA--A-GATT-AATCT...AC-AT-GC--------..A-TCGCA-------.CTGCTAAA...........    271
HPV36         CAAG-A-GATT-AATCT...AC-AT-GC-G-----..A-TCGC-------TGAGATAGC.............    269
HPV47         CAA-A--AATT-AATCT..TGTTAT-GT-------..G-TCACA-------CCGCGGGCAGCTGTTTTGGCA    263
HPV12         CAA----CCTT-GGTTT.GCCA-ATAGC--ACA--.AGCTCAG--C-----CATTTGT..............    251
HPV8          CAAG-A-GTAT-GATCTTGCCA-.T-TA-------...-GCGC--------TCTCCAAC.............    251
HPV24         ..................ATTC-AC-GT-------GCC-AGTT-C------CTCGCACA.............    227
HPV15         GCC-A-T.....................AAC-----AGA-CATT--C-T-G-AG-CA................    220
HPV17         GCC-A-G.....................-------AGA-CACCA-C-T-G-..-CA................    218
HPV37         GCC-A-.....................ATA------AGA-CATT--C-T-G-..-GA................    218
HPV9          GCC-A-G....................TTCG-----AGA...CCG-CCT-GCTTCAAAA..............    226
HPV22         GCC---T.....................C-----AGA-CATT-GC-----AAGACT...............    222
HPV23         GCC-A.......................C-----AGA-CATT-G------AG-AAAGA.............    219
HPV38         GCC----.....................C-----AGA-CAT.C-------GACGAAGT.............    226
HPV49         ...............................-----GCC-A.CTC-------GC-ACACC.............    270

GroupB2.con   ????aa???ta?????t??????????aa??t???a????accgtt?tcgtt?cc??taac??t?g?ataa    188
HPV4          CCTT--AAT--TTGAA-TTAACAACTGT--GC-ACA-.AAG------A-----T--TC----CT-G-G-.--    351
HPV65         TCTA--AAA-TACCGT-TCTGCAGCTGC--AA-TGTGTAAG------A-----C--TG----CT-G-C-C--    325
HPV48         TTGT-CCGA--CAGTTACACCTTAAAATGTAC-GCC-ACTTTTACAAG-TCAGA-AGAG-T-AACAAG---T    307
HPV50         AAGCG-CCGA-GTCGG-ACTTGCTAACA--GA-AAA-TCTC--GAG-TAGAACAAACC-CTGAG-CACC-C-    360
HPV60         ..................................------T-----CT-CTG--GGAAC-TT-TC    297
```

```
SuperE.con    atctg?cc??g?Tattcc???a????Tc??tctt?ccac?a?cgc??TCt?tag?g??ta??aCtaaa?tgg    195
HPV41         C----G--CC-A--CAA-TGA-ACGG--TG----G---AT-G-C-CA---GGC-G-GA-TCA---G--AC--    358

GroupE1.con   A???????????T?TTC?????????T???????????C????G???TC??TA??????A???C?A???T??    156
HPV1a         -TCTGCAATTGC-A---CATCGTTCT-CACATATTCTA-AGTA-TGT--TC--GATTGT-TTG-T-TTT-CC    267
HPV63         -CTGTTCCAACT-G---TGAGACGTC-GGATCTGATCC-GACC-CTG--GT--CTGCCA-AGA-G-AAG-GG    358
```

```
SuperA.con   ??????????????????????????????????????????????????????????????????????????????????????    205
HPV54        GTTTGTGTGTCCTATTTATGTTGTGACTCGTATGTTATATATGTTGTATGTTTTCCTGTATTATATATAATA    159

GroupA1.con  ......................................................................     68
HPV32        ......................................................................    119
HPV42        ......................................................................     84

GroupA2.con  ......................................................................    308
HPV3         ......................................................................    202
HPV28        ......................................................................    329
HPV10        ......................................................................    218
HPV29        ......................................................................    210

GroupA3.con  AGTGTGTTTATTGTTGCACGCCTTATTTTGTGCAGCTTCCCCATTTCTGTGTTCCTTGTGTTCGGGTAGCCA    316
HPV61        ----------------------------------------------------------------------    316

GroupA4.con  ......................................................................    188
HPV2a        ......................................................................    197
HPV27        ......................................................................    226
HPV57        ......................................................................    228

GroupA5.con  ????????T?T?T???????TT??????T????.??A?G??A?G?????T???T?G????C?T????ATT??     94
HPV26        CTACACTA-T-G-CATTTGT--TACCCC-GAGG.TA-T-GG-G-AACCT-AGG-G-TGTC-C-TATA---AT    273
HPV51        TGTACGGG-G-A-GTGGGTA--ACATTA-CCCC.GT-G-TC-A-GGTGG-GTT-C-GTGG-G-CCCT---GC    259

GroupA6.con  ??att?ag?tggc?t?tt?g?t?gCgtcccT?t?atacacaac??t?t?t??tt?ttgt???t?at?ttt??    259
HPV30        GC---T--G-A--AAT--A-G-G--------A-.G-C-T-C--CC-T-T-GG--G---CACACC-CTG-GCA    261
HPV53        GC-G-TG-G----A-G--A-G-G--------G-.T--T-T-C-AA-C-CCACCCTG-A-TAT-A--A-A-GT    265
HPV56        TA-ACAT-AAT-AG-GC-TTTAC----GGT-GC.---A--T-AGG-G-G-CA--A----GGC-TT-G---TG    253
HPV66        TAT-AA-TAG-TTG-T-GTATGCA-TATAG-AAC-C--CA--.............................    286

GroupA7.con  ????accctgtgtg???tttgctt?ct??t?t???a?t?tatactgtatttcaag???ta?a??????????    219
HPV18        ....TTGTG--A--GGTG------GT-GGGC-A.T-TAT-G-C------------TTA--A-ACTGCACACC    277
HPV45        ..........--A--TGTA------TG-ACCC-A.T-T-C-T-C------------TTA--A-CTTGCATACT    285
HPV39        CCCT-----AA-GTGTG---A--AC--AA-A-G.T-A-T-T---AT-G--GT-T-CGT-T...........    265
HPV68ME180   CCCT-----AA-GTGTG--ACAG-A-ATG-AAT.ATA-A----G-TCTA-ATT-TACCA-GT..........    301
HPV70        TTGC--------ACTAAGG--T-GT-CCTGT-TTACA-A--ATAG-AG-G-G-TTACCA-C-TTTCCTACAT    316
HPV59        GTTCCTT-AT-T--TCC-GAATG-C-AGT-T-GCATT-GC-C-T-A---GG-....................    296

GroupA8.con  C??T??????????????????????????????.......................................    152
HPV7         -AC-TATTTTAAAATGTCTGCTCTGCACACTGCA.....................................    261
HPV40        -CA-...................................................................    243

GroupA9.con  atttg?gt??a?ata??taa?ta?g?a?ttgt?.cttaatttactcta?cttgc??ta??tctta?gt??ct    232
HPV16        T-AAAT-CTTGTG--AC--TTGTGTC-TGCAAC.A-A---AA---TATTG--T-AAC-CC-AC--AT-GTG-    199
HPV35h       --G-CA--ACGC-ATAAA-GTG-T-TGTG---T.TA-----A--A--GTA---TTG--TGA--ATG-GTG-A    236
HPV31        -C-ATT--TCCT-CTTG-TCC--CTTGT-CC-G.--CCTCCC-A-AGTCA-GTACT--TT---GCCTATAA-    314
HPV52        GG---CACCC-C--GAG---CA-TAC-G---CT.-C----C--T-GC-T--CCTGCCCTAC-C-GT--CC-C    307
HPV33        --A--G--GT-CC--TA-G-G--A-G-G----A.T-GC..--G-C---C-C---AT-GCAATG--CC-AC--    309
HPV58        G----G--GT-TC--T..G-G--A-GTGC---C.-C---A--G-C---C-C---CC-GCC-A---T-CATAC    261

GroupA10.con ??t?t?tgtg?aa?a?a??att??????????t?c????t?????c?????c???????????t?????g??    215
HPV6b        TG-T-A----C--T-A-CA---A.......CC-.-TTGT-ACACC-TGTGA-TCAGTGG.CTG-TGCAC-CG    167
HPV11        TG-T-T----C--T-A-CA---ATTATGTGTG-.-CTGT-ACACC-AGTGA-TAAGTTGTGTT-TGCAC-CG    240
HPV44        ......................................................................    233
HPV55        ACACAT-T-TA--C-T-TTCC-CCATTTTGGG-G-A...................................    274
HPV13        AA-G-G----TGTGTTTGT--GCAATAAATCTA.ATCTG-GGTGT-CTGTT-CACCCTATGAG-AAGTG-TA    175

GroupA11.con ATGTGGTGTGGTATTGTATGGCATATGGTGTTG.TACATGTGTGTGTATGTATGTATGTATGTGTTTTATGT    184
HPV34        ---------------------------------.------------------------------------    184
```

```
SuperB.con   ????????gaccgttaacggtaagttt??????t?????????tg?accggg?gcggt????????a???t    164
                     putative v-myb binding
                             ->  <-
                       E2 binding site
                        ->        <-
GroupB1.con  ????????ggAcCG?TAACGGTAAGttt??????t????....?tg?acCggg?GcGgT??????t?a?t?t    196
HPV19        ........------T-----------.....A-..........--ATA----C----------.-AGAAG-    304
HPV25        ........A-----T-----------C-.....A-..........--ATA----C----------.TAA-T-A-    309
HPV20        ........A-----T-------------.....T-ATT........--T-T----C----------.CATACA-    332
HPV21        ........------T------------A...................--C------T----------.CGA-T-A-    328
HPV14d       ........A-----T------------.....A-TC........--C------T----------.CACTG-A-    318
HPV5         ........A-----T------------GC..AAT-TCCT......--T---A--T-----AT....-GGGAT-    324
HPV36        ........T-----G------------ATTTAAT-TA........--T---A--T-----AC....-GGAAT-    322
HPV47        CTACAAGACA----T-------------GCATTAA..........--T---A--T-----ACAG....-TCA-    322
HPV12        ..............-----------C-.CATTC-..........--T---A--T-----ACGATT-CCCAA-    305
HPV8         ..............------------.CATCAG..........--T---A--T-----ATGA....-AAT-    301
HPV24        ........-C----T-----------G-TTTGTA-AC........--T------C---A-ACCA....-A-A-    280
HPV15        ........-C----A----------A--ATATCT-..........--A----TAG-----TCTTTC-G-T-GG    275
HPV17        ........-C----A----------A--ATATCT-..........G-A----TAG-----ACTTTC-G-T-GG    273
HPV37        ........CA----A----------A--GTAATC-T........-CA----TAG-----ACTTTC-G-T-GG    274
HPV9         ........C-----A-----------C-T...............G-C-.--TAG-T---TATT..-G-TC.G    271
HPV22        ........-C----A----------AACTTTTAA-T.......T-TA----TAG-----TATTTG-T-T-CG    279
HPV23        ........-C----A----------AACTTTTAT-T.......T-TG----TAG---T-CATTTACT-ACC-    276
HPV38        ........-C----A----------AC-TTTCTC-T........-TA----TAG---T-GGTTTA-T-T-CC    282
HPV49        ........A--A--A------------C................A-T----C-----CACATTAT-C-TA    317

GroupB2.con  ?aggtgagtg?A?gtt?aa??gta???tt???????????tt???t?g???c??t???cg???t??g?????    218
HPV4         A---------A-A---TT-TT-C-CCT--TGTGAGTCAAT--GTC-G-CGG-GC-GAA--AAT-TG-CTGTC    423
HPV65        A---------A-A---TT-TA---ACG--TATGAGTCAAT--GTC-G-CGG-GC-GAA--AAT-TG-CTGTC    397
HPV48        CTTAAA-CA-T-CC-AA-GCG---CTG-...........................................    335
HPV50        GT-CA-CTG-C-GAAGA--GTA-................................................    383
HPV60        C----A---AC-T---C-TACAA-GTT--GACTCACTCTC--TGT-A-AAA-CA-TTC--TTC-GT-GATAT    369
```

```
SuperE.con   Tgtg?gc?aacca?taacattTtt?ct?gggc?A??c?accc?cttT?g?tt?ag?gcg?tg??t?t?g?gC    247
HPV41        ----TA-TGC-A-G----------GT-ATT-GA-CG-CT--GGTGC-G-CGGA--C--AAG-AT-TAG-C--    430

GroupE1.con  T????G??AA?C?????????T???C??GG?C?A????A??C?CTTT???TT??????G?T?????T????C    179
HPV1a        -GTTA-GC--A-AACAACATC-GTA-AT--A-C-AACA-CC-A----CAT--TATTGT-C-GCATA-ATTC-    339
HPV63        -AGGC-CG--C-GTTTGTGGT-TCC-TG--G-T-GCAG-AA-T----AGG--GCGACC-T-TTCGG-CGGG-    430
```

LCR Nucleotide Alignment

```
                                                                YY-1 binding sites ->
SuperA.con   ??????????????????????????????????????????????????????????????????????????????????????cca    208
HPV54        AAGACTTTGGTTGCACCCTATGAGTAACTTTTGTGTGATGTTGTTTGCTACGTGCTTAGTAGCCTTTAC-TT    231

GroupA1.con  ..............................................................C?CCA     72
HPV32        ..............................................................-A---    124
HPV42        ..............................................................-T---     89

GroupA2.con  ..............................................................    308
HPV3         ..............................................................    202
HPV28        ..............................................................    329
HPV10        ..............................................................    218
HPV29        ..............................................................    210

GroupA3.con  TTTTGTGTTGCCG.................................................    329
HPV61        -------------...............................................    329

GroupA4.con  ..............................................................G?CcT    192
HPV2a        ..............................................................-C-T-    202
HPV27        ..............................................................-T---    231
HPV57        ..............................................................-G---    233

GroupA5.con  ??TA?????????T??A?C???????T?TAT?T???T????TTT?GT??T??T?T?T???.......T?C??    116
HPV26        TA--TTACACAAG-TT-C-TTTTATA-G---T-CAC-AAAC---T--AG-GT-A-A-TTT.......-A-TT    338
HPV51        CC--CCCATTTTT-GC-G-ACAACAG-T---A-TTG-GCTA---A--TA-AC-T-G-AGC.......-T-CA    324

GroupA6.con  ??tgttatt?tg?a?t?t?ttataccac?a?tgt??t??c?tatat?????????????????...ctcCa    296
HPV30        GT-AC-T--TATATT-A-A---------C-CA--AG-GT-CAT-T-.....................A-G--    312
HPV53        AC------CA--C-G-TACC--------ATA-AGTA-AG-T----GGTATCCATTTTAGTTTGG...-G--T    334
HPV56        TAA------G--T-CAG-G-AC--TGTGT-T---GCATA-A-----ATACCATAACATA........-----    317
HPV66        ..............................................................-----    291

GroupA7.con  ??????????????????????????????????????????????????????????????????.gtccA    224
HPV18        TTACAGC....................................................A----    289
HPV45        ACACAGC....................................................A----    297
HPV39        ..............................................................C-A--    270
HPV68ME180   ..............................................................-G---    306
HPV70        AATTTTATGCCCTACCCTAAGGTGTGTGTATACCATTTGTAGTTTATACATTTATATTTTATAGTG.-GTT-    387
HPV59        ..............................................................-----    301

GroupA8.con  ..............................................................?????    152
HPV7         ..............................................................    261
HPV40        ..............................................................GTACT    248

GroupA9.con  tta?gt??c?c?t??t?ta?ta??tt?a?ct?ctg??ttgttttat??ttttaaatat????.....ctccA    277
HPV16        -GTG--TATT-A-TG-A--TA-AC-AT-TT-G--ACA-CC-G--T-TG-----T----A.........--AT-    263
HPV35h       CCCATATGA.-T-ACATA-T--CAG-ACA-GCTATATG-TG-A---AACAA-TCTAC..........-----    297
HPV31        ---G--GT-A-GCCA-AGTAA-AG--GTA-AC-C-GTCC-----T-GCAAC----GC-A........-----    378
HPV52        -GCCC-AC-CTG-GTCC--C-TTG--ACA--A--AAT-A-CC----AC-C-CC-T-T-G........TA---    371
HPV33        ---TT-CC-TATATT-G--G--CC-AC-TG-TTA-TA---C----CCT---G-C---CTAGT.....G----    376
HPV58        C--T--AA..........--G--TT-GT-TGATA--TA--T-A-AG-TT--AAC-G--CT.GC.....-----    318

GroupA10.con ???t???t?????????????????????????????????a?????????????????t??t??a?????a    222
HPV6b        TTT-GGT-TGCACGCGCCTTACACACATAAGTAATATACATGC-CAATATATATATTTT-GT-TA-A..AT-    237
HPV11        CCG-TTG-GTTGCCTTCATATT.....................-TATTATATATATTTG-AA-AT-CCTAT-    291
HPV44        ..............................................G-TT-TA-ACATAT    247
HPV55        ..............................................................    274
HPV13        TGT-GTG-CTCGTGTGGTGTTTTGTATACTATACTATAACATT-GTGC...................AACC-    228

GroupA11.con TCAATAAACTATATATGTTGTGTGAGTGGTTTTTAATAGCCACTGTGT...................CTCCA    237
HPV34        ------------------------------------------------...................-----    237
```

```
SuperB.con   t?????????c??t?attgttgtt??caac?atcat?????a?a??tagtt?tt?cct?t??cgttatc?ta    207

GroupB1.con  t????a???????t?aTtgTtgttgccaaCaatcat?????a?a?caagtttttgcctgtatcgttatcgta    249
HPV19        -ACTC-TT..CGG-GC--------------------GCGTTATG-A-TT----C-----------G-----AC    374
HPV25        -ACTC-TT..C.G-AC------C------------GCATTAGT-A-TT----C-----------------AC    378
HPV20        -ACTC-TT..TGG-AG-------------G-T-C---CAAGC-T-G--T-------------A--------GC    402
HPV21        -ACTC-TT..CGA-AG------------G-T-C---TTAGG-C-G--T-------------A--------AC    398
HPV14d       -ACTC-CT..ATG-GG--------------T-C---TGCTG-T-G--T-------------A--------AC    388
HPV5         -CACA-TT....A-A--G------------T-C---AGGCATATT---------------------T-----    392
HPV36        -CACA-T....AA-A---------------T-C---TGCTATATT---------------------T-----    390
HPV47        -TCAC-AT...GGAT---A-----------T-C---AGTCATA-T------C--------------T-----    391
HPV12        AGCAC-TTATACTAG---------------T-C---CATCAGTTT---------------------T-----    377
HPV8         -CTTA-T...CATAAG-----A----------C---CGTCT-T-G--T------------------T---.-    369
HPV24        GCCACCTGCGCAA-TG-----AGCAA-T--TT----TACCT-A.------A---T-A--C-C----TC----    350
HPV15        -TT.......GGC-G--A--A---AA---------CTCTTT-T-AAT-TA-G-AA--GCCTG-----CTT--    340
HPV17        -TT.......GGC-G--A--A---AA--------T-CTCTC-T-AAT-TA-G-GA--GCCT------C-T--    338
HPV37        -TT.......GGCCG-----A-C-AA--------T-TCTTC-T-AAT-CA-G-AA--GCCTG-----A-T--    339
HPV9         -TG.......GGA-G-----G---AA--------TACATAC-C-TTTTCA-A-GA--GCCT------ATAAG    336
HPV22        -AG.......CAACA-----G---AA--------TCCTGCC-G-AT-TAC                        322
HPV23        -GG.......CAACA-----G---AA----------AAGCC-ATAAT-CA-GCAA--GC-TGT-G--ATT--    341
HPV38        -GG.......CAACA--G--G---AA----C----CACGTA-TCGGT-CAAGCAA--GC-TGT-G--GTAA-    347
HPV49        GT........CATCTC----G----TT-----CA--CTTGA-ACAG-TA-ACA--TAACCGCTTGCG-GC-G    381

GroupB2.con  ???c?????ACCg??agtGGT?g??aatagtttctat???tAaTgATaGTTGgCAACaAtcaTta???cata    271
HPV4         AGC-TTTGC----GG------G-AA----------G-CTG-------------------------C..TTAT    493
HPV65        AGC-TTTGC----GG------A-AA-------------TAT-----------------C---C-T..-TA-    467
HPV48        .........----TTT-----ATGTTGAT-C-CTG-CGCA----A--T-------------G-G....----    394
HPV50        .........----AT-TC---T-CT-TGTT-------C..----A-------C-------T----GA.----    443
HPV60        GCG-CAG..---AAA-AC---T-CCT----GA-A-....C-C----T---------T-------AAT----    435
```

```
SuperE.con   ?aAta?t?t?ttatt??c?t??tt?tt??c??gt??c??ata?????ct?ggtcT?a???ga?t??Tt?cgg    287
HPV41        G--G-CAG-T-----GC-AAAACCT--TGGTT-CTG-CA---GCAGG-GT-----C-ACGA-T-CG--G---    502

GroupE1.con  ??AT??T?????????????T??TT?????C???T?????????????T?????T?????G?????T?????    191
HPV1a        AG--TG-TGAGGATTTATT-GT--AGACT-CGG-GCATTATACACAAG-GTGCA-TTTTT-TGTTC-CTGAT    411
HPV63        CA--AA-CTCTTTCGATCG-TG--GTTAA-AAC-ATCAGGCGATTCTC-AGTTC-AACAC-AACGT-TACGG    502
```

```
                                                                E2 binding site
                YY-1 binding sites <-                            ->        <-
SuperA.con    tttt??????????c??c??tttt?????????????????????????ACCG?ttTCGGTtgc?????????    232
HPV54         --CACCTTTGGTGTC-ATTTTG-A-AATCTCCATTTTATATAACCGAA----T----------TGTTGGCAC    303

GroupA1.con   TTTT?TTTT.T???T?CTCCATTTT??T?C??G??.............ACCGA??TCGGTTG????TGG???    109
HPV32         ----A----.-CAA-C---------AG-A-AT-CA.............-----AA-------CCGT---ATA    182
HPV42         ----G----.-T.G-A---------GT-T-TA-...............-----TT-------TATC---CCT    144

GroupA2.con   ...............................................ACCGATtTCGGT??ccAAaATGGC    330
HPV3          ...............................................------------TCT---------    226
HPV28         ...............................................------A-----AT----------    353
HPV10         ...............................................------------..A---G-----    240
HPV29         ...............................................------------..-T--------    232

GroupA3.con   ..............ACCGTTTTCGGTCTCCCGCCTTTTTTGTTGCCG.ACCGGTTTCGGTCGCCCGCCTTTT    386
HPV61         ..............------------------------------------------------------------    386

GroupA4.con   gTgTGTAGCC......CCCaGtTtcATgCg..................ACCGTTTTCGGTTGCGTGCAGTTT    240
HPV2a         ----------.....-------------A..................------------------------    250
HPV27         T---------.....--------------..................------------------------    279
HPV57         --A-------.........---T-G-AG--A--..............------------------------    281

GroupA5.con   TTT???T????????A?????T?T?????CA.................ACCG?TTTCGGT???T?????TTT    140
HPV26         ---ATA-TTTCTATT-CTATC-A-TGTCC--................----T-------CGT-CCTTA---    393
HPV51         ---TGT-ACAGCTGC-GCCAT-T-GAGTG--................----A-------TCG-GTACT---    379

GroupA6.con   TTTtg.?????tg?cC?CCATTTT??c??t???...............ACCGa?TTCGGTTgcctggcct?t    336
HPV30         ---GT.......-C--T-------AC-TT-CA................-----T-------T------A-G-    361
HPV53         -----.....G-AC--T-------GC-TTGCA................----GT-------...........    374
HPV56         -----.TTGTT-TT--G-------GTACA-GCA...............-----A---------A------AG    373
HPV66         ----A..GTGC--TA-G-------ATGCA-GCA...............-----A-----------A----T-    346

GroupA7.con   ttTta??c?t??aatcc?CCATTTTG??g?gc?...............ACCG?ttTCGGTtgcct?tggctt    269
HPV18         -----TC-.-AC-----T--------CT-T--A...............----A------------T------    345
HPV45         -----..-T-AT-----T--------CT-T--A...............----A------------G------    352
HPV39         ----------.T-C-T-G--------TG.GCG................----AAG-----C.GTGGGTTGAG    318
HPV68ME180    ----G........TAAGG--------TGTGCA................----T-------C-GTGG--CTA-    354
HPV70         CC-GTATACAG.C-A-GG--------TGTGAA................----T----------A-T------    442
HPV59         -----TC-T-TA-----T--------CT-T--A...............----T--------A---TG-TT-A    358

GroupA8.con   ?????????.?????????????????????????.............ACCG?TTTCGGTCGCGGTTGGCA?    174
HPV7          ..............................................----T------------------A    285
HPV40         TTTTGTGTC.TAAATCCTCCATTTTGTACTGCGCG.............----C------------------C    306

GroupA9.con   TtTTgttt?t?.?tgc?tCCaTTTtg?atcccta???...........ACCGatTTCGGTTgcttt???ta?    325
HPV16         ------AGCGC.CA--GG--------T-G-TTC-..............-----A---------A-GCTT-TT    320
HPV35h        ------G-G-T..A-TG---.---ACAT-A---TTCA...........----------------G-TGGC-A    355
HPV31         -----A--T-A..---AG-------AA-------..............----T----------A--GTT--A    434
HPV52         -----.-AC-A..-C-A.-------AA---.---..............-----A--------G-C-TGGC-C    424
HPV33         -A----ACAAT..-T-C---------T--G----..............----T--------A---GGCA--C    432
HPV58         ----AC--......-A-C---------TGCATG--.............--------------.........CT    363

GroupA10.con  ?t?t?????????????????g?????????????????????????.ACCGtTTTCGGTTGctatT??t??    245
HPV6b         C-A-ACTTTTATAT.....TT-CA.......................---------------CC--AGCAT    280
HPV11         C-A-GTTACCCCCCCCCACTT-CA.......................----------------CC--A.CAT    338
HPV44         TCC-CCATTTTGGGTGCAACC-TTTTCGGTTGTTCATTTTGGGTGCA.--------------T--C-CA-TA    318
HPV55         ..............................................--------------T--C-CA-CA    298
HPV13         T-T-GTAAC..TTTTCTTACATTTTACGTCTCCATATTAAGTGCA...----A--------------GT-TC    295

GroupA11.con  TTTTGT.....TCATTCGCCATTTTATATATTTTAAAGTTATTCTGCGACCGCTTTCGGTTGCCTATACTAT    304
HPV34         ------.....------------------------------------------------------------    304
```

```
SuperB.con    ??a?at????aa??a?????atat?a?taaata?ataaata?atatatatatatatat?t?tata?tt?ta?    256

GroupB1.con   ?ca??t????a?t?a??t??atat?tata?atatataaata?atatatatatatatatat?tata?tt?ta?    301
HPV19         A--GG-.....A-T-TA-AT----A----T-------T---T------------------..---TA-A--C    439
HPV25         A--GG-.....G-GTTA-AC----A----T-------T---T------------------T.---TA-A--C    444
HPV20         A--GTG....-T-A-TA-AT----A----T-------T---T------------------A.TATA-AGATA    469
HPV21         A--TAC.TCACACC-TA-AT----A----T-------T---T------------------TC---TA-AC-T    469
HPV14d        A--TAC........-TA-CT--G-A----T-------T---T-----------------A----.-AC--.    450
HPV5          T-CTG-....-A-A-TA-CC-.--A---GT---C-------A---------------AG-G-C--AGAT-GG    459
HPV36         T--TG-GAAT-A-ATAC-GT---.G----A---A-------A--------------GCT-CA-AGG--GGGT    461
HPV47         .-CTTA....CC-ACA.GTAT-T-A---TA-----------A---A-------A--G-G-A-T--T--C-CA    457
HPV12         T--TAC...T-A-.T.C-GT----AAT--A---A-------A------------------A--ATG-ATA-G    444
HPV8          T--CAC......CATAT-GT---...T--A---A-------A--------------.-G.T--C-A-GC-GT    430
HPV24         T--CTGTG....AATGTATTTAT-GAT--G-C-------A-GGA-G-C--C-TG                    400
HPV15         TTTAA-CTAC-TAC-ATATGC-GAG--A-CTAT-TAG-GAGCTAT                             385
HPV17         AATGA-CTAC-TAC-ATATG...AGAGCTCT--CT---GAGC--                              379
HPV37         CATGA-CTAA-TA.-ATATG..--GAGC-A.--CT---GAGA----                            381
HPV9          CTTATATAGACA-A-ATATATA-GG-GCC                                             365
HPV23         TT                                                                        343
HPV38         ATGAA-TAAA-AAA-AAACA-GGATATATTTA-GGGGCC-GT-AGCT-GGGATGTAT-C               406
HPV49         TACTT-CTTT-T-CTTGGAA-G-ATACAGACAGG-C-C                                    419

GroupB2.con   a??aatatataACCggaagaG?tacATATAAA?Ag?gctgat??gttc?ta?t??at???gtccaG        323
HPV4          -GCT-----------------A----------A--G-ACAG-GCA--TC--C-AA--CCT------        559
HPV65         -GT-----------------A----------A--ACACAT-GTA---C-GA-AA--CCCA-----         533
HPV48         -TA-C-TAGG-----AG-C--TAT--------T-CT-----ACA--AGA-TTCTTCAGAA-CTG          458
HPV50         GAG-CGTG-C-----ACTAC-G-G--------.--A------CA-CA-AG-T-TG-AGGA-A-TG         507
HPV60         -AA--A----G---A------G--T-------T-..-----GAC----G--AACTT-AGG               493
```

```
SuperE.con    t?aTtG??ag?Tattttc?T??aaaAc?ct??taa??at?gCtcTt??gtctt?TT??T??T??C????T??    331
HPV41         CA--A-GT-TG--CCA-GG-TATG---AA-CA---TC--C--C---TC--G--A--TC-TG-AA-GAAT-CG    574

GroupE1.con   T??TTG???G?T?TTT?C?T??AA?A??C????????????CT?T?????C??TTTGTTAATCCCTCCCTAC    229
HPV1a         -GA---TGT-T-A---T-C-GC--T-TG-AATAAAAGTGAG--G-CCTTT-TT-------------------    483
HPV63         -CG---CCA-C-T---C-T-AT--A-CT-TGGTGGGAATTT--C-TGGGA-AG                     555
```

LCR Nucleotide Alignment

```
SuperA.con    ??????????????????a?????????????????????a?????t???????t?????????????    236
HPV54         TAAAACTGTGTTTTAAGCACTTTGTATCGTACATCTAATCTTTTGGGCGCCGCCACA-CCTGCCCTGGTAGT    375

GroupA1.con   ?T??CCA??????TT?GC?A????????A???TTT???????????T???T??T???A??T???A?TGC?A?    132
HPV32         A-GT---TTAAAT--A--A-GCACATGC-GTT---ACTGCCAAATA-ATG-AC-GCC-AA-GGT-T---T-A    254
HPV42         G-TA---GGTGCA--G--C-TGTTTCCT-ACA---TGCAAACCTAT-CAC-TT-TAA-TT-ATA-A---A-T    216

GroupA2.con   CGCCt???????????tT?CAGGTGTGCacAccAccAATTAgTCATactgaTCtATaTCCTGCg?ACcTGCC    389
HPV3          -----............--G-------------A-A-----------------------------.-------    286
HPV28         -----ATGCAGGTGTG--C---------TT-AT---------------A----C---------AA-------    425
HPV10         -----............--C---------------------------G-----------------.-------    300
HPV29         ----G...........G-G----------------T-----C-----T-AT--A--T--------.--A----    292

GroupA3.con   TGGTTGTGGCACTATGCCACTGTACACATACCACATCCTGTTTAAACAAACTTTATGTGTTGCACCTGGGTG    458
HPV61         ------------------------------------------------------------------------    458

GroupA4.con   CGGTCGGCGCcGtTGCCAgCaCAgc????????TTAATCCTTTAATTGCTctcATCCT??aAagTgTTa?CT    301
HPV2a         ------------------A-C----........--------------------------..----------T--    312
HPV27         ------------------------------.......------------------A------..----------G--    341
HPV57         ----------T-C----------CTCATATCCT-----------------T-A-----TTC-CT-T--TA--    353

GroupA5.con   ????T?TT??CCAA?TTT?A??C???A?C???CAG??????TT?????????????A?????????????????    160
HPV26         TAGT-T--AT----C---C-TG-TGT-T-CTG---GAACAG--AATCCTTTGGCAG-CAACACATCCTGCCT    465
HPV51         AGTA-A--TG----G---T-AA-CAC-A-TGC---TTGTTT--GGCATAAACCATC-TTTTTTTATGACATA    451

GroupA6.con   tg?c?t??ttt?aactt??Aaatac?a?aagg?aattCagcaaaac??tta??cc?ttggcatag?gccgt?    391
HPV30         ATGAG-GT---TT-TA-GT-C--G-C-A---TAC------------AC---AT--AC------G-T-----T    433
HPV53         ......GTGCAT-T---GT------C-C---CAT--------G---TG---AT--T---------T-----T    440
HPV56         --C-A-TA---A----AAA-GGA-TTCGGTT-C-TGG-CT........AGTGC-AT-ATTT-A-CCAAAAGG    437
HPV66         --T-C-TA---A---CCAA--CG--TTTTCA-C--AA---TT--T-CT--GGCATA---C-G-TTCCTGT-G    418

GroupA7.con   at?ttt?t?tttt??a?ta?aAaaca?ttt?ctca?c?aaaa?a????tttacc?t?t?tt??ccc??cct?    317
HPV18         --G-C-G-GG---TCTGC-C--T---G-ACG--GGCACT-TTGCAAAC----ATC-T-TGGGCA-TGCT-CT    417
HPV45         --A-G-GACC---TA-AC-T--T--.C-AAA--GGCAC-TTT.....................A-AAC--CT    402
HPV39         CAT---T-T-AAACT-G-GG---C--CC--T----G-A----C-TGTC------T-AGG--CA---TG-A-A    390
HPV68ME180    T-CC--C-A-ACAGT-T--A---CT-TG-GTT---G-A----C-TGT.--C---T-.GG--TA---.A-A-A    423
HPV70         TGTACCA-CAG--ACCC-TAT----CT---GTATCAGC----ACATGTCC-GTAACC-AAGTT-A-CTA-AT    514
HPV59         -CC--ACCT----GA-CA-TT--T-TG---AAA--T-AGC--A-CAGT-AAT--CCA-C--GTTT-CT---A    430

GroupA8.con   ?????TACATTTGTCAGCA??TTTTTAT??CATGTT??A?ATTGTTAG?????????????????????????    210
HPV7          CTCAT---------------TG-------AA------TA-A--------CTTTATATAACTATATAAATCCTT    357
HPV40         ACACA---------------AA-------TG------AC-C--------.......................    354

GroupA9.con   ??ctcatat??t?ttt?t??aaata?taat?tttt???????????tt??c??t?t??t??tt??tt??att    363
HPV16         GG-A--A-ATG-G---T-TT-----G-TC-A-G-CAGCAACTATGG--TAAAC-TGTACGT--CC-GCTTGC    392
HPV35h        GCT-T----GT-T---ACAA---C-T-CC-ACC-CAGCAGAACACT-AAT-CT-G-GT-CC-GATA-AT---    427
HPV31         ACA-GC--GTACAAC-A-GCTG--GCAGTAG--C-GCGGTTTTTGG--TC-TGAA-AC-AG--TT-GCC-AC    506
HPV52         AA--TTGG-TG-CC--GGCAC-G--AC--CTA---TTATATAAGTT-CAG-AAAC-GC-TAA-CC--TGG--    496
HPV33         ATAC-C---GACA--GGCAG--CAGT----CC---TCTTTCCTGCAC-GTGTT-G-CTGTAC-TGC-GC---    504
HPV58         GG-A--A-CGTGT---T-TT---CTAC---T-AAA....................................    398

GroupA10.con  ?cc???tcct?taat??atta????gtgtat?caa??tatcc?Atct??T?t?t????????aaac?tT?cc    288
HPV6b         A-ACTT---ACC---TTG---CAAC----T-C-TCTTA----T--A-AT-T-G-GC.CAGGT-C--A--G--    351
HPV11         A-ACTTA---CA---TTG---TAAC----T-TGT-CTA----C--A-GT-G-G-GCCAAGGT-C-TA--G--    410
HPV44         C--ACA----G--CCCA---TGTTATA-C-AG---AA---TTA---ATC-C-......GCCAG---T--ATT    384
HPV55         C--ACA----G---CCA---TGTTGTA-C-AG---AA---TTA----TA-C-A-AGTTGCCA----T--A-T    370
HPV13         TG-GACCGA-T-GT-GC-GC-CGCT--T---AT--TC-TA--T-C-GCC-GCCAAAATTATCC-C-GC-TG-    367

GroupA11.con  AACATGTTTTGGTCTGTTTGTGCTGTTTTAGCACAAAGGTTTAATGTGTTTTGGCTTCCTGCAGGCAACTTG    376
HPV34         ------------------------------------------------------------------------    376
```

```
SuperB.con    ??t??????aat????????attaagaCa?AGAGTGCAGGCAC                                282

GroupB1.con   ??t??????aat????????attaagaCa?AGAGTGCAGGCAC                                327
HPV19         ACACACAGAT-CATTTTGCAGC-GC-A--TT                                            470
HPV25         AC.....GT-GACACTGCAGC----G---TT                                            470
HPV20         CA-ATAGAC-GATATCATAGAGC---TG--G-------------                               513
HPV21         AC-AGGGAAG--GCCCTAGTAC-C                                                   493
HPV14d        ..CAGAAAA--CAGAGAATGC-GACTC                                                475
HPV5          GT-CTTCTGT-ATCAGGCA                                                        478
HPV36         TT-TTAATA-T-AAGGCAA                                                        480
HPV47         GGCTCAGTTCT-TGCAAT..T---------A                                            486
HPV12         GC-TGGTTCTT-TGCAATGTG---GG----A                                            475
HPV8          GACTTGTGC---.TTTCCTAAGCA-                                                  454
```

```
SuperE.con    T???A?AA?A?A??C??A??????AA????G??????????T??TA??????A?TGCGCTCTTTTATATAAT    364
HPV41         -TAC-A--C-C-CA-AC-GTATAT--GATA-AGGAACGGAT-GG--CACCAC-G                     628

GroupE1.con   TCCAATAAAAAATCCCTACCCCTAAAATCTGTTTGTGCTGGTTTTATTAATAATTGCGCTCTTTTATATAAT    301
HPV1a         ------------------------------------------------------------------------    555
```

```
SuperA.con   ??????????????????????????????????????????????????t????????t?????t???????    239
HPV54        TTTGCCAGCACATCTGCACACCCACACATTTATAACTGTCAGAACAACT-CACTTTCCATTGTG-AAAAACA    447

GroupA1.con  ??????????????????????????????????????????TA??????????TT????TACATAACA?AC    147
HPV32        G.............................................--GCAAAATGTT--TACA---------T--    285
HPV42        ATGTGCTGCCAACTGTTTTATGGCACGTATGTTCTGCCAACG--CACTCCCTAA--CCTT---------C--    288

GroupA2.con  cTgTCaCGCaaa?TTTT?GGCtgtgAT?tTaTctTTtCtAtaGTTTAtTTtAtT?GCTGtATCATtCTt?cT    456
HPV3         T---------T-G----.---------A--------------------------.----C--------CC--    356
HPV28        -----T-----GT----.---------AC-------.-------------C---T--------------T--    495
HPV10        ---------C-TT----T----AA---TG---AG-------------G------.-----------G---T--    371
HPV29        G-C-------C-G----.---A-CA--T--T-GC----C-CT----------C-.--------------CT-    362

GroupA3.con  TGTTTGACAGGTTGCTAACACACACAGTTTGGAACAATGCTCCATCTATCTTTTTTGACATGTTGTGCAATT    530
HPV61        ------------------------------------------------------------------------    530

GroupA4.con  GTGCCAgC?AcaATGAgTTTGgatTTTTGgTTGTTTaaTGctTtttcTttT?cAGTTTTTCcTTT?tctGTG    370
HPV2a        --------G--G-----------.----------------------------.------------G-T----    382
HPV27        --------A-----------------------------------------.T------------C------    412
HPV57        ------A-T-A-----T----C.------A------TG--TC-GCAT-AA-G---------T---TC-A---    424

GroupA5.con  ??????????C???C??????G?C?????????G?????C?T??????G??A???ATA????????????    172
HPV26        CCTACGCTTGG-TTG-CATTTT-G-ACTATAAGT-GCGCG-C-GTATTA-TC-CAT---TTTAAACAATACT    537
HPV51        GTGCATACATC-GCC-GCCCAC-C-TTGTACTTG-CGCGC-T-ACCGGC-CT-GTC---CAACCTATTAGTC    523

GroupA6.con  tcctgttc???atgtt?ttttgtc?ta?gcaatAt?cCtcacct?tttgt?t?ttactgta?gctgccaact    452
HPV30        -----CA-TTT-----T----T-GCA-C-T--G-CG----G---TA--AGTCA-ATA----T----------    505
HPV53        ------GTTTA-----T------TT--TA--C---G---T----A--A--CAC--------G----------    512
HPV56        C---T---AGC-GAACAG--AA--C-TT-GC----TG-CGTTTCC-G---T-TA----TG-ATTATGT-CAG    509
HPV66        -ATGA---AGGTATG-ACAC--C-T--CC-TG---TA-------G-A-T-C-G...................    471

GroupA7.con  act?gct?tgataaaa?g??gtact?????????????????ggcgcaCct????TTAgTCATcaTCCTGTCC    364
HPV18        --ATAT-T---AC--TT-GC-CG-CTCTTTGGCGCATATAA---------GGTA--------TT--------    489
HPV45        --ATAG-T-A-CCT-CT-GC-CG-CTTCTTGGCGTACATGT---A-----GGTA--------TT--------    474
HPV39        GT-G--AC--G---C-GT.TT----.....................-----G---TA..---C--------------    443
HPV68ME180   GT-G--ACC-G---C-GTAT-----.............................TAC.------------------    478
HPV70        ---T-GCACT-CT--CA-TTT--G-................---A-----ACAC------------------    570
HPV59        CACGC--AGAC--CT-ACACAACT-..............ACAAACGC-AAATAG------------------    488

GroupA8.con  ??????????????????????????????????????????????????????????????????????    210
HPV7         CAATTTCCACCCATAACCGTTTCCAGTCTCGGTTGGCAAGTCACCATGTTTGTCAGCATATTTGCATTGCAT    429
HPV40        ......................................................................    354

GroupA9.con  ??t?????tc???t??t????t?tca?aac??tt?at?cttt???ttcctgcactg?tttt??ct?t?c?t?    403
HPV16        CA-GCGTGC-AAA-CCCTGTT-TC-TG-C-TGCACTGCT-GCCAACCAT-C--T--T----TA-AC-G-ACT    464
HPV35h       GT-TGCCAA-TTTATA-TGGC-T-TGCC-ATC--T-AA---GATTCAT--TGCAGTA--AGTCA-T-TTCAT    499
HPV31        AT-CTGGC-TGTAGTT-CCTGCC-A-C-CACC--GCCAACA-ATAA---A-TC-AAC---GCAA-TATAC-A    578
HPV52        TCCTGCAG--CAC-GG-CTACAC-TGTTGTCCCGCC-AAAC-GAC---T---.....................    548
HPV33        GGCATACA-ACCC-ATGACAT-GG--G---AG--A--C----TCT-----------TG---GT--G-A-T-G    576
HPV58        .......................--AT--AG--A--C----CCC-----------C----GC--A-A-T-G    446

GroupA10.con ctg??ac??ag????c?????gc?cac?????ggcgc??????gc??ttacacaa?????c??tAtt?tat?    324
HPV6b        ---CC-AGTT-CTTG-CAAGT--ATCATATCCT--CAACCACACACC-GG-G-C-GGGTG-GG----GCC-T    423
HPV11        ---CC-AGT-TCTTG-CAA...................CAACACACC-G..G-C-GGGCG-GG----GC--G    461
HPV44        A--TT--TA--TACA-ACCTG--G---AGCTA-----GGTTTG--AAC-------TACATTCC--A-C-C-A    456
HPV55        A--TT--TA--TACA-ACCTG--G---AGCTA-----GGTTTG--AAC-------TACATTCC--A-C---A    442
HPV13        -AAAAT-ACCCA..........-A---CTGGC-TT--TAGGGC--GG---T-T-TATTTA-TAA--CT--CT    429

GroupA11.con GATTGTACTCAAGCACTTAGGATTAACATGCTTCCTGCTTATGTTTCATCCTACGCAAGGTCATACACGTTT    448
HPV34        ------------------------------------------------------------------------    448
```

```
SuperE.con   AAGTACTATTAACACCGCACCCGTTGTGGCTAATCCCTTATGGTATTTAAAAGACTACACCTACAGGATGTA    436

GroupE1.con  AAGTACTATTAACACCGCACCCGTTGTGGCTAATCCCTTATGGTATTTAAAAGACTACACCTACAGGATGTA    373
HPV1a        ------------------------------------------------------------------------    627
```

LCR Nucleotide Alignment

```
SuperA.con   ??????????????????????????????????????????????????????????????????????????????????????    239
HPV54        CGCCCTTTGCATTCCAACATTGATTTATATATTTTTTACATAA..............................    490

GroupA1.con  ACGCC??TTTGCACA?GCATGT?????????????AAAGGTT?GCATA?CT?TGCA?TTAC??ATTTCCTT    196
HPV32        -----CT--------A------TTTAG.........-------G-----G--T----T----TT--------    348
HPV42        -----..--------G------GCACAAAGGTTGGC-------A-----T--C----G----CC--------    358

GroupA2.con  GGCAcGtc?aa?tgTcTcCATTGCAAA?TTaaC?GCTtCTGGGCACcAACTTAT..................    506
HPV3         --------T-TC---------------.-----A------------T-------...................    409
HPV28        --------A--A---------------.-----T---C----------------...................    548
HPV10        ------G-A--C---------------T-----A--------------------...................    425
HPV29        ----A--TTGCACA-A-A---------.--CG-T--------------------...................    415

GroupA3.con  ACTGTGCTTTTAGGCACATATTTTGTGCTGACTACTTTCCCT...............................    572
HPV61        ----------------------------------------...............................    572

GroupA4.con  CCAGgcCGCGaGaGGGcGTGcaCATTCCTAggctGATT...................................    408
HPV2a        ----------------------------------------...............................    420
HPV27        -----.----------T---TG----------------...................................    449
HPV57        ----A-----T-T-----------------CATA----...................................    462

GroupA5.con  ??????A??????????T??????A?A?????????????????????.......................    176
HPV26        TACATA-GCACTTTTTC-TACATT-T-A...........................................    565
HPV51        ATTTGT-CTTTAACAAT-GTTGGC-C-CTGTTTTCCGCCCTATAATAA.......................    571

GroupA6.con  atgcttttacc?gcata?????????????????????????????????????????.............    468
HPV30        ---------T-A-----......................................................    522
HPV53        -----------T-----......................................................    529
HPV56        TAC-GCACC-TGTAT--CTCACAGGTACTATGACTGCCAACTATGCTTTTATCTGCATA.............    568
HPV66        ..................................TGCCAACTATGCTTTTATCTGCATA.............    496

GroupA7.con  AGGTGcacTacAACAATa?tTtggcaaccT??atatCccCaccctatgtaa?.....................    412
HPV18        ------G----------TGC---CAT-A--..------A-T-----A----.......................    538
HPV45        -----T----A------GGC---CAC-A--..G-----A------------.......................    523
HPV39        ---------G--------C---------A-CC-----T-------------.......................    494
HPV68ME180   -------G-G--------G-------G---AT-----T-------.-----.......................    528
HPV70        -----------------GC-----------TATGCA--T-CA--CTGTCT-A.....................    622
HPV59        ---------CT-------C--GCAT---T-TGG-GG-G--CTTG-TAA........................    536

GroupA8.con  ??????????????GTCAA??T?CCCTGCCAAAAATG????????????TA?TATTAGGGTGAGG?TTG?C    249
HPV7         GTTTCAAATTGCTAG-----AG-T--------------CCGCCCAATATG--C-------------.---C-    500
HPV40        ....................CA-G--------------.............--G-------------T---G-    399

GroupA9.con  ?????????????????????tgactca?at??tcatgcagtgca??tgcaaaat??tta??t??actta?a?t    443
HPV16        ATGTGCAACTACTGAATCACT-TGT-C--TG-GTCAT-TAAA-TAAATC-CTATGCGCCAACGC---......    531
HPV35h       ACTTGTGGTCCACCCACAC-TGTAACAC-TG........................................    530
HPV31        TGAATCATGTTTGTTTAAA-ACAA-TGTAGT---ACT-TGTGTCA----C-TATA---TA-TAT-C--C-CA    650
HPV52        ......................-------.CAGG--C---------GC-AA-C---ACA-TGCCTA--A-TGCA-    600
HPV33        CTGCAT.....................-------T--ATA-----------AT--------AC---AT-GT---A-T-G-    635
HPV58        CATATG.....................-------T--ATA-----------GT--------GT---AT-AT---C-T-G-    505

GroupA10.con a?t??t?????????????????????????????.......................................    327
HPV6b        -C-CA-.................................................................    429
HPV11        -C-AA-GTACAAT..........................................................    474
HPV44        T......................................................................    457
HPV55        T......................................................................    443
HPV13        -A-CT-TCTATCACTCATTTTACCTTTATAACA......................................    462

GroupA11.con AAGGCGCCACCTGGCAGTTACTCATGTGTCTGCAATTGTTACTACAATGTTTTGCACACACATTTT......    514
HPV34        ------------------------------------------------------------------......    514
```

```
SuperE.con   TTGTCTTCATTGTTTATGGTTTACCGCGCTCCAAAGACGGTTTGCCCAAAGACGGTTTGCCAACCGCGGTTA    508

GroupE1.con  TTGTCTTCATTGTTTATGGTTTACCGCGCTCCAAAGACGGTTTGCCCAAAGACGGTTTGCCAACCGCGGTTA    445
HPV1a        ------------------------------------------------------------------------    699
```

```
                                                        PV enhancer-associated
                                                        factor binding site ->
SuperA.con    ??????????????????????????????????????????????????????????taa?actgctttaggc    255
HPV54         ......................................................TA--ACA----AG-----    508

GroupA1.con   ?TTCCTTT?TT?????TATGA?TA???TA?TTGTTAT?T?TAA............T?AAAA?GCTTTTAGGC    240
HPV32         C-------G--CATGT-----C--CTG--T-------G-A--------------T----T----------    408
HPV42         T-------T--TTATG-----G--ACT--A-------A-G--------------A----A----------    418

GroupA2.con   ......................................................TATGACTACTTT....C    519
HPV3          ......................................................------------....-    422
HPV28         ......................................................------------....-    561
HPV10         ......................................................------------....-    438
HPV29         ......................................................------------....-    428

GroupA3.con   ......................................................TAATTGCTGGTTTGGC    588
HPV61         ......................................................----------------    588

GroupA4.con   ......................................................ATctT?cTGTG?TTGGC    423
HPV2a         ......................................................-----AA----T-----    437
HPV27         ......................................................--GG-T-----.-----    465
HPV57         ......................................................-----C-----.-----    478

GroupA5.con   ......................................................T??AACTGCT??TAGGC    189
HPV26         ......................................................-AA-------GT-----    582
HPV51         ......................................................-TT-------TA-----    588

GroupA6.con   ......................................................CtTTagtGCTgTTGGGC    485
HPV30         ......................................................-----C-----------    539
HPV53         ......................................................-C--------T------    546
HPV56         ......................................................----------------    585
HPV66         ......................................................----G-C----------    513

GroupA7.con   ......................................................taAAActGCTTTTAGGC    429
HPV18         ......................................................----------------    555
HPV45         ......................................................----------------    540
HPV39         ......................................................----------------    511
HPV68ME180    ......................................................----------------    545
HPV70         ......................................................T---G-----------    638
HPV59         ......................................................------A----------    553

GroupA8.con   ACACCTTT?ATT?CACTTTT??TG?ACTGTTACTCATCTTATT?TAT?C?CTTC.CAAAC?TGCTTTTAGGC    311
HPV7          --------A---A-------AT--C------------------T---A-G----.-----T-----------    571
HPV40         --------G---G-------CC--T------------------G---G-A----.-----A-----------    470

GroupA9.con   ???...................................................taaaactGCTttTAGGC    460
HPV16         ......................................................AC-T--C---G------    548
HPV35h        ......................................................---C-G-----------    547
HPV31         CC....................................................-T---------------    669
HPV52         GTT...................................................-T---------------    620
HPV33         T.....................................................--C-CA-----------    653
HPV58         T.....................................................----CA-----A-----    523

GroupA10.con  ....................................................??aaac?ttt?ctttT???    339
HPV6b         ......................................................----C-G-C..---GTG    444
HPV11         ......................................................----C-G-CGG---G..    489
HPV44         ....................................................ACT-CTGC-GT--CG-TTG    476
HPV55         ....................................................AAC-CTGC-GT--AC-TGT    462
HPV13         ......................................................-T--T---G-----CAA    479

GroupA11.con  ......................................................TTACCCACCCTCTCATA    531
HPV34         ......................................................----------------    531
```

```
SuperE.con    GGACTTGTTTCAATTTGCTGCCAAACTTATCTGGTCGTGCTCCAACGGGTTTCCTGCCAAGCACCTAAAACG    580

GroupE1.con   GGACTTGTTTCAATTTGCTGCCAAACTTATCTGGTCGTGCTCCAACGGGTTTCCTGCCAAGCACCTAAAACG    517
HPV1a         ------------------------------------------------------------------------    771
```

LCR Nucleotide Alignment

```
                    PV enhancer-associated
                <- factor binding site
SuperA.con   acatatttt??????t?tt??????t????taat?gca????ttggc?t??a??a?????ttt?????c???    287
HPV54        ---------AGCTGTGTAAACTTAG-AAGTGC--A-TTGGCAAACTAAAAC-TAGGTGTA-GCCAGGTACGT    580

GroupA1.con  ACATATTT?..???GT?TTGGCA?A????TTTACAAGTTAC??TGGC?TA?ACAAG???AGT??TTTG....    287
HPV32        --------G..TGG--T------C-GTAC------------TC----C--G-----ACT---GC----....    474
HPV42        --------T...CA--G------T-CACA------------CT----T--A-----TAA---TA----....    483

GroupA2.con  ACATAATTACTgTctTGGCtgcGTTTTcTAggtTgcCTTGCCAATaaaAtGTGcTTcCAAATCTCCA.....    586
HPV3         ---------------------------------TC------------..--------------------.....    486
HPV28        ------------A---------G-----A------------------G--------------------.....    628
HPV10        -------------TC-------------------------------------------------------.....    505
HPV29        -------------------CCA--------A---AT-------------C---T--G----------.....    495

GroupA3.con  ATTGCTTGTATACTTTTCTAGCCAGGAAACTGTCTTGCAACTTTGGGCATGTTTTACACACATTATGTTACA    660
HPV61        ------------------------------------------------------------------------    660

GroupA4.con  acagaTTT?taCTGCGTCTGCAGaAAAACCTGCagCaACAGCACtTTGGGCGCGTCGTTTtTGCAGCCAAC.    493
HPV2a        ---TC---G-------------------------------------------------------------.    508
HPV27        --------C--------------G-----------------------------------C----------.    536
HPV57        GGG-----TCC----------------------CA-C-------C--------------------------.    549

GroupA5.con  A??TATTTTT?????AT?TT?TA??T?T??TAA?TGCA.TAGTTGGC??????A??????T?T?TTT?????    226
HPV26        -CA-------ATTTT--T--A--GG-C-TT---G----.--------TAACAT-TACACT-T-G---GCCAA    653
HPV51        -TG-------TGGC.--A--T--TC-.-AC---T----.--------AGGTCA-ATACTA-G-T---AGTGC    657

GroupA6.con  A?Ac?TTTT?....???TgCAa???TcTGCA?ct?tagTgttTTGGCtTGcAGcata?atT?Tgt?aGCCA.    538
HPV30        -T-AG----T.....AT-----ACA------.ACAC-A--A----------------T---T--GT-----.    604
HPV53        -C--A----.....TAT-----ACA------.--T----------------------CG--C--CT-----.    611
HPV56        -C--A----......TA-A--TGTG------A--T-G----------------A---C-C-A---AG----.    650
HPV66        -T-TG----......TA----GGTG-T----A.-A--T-T-G-----G--T---CCTT---G-A-A-----.    577

GroupA7.con  A?ataTTTT..?a?cTGTTTTTACtt??ccTAAttgcA.TAgTTGGCcTGtAtAACtaCTtTt??aTcCAag    491
HPV18        -C-------..AGTT-----------AAG---------.--C-----T----C---------CATG-----C    624
HPV45        -C-------..AGT----------C-GTG-------T-.--A-----G----G---C-----CTT------C    609
HPV39        -T-------...-G------------.G-T-----AA-.-------------------------TG--T--G-    578
HPV68ME180   -T-GG----..T-A------------.G------A---.------------------------GC--T----    613
HPV70        -TG------...-C------------.A-----GA---.-----------------AG-----AC-------    705
HPV59        -C-------...CA-----------A.CTT--------.--A-----T--C-A-------G-GCA-------    620

GroupA8.con  ACATAGTTTT?C???..ATAAA?A?TTAGCTAATAGCAG.?TTTGGCA??ACATAACACT??TGGTTAACA.    368
HPV7         ----------A-TGC..-----C-T--------------..-------CC----------.A---------.    637
HPV40        ----------G-CTA..-----A-G--------------.T-------AA----------TG---------.    538

GroupA9.con  ACATATTTTt????c?tttcTttaaa?cctTaAtTgCA?gtttTGGCtT??acaat?gttt?ttatgcc?aa    520
HPV16        ----------GGC..T-G-T--A-CTAA-C--------TA.------A-AAGGTT-AAAC-TC--A-G-C--    617
HPV35h       ----------T..G-A-----AA-GGG-T---------CA.C-------TACAT--TA-G-G-GT-TG-C--    616
HPV31        ---------...GTAGA--A-C--T-T----G------.--GC------TTG--CAT----AAAC----A-G    737
HPV52        ---------AT..TTAAACT--C--TG-AC-----A--.--G-------..---CAA--ACA-CC-A-GCC-    687
HPV33        ---------...A-T--A----C--A------G----.----------AC-----T-C--TG------A--    721
HPV58        ---------A...A-.--A----C--TG-----G----.----------GC-----A----G-------A--    590

GroupA10.con ttA?aatttt?gtgct????agCcAatt?ttaAAAGca.TTTTTGGCTactAgCactaCATTTTTgTaCagT    403
HPV6b        ---T-C----.A---ACTGT------C-C---------.---------TG-----GC--------T-G-TC-    514
HPV11        .--C---G--.---GATTGC------AGG---------.---------T-----TGA------------CC-    558
HPV44        -G-AC-A-AGT-C---GGTAGC-A-C--T---------.------------------G--------------    547
HPV55        ---AC-A-CGT-----GGTAGC-A-C--T-.-------.-------------A-------------------    532
HPV13        G--C-T----.--A--TACT-------GCC-G----GT.-----------C---------------------    549

GroupA11.con AAATTGCTTTTAATCACATACTTGTACTATGTAAACAGTGTACCTTGGCAGAACATTGTATTTTACATGCCA    603
HPV34        ------------------------------------------------------------------------    603
```

```
SuperE.con   GTAGGTGTGTACTCTTTTCAAGAATTAACAAAGGAGATTTCTCCCGCCAAATTAGTTTCGAGCGACCGAATT    652

GroupE1.con  GTAGGTGTGTACTCTTTTCAAGAATTAACAAAGGAGATTTCTCCCGCCAAATTAGTTTCGAGCGACCGAATT    589
HPV1a        ------------------------------------------------------------------------    843
```

```
SuperA.con   ??????????????????????????????????a??????????????????????????????????????????????    288
HPV54        GTCTGTACAACAGTGACTAATTCAGGAA.......................................................    608

GroupA1.con  ..........TCA????T?A?A?A?????????TA???A?T???T???T???AT??A??TG?CA........    307
HPV32        ..........---TGCC-T-T-T-ACTAAGTAT--GTC-C-GAC-GCA-CTA--TA-AC--T--........    528
HPV42        ..........---CTGT-G-C-C-TTACTCATA--TAT-A-TTG-TTT-AAC--GC-GG--G--........    537

GroupA2.con  ........................................????????????????CCAaGACAC........    595
HPV3         ............................................................---------------    495
HPV28        ............................................................---------------    637
HPV10        ............................................................---------------    514
HPV29        ......................................CCTTAACAATGTGTTT---T------------    520

GroupA3.con  AAGCCGATCCGGTCGCTCCCTATGTCTCA........................................    689
HPV61        ----------------------------......................................    689

GroupA4.con  ......................TTTCaCTTGCCAAcTTGtCTTGCCGCGCATTCCAAGAAACAC........    535
HPV2a        ......................-----------------C------------------------.........    550
HPV27        ......................-------------------------------------------.........    578
HPV57        ......................----C--------G------------------------------.........    591

GroupA5.con  C?A??T??????C???T??T?????????C?TA?T?A?A??CAGGTGTG??????????????????...    246
HPV26        -T-TG-GTCTGA-ACA-AC-GTTGTAACC-A--G-T-A-CA--------TATGTA..................    708
HPV51        -A-GT-TCTATC-TAC-TA-AAA..CCAT-T--C-C-T-TG--------CTACACAAATGTGTTACCTA...    724

GroupA6.con  .....??????????AgTATcTGTcTtG?AAAc?A?GT????a?aca?TTACTCATtttcca?A........    577
HPV30        ................-C---G-------T---GC-G--GTGT-A-ACC--------A-C---C........    653
HPV53        ..............-----------A-T----C-G--GTG.CAC-TA--------GCA--GC........    659
HPV56        .....AGTATCTGTC---------T---C----.-T--AAC.-T---A-----------TT-A........    707
HPV66        ..............-------------C---T.-T--AACC-T-T-C-----------A--A........    625

GroupA7.con  AaTgTGTCt??tagT?aaagt?Ataa??aagTGACTaAt?t?t??at?aatagttTatGCA...........    541
HPV18        -T-C-----ACCCT-A-C-TGA-CT-TA-TA-------GC-G-GC--AC------------...........    685
HPV45        ---C-----AC-T--T-C-TAA-CT-TA--C-----C-CT-A-AC--AC------------...........    670
HPV39        ---------TAC---AT----T---C..-----------G-AGCACAC-------------...........    637
HPV68ME180   ---------TG----GT----T---C...-----------ACCACATCC-TA-A---G----...........    671
HPV70        --------GTT-G--GC----T---T.TTT---------A-T-TT-CAG-CC.-G-G----...........    764
HPV59        ---------ATA-T-T-TT--A-A--AC..A-------GG-T-TTG-C-T-G..---A---...........    677

GroupA8.con  ................................?A?TACA?ATTACTCATGGT?CACACCTGC??........    394
HPV7         ................................A-A----C------------A---------AA........    669
HPV40        ................................T-G----T------------G---------GG........    570

GroupA9.con  cta???c?t??aaaagt?a?taacta?act?Tta?tca??????????????????????????????ccag    551
HPV16        ---AATGTCACCCT---TCA--CA-GA---G-GTAAAGGTTAGTCATACATTGTTCATTTGTAAAACTG--C    689
HPV35h       -ACCAC-C-AC-C-TCCTGCC----TT-AGT-A-AA--TGCATGTAAAACATTACTCACTGTATTACA-ATT    688
HPV31        G-TGTGTCATGC-TTA-A-A---G-TGTA-G---C---TATAATTAATTGCATATAGGTATTAC........    801
HPV52        AATATGTC-TGT---ACATGATTAA-T---G---C---.................................----    729
HPV33        ---TGC-T-GT------G-G-C----CCTGT---T-A..................................----    762
HPV58        ---TGT-T-GT------G-C-C----.--AT---T-G..................................----    630

GroupA10.con TAcTgTt?g?T?tAt?????????AAAATGAGTAACCTAAGGTCACACACCTGCa?................    446
HPV6b        -------T-G-A--CAATAACATA-----------------------------G.................    569
HPV11        --G-A-ATTA-GC-CAATACCCAC-------------------------------.................    613
HPV44        -------G-T-T---........-------------------------------G.................    593
HPV55        -------A-T-T---........-------------------------------.................    578
HPV13        --A----ACA-G---........-------------------------------A.................    596

GroupA11.con GGTAATTGTTGA...............AAACTGACTAAGCAGTGCTTACTCATTTTGC..............    646
HPV34        ------------.............-----------------------------------.............    646
```

```
SuperE.con   CGGTCGTAAAAATCTAAAGTGATGATTGTTGTTGTTAACTACCATCATTCATTATTCTAGTTACAACAAGAA    724

GroupE1.con  CGGTCGTAAAAATCTAAAGTGATGATTGTTGTTGTTAACTACCATCATTCATTATTCTAGTTACAACAAGAA    661
HPV1a        ------------------------------------------------------------------------    915
```

LCR Nucleotide Alignment

```
SuperA.con   ??????????????accg?tttcggttg??????????t??????????????????????????????????????    302
HPV54        ..............----A---------CTCACCCATTATCT..............................    636

GroupA1.con  ..............ACCGAAA?CGGT?CATAAATCCT??CTT?TT...........................    333
HPV32        ..............-------T----G----------AA---G--...........................    559
HPV42        ..............-------C----A----------.T---A--...........................    567

GroupA2.con  ..............ACCTAATCCGGTCGCTGCTTGCTTTCTAgCc?TAAtT?AtGCAGtTGCtACACgTttC    651
HPV3         ..............--------------------------------A-----T-----------------C-    553
HPV28        ..............--------------------------------A---A-T-A-----------------    695
HPV10        ..............------------------------------TT-----A----------------C--    572
HPV29        ..............-----------------------------A--T-----A------C---C----C-G--    578

GroupA3.con  ..............................................................................    689
HPV61        ..............................................................................    689

GroupA4.con  ..............ACCTATTCCGGTCGCAATgTCTACTATGT??...........................    564
HPV2a        ..............-----------------------------GT...........................    581
HPV27        ..............-----------------------------..............................    607
HPV57        ..............------------------C---------..............................    620

GroupA5.con  ..............ACCGA??TGTGTT?TG???ATGC?TGCAA??T..........................    269
HPV26        ..............-----AA------T--TTA----A-----GT-...........................    740
HPV51        ..............-----TT------C--CCT----T-----CA-...........................    756

GroupA6.con  ..............ACCGtTTACGGT??TGCa??AACAgG??TtT?..........................    602
HPV30        ..............----G-------TT----GC----A-TT-A-T...........................    685
HPV53        ..............------------TT----GC------CC---T...........................    691
HPV56        ..............------------CG----AA------..---C...........................    737
HPV66        ..............------------CG---TAA------..---C...........................    655

GroupA7.con  ..............aCCGAAAtAGGTtGGGCa?cacatacctatac?.........................    572
HPV18        ..............------------------G-------.-----...........................    716
HPV45        ..............-------A---------C.-TATA--AC----C.........................    702
HPV39        ..............------------------.T------------...........................    668
HPV68ME180   ..............------------------.--------A----...........................    702
HPV70        ..............C-----------------.G----T------...........................    795
HPV59        ..............-------A----C-----AGTACATG-ACACT...........................    709

GroupA8.con  ..............ACCGCTTTCGGTTGCTACA?GTTTTATTACT...........................    424
HPV7         ..............------------------C-----------...........................    700
HPV40        ..............------------------T-----------...........................    601

GroupA9.con  gtgtg?acta????accGttTtcggt?acattgttcaaa?caa?tt??????????................    589
HPV16        A--G-TGTGTGCAA--------G---T---CAT--AC--G---C--...........................    735
HPV35h       --TATATGC-CACAGGT--G-C-AACCGAT---GATT-CAGTTT-ATAAGCATTTC................    744
HPV31        .............------------T---G-T--AC--G---T-G..........................    833
HPV52        -----C----CACG----G--A----T--CG-ACC--C-A-C-C--T........................    776
HPV33        -----G----...--------A---C-T----G---T.TT-TAA-CT........................    805
HPV58        -----G----...--------G---C----------TGTTTCAACAT........................    674

GroupA10.con ..............ACCGGTaTCGGTTaa?aCACACCCT?tAtAtT.........................    476
HPV6b        ..............------T-------.TC--------AC-----...........................    600
HPV11        ..............------T-------.CC--------AC-----...........................    644
HPV44        ..............-------------G-C---------G--C-C-...........................    625
HPV55        ..............-------------G-A---------G--C---...........................    610
HPV13        ..............---------------A---------C----G-...........................    628

GroupA11.con ..............ACCTGGACTGTTAAACCGTTTTGGATCACACAGTGTACCAACCCTT............    692
HPV34        ..............------------------------------------------------............    692

SuperE.con   CCTAGGAGTTATATGCCAGAAGTAAGCCTATAAAATACACAGGTAAGACTCTGCACAGGACCAG             788

GroupE1.con  CCTAGGAGTTATATGCCAGAAGTAAGCCTATAAAATACACAGGTAAGACTCTGCACAGGACCAG             725
HPV1a        ------------------------------------------------------------------             979
```

```
                                                        Sp-1 bind        E2 bind ->
                 ->    E1 binding site     <-                -> <- ->E2 bind <-
SuperA.con   ????tt?ttaTtat?ataattacaAtc?ta????tttaaaaaatagGgaGtaACCGAaaacGGTt??cgA    360
HPV54        ....--T----C--T--T-T-A--T-CAACCATGAT--AT----TA------GG-------------..-A-    702

GroupA1.con  ....CT?TT?TTATTATAAA?TA?AATC?T?G???T?T?AAAAA??AGGGAG?AACCGA??TCGGTT..?AA    382
HPV32        ....--G--G----------G--T----T-T-AAT-A-A-----GT------G------TA------..T--    625
HPV42        ....--T--C----------C--C----C-G-..C-T-G-----TA------T------AT------..C--    631

GroupA2.con  TTTCtAACTATAATTATAAA??AtaAT?tacA...tAAtaAaAAgTAGGGAGggACCGAAaACGGTa..CGA    715
HPV3         --------------------TA-C---GC---...-----------------TA-------------..---    620
HPV28        ----C---------------TA-----GA---...G--GC---------------------------..---    762
HPV10        --------------------CT-----C--G-...C-----T--A---------------T-----G..---    639
HPV29        --------------------CT--C--C-T--...----------------------------------..---    645

GroupA3.con  ....TTCTTTTTATGATAGTTTATAACAATCATATATGTAAAAAGTAGGTTGGCACCGAAAACGGTC..GGA    755
HPV61        ....------------------------------------------------------------------..---    755

GroupA4.con  ....GGTTTATAATaTATAACTATAATCCTTt...?aTttAAAAATAGGGtGTaACCGAAAACGGTC..aGA    626
HPV2a        ....----------G-----------------....-----------------G-------------..---    643
HPV27        ....------------------------------....----------------------------------..C--    669
HPV57        ....----------------------------C...AT-CA----------C----------------..---    683

GroupA5.con  ....T?TTT?T?ATAAC?TTTAACAATTAT?T....?GT?A??A??AGGGTGTAACCGAAAA?GGTT.???A    317
HPV26        ....-C---A-A-----T------------A-......--T-CT-AA----------------C----.GCA-    802
HPV51        ....-T---C-T-----A------------C-....T--A-AA-CT----------------G----.ATG-    819

GroupA6.con  ....TT?TAATT?TTGAAAGTt?CAAtCaTAc....tTTtaTA?At?GGGAGT?ACCGAAAt?GGTTTaggA    659
HPV30        ....--A-----A---------A---G----G.....------G-AA------G--------A-----TCA-    748
HPV53        ....--A-----A--------AA-----C---....-------G-CA------A--------A---------    755
HPV56        ....--T-----G---------T---------....-------T--T------G-------AG------A--    801
HPV66        ....--T-----G---------T---------....---AT--T--T------A--------G---------    719

GroupA7.con  ....TTtTacTTAt?AC?TTTtAcAAt?aTa?...?t?tataAaAAAGGGaGtaACCGAAAACGGTca.?gA    629
HPV18        ....----CA---AT--T---A-----TG--G....-A------------------------------G.G--    779
HPV45        ....----C.---AT--T---A-----T---C....-AC-----------T----------------TG.CA-    764
HPV39        ....----------A--A-----T--GT--CT...TGT-TA----------------------------.G--    732
HPV68ME180   ....----------A--A---------C--TT.....-A--GT-T---------G---------------.T--    765
HPV70        ....----------A--A---------C---A.....T-TA-----------GC---------------.C--    857
HPV59        ....--C-------T--T---------C---G.....TA-----------T----------------T-.A--    771

GroupA8.con  ....TTCTA?TTATTAT???TAA?AATTGTAC.....?GTTA?TAAAGGG?GTAACCGAAAACGGTC..CGA    477
HPV7         ....-----G-------GTT---T--------.....A----C-------C----------------..---    761
HPV40        ....-----C-------TAA---C--------....T----G-------T----------------..---    662

GroupA9.con  ....tTtttaTaATacTaAa?tAtAAT?ata???tttaaAAAAa?tAGGGtGTaACCGAAAacGGTc..gaA    649
HPV16        ....A-A-A-----------C--C---A--TC.A-G--T----CTA----C----------T----T..---    800
HPV35h       ....-------T---G-T-GTA-C---T--CC.C-A--------AC----A--G-------------..-T-    809
HPV31        ....--C--T-T-----T--TA-----A--CTTAG-AT------G-----A--G-------GT---..---    898
HPV52        ....----------TA----T------CT--TAC-AGT------.----------------------..AG-    841
HPV33        ....---A-------G----C------GCC-AGT---------G.----------------G----T..C--    870
HPV58        ....---A------------C------GCC-AATC--GT-----C----------------------..TG-    740

GroupA10.con ....TCCTTaTtATagTTaaTAAcAATcTtag.???TttAaAAAAgA.GGaGGgACCGAAaaCGGTT?.cAA    537
HPV6b        ....-----C--------------------G-....---------T-.-------------------..---    661
HPV11        ....-----C-----C----------------....-----------.-------------------..---    705
HPV44        ....-------C-----------T-----A-C.CTT-AC--------.-----A------TT-----C.---    690
HPV55        ....--------------------T---G-A--...C----G------.------------TT-----C.---    673
HPV13        ....--------A--T---TC-----------A...G---------T-.--T----------------T.T--    691

GroupA11.con ....TTATAATTATAAAAAACTATAATCCTAC....TATAAAATATAGGGTGTAACCGAAAACGGTTG.CAA    755
HPV34        ....------------------------------....---------------------------------.---    755
```

LCR Nucleotide Alignment

```
                                signal
                 E2 bind <-   ->    <-
SuperA.con   CCgAaaacGGT?catATAaAaa??a??c???a?a???????a??????c??a???CATTGTAAGGTGCGGT     404
HPV54        ------C----A---------GCGGTTGTAG-A-ACAGTTATTTGGGGGCA                       753

GroupA1.con  CCGAAA?CGGT?CATATATAAACCACCC???G?AGTGGTCC??GTTAAGGCAGA                     428
HPV32        ------A----G----------------TGG-C--------TT-----------                     679
HPV42        ------C----A----------------AAA-T--------CA-----------                     685

GroupA2.con  CCGAATGGGGTACATATAAAAagAggcccata?tgc?TGgCAGAAGCtCA                         763
HPV3         ---------------------G-----A----A---                                      656
HPV28        --------------------------TT-C-T--AA-------------                           812
HPV10        ---------------------CA------G--GCATC--.--------                           686
HPV29        ------------------------CAT-AC-GCA--G----------C                           693

GroupA3.con  CCGACCTGGGTACATATATAAAGAAACCGTAGGGTCAGCAAAGCACACTCATCT                     809
HPV61        ---------------------------------------------------------                  809

GroupA4.con  CCGAAatCGGTcG.TATAaAAACAGgAGCaggATGTACAAGGGCAGGG                           673
HPV2a        -----T-----T-.----T------A------                                           674
HPV27        -------------.------------------                                          700
HPV57        ------A------.---------------GCC----------------                           730

GroupA5.con  CCGAAA?CGGT?CATATAAAAGT??A??G?TA??????T??AA?A???C?                          347
HPV26        ------C----A-----------AA-AG-C--GCTACG-GC--A-CAG-T                         852
HPV51        ------A----G-----------GC-GT-G--AAAGTA-AG--G-ACA-C                         869

GroupA6.con  CCGAAAACGGTACATATAAAAG?????tt?tta????t?a?gatAtCC                           695
HPV30        ----------------------CACTG-ACCA-ACGGAC-GTG--C--                           796
HPV53        ----------------------CACTG-GTAC-ACACCC-G--C----                           803
HPV56        ----------------------GCAGC--A--CTGTG-GGAC------                           849
HPV66        ----------------------GCAGCC-G--GTGCC-GTA-------                           767

GroupA7.con  CCgAAAaCGGTGtATATAAAagctgt??aaA??ag?tg?ccataccgGA                          672
HPV18        ---------------------A---GAG--AC-CACCA-A----T                               825
HPV45        --A---------C-----------T-GTGG-AA--TGCATT-C-GG                              810
HPV39        ------T-----G--------CGCAGTC-C-GTTTC--T--------                              779
HPV68ME180   --------------------G.---AAC-C-GC--T--T-T-----A                              811
HPV70        ---------------------C-ATGCA---GTT-C-TG--CATA----                           906
HPV59        ------------C-------G-TA--TG---AG-AAA-GG--ACGGC                              818

GroupA8.con  CCGAAA?CGGTACATATAAA??CCAACCCAAAAAACCTG?T?TGGGGCCA?T                       523
HPV7         ------A-------------AA-----------------A-C--------C-                          813
HPV40        ------G-------------TT-----------------C-T--------G-                          714

GroupA9.con  CCGAAA?CGGT??atATAtAaAGcAgAcatttt???gta?gca?ctgcag??ct?CATTGTAAGGTGCGGT     709
HPV16        ------C----TAG----.--------------                                           832
HPV35h       ------A----TGCC---.--------AG-GCACAAAA-A---GAA-TG-ACAGA----------------     879
HPV31        ------A----TGG-----------C-T-G-A-TTT--GCAA-C--A---ACGCC                     953
HPV52        ------C----GT-------T--A-C---G-G-AGCTA-C---CGGC-                            889
HPV33        ------A----GC------------A-------GCA---A-GTA-----CGA--                       924
HPV58        ------C----GC---------------------TTG---G--TA------GA--                       794

GroupA10.con CCGAAAACGGTt.aTATAtAAACCAGCCCaAAAAtT?AGCAagCGgGGCATa                        587
HPV6b        ------------.G---------------T------T-----A--A-----T                         712
HPV11        ------------.---------------------A-T----GA--A-----T                         756
HPV44        ------------.-----A-----------------A---------------                         741
HPV55        ------------.-----A-----------------A---------------                         724
HPV13        -----------G.-----------------------G---------------                         742

GroupA11.con CCGATATCGGTGCATATATAAGTGCTGCAGTACACTGCTGGACAGATTGGGAA                       808
HPV34        ----------------------------------------------------                        808
```