

E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alingments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments
E5 Alignments

E5 SuperGroup A Markov Protein Alignment

most-likely	MI.NIP.....IVFTT...TV.....F	13
HPV42	TV..-GLQY.....CDST..TCG--..GQ.....K	19
HPV61	T-.-N-GRACVFD.RWMVYDT..PAAY-...FL.....A	27
HPV26	HT.Y--.....VII-P-IV...Y-	16
HPV51	LYRH-V.....TI.A--II...LL.....-	16
HPV30	LY.-NKRHILLRLLLYIATIV..L.-VS...F.....-	27
HPV66	SP.Y-A.....T-.-D-CVI..C.....-	15
HPV18	-L...S.....LI-.....L.....-	8
HPV45	-L...S.....L--...L.....L.....8	8
HPV39	--...L.....L--...L.....V.....8	8
HPV70	--...A.....L--...L.....V.....8	8
HPV59	--...T.....L--...-.....C.....8	8
HPV16	-T.-LD.....TAS--...LL.....A.....13	13
HPV35h	--.DLT.....ASS-VLLCFL.....L.....16	16
HPV31	--.ELN.....-S-VS..I.....L.....13	13
HPV52	-L...G.....L-.....-.....7	7
HPV33	--...F.....V-.....-.....L.....7	7
HPV58	--...L.....-.....-.....V.....8	8
RhPV1	IV...V.....C.-.-G-Q...WSHFKPVHTLNSIQVLCKANCCCYACKPPPFCFFWLCFCCC-	50
HPV6b-E5a	-E.VV-.....VQ.-AAG-...-S.....T.....15	15
HPV11-E5a	-E.VV-.....VQ.-AAA-...-T.....T.....15	15
HPV44	-E.H--.....-DA-IG.A-S.....T.....15	15
HPV55	-E.H--.....-DG-IG.A-S.....T.....15	15
HPV13	-E.F--.....V..D-S-QA..-S.....K.....15	15
PCPV1	-E.LQV.....VP.VD--AK.A-S.....Q.....17	17
HPV34	--...F.....-.....-.....I.....8	8
most-likely	CLLLCVCA..LCVCL..VPLLLSVL..ISEFSVYASLLVLVLL.....L.W.VVVT.SPL.....59	59
HPV42	L---LFIVVGA--VC..-WIS-QNYPPVWA-CL--Y-T----...S.-.LQ-L.TYF.....69	69
HPV61	F-SFLTكري.FG-F-..CHICRI-.....-HIHAS-.-V.....Y.G.IT-A.P-A.....66	66
HPV26	V-CV--V..-LC--..L----I.....Y-F-AS-L--FC.....F.-F--S-.-YI.....58	58
HPV51	V-C---L..VLC--..L----Q.....Y-F-AA-L-I-C.....F.-F--A-.-Q-.....58	58
HPV30	L-CCF--.....-Y-.....-A.....-LFSTC-L-II-.....F.-F--AS.-YI.....69	69
HPV66	A-CF---.....-HF-.....-A.....-LFT-C-I-II-.....F.-F--A-.-FF.....57	57
HPV18	-FCV-MY...VC-H.....-P-.....CMCA--WV--..FV.....Y.I.--I-.-A.....47	47
HPV45	-FSV-LY...VC-N.....-VQ--.....YVCAF-W---F.....F.I.--I-.----47	47
HPV39	WFGV-IY...IC-N.....-P-.....HVCA-VWII..FV.....F.I.LIR-.T--47	47
HPV70	WFAV-LY...IC-S.....-P-.....HLCA-MW--L.FV.....F.I.--H-.T--47	47
HPV59	-VCV-L...VC-N.....-Q-.....YMCA-TW---FV.....Y.I.--I-.-SY.....47	47
HPV16	-F---F-VL-.....-LIR-.....-T-T--II-.....-.ITAA.-AF.....57	57
HPV35h	-FCVLL-...-LLV..RS-.....-L-SA-IL---I.....-T-A.T--56	56
HPV31	-F---F-VL.-F---VIR--V---.....-T-L-IVI.....-.-IA-.-57	57
HPV52	-FI-LMV...F-AV..R-.....I.....-QV-.....-SIG.-F.....47	47
HPV33	-FI-FL-...-SLL-..R--I--I.....-T-W-.....-F-G.-47	47
HPV58	-FI-FL-...-IF-..R--V--I.....-I--W-.....-S-G.-A.....48	48
RhPV1	--A--FVHL.-SR-FCVF-VC---.....AA--VV-G.-HSEPVCSF.-S-F-L.FFNPVAFDTPACPQCG	112
HPV6b-E5a	FI-PVII-..FV--F..-SII-I-W.....-I--T-V---T--LY..L-L-.LLL-.T--65	65
HPV11-E5a	LI-PV-I-..FA--I..LSIV-II-...-D-V--T-V---T--LY..L-L-.LLL-.T--65	65
HPV44	S--PV-I-..-F--F..-SIV-IIC...-D-I--T-I---T--LY..L-L-.LLL-.A.....65	65
HPV55	S--PV-L-..-F--F..-SIV-IIY...-D-I--T-I---T--LY..M-L-.LLL-.TA.....65	65
HPV13	S--PL-I-..-T--V-..SIITILC.....-L--TNV---T-ILY..V-L-.LLL-.T--65	65
PCPV1	S--PLLI-..-T--F..LSIIILIF..V---LL-S-V---T--LY..L-L-.LLL-.P--67	67
HPV34	LFVFGFY...MCLS..-S-AV-.....C---W--L-III.....T.F.LH-SQ-L-48	48

E5 SuperGroup A Markov Protein Alignment

most-likelyQFFLLYLLFFYIPALLIH.HAIVLTQ..QG1	86
HPV42DY-F-C-IILG--SV-LT.LL-H-A...IQ\$	95
HPV61IHCCS-VNSVPCVCCSFA.IC-P-\$.....	89
HPV26TTYIV-ICL-F--CFL-FYTMVI...AT\$	85
HPV51TT-FV--I---L-C--L-.LYTF-L...LQ\$	84
HPV30TA-TIF-----L--VYA--VW-IN..TQ\$	97
HPV66DT-I-F-----T-C-YC--LW-IN..HL\$	85
HPV18TA-TV-VFC-LL-M--L-.IHAI-S...LQ\$	73
HPV45TA-AV-ICCYLL-MFVL-.MHALH-...IQ\$	73
HPV39EV-FV-----VL-MW-L-.RLAMD..I.\$	72
HPV70-M-CI-----IL-MWFL-.I...-SV..YA\$	71
HPV59EC---I---I--L--LY.AHAI-S...IQ\$	73
HPV16RC-IV-II-V---LF---T--RF-I...T.\$	83
HPV35hRC-CCF-C-L--MGM-NA--QY-A...VQ\$	83
HPV31RC-CI-VV-I---LFV--T--SF-S...-Q\$	84
HPV52KV-F-----L-F-MFC--C--QY-A...LQ\$	75
HPV33KI-FC---L-L-MMC-NF--QHM--..-E\$	75
HPV58RI-FC--I-L--MMC-NF--QY---..-D\$	76
RhPV1	LQQNDVNTAHRHVIIISY-AIVAVNIYFVL---VG.A-FKA-SRART\$	157
HPV6b-E5a-T--VC-C---Y--.YY--T...-Q\$	91
HPV11-E5a-T-CVC-F--FY--.IY--Q...-Q\$	91
HPV44-Y--T-CVCFF--WY--.FH--H--..-E\$	92
HPV55-YV-T-CVCFF--WYL-.FY--H...-E\$	91
HPV13-Y--T-SLCFL--CV-.QY-LQ...-E\$	91
PCPV1-T-SLCFL--FC--.QY-LQ--..-Q\$	94
HPV34KVYI--VCV---MA-V-.YHAT-Q...VT\$	74

E5 SuperGroups B-E Protein Alignment

		hydrophilic domain which can induce DNA synthesis in quiescent cells for BPV1	
		-> <-	
	hydrophobic region mediates membrane		
	-> localization in BPV1 <-		
		Cysteines which may be involved in dimer formation for BPV1	
		* *	
SuperC.con	M??gllLFLGLvfa?QLlLLvFlLFFfLVwDqFgC?C?g???		35
GroupC1.con	MPNLWFLFLGLVAAMQLLLLLLFLFLVWHDHFCSCSTGLPF		44
BPV1	-----		44
BPV2	-----		44
GroupC2.con	MnhpGLfLFLGLtFgvQLlLLVfLlFFfLVWwDQFGCrCenf?l		43
EEPv	-TY.--L-----L--M-----MQ-		43
RPV	-----A-----DG-I-		44
DPV	-----V-----I----F-----K----HM		44
<hr/>			
SuperD.con	QTVPPiFQRPGPAaEGAVVFAIAITVTITiAYEGAALQWTRHAATESRETPGRKTKGHPRTGTMPWNTDSAN		73
BPV4	-----		73
<hr/>			
		L2 start for CRPV, HPV41 ->	
		<- E2 end for CRPV <- E2 end for HPV41	
SuperE.con	?????????sa?????ahtqk?????q?Llgk??n?l?????fi?hakl?????l?????		22
HPV41	MKQKEK-SSNLSRFLKTLGCF-----SCDLCIiK-C----GL-A-ILNNC-R---QRGAIVHPML-		66
CRPV	MGFSDVYACNPFp--AFVTQRFFVPiNL-----.....VSW-H-HENAG-HHKT--Q---LAIAQ-TYRI		66
GroupE1.con	SLQHCNKCIAYVENALPPKIYTPHAKYQTPAHLTFKIKLSiQQLLiKYNMAVWEFFWEVWALEQPEALEEEL		73
HPV1a	-----		73
<hr/>			
E5b.con	M?MLTC??NDGDTWL?LWL??AF?V??LGLLL?HYRAV?G??TKC?KC??????DYV?M????GDY?YM		43
HPV6b-E5b	M----QF-----G---LC--I-GM-----M-----Q-DKH---K--NKHNCND.---T-HYTtD---I--		71
HPV11-E5b	-V----HL-----F---FT--V-AV-----L-----H-TEK---A--KSNRNTTV---Y-SHGDN---V--		73
<hr/>			
SuperD.con	S		74
BPV4	-		74
<hr/>			
SuperE.con	n???k?????????SLEDLESVVPEVLGVD		40
HPV41	-AMS-LHLLiVY		78
CRPV	-LKT-QLQIKFCSMAALVf-----		101
GroupE1.con	VILPSVRVVGLELLLvQLQ		92
HPV1a	-----		92
<hr/>			
E5b.con	N		44
HPV6b-E5b	-		72
HPV11-E5b	-		74

E5 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

* coordinate 3850 in HPV16R
 <- E2 end in HPV16R

most-likely	ATGATAA.ATATACCT.....ATTGTTTTTACAA	28
HPV42	-CAG-T...---GGACTTCAATACTGTGACTCCACAACGTGGGACAACCGGCCAGAA-C--C-GC-TTT-	69
HPV61	-CC----C-AT---GGACGAGCTTGTGTGTTTGTAT..AGATGGATGGTGTACGATACTCC--C-GC-TAT-	70
HPV26	CAC-CCT.-----GTAAT.....CATT---CC-----T-G	37
HPV51	T--TAT-G-C---TTGTAAC.....CATTGCA--G---TT-	37
HPV30	T-ATAC-.C-ACAAACGCCATATTTTGTCTGTACGC..CTGTTATATATTGCAACCATTG--T-A--GTT-	70
HPV66	TC-CC-T.----TG-AAC.....C---A---TGTG	31
HPV18	---T--.....T-A.....C-A-----	18
HPV45	---C--.....T--.....T-A--G-----	18
HPV39	-----TTA.....T-G--A-----	18
HPV70	----T.....G-A.....T-G--G-----	18
HPV59	-----A-C.....C---A-----	18
HPV16	---C--C-TGA.....C--CA-CC---	28
HPV35h	-----G.-CC-TA-AGCTTC.....CAGT-C--G-G-TG	36
HPV31	----TG.-AC-AA-.....C---G	25
HPV52	---T--.....GGA.....T-A.....	15
HPV33	-----TT-.....G-----	15
HPV58	-----T-----	18
RhPV1	--TG-GG.T.G-G-A-TGGCACACAGTGGTCT.....CATTTCAGCCTGTAC--ACA--GA--G	59
HPV6b-E5a	---GA-G.TGG-G--GTA.....CAA--A-C-GCAGG--	34
HPV11-E5a	---GAGG.TAG-G--GTA.....CAA---C-GCAG---	34
HPV44	---GA-C.-C-----A-A-GC--T	28
HPV55	---GA-C.-----A-A-GG--T	28
HPV13	---GA-T.T-----G-G-A-G--GT	28
PCPV1	---GA-T.TACAGGT-GTA.....CCTG-A-A-----TG	34
HPV34	-----C.....TTT-----A-----	18
most-likely	TA.....TCTGTG.....TTTTGGTTTTTTTC	49
HPV42	-T.....G.-T-A.....-AG-T---GG-G-	89
HPV61	CT.....-T-C--.....GC--TCC-A-C-T	91
HPV26	-T.....-A-----GT-C---GCG	58
HPV51	-T.....-TGC-A.....GT-C---GCT	58
HPV30	GT.....-T-----T-C---GCT	91
HPV66	--AT...T-G-----GC-C---GCT	55
HPV18T-A.....C---G-G	34
HPV45T-A.....G--C---C-G	34
HPV39T-----G-G-----GG-G	34
HPV70T-----G-G-----GC-G	34
HPV59-----G---TG---G-G	34
HPV16	C.....-TAC--.....GCG--C---G-	49
HPV35h	-GC.....-T-T-----G--C---G-G	58
HPV31	--AG...CAT-----C-A--C---G-	49
HPV52-A-----T--A--T	31
HPV33-A-----A--T--A--AT	31
HPV58-T-----G---T--A-A-	34
RhPV1	--.....-CAG-TACTGTGTAAAGCCAATTGTTGTCTGTACGCTTGTAACCGCCACCA--CT-C-G---	126
HPV6b-E5a	C.....A-CAGC.....ACA-TCA-AC-G-	55
HPV11-E5a	C.....A--ACA.....ACA-T-A-A--G-	55
HPV44	--GGGGCAA-CAGC.....ACA-CA--AC-G-	55
HPV55	--GGGGCAA-CAGC.....ACA-CA--AC-G-	55
HPV13	C-CAGGCAA-CAGC.....AAG-CA--AC-G-	55
PCPV1	C-AAAGCAA-CAGT.....CAA-CA--G--G-	61
HPV34-A-----A--T---G-CT	34

E5 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

GT repeat for HPV51 and HPV26		
	->	<-
most-likely	TGTTTTATGT.....TTGTTTGTGTTT.....GTTCGGCTTTTGCTATCTGTT.....	96
HPV42	GTG-G-G-...G--G--GA-TAG--...TACAAAA--A-C-ATATCC-GTA.....	138
HPV61	-CC-CACTAAGCGC...A-T---G-GT---...C-GTGC-A-A-ATGTAGGA--.....	141
HPV26	---G-G-G---GTG...--C-GTG-----G.....T-G-A-----T-CA-----	108
HPV51	---G-G-G---CTT...G---GTG-----G.....T-G---AC---G---CCAA.....	108
HPV30	GT--G-G-C.....C--G--C--CC-ATA...T-G-----G---CC.....	141
HPV66	-T-G-G-T---...C--G--G--CCA-TT...T-C-----CA.....	105
HPV18	-A-GCA-G-A-.....G-GTGC--CCA-.....-C-----C-----C.....	78
HPV45	---GCC-T-A-.....G-GTGC--CAA-.....-C-----G--AG---C.....	78
HPV39	---G-A---A-.....A-ATG--CAA-.....-C-----CG---G.....	78
HPV70	-A-GC---A-.....A-ATG--CAG-.....-C-----CG---G.....	78
HPV59	-T-GC--G-.....G-GTG--CAA-.....-C-----C---A---C.....	78
HPV16	-T-GC--T---GTGCTT---G--C--CC-ATTAATACG-----GC-TT-G---G.....	108
HPV35h	-C---G-C.....G-C-GCT-G-A.....CG-T---A-----G.....	105
HPV31	-T-GC--T---GTGCTAC-A-----G--C--GTCATACG--A--G---G---G.....	108
HPV52	--C--A--GGTG.....-T-G--CAGTGC--...AGG---C-----A-A.....	78
HPV33	-----C.....-A-CCT-A-TA--A.....CG--TT-AA-A--T-CA-----	78
HPV58	-----GCA---T---G.....CGG--AT-GG-----A-----	81
RhPV1	--G-G-G-T-.....-C-GC-G-T--G.....C-GGC--G--T-T-G--CACTTGTGAGTCGCT	187
HPV6b-E5a	CTG-A--AT-GCA...-TG---A-----AGCA-CA-A--TAT--ATGGAT.....	110
HPV11-E5a	CTG--G-TAT-GCA...-TGCA--A--A-----C--AGTA--G-A--TATAA-ATTAAT.....	110
HPV44	CAG--G--AT-GCC...C-----A-C-----AGCA--G-AT--AT-A--TGAT.....	110
HPV55	CAG--G--CT-GCC...C-----A-----AGCA--G-AT--AT-A--TACAT.....	110
HPV13	CAC--G--AT-GCA...C-TACA--G--G-A.....-AGCA--A-AAC-ATAT-GTGCAT.....	110
PCPV1	CAC-A--AT-GCT...C-TAC--A-----C-CAGTA--A-AA--CT-A-ATTTGT.....	116
HPV34	-TGGC--T-A-.....A-GTGCTG-C-.....GT-----GCAG-G-----G.....	78
most-likelyGATTTGTCTGTGTATGCATCGTTACTAGTACTAATTTTACTT.....TTT..TGG...GT	146
HPV42TGGGCC---TGCCT---TAGC-AC---AC-T-GG-GC--T-A.....-CA...T-	188
HPV61GT---C--AT-CATGC-AGT--T...G-GG--...-A...G-A...A-	179
HPV26-A-----T---G-C-CG--T--T-G-G--TTG-.....-TTT--	155
HPV51-AC---T---G-TGCCT--T--T-----TG-.....-TTT--	155
HPV30-GT---T-T-TA-C-GTT-T---T-AA--T-G-.....-TTT--	188
HPV66-T-A-T-A--AGT-GT--TA-----A-TT-A.....-TTT--	152
HPV18TG-A--G-C-----G-G--T-G--...T-G-G.....-A...ATT...-	122
HPV45T-G--G--CT-T--T-G--GT-G--G...T--C-T.....-ATA...-	122
HPV39C-G--G--C---TG-G-A--A-T-G...T--G-G.....ATT...C-	122
HPV70C-----G-C---ATG-G-C---TT--...T-G-G.....ATT...-	122
HPV59T-A--G--CA--A--G-----T-G-G.....-A...ATT...-	122
HPV16-ACA--CA---A--A--T-GG-A---A.....-G...A-	152
HPV35h-AT-A-CT--G-A--A--T---GG---A-A.....C-G...-	149
HPV31-G-A-----A-AC---T--T---G-GA--...-A...-	152
HPV52-G-----GCA-G-GT-G--G--GG-GC-TT-G.....C-A...-	122
HPV33-ACC---T-G--G--G--GT-GG-A--G--G.....C...-	122
HPV58-A-A-----T-G--G--G--GT-GG-G--G--G.....C...-	125
RhPV1	GCTTCT-TG--T-TCCG-----C--AG-GT-GC-G--T--GC-GT-G.....-C...-	243
HPV6b-E5a	..ATCT--G--TAT-----CA---TG-G-----CAC-G---TTATATTACTA--G...C-	176
HPV11-E5a	..ATCT-----TGTA--A--A---TG-G--G-----CAC-T---TTATA..TTTGC---TG---C-	176
HPV44	..TTCT-----TATA-----CA---TA--T-G-----CC-----GCTATATCTGTTAC--...C-	176
HPV55	..TTCT-----TATA-----CA---TA--T-G-----CC-----GCTATATATGTTAC--...C-	176
HPV13	..ATCA--G--C-TG-----CA--AACG-TT-----CA--A--TTATA..TGTAC---TG---C-	176
PCPV1	..ATCT--G--TCTAC-A---T---TG-T-----CC-----TTATATCTGTTG--G...C-	182
HPV34-G--T-----G---T-GC-TT-G--A--A-----AC...TT...T-	122

E5 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	TTTTGTAAACA...TCCCCATTA.....	165
HPV42	GCAG---CT-...A-ATAC--T.....	207
HPV61	AAC---GG-G...C-A---GCC.....	198
HPV26	GG-ATCT---...--ATATA--.....	174
HPV51	-G---C---...--A---.....	174
HPV30	-G---C-T-G...--TACA-T.....	207
HPV66	-G-G-CT---...--ATTT--T.....	171
HPV18	GG-AA---G...--TGCC.....	141
HPV45	-G--A-T---...-----.....	141
HPV39	-A-ACGT--C...A-A----G.....	141
HPV70	-G-ACAT--C...A-A----G.....	141
HPV59	GG--A-C--C...--T---AT.....	141
HPV16	AACA-C-G-C...--TG-G--T.....	171
HPV35h	-AC---G---...A-A--C--.....	168
HPV31	-A---C---C...--T-----.....	171
HPV52	A-C-A-TGGG...--A----T.....	141
HPV33	G----GGG...--T-T---.....	141
HPV58	G-C---GGGG...--GG-TC--.....	144
RhPV1	G-CCA--GTG...AA--G--TGCAGCTTTTGGTCTGTGTTTGTTTTGTTTTAAACCCCGTTGCTTTTGATA	313
HPV6b-E5a	GC-AT-----...A---C--G.....	195
HPV11-E5a	---AT-----...A---T-G.....	195
HPV44	---AC---C...--TG-CC-G.....	195
HPV55	---AC---C...A-TG-CC-G.....	195
HPV13	---AC-----...A-T--C--G.....	195
PcPV1	---AC---T...C---C--G.....	201
HPV34	ACA---GT-CAA---TG--.....	144

GRE for HPV51 ->

most-likelyAA	167
HPV42G-	209
HPV61-T	200
HPV26-C	176
HPV51-C	176
HPV30-C	209
HPV66G-	173
HPV18-C	143
HPV45-C	143
HPV39G-	143
HPV70C-	143
HPV59G-	143
HPV16-G	173
HPV35hCG	170
HPV31CG	173
HPV52--	143
HPV33--	143
HPV58CG	146
RhPV1	CACCTGCATGCCCTCAGTGTGGTTTACAGCAGAATGATGTAAATACTGCACATAGACATGTTATTATCAGTT-	386
HPV6b-E5aC-	197
HPV11-E5aC-	197
HPV44C-	197
HPV55C-	197
HPV13C-	197
PcPV1C-	203
HPV34--	146

E5 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

	GRE for HPV51 <-	
most-likely	ATTTTTTTTTCTATATCTAT.TTTTTTTTTTCTATGTTGTTTATACAT...CATGATATTTTTTAAAC	236
HPV42	C-A-----G-T--A.-CA--C--GG-A-----TCTG-C--AC--ACA...TTACTA--ACA----G-	278
HPV61	-CAC-GC-GCTC---G--AA-AG-G--CCT-G-GT--G-TG-TCG-T-G--A..TATGT--CCCC--G--G.	270
HPV26	TACC-A-A--G-G---A-T-.GC--A----T-A-A---GCT-GT---T-----TTTT--AC-G-AA-GG---T	248
HPV51	TACA-----G-----T-GA.-----C--A---TGT--AC--T-----..-TAT--CA-----CT	245
HPV30	TGCA---AC-A---T-T-GC.-G-----A-A---T-A--AC--G--T--GCC----C-G-G-GG----T	281
HPV66	TAC----A-A--G-T-T-C.-A-----A-A---CAC---G---T--TGC----C-T-G-GG----T	245
HPV18	-GCA--CACAG----G---.---G----TA--G--C-----AC-AT-G---...ATAC--GC-A-A--GT-	212
HPV45	-GCA--GC-G---CA-T.G--GC-A--TAC-A-----TG-AT-----..ATGC--GC--ACAC--	212
HPV39	GG-G-----G-----T-C.-A-----GTA--G--C-----G--GT-G---..AGACTGGCAA-GGAT-T	212
HPV70	-A-G----G-A-----T-C.-A-----ATA--G-----G---T---C...ATCCT-TCAG-A-ATG-	212
HPV59	G-G-----A-----A---.G-----ATAA---AC---AC-AC--T---.GCCC--GCAA-AC-GT-	212
HPV16	G-G---A-G---A-TA.-A---G---A-A--AT-A--T-A-----..ACAC--GCACGC--TTT	242
HPV35h	T-GC---G-TGT-T---T.GC---G---A-A---GGAA-G--TA-CGCT---CACAA-A---GG-	242
HPV31	T-G---G-A---G-TG.-G---A-A---A--AT-A--TG-A-T---ACA---CATC-----G	245
HPV52	-G-G-----T-G--C--C.-G---A-----A-----T-G--T--CTGT---CACAG-A---GG-	215
HPV33	-A-----TGC---T-G.-G---A---A--A--A--G--TA--TTT---CACAGCA-A-G--	215
HPV58	-A-----CTGT--CT--A.-A---A---A-A--A--A--G--TA--TTT---CACAA-AC---	218
RhPV1	T--GC-A--G-TGC-G-TA.A-A---AC-T-G--TTGGCAC-AC--G-TGG...GC--CGT--AAAGCC--	455
HPV6b-E5a	-----CC-A---AC---C.-G-G-G---C-G---CGCA---A-----C...T-CT---G--ACC--	266
HPV11-E5a	---C-----A---ACA-G.G-G-G-GC-----GCC--T-A-----C...ATAT-C---G-GCA---	266
HPV44	---A---A---ACA-G.G-G-C-GC-T-----GC--G--A-----..TTCC----G-ACAT--	266
HPV55	---A-G-A---ACA-G.G-G-C-GC-T-----GC--G--A-C-----..TTCT---G-ACAT--	266
HPV13	---C-A---A---ACC-G.C-C---GC-T-C-----GC-----G-G---C...-AT-----ACA---	266
PCPV1	G-----A---ACC-G.C--G-GC-T--G--GC---T-G-----..-AT-----GCA---	272
HPV34	-G-A-A-A-AT-----G-G.G-G-G-----A-----GCAC-GG-----..T-CC--GC-ACC--GCA	215
	* coordinate 4101 in HPV16R	
most-likely	A.....CAACAATAA	246
HPV42	-.....AT-----	288
HPV61	270
HPV26	T.....GCTACT--G	258
HPV51	T.....TTG-----	255
HPV30	-AAC.....AC-----	294
HPV66	-AAC.....--TTTG---	258
HPV18	T.....TT--G---	222
HPV45	C.....AT-----	222
HPV39	G.....AT---G	219
HPV70	TTAA.....	216
HPV59	C.....AT-----	222
HPV16	-.....ATTAC---	252
HPV35h	-.....GT---G---	252
HPV31	T.....---G---	255
HPV52	-CAA.....-TG-----	228
HPV33	-CAA.....--G-G---	228
HPV58	CCAA.....--G-C---	231
RhPV1	CAGCAGGGCG-GCACG---	474
HPV6b-E5a	-.....--G---G-	276
HPV11-E5a	G.....-----	276
HPV44	-CAA.....--G-----	279
HPV55	-.....--G-----	276
HPV13	-.....--G-----	276
PCPV1	TCAG.....-----	285
HPV34	-.....GT-AC---	225

E5 SuperGroups B-E Nucleotide Alignment

SuperC.con	ATGac??Atc??gGgtTtcT?tTGTtTcTGGGACT?gt?ttTGcA?TgCAacTGcTgcTatTagT?TTt?T?c	62
GroupC1.con	ATGCC?AATCTATGGTTTCTATTGTTCTTGGGACTAGTTGCTGCAATGCAACTGCTGCT?TTACTGTT??T?C	68
BPV1	-----A-----A-----CT-A-	73
BPV2	-----G-----G-----TC-G-	73
GroupC2.con	ATGAaccAtcc?GGtcTgtTtcTGTtTCTGGGACTcaccTTTGgAgTaCAgcTG?TacTAcTtGTaTTT?T?t	69
EEPV	----CAT-C...--T--C--T-----G-----A-----C-----A-G-----C--C-GC	70
RPV	-----G-----T--C-----C-----A--T--T-----T-A-	73
DPV	-----T--G-----GGT-----G--T--C---GT-A-----A-T-	73

SuperD.con	CAGACCGTCCCCCGATCTTCCAGAGACGCCCGGGCCGGCAGCAGAGGGCGCAGTCGTCTTCGCGATCGCGA	73
BPV4	-----	73

E2 end for CRPV <-

SuperE.con	A????????T?????A????a???ac?aagt??aAa??gC??c???tctaacga?At?t?t??t??a?	30
HPV41	ATG-AAC-AA---AGA---GTT-CT-AAA---GT-A-G--TCC-AAAAAC-T	52
CRPV	-TGGGCTTTAG-GACGTGT-TGCATGTA--CC-T-CCC-TCA--AG-TTT-G-----CA-CG-T-TTT-GT-C	73
GroupE1.con	AGCTTGCAACATTGTAACAAATGTATCGCCTACGTAGAAAACGCCTGCCCCCAAGATATATACCCCTCATG	73
HPV1a	-----	73

E5b.con	ATG?TGATG?TAAC?TGTCa?TT?AATGATGG?GATAC?TGG?TG??T?TGTGGTTGTT??TGC?TTT?TTG	57
HPV6b-E5b	A-----C---A---A---T-----A---C---C---GG-T-----ATG---C---A---	70
HPV11-E5b	---G---T---C---C---A-----T---A---T---TT-C-----TAC---A---G---	73

SuperC.con	TgtTtTTtTtTcTtGTaTggTGGGAtCAgTTTGggTGc??TGTgaaggt?Tgc?ctTgTAA	119
GroupC1.con	T??T?TTTT??T?GTATACTGGGATCATTTTGAGTGCTCCTGTACAGGTCTGCCCTTTTAA	124
BPV1	-CT-G-----TC-T-----	135
BPV2	-GC-A-----CT-G-----	135
GroupC2.con	TGTTTTTcTtTcTtGTaTGGTGGGAtCAGTTTGgGgTGtcgGTGTGAAaactT?ca??TGTA	128
EEPV	-----C-----C-----C---C--T-----A-G--GT----	132
RPV	-----T-----G-----TGGT--TATAC-----	135
DPV	-----CT-----AA-----C--CA-----	135

SuperD.con	TCACGGTCACGATCACGATCGCCTACGAAGGGCCGCACTCCAGTGGACGAGACACGCGGCTACCGAGTCCCG	146
BPV4	-----	146

E2 end for HPV41 <- -> L2 start for CRPV, HPV41

SuperE.con	caa?ataTct?gCaCataCgCA?aaga??t??a??t????t?a??atacaAtg?TTGct?gg?Aaga?t?	80
HPV41	TGGGC-G-T-C--G--C-----G--A-GC-GTG-CC-GTGA-C-TT-A-----C-----A--C---GG-T	125
CRPV	---T-A---T-----A---.....G-GTC---G---AC--TC-C---AAA	125
GroupE1.con	CAAAATATCAAACACCTGCCACCTGACATTCAAAATAAAATTGAGCATAACAACAATTGCTGATAAAATATTG	146
HPV1a	-----	146

E5b.con	TAG??T??T?GG?TT?TT?TT??T?CA?TA?AG?GCTGTACA?GG??T?AA?A?AC?AAATGT??AAGTG	104
HPV6b-E5b	---GGA-GT-G--G--A--A--GA-G--C--T--A-----A--GGA-A--C-C--C-----AAG-----	143
HPV11-E5b	---CTG-AC-T--A--G--G--AC-A--T--C--G-----T--TAC-G--A-A--T-----GCT-----	146

SuperD.con	GGAGACCCCCGGGAGGAAGACGAAGGGGCACCCCCGAACGGGAACGATGCCCTGGAACACCGACTCCGCCAAC	219
BPV4	-----	219

poly-A signal for HPV41 ->

SuperE.con	caa?g?Gcta?tCc?gaAga??TtTat??aacaTgcaaaattgc?gg?g?c?g??g??Ctg?cg?a???AtTa	132
HPV41	A--C-C---A--T---C-AC-G---AAG-----GCAA-G--G-G-GATT-TC-ACC--ATGTT----	198
CRPV	-GCA-G---GCA--AC---CA-----CC-----T--CAATT-CCCAG---A-AT-CAG-A--	198

E5 SuperGroups B-E Nucleotide Alignment

GroupE1.con	CAATATGGCAGTCTGGGAGTTTTTTTTGGGAGGTTTGGGCATTGGAACAGCCAGAGGCTCTGGAGGAAGAATTG	219
HPV1a	-----	219
<hr/>		
E5b.con	TAA??A?AC??C??TA?T??T??GATTATGT??TATG??AT??T?ATGG?GATTAT?T?TA?ATG	147
HPV6b-E5b	---CAA-C--AA-TG--A-GA-. . .-----AAC----CATT--AC-AC-G---T-----A-A--T---	213
HPV11-E5b	---ATC-A--CG-AA--C-AC-GTG-----GTA----TCAC--GG-GA-A----A-----G-G--C---	219
<hr/>		
SuperD.con	TCCTGA	225
BPV4	-----	225
<hr/>		
poly-A signal for HPV41 <-		
SuperE.con	aat?t?at?accaaacta??gctG?Tga?atTata?t???T????G?C????T????T??TGGAGGACTTGG	179
HPV41	--CGCT--G-G-----CAC---C---T-G---T-AA	237
CRPV	---T-G-AA--A----A-TT--A-A-A-A---C-GCAGTA-GGCA-C-TTGG-GTTT-CT-----	271
<hr/>		
GroupE1.con	GTTATACTCCCCTCGGTGAGGGTGGTGGGGTTAGAGTTGCTACTCGTCCAACCTCCAGTAA	279
HPV1a	-----	279
<hr/>		
E5b.con	AA?TAG	152
HPV6b-E5b	--T---	219
HPV11-E5b	--C---	225
<hr/>		
SuperE.con	AATCAGTAGTGCCGGAGGTTCTGGGGTTCGACTAG	214
CRPV	-----	306