

E6 SuperGroup A Markov Protein Alignment

	16 E6 start ->	cysteine doublet -><-	
most-likely M	ASA.....NPSEPRTLHDLCKELNISLHDLQLLQVFCCKELTTAEVY		44
HPV54PHTDQ----A----VC--PM-S---P-A----TVC---I-		45
HPV32--T.....SA-SQ-S--YQ---DFGLT-RN--IC-IW--NH--S--A-		44
HPV42SGT.....SA-SQ----YQ----FGLT-RN--IS-IW---H--G---L		44
HPV3-V-MS...MDAN.C-KNIFL--RNTG-GFD--R-H-I--T-Q---T-LQ		46
HPV28DD.....Q--KNIFL--RDSG--FD--R-H-I--A-V-----LS		40
HPV10SM.....GAQE--NILL--RNCG-P-E--R-C-I--T-Q--A--LA		42
HPV29SRG.....DGY..-KNIFL--RDSGVPFE--R-Q----T----SP-LA		42
HPV61GP.....CN..-TNIFL---DYEVDFFE--R-T----N----E-LL		40
HPV2aHTRAG..MSEENPC--NIFL---YGLE-E--R---W--RP-SE-DIW		48
HPV27RTRAG..MSEENPC--NIFL---QYGLE-E--R---Y-RRR-SD-D-L		48
HPV57SE.....ENPC--NIFL--R-YGLE-E--RI---Y--RP-SD-D-L		42
HPV26FE.....D-R-----E--ES--TT-QN--VQ--Y--ET-QW-D--		43
HPV51FE.....DKR-----E--EA--V-M-NI-VV--Y-----CR-D--		43
HPV30-FKF....E-TG-----V-H--EVQET--LE--Q--Y-----SSS---		46
HPV53DRQLF..E-TE-----Q--EVV-KP-LE--G-----A--AS---		47
HPV56EPQF....N--Q---S--H-SEV-E-P-I--R-S--Y-----R---		46
HPV66D-IF....S-TQ---S--H-SEV-Q-P-L--R-S--Y-----SL-L-		46
HPV18-RFE....D-TR--YK-P---T--T--Q-IEIT--Y--TV-ELT--F		45
HPV45-RFD....D-KQ--YK-P---T--T--Q-VSIA--Y--AT-ERT---		45
HPV39-RFH....-A--YK-P---TT-DTT-Q-ITIA--Y-RRP-QQT---		45
HPV68ME180-LFH....-E--YK-P---RT-DTT--VTID--Y-RRQ-QRT---		45
HPV70-RFP....-A--YK-P---TA-DTT---ITID--Y--TQ-QQT---		45
HPV59-RFE....D-TQ--YK-P--STT---P---IRIN-----G--QER--F		45
HPV7SA.....RCGSTA--FE--DQC--T-PT--IN-I--NSI-Q---L		43
HPV40SA.....RCGSQA--YE--DQC--T-PT--ID-----TV-K---L		43
HPV43SAR.....SC-QNA--IFE--D-C--T-PT--IG-I---W-L-T--L		44
HPV16HQKRTAMFQD-Q---K-PQ--T--QTTI--I-I-E--Y--QQ-LRR---		50
HPV35hFQ.....D-A--YK-----N-VEE-I-EIC-N--Y--Q--QRS---		43
HPV31FK.....-A---K--E-SSA-E-PYDE-R-N--Y--GQ--ET--L		43
HPV52FE.....D-AT-----E--EV-EE-V-EIR-Q--Q-----QRR---		43
HPV33FQ.....DTE-K-----QA-ETI-NIE-Q--E---P-QRS---		43
HPV58FQ.....DAE-K-----QA-ET-V-EIE-K--E---T-QRS---		43
RhPV1	-KKGVTENGATESGAYKLLKLWFFV-MVDCPGE-N-L---I-E--EQREET--E---E--Y-L---RI---		73
HPV6bE--.....-A-TSAT-IDQ---TF-L-M-T--IN-----NA-----I-		44
HPV11E-K.....DA-TSATSIDQ---TF-L--T--IQ---RNA-----I-		44
HPV44E--.....-A-TSAQSIDQ---C--PM-N--I-----R-T-S-----		44
HPV55E--.....-A-TAAQSIDQ---C--PM-H--I-----R-T-----		44
HPV13E--.....-A-TPAK-IDQ---C-L-M-S--I-----R-T-S-----		44
PCPV1EK.....-A-TSAK-IDQ---C-LCM-S--I-----R-T-S-----		44
HPV34FFP.....-E--YK-PA--E-V---I-EIE-D--Y-ERQ-YRC---		44

E6 SuperGroup A Markov Protein Alignment

```

E7 start for HPV3, HPV10 ->
E7 start for HPV42 ->
cysteine doublet                               cysteine doublet
-><-                                           -><-
most-likely AFAFKDLRVVYRDGFPYAACAKCLLFYSKIREYRHYDYSVYGTTLLEETKKSLLDLLLIRCYRCQKPLCPEEKQ 117
HPV54        --QY--F--W-H--H--L--ELHGQ-NYR--R-RACLWE-V-Q-CG-P-EEIF--WL-H--NV-- 118
HPV32        -YH--H--W-KK-----F--E--VCAL--R-AFWH-V-Q--GLL-EEQI--AI--S-S--D 117
HPV42        -YH--V--W-KD-----F--E-N--CAL--ER-AFWY-V-K--GLL-EEQQ--AL--S-QS--N 117
HPV3         ---LRE-N--W-R-A--G--R--VEGIA-RLKYWE--Y-VSGV-----Q-IDTQQ--M-H--VK--D 119
HPV28        ---LRE-N--W-T-A--G--R--LQGIV-RLK-W--L-VEGV-----Q-IDTQQV--M-H--VK--D 113
HPV10        ---LRE-YL-W-A-V--G--R--LQGIV-RLKYW--Y-VEGV-----Q-IYTQ--M-H--VR--D 115
HPV29        --CIRE-N--WKS-A--G--R--EGIK-RLKYWQ--CFVEGV-A--NE-IYTQ--M-H--VR--D 115
HPV61        ---L-E-SI-W-HNW-FGV--P--AREV-V--L--W-H-C--P-V-QT-GR--AE-Y--HA-S--SIQ--E 113
HPV2a        ---I-E-F--W-K--FG--G--IAAG-L-Q--WH--C--D-V-T--GIPIQ-FM--I-H--SW--E 121
HPV27        ---I-E-S--W-K--FG--G--IAAG-L-Q--WH--C--D-V-T--GIPIQ-FM--I-H--SW--E 121
HPV45        ---V-E-F--W-K--G--E--IAAA-L-Q--WH--C--D-V-T--GIPIQ-FM--I-H--W--E 115
HPV26        N--IC-----RS-----KR-VI-----T--R-TC--A--AL--CN--H--M--G-- 116
HPV51        NV--TEIKI--NN--V-KQ-----R-SR-----AI--Y--S--H--R--G-- 116
HPV30        N--C--L--EDS--V-NF-----V-KI--N--L--AS-VAL--E-F-----Q--T-- 119
HPV53        N--YT-----Y--GV-KF-----V-KL-Y-NC-----AS--AL--K-S--S--H--T-- 120
HPV56        N--CTE-KL--D--V-RV-----V-K--Y-----A--SI--Q-C-----S--T-- 119
HPV66        R--CIE-KL--NNW--V-RV-----V-K--Y--K--A--SI--Q-S--S-----C--T-- 119
HPV18        E-----F--SI-H--H--ID--R--L--SD--D--KL-NTG-YN--L--N-A--L 118
HPV45        Q-----CI--CIA--H--ID--R--L-Y-SN-----E--KI-NTE-YN--L--N-A--R 118
HPV39        E--S--Y-----E-L--QS-IK--A--L-Y-SD--A--NI-NTK-YN--MC-L--A--L 118
HPV68ME180  E--G--N-----V-L--QS-IK--A--L-Y-SE--A--TI-NTK-Y--S--MC-L--S-A--L 118
HPV70        E--S--FI--N-E--Q--IK-HA-V--L--SN--A--SI-NTK-YN-S--MS-L--A--L 118
HPV59        E--N--FI--CT--L--IS--ARV--L-Y-RD--E--A--TP-HE--L--TD-L 118
HPV7         ---RE-Y--W-ND--F--V--E--G-VNQ--NFR-AA-AP-V--GLTI-EVR--CK-H--S-V--T 116
HPV40        ---RE-Y--W--D--H--PR--DLHG-VNQ--NFR-AA-AP-V--GLTI-QVR--CK-H--S-V--T 116
HPV43        S--R--W--Y-F--LA--Q-HG--SQ--F--AA-AD-V--QTVF--C--CK-H--S-V--V 117
HPV16        D--R--CI--N--V-D--K--S--C--L--QQYN-P-C--IN--H--T-- 123
HPV35h       D--CY--CI--E-Q--GV-M--K--S--W-R--E--KQCN-Q-CH--IT--V-- 116
HPV31        D--T--TI--DT-HGV-T--R--VS-F-W-R--KL-N-GIC--IT--R-- 116
HPV52        K-L-T--I--NN--GV-IM--R-L--S--Q--L--K--RV--P-SEIT--II--T--E 116
HPV33        D--A--T--E-N-FGI-KL--R-L--S--N--N--QTV--P-NEI--II--R--Q--K 116
HPV58        D-V-A--I--N-F-V-KV--RLL--S--N--L--D--QTL--C-NEI--II--R--Q--K 116
RhPV1        D--RW--L-H-Q-K--GV-PI--R--K--R-E--I--C--RR-R-Q-VEV--C--I-- 146
HPV6b        SY-Y-H-K-LF-G-Y--C--E-HG--NQ--F--AG-A-V--QDI--V--L-H--EV--V 117
HPV11        -Y-Y-N-K--W--N--F--C--ELQG--NQ--FN-AA-AP-V--NEDI-KV--L-H--EI--L 117
HPV44        S--Y-Q-Y--GN--F--I--ELQG-VNQF--FN-AG-AV-V--N--I--V--L-H--HV--V 117
HPV55        S--Y-Q-Y--F-GN--F--I--ELQG-VNQF--F-FAG-AL-V--Q--I--VF--L-H--HV--V 117
HPV13        --QY-S-YI-W-GQ--F--C--EIQG--NQF--F-FAGFAV-V--D--Q--I--V--L-H--EV--L 117
PCPV1        --QY--NI-WQGN--F--C--EIQG-VNQ--F-FAA-AV-V--IN--IF-VR--L-H--DV--L 117
HPV34        D-I-R--C--K-K-LGV-QP--V-Q--R-NQ--R--NL-N-Q-CNI--GK--L-- 117

```

E6 SuperGroup A Markov Protein Alignment

E7 start for HPV7, HPV40 ->
 E7 start for HPV27, HPV57, HPV2a ->
 cysteine doublet E7 start for HPV6b,
 -><- -> HPV11, HPV13, PCPV1

most-likely	RHIDEKRRFHKIAGRWTGRCLHCWRSCME.....RETQVG1	152
HPV54	--V-YN---CVR-Y-K-----KP	144
HPV32	H--YNG-H-RF-LN-----TQ-RE	142
HPV42	H---TGT--QF-LCQ-----T--RGQ-V-.....-RL.P	150
HPV3	--RN----L---S-H-R-S-QY--SR-TV.....-IP.R	152
HPV28	--RN-R--L-C---Y-R-S-QY--LR-TV.....-IP.Q	146
HPV10	--RN-R--L---S-Y-R-S-EY--SR-TV.....-IP.Q	148
HPV29	K-RN----L---S-Y-R-S--Y--SR--G.....QSP.R	148
HPV61	HQVQAYIH--Y---Q-----CQ-RGP-TA.....RW-P	146
HPV2a	ALLVGNK---N-S-----H-MN-GS--TATD.....PASR-LH	159
HPV27	ALLVGNK---N-S-----H-MQ-GST-TAPD.....PASR-LH	159
HPV57	ALLVGNK-----S-Q---H-MN-APR--NA.....PALR-SH	153
HPV26	-IV-----E---Q-K-L-TN---PRRQ.....T----	150
HPV51	KLV---K---E-----Q-AN--QRTRQ.....RN----	151
HPV30	L-CEY-K---R-SRT---L--Q---HTTS.....T--A-	153
HPV53	L-C-Y-K-----SHM---S--T--HTTA.....T-SA-	154
HPV56	L-C-R-----L--HG---S--G---QTSR.....EP--ST-	155
HPV66	L-CEH-----Y--YA---S--Q---HTSR.....QAT-ST-	155
HPV18	--LN-----N--HYR-Q-HS-CNRARQERL.....QRR-----	158
HPV45	--LKD-----S---QYR-Q-NT-CDQARQERL.....RRR-----	158
HPV39	--LNS-----SY--Q-RR--TKR-DRR.....LTR-----	158
HPV68ME180	--LNS-----NF--Q-R---T-KR-DRR.....RTRQ-----	158
HPV70	--VNT-----Q---SY--Q-R---T-NR-DRR.....RIR-----	158
HPV59	K--T-----N---IY--Q-RG-RTRARHLRQQ...RQARS--L-	160
HPV7	N--VK-TQ-F-LQDS---Y-----KK--KG.....QRS--SC	154
HPV40	N--VK-TQ-F-LKDS---Y-----KK--KG.....QRS--LC	154
HPV43	Q--VQ-AQ-F--HSV-K-Y-----K---KR.....RRS--MC	155
HPV16	--L-K-Q---N-R-----MS-C--SRT.....R---L	158
HPV35h	--LE--K---N-G-----MS--KPT.....R--E-	149
HPV31	--L-K-K---N-G-----IA--RP.....RT----	149
HPV52	--VNANK---N-M-----SE---PRPV.....	148
HPV33	--V-LNK---N-S---A---AA---R.....R---AL	149
HPV58	--V-LNK---N-S-----AV---PR.....R-Q---	149
RhPV1	--V-QGQ---R---Q-----M---PTVPETQPDTDQGSFL-A	191
HPV6b	K--LT-A--I-LNCT-K-----TT-----DML.P	150
HPV11	K--LG-A--I-LNNQ-K-----TT-----DLL.P	150
HPV44	---LD-A--I-LQDT-K---F---T-----TIL.P	150
HPV55	---L--A--I-LQNT-K---F---T-----TIL.P	150
HPV13	---LQ-A--I-LNSS-K---F---S-----NIL.P	150
PCPV1	---L--A--I-LNCE-K---F---T-----NIL.P	150
HPV34	--V--NK---Q--DQ-----TQ--PS.A.....-V-	148

E6 SuperGroup B Markov Protein Alignment

		cysteine doublet	
		-><-	
most-likely	MA.....SADEEQS.....TSQFEEPLPATVQDLADLLEIPLVDCLLPCNFCGRFLTYLELC		53
HPV19	--NAQATEEEIEIV--GTT.....AP-VT-----IAG--A-----D--V-----K--SH--A-		63
HPV25	---.....T-NA---IGP.....PEQA-VIQ-----IT---A-----D--V-----N-----I-		58
HPV20	--TPP..SSED---GP-NIG.....EAKPPIL-----ICG--K-----D--I-----N--H--V-		65
HPV21	--DS...STD---GP-PKRRH.LEEEN--S-L-----IR---N-----D--V-----N--H--V-		68
HPV14d	--TTD..SSTD---GP-PKSNYCDSTETK-S-I-----IFG--N-----D--V-----N--H--V-		71
HPV5	---.....EGA-H-QK.....LTEKDKAE--LSIR---EA-G--VI---I-----N--N--A-		54
HPV36	---.....EQAS--QN.....ITEK-KEQ--L--IKG-SES-G--F---I-----K--D--A-		54
HPV47	---.....QKAL--T.....-VKE-KLE--T--IRG--Q--D-----D-----V-		53
HPV12	---.....QQAD-Q.....-VTDST-E--T--IKE---D-----V-----K--DF--V-		52
HPV8	-D.....GQ-KASY.....LDTNKD.E--S--IKE--AA-G--Q--SV-----N--DF----		52
HPV24	---.....Q-GK-QS-LE-SR--N--D--VV-----K--S--T--T		41
HPV15	-D.....R-K-FS--Q---T-C----I---R--Q---I--V		40
HPV17	-D.....R-K-Q--RE---T-C----I---R--N---A-I--V		40
HPV37	---.....R-K-QS--Q---T-C----V---R--Y---A-I--I		40
HPV9	-Y.....L.....E-IMDR-K-R--KE---T-V---I-L-I--K--N--S-F--L		47
HPV22	-QPL...VVIY-LLAYYLSR....MGCY-V-MALQR-L---Q-S-K-TV-V--L---R--S-----R		64
HPV23	---.....TVHYLSRMC.....Y-KLLMDSTR-L---Q-S-K-TV-V--L---R--S-----R		56
HPV38	-E.....L-K-Q---Q-S-K-TV-VE-L---R--NS----I--R		40
HPV49	---.....R-V..K-CE--HH-N--IWEV-----TG---Q--L		38
HPV4	---.....DGR---LD-FCRRFD-SFF-LR-T-I--SHTVDLAD-A		40
HPV65	---.....DGR--ALD-FCRRFD-SFF-LH-T-I--SHTVDLQD-A		40
HPV48	-E.....-QF-TDLDSYCKYFN-SFF-LV-K-I--KFSVSIVD-A		40
HPV50	-E.....-QRAKNLV-YCKQQQ-SFFLE-Q-L--KFVI-LPD-A		40
HPV60	-Q.....M--DRF-T--A-YCSEFD--K-LK-K-V--RFY--EQQ-A		43

		cysteine doublet	cysteine doublet	
		-><-	-><-	
most-likely	EFDYKKLSLIWK.DDFVFACCRSCCYATATFEFNNFYEQTVLGREIELVTGKSIFDIDIRQCOTCLKFLDLIEK			125
HPV19	---D-R-----GHL-Y---W--T-----E---H--T---F---V---V---N-MRY--S---			135
HPV25	---E-R-----EYL-Y---C--T-----E---S--T---D-----V-----M-Y--A---			130
HPV20	---E---T---.HL-----V--S---Y--Q---S---D---Q---V---V---Y--M---S---			137
HPV21	---E-----L---.HC-----V--A---Y-Y-E---S--V--D--EI-----V---YN-M---S---			140
HPV14d	---E-----GHC-----V--T---Y--E---S--E---S-----V-V--Y--M---S---			143
HPV5	---R-----Y-C-----V--G---Y--Q-----D---AS-L-----A--I---			126
HPV36	--EV-----Y-C-----V--G---Y--Q-----D---AA-R---E-----A--I---			126
HPV47	---R-----T---.YS-Y---L--S---Y--V---Q-----D---A--L---E---H---S---I---			125
HPV12	D--K-Q-T---.GH--T-----A--IY--E--Q-----D---A-----LK-----S--T---			124
HPV8	---K-R-C---.NYV-T---C--V-----EY-----D---A--R---E--V---N--S--I---			124
HPV24	D--T-C-----Y--V---A---E-YFVES-I-W---QKENTPLS--IV--HH---L-NQ---			113
HPV15	SLNR-G-Q---TEE-----S--AF---Q---S-----S-CSW---I-EQ-PVG--I---KF---K---			113
HPV17	A--L-G-Q---TEE-----S--A---QY--SK---S---L-EIEH-P-GE-P---KF---K---L--			113
HPV37	A--R-G-Q---TEE-L-Y---T--A---Q---TS---HS-S---EIEQ-P-GE-A---KF---L---L--			113
HPV9	N--H-C-Q---TEE-L-YGL-S--A--S-QL--TH-FQFA-V-KD--T-E-TA-GN-C---RY-F-L---V--			120
HPV22	Q---N-Q---TDE-----SG-A--S-Q---QQY-QV-LY-----QEEQRPVQ-QY-M---Y---S---L--			137
HPV23	---H-Q---TEE-----SG-A--S-Q---IQQ--QL--Y---QEEQRP-GQ-C---Y---S-----			129
HPV38	---N-Q---TQE-----S--A--S-QY-CQQ---L--F---Q-EQQT-GL-V---Y---C-----			113
HPV49	----DFN-L--.G---G--AA-A-RS-YH--T-YHQEI-V-I---GRAAAN-AE-VV--LI---R---L--			110
HPV4	L-YL-----VFR.GNCYY---SE-LRLS-L--QE-YFQCSIKAVHL-EIAQ-K-KE-C---IC--RL--IV--			112
HPV65	S-YL-----VFR.GGCYY---SE-LRLS-L--QE-YFQCSIKAVNL-E-AQRK-KE-C---IC--RL--IV--			112
HPV48	S-HN-R--V--R.-NTP---TK-LRL--LY-KD--FVC-AKSHLLTGLVK-ELS--N---H-YS--YL--			112
HPV50	S-HC---A-VYR.-GIA--A-AK-LRLS-I--NERY-TCSIKAYLLSGLI-RPLSE-A---EN-MCL--Y---			112
HPV60	A-YI-N-K-V--NRYC.----TP-LRL--K--AE-YFQCMCK-EVL-VL-RIPLSLSV--FD--TL-SFA--			115

E6 SuperGroup B Markov Protein Alignment

```

E7 start for HPV19, HPV25,
HPV5, HPV47, HPV8 ->
cysteine doublet
-><- -> E7 start for HPV12
most-likely LDICGRGQPPFHKVGRGSKGICRHCKHI.E...A1 154
HPV19 -----RL-----D-----L---FYND..W 166
HPV25 -----RR---L-----L---FYND..W 161
HPV20 -----KR--YL-----L---F....Q 165
HPV21 -----KFF-----L---F....Q 168
HPV14d -R- 146
HPV5 --C---L-----NA-----Q---FYHD..W 157
HPV36 --C---L---R--NA-----Q---FYND..W 157
HPV47 --S---L-----NA---V--Q---FYND..W 156
HPV12 --S---L-----DR-----Q---LYLNDR 157
HPV8 --C---R-----G---V--L---LYHD..W 155
HPV24 -----SEL-----RG---L--Q--Q- 140
HPV15 ----YKEEQ----RN---L---RA-.....E 141
HPV17 --T-Y-H-Q----RN---L---GS-.....G 141
HPV37 -ET-YTQ-Q----RN---L---GS-.....G 141
HPV9 -AT-YKFEQ-Y---N---L---GSV.....E 148
HPV22 ----CSN-----DH---R-----A-.....E 165
HPV23 ----SFN-----NH---R-----E-.....E 157
HPV38 ----CSH-A-----N---R-----A-.....E 141
HPV49 ----AQHRE--R--NR---V---RV-.....E 138
HPV4 --LLYSDETCYLI--L-R-Y--N-IRK.....Q 140
HPV65 --LLYSD-ACYLI--L-R-Y--N-IRK.....Q 140
HPV48 -YHLYNDVD-LLI--T-R-V--N-ISHEG...R 142
HPV50 Y-CICH-GY--L---N-R-C--N-YEH....G 141
HPV60 I-CIIS--N-YL---R-RSY--N-IEK 142

```

E6 SuperGroups C-E Protein Alignment

	cysteine doublet	
	-><-	
SuperC.con	MDL??Fmrgnp?sgL?CvwCrepLt?VdAf	25
GroupC1.con	MDL??F?R?NPFSGSL?C?WCREPLTEVDFAF	24
BPV1	---KP-A-T-----D-L-----	30
BPV2	---QS-S-G-----A-V-----	30
GroupC2.con	M????Y?L?C??C??L?KV?A?	9
EEPV	-CGEC-AY-T-IW-KKG-D--D-K	24
DPV	-SADY-EH-Y-VF-YCV-G--E-R	24
	cysteine doublet	
	-><-	
SuperE.con	MASTSGVGS?????m????p?svr?L????l?i????dl?l?C?fC?k?l?naekl	30
HPV41	-----VGPASCCTEQK-HTI-E-CLAQQ-TYPCIQ-C-HY-Y-I-SVLDIY	55
COPV	MFWGALLSMER-T---D-CMS-KLSLL--S-A-K--GNNIT-I---	46
CRPV	-ENCL-R-LEK-QQI-Q-SLE--PFG-I--G-L-GA---Q	40
GroupE1.con	M??T????VR?LS??L?IP?ID??PCNFC??FL?NAEKL	23
HPV1a	MA-PIRT--Q--ES-C--Y--VLL-----NY--S-----	39
HPV63	-DL-SVHS--D--SA-R--F--LVV-----LK--T-----	40
	cysteine doublet	
	-><-	
Unclass.con	MQPQTRPYSELMELC????T????L????L?LPC?FCS?F???????	24
MnPV	MDR-VHSFVER-GLPRED-L---T---R-LTQEELT	36
MmPV	-----REY-LEQLLKFNVTLDLTD-M---H---S-MDLNKA	50
	cysteine doublet	
	-><-	
SuperC.con	RCm?K????vv?R?G.?rc??CT?CLEn?LylERrLw?gvPv?g?eae?????ldrlcIRC?YCGGkLT??EK	74
GroupC1.con	RCM?KDFHVV?R?G.??GACT?CLENCL??ERRLW?GVPVTGEEA?LLHGK?LDRLCIRCCYCGGKLTKNEK	84
BPV1	---V-----I-E-.CRY----I-----AT-----Q-----E-----T-----	102
BPV2	---I-----Y-D-.VKF----T-----DK-----K-----Q-----S-----	102
GroupC2.con	RC??KKIR??R?G.??CAVCT?CLE?GLYLER?L????P?Y?G???.EPDP?????IRCMYCGG?LTRDEK	53
EEPV	--HE----IAC-N-.KH-----S---N-----S-FPGR-I-P-DLY.----WVMFND-----C-----	95
DPV	--YD----TVV-G-.LR-----A---K-----V-NAPQ-V-Q-SIE.----FIQKAC-----I-----	95
	cysteine doublet	
	-><-	
SuperE.con	lFd???l?l?Wr?n.??fgcCq?Car??s?lef?????s????e?e????q?l????lRCv?C??L??eK	63
HPV41	A--QSC-Y-S-GEG.GPT-I-SQ-T-VLAR---TARHEV-CAASRLPHFIG-S-SDLEV---R-LAL-QSV--	127
COPV	---KAGFQ-I--E-.NA-----Y---VC-VV-QCFGSHRHLTSE-LVNVT.KT-QQLS---LG-LSI-SEAD-	117
CRPV	--KCTG-CIV-HKG.WPY-T-RD-TVLSA-DLYCHLALTAPAL-A-ALVG-EISSWFM--TV-GNN-TIP--	112
GroupE1.con	LFD?FDLHL?WRDN.?VF?CCQ?CAR?VSLLEF?LYYQES?EV?E?EE?L?PL??I?LRCVTC?KKL?V?EK	76
HPV1a	---H-----V-----L--G---G---T-----V-----Y--P-I--I-DR--LQ-E-----I---S-A--	111
HPV63	---Y-----I-----F--A---C---H-----M-----F--S-V--L-NQ--VN-G-----T--T-S--	112
	cysteine doublet	
	-><-	
Unclass.con	????S?????????C??G?C??C?R??A????????????????V????????L??RC??C??L??E?K	39
MnPV	AFDF-AFNLVWRGR.-AH-I-TA-A-VC-SLDLFLHHQNSRPLAD-LRDNLTLLHG-KA--RV-MKI-SVT--	108
MmPV	SYLA-QLKVIKDC.-FK-A-IK-R-KL-FAERQYQVCVGEADL-EAMVGSVIN-TV--SE-LAL-TAS--	122
	cysteine doublet	
	-><-	
SuperC.con	?RH?lfnEpfC??R????...rGRCYdC?RHGsrs?yp??A??	100
	E7 start for BPV1, BPV2 ->	
GroupC1.con	?RHVL?NEPFCKTR?NII...RGRCYDCCRHSRS?YP	115
BPV1	H----F-----A-----K--	137
BPV2	Q----Y-----S-----N--	137
	E7 start for EEPV, DPV ->	
GroupC2.con	?RHR?F?E??IFR?QV...?GRCY?CTRHG??????A??	73
EEPV	E---L-C-DFW---H---...R---L-----SRPPYKETP-AV	135
DPV	D---Y-E-LYV---N---...L---T-----MCSAPYRAN-TG	135

E6 SuperGroups C-E Protein Alignment

```

                                cysteine doublet
                                -><-
SuperE.con  ?e??????vh?vr?????rg?CslCrl??iGDLGGYPPSPGSRGECDECCVPDLTHLTPVDLEELGLYP  117
HPV41       DYILREEDLS--RIGGIW....--T-VR-MVGLY  156
COPV        .-LCAELNDFSV--GKT....--L-----PP  144
CRPV        I-LRARNCTLCCIDKGQYFQW--H--S-K-SDQ-----  185

GroupE1.con L?VVS?GERVH?VRN??...KAKCSLCRLY?I  99
HPV1a       -E---N-----R---RL....-----A-  140
HPV63       -A---A-----K---KF....-----I-  141

                                cysteine doublet
                                -><-
Unclass.con L???????F??VR??W...R??CR?C??AIEC  52
MnPV        -ECAERGES-AK--GQ-....-AR--I-KPV  135
MmPV        -DAKCELQT-IL--HM-....-TS--A-RTP----  153

SuperE.con  GPEGTYPDLVDLGPVGFGEEDDEEGGLFDSFEEEDPGPNQCGCFCTSYPSGTGDTDINQGPAGAAGIALQSD  190
CRPV        -----  258

SuperE.con  PVCFCENCINFTEFR  205
CRPV        -----  273

```


E6 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

	E2 binding site -> RhPV1 <-	E2 binding site -> RhPV1 <-	TATA box RhPV1 -> <-	
	* RNA start site from P(105) for HPV18			
most-likely	ATG.....			3
HPV54	----			3
HPV32	----			3
HPV42	----			3
HPV3	----			3
HPV28	----			3
HPV10	----			3
HPV29	----			3
HPV61	----			3
HPV2a	----			3
HPV27	----			3
HPV57	----			3
HPV26	----			3
HPV51	----			3
HPV30	----			3
HPV53	----			3
HPV56	----			3
HPV66	----			3
HPV18	----			3
HPV45	----			3
HPV39	----			3
HPV68ME180	----			3
HPV70	----			3
HPV59	----			3
HPV7	----			3
HPV40	----			3
HPV43	----			3
HPV16	----			3
HPV35h	----			3
HPV31	----			3
HPV52	----			3
HPV33	----			3
HPV58	----			3
RhPV1	---AAAAGGGTGTAACCGAAAACGGTGCAACCGAAAGCGGTGCATATAAAAAGCTCCTGAAACTTTGGTTTT			73
HPV6b	----			3
HPV11	----			3
HPV44	----			3
HPV55	----			3
HPV13	----			3
PCCPV1	----			3
HPV34	----			3

E6 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

	coordinate 104 in HPV16R *	degenerate E2 binding site ->in HPV16<-	
	RNA start site from P(97) for HPV16R *		
most-likelyGCTCGAACT.....	.GATCCCGCCGAACGACCAAGAAACAT	38
HPV54T--GCT--GA.....	.ACCC-A-A-G--C-AG--GC-T-CTC-	41
HPV32--AA-T--.....	.TC-G--T-ATC--AG----T-CAT-	38
HPV42T-AG-T--A.....	.TC-G--T-ATC--AG---C-C-CAT-	38
HPV3--AGT-G-CATGTC.....	.TATG--G-AAA-...T-C----A-----	44
HPV28-A-GAC.....C---G--T-A-----	26
HPV10T-CATG.....GGT--AC-GGA--C-----	32
HPV29T-CA--GG.....--GG-TAT.....--A--T--	32
HPV61-GA-CG.....TG-AAT.....--CT--T--	26
HPV2aCACAC--GGGCAGGG.....	.ATGTCT--GGAGAATCC-T-C--T-G----	50
HPV27CGCAC--GGGCAGGG.....	.ATGTCA--AGAGAATCC-T-C--T-G----	50
HPV57T--GA.....GAAAATCC-T-C--T-G----	32
HPV26TTCGAG.....--TAGA-----CGC-	35
HPV51TTCGA.....--CAAGAGG--A----C--CGC-	35
HPV30--TTC-AATTT.....	.GAAA--A-A-G--G--C--C-T-CTG-	44
HPV53-A--TCAGTTATT.....	.TGAAA--A-A-AA--G-----C-T-CAT-	47
HPV56-AG-C-CAATTC.....	.AACAA--ACAG-----T--C--G-C-	44
HPV66-A-TCC-TATTC.....	.AGCA--A-ACAG-----T--C--G-C-	44
HPV18--G--CTT-GA.....G-----AA-ACGG-----CTAC--GC-	41
HPV45--G--CTT-GA.....C-----AAAGC-----CTAC--GC-	41
HPV39--G--TT-CA.....CA---T--A-----G--TAC--AT-	41
HPV68ME180--G-T-TT-CA.....CA-C--T-AG-----G--TAC--AT-	41
HPV70--G--TT-CC.....CA---T--A-----G--TAC--AT-	41
HPV59--A--CTT-GA.....G-----TA-AC-----TAC--AC-	41
HPV7T--GC-.C.....-T-G-G--TCC--A.G-T----CTT-	35
HPV40T--GC-.C.....-G-G-G--TCCCA-.G-C--G-C-C-	35
HPV43T--GC-CG.....AGCTG-T--C--AACG--C-G-CT--	38
HPV16CAC-A--AGAGAACTGCAATGTTTCAG--C--ACAG--G-----C-----GT-		56
HPV35hTT--AG.....-C--A--T-----TTAC--AC-	35
HPV31TTCAA.....A---T--A--A---TC-G--AT-	35
HPV52TT-GAG.....--A--AAC-----CC-G-C-C-	35
HPV33TT--A.....--CA-T-AG---AA---C--CAT-	35
HPV58TTC-AG.....-CG-A-AG--GAA-----C-G-CAT-	35
RhPV1	TTGTGGCAATGGTAGACTGCC--G-C.....-G--AAA---TTG--C--G-C---	125
HPV6b-AAA-TG-A.....A--G--T--ACGTCTG---CG-C---	38
HPV11-AAA-T-AA.....--G--T--ACGTCTG---C-TCT--	38
HPV44-AAA-TG-A.....A--G--T--ACGTCTG--CA--GT--	38
HPV55-AAA-TG-A.....A--G--T--ACGGCTG--CA--GT--	38
HPV13-AAA-TG-A.....A--G--T--ACG-CTG---A--CT--	38
PCPV1-AAAA-G--.....A--G--T--ACGTCCG---A--CG--	38
HPV34TT-TTTC-C.....A---T-AG-----G--TAC--GC-	38

E6 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

		GT repeat in HPV51	
		-> <-	
most-likely	ACACCAGTTGTGCAAGGAGTTGGATATAA	CTTGCATGATTTGCAAATACACTGTGTGTATTGCAAAAAAGAA	111
HPV54	-GCTG-T-----TA-GCA----TC--A-----AG-----C-T-CT----CC-T-----G-GACG		114
HPV32	-T----A-----A--T--T-GGC-G--CC--GGA----A-----CTG----A-T-GG--T-----CC-C		111
HPV42	-T----A-----T-----A--T-GGC-G--A-----GGA----A--G--TTC--CA-T-GG-----GC-C		111
HPV3	-TTT-TAC-----GAA-CACC-GA---GGA--TG-C--CC-T-GCC-G-----CA-A-TC--T-CG---C-G		117
HPV28	-TT--TA-----GA--CAGT-GA--T-A--TG--CC-C-GTT-G-----CA-A-TC--GCC----TG		99
HPV10	-TTG-TT-----T-GAA-T-GT-GA---C-----G-G--CC-T-GCC-GTG---A-A-T-----C---C-G		105
HPV29	-TT--T-----GA--CAGT-GAG--C-A--TG-G--CC-T-GCC---G-----T-TC---CG---G		105
HPV61	TTT--T-C-C-----C-AC--GG-GGAC--TG-G-----AAGGC-GACA----A-T-----T---		99
HPV2a	CTTTTT-C-T-----A---AT-G-T-GGAGC-AG-G-----G-T-G-T-----A-GG-----CGGCCG		123
HPV27	CTTTTT-C-T-----AC---AT-G-C-GGAGC-AG-G-----AG-T-G-T--C-----G-CG--CG		123
HPV57	CTTT-T-C-----GA---AT-G-T-GGAGC-AG-G-----AG-----TG-C-----GCGGCCG		105
HPV26	---TG--C-A--TG-AAGC---A---CT-----AA-----GG---G-----A-----GG--ACC		108
HPV51	G--TG-A--A--TG-A-CT---A-CG-TT--A---CA--A-A--GG-GTG-----T-----G---		108
HPV30	G-----TC-T--TG---TACAA--A-C-T-G---TG--GC-A--GC---G---A-----G--G---		117
HPV53	G-----C-A--TG-A-TTG--A---A-C-A---TG--GC-----C-TGG-----TC-----G--G-C-		120
HPV56	G-----C--A-TG---TA--A--A---C---AAT---C-TAG-T--TCA-----A-----117		117
HPV66	G-----TC--A--G---TA--AC-A---C---A-T---C-TAG-T--TCA-----A--C-----G---		117
HPV18	--CTG-TC-----C---AC--A-C-CTT-AC---A--CA-AG---AC-----A-----G-C--T-		114
HPV45	--CAG-T-----CA--A--A---C-T-AC-A--A--CG-ATCT--TGC-----A-----GC-AC-		114
HPV39	G-CAG-CC-----CAAC-C---C-CC--C---G--CA-TAC---GC-----C-----G-CG-CC-		114
HPV68ME180	G-CAG-CC-----G-ACA-----C-CC--A--ACG-----CG-TAC---G-----C-----G-GC--		114
HPV70	G-CTG-CC-----C--C-C---C-CT--A---C--CA-TAC---G-----C-----T---C-C-G		114
HPV59	G-CTG-T---A---CAACA---A---TC--C-----A-T-GC--CA-T-----T-----GGG---		114
HPV7	-TTTG-A--A--TG-CC---GCA-----A---C-ACG-----TA-T--CA-A-T---T--C-GCATT		108
HPV40	GT-TG-AC---TG-CC---GCA---T--A---C-ACG-----TG-T-----T-----G-CG-TC		108
HPV43	-TTTG-----TG-T---GTA-C-----C-AC-C-----TGGG--CA-A-T-----G--GTGG		111
HPV16	--CA-----A-----CA--C--C-A-C---A-A-----A-AAT-T--G-A-----C-----GC--C-G		129
HPV35h	G--TG-T-----C--G-A--AGA--GCA-C---AA-TTGTT-GA-T---A--C-----C-----		108
HPV31	G--TG-AC-AA--TC--CA---A---C-C-ACG---AC-AAG-T-GA-T---C---C-----GGTC-G		108
HPV52	G--G-A-----TG---T-C---AGA-T-GG-----AA-AAGGC-G--G-----C-G-----G		108
HPV33	G--TG-T-----C-A-CA---G-C---A-A--CA-CA-TG--C---G--C---G-A-----CCT		108
HPV58	G--TG-T-----TC---C---G-C-T--G-----AA-CG--T-GA-A--C--TG-A-----GACT		108
RhPV1	T---G-AC-A---G--C--CGT--GGAG--CC---C--GC-T---T-GG-G--C-----CTG--G---		198
HPV6b	-G-----AC---TA--C--T--A---ACG-----TA-T-----T-----G--T-C-		111
HPV11	-G-----AC---TA--C--TT-----CAC-C-----T--G--C---T-----GG--T-C-		111
HPV44	-G-----GCA-C--TC--A---CA--C-----TTTA--C---T-----G---ACG		111
HPV55	-G-----GCA-C--TC--A---CC-----TTTA--C---T-----G---ACC		111
HPV13	-G-----GCA-CC-TT--A---CAGC-----T-TA--C---TC---GG---ACC		111
PCPV1	-G-----GCA-CC-TTG-A---CAG-----TTTA--C---T-----GG---ACC		111
HPV34	--CAGCC--A--TG-A--G-CA-C--TT-AA-A---AA-AG--T-GG-----G--CG-C--		111

E6 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

	\ / 5' sj HPV16R (E6* transcripts)	E2 binding site -> in HPV34
most-likely	TTAACAAAGAGCAGAGGTATATGCATTTGCATTTAAAGATTTAAATGTAGTGTATAGAGACGGCTTTCCATATG	184
HPV54	G-GTGT-C-----A-T-----CA-A--G--CC--TT--G---GG---C-----C---	187
HPV32	-----C--T--T--A-CG-----A-CAT-----GC-C-----GG-AGA-A-----	184
HPV42	-----G-C-----GCTC--G-ACCAT-----GGTA--G---GG--GA-G-A-----	184
HPV3	C-G--T-C-A-T--AC--C-A-----ACGG--AC-G---G---GG--AGG--AGCG--C--C-	190
HPV28	C-G--C-C---G---C---CA-----A-G--AC-----G---GG--ACG--AGCG--C---	172
HPV10	C-G--CGC---G--AT-GGCA-----C--G--A--T--T-G---GG---CG--AG-G---C-	178
HPV29	C---C--CC---AC-GGCA-----TGCA--CGG--A-----G---GG-A-AGT--AGC--G--C-	178
HPV61	-----C--A--AT-GCTG--G-----C-A--G--GC--GCA-T---GG---C-TAA--GG---T--	172
HPV2a	---T--GAG--T--CA--GG-----A-A---AC-GTT-----GG---A-G-----C---T--	196
HPV27	C-TT--GAC--T--T---TG-----A-A---AC-GTC-----GG--A-G---C--T-T--	196
HPV57	---T--GAC--T--T--GCTG-----G-A--G--AC-GTT-----GG---A-G--A--C--T---	178
HPV26	---CA-T-G--T--T-----AAT-----A--TGT--CC--GA---A-----TA-GAG--G---	181
HPV51	---TGT-----T-----AATG-A-----CT-AA-T--GA-T--A---G--TAATAA-----	181
HPV30	---T-C--CT-----AAT-----G-----GAC-G--A---G--G-A-AGC-----	190
HPV53	--G---GCGT-----AAT-----A--C---C--GA-----G-A--G---	193
HPV56	C---C-T--T-----AAT-----GC-CT--A---AT-----G--T-AT-----T---	190
HPV66	C-T---TTT---C---AGG-----G--TT-G---AC---A---A---AAT-GG-----	190
HPV18	--GGA-CTTA-----T--A-----TT--G-----A-TA-A--CC---	187
HPV45	--GGA-C-CA-----CA-----T-----TG-A-----T-TA-AG-----	187
HPV39	C--CAGCA-A-C-----A-----GT-----T-----A---G---GGAA---CTA-	187
HPV68ME180	C--CA-C-GA-----A-----C--GGT--C-----A---G---GG-A---TA-	187
HPV70	C--CAGCA-A-----A-----GT-----TT-A---A---A---GGAG-----	187
HPV59	C-GCA-GA-AG-----T--A-----T---T-C--TT-A-----T-TACA--G---	187
HPV7	---CA--C---T---GCTG--C-----G--G--T-----GGC-CA--A-----T-T--	181
HPV40	C---A--C---T---CTG--C-----C---G---G---T---T---GGC-C---A-----C-C-	181
HPV43	---CTT-CCA-G--A---TAT-G-----G-----GG--T---GGC-C---A-A--G-T--	184
HPV16	---CTGC--CGT-----AC-----T---CGG-----TGCA---A-----T--GAA-----	202
HPV35h	---CAGC-GAGT-----AC-----GCT-T---GTG-A---A-----A--CAG-----	181
HPV31	-----GA-A-----TA-AT-----C-----CAA---A---G---A-ACA---C-C-	181
HPV52	C--CA-C--AG-----CAAG--CT---C-----CGAA---A-----AATAA-----	181
HPV33	--GCA-C--T--T-----AT-----GC-----CA--T--A-----G--AAA---T--	181
HPV58	--GCAGC--T-T-----AC---T---GC-----GAA-----T--AAA---T--	181
RhPV1	C-----C-CATT-----AT-----CGGTGG-----GAT-G---C-----C-A---AAG-----C-	271
HPV6b	C-G--C-C-----A-T--T--A---A---C-CC---G--CC---T-C--G---A-----	184
HPV11	C-G--C-CC-----A-----A--C-A---GA-CC---G--T---GGC-----AA-----C-T--	184
HPV44	---GT-CT-----T---T---C---A---C-G--T-----CC--GAAA-----T--	184
HPV55	--G--C-CT-----T--T---C---A---C-G---T-----T-C--GTAA-----T--	184
HPV13	C-GT-C-CG-----T-----CAG-A---GAG---T--A-----GGC--GACAG-----T--	184
PCPV1	C-GT-T-CT-----G-----CAG-A---G-----A-T---GGCAG-G-AAT-----T--	184
HPV34	C-GTAC--TGT-----AT--AT---G-----TG--T--A---A-G--GAAA--CT--	184

E6 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

E2 binding site in HPV34 <-	degenerate E2 binding site ->in HPV61<-	
most-likely	CAGCATGTGCAATATGTTTAGAATTTTATGGAAAAATAAGACAATATAGACATTATAACTATTTCAGTGTATGG	257
HPV54	-T-----C-G--CC-----C-GC-C--GC-----ATT-TAGA--G---CGCG--CG-G-GTGCCTGT-	260
HPV32	-C--C-----CT-C--C-----TCT---G-GT-TGC-CTGC---C--CG--AGA---CA-T-T-	257
HPV42	-T-----T-T-----A--TCT---TT-TGC-CTGC---C--CG-AAGA---CA-T-T-	257
HPV3	GT--T-----CGG-----CTTG-AG-G--C-TTGC-C---GCCTA-A-T---GGG-A-----TAT---T	263
HPV28	GT--C-----CCGG-----CT-C-GC-G--C-TTG-GC---GCCTG-AG--C-GGG-----T-----T	245
HPV10	GT--C-----CGG-----CTCC-AC-G--C-TTG--C---GCCTA-A-T---GGG-----TAT---T	251
HPV29	GT-----CGC--C---TTG---G-A--C-T--AGC-G-GCCTA-A-T-C-GGC-G-----TTGT-T--T	251
HPV61	G--T--C---CC--C--G-C-CG-G-A-T---G-G--GG-GCTGC-----GGG--C---CTGT--C--	245
HPV2a	G--C--C-G--A---CC-GATTGCAGCA-----C-T-----C-----GGC-T--C---TGC--C--	269
HPV27	G-----G--A---CC-GATTGCAGCA-----C-T-----C-----GGC-T--C---TGC--C--	269
HPV57	G-----A--A---C---ATTGCAGCA-C-----C-T-----C--G--C-GGC-T--C---TGC--C--	251
HPV26	-T----CAA--G---G--AT-----TC-----C-G-G-----GC---CA-G---T-----	254
HPV51	--T---CAA-CA-----CTG-----TC-----T---G-G-----G-AGG--T-----	254
HPV30	--TG--CAATT-C-----TT-----A-T--G---A-GAT-----C-----T-----	263
HPV53	G--TG--CAA-T-C-----GCT-----A-T--GG-CC--A---TA---T---C--T-G-----C--	266
HPV56	--TG--CAG-G-----TTG-----A-T--G-T--A-----GT---G-----	263
HPV66	--T---AGGG-----TTG-----A-T--GG-T--A-----GT-C-----A-----	263
HPV18	-T----CCAT-A---A---T-----TCT-G--T--G---TA-----TCAG-C--T-----	260
HPV45	-T----CCAT-A---A---C-----TCC-G--T--G---TA---T---TCAA-C--T--A-----	260
HPV39	-T----CCA-TC---A--A-----CT-----C-GG-GCTAC--T---CTCGG-C--G-----C	260
HPV68ME180	-T----CCA-TC---A-TA-----CG-----C-GG-CTAC--T---CTCAG-A--G-----C	260
HPV70	-T----CCA--A---A-TA-----C---CT--G---GG--CTAC-G-----TCGA-C--G-----C	260
HPV59	---G---CTG-A---CA-TTC-----C--G-G---G---TA---T---GAG---C-----	260
HPV7	---G---T--AG-----G-G-AT--G---GA-C-T--GA--CG-T-CA---C	254
HPV40	-C-----C--CGG--CC-G--CC-GC-C-----G---AC-----C---A-C-T--GA--CG---CC---C	254
HPV43	-T----CTTGGCC--C--C-G--C-----T-----G--C-T-G---CG--CA---C	257
HPV16	-T-T---AT-A-----A-G-----TCT-----T--TG-G-----TGT---AGTT-----	275
HPV35h	G--T---CATG-A-----A-----TC-----TG-----TGG---GA---AGT-----	254
HPV31	G--TG---A---A-----AG-----TC-----G---TG---T---TGG---GA---AGT-----	254
HPV52	GC-TG---ATT--G--CC--CGC---TATCT--G---TG-----G-----C-A-----C-----	254
HPV33	G-AT---AA-C-G---GCGG--C-TATCT-----T--TG-----T-----T--A-----	254
HPV58	--T---AA-G-G--C---CG--GCTATCT-----TG-G-----T-----GC-A-----	254
RhPV1	GG-T---C-C---C--GAGG-----CTC-----TC--A-----G-GA--CG-G-----A-A-----	344
HPV6b	---C--C--GTGC--CC-----C-----AC-----C-T-G-T--G-T-GA---C	257
HPV11	---G-----CTGT--C-----C-GC-A--G---T-AC-----C-T---T---G-T-CA---C	257
HPV44	---C-----C--T-----C-AC-A--T--GG-C-AT---T--G---T---CG-G-GA---C	257
HPV55	---C-----C--T-----C-AC-A--T--GG-C-AT---T--G---T---TCG-G-GA---C	257
HPV13	-G--T-----TGC--C-----A-AC-A---G--T-AC--G-T--G---T-G---TCG-G-GA-T--C	257
PCPV1	-G--C-----TGT-----A-AC-A---G--T-AT---C--G---T-G---T-G-T-CA---C	257
HPV34	GG-T---CA-CCG-----CTG-----CTC--GG-T-----AGA-----C-A-----	257

E6 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

```

degenerate E2 binding site
in HPV27, HPV57, HPV2a -> E7 start for HPV3, HPV10
-> <- <- > E7 start for HPV42
3' sj for HPV16 \/>
most-likely AGAAACAGTAGAAGAAGAAACAAAAAACCGTTATATGATTTGTTAATAAGGTGCTATATGTGTCAAAAACCA 330
HPV54 G-----G---C---GTGTGG---G--A--GG-A--AA-A--T-----GGC---C--T-----T 333
HPV32 GC-T-----C-----GG-CT--T--GG-A--ACAAA---TC-C--TGC---A-----G--T 330
HPV42 GT-T-----G--GA-----TGG-CT--TT--G-A--ACAACA---T--A--TGCCT-----G--G 330
HPV3 -TCTGGC--G-----G-----C--T-AA--G--ACACA-CA--T--A-----C-----C----- 336
HPV28 G--GGC--G-----G--G-----C--T-TA--G--ACACA-CA-G-G--A-----C-----C----- 318
HPV10 ---GGT--G-----G--G--C--C--T-TA----ACACA-C-G--C--A-----C-----C-----G 324
HPV29 G--GGC--G-----CG--G-----CG-GT-CA----ACACA-C-----TC-C-----C-----C--G--- 324
HPV61 -CCC--T--G---C-GAC---GG-CGGT-A---GC---AC-A-AT--C-----C--GCA--CAGC-----G 318
HPV2a ---C-----G--GACT--G---GG--T---CA--CC-C-GC---T--G--A-----T--C--T--G--C 342
HPV27 ---C-----G--GACC--G---GG--T---CA--CC-C-GC---T--G--A-----C--C--T--G--C 342
HPV55 ---C-----G--GACC--G---GG--T---CA--CC-C-GC---T--G--A-----C--C--T--G--C 324
HPV26 T-C---T-----CCTT--T-----AGT---G-A-----TC---GA-----TG--- 327
HPV51 TACT---T---G-C-ATT--T-----AGC-----A-CG-----TC---GA-----G--- 327
HPV30 G-C--GCC---TG-C-TT--T-----GA-----T-----A-----C-GA-----C-G--G 336
HPV53 G-CT-GCC-G---C-CT--T-----AA-----C-----A-C-----C-GA-----C-T--G 339
HPV56 --CT---C---AGTAT--T-----A-----G-----A-----C-GA-----GT--G 336
HPV66 G-C---T-----AGTAT--T-----A-----C-----A-C-----CCGA-----TGT--G 336
HPV18 ---C---T-G--A--CT--T--C-CTGG---CA---A-----CTGCG--C--G-----G 333
HPV45 ---G---C-G--A--AT--T--C-GA--G---A-----CTGCG--C--G-----G 333
HPV39 -ACT---T---A-TAT--T--T-C-AA-----A---A-----ATGTGT---TG---G 333
HPV68ME180 -AC---T---ACCAT--T--T-C-AA-----A---A-----ATGTGT--C-TG----- 333
HPV70 -AC---TT-G---AGCAT--T--T-CCAA-----A---A-C-----ATG-GT--C-TG----- 333
HPV59 -----T---G-CT-----C--G-C-----C---GC--C-G--C--T---GA--C-T-----T 333
HPV7 -CC-----G-----GG-TT-A-AA-T-TA--AG--AG-----A---GC-AA--C--C----- 327
HPV40 -CC---C--G-----G---GG-TT-A-CA-T-TAC-AG-AAGG--T--A---GC-A---C--C--G--T 327
HPV43 ---T--T-----GC--A-AG-G-T-----GC--T--A---G--A---C--C--G-- 330
HPV16 -AC---T---C-GC--TAC--C-----G-G-----T-----TAT--AC-----G--- 348
HPV35h -----GT---A--C--TGC--C---A---G-C---A---T---TAT--CA-----G 327
HPV31 -AC---T---A--TTG---C---GGTA---G-----T-----TATA-C-----G--G 327
HPV52 GA----T-----GAGGGT-----A--AG--AA-AACT--T--A--TATA--T-----CG--- 327
HPV33 -A-T---T-----C--AC-GTT-----T--A---AA-A-----T-----TAT--A-----G---T 327
HPV58 ---C---T---C--AC-CT-----GTGT--A---AA-A-----T--A--TAT--T-----G--- 327
RhPV1 GTGT--TT---GCGTAG---T-G-----A---GTG--GG-A-----T---TGT-----G--G--C 417
HPV6b -AC-----T-----T---C--GACA-C-TA--CG--C---TC-----CC-----C-----G 330
HPV11 -CCT-----C--TG--GATA-T-TAA-AG-----TC-T--T--CC-----C--G--G 330
HPV44 --T-----G-----T--GT-AA-TCTG--CG--C-G--C-C-----T---C--C----- 330
HPV55 -TT-----G-----G---GC-GT-AA-T-TG--CG-----C--C--C--T---T---C--C----- 330
HPV13 T-T-----T-----C---GC-GT-AA-T-TG---G--C---TC-C-----T-A--C--C----- 330
PCPV1 T-T-----G-----T---C--GT-AA-T-T---G--AG---TC-A-----T---C--C-----T 330
HPV34 -CGG--GT---GA-TTT--T--C---A---G-G-A--A-T-----GGA-AA--C----- 330

```

E6 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

			E2 binding site in HPV44, HPV55 ->
most-likely	TTGTGTCCAGAGGAAAAACAAGACATATTGATGAAAAGAGACGATTCCACAAAATAGCAGGTCAGTGGACAG	403	
HPV54	-----CAAC-T-----G---C-G--CG-A---T-C--C-G-----TGTG-TAG---CT-T---AG-	406	
HPV32	--A-CG---AGT--G---G-TCAT-----T--A-CGGAC-G-AT---AGATTC--TTT-AA-AG-----G-	403	
HPV42	--A-CA-AGAGC-----A-CCAT-----AC-GGT-C-A---T--ATTT---TTGT-----G-	403	
HPV3	C--GTAAAG--A--G--GG-C-----CCGCA-C-----C--A--C-G-----T-T-----T---GG-	409	
HPV28	C--GT-AA--A---G--GG-C-----C-GGA-C---CG-C-----C-G---TGC-----T--CT-C---G--	391	
HPV10	C--GTAAGG--A-----G-C-----CG-A-C---CG-C-----C-G-----T---GT-C---G--	397	
HPV29	C-TGTCAG-----G-C-A---CCGAA-C-----C--A--C-A-----TT-T--AT-C---G--	397	
HPV61	--AA--AT-C-----GG-GCAT--GG-AC-G-C-T-C-TC-AC-----T-T-----T-A-----G-	391	
HPV2a	C--A-CTGG-----G--GG-GGC-TTAC-A-T--G---C-AG--T-----C---T---C-G-----G-	415	
HPV27	C--A-CTGG-----G--GG-GGC-TTAC-G-T--G---C-AG-----C---T-C--C-G-----G-	415	
HPV57	C---TGG-----G--GG-GGC-TTAC-G-TC-GC--C-AG--G-----G---T---C-----A-	397	
HPV26	--G-G---A-----AT-G-----G-----T--G-----G-----C---A--	400	
HPV51	C-TG-G--T--A---G---A-TTGG-G--C-----A-A-A-G---TG-----G--A-GT-----G-	400	
HPV30	---ACA-----GTT---CTG---AT-T---A--G--T---G---T--C--AC-----C-	409	
HPV53	---ACA-----GTT---CTG---CT-T---A--G--T---G---TT--CA-AT-----C-	412	
HPV56	--AAC--G-----G---TTG---TG---CAG--A-----T--TCT-----CA-GGT-----C-	409	
HPV66	--AACA--G-----TTG--CTG---AC-T--A-----T--TT-T-----TA-GCA-----C-	409	
HPV18	---AA-----CA-----TT-----CC--A-----AC-----T-----C-----T--G--C-AT-G--	406	
HPV45	---AAC-----CA-----GT-----CC--A-G--C--AC--A---T---GC-----T--A---ACCG--	406	
HPV39	C-----CA-----TT-----CC-AA--AGC--AC--A-----T--T-----AAGC-AT-----	406	
HPV68ME180	---A---T-CT-----T--G--CC-AA--TC--AC--A---T--T-----AA-C-TT-----	406	
HPV70	-----CA-----TT--G--G--A--ACC--A--A---T--C-----AAGC-AT-----	406	
HPV59	C-A-----ACA--T---TT--AG---AAC-----A--A-----T--T-----T--AATA-AT---	406	
HPV7	---C---T-T-----ACC-AC--C---T-A-G---C--AG--TTTT---C-GCA--A-TC-----	400	
HPV40	---C---C-T-----ACC-AC-----TAA-G---CG-A---TTT---T--AA--A-TC-----	400	
HPV43	--A-CA---T-----GT-CAG-----TGC-----GC--A---TTT-----CATA-CGT-----A--	403	
HPV16	C-----T--A---G-----C-G--CA-----CA-A-----T--T---AGG---G-----C-	421	
HPV35h	C-----TT-----G-----T-A--A-----A-A-----T--C--C-GT--A-G-----	400	
HPV31	-----A-----T-G--A-----A-----C---G--AAG-----	400	
HPV52	--A-----T--A-----G-----G--A--C---C-AG-----T--T--T--TATG---GT-----	400	
HPV33	-----TC-A-----A--C---G-G---TT--C-A-----T--T--T--TT-G---GT---G---	400	
HPV58	-----C-A-----A-----G--G---TT--C-A-A-G--T--T--T--TT-G---GT-----	400	
RhPV1	C-----CATT-----G-----CG-G--CC--GGACA-A-G-----G-----G--A-----C-	490	
HPV6b	C-----GA--TA-----GGT--A-----ACTAACC---GCG--G---ATA--GC--AATT--AC-----AG-	403	
HPV11	-----GA-ATA-----T--AG--C--ATTG-G---GC--C---ATA--C--AATAAC-----AG-	403	
HPV44	-----C-AC-T-----GGTGC-C--C--ATTG--C---GCG-----ATT---T--CA--A-ACC---AG-	403	
HPV55	-----C-AC-T-----GGTGC-C--C--ATTG--G---GCG-----TATT---T--CAGAA-ACC---AG-	403	
HPV13	-----GA--T--G---T-----TTGC-G---GC-----TATT---T--AACA-CAGT---A---	403	
PcPV1	-----GAC-T-----TT-C---C--CTTG--G--AGC-A---ATT--GT--AACT-CG-----A--	403	
HPV34	C-----TT-----G-----G--A-----C-A--G--T--C-----G-A-----C-	403	

E6 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

E2 binding site in HPV44, HPV55 <-
 -> E7 start for HPV7, 40, 27, 57, 2a, 6b, 11, 13, PCPV1

	\ / 3' sj in HPV16R	
most-likely	GGCGCTGTCTGCAGTGTGGACACCATGCATGGAA.....AGAGA	443
HPV54	-TA-G----A--T-----AG----AA.....	435
HPV32	-T-----ACC-----A-AGA-TA.....	429
HPV42	-T--G---AC---T---A-AGG--A---G---G.....	443
HPV3	--A-----A-T-C-----T--G---C--TC.....	449
HPV28	--A-----AAT-C-----TT-AG---C--TC.....	431
HPV10	-TA-T---GA-T-T-----T--G---C--TC.....	437
HPV29	--A-T--C---T-T--T---T--G-----GC.....	437
HPV61	--AA-G---TGC-----TA-AGGG-----C--CC.....	430
HPV2a	-A-AT--CA--A-C---G--T--T-----C--C-ACCGA.....	467
HPV27	-A-A---CA-----G--T--A-----C--C-CCCGA.....	467
HPV57	-A-AT--CA--A-C---TGC-C--AG-----GAACGC.....	449
HPV26	--TTG---ACAA-T--T---G---A-GCGCC-----	440
HPV51	---AA--CGCTA-T-----CA--GTACACGAC-----	443
HPV30	--TTA-----A-----G--ACACA-C-TCC.....	449
HPV53	--TCG--C---ACA-----G--ACACA-CA-C-----	452
HPV56	--TCA---T--GG-----G--A-ACATCTAG-GA.....	455
HPV66	--TCA---T-----T---G--ATACG-GTAG-CA.....	455
HPV18	-C-AG--C-ATTC-----C-AC-G-GCACGAC-GGAACGACT.....	464
HPV45	--AG---AATACA--T--TG---G---C--C-AGAAAGAC.....	464
HPV39	-A-AG---GA-G-----CA--AAACG--GGACCGCAG.....	464
HPV68ME180	-A-AG---GC--C-----CAGTAAACGA--GGACCGCAG.....	464
HPV70	-A-AG--C-GA--C-----CAGCAA-CG--GGACCGCAG.....	464
HPV59	-A-AG---GTGG---TC---C-G-GCA-GAC-CCTAAGACAGCA.....	470
HPV7	--TA-----C--T---AGAA-----GAAAGG.....	452
HPV40	--TA-----A--T-----AGAA-----GAAAGG.....	452
HPV43	-ATA---CT-A--T-----A-T-----AAACG.....	455
HPV16	-T--A---A--TCT--T--C-G-T---CA-GAAC.....	464
HPV35h	-T--G---A--TCC--T---A---ACA.....	437
HPV31	-A--T---CA-AGCA--T---G-AG-CCT.....	437
HPV52	-----TCAG---T---G---CC-ACCT-TG.....	435
HPV33	-----GC-GC---T---GGT-CC-A.....	437
HPV58	-----GCAGT--T---G---CC-A.....	437
RhPV1	-AA-G---CT--AT-----G---ACAG-ACCTGAGACCCAGCCAGACACTGATCAACAGGGCAGT--TTT	563
HPV6b	-T-----C--A--C-----A-----	440
HPV11	-T--T---CT-A--C-----A-----	440
HPV44	-T-----CT-C--T--T-----T-----	443
HPV55	-T-----CT-C--T-----T-----	443
HPV13	-C-----T-T--T-----T--T-----	443
PCPV1	-----CT-C--T-----T-----	443
HPV34	-A-----ACA-----G-----CT...-C-----	435

E6 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

E7 start for RhPV1 ->		
	* coordinate 559 in HPV16R	
most-likely AACACAAGTGTA		456
HPV54	435
HPV32	429
HPV42	CCT-...CCC---	453
HPV3	CC-...CGA---	459
HPV28	CC-...CA----	441
HPV10	CC-...CA----	447
HPV29	CC-...CG----	447
HPV61	GG-...-CCA---	441
HPV2a	G---TT-CAC---	480
HPV27	G---TT-CAT---	480
HPV57	G---TC-CAC---	462
HPV26	-----	453
HPV51	---C-----	456
HPV30	G--GC--A---	462
HPV53	-T-GC--A---	465
HPV56	-T-TAC--A---	468
HPV66	-T-TAC--A---	468
HPV18	-----A---	477
HPV45	-----A--G	477
HPV39	---C----A---	477
HPV68ME180	-----A---	477
HPV70	-----A---	477
HPV59	-----TG-----	483
HPV7	G---TCGTGT--G	465
HPV40	G---TTGTGT---	465
HPV43	G--TATGTGC---	468
HPV16	---C--GC-----	477
HPV35h	---CG-G-----	450
HPV31	---C-----	450
HPV52	.--C-----	447
HPV33	---TGC-C---G-	450
HPV58	-----	450
RhPV1	CTTG----CA-G-	576
HPV6b	C-TGTT-CCC---	453
HPV11	CTTGTT-CCC---	453
HPV44	-CT-...CCT---	453
HPV55	CCT-...CCT-G-	453
HPV13	CCT-...CCT---	453
PcPV1	-CT-...CCT---	453
HPV34	.--GTG-----	447

E6 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

		E2 binding site		
		->in HPV22<-		
most-likely	ATGGCT.....			6
HPV19	-----AACGCACAGGCTACAGAAGAAGAGATAGAAATT.....GTAGAAGAGG			49
HPV25	-----AACTGCAAATGCTGAACAGAGCATAGG.....AC			34
HPV20	-----ACACCTCCTTCTCAGAAGACAGCGCTGATGAAGGA.....CCATCTAATATTG			55
HPV21	-----GACTCTTCAACAGACAGTGTGACGAAGGTCCTTCTCCTAA.....GCGTAGACATTTAGAAG			64
HPV14d	-----GACAACCTGACTCTTCAACAGACAGTGCAGATGAAGGTCCTTCTCCTAAGAGTAACCTATTGTGATAGCA			73
HPV5	-----GAGGGAGCCGAACACCAACA.....			26
HPV36	-----AGAGCAAGCCTCCGAACAGCA.....			26
HPV47	-----CAGAAGGCTTTGGAACAG.....			24
HPV12	-----ACAGCAGGCCGATCAGCA.....			23
HPV8	---ACGGGCAGGACAAGGCTTC.....			23
HPV24	-----			6
HPV15	---A.....			6
HPV17	---A.....			6
HPV37	-----			6
HPV9	---TA-TTAACAGAG.....			15
HPV22	---CAACCGCTTGTGGTAATTTATGCACTGCTTGCATATTA.....TTTAAGTAGGA			52
HPV23	---CAGACTGTGCATTATTTAAGTAGGAT.....			29
HPV38	---AA.....			6
HPV49			0
HPV4	---A.....			6
HPV65	---A.....			6
HPV48	---AG.....			6
HPV50	---AG.....			6
HPV60	---CAGATG.....			9

		E2 binding site		
		in HPV23, HPV49		
		->	<-	
most-likelyCCACCAATACCTGCAACTATGAAGGACCTAGCTGAACTATTAGATAT			53
HPV19	GAACTACTGCACCACAGGTCACAGAG-----T----A-----A--TGCT-GAT----A-C-T-GC----A--			122
HPV25	CACCAGAGCAAGCGCAGGTTATACAG-----T-G--A-----A--T-CT--T----A-CTT----G--A--			107
HPV20	GAGAGGCAAAAACCTCCAATCTTAGAG-----T-G-----A--CTGT-G-----AA---T-----A--			128
HPV21	AAGAAAATACATCTAGCTTTTTTAGAG-----T----A--T--A--TCGT-----CA-T--G----G--			137
HPV14d	CAGAAACCAAATCTTCTTTTAGAG-----T-----A-----ATTT-G-T----AA-C-----G--A--			146
HPV5	...GAAACTGACAGAAAAAGATAAGG--GA-T-----TT--G--T-GA--T-----GCC----GC--			95
HPV36	...GAATATTACAGAAAAAGAAAAAGA--AGC-G---TT-----T---G---GT-A---TC-----GC--			95
HPV47	...ACTACAGTTAAAGAGGAAAAG-T-GA-C----A-T-----T-GA-G-T-----C--T-G----C--			92
HPV12GACAGTGACAGACAGTACG--TGAGC-G--CA-----T-A--GT-----C--T-----			89
HPV8ATATTTAGACACTAATAAGGACGAGC---CT-T----T-A--GT-----CGGCT---G---			89
HPV24CAA---GGT-A-----CAGT-AG--TTA--A--TAG-AG-T-----A----			56
HPV15AGG---AG--TTTT--G--C--C-G--T--A--CACTC-GTG---			53
HPV17AGG---A---CA--AG--G--G--T-----TACC--GTG---			53
HPV37AGG--T-AG--CA-T--G--TC-AC-G--T--A--TACT--TG---			53
HPV9CAGATTATGGACAGG---A---AG---AG-A-----A---CACTC-T-TG--			74
HPV22	TGGGCTGCTATTCTGTATTTCATGGCTTTG-A--G---ACTG--AG-AC--C-A--TAG---TAAG--GAC-G-			125
HPV23	.GTGTACACCAAATTATTGATGGACT-GA-GCG---ACTG--GG-AC--C-A--TAG---TAAG--GACAG-			101
HPV38T-----A---CA---G--C--C-G--CAG---TAAG---ACAG-			53
HPV49ATGG-T-G-----TT-AGG-ATGT--G-----CC-C-AC---A----			47
HPV4GATGGC-G-----CT--G-C--T-CTGCAG--G---C--C--			53
HPV65GATGGC-G-----G--T--G-C--T-CTGCAG--G---T-----			53
HPV48--A-T-T---A-TGA-T--G-TTCATACTGCA--TAT--TA-C--			53
HPV50T-AG-G-G--AA--A-T--GT---TATTGCA-G-A-CA-C-G--			53
HPV60GAAGAAGACAGGT-T--AA---AG--GCT--TTATTGCTCTGA--T-----			62

E6 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	ACCTTTAGTTGATTTTTTACTACCTTGTAACCTTTTGTGGTAATTTTTTAACTTATTAGAAATTGTGTGAATTT	126
HPV19	---G--G-A---C-G---G-G-----T-C-----C-G-----T-AC-----GC---C-----	195
HPV25	T--A---A---GC--G-----C-----C--C--C---A-----GA-C---G---	180
HPV20	---GC--A---G---GA-----C-----C--C-----CC-T--AC-----G-T---G---	201
HPV21	---A-G-A---G---G-----C-----C-T--C-----G-T---G---	210
HPV14d	---AC--A---G---G-----G---C-----G-C-----G-C-----	219
HPV5	C--G-GA---G---A-----C--T--C-----C--C--C---A-----G---GCT-----C	168
HPV36	T--G--T--A--C-G-C--A-----C-----C-A-----GA-----GCT-----G---	168
HPV47	-----A---G---G-----C-----C-GA--C-TGAC-----G-T-----	165
HPV12	-----C-G---GG-----C--T-----C--A--G--C--GA--T-C-G---G-----T---	162
HPV8	T--A--GCAG--C-G--C-G---G-C-----C-----GGA--TC-----C-----G---	162
HPV24	---A---AC---G-G-TG---A-----CAAA-GA---C---G---AC---G---AAC---C---	129
HPV15	-----A--A-A--T-G-----GA-----CAG-GA-----A--A-----AGTAAGT--G	126
HPV17	T--A---G---A---T-----C-GA-----AA--GG-----G---CA-----GTG-CG---	126
HPV37	-----A---G-----G-----C-GA-----TA--GA--C---G-A--A-----ATC-C---	126
HPV9	T-----A-A---G-GA-----A-----CAA-GA-----T--GC-ACT-A-T---	147
HPV22	---G---A---C---G-----GA--C--CA--GG-----C-----G-----C-GC---	198
HPV23	---AG-G--A---C-C--G-----C-GA-----TC--GG--C-T--C-----G--C-A-----	174
HPV38	T--G--AG--C-G--T---C---GA--C--CAAC-G---CC-C--G--CA-T---AC---G---	126
HPV49	---A--TTGG--AG---G--T-----T-----CACGGGG--C---A---CAG--G---TA-----	120
HPV4	TT-C--TT-----GCGC--TA-----TT-----TC-C--AC-G-CGA-CT-GCG--TC-TGC-TT---C	126
HPV65	TT---TT-----GCAT--TA-----TT-----TC-C--AC-G-TGA-CTGCA---TC-TGC--TCG---	126
HPV48	--AGC--TT---C--AG-T--TAAG---T-----AAATT--C-G--T--AT-G-T--TC-TGC-TCT---	126
HPV50	TAG---TT---A--AGAG---AG--CTTG-----AAATT-G--A-T---TGCTT--C--AGC-AGC---	126
HPV60	T-----AAA--C--AAGT--AAA--GTA-----A-ATT--AC-----G-ACAGC-G---GC--C---	135
most-likely	GATTATAAAAAGCTTAGTTTAAATTTGGAAA...GATGATTTGTGTTGCATGTTGTCGTGGTTGTGCTAAG	196
HPV19	---G-----GA-----G-----...G-C-C-----A--T--C-----CT-G-----AC--	265
HPV25	---G-G---GA-----G-----...AT--C-----A--C--C-----CT-----AC--	250
HPV20	---G-G-G---C-----C-----...C--G--T-----C-----T--C---CG--	271
HPV21	---G-G-----C-----C-----...C---G-----C-----T-----GC--	280
HPV14d	---G-G---A--A--C-----...G-C--G--A---T---C---TA--C---AC--	289
HPV5	--C--C---G-----C-----...T--G-----G--C-----C-TA--C--TGGC--	238
HPV36	--GGT-----C-----G...T-C-G--A---C--C-----T-----TGGT--	238
HPV47	-----C-----C-----...CT-CAG--T-A--C--C---TTG--C---C--	235
HPV12	--CA-A--GC---A-CAC-----...G-C-----TAC--T--C---AA-----GC--	232
HPV8	--CA-A--G-GA--GT-CC-----...A--T-CG---TAC--G-----T-----TGT--	232
HPV24	--CACC--TGCT-A---G-----...C-----A-ATA-----TGTT--	199
HPV15	A--CG---GGT--GCAG-----CTGAG--A-----T-----C-----TC-A-----GCA-TT--	199
HPV17	---TA--GGTT-GCAG-----CTGAA--A-----C-----CA--A-----GCG--T--	199
HPV37	---CGA--GGT--CAAC-----CCGAA--A---A---A--G--C---AC-A-C---GC--T--	199
HPV9	---C-C--GTGTT-ACAGC-T-----C-GAG--G---G---A--G-CTC--A--A-C---GCT--T--	220
HPV22	-----G--TT-GCAA-----C-GAC--G--C-----CA-C--C---GC---C--	271
HPV23	-----C--TT-GCAG---C---C-GAA--A-----A-----C--CA---C---GCT--T--	247
HPV38	-----C--G--CT-ACAG---C---CTCAA--G-----T-----A-CA---GCT--T--	199
HPV49	--C-----G-CT---A--GC-G-----...C-GA-----C---GT-----GCA-C---GC---TA	190
HPV4	T--CT---G--A-----G-A-TT-G...GAA---G-TAT-A-----TC--AA--C-TAAG-T	196
HPV65	T--CT--G-----G--TC-GG...GG-G--GCTAC-A-----C--TC--AA--C-TACGTT	196
HPV48	C--A-C---CGA--GTC-G-----G...A--ACACCA-----AC-AAA---TAAG-T	196
HPV50	C--G-----T-AGC-C-TG---AT-G...G-A--CT-----TGCG--CGC-AAA--C-TAAG-T	196
HPV60	T--AT---G--TT-A-AG---G-----AACCG-T---GC...T-----AC-CCG---CTTAG-C	205

E6 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	CAACTGCAACATTTGAATTTAATAAATTTTATGAACATACTGTGATAGGTAGAGAAATAGAAGAAGTAGCAGG	269
HPV19	-----G-G-C-----G-----A-C-----T--GTTT--A----	338
HPV25	-----C-----G-----C--AGC--A-C-----G-----T-----C--TA----	323
HPV20	---A-G---A---G-----C-----GAG-----TT---C---C-----GC---A----	344
HPV21	---A-G---A---A---G-----TC-----TG-----T-----A--A----	353
HPV14d	---A---G-A---G-----G-----GAG-----TGA--C-----GAGT--A----	362
HPV5	-C-----T-A-----CC-----G--G--A--T---A---T--T--TT--CTT----	311
HPV36	---A-C---A---G-----C-G-----C-G--G--A--AT---A---T--T---TTG-CT----	311
HPV47	-----C---A-----GTT-----C---A--A--T-----T--T--GCT--CTA----	308
HPV12	-T-----T-A-----G-----C---A--A--C-----T-----GCTT-CTA-T--	305
HPV8	---C---G-----G---A-----G--A-----C---C---T--T--TT--CTA----	305
HPV24	-T-A---G-----G-A--T-A--T--T-G-G-G-----T-G-----C-AA--A-AA	272
HPV15	-T-A--GCAG-----TC---C-----GT-G---TGTA--T-G-----GAT-----A-CA	272
HPV17	-T-A---CAG-A-----TC---G-----AT-A---GT-A--G--GT---G---A---AGCA	272
HPV37	-T-A---CAG-----CC-GT--C-----G--CT-A--T-GT--G--G--G-----GA---AGCA	272
HPV9	-GT---CAG--A-----CAC-T---T-C---TT-G---AG-T-A-A--T-----ACT---A---	293
HPV22	-TT-A--CCA-----C-GC-G-A---C--GT---T--TAT---C-T-----T--GC--A--A-CA	344
HPV23	-TT---TCA-----A--C-AC-----C-G-TA-----TAT---C-T-----T--GC-G-AG-AGCA	320
HPV38	-TT---TCA--A---G-C-GC-G-----TTA-----CT-T--CC-T-----T---C-G--G-AGCA	272
HPV49	G-T-A---TATCAC--G---C---T-A-C-CC--G-A-T---CG---C-TC-----G-CG---C	263
HPV4	T--G---CTG-----CAAG-G--T-A--T-C--TG-T--A-T-A--C-GT-C-TT-G--G---A-T--TCA	269
HPV65	T--G---G-----GCAAG-G--T-A--T-C-GTG-T--A-A-A--C-GTTA-TT-G-----TCA	269
HPV48	T-----TT--A---AAAG---T---T--TCTG---CA-A-A--CATTGT--ACT-GTT---TTAA	269
HPV50	TGT---T-TC-----AA-G-G-G--A---ACTTGCT--A-A-A--C-TACTTGC--TCT--TT-GATT--	269
HPV60	TT---T-A-----GC-G-A--C-A--T-C-GTG--TGTGT-A--AGA--T-T-----TTC--A-TC-	278
most-likely	AAAATCTATTTTGATATTGATATTAGGTGTCAAAATTGCTTGAAAATTTCTAGATTTAATGAAAAGTTAGAT	342
HPV19	T-----G-C---C-----G---A-----A--G--A--T---C-----C-T---	411
HPV25	T-----A-----C--A--G---A-----CG---A-----A--T---GC-----C-T---	396
HPV20	C-----G-----A--G-C---CT-C-CC--TA-----T---C-C-----C---C	417
HPV21	C-----G-----G-C---CT-C-----A-----T---C-C---A-----C---C	426
HPV14d	C-----G---G-C---CT-T-CC--A-----T-----C-----C--TCGC	435
HPV5	-CTT--A--A-----C-----C-----AGC-----T--CA-T--A-----	384
HPV36	TCGC--C--A-----C-----G-CG---AGCT-----T--CA-----G-----	384
HPV47	CCTT--C-----G---C--A-----T-CC---C--TC-----T--CA-T-----	381
HPV12	-----A---CT-AA-G--A-----G-CG---TC---T---AC-----C	378
HPV8	-CGT--A-----G--A--CG-----C-----TC---T--G---A-C--A--G--A-----	378
HPV24	T-C-C--C---CG--C--AT-G-A-----CC-----A---A--TA--CA-----C-T---	345
HPV15	G--GC--G--GGA-----AT---C-C--CA--TT--TC---GAAAT-----	345
HPV17	C--GC-A--AGGG--A--ACC---C-C--CA-GTT--T--A--GAAAT-G-----C-A--G-----C	345
HPV37	---GC-A--AGGA--A--A-CC--AC-C--CA--TT-----A--G--AT-G---GT-A--G-----G--G	345
HPV9	--C-G---GGAA---TG-----GCT-C--T--T--G--AT---C--G-G--G-----C-	366
HPV22	-CG-C--G-AGGCC-A--T---G--A-----T-----G-C--T-----GC-A-----	417
HPV23	-CG-C---AGGCC-A--TG-----GT---T---G-C--C---G--A-----C-----	393
HPV38	-C-GA-A--AGCCT---T--A-----GT---T--A--G-G---T---G--A-----A-----	345
HPV49	GGCTAA---GC---G--A-TAG-C--A---TC-T---C-T--GAGG-----GT-G-----C-T---	336
HPV4	G---AAG---AAG--A--TGC-----A--CATTGCT--C-T-G---A--T---A-TG---G--A-----	342
HPV65	--GGAAA--AAG--G--TGC--C--A---AT-TG--T---G-C-A---CA-TG---G--A-----C	342
HPV48	---GGAAT-G-CA-----A-----C---C---T-ATTC---T-----ATT-A-----GT-C	342
HPV50	T-G-C--T-GAG---A--C-CA---C-C-----G-----TA--TGT--GT-G---AT-----AC---	342
HPV60	T-TTC--T-GAG-TC-C--TC-G-AC-C---TTTG-----C-T-C---GT--TC---TGCA-----AA-----	351

E6 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	ATCTGTGGTAGAGATCATCCATTTTCATAAAGTTAGAGGCACCTGGAAAGGAATGTGTAGGCATTGTAAGCATA	415
HPV19	-----A---AGA-T---T-----A---A-T-----G-C-----TG-----T	484
HPV25	--T---C---AGA-G---T-C---CT---A---T-----C-----TG-----T	469
HPV20	-----C---A-G-G-----T--TT---G-----C-----TG-----T	490
HPV21	--T-----GA-GTT-TTT-----G-----T-----C-----TG-----T	499
HPV14d	-----	438
HPV5	TG-----C---GC-T---C-----G--G--GAA-G-C---G-----C-----G-----T	457
HPV36	TGT-----A---GA-T---C-----G---C---AA-G-C---G---C-----G-----T	457
HPV47	-G-----A---GA-T---C---C---A---AA-G-C---G--TG-T-----G-----T	454
HPV12	-G-----C-G-GC-T---G--C--C-G-----A--GG---G---T--C--A--G--C-----T	451
HPV8	TG-----G---GC-G---C-----AGGC-----G-T--C---T-----T	451
HPV24	-----A---TC-G-ATT-----G--GA-GGC-----C-C-----G-----G	418
HPV15	--T---TAC-A---GG-G-A---C--C--G-----C---A-----T-----A-----G-GCG-	418
HPV17	-CT---TA---C---G-AG-----G-----C---A-----CT---C--A-----GG-TCG-	418
HPV37	-CT--CTA--CTC-G--A-A---C--G---GC---A-----CT-----A-----GG-TCG-	418
HPV9	-CA--CTA--AGTT-G-G-AG---T---G--C---AA--GC-----T---C--A--C---GG-TCGG	439
HPV22	-----CT--TCCA---A-----C--G-----ATCA-----G---G---C---C---AGCA-	490
HPV23	-----A--TTTA---A-----C--G-----AATCA-----G---G---C-----G-A-	466
HPV38	-----T-CTCTC---AG-----C--G-----A-----G---C-----C--AGCA-	418
HPV49	--T---CACAGC-CAGAGAG-----C-G-----AAT-GG-----GG-----A---C-GAGT--	409
HPV4	T-A-TATACTCT--CG-GA-T-GCT--TT-A-A--G--TTTG---GG--CTAT--C--AA-----TTAGG-	415
HPV65	T-GCTGFACTCT--C--GG-C-GCT-CTT-A-A--G--TTTG---GG--CTAT--C--AA---C--TTAGG-	415
HPV48	CAT-TATA--AT---GT-GAT---TGTT-A--C-C--G---G---TG-T---AA-----TCAGCC	415
HPV50	TGTAT-T--CAC-G-GG-TAT-----TT-----T-A-----GG--CTGT---AA-----T-CG-AC	415
HPV60	TGTATAAT--T-G--AAAC--T--CTT--A--G--TCGC---G-TC-TAT---AA---C--TTG-G-	424

-> E7 start for HPV15, HPV17, HPV9, HPV49

-> E7 start for HPV12

E7 start for HPV5,

-> HPV19, HPV25, HPV47, HPV8

E7 start for HPV4, HPV65 ->

most-likely	TATATAATGAT.....GGATGA	432
HPV19	-C-----.....T-G-A-	501
HPV25	-C-----.....T-G-A-	486
HPV20	-T.....CA--A-	498
HPV21	-T.....CA--A-	507
HPV14d	438
HPV5	-T---C-----.....T-G-A-	474
HPV36	-T-----.....T-G-A-	474
HPV47	-T--C-----.....T-G-A-	471
HPV12	-G---CTGA--AATGATC-G-A-	474
HPV8	-G---C-----.....T-G-A-	468
HPV24	--.....-A-	423
HPV15	--.....-A----	426
HPV17	--.....	426
HPV37	--.....	426
HPV9	--.....-A----	447
HPV22	--.....-A----	498
HPV23	--.....-A----	474
HPV38	--.....-A----	426
HPV49	--.....-A----	417
HPV4	A-.....CA----	423
HPV65	A-.....CA----	423
HPV48	AT...G-G-GG.....A---A-	429
HPV50	AT.....-G-----G---	426
HPV60	A-.....---	429

E6 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

SuperE.con		ATGGCATCAACAAGCGGTG	19
HPV41		-----	19
Unclass.con		ATGC	4
MmPV		----	4
SuperC.con		ATGGACCTG?AA??TTT	14
		degenerate E2 binding site in BPV2	
		-> <-	
GroupC1.con		ATGGACCTG?AA??TTT	14
BPV1		-----A--CC---	17
BPV2		-----C--AG---	17
SuperE.con	TGGGATCC?T?????G?????tgagaga?g??c?ccac??tCggT??gggAgcTgtg????c?ct		59
HPV41	-----G-CGGGCCT-CAAGCTGTTGC-----C-CAGAAG----ATA-CA-AC-----T----TTTGG-G-A		92
COPV	A-GTTTTGG-GGGCACTGT-ATCA-T-GAG-GC--GACG-----GA-A--T--T--CATGT-T--		65
CRPV	A-----ACTGC-TG----GC---C-AGA-A-----CAGCAAATAT-		47
GroupE1.con	ATG????GACA?C??T?C??C?GT??G??A?CT????????CT		19
HPV1a	ATGGC----C-AA-C-GGA-C--CA-AC-G--TTCCGAAAGC--		44
HPV63	---GACCT----T-TG-A-ATT-G--TC-GG-T--GAGTCTGCT--		47
	degenerate E2 binding site		
	->in MmPV <-		
Unclass.con	CGCAGCCCACCAGACCGTATTCTGTTTCACTGGAACCTTTGCA??GA??AC??TG?A????T??TG?A????CT		56
MnPV	-----TG--TAGG--CG--C-CTCCT-TG--G-GCGG--		35
MmPV	-----GA--GTAC--TT--G-GCAGC-AC--A-ATTT--		77
SuperC.con	Ta?g?g?g?c?At?ccT??cAg??Tgg?cTgTgT?TggTGCa?ggag?ctcTt?ca?A?GTtGAtGcTttt		68
GroupC1.con	T?C?AGA??CAATCC?TTCTCAGG?TTGG??TGT?T?TGGTGAG?GAGCCTCT?ACAGAAGTTGATGCTTTT		75
BPV1	-G-A---AC-----A-----G---AT---C-G-----A-----T-----		90
BPV2	-T-C---GG-----T-----A---CC---G-T-----G-----C-----		90
GroupC2.con	ATGT?TG??GA?T?CTATG?A?A?CT??CTG??T?T??TGC?A??G??T?G??AAGGT?GA?GC????		39
EEPV	----G--GC--A-G----C-T-C--CAC---CA-C-GG---A-GAAG-GCT-A-AT-----A--T--AAAG		72
DPV	----C--CT--T-A-----A-C-T--ATA---TG-A-TT---T-CTGT-TTC-T-GA-----G--A--TCGC		72
SuperE.con	?ca?atc?CaTtt?ttgat?Tg??g?Tt?ctTGcaatTtTTGc??aA?tttctTtac?aatgc?GAaAa?ctg		116
HPV41	G--G--AA-T-A-CCATGCA-ACA-C-CTGC---C---A-----TAT--GA-C---GCGTATTG--T-TTTAC		165
COPV	AA-GC--T-T--GC-----C--TC-C-G-----A-----TGGC--TAA-A-A--A--ATA-----G---		138
CRPV	A--A--AT---GGAG--CT--CC-T--GG---T-TA-----GGG--A--G---GGGC---A-----A-AA		120
GroupE1.con	C?GTATCCCAT?TATTGAT?T??T?T?CCTTG?AATTTTTG?????A?TTT?T??C?AATGCTGA?AA??TG		70
HPV1a	-T-----A-----G-TT-AT-G-----T-----TAATT-T---T-GT-T-----G--GC--		117
HPV63	-C-----T-----T-GG-TG-T-----C-----CTTGA-A---C-TA-A-----A--AT--		120
Unclass.con	?????TT?CT??GGA????CT??TGCT?CC?TGC??TT?TGC??AG?TTT?T??C??A??A??C??C?		89
MnPV	GGGAA--C--CG---GGAC--CC---G--G--ACA--C---TCG--G---C-TACC-AGG-GG-ATTAA-T		108
MmPV	AAATG--A--TT--TACT--TA-----A--T--CAT--T---AGT--T---A-GGAT-TTA-TA-TAAGG-C		150
SuperC.con	?G?TGCa??g?AAA?A??Tt????t?Gt?ttc?G?gaaGG?...?t?a?atgTG?tg?atGTACcactTG?c		114
GroupC1.con	AGGTGCATG?T?AAAGACTTTCATGTTGTA??CG?GA?GG?...??A?AT?TGGTGCATGTACCA?TTGTC		131
BPV1	-----G-C-----ATT--G--A--C...TGT-G--A-----T-----		160
BPV2	-----A-A-----TAC--A--T--T...GTG-A--T-----C-----		160
GroupC2.con	CGATGC?ATGA?AAAAAAT?AGAA?AG?G??AG???GG?...?????TGTGC?GT?TG?AC??C?TGC?		83
EEPV	-----C-----A-----A---T--C-TGC--GAAC--A...AAACAT-----T--C--T--AT-T---C		142
DPV	-----T---C-----T---C--T-GTA--AGGA--G...CTCAGA-----A--T--C--TG-A---T		142
SuperE.con	cttTTtgAt?a??tggttTgca??Tt?tcTGGcagAaaa?...t?ggcgtttGg?tgctGTca??acTGTg		174
HPV41	GC---C--CC-GAGCT--C--T-CT-ATC---G---GGG...GG-C-AACG--TATT--TCTC-G---A		235
COPV	-----A-AGC-----T--GT-AA-----C...AAC--A-----A-----GT-----		208
CRPV	T-G--CA-ATGCACG--GC-ATGCA--G-A---ATA--GGG...-G-C--A--GAC--CAGAG---CA		190
GroupE1.con	CT?TTTGAT?ATTTTGA?TTGCATCTT?TCTGG?GAGA?AAT...TT?GTGTTTG??TG?TGTCa??G?TGTC		127
HPV1a	--T-----C-----T-----A-----A---C---...-G-----GA--C-----AG-G---		187
HPV63	--G-----T-----C-----A-----C-----T...-C-----CT--T-----GT-C---		190
Unclass.con	????T?????T??T??T??TAA??TT?TT??A?AG??G?...TG????A?GG??TGCA????TGT?		115
MnPV	GCA-TTGACTT-AG-GCTT-T--CC--G--TGG-G--GAA-G...--TGCC-T--AATC----CAGCC---G		178
MmPV	AGC-ACCTTGC-TC-CAAC-A--GG--A--GTT-A--ATT-T...-CTTTA-G--GGCT----TTAAA---C		220
SuperC.con	T?GAaAAc?Gg?Ta?at?ttGAAAGaagaCT?tg?c?aggt?taCCagTa?a?gtG?gga?g?tgAa?????		167

E6 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

	5' sj for BPV1 \/	
GroupC1.con	TTGA?AACTG?TTAG?TA?GAAAGAAGACT?TGG?AAGGTGT?CCAGTAACAGGTGAGGAAGCT?AATTATT	195
BPV1	---A---T---C---CT-----T---C-----T-----G-----	233
BPV2	---G---C---A---AA-----G---A-----G-----C-----	233
	E2 binding site ->in EEPV <-	
GroupC2.con	TGGAAAA?GGGCT?TA?CT?GAAAG????CT????T?C????C?ACC??T?TA?C??GG??C?T??A?..GA	123
EEPV	-----T-----G---C---T-----GTCC---TTT---C---TGGG---G---CA---C---C---CT---AGA---C---GT---T...--	212
DPV	-----A-----C---T---G-----AGTG---GAA---G---GCCT---A---TG---A---T---AG---GTC---A---TG---A...--	212
SuperE.con	Ctaga?t??ttag??t??TgGAgttt?tttt?a??atca?g?gtctt?tg?gc??gga??t?gaaga??t	223
HPV41	----G---GC---GCAAGGC-----CAC---GCACGGC---CG---A---T-----G---A---CAGCCGTC---GCCGC---CT-	308
COPV	-A---G---CTGC---CG---TG---CAATG---GGAAGC---CAGACAC---TGA---TT---TGA---GC---T---TC...AA	278
CRPV	--GT---T---GTC---T---TGCTT---TC---TA---G---C---CCT---GCTCTTA---GC---C---T---TTT---GGCT---CGC-	263
GroupE1.con	CTAG??TGTAG?CT??T?GAGTTT?T??TATATCAGGAGTCTT??GAGGTA?C?GAA?TAGAAGAA?T	183
HPV1a	---AAC-----C---AT---G-----G---TT---A-----AT-----C---G---A-----A-	260
HPV63	---GCA-----T---GC---T-----A---GC---T-----TC-----T---T---G-----T-	263
Unclass.con	??CGT????TGC?T???AGA???G?????A?CA?????T????G?????AG????GT??G????	136
MnPV	CT---GTCTG---A---CCCT---CCT---TTTCTGC---C---TCAGAA---TCGC---ACCATT---CAGAT---TCT---CGGGA	251
MmPV	GC---AAGCT---T---TTGC---AAG---CAGAAAT---T---AGTATG---GTTG---GGAGGC---ATTTG---AGA---GCTAT	293
SuperC.con	GC?tG????atcccTgatagcct?tgCATaAGATGC??TACTGTGGgGaaaaCTaAcC??a?AcGaaAA?	227
GroupC1.con	GCATGGCAAA?C?CTTGATAGGCTTTGCATAAGATGCTGCTACTGTGGGGG?AAACTAAC?AAAAA?GA?AA?	261
BPV1	-----A---A-----C-----A-----T---A---A	306
BPV2	-----T---C-----A-----C-----C---G---G	306
GroupC2.con	GCC?GATCC?T??T?????C??CAT?AGATGCATGTA?TGTGG?GGA??CT?ACCCG?GACGAAAA?	171
EEPV	---C---A---GGG---CATGTTCAA---GA---T-----T-----T---TGC---A---C-----A	285
DPV	---T-----T---TCA---TCAAAAAGC---TG---A-----G-----ATA---G-----G	285
SuperE.con	??T?g??cag?c??T?????a??ttg??T?AG?TGTgt?a?ATGC?taa?aa?acTga?tgttgc?GAaAAg	269
HPV41	TA-A-GA---AGCC-CAGCG-CC---AGG-G-G---G-GG---C---GCTCTT---ACAATC---TG-----	381
COPV	CG-AACAA---A---CT---GCAGC---GC---AGTC---T---A---T---AGG---C---C---GT---TT---G---AG---G---C---A	351
CRPV	GG-T-GT---GAAA-ATCTAGCTGTTTCA-GC-T---ACAGTT---GG---G---G-T-A-C-A---C-A-----	336
GroupE1.con	??T??A??ACCT?T??T??A?ATTG??T??G?TGTGTTACATGCA?AAAAAACTGA?TGTT?C?GAAAA?	232
HPV1a	TT-GG-CAG---T---AT---GC---A---AAC---CC---T-----T-----G---G---T-----A	333
HPV63	AC-TA-TCA---C---TG---AA---T---GTT---AA---G-----C-----C-----T---A-----G	336
Unclass.con	?G????T?????T?????CT?A?G?CG?TGT?G?G?TGC?T?????T?CT??C?G?G?CAGA?AA?	166
MnPV	C-AAAA-CTTACAC-CCACGGA--G-AA-CA--G---C-C-TG---A-GAAGA-A--GT-A-T-A---A--G	324
MmPV	G-TTGG-TCACATG-TATTAAC--A-CC-TT--C---A-T-AA---C-TGCTT-G--TA-T-C-T---G--A	366
SuperC.con	?Ag?GgCA????cttTtTaAtGAgcctTtctg?A?A??cAG??T?A??Ta???.?gAGacGcT	271
GroupC1.con	CA?CGGCATGTGCTTT?TAATGAGCCTTT?TGCAAAAC?AGA?CTAACATAAT?AGAGGACGCT	319
BPV1	--T-----T-----C-----G---G-----T	370
BPV2	--G-----A-----T-----G-----A	370
GroupC2.con	GA?AG?CACAGA??T??T??GA??T?C?GATATTCAGG?ATCAGGT?C??GG??G?T	210
EEPV	--G---A-----CTG---TGT---AGAC---T---TG-----C-----G-GG--AC-T-	346
DPV	--C---G-----TAT---GAA---GCCT---A---GT-----A-----T-TT--CA-A-	346
SuperE.con	?t?ga??Ta?t??ctgaag??a?gTtcaTagagTtag?aa?a?AggGgaaagT	311
HPV41	GATT-CA--T-GCGG---ACTGTGCT--G-----A--G-CGGG-TCTGG-CT-	442
COPV-AC--TGTG---TTGA-CGATT--TC-GTG--C---GGGG-A-ACT-CTT--	409
CRPV	A-T--AT--AGAG--AG-AATTGC-CGC--TG-T-TA--GAT--AGGTCAATATTTCCAGTGG----TC-T-	409
GroupE1.con	TT?G??GTTGT?TC??GAGAGAAAGAGT?CATA?AGT?AG?AACA?A?T?AAAGCAAAGT	278
HPV1a	--G-AG----G--AAAC-----G---G---T---A---G-C-T	394
HPV63	--A-CT----T---TGCT-----T---A---A---G---A-T-C	397
Unclass.con	CT?GA?????????G?A?C?T??T??AGT??GG??C??GTGGAG??C????T	190
MnPV	--A---GTGTGCAGAAAGAGG-G-AT-C---GCCAA---CA---GG---CA----GG-ACGG-	385
MmPV	--T---TGCCAAGTGTGAGCT-C-GA-T---ATTTT---GC---CA-AT----AA-TTCC-	427
SuperC.con	GCTAcgaCTGc??cAG?CATGGttcaaGgtCca?ctacc?atag?C????GC??CCG??TGA	319
	E7 start for BPV1, BPV2 ->	
GroupC1.con	GCTACGACTGCTGCAGACATGGTTCAAGGTCCAA?TACCCATAG	362
BPV1	-----A-----	414
BPV2	-----C-----	414

E6 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

		E2 binding site	
		->in EEPV <-	
		E7 start for DPV, EEPV ->	
GroupC2.con	GCTA??CTG?AC?AGGCATGG????G??C??C????A????C??GC??CCG??TGA		240
EEPV	----TCT---C--C-----TTCAC-GC-CC-GTACA-AGAAA-ACCT--CG---TA---		408
DPV	----CAC---T--T-----CATGT-CT-GG-CCCTT-CCGGG-GAAC--TA---GC---		408
E7 start for COPV ->			
SuperE.con	GtagtttgTgcaga?T?t?a????atagGATTTGGGGGGCTATCCCCGAGTCCCAGTCGCTGCGGGGA		376
HPV41	--GT-CGA--T-TGG-AGG-CTGTAT---		471
COPV	--TCGC-----C--T-ACC-CCATG-		435
CRPV	-C-----CT----A-C-G-C-GACCA-GGT-----		482
GroupE1.con	G?AGTTTGTG??G??T?TA??TATATA?		297
HPV1a	-T-----TC-CT-G--TGC-----A		423
HPV63	-C-----CA-AC-C--CAT-----G		426
Unclass.con	GCAGA??TGCA?A?C??G??AATAGAATGCTAG		215
MnPV	----ATT---A-C-CGT-TA-		408
MmPV	----GCG---G-A-TCC-GC-----		462
SuperE.con	ATGTGACGAGTGTTCGCTCCCGACCTGACACATCTAACTCCGGTGGATCTGGAGGAACCTGGATTATATCCA		449
CRPV	-----		555
SuperE.con	GGCCCCGAAGGAACCTATCCGGATTTAGTTGACCTAGGGCCAGGCGTTTTTGGGGAAGAAGACGAGGAGGGGG		522
CRPV	-----		628
SuperE.con	GTGGGCTGTTTGACAGCTTCGAGGAGGAGGATCCTGGACCAACCAGTGTGGGTGTTTTTTTGCACCAGCTA		595
CRPV	-----		701
SuperE.con	TCCGTCCGGAACAGGTGATACAGATATAAATCAGGGACCGGAGGAGCTGCAGGGATTGCACTGCAGTCAGAT		668
CRPV	-----		774
SuperE.con	CCAGTCTGTTTCTGTGAGAATTGTATTAACTTCACAGAATTAGATGA		716
CRPV	-----		822