

E7 SuperGroup A Markov Protein Alignment

	-	CR1 domain	-	-> pRb bind
			[Contains NLS
		E6 end, HPV27, 57, 2a, 7, 40 <-		
		E6 end for HPV6b, 11, 13, 3, 10, PCPV1 <-	-	CR2 domain
		E6 end, RhPV1 <-		
				High vs. Low D
most-likely M	HGPKPTLKDIVLDLEP	PEPVDLHC 25
HPV54	-.....	--NVA-IE-----K-	--F--Y- 24
HPV32	-.....	R-NA-----I-YDL-TCDP	TCDTP----	Y- 33
HPV42	-.....	R-ET-----FDI-TC	ET-I--Y- 27
HPV3	-LHVSQTTGKGREGQTPQRKAKTAQNIWSLEGELSVLLVTM	--H--I--E-S-A-	-D-PAL- 64
HPV28	-.....	--H--V--E-S-A-	-D-PVQ- 24
HPV10	-.....	--H--V--E-S-A-	-DIP.V- 23
HPV29	-.....	--V--E--A-	-A-P-V- 24
HPV61	-.....	--QVA-I----EER-	-V----- 24
HPV2a	-.....	--NR-S---T-I-DEI	--I----- 26
HPV27	-.....	--TR-S-A--T-I--EI	--II---- 26
HPV57	-.....	--ER-S-E--T-I--EI	--I----- 26
HPV26	-.....	--NIINIE-VI--V-	QPEI--R- 25
HPV51	-.....	R-NV-Q--V--H-T-	QTEI--Q- 25
HPV30	-.....	--KVT-IPEYI--V-	QTEI-- 25
HPV53	-.....	--NV---PQYIIE-I-	QTEI--Q- 25
HPV56	-.....	--KV---Q-V--E-T-	QTEI--Q- 25
HPV66	-.....	--KV---QVI-E-A-	QTEI--Q- 25
HPV18	-.....	---A-Q---H---QN	EI----L- 27
HPV45	-.....	--RE--QE--H--QNE	LD----L- 28
HPV39	-.....	R-----QE----C-YNE	IQ---V- 28
HPV68ME180	-.....	-----VQE---E-C-CNE	I-----V- 28
HPV70	-.....	--R--QE----Y-YNE	IQ---V- 28
HPV59	-.....	---A-C-----QN	Y-E---V- 27
HPV7	-.....	--ER--G-----Q-	--S-S- 24
HPV40	-.....	--ER--G---N-H-	---C-N- 24
HPV16	-.....	--DT--HEYM--Q-	-TT--Y- 24
HPV35h	-.....	-EIT--Q-Y-----	-AT--Y- 24
HPV31	-.....	R-ET--Q-Y---Q-	-AT--- 24
HPV52	-.....	R-D-A-I--YI--Q-	-TT---- 24
HPV33	-.....	R-H---EY---Y-	-T--Y- 24
HPV58	-.....	R-NN---REYI--H-	-T--F- 24
RhPV1	-.....	I-----E-----Q-FPQ	-Q---M- 28
HPV6b	-.....	--RHV-----Q-	-D-G-- 25
HPV11	-.....	--RLV-----Q-	-D-G-- 25
HPV44	-.....	--NYT--E---Q-	-D-G-- 25
HPV55	-.....	--NY---E---E-D-	-D-G-- 25
HPV13	-.....	--KY-----E-T-	-D-G-- 24
PCPV1	-.....	--KYT-----S-	-D-G-- 24
HPV34	-.....	--K--SVQ-----K-	TTET--T- 25

E7 SuperGroup A Markov Protein Alignment

```

Contains NLS          ]
CR2 domain          -|
  CKII bind HPV6b
    ->  <-
      CKII bind
        ->  HPV18  <-
          CKII bind
            ->HPV16 <-
              cysteine doublet
                -> <-
pRb bind <-          |- CR3 domain
most-likely YEQLD...DSSEE.E.DEVDGLA.....EQAQQAR.TE.....CYR..IVTTCCK.CNSTVRLVVESTH 75
HPV54      R---E.....-DA-D-...TAVT.....QPDK--.....FK..VLSQ-GGV-CK----C-Y--- 69
HPV32      ---F.....T-D-DD-.-D.-QPI.....K-DI-R.....-...-CG-TQ.-GRS-K---S-G 79
HPV42      -----D-.D....-Q-.....K-DI-R.....-...-LCV-TQ.-YKS-K---QC-E 68
HPV3       NV-----ED-.Y....INAV.....-P-----.....-C..V--V-P-.-S-QL-----CS- 105
HPV28      NV-----DY...TNVE.....-P-----.....V--L-P-.-S-PL-----CS- 65
HPV10      NV-----DY...TDAV.....-P-----.....V--E-T-.-SLPL-----CS- 64
HPV29      N-----D-.-C.IDVV.....-P-----.....V--L-T-.-ST-L-----SE 68
HPV61      N---L.....-S-.-E-.-SVREQ..LV-----.....V---GI.-KCP-----QCGD 73
HPV2a      D--F.....-----.-.NN.HQ-T.....-PDV--.....-G..V-----GR-----CGQ 70
HPV27      D--F.....-E-.-.NN.HQ-T.....-P-V--.....-G..V-----GRA-----CGP 70
HPV57      D--F.....-N---.D.TN.YQ-T.....-P-V--.....-G..V-----H-----CGA 70
HPV26      -----YEQF---D-D-.TD.NMRD.....Q--R--G.Q-V.....-...-EAQ--M.-I-Q-A-Q-SR 80
HPV51      ---F.....-----.-.---NMR.....D-LPER.-AGQA...T---...-EAP--R.-S-V-Q-A--SG 77
HPV30      ---N...S-E-D-.-.---N-Q.....K-P---.Q-EQ..HP-L..-N-Q--R.-A-A-Q-A-Q-PT 80
HPV53      H--N...S-ED-D-.-.---H-Q.....-P---RD-QH...P--L...-E-Q--R.-E-L-Q-A-Q-ST 80
HPV56      N-----S-ED-D-.-.---H-Q.....-RP---.QAKQ..HT--L...-HVP--E.-KFV-Q-DIQ--K 80
HPV66      N-----S-ED-D-.-.I-H-L.....-RP---.QAEQ..HK--L...-HVP---ELV-Q-DIQ--K 80
HPV18      H---S.....-E-.-.N.-I--VN.....H-HLP--RA.....PQ-HTMLCM---EARIE-----SA 80
HPV45      ---S...E-E-.-.N.-A--VS.....HAQLP--RA.....PQ-HK-LCV---DGRIE-T---SA 81
HPV39      H---G...E-ED-.I.-P-HAVNH...QH-LLAR-.D.....PQ-HT-QCS---N-LQ---ASR 83
HPV68ME180 H---G...-DD-.I.-P-HAVNH...HQH-LLAR-.D.....QQ-HT-QC----NLLQ---ASR 84
HPV70      H---E...-DN-.T.-P-HVNVH...QQ-LLAR-.E.....PQ-HK-QCM---T-LH---ASQ 83
HPV59      ---P...-DS-N-K--P--VN.....HPLL--RA.....PQ-HN--CV---NQLQ---TSQ 82
HPV7       N-----S-DS-DD.H-Q-Q-DSSHNRQR--PT-QD.LQV...NLQSFK--H-VF.-HCL-----HC-A 86
HPV40      N-----S-DS-DD.H-Q-Q-DSLHSRER--PT-QD.LQV...NLQSFKV--R-VF.-QCL---A-HCSI 86
HPV16      ---N.....-I--P.....G--EPD..RA.....H-N.....F---D-L-C-Q--- 73
HPV35h     ---C.....-E-.-TI--P.....G--KPD..-S.....N-N.....S---EA-L--C-Q--- 74
HPV31      ---P.....-D-.-.VI-SP.....G--EPD..-S.....N-N.....F--Q.-K--L--C-Q--Q 73
HPV52      ---G.....-D-.-.T--VDRP...DG--E--.-S.....N-Y.....Y-HS.-D--L--CIH--A 75
HPV33      ---S.....-D-D-.GL.-RPD.....G--P--.-A.....D-Y.....C-HT.-T---C-N--A 73
HPV58      ---C.....-D-D-.IGL--PD.....G--P--.-A.....N-Y.....C-YT.-GT---CIN--T 74
RhPV1      ---S.....-D-.-.---HHHNN...QQQH-H--P-VPEDGD---SD-YS.-GKPL---V-S- 88
HPV6b      ---V.....-D-.-.V.-EVD.....G-DS-PL.KQ.....HFQ...-C-G.-D-N----QC-E 73
HPV11      ---E.....-D-.-.V.-KVD.....K-DA-PL.-Q.....H-Q...-L-C-G.-D-N-----C-D 73
HPV44      N-----D-.-.V.-E-----T--T-DV.-Q.....P-Q.....-GT.-SRK-----QC-G 72
HPV55      N-----D-.-.V.-E-----T--T-DV.-Q.....P-Q.....-GT.-RN-----QC-G 72
HPV13      N-----D-.-.V.-EQ-----T--T--TF-Q.....H-Q.....-L-S-S.-C-N-----C-G 76
PCPV1      N-----D-.-.V.-EQ-----T--T--TF-Q.....H-Q.....-C-GQ.-D-N-----DC-G 73
HPV34      --S---...N-ED-D-.TD.SH-E.....R--E-----W--D-SR.-Q---C-TI--- 72

```

E7 SuperGroup A Markov Protein Alignment

	CR3 domain	-	
	cysteine doublet		
	-><-		
most-likely	ADIRVLQQLLL.GTLNIVCPLCA..S..RQQ1		101
HPV54	TG-----E--HQDA-Q----T---L		95
HPV32	---QQ-H-M--.D--G-----C..VE		104
HPV42	---N---M--.---D-----R..VE		93
HPV3	---AFE----.---TV---R-V		127
HPV28	---A-E----.---TV---R-V		87
HPV10	---A-E----.---KL---R-V		86
HPV29	---AF-E---.R--K---R--		90
HPV61	--LK--HE---.D-S---G--		95
HPV2a	--L-E-E--F-.K--TL---H--		92
HPV27	E---D-E--F-.K---L---H--		92
HPV57	---H-E--F-.N--T---R-V		92
HPV26	QNV---E-M-M.EDVSL--HQ---A..Q		104
HPV51	DTL--V--M-M.-E-SL---C---N..N		101
HPV30	KEL-A---M-M.-A-EL-----TR.-		105
HPV53	KEL-I---M-M.--VEL-----TR.-		105
HPV56	E-L--V---M.-A-TVT-----S.N		105
HPV66	EEL--V---M.-A-TVT-----S.K		105
HPV18	D-L-AF---F-.N--SF---W---Q.Q		105
HPV45	E-L-T---F-.S--SF---W---TN.Q		106
HPV39	DTL-Q---FM.DS-GF---W---TANQ		109
HPV68ME180	ENL-NVEL-FM.DS--F---W---TETQ		110
HPV70	ENL-S-L--FM.E--SF---W--SGT..Q		109
HPV59	DGL-A---FM.D--SF-----AN.Q		107
HPV7	T---QVH---M.-----N--A.T..A		111
HPV40	T--TQF---M.---H---N--A.T..E		111
HPV16	V---T-ED--M.---G---I-S..Q..KP		98
HPV35h	I---K-ED--M.--FG---G-S..Q..A		99
HPV31	V---I--E--M.-SFG---N-S.T..L		98
HPV52	T-L-T---M--.---QV---G---R..L		99
HPV33	S-L-TI---M.--V-----T---Q..Q		97
HPV58	T-V-T---M.--CT---S---Q..Q		98
RhPV1	EEL---ED--M.---D---S---V		113
HPV6b	T---EV-----I---P..KT		98
HPV11	G---Q--D---I---P..KP		98
HPV44	T--HH-HT---.S-D-L--V---P..KT		97
HPV55	T--CQ-HT---.S-E-L--V---PK.N		97
HPV13	P--HD-HD---.-----P..KS		101
PCCPV1	S--QH-HK---.S-----P..QT		98
HPV34	--LL--ED--M.-A-K---N-S..R..L		97

E7 SuperGroup B Markov Protein Alignment

```

                                cysteine doublet
                                in HPV5, 36, 47, 12, 8 -><-
                                cysteine doublet
                                in HPV19, 25, 20, 21,
                                15, 17, 37, 22, 23, 38 -> <-
    <- E6 end, HPV15, 17, 9, 49, 4, 65
    <- E6 end, HPV5, 19, 25, 47, 12, 8
most-likely MIGKEVTLQDIVLELSELQPEVQP.V.DLHCEEEL...PEEQ.QET...EEEPDIERTPYKIVAPCG..GC 60
HPV19      -----I-----F-----T-----A--SA--V-VL---C- 60
HPV25      -----FT-----F-----A-H-----A-D---V-----C- 60
HPV20      -----N-----F-----N---R-----Q--AS--V-----C- 60
HPV21      -----N-----F-----S-----LP---A--V-T---C- 59
HPV5       -----V--I---V---L---F-----N-----N--IS--VI---CRN- 61
HPV36      -----V-----V---L---F-----N...D-----L-T--IVF-VI---CSH- 60
HPV47      -----VR-----V---L---F-D-----N...QA-----L--D-VVF-VI---CSC- 61
HPV12      -----V--FT-----L---L-----N-----S--D--VF--I---CSS- 61
HPV8       -----V--F--K---I---L---L-----N-----L-----VF---CSC- 61
HPV24      -----T--P-T-----D-----V--E...RA---ILC--G-- 53
HPV15      -----A-IP-----EL--T---Y-----S-----R..FI-----V--C..F- 53
HPV17      -----A-IP-----QL--T---Y-----S--E.T-----R..I-----C..F- 55
HPV37      -----A-IPE-----EL--TA---Y-----S-----RP..HI-----C..F- 54
HPV9       -----A-IPEV-----EL--TA---Y-----T...PA-----QC..L-----G.... 53
HPV22      -----QA--C-----E...L..-L-I---H-----LP.E-LEESV---E..Y-----VY--- 58
HPV23      -----QA--R-----E...L..-I---H-----T--V.E-AV...V---E..Y-----IVV--- 55
HPV38      -----QA--R-----E...L..-I---H---PD.L--D..I-ASV..V---A..Y-----IVL--- 58
HPV49      -----IP--I-QE...E.FG--I---Q-Y-N-TAEA-A--EL-A...--L--QGI---VI-T--G-- 61
HPV4       -R-AAP-VA-LN---.NDL-L-A.N-LS--V-QS.SDD-Y.EI-...--S...VV-FR-DTC-Y..R- 57
HPV65      -R-AAPRVA-LN---.NDL-L-I.N-LS--V-Q..PSDDE.S-A...P--E...LF-FR-DTC-Y..R- 56
HPV48      -R-DKA-IP--E--E...L..-L-A.N-ISD-S...SPD..ATA...--FC--R-DSK-H..N- 50
HPV50      -R-DKP-IP---E...L..-L--N-LS-D-SI...ETD..DIA...-S...-S-F--DST-K..H- 50
HPV60      ---NQPNVNNLDVN...EEL-L--.S-LAD-----SPD..GDP...--E...HY--T-DTC-K..P- 53

```

```

                                cysteine doublet
                                -><-
most-likely EVKLRLFVLATDFGIRTFQELLL.GELQLLCEPEC.R.GNCRHGGSGI 103
HPV19      K----I--K--Q-----L-DI-I.E-----N---V 102
HPV25      ----I--K-----L-N--I.E-----K---- 102
HPV20      K----I-IS--E-A--S--Q--I.D-----D-.---K---- 102
HPV21      K----I--N--Q-A---N--F.E-----K---- 101
HPV14d     -I-IT--E-AL---N--F.EQ-----K---- 38
HPV5       ----I--H--E---A--Q--T.-D-----D-.---K-D-- 103
HPV36      ----V--Q--E---A--Q--T.-D-----E--- 102
HPV47      ----I--N--NR-----T.-D-----K---F 103
HPV12      --N--I--N---T---L-D--I.SD-----K---F 103
HPV8       Q-----N--S-----F.RD-----K---- 103
HPV24      GTR-----A--Q---GL-D---E-VVI---D.-NSDLQ---Q 96
HPV15      DS----I-V--P---SQ-D---E-VK-V--G-.EKL--V 93
HPV17      GS----I---HA---SQE-----V--V--N-.EKL--D 95
HPV37      GS----I-V--PI---SQE-----V--V--N-.KL--D 94
HPV9       GAR---Y---NL---AQ-----DI--V-----RL--E 93
HPV22      DT--K-YI---LS---D--TS--.PVK---T-.EEI-N-RR 100
HPV23      -TQ-K-Y-----S--AS--.ENVK-V--A-.EDI-N-RR 97
HPV38      --R-K-Y-W---A---NL-DC--.-DVR---T-.EDI-N--R 100
HPV49      GAR--V-----AA--S-----E---F---Q-.EEI-N--R 103
HPV4       --AV-ITLY-AEL-L--LEQ--VE-K-TFC-TA-A.SLN-N-R 100
HPV65      --NV-ITLF-VE--L-ALEQ-IVD-K-TFC-TT.A.RTL-N-R 98
HPV48      GCRI-VT-A--E---C-EQ---K--C-F--A-S..QLP-N-R- 93
HPV50      HCRV--CCV---AA--V-EC--Q.S-FSF--LK-SK.ELL-N-RT 93
HPV60      GAGV-FTII--PSAVI-LRQ---.Q-VF-T-LR-S-.SLF---R- 96

```

E7 SuperGroups C-E Protein Alignment

SuperC.con	MmvqgP?Thrn..L?ds??pL?l????gtptr?	21
	E6 end for BPV1, BPV2 <-	
GroupC1.con	MVQGP?THRN..LDDSPAGPLLLILSPCAGTPTR?	30
BPV1	-----N-----S	32
BPV2	-----T-----V	32
	E6 end for DPV <-	
	E6 end for EEPV <-	
GroupC2.con	M????P?T???.LP??ESP?LTL?LEPV??????	15
EEPV	MVHG-R-KKH..--PY---P---L---APVQQT	32
DPV	-ACAR-L-GRT..--AD---C---I---SGEAAK	33
SuperD.con	MKGQ?vtLk..d?A?ELEdvvSPI.....nL	21
BPV3	----D-----NV-V-----I-	24
BPV4	----N---Q...I-I---TI-----	24
BPV6	----SMI---L-A---E-----	24
	E6 end for COPV <-	
SuperE.con	MYGRTVLAVRLIYCLLYCIAVIVRKLLYPVIM?G??p?l?.dlVl????v?e?....?.dl	43
HPV41	-----R-NSVD-Q..EI--VQOGE-P-N.....AA	55
COPV	-I-QCAT-L..I--.TE.QP.....PI.--	22
CRPV	-I-RT-K-S..E---.GE.TA.....AL.S-	22
GroupE1.con	MVGE?P????DLV?Q?EPSVL??.....DL	16
HPV1a	----M-ALK...-L-L----DL.....	24
HPV63	----Q-NIG...-S-E-----	22
Unclass.con	MIGPDTTRC..LTGETPDS.....VSL	20
MnPV	-----	20
	cysteine doublet	
	-> <-	
SuperC.con	paapdapdf?lpchfg?p????????????????????????????????.....rrvYsVTVcC??..C?K?LtFavkTss	58
GroupC1.con	PAAPDAPDFRLPCHFRPTRKRGP?TPPLSSPGK?CATGP.....RRVYSVTVCCG?..CGK?LTFAVKT?S	90
BPV1	-----T-----L-----N...E-----S-	97
BPV2	-----S-----V-----H...D-----G-	97
GroupC2.con	????????P?????K?H.....????Y?VTV?CN?..CDK?L?F???T??	30
EEPV	GIQAPQRKP-SQKGHK-G.....KKV-S---P--G...-N-E-CAR-SS	76
DPV	NSTPVVVDK-GKPPP.-R.....RRQ-N---S--D...-R-N-SVK-TC	76
	cysteine doublet	
	-><-	
SuperD.con	dCEEEI.....etEEVDcP?pfa?veav.....CyvCEqvLRLAvV?Sp	57
BPV3	-----A-Y-.....NP---L-S--	62
BPV4	H-----T-N---ITAT.....A-----T-T	62
BPV6	-----AN-----VT-CL-----H-----A--	63
	cysteine doublet	
	-> <-	
SuperE.con	?cye??p??...??d?E????????????????????????.....Yav???C???.C????rf?cv???	58
HPV41	VHSGEH.....S-D-GESEEEEREQVQVPTPRRTL.....-L-ESQ-PF..-QAI--V--ASN	108
COPV	Q---QL-.....SS-E-EEEEPEKTNV.....-RIEAA-GF..-GKGV--F-LSQK	67
CRPV	H-D-ALENL.....SD-D-EDHQDRQVFIERP.....--SVP-KR..-RQTIS-V--CAP	71
GroupE1.con	?CYE??P?.....??E?E?????P.....YA?V??C???.C?L?RLT??D?	33
HPV1a	Y---EV-P....DDI-E-LVSPQQ-.....-V-AS-AY..-EK-V--VLA-H	67
HPV63	N---DI-A....EEE-S-Y.....-I-LP-GL..-DQ-L---CVS-L	60
	cysteine doublet	
	-> <-	
Unclass.con	YCHEVL.....DEDELKEPTEAAPPPEQYTL.....YQVLIIECPE..CNKTIRLTCAAQA	68
MnPV	-----	68
	cysteine doublet	
	-><-	
SuperC.con	tt?L??hLLn.sDLLD?L.C?rCESre?HGKR	81
GroupC1.con	T?LLGFEHLLN.SDLLDL.CPRCESRERHGKR	119
BPV1	-S-----	127
BPV2	-T-----	127
GroupC2.con	?TILTLQ?LL?.?DLDFL.CS?CE??G	48
EEPV	A-----N--L.K-----T--TNH-	102
DPV	S-----Q--T.E-----F--AKN-	102

E7 SuperGroups C-E Protein Alignment

	cysteine doublet	
	-><-	
SuperD.con	dGIhQLqQLLl?D?lslL.Ca?CSrevfcNRRPqRNGp	91
BPV3	-----H-----,CI-----N-----YS-----	98
BPV4	E-----F.-N-F---A--KQ-----E-----	98
BPV6	---L-----T-S--F-.TS---A-----S	100
	cysteine doublet	
	-><-	
SuperE.con	??ir?L??lLl.?Sl??v?Cp?C????qrq??HRQWQ	78
HPV41	TG--N-QA--V.N-HLDA-HA-VEQNGV-GLR-----	145
COPV	EDL-V-QVT--.--SL-.TT-VQTAKLDHGG	97
CRPV	EA--T-NR--S.A--SL-.--E-CN	94
GroupE1.con	S????LEELLL.?SL?IV.CPLC????QR?	50
HPV1a	-AIRQ-----R--N--TL.--Q	93
HPV63	-TLTR-----G--R--AIRH--H	88
	cysteine doublet	
	-><-	
Unclass.con	HQIRGLEHLLL.DGLRVI.CPRCNQKNGRS	96
MnPV	-----,-----	96

E7 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

	* coordinate 562 in HPV16R	
most-likely	ATG.....	3
HPV54	---	3
HPV32	---	3
HPV42	---	3
HPV3	---CTACATGTGTACAAAACCACTGGTAAAGGAAGAGAAGGACAGACACCGCAACGAAAAGCGAAGACTGCAC	73
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
HPV16	---	3
HPV35h	---	3
HPV31	---	3
HPV52	---	3
HPV33	---	3
HPV58	---	3
RhPV1	---	3
HPV6b	---	3
HPV11	---	3
HPV44	---	3
HPV55	---	3
HPV13	---	3
PCCPV1	---	3
HPV34	---	3

E7 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

	E6 end for RHPV1 <-	
	E6 end for 3, 10, 6b, 11, 13, 42, PCPV1 <-	
most-likely	CATGGAAAAAACCACCCCTAAA	26
HPV54	-----TGTGG-T--AA-TG-	26
HPV32	-----G-----CGC-----G----	26
HPV42	-----G---G-G-CG--T-----	26
HPV3	AAAAATATCTGGTCATTGGAGGGGGAGCTGTCTAGTACTGCTGGTCACGATG--C--TCCGC-T--C--GA----	146
HPV28	-----C--TCCGC-T--C--AG----	26
HPV10	-----C--TCCGC-T--C--AG----	26
HPV29	-----GCC--G--C--GG----	26
HPV61	-----C--CC-GGTGG-----A----	26
HPV2a	-----C--C--CCG--C-G--C--	26
HPV27	-----C--C--CCCG--C-G--CGC	26
HPV57	-----G--CGC--C-G--TG-	26
HPV26	-----C-T-ATT-ATA-TG-	26
HPV51	-----G--T--TGT--CAAT----	26
HPV30	-----C--T--GT-A--TA-TCC	26
HPV53	-----C--T--CGT-----A--TCC	26
HPV56	-----T--GT-----G--GC-	26
HPV66	-----T--GT-----GT-GC-	26
HPV18	-----CCT--GG--AT-GC-	26
HPV45	-----CCCCGGGA--A--GC-	26
HPV39	-----G--CC--G--C--T--GC-	26
HPV68ME180	-----CC--G--C--G--GC-	26
HPV70	-----CC--CGG--G--AT-GC-	26
HPV59	-----CC--G--A--TTG	26
HPV7	-----G--GG--G--CGG	26
HPV40	-----G--GG--G--CGG	26
HPV16	-----G-T-C--T--AT-GC-	26
HPV35h	-----G--T-A-T--AT-GC-	26
HPV31	-----G--G--C--T--GT-GC-	26
HPV52	-----G--G--C--G--TA----	26
HPV33	-----AGA--C-C--G--GT----	26
HPV58	-----AGA--C--C--G--G	26
RhPV1	-----AT--GCCT--T--CG-	26
HPV6b	-----G-C-TGTT-----	26
HPV11	-----G-CTTGTT-----	26
HPV44	-----CT-TA-T--T----	26
HPV55	-----CT-T--T--T-G--	26
HPV13	-----T-T--T--T----	26
PCPV1	-----T-TA-T--T----	26
HPV34	-----GTG-GC-	26

E7 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

		E2 binding site in HPV6b, 11 -> <- degenerate E2 binding site in HPV31, 32, 34, 35h, 45, RhpV1 ->	
	E6 end, HPV7, 40, 2a, 27, 57 <-	E2 binding site ->in RhpV1 <-	
most-likely	AGACATGTATTAGATCTGGAACCA.....	GAGCCAGTTGACCTACATGCG	72
HPV54	G--T--A--CC--T--T--AA-----	-----A--GT-----GT--C---	72
HPV32	G-----A-T--GT--GACCTG--ACGTGTGACCCGACAACGTGCGACACACC--G-----GT-----T		99
HPV42	G-----T--GTT--GACAT--ACG.....	TGTGAGACA--CA-----GT-----	81
HPV3	---T--A--A---GAG---T--C-----	-----GAC--CCCTGC--TA---	192
HPV28	---T--A--A---GAG---T--C-----	-----GAC--CCCAG--G--A---	72
HPV10	---T--C--A---GAG---T--C-----	-----GATA--CCCT...GTA---	69
HPV29	---T--A---G---T--C-----	-----G--C--ACCTT--GTA---	72
HPV61	G----A--CC--T--AGA--CGT--T.....	-----GTG-----	72
HPV2a	G----AC--C--ATAT---TGA--AT.....	ACCC--AATT-----	78
HPV27	G----AC---ATAT---GA--AT.....	ACCC--AATTA-----	78
HPV57	G----CAC--C--ATAT---GA--AT.....	ACCC--AATT-----	78
HPV26	---TG--AA--C-----TG--G.....	CAACCCGA--A-----GC---	75
HPV51	---TG--A-----GC--T--AAC---	CAGACTGA--A----T--G--A---	75
HPV30	---ATA--A--T--G--C--T--T--G.....	CAAACCTGA--A-----G-----	75
HPV53	-C--ATA--A--TA---A--TAT---	CAAACCTGAGA-----G--A---	75
HPV56	---G-----A--AAC--T.....	CAAACAGA--A-----G-----	75
HPV66	---GG--A-----A--T--C--G.....	CAAAC--GA--A-----A---	75
HPV18	-----GC--T--A--G--CCAA.....	AATGAAATT--G-----T--TA--T	81
HPV45	---A-----GC--T-----TCAGAA.....	TGAATTA--T--T-----GTTG--T	84
HPV39	G--A-----T--ATGT--TTACAA.....	TGAAATAC---G-----TGTA--T	84
HPV68ME180	G--A-----G-----GT--ATGT--TGCAA.....	TGAAATA---G--C---TGTA--T	84
HPV70	---G-----T-----T--AT--T--TACAA.....	TGAAATAC---G--C---TGTA--T	84
HPV59	T-----T-----T-----CAA.....	AATTAT--GA-----TGTG--	81
HPV7	-----C--G-----CT--C--C.....	-----A-----AAGTT--AG---	72
HPV40	-----G-----A--C--C--C--T.....	-----A--T--ATGT--A--C---	72
HPV16	T--ATA--A--G-----T--C-----	-----A--AC--T--CT--C--T	72
HPV35h	---TA--T-----T-----C.....	-----G--AC-----T--C--T	72
HPV31	---TA--G-----T--C-----T.....	-----G--AC-----C--C--T	72
HPV52	---TTA--A-----C-----T.....	-----AA--AC-----C---	72
HPV33	G--ATA--T-----T--AT--T--T.....	-----A--AC-----T--C---	72
HPV58	---ATA--A--T-----T--AC--T--T.....	-----A--AC-----TTC---	72
RhpV1	G-----CC-----T--C-----TTTCC.....	ACAACCGC--A--G--C-----TATG--T	84
HPV6b	G--T-----C--C--C--T.....	CCA--C--T--A--GGT-----	75
HPV11	G--T--A--C---C---C--G--T.....	CCT--C--T--A--GGT-----	75
HPV44	G--A-----T--C--G-----T.....	CCT--C--T--A--G-----	75
HPV55	G--A-----T-----G-----T--T.....	CCT--C--T--A--G-----	75
HPV13	-----T-----G--ACT--T.....	-----C--T--A--GT-----	72
PCCPV1	G-----G-----C--AAGT--T.....	-----C--T--A--GT-----	72
HPV34	G-----G-----A-----	ACGACCGAGAC-----TACA--T	75

E7 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

degenerate E2 binding
 <- site in HPV31, 32, 34, 35h, 45, RhPV1

most-likely	TATGAGCAATTAGAC.....GACAGCTCAGAAGAAGATGAG...GATGAACTAGACCATCTAGAT.	129
HPV54	AGG-----A.....TCTGAT-C.....ACAGCAG--ACA.	120
HPV32	----A----T.....C-----T-----T...-A--CGAT----A-CTATA.	153
HPV42	----A----G.....T-----T-----T.....-A...-CC.	120
HPV3	A--T-----T...GA--T--G...T-T.....ATAA--GCT-TG.	231
HPV28	A--T-----T.....ACAA--G-G--G.	111
HPV10	A--T-----T.....ACAG--GCG-TG.	108
HPV29	A-----T-----T-----A...--TGT...ATAG--G-T-TG.	120
HPV61	A-----G--TTA.....GTC-...--G--G...--TAG-G-GCG-G	124
HPV2a	G-C-----T.....A--A-C...C-T--A--GACA.	126
HPV27	G-C-----T.....A--A-C...C-T--A--GACA.	126
HPV57	G-C-----T.....A-----T...AC-A-C...T-T--A--GACA.	126
HPV26	--C--A----G--TATGAACAATTT-----T--G--A...ACA--T...A-TATG-GT--C.	141
HPV51	--C-----T.....G-----G-----G-----TA--A--GCG-.	126
HPV30	-----GA-----AG-TCAGAG--G-----G-----A--T--C-G.	132
HPV53	C-----GA-----AG-TCAGAG--T--G-----G-----GC-G.	132
HPV56	A-----G-----AG-TCAGAG--T--G-----G-----T-GC-G.	132
HPV66	A-----G-----AG-TCAGAG--T--G-----A-----T-GCTG.	132
HPV18	C-C-----AG-----TCAGAG-----A-C...--A--TGGAG-TA--.	135
HPV45	--C-----AG-----GTCAGAG--G-----A-C...--GC--TGGAG-TAG-.	138
HPV39	C-C-----GA-----GTCAGAG--T-----ATA...--CC-----GC--T-A	139
HPV68ME180	C-C-----GA-----TTCAGAC--T-----ATA...--CC-----GC--T-A	139
HPV70	C-C-----A-----TTCAGACA-T-----ACA...--CC-----G--T-A	139
HPV59	--C-----CCT.....TC-GACTCC--GA-----AAAA-----C--TGGAG-TA--.	141
HPV7	A-C-----AG-TCAGACTC-----C...C-----A-----A-----CA	130
HPV40	A-C-----AG-TCAGACTC-----C...C-----AG-----A-----CA	130
HPV16	-----A-T.....G--G...-----A--TGG--C--C-.	126
HPV35h	-----GTGT.....G--G--G--A...--ACTA-T--GG--C--C-.	129
HPV31	-----CC-----T--G...-----TCA--AG--C--C-.	126
HPV52	-----GT.....T--G...-----AC...--TGG-G-G--CC	124
HPV33	-----AGT.....T--G--A...--GCT-G--GG-C--.	126
HPV58	-----TGT.....C--G--A...ATA-GCT-G--GGG-C--.	129
RhPV1	-----TCT.....G--T...-----G-----ATC-CA	139
HPV6b	-----TA.....T.....TG...--G-AG-G--C.	123
HPV11	-----A.....T.....TG...--A-GG-G--C.	123
HPV44	A-----T.....TG...--TG-A--CC.	120
HPV55	A-----G--T.....TG...--TG-A--CC.	120
HPV13	A-----C.....TG...--G-A-A--CC.	117
PCPV1	A-----TG...--TG-A-A--CC.	120
HPV34	--C--TC-----A--TCAGAG--T--G--A...ACA--C...AG-----A.	129

E7 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likelyGAACAAGCACAAACAAGCCAGA...ACAGAA.....CATTA	161
HPV54C---CT-ACA-----A.....-T	140
HPV32A---G-ACAT---CGT.....--	173
HPV42A---G-ACAT---GCGT.....--	140
HPV3---C---G---G.....--	251
HPV28---C-----G.....--	131
HPV10---C-----G.....--	128
HPV29---C-----G---G.....--	140
HPV61	AGCAA.....CTTGTT-----G-G.....--	155
HPV2a---C---ATGTG-G---.....--	146
HPV27---C---TGTG-G---.....--	146
HPV57---C---TGTG-G---.....--	146
HPV26C-G--G--CAG-----TG--...CA---GT.....GTG--	176
HPV51-C--GCT--C-G--AGAC-G...G-T-G-CAGGC.....TACGTG--	167
HPV30A-G--GC---G-----T---...CA---GAACAA.....CATCCTTG--	176
HPV53-G--GC---G-----T---...CGGGAC---CAACA.....TCCTTG--	176
HPV56-G--GGC---G-----T---...CA--CTAAACAA.....CATACGTG--	176
HPV66-G--GGC---G-----T---...CA--CTGAACAA.....CATAAGTG--	176
HPV18C-T---CATTT--C---C--CGAG-C---...-CAC-	170
HPV45C-TGC-CA--T--C---C--CGAG-C---...-CAC-	173
HPV39	AT.....CACC---TCA--T--T-----CGGGAT---...-CAC-	179
HPV68ME180	ATCA.....CCACC---TCA--T--T-----CGGGAC---...-AC-	182
HPV70	AT.....CACC---CA--T--T-----CGGGA---...-CAC-	179
HPV59C-T-CTTTG-T--T---T---CGAG-T---...-CAC-	176
HPV7	GCTCACACAATAGACAGCGT--G---C-CACG---CAG.--...CTT-C-AGTAAAT....TTGCAATCA-T	194
HPV40	GCTTACACAGTAGAGAGCGT--G---C-CACG---CAG.--...C-T-C-AGTAAAT....TTGCAATCA-T	194
HPV16-G-----G---CG-A.....-G--CC.....	155
HPV35h-G-----A---C--A---CTCC.....A----	158
HPV31-G-----G---CG-A.....--TCC.....A----	155
HPV52	GGCC.....AGAT-G-----G-----...CA--C.....A----	161
HPV33-G-----C-----CT.....G----	155
HPV58-G-----CG-----CT.....A----	158
RhPV1	ATAAT.....CAGCAGC-G--TCAT--G--C-----...C-T---GTACCAGAGGATGGTGATTG--	200
HPV6b-G-----ATTC---C-TTT-...-A-C-----T	155
HPV11A-----ACGC---C-TTT-...--C--.....	155
HPV44ACG-----CAGC---A-GTT.....-C-G.....-C---	152
HPV55ACG--G--CACG---A-GTT.....-C-G.....-C---	152
HPV13ACG-----CAGC-----...GC--CATAGCACACTATTACAATGC--	164
PCPV1ACG-----CAGC-----CGTTC--C--.....	155
HPV34AG-----TG-G-----...TGG--	152

E7 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

E2 binding site		
in HPV44, HPV55, PCPV1		
	->	<-
most-likely	CCGA.....ATAGTAACTTCGTGTTGTAAG..TGTGACAGCACAGTGC GGCTGTTGTAGAGAGCACAGAA	225
HPV54	TAAG.....G-GT---GCCA---G-AGGTGTG---TGT-AG-----A-----ATG---GT-T-----GC-C	207
HPV32	-A-.....-----GTG-GGT---ACAC--...-----GAC-GT---TAAA--T-----CAGT--T---GC	237
HPV42	-A-.....---C-GTG-GT---ACAC--...---T---AGT-T--TAAA--C-----GC--T-T-----G	204
HPV3	TT-T.....G---C--AGT---CCG---...---AGTTCACA-C-T--A-----G-----T---GCC-C	315
HPV28	TA-G.....G-G-----ACT---CCA---...---AGTTCAC--C---A-----G-----T---GCC-C	195
HPV10	TA-G.....G-G-----AGAA---ACA---...---AGTTTAC--C---A-----G-----T---GCC-C	192
HPV29	TA-G.....G-G-----T---ACA---...---AGT-CA--C---A-----G-----GC---	204
HPV61	-A-G.....G-G-T--A-C--G-C-TT...---A-GT-TC---TA-----G---GC--T---GG---C	219
HPV2a	-G-G.....G-G-----A-C--C-----...---G---A--C--C-----G---T---T---GG-C--	210
HPV27	-G-G.....G-G-----AA-C--C--C---...---C-G---AG-C--C-----G---T---T---GG-CC-	210
HPV57	-G-G.....G-G-----GA---C-----...---CC---T-----C-----G---T---T---GG-CG	210
HPV26	-A-.....---T-A-G-ACAA-----T---...---A-T--T-T-----A---A-C---GC-----GTCCG	240
HPV51	-A-.....---T-A-G--C-----C-G-...---TCA--TGT--A-AA---CA--G--A---GT-G-	231
HPV30	--T-.....---TAAC--ACA-----G-...---CGTCTG-G---A-T--C---TC---TC-CAC-	240
HPV53	--T-.....---T-A---ACA-----G-...---GTCGTTG---A-T--C---TC---TT--AC-	240
HPV56	-T-.....---CACGTAC-T-----G---...---A-GTTGTG---A-T---ACA-TC---T--CA--	240
HPV66	--T-.....---TCACGTAC-T-----...---GTTGGTG---A-T---ACA-TC---T--CA--	240
HPV18	A--TCACACA--GT-GTG-AT-----...---AGC--G-A-TGA--A--A-----A---T---C-	240
HPV45	G--TCACAAA--TT-GTG-GTA-----...---G---G-A-TGA--TACA-----T-G-C-	243
HPV39	G--TCACACA--CAGTG-----...---A---A---C---A-----A-----AGC-T--CGG	249
HPV68ME180	G--TCACACA--TCAGTG-A-----...---A---A-CT-C---AA--A--A-----AGCGT-GCGG	252
HPV70	G--TCACAAA--CAGTG-AT-----...---A-T-CT---C---ACT-A--A-----AGC-T--C--	249
HPV59	G--TCACAAC--T--GTG-GT-----...---A-T-ATCA-C-T-A--A--A-----A-C-T-GC--	246
HPV7	TAA.....-----ACAT---GTATTT...---C--T-TTT---T--C--A--A---CC-TT-T--T-CT	258
HPV40	TAA.....G-----CG---GTATTT...---C-GT-TTTG---CT-A-CA--GC-TT-TT-CATC	258
HPV16	-AAT.....---T-----C-TT-----C---...---TCT--GC-T---T--TGC---C-A-----C-C	219
HPV35h	TAAT.....---T-----G--C-----A...---GGCG---C-A--T--TG---C-----C-C	222
HPV31	-AAT.....---C--T--C--TT-----C---...---A-GTCT--C-T--TT--TG---C-----C--	219
HPV52	-TAC.....---T--G--A-AT---CAC-GT...---T-----C-A-----ATGCA-TC-T-----T-CG	225
HPV33	-TAC.....---T-----C-GT---CAC-CT...---A---C-----T--TT-ATG---CA-C--T---C-	219
HPV58	-TAC.....---T-----GT---AC-CT...---G--C--G--T--TT--TG-A-CA-C--T---AC-	222
RhPV1	TA.....---T--G--GCGAT---AC-GC...---G--AGC--C--A-----G-TT--T-GCC-C	264
HPV6b	--A.....-----G--C-GT--C---GGA...---AC--T--A-----GC--T-T-----	219
HPV11	--A.....---C-G--C-GT--C---GGA...---AC--C--A-----G--T-----C	219
HPV44	--A.....-----CA-C--G--CA...---AGTC-G-AG--T-----GC--T-----G-	216
HPV55	--A.....-----CA-C--G--CA...---A--C-G-AC--T-----GC--T-----G-	216
HPV13	--A.....---C---G--C--A---A...---TGT---AC--C-----G--G--T-T---G-	228
PCPV1	--A.....-----C-GT--G--C-...---AC-----TT-----G--CT-T---G-	219
HPV34	-A-.....---T--GAT--CA-C-GA...---C-GTC-----T-T--TACCA-T-----C-C	216

E7 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

degenerate E2 binding site
->in HPV51<-

most-likely	GCAGACATACGAGAACTACAGCAGCTGCTTATG...GGCACACTGAAAATTGTGTGCCCCGCTGTGCA...T	292
HPV54	A--G---A-G-T---G---G-A-----CATCAG-A-G-----C---A-----T---AC-----T...-	277
HPV32	--G-----A-C-G-G--T---A-----C---...-A-----GGC-----T--ATTG-----C...-	304
HPV42	--G-----A--A-C--G--A--A-----T---...-----G-T-----T--TTG-----C...C	271
HPV3	-----T--A-G-CCT-CG-----T-GC---...-----CGG-----T-----C-TG...-	382
HPV28	-----T--A-G-C-T-GG-----C-GT---...-----CGG-C-----T-----C-TG...-	262
HPV10	-----T--A-G-C---GG-A-----AC-A...-----T---GC-C-----T--T-----C-TG...-	259
HPV29	-----T--A-G-C-T-C---G---C-AC-A...C---T---G-C-----T--T-----G...-	271
HPV61	-----C-GAAG-TG-----TG-A--A-GC---...--GACT--TCC--A-----T-TG---C---...-	286
HPV2a	-----C--A---G--GG-A-----A-T-CT---...AAG-G---CTC-A-----T-A---C---C...-	277
HPV27	-A-----A---T--GG-A-----T--C---...AAG-G---TC-A-----A---C--G...-	277
HPV57	--G-----A-GC-T--GG-----T-CC---...AAT--GT--CC--A-----C-T---...-	277
HPV26	CAGA--G-T---TG--GG---A--T-A---...--AAGACG--TCCT-G-----AT-AG---T...G	307
HPV51	-ACAC-C-T--C-TTG-----A--T-A---...--GA--A-GCC-G--T-----GT-T---G...A	298
HPV30	AAG--GC-G--T-CC-----A--A---...--G---G-GC-A-----T---TG-----...A	307
HPV53	AA--GC-G--TATTT---A-AA-----...--G--G-GC-----T--C---...A	307
HPV56	-AG--C-G--T-TTG---A-----...--TG-GT-A-C-G-AAC-----A-T--C---...-	307
HPV66	-AG--GC---T-TGG---A-----...--TG-GT-A-C-G-AAC-----A-T--C---...-	307
HPV18	-AC--C-T---C-T-C-----T--C---...AA--C--TCCT-----T-GT-G-----...-	307
HPV45	-AG--C-TA--AC-----T--T---...A--CT--TCCT-----T-GT-G-----...A	310
HPV39	-ATACTC-G---C-----T-----...-A-T---AGG-T-----T-GT-G-----...A	316
HPV68ME180	-AGA--C-G--GA-CG--G-A-T---T---...-A-T---A--TT-----T-GT-G-----...A	319
HPV70	-AGA--C-G--TCT---T-----T---...-AG-----TC-T-----T--T-G-----...-	316
HPV59	-AC-GAT-G---CCT---T-----T---...-A-----ATCCT-----T--TTG-----...G	313
HPV7	A-T--T--A-GC-GG-T--T---T---G---...--A--T--A-----AA-----...G	325
HPV40	A-T--T--AC-C-GT-C-----T---G---...--T-AC-T--A-----AA-----GCTA	328
HPV16	-T-----T--TACTT-GG-AG-C--T-A---...-----AGG-----AT---T-T...C	286
HPV35h	ATT-----TA--T-GG-AG-TT-AT-A---...-----T-TGG---A-----G---T---...C	289
HPV31	-T---T--T--CAT-T-G--AG---T-A---...--T--T-TGG--C-----AA---T-T...A	286
HPV52	A-G---C-T--TACT-----AA--GT---...-----T-AC--G-----G-----...C	292
HPV33	AGT--C---ACCA-----A--A---...-----G---T-----TAC-----...C	286
HPV58	A-C---G-----ACC-----...-----TGT-CC-----TA-----...C	289
RhPV1	-A---GT---T-TG---G--G-C---G---...-----G--TG-C-----T--A-----C...A	331
HPV6b	A-----CA-----G-G--A-----T-GT---...--A-----A--C--A-----T---AT---C---...C	286
HPV11	-G-----CA--C-----AG-C--TT-GC---...-----A--T-----T--AT---C---...C	286
HPV44	A-----C-ATC-C-----TAC---T-GC---...--TT-----G-T--AT---T--TGTG---G...C	283
HPV55	A-----CT-TC-----TAC---T-GC---...--TT-----G---AC---T--TGTG---G...C	283
HPV13	C-T-----T-AC--C-----CG-C--A--GC---...--G-----T--A-----TTG-----...C	295
PCPV1	T-G---T-A-C-C---CA-----GC---...--T--T-A--T--A-----TTG---T...C	286
HPV34	--T---C--TT--TGT--G-AG-C-----...--TG---A-----AA---T-C...A	283

E7 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

		* coordinate 858 in HPV16R
most-likely	CA.....CAA...TAA	300
HPV54	--.....-G-CTA---	288
HPV32	GC.....GTGGAG-G-	315
HPV42	GC.....GTGGAG---	282
HPV3	A-.....	384
HPV28	A-.....	264
HPV10	A-.....	261
HPV29	A-.....	273
HPV61	A-.....	288
HPV2a	AG.....	279
HPV27	AG.....	279
HPV57	AG.....	279
HPV26	--.....-G.....	315
HPV51	AC.....A-C...-G	306
HPV30	--AGG...-GG.....	318
HPV53	--AGG...-G.....	318
HPV56	--AGT...A-C.....	318
HPV66	--TCT...A-.....	318
HPV18	-C.....-GCAG---	318
HPV45	-TAAC.....	321
HPV39	-TGCA...A-CCAG---	330
HPV68ME180	-GGAAACC--G.....	333
HPV70	-GGGAACC--G.....	330
HPV59	--AAC...-G.....	324
HPV7	-T.....AC-GCG-G-	336
HPV40	--.....G-G...-G-	336
HPV16	AG.....A--CCA---	297
HPV35h	AG.....AG-GCA---	300
HPV31	-T.....AG-CTG---	297
HPV52	GG.....-T-.....	300
HPV33	A-.....	294
HPV58	AG.....	297
RhPV1	GC.....AG-GTG---	342
HPV6b	-G.....A-GACC---	297
HPV11	--.....A--CCA---	297
HPV44	-C.....A--ACC---	294
HPV55	-C.....A--AAC---	294
HPV13	--.....A--AGC---	306
PCCPV1	--.....-ACC---	297
HPV34	G-.....-GCCTA---	294

E7 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

	E2 binding site ->in HPV9 <-	degenerate E2 binding site ->in HPV8 <-	
	<- E6 end for HPV5, 19, 25, 47, 12, 8		
	<- E6 end for HPV4, 65,15, 17, 9, 49		
most-likely	ATGATTGGTAAAGAGGCCACTGTGCAAGATATTGTTCTAGAGTTGAGTTGAGTTGCAGCCTGAGGTCCAACCAG		73
HPV19	-----TG-TAT-----C-----AT---A-A-----A-----		73
HPV25	-----G---T---AT-----T-ACAT-----A---A-----A-----		73
HPV20	-----T---AT-----G-G---A-A--A-----T-----		73
HPV21	-----T---AT-----G---A-A--A-----A-----		73
HPV14d		0
HPV5	-----T---C-----A---G---C-C---G-----C--A--G-T-----		73
HPV36	-----T---C-----G---C-C---G-----A--A-T-----		73
HPV47	-----T---C---G-----G---A---G-T--A---A--ATT-----		73
HPV12	----C-----T---C-----T-ACCT-G---C-T-----C-----A--GTT-----		73
HPV8	-----T-----T-----GT-GA---A---A-A---A---A---GTT-----		73
HPV24	-----A-----T---C-A---C---CT-----ACT...--CCA--GA-T-		61
HPV15	-----G---A--T---A-A-C-----A--G--T---C-----AGAGCTT---G--CA		64
HPV17	-----G---A--T---AA-A-C-----A--G--T---C-----A-AGCTT---G--CA		64
HPV37	-----G---A--T---AA-A-C---A--A--G--T---C-----AGAGCTT---G--CA		64
HPV9	-----G---A--T---A-A-C---GG-G-----AC-----AGAGCTT---CA		64
HPV22	-----G---C-A--T---C-TGT---A---T-AGA-----TT-----TG--CA		58
HPV23	-----G---C-A--T---C-T-GT---A---T-AGA-----TT-----G--CA		58
HPV38	-----G---C-A--T---C-T-GT---A---T-AGA-----TT-----G--CA		58
HPV49	-----G---A-TT--AA-A-C-----AA-A--C-AGAA.....G--...TTT-G--G--CA		61
HPV4	---GA--AGC--C-C---G-TGC---C-AA-T---AC-A.....A-TGACTTA--GTT---		64
HPV65	---GA--AGC--CAC---GG-TGC---C-AA-T---A-A.....A-TGACTT--GTTG--TA		64
HPV48	---GG--AG-TA---T---A-T-CT---C--A-AGT---AGA-----TT-----TTTG--T-		58
HPV50	---GG--G-TA-AC-A---A-T-CT-----T---AGA-----TT-----TTTG--T-		58
HPV60	-----TC-C-T-A---TA-TA-CC---A-G--A-T-----G--GAGTT---TTT---T-		64
	degenerate E2 binding site in HPV37, HPV9		
	-> <-		
most-likely	TT...GACCTGCTTTGTGACGAGGAGTTA.....CCAGACGAGCAG...CAGGAAACA.....		120
HPV19	--...-----T-----A-----GAC---A-----		120
HPV25	--...-----T-----A-----G-----G-CT---T-----		120
HPV20	--...-----T-----A-----GA-----G-G-----		120
HPV21	--...-----T-----A-----GAG-----		120
HPV14d		0
HPV5	--...-----T-----A---A-----A-----G-----		117
HPV36	--...-----T-----A---A-----A-----T--G-----		114
HPV47	--...-----T---C-----A-----A-T--A-----AC-GG-G-----		117
HPV12	--...-----A---A-----A-----G-----		117
HPV8	--...-----A---A-----A-----A-----G-----		117
HPV24	--...--TT--AC---A---A---G-----T--G-----		102
HPV15	C...-----A---CT---A-----AGT--A--A-----G-----		105
HPV17	C...-----A---CT---A-----AGT--A--AG--...ACA--G-----		111
HPV37	C-GCT-----A---T---A-----AGT--A--A-----G-----		108
HPV9	C-GCT-----A---T---A---A---G-----A---A--A-----CCTG-----		108
HPV22	--...-----A---CC-----C-GCCTGA.....ACTT---A---TTA...G-A---T--GTG..		117
HPV23	--...-----A---CC-----C-C.....A-T--A---GTA...G-A---G--GTC..		108
HPV38	--...-----A---CC-----GCCTGA.....TCTT---G--T....ATT---G--TCAGT		116
HPV49	--...-----AA--CT---A-TC--ACAGCTGAAGCCAG-T--AC-AG--...TT--GG-----		123
HPV4	CA...A-----GA---G---TC--GCAATC.....TTCAGAT--T---T-T...G--ATT-----		120
HPV65	-A...A-----GA---G---TC--GCAA.....CCTT---T--TG--TCTG---CTC-----		120
HPV48	C...A--T-AA---C-----TCA--G.....T--CCA--T....GCTACTG-----		102
HPV50	-G...A-TT---A-----ATCTA-T.....GA-ACT--T....G-CAT-G-----		102
HPV60	-C...AGT--TT-AGC---T-----G.....T--CC---T....GGT--TC-T....		108

E7 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likelyGAGGAGGAGCCTGATATCGAAAAGAACTCCTTACAAAATTGTTGCACCTTGTGGC.....TGCTGTGAG	183
HPV19-----C--T-----T--G-G-----G-----T--T-----.....-----CA--	183
HPV25-----C--T--C-----A-----G-----G-----T.....-----C--	183
HPV20-----C-G--T-----G-CT-A-----G-----G-----C-----CA--	183
HPV21-----TACCA...-----G--CG-G-----G-----A-----C-----CA--	180
HPV14d-----	0
HPV5-----C-A-----G-TCT-----G--A-A--T--G--C--TTGCAGGAA-----	186
HPV36-----T--C-C-----TCGT--T---G-CA-----G-----TTGCAGCCA-----	183
HPV47-----TA--C-----C--GTCGT--T---G-GA-----G--C--TTGCAGC-----C--	186
HPV12-----T-A-----C--G-----GTA-T-----CA-----G-----TGCAAGC-C-----	186
HPV8-----TA--C-----GTA-T-----G-----TGCAAGC-----C--	186
HPV24-----T-----A.....-----GAG-----AA-ACTTTG--C--GGC...G-T-----GA	162
HPV15-----ACGA.....TTT-T-----G-----A-TT--G--T-----TT-----T	162
HPV17-----CG.....C-T-TA--A-----G-----A--T--G--CT-----TT-----GT	168
HPV37-----G-CC.....CAC-TC-----G-----A--T--G--CT-----TT-----GT	165
HPV9-----AGTG.....CTC-----C-----G--C--A--TGGC-----T.....-C-GT	162
HPV22	.GTA-----G.....TAC-----G-----A-T-TA-----G.....G-T-----T	177
HPV23	.GTA-----A.....TAC-----G--CA-C-T-GT-----A.....G-----	168
HPV38	GGTA-----A-CA.....TAC--C--A-----CA-A-TT-T-----G.....G-T-----A	177
HPV49-----T.....C--G-C-TC-----G--A-----TA-----GGC...G-A-C-GT	186
HPV4-----T-G.....GTGGT--A-TT-G--A-ACA-CTG--CTAT.....A-A-----A	174
HPV65-----CTTTT-----TT-G--A-ACA-CTG--CTAT.....A-A-----A	171
HPV48-----TTTTG--G--CGG--A-ACT-CAAG--CA.....AAT-----G	153
HPV50--ATCT--A.....GT-A--A-T--G--A-T-TA-G--AAG.....CAT--C-T	153
HPV60-----GAG.....CACTA--C--T-C--A-ACA-CTG--CAAA.....CCT--GA	162
most-likely	GTCAAGCTTCGAATTTTGTGATTGCAACAGAATTTGGAATTAGAACCTTCAAGAACTTCTGCTT...GGAG	253
HPV19	--G-----C--C-----AA--C--GC-----T-----C-A--G--CA-C--A--...-A--	253
HPV25	-----C--C-----AA--C--T--T-----T-----AC-A--A--C-----AA--...-A--	253
HPV20	--G--A-----C--C--A-A-GC--T-----CT-----G-----C--T-G--A--...-AC--	253
HPV21	-----C--C-----A-AC--T--C-----CT-----A-----GA-T--G--T--...-A--	250
HPV14d--C--C--A-A-C--T-----CTC-----C--GA-C--GT-AT--...-A-C	61
HPV5	-----C-----CCAC--C-----T-----G--T--C--C--G--A--ACC...--	256
HPV36	-----C--CG-----CCAA--T-----C--C--G--A-----C-GT-G--ACC...--T	253
HPV47	-----C-----AC-----A-CCG--C--C--G--A-----G-----T--AC--...--T	256
HPV12	----C-----T-----C-AC-----T--TAC--C-----G--C-A--G--C--G--A-C...A-T	256
HPV8	-----A--TC-----C-AC-----T--T-CG--T--C--G-----T-G--T--C...A--	256
HPV24	AC-CG-----T-A--AGCA-----C-G-----AC-TGG-C-G-----CT-A-----A...-A--	232
HPV15	TC-----C--A--A--G-----TCC--GC-----C-CT-ACAA-----CT-AT-AT-G...-A--	232
HPV17	TCT----A--GC--A--TC-----GC-CGC-----C-TT-ACAAG-G--G--T-AT-A...--T	238
HPV37	TCT--A--A--C-GA--A--TG-----GCCTA-----T-ACAAG--G--AT-A--...--T	235
HPV9	--CA-GA-----TT-A-AC--C--T--A-T--A-----C--G-GCAA--G-----T--G...--T	232
HPV22	ACA-----GAAGC-G-A-A-AC-A-----TCTC-C-----C-GA-----AC-TC--A--...--C	247
HPV23	ACAC--T-AAAGC--AC--C-A--C-----T-----C-CT-G--C--C--TC-T--A...-A-A	238
HPV38	--A-G--AAA--C-A-AC--TGG--C--C--CGC--G--C-G-ATC-G-----TTG-T--G...--C	247
HPV49	--C--GA--G--G--C--C--T--A--C--T--CGC--CT-----GT--C-----G--T--G...--AG	256
HPV4	--TGCTG-AA-----ACAT--TA--TG--T--GC--C--C--AC-G-----GG--C-----TG-AGAA--A	247
HPV65	--T--TG-AA-G--AC-C--T--TGTG-----C--C--G--G--GG--C--CA-AG-GGAC--A	244
HPV48	TGTCGCA-AA-GG-GACA--CGC-----T-----AC-TTGT--G-GC-----GT-A--G...AA--	223
HPV50	TGTCGCG--A--C-G-G-TGTG-C--C--C--CGCA-CT--CC-TGTG--G-GTGC-----T-AA...TC--	223
HPV60	--CAGGTG--A--T--AC-A-T-----T--TCCT-C--CTG-A-T--TC--GTC--AT-----...CA--	232

E7 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

```

                                E1 start ->
most-likely AACTGCAGCTGTTGTGTCCTGAGTGC...CGA...GGAAACTTCCGACATGGCCGATCCTAA      309
HPV19      --T---A-----C-G-----...-T...-G---G-AAT-----GT-----      309
HPV25      -----G-----T...-C...-G---G-AA-----      309
HPV20      -G-----C-T...-C...-G---G-AA-----      309
HPV21      --T-----...-C...-G-AA-----      306
HPV14d     -----T...-G---G-AA-----      117
HPV5       -T-----CC---C---C---T...-C...-G-AA---A-----      312
HPV36      -C-----TC-----C---T...-T...-G---G-GA-----      309
HPV47      -T-----CC-C-C-A-----...-T...-G---G-AA-----T-----      312
HPV12      -C-----C---C-A-----...-T...-T---G-AA-----T-----      312
HPV8       -C-A-----TC-----...-C...-T---G-AA-----A-----      312
HPV24      -GG--GTCA-T-----C-C---...-TAACA-CG-TC-G-AG-----CAA---      291
HPV15      --G-TA--T--G-----A-G--T...-...-AG--GC-T--C---T-T--.....      282
HPV17      --G-A--T--G-----A-C---...A...-AG--GC-T--C---A-T--.....      288
HPV37      --G-----G-T---AA-C--T...-G...-G--GC-T--C---A-T--.....      285
HPV9       -TA-A--A--G-----G-----...-C-GAC-T--C---AGT--.....      282
HPV22      CTG-AA-A--T-----CACC--T...-...-A-G-GA-T--CA---AC--CGA---      303
HPV23      -CG--A----G-----CC--T...-...-A-G--A-T--CA---AC--CGA---      294
HPV38      -CG-AAG---TC-----CACC--T...-...-A-G--A-T--CA---AC--CGA---      303
HPV49      -----AT-C-----C---T...-T...-A-G-AA-T--GA-----CGA---      312
HPV4       -G---AC-T-T-GC--CA-C-CT--TGCAA--...A-TCTTAA-A--A---A---...---      303
HPV65      -G---AC-T-T-GC--A--ACT--T...GC-...A--C---AA--A---A---...---      297
HPV48      -G--TTGTT-A--T-----C---TCCA--...CA-CTCC--CA---A---A---      282
HPV50      --T-TTCTT-TC-----T-A----TCCAA-...A-TTGC-A--A---A--A-T---      282
HPV60      --G--TTC--ACC---TTGAG---TCCA--...TCCCTT--T-----A-----      291

```

E7 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

SuperE.con	ATGTATGGTAGGACTGTATTAGCTGTGAGACTAATATACTGTTTGC	46
HPV41	-----	46
SuperC.con	ATGatggtTcaagGtCC??TACcca?agA..	26
GroupC1.con	E6 end for BPV1, BPV2 <- ATGGTTCAAGGTCCAA?TACCCATAGA..	26
BPV1	-----A-----	27
BPV2	-----C-----	27
GroupC2.con	ATG????T????G?CCCC?TAC??G??A..	14
EEPV	ATGGT-CACG-C----G---AAA-AA-..	27
DPV	---GCATG-GCTC-G----T---CGG-CG-..	30
SuperD.con	ATGAAGGGcCAGaaCgTGActTTg..	24
BPV3	-----G-----	24
BPV4	-----G-----A--A..	24
BPV6	-----G-A---T-----	24
E6 end for COPV <-		
SuperE.con	TGTATTGTATTGCTGTAATCGTGCCTAAATGCTATACCCCTGTAATAATGat?GG?aaa??ccaaa?cT?..	110
HPV41	-----GA--GA-T-GTGTG-C--G..	117
COPV	-----T--GC--TGCG---CC--T..	24
CRPV	-----A--CAG--CT--T--G--T..	24
GroupE1.con	ATGGTGGG?GA??GCCA????TA..	16
HPV1a	-----C--AAT---GCAC--..	24
HPV63	-----A--GCA---AATA--..	24
Unclass.con	ATGATAGGACCTGACACCACGCGC..	24
MnPV	-----	24
SuperC.con	...aac?Tg??g?tt?????CA??cc?tTg??aT?tTaa?t?????G?ag?caca?ctac?aggact	65
3' sj for BPV1 \ / 3' sj for BPV1 \ / E2 binding site 3' sj for BPV1 \ / 3' sj for BPV1 \ / ->in BPV2 <-		
GroupC1.con	...AACTTGGATGATTACCTGCAGGACCGTTGCTGATTTAAGTCCATGTGCAGGCACACCTACCAGG??T	93
BPV1	-----TC-	96
BPV2	-----GT-	96
E6 end for DPV <-		
E6 end for EEPV <-		
GroupC2.con	...??CT?CCG?C??ATGAATCACCT??C?T?ACA?TG?T??T?GAGCCAGT??C????G????A??A??	52
EEPV	...CAC--G---C-GT-----CC-C-C---C--C-CC-A-----TG-TCCG-TGCA-CAG-CA	96
DPV	...ACG--A---G-TG-----TG-T-A---T--A-TT-G-----CT-GGGA-AAGC-GCC-AG	99
SuperD.con	...aAagAC?TtGcTgtAGAATTAGAgGatgtAgTcAGTCCAATT.....AacTTG	71
BPV3	-----A-G-----TA--	72
BPV4	...C-G---A---AA-----AC-A-T-----	72
BPV6	-----T-A---C-----A-G-----	72
SuperE.con	...??GA??TgGTgctt?????gaag?a??gt?cc?GA??????...gat?t?	135
HPV41	...CAA--AA-T-----GTCAGC-G-GGGAG--A--T--GAAT.....-C-GCA	165
COPV	...TTG--TA-T---G.....AC--AG...CAG--G--GCCGATA.....-CT-G	66
CRPV	...AGT--GC---TT-A.....-GT-A...ACTG-T--AGCGCTT.....AG-C-G	66
GroupE1.con	...??GA??TGGT??TCAA??GAACCAAGCGTCTAGAT?TA.....?AT???	48
HPV1a	...AAG--CC---TCT---CTT-----T--.....G--CTT	72
HPV63	...GGT--TT---GAG---GAA-----C--.....A--..	69
Unclass.con	...TGTCTCACCGCGAAACTCCTGACTCG.....GTCAGC	57
MnPV	-----	57
SuperC.con	cc??c?gcacC?gatgcaccggAttctc??cttcog??cat?tcggc??c?t?????????????	104
GroupC1.con	CCTGCAGCACCTGATGCACC?GATTTAGACTTCCGTGCCATTTCCGCCGTCCTACTAGGAAGCGAGGTCCC?	164
BPV1	-----T-----A	169
BPV2	-----C-----T	169
GroupC2.con	??CA?T????CA????????G?A????CCT?????AAA??C??C??AAA?G?CAC.....	74
EEPV	GG--T-CAGG--CCGCAGAG-A-GCCA---TCCCAG---GGA-A-AAA---G-A---.....	153
DPV	AA--G-ACAC--GTCGTGTG-TAAG---GGA...--CCG-C-CCT---C-C---.....	153

E7 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

SuperD.con	gAtTgTGAaGAgGAGATt.....GaAAcTGAGGAaGT?GACTgtCCTg?CcC?TtTgc??	121
BPV3	-----C--G-----A.....------A-----G-C---G-A---T.	126
BPV4	C-----G-----G-----G---ACC---AA---T---AA	127
BPV6	--C-----A-----C--A-----T-----T-A-C---TGCT	127
SuperE.con	?a?tgтта?Gagga??tacc????.....????a?t??ga?gatGAggatgag??gga??agcaa?ct?	176
HPV41	GTGCA--CA-G--GCAT.....-CT--T-----G---AGC--GG--G-GGAGC	217
COPV	C-A--C--T--AC-AT---A.....TCG-CT--C--G-----G---GA---GG---C-A--G	124
CRPV	C-T--CG-C--A-CAT--GAG.....A-T-TAAGT-----T-----GA---TC-T--GA-A	124
GroupE1.con	???TGTTA?GAGGA??T?CCT?CT.....GA?GA??GAG??GA?T????????????????CC?.	76
HPV1a	TAT-----C-----GG-G---C-----T--CATA---GAG--G-TAGTGTGCGCTCAGCAA--T.	135
HPV63T-----TA-A---G-----G--GGAG---TCT--A-AT.....--A.	114
Unclass.con	CTGTATGTGTACGAAGTTCTC.....GACGAGGACGAATTAAAAGAGCCAACAGAGG	109
MnPV	-----	109
SuperC.con	??.....cgt?gAgtgTAttc	117
GroupC1.con	CTACGCTCCGCTTTCCTCTCCCGGAAAA?TGTTGTGAACAGGGCCA.....CGTCGAGTGTA?TC	223
BPV1	-----C-----T--	230
BPV2	-----G-----C--	230
GroupC2.con??A?A??TAT??	79
EEPVAAG-A-GTT---TC	167
DPVCGA-G-CAG---AA	167
SuperD.con	tagtaGaagCTgt?.....	134
BPV3	..-----G-----T.....	138
BPV4	--AC--C-A--.....	138
BPV6	----T-----G.....	141
SuperE.con	???a????t????????????????????????????????????.....Tatgc	183
HPV41	GGG-ACAGG-GCAGCAAGTCCCACACCCAGGAGAACATTA.....--CCT	263
COPV	AAA-AAATG-T.....--CAG	140
CRPV	GAC-GGTGT-CATAGAAAGGCC.....--	152
GroupE1.conTATGC	81
HPV1a	140
HPV63	119
Unclass.con	CGGCTCCGCCACCGGAACAATACACCTTG.....TACCA	143
MnPV	-----	143
SuperC.con	TGTGACTGTct?cTgc?agac.....TG?G??AA?gacCTga?aTtt?cTGtcAa?ACTa?Ct?cac?aCc	171
GroupC1.con	TGTGACTGTCTGCTG?GGA?AC.....TGCGGAAA?GA?CT?AC?TTTGCTGT?AAGAC??GCTC?ACG?CC	279
BPV1	-----T--A-----A--G--G--T-----G-----CA-----G---T--	297
BPV2	-----C--C-----G--C--T--A-----C-----TG---T--A--	297
GroupC2.con	TGTGACTGT??C?TGCAA?G??.....TGTGACAA????CTG?A?TT?T?TG??A?AACT?CC?GC??CAC?	124
EEPV	-----GC-T---T-GA.....--AAAC---G-A--T-G--CA-G---T--A--GC---C	234
DPV	-----TT-C---C-AC.....GCGT--A-C--C-C--TC-A---A--T--AG---A	234
degenerate E2 binding site		
->in BPV3 <-		
SuperD.conTGTTATGtTTGtGAacAagtctT?CGTTTAGCTgTcGT??CtTcacCaGAcGGg	185
BPV3A-CCC--A-----C-----CT-----G-----	192
BPV4C---C--G-----C-T-----T--AA-G--A---A--A	192
BPV6C-----T--G-----C-----TG---G-----	195
SuperE.con	agT?g?gg?tcc?TGTg??ttt.....TGcgag?aa?tg?T?ag?tt??tctgctT?tctga?ca????gc?	230
HPV41	G--A-A-AG--AG---CCA---C--GCTA-CA-AC-A--TG-A---AG-AAGCA-CACT-GG	330
COPV	-A-A-A--C-G-C---GA---T-G-A--GG-G-G--G--TT-T--TC-G---C-AA-AGAG-AT	207
CRPV	--GTCC-TG--A--AAGCG.....TAG-C--ACTA-C--C--CG-----C-G--CT-CAGAA--C	219
GroupE1.con	??T?GT??T?C?TGIG??T?.....TGCGA??A?CTG?T??G??TGACC??C?T??C?GA?C?????C?	114
HPV1a	TG-C--TGC-T-C---CC-AT.....-GA-A---G-TC-AT---GT-C-CG-G--T-ACAGCG-C	207
HPV63	AA-T--GCT-C-T---GT-TG.....-TC-G---T-AA-GC---TG-G-TT-T--C-TGTCTA-T	186
Unclass.con	GGTACTCATTGAGTGTCTGAG.....TGTAATAAGACAATTGCGGTGACGTGCGCGGACACAAGCACACCAG	210
MnPV	-----	210
SuperC.con	aTgcT??c?Tg?AacAcTc?T?aac...t?aga??T?Gac?Tc?TG...Tgt?Ctgc?TG?GA?tC??c?g	218
GroupC1.con	?TGCT?GG?TT?GAACACCT?TTAAAC...TCAGATTT?GACCT?TTG...TGTCC?CGTTG?GAATCTCGCG	337
BPV1	C---T--A--T-----T-----A-----C-----A-----T-----	364
BPV2	T---G--C--C-----A-----G-----G-----C-----C-----	364

E7 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

GroupC2.con	AT??T?AC?CTGCA??A?CTCCTG???.?A?GACCT?GA?TTCCTG...TG?TCT??CTG?GAG?CCAA??	170
EEPV	--CT-A--G-----AA-C-----CTG...A-A-----A--C-----...--C---AC---C---A---CC	301
DPV	--AC-C--C-----GC-A-----ACA...G-G-----G--T-----...--T---TT---T---G---GA	301
SuperD.con	AT?CatCAAcTGCAgCAACTgCTGtTg??GAct?CcTcTc?tTaCTG...TGTgCAa?cTGCTCtAgAgAaG	248
BPV3	--C-----T-----...--G-A---C-----...-----A-----G-	259
BPV4	--T-----C...--AA-----TTC-----...-----GCT-----C-A-C---	259
BPV6	--A-TG---T-----C---C---ACG---C---G--G--T---...--A---G-----	265
SuperE.con	aT?ag????cTg?Agg?act?cTg?t?...??tc?ct?a?c?tcgTg??TGcccc??gTGtg?c?a????	271
HPV41	--AC-GAAT--AC---C---C---G-C...AACAGT-ACCTTGA-C-CGCT--T-A-GCC---T-G-GCAGA	400
COPV	C-GC-TGTG---C---TCACTT--C-G...AGC--C-G-C-G---...--A--ACC---TGC-GACCG	271
CRPV	--A--AACCT--A-TCG---G--ATCC...GCA--G--TTC-C-G---...-----GGA---TGTA-CTGA	285
GroupE1.con	?TTA??C??CTGGAGGA?CT?CT??T?...?G?TC??TGA??ATCGTG...TG?CC?CTGTG??CC?T????	155
HPV1a	A---GA-AG-----A--C--TC-G...C-A--TT---AC-----...--C--A---CA--C-A....	270
HPV63	C---CG-GT-----G--G--GT-A...G-C--AC---GG-----...--T--C---TG--A-TCGAC	253
Unclass.con	ATCCGTGGGCTAGAACATCTACTGCTT...GACGGGCTAAGAGTGATC...TGTCCGCGGTGTAACCAGAAGA	277
MnPV	-----	277
SuperC.con	A??Gt?a?GGCAAACGATAA	234
	-> E1 start for BPV1, BPV2	
GroupC1.con	AGCGTCATGGCAAACGATAA	357
BPV1	-----	384
BPV2	-----	384
	-> E1 start for EEPV, DPV	
GroupC2.con	ATGG?T?A	176
EEPV	----C-G-	309
DPV	----A-A-	309
	E1 start for BPV4 ->	
SuperD.con	tgTtCTgTAACCGCAGACCccAaCGaAATGGAcCCTAA	286
BPV3	-C-A--C-----	297
BPV4	-----G-G-----	297
BPV6	C-----A-----C-----T-----	303
	E1 start for COPV ->	
	-> E1 start for HPV41	
SuperE.con	accagc?acA?ta??C?G??A?CGGCAATGGCAATGA	300
HPV41	-TGGCGTC--GGGTCT-A-AC-C-----	438
COPV	C-A---TTG-CC-TGG-G-CT-G	294
GroupE1.con	??CA?CGACA?TAA	165
HPV1a	..-G-----G---	282
HPV63	AC--A-----C---	267
Unclass.con	ATGGAAGATCTTGA	291
MnPV	-----	291

This page intentionally left blank.