

E4 SuperGroup A AA-Aln

most-likely	MGKLGIGKCV.....LAA	13
HPV54	-QWVF-IWMQNTK CIMWILKRKH.....LSMGNMDSGRCVW--	38
HPV32	LF.....	2
HPV42	LF.....	2
HPV3	FT.....	2
HPV28	FT.....	2
HPV10	-M.....	2
HPV29	FI.....	2
HPV61	FM.....	2
HPV2a	--SP-R-R-TW.....-GL	14
HPV27	--S--R-R-TW.....-DV	14
HPV57	--L--R-R-RS.....GGV	14
HPV26	SV.....	2
HPV30	--IKAH---I.....WEM	13
HPV53	-RAYI-YMTAIKR I I QTLKTRP.....PNMGVKAHGKCIWEN	37
HPV56	-YMMATKHTTQTLNKRPKNL.....GVKTYGKYIWKM	32
HPV66	KCG-MVT-IIVWNMWCNLYIIMESVGGVKCHQGWITEAYIICMMATKHITQTLNRRPKNMGVQTYGKYIWKP	73
HPV18	-T.....	2
HPV45	-T.....	2
HPV39	FI.....	2
HPV70	FI.....	2
HPV59	-T.....	2
HPV7	---QMT-.....L	8
HPV40	---QIG-.....L	8
HPV16	YY.....	2
HPV35h	LF.....	2
HPV31	LF.....	2
HPV52	LF.....	2
HPV33	LF.....	2
HPV58	LY.....	2
RhPV1	CI.....	2
HPV6b	--APN---Y-.....M--	13
HPV11	--VVP I ---Y-.....M--	13
HPV44	TI-GC-MYM-GIKPIIQILKRRP.....KNMGTLYNGRYV---	38
HPV55	TI-GC-MYMAGIKPIIPILKKRL.....KNMGTHYNGRSV-V-	38
HPV13	---RYN---Y-.....---	13
PCPV1	-T.....-	3
HPV34	VV.....	2

E4 SuperGroup A AA-Aln

most-likely	LLYVVLHL.YLV.....TTKYPLLKLL.T.....P.YPTTPRPPPPQ..PWAPPK.....PRS	58
HPV54	ASFFL---PK...RHCQ---A.....N...-DQ-I-HHV..-TT-Q-Q.....S-A	83
HPV32	...L--P--APQP...PKQR---D--.NWY...K-PTY---HLH-Q-S-.GVT-TQTAQTEYYTKTP--P	62
HPV42	...L--P--APHP...P-QR---D--.SWYNKCA-QTHC-Q--LTTT...QTVQTEQH...TTC-SK	59
HPV3	..TIH-T--A.....HER---D-C-.....V--KR--K-R...--R--DRS...KSDSD-	47
HPV28	..TMH-TP--A.....HE-----D-C.A.....V---RR-K-R...--R--.....D--	42
HPV10	...H-T--A.....HE-----D-C.A.....V---QR--K-R...--R-R.....D	38
HPV29	..TMH-T--A.....HK-----D-Y.....-AR--K-R.WGLRRDRNGND...AGLKQ-	52
HPV61	..NPAP-...PRT...PCE-----D.....T.CG--H-----R..A---RH.....P--C	50
HPV2a	-FTIHP--C-APRPAPRT-NH---E--YP.....QSQ-QSQ-QQNQQE-EEQLR---RC.....AP--R	74
HPV27	-FTIH--C-APRPPPT-NH---D--.Y.....QSQPQHQQHQE-.EQLR-QTCC.....AP--R	71
HPV57	-FIIHP--C-PRPPPT--H---D--.R.....QSQPQ-QQQSR...-HSRTP.....--R	66
HPV26	...--N-...PA...AA-----S.....Q-Q-...PR--K-T.C---R.....--R	46
HPV51	M---PA...A-R---Q--.N.....N-Q-.Q--I-L-P..A---K.....P	37
HPV30	KVFI-PT-.C-PS...DPT-----S.....NTT---IK-----R.....T-.....-P	61
HPV53	KVFI-PT-.CP-PL...DPT-----N.....I-----R.....T-.....-HH	82
HPV56	RVFI--T-.C-PV...D-T-----N.....T-----P.R--TKT.....-QY	78
HPV66	RVFT--T-.C-PV...D-T-----R--.....N.TT-G-P---L...--KT.....-Y	119
HPV18	...-CA.VP-.....-R---S--.N.....S-S--HRI-A-C...--QR.....-TA	41
HPV45	...-CA.VP-.....-R---R--.D.....S-N-...-R-K-H...--QN.....-T-	41
HPV39	...-T-.CA-PV...-DR---N--.P.....N-Q-...-I-Q-...-H-K-.....Q-	43
HPV70	...-T-.CT-PV...-Q---S--.Q.....N-N-...-I-Q-...-H-K-.....L-	43
HPV59	...-CA.VP-.....-S---D--.S.....N-H-...-QR--K-R..T--KR.....GTV	41
HPV7	--W-HALYVL--L.....SKG---R--.SDI.PR-PT-P---CTT--TPC-RR--Y.....TTTA	65
HPV40	--W-HTLYVL--LS...RN-D---R--.....-D-RPL-PT--T-P..-QR---R.....SAP	58
HPV16	...-C-A.....A-----GS.....T.W-----I-K-S...--K.....	41
HPV35h	...-N--A.....AQN-----HS.....Y.T-----I-K-A...--Q-.....--	43
HPV31	...F-N--A.....V-----G-QS.....YQQ-----HRI-K-A...--V.....VCG	45
HPV52	...-R--A.....S.....T.-APK---...--C--V-KT.....HTY	40
HPV33	...-R--A.....Y...R.QTT.ITDHH.....	29
HPV58	...-R--A.....I-----Q...R...--T.....T-	29
RhPV1	...I-T-.C-ALP...TA-N-----A.....D.CN-.STHH---T...P-R.....TC	43
HPV6b	Q---L---AL...HK---F-N-H.....-HR---LC..-Q--R.....TQC	55
HPV11	Q---L---AL...YE-----N-H.....-HR---L-.C-P--R.....TAC	56
HPV44	VS--L---L...CKT---G-H-.....-PP-PP--LHR-H-H.C-L--R.....TAW	87
HPV55	VS--L---L...CKT---G-H-.....-PP-PP--LHR-HLH.C-P--R.....NAW	87
HPV13	QS--L---L...YK---G-H-.....P.--PHR---.C-A--R.....NVC	58
PCCV1	K---L---L...CK-----G-H-.....Q.--LHR--A-.CHPS-Q.....IVC	48
HPV34	...-L--A.....RV-----D.....C-QAT...AAT.....	28

E4 SuperGroup A AA-Aln

most-likely	.RRRLESDESSQSPLE.S.....P.TTPTLCV.SET.TPWTVLTT...GSTVTLT.ATTKDGTVVVT	113
HPV54	.-----NEL--TAQ.....T.SNH-AP...Q...--A-T-----TS--I-.TR-----Q-----	131
HPV32	.P--.-N-TD-LC-H...Q.....Q.S-CSTTA.-Q-.Y---PDRK...--HL-I..TI-S---R-EIR	113
HPV42	.PH-H-N-TD-VD-RHH.-TC.....ST.Q--ASPA.-PA.H--LDCV...--EL-VK.TV-S-----E-R	117
HPV3	.--STG-S-SN-S-NSN.-NN.....I-.KP-PRKPLN-H.VNHWT--G...PG----R.VH-PS-IE-TL-	106
HPV28	.KNDS-D-RHSTGS-SSDST.....-KP-PRKPLN-Q.VNHWT-QG...PA----H.VH-PS--Q-TL-	99
HPV10	.-NKSD---RR-TDSTS.-SD...KG-.KI-PRRPRN-R.VDKWTV-G...PGC---E.VH-PS--Q-TL-	98
HPV29	.GLGHS-S-S--T-SSS.-NR.....PR--P-PRKPVH-R.VDQWTV-G...PG----Q.VK-PT--Q-IL-	112
HPV61	.----I---D-TETESS.....-QHKKT...T-.SG-----S.....-V..TAQ-Q---T--	102
HPV2a	Q-V-RP-A-V--SDS.....I.PG--RER--R.GK-S-T-S...-AS----Q-PG-A--TL-	129
HPV27	H-V-RP-A-G--SDS.....I.SG--RER--R.GK-S-T-K...-AS----QLPG---TL-	126
HPV57	H-V-HP-A-G--SDS.....G.NS--RGR--K.GR-S-K-----AS----Q-PG-A--TL-	121
HPV26	HTQESDD--VDLTP-SPQ.....LS-Q-PH.-PD.SQ--IQ-----TY--QVE.-I-RE--R--TK	103
HPV51	.-HNS-N-	44
HPV30	.PHGR-NVL-P.---TVQTPPD..SPL-.ES--QT...V..STQ-TQ--...D-ALVEL.HV-TQKS---IK	119
HPV53	.PCGR-NVP-P.---TVLTPPHSPLPQ-.ES--QS-.Q..GTQ-TQ--TPENT-L-E-R.V--P.KS---IR	147
HPV56	.PTDQ-N-PDYGNQN-T.P.....ES--QS-.QH.-HTSATQ....IP--EVE.VS-T.T--L-IR	132
HPV66	.PTDQ-N-P-QVNQN-T.P.....ES--HT-.Q..QTQ-SV-----P--EVH.VS-H.KA---IK	171
HPV18	.----LH-LDTVD-R...R.....S.SIVD-S.....THFSVQL.....H-Q.-----NS----	85
HPV45	.----L--LD-VD-Q.....S.--DVS.....TP-CT-R....-C-QVQ.V---E-KC----	87
HPV39	.-----LD-V--Q.....LS--E.....-I-----H---VQ.---Q---S----	91
HPV70	.----.LASV--PD.....Q.KQ.-E.....S--L-QV.....K.-A-N--S----	81
HPV59	.-----QD-VDTH.....T.LSLPA.....Q--TV.....Q-S-CIQ....-R--SLA--	89
HPV7	.TH-P--EG-TETC.....S.VQW-DV-.E...NT--LE-E...HARLI-K....-S--V-E-I	116
HPV40	P-H-P--E-TDTC.....LL.WANH.--E.ST--LQ-E...HARL--K....-GT--V-E-L	111
HPV16	.H--S--QDQ--T-.T.....A--LS-C.T--Q---QS.....SLH--.H---L--I--	92
HPV35h	.-QI.TN-F-GVP-S.....PSEC.DS..V-----E.....LH--.Q--T-VV---Q	93
HPV31	G---L--Q-Q--T-.T.....S-C.EA.....S-V.....LS-Q-H.-Q--Q-LS--LQ	99
HPV52	NHH-NDD-QT-.T-.T.....S--TFC.GDN.N----HG...D-SLQ-S.-Q---LHIQLV	94
HPV33	.KQ-.PN-DDL.-T-QT.P.....SPLQS-S.VQ-.P---IEQH.....VLQ--.Q-SS-LC--L-	80
HPV58	.VH-GQ--DD-IYQTP-TT.....S--QSI...Q-.A---DHEE..EDY--Q--VH--G--C--LK	85
RhPV1	.GH--Q--ECVG.-TQ.....V.EI..Q.....G---KAG...Q-F-D-H.T--LQ-VP-T--	88
HPV6b	.K---GNEH-E-N---A.T.....CVW--D.....E.....T-SL-I-.TS-----T-Q	106
HPV11	.----G-EHVD.RPLTT.P.....C.VW--SD.....QS.....T-SL-I-.TS--E---T-Q	105
HPV44	.T--HVN-P-D.PPQ...T.....ETPSV---A----Q.....T-SL-V-.TV-----II-Q	141
HPV55	.T--HVN-P-D.PPQ...T.....GTPSV-D-A----Q.....T--L-V-.TV-----IF-Q	141
HPV13	.K---VN-N-DLHV---T.....R-HKA---Q-T---Q.....T--L-I-.TI-----T-Q	115
PCCV1	.K--PIN-F-DEPTV--N.....K.-PL----PRTV.E---K-----I-I-TT--SN---T-V	105
HPV34	.H-TRVCQHNGIDS.....V-Q-RG.....--LYI.....YSPQQ..THRPSVL..YIM	70

E4 SuperGroup A AA-Aln

most-likely	LHLG..1	117
HPV54	---	134
HPV32	-RQ	116
HPV42	-R-	120
HPV3	VC-	109
HPV28	V--	102
HPV10	V--	101
HPV29	V--	115
HPV61	V--	105
HPV2a	-C-	132
HPV27	-C-	129
HPV57	-C-	124
HPV26	-C-	106
HPV30	---	122
HPV53	---	150
HPV56	-R-	135
HPV66	-R-	174
HPV18	-R-	88
HPV45	-R-	90
HPV39	-R-	94
HPV70	---	84
HPV59	-R-	92
HPV7	---	119
HPV40	---	114
HPV16	--P	95
HPV35h	---	96
HPV31	---	102
HPV52	---	97
HPV33	---	83
HPV58	F--SCI	91
RhPV1	IR-	91
HPV6b	-R-	109
HPV11	-R-	108
HPV44	-R-	144
HPV55	-R-	144
HPV13	---	118
PcPV1	V--	108
HPV34	-RQ	73

E4 SuperGroup B AA-Aln

most-likely	M.LIRKLCKLLLIIS.....	14
HPV19	K.-----	7
HPV25	K.---T--	7
HPV20	K.-----	7
HPV21	IPVQ-H-EA--K---KKGQCQLRFLMITIKTMLMLTPCGDMFITWMMTTNGIKVQAVSTTQAYILCKELLDTT	73
HPV14d	-IT-KTMQM-I-CG-TYITRMMTNSGIKQVAGSTTQAYIICK.....EPLETT	48
HPV5	K.-----	7
HPV36	K.-----S.....	7
HPV47	-.T.-MKQM-IC-LCGHLCITWIQMMCGIRQOVGSIKLAFTT.....YMEHLNTI	48
HPV12	-ETLNTIMYF--MVHECIVKL.....	21
HPV8	K.---T--	7
HPV24	GS-NIIM-	8
HPV15	-.THGTRW-EK-T-MAHIIW.....	19
HPV37	KSI-YN-K.....	8
HPV22	KGPLKPII.....	8
HPV23	IA-K-D-KQWRC-LMEILKMLCHIQYGLIFTIKLMR.....	36
HPV49	-.ICG-R--VRW-MQVHII.....	18
HPV4	-NSGT--K.....	8
HPV65	-MCLYG-IMIDIMLWCIQIGIYY.....	23
HPV60	-CGLIIMK.....	8
most-likelyLIRKLCLLLSPAPPPP.HQE.KGTQTPPPRPLPLP...LTP...RPDS...	55
HPV19QH--T.---D-E-----P-P-.....RPQ	46
HPV25S---D-Q-----P-.....RPQ	44
HPV20T---D-Q-----P-P-.....	43
HPV21	MFYLLMMQVDIAELDIGKLT-----H-T.---D-Q-----P-P-.....R..	136
HPV14d	MFCLLMMQLDIVKLDIGKLK-----L-S.---D-Q-----P-P-.....ALRR..	113
HPV5RLQ-.R-D-Q-----P-P-QPP-----S..	47
HPV36P-----LQ-.R-D-Q-----P-P-QPP-----S-S..	47
HPV47	MCYLLMMQRDIVLLENGKLK-----L--HHQ-.---D-Q-----P-P-QPP-----AN..	114
HPV12DNGKLR-----HH--.--D.-E-----A--P-P-.....P.....	67
HPV8L-----DH--D.-Q-----P-P-.....SG.	45
HPV24C--.MM-IDTV.NLA.N-.RSGLI-K-C--...S...A-HHP..	42
HPV15KELLKFITYS-K-.MQ-GLA.KL-.S-.RCMLM-T-S-L...-LL...ALRR..	61
HPV17ML-GLA.KLD.V-.KCMLM-T-S-L...-LL...ALRR..	29
HPV37VM--.G...LA.KLD.A-.KYMLT-T-S-L...-LL...ALRR..	38
HPV9MQ-GMA.ELA.F-.KCMLT-T-C--...-LL...ALRR..	29
HPV22N-KQMLNDMV.Q-D.I-.RCMLIKI-C--...-L...VLRR..	42
HPV23	TLGKRLKDMWIIQELIFMRANLKTIT-N-KQMQSALV.L--.C-.KYMLIKI-S--...-LL...VLRR..	96
HPV38N-KMMLNDMV.S-D.Y-.KYMLIKT-C--...PL...VLRR..	33
HPV49RME-SNSIM-PSLMMLLDM-.LD.NM.KSALTK-C-L...-LL...A-PHHRP	64
HPV4VKWIMMA..YT.L-T.IREKE.LLILHY-A...-ML...K....	37
HPV65IIKMSMKYGI--KVWIMMA..YT.L-T.IQENV..HTL-C-A...QML...T....	65
HPV50LVIQYTL...NSF...NLMP..	15
HPV60IIHF-IQ.....IGN.IF-IRMILNNGTG-...EERWTIMDFI-QK.	45
most-likely	PLENSHN.KPTPKPEG.TDG.RPPAPQGDPKRAKG.....TDPGSPGR.GPGPKPLALPPP.....	108
HPV19	-P-----DG-.RDDL-AG-DDK---RND.....QG-N-----R-RGLFR-TGDH....	102
HPV25	AP--G--.A-RDG-.N-.G---GHD-S-PKRAR.....G-Q-----G-SPA-VS....	96
HPV20	RP-----G--.DL-VGQGEQ---R-DG.....PGQS-S-----R-RGTGLGLGL....	101
HPV21	-P-----E--.D-VG-GER---I--.....G-R-----R-RGRGSD-D-GDPDG	195
HPV14d	IP-----E--.AD-VG-GER---GR.....G-R-----R-RGLGSDLD.....	167
HPV5	-HQ----.K-EE--.G---S---R--S--DQG.....PD-G--LG---S---TP-G--P....	106
HPV36	-HQ----.K-E-S..R-.G---G---R--S--DQGPD.TDPLGP-R-----T-Q--G.....	108
HPV47	-SI----.K-NE--.DHQ-E---R--TK.....G--D-D---VL--TLP---PPP.P	170
HPV12	-VT-----GGKD.--D.DHL-E---R--S--DQG.....RD-A-SLT---A-S---GP-A--PYP..	128
HPV8	--Q----.K-D--.GD.GR--E-DRK-S.R-DQG.....RD-A--LA---S--IG--P--YP....	103
HPV24	TPQEGPE..NY-D..P.LTP.--Q-QP.NSHN.-P.....VVTQKPS--.T-EGSQ-PLT-DADDD	96
HPV15	Q--KGQP.PS--H-NR.RPT.DSFL-PPC-PE.N-.....HHHE-K-DA.T.TE-N---Q-----	112
HPV17	Q--KGPT..RP-ST.P.HP-.HQQGDSL-PPCPPE.....PHN-HHH-D.T.-G-R---Q-----	80
HPV37	Q--KGQT.GQP-ST.P.YP-.RSHGDSL-PPCP.....PEN-HHH-D.T.EE-H---Q-----	88
HPV9	Q--TGERPPS--F-.R-.QHRDSL-PPCP.....E---HH-DD.T.NE---LA.....	77
HPV22	Q--...SPPR--H-.N..RH.P--.T...PH.N-.....HHK...-TD.T.AE-H-V-QS-P....	83
HPV23	Q--...TPPT--F-.K...H.L--.P.C-PH.N-.....HH...-TA.DTAE-H---Q-----	137
HPV38	Q--...T.P---H-.R.H.S-SL-P.PCPP.N-.....HH-KQHG.D.T.-E-H---Q-----	77
HPV49	GY--PPT..A-FTTPS-RH.P-APQ-PP-PS-PPQPQPQPEHLNSH-K-V--KE-T-E-T-V-QQ-P....	130
HPV4	LA-LDCG.LCIL--KL.FPP.LLL-LH..TPP.PS.....LRNN-Y.....P...AT-K....	82
HPV65	LA-LDYG.LCIL-HKL.FPP.LLS-Q..TPP.PS.....LRNNY.....QH..P-T.....	110
HPV48	NM-K.L-Y.GQ..LDLKT-LFLP.....LLLA-REIQ.I-LL-AGSGSR.....	40
HPV50	YMA-LD-GLLYL-TKL.FIP.LSL---.GV-.L.....LLT.N---.L-HR....TT.....	58
HPV60	IM-IE-IFSYLIVMHK.HIH.KLGHG-CII-T.-LFL.....LLPA-QNN-PT.TTL---GSN-TS....	103

E4 SuperGroup B AA-Aln

most-likely	.PPGRRRSRDL.EK....GP.DPGP..EEKPPQGPEGPPPGEPQ...PGGDGDDGHPPPP.....PTPPN	161
HPV19	.D-NPEE..RP.PP....LE..GEV..-GH-.PP-VTN---H---L..PPQ.P-CDQ.....EGAAG	148
HPV25	.DR--G-G-G-.NLSRLSGDQ.--D-.....-P---EVQ-H--P..-PVTEPQ--L---L--P	154
HPV20	.GLN-.AGG.GT....DH.--D-.EG-S-SAPLPP--QPP-D.....QVE-----P--H	151
HPV21	PI--P.GLNR-.TS....RNT-SD-.-G-C-SSLPP---PP--PTT-PEGQGE-----P---	252
HPV14d	.GRN-.L-GG-.GT....DQ.--D-.DKK-C.P..-SQ--P-.....EVE..GH-.....P---	209
HPV5	.G--P---PR-.GP....LQA-RD-.-G-QPPA--EVE-H.....-Q-----PA-H	156
HPV36	.GL-P---PR-.GS....SG..YQ-.DHDPE.APL--EVE-GGH....HHPPPPP---TNGHECG-K-QG	166
HPV47	TG--L---TR-.VL....V-.GQ--.PPDL-APPV--EVE-H---K-R..DH-----Q-	220
HPV12	G--P---HR-.GT....-GR-RN-.-GG.V..-H--TP-L..S--P-H---T.....-ENGH	178
HPV8	.G--P---PRQFGP.....-RD-.-DGL-.P-L-EGQV-GH...P---QPQGH-----S-	155
HPV24	PR--K-.-KGD.-H.....-A--R..AAA-LKLLDLD--Q-G-DQ.P--AT-GV..GET.....E.G	147
HPV15	.---G-KDK-K.D.....KT..QQG.DQGP-.-GDKKS---GT....SA----.EK.....P.S	158
HPV17	.---T.K..K.TS....DD..Q--.PHGGDK....S-GE-S.....DAS--E.NA-T.....E--QD	123
HPV37	.---K.K..K.---T...QQG.DQGP-.P-GNKQ---GT...DA---E.NA-T.....E---V	135
HPV9	.---K.D--K.---.EK.EKEK..-K--TT-DK--D-RVE-K..-K-E-S--DEEG.....P-QT	129
HPV22	.SG-KKGE--K.D.....K..QQG.-----D---A-SS-----PP--S-.....EN-Q-	129
HPV23	.-G-K.K..K.---.K..SPG.-----D---GAESN-G.....KPK-....EE-Q-	180
HPV38	.-A-KGK..-K.---.PQ.A-KG.---AD---A.-T-----TPG-....ED-QS	121
HPV49	.T--K.---DP.....-L.E--ADGKRA---KK-AVPD-D...DPLPE-PEG-E.....DLSQP	183
HPV4	.L-S--A..L-.G.....-N..R-N..PTR--PR-LK-REYD....YD..E--.EKE.....NQG-G	125
HPV65	.SLP-.-.A..VV.....-G.NR-N..LNR--R-PK-RGY....YD..E-.DKE.....NQG-G	153
HPV48	.-AA-.-.A-.G....DR.ASQK..TPT-.S...R--RH-D..YES-D-E.NREN.....LE--T	84
HPV50	.RAN-.K.---.A....VN..QK-.Y..RT.P...NH--RHQ...YDF-E--.EKE.....N...	96
HPV60	.S-HPH-.R-.LP....TE..DR-.HKRE.SLALPRRRVL.....F..DY-.AED.....S	142
most-likely	PGEK.....P.PGEGEGAVGGGP.EDGP...PPPPPPN.....GHEPS.QGLLGGVASLLTK	208
HPV19	S-AA.....GGGAA-S----EG.N-PES...HH---T-----D-....SM-----Q	197
HPV25	N-HNDR.....D-GQ-AAG--AA-AG.D-DTD...CLN---S.....D-E-....SM-----Q	206
HPV20	N.....GRDSC-----ADK-Q-EGDHH-----Q-.....-G-.-S---NM----LT	201
HPV21	GHDG.....HEE-PL-----D.G.H.....-A-----E-.-S---N-----T	299
HPV14d	G.....H.N-HE-----AG.G--HP.....-DE-.-S---S-----VT	254
HPV5	N-HSGHEPKVQQPEGPEGRE-HE-----EG.G-EEGH.P-----T-.....G-.-SS-----V-	218
HPV36	-EGRE.....GVE-P-V-----D.--DHP.....-T-.....-Q-S...T--A--C---	214
HPV47	GHG-ETQG....AEGGGDKGEQ-----ES.S--EGD.HSQ--LT-P.....NESD..GS--NT--C--AR	277
HPV12	N-----E.D.GEK-----SD.-TDH.....-Q-.....DP-QG.L--A-N--C--S-	224
HPV8	GHKGE.....EGD--E-----DG.N-H-.....VQ-G..S--C-G---L-	202
HPV24	NE-SQ.....P-.....E-H-.PPP-...--E-K-H.....NGDAT.H---T----GT	196
HPV15	-.....E-E---.QQ--N..RS-SHD-DP.....DPSRDHE--H---R-QT	205
HPV17	-.....T-----..QH--S..RG-S-D-DR.....--DRDPE--P--LR-S-	169
HPV37	-.....T-----E-E---.RHD-N..QG-SHD-GR.....-RD-..E--P--LR--Q	180
HPV9	-LPP.....T-----E-E---.RP--S..PV-V-A-TP.....-RG-E.E--P-L--R-M-	178
HPV22	-.....G-.-E-E-A-.S.....-G-AQGR.....DPVH..ES--T---R---	166
HPV23	-.....G-.-E-E---.S.....-A-DQ.....DPDH..S--Q--LH-V-	215
HPV38	-.....-EE-TAE.GG-R...S-ARDQDP.....S-----Q---YR---	162
HPV49	-.-I.....-A-R-PA--E--EG.-VEGH...-----V-GKEGAA-QGGE.SLF-E-L--R--R	237
HPV4	Q-.-.....-AKE-EEEEEEE-.....RPNW...D-HH.....-Q-	154
HPV65	Q.-R.....-AKE-EEE-EEE-.....RPDW...S-RH...--G-	182
HPV48	-.....H-.....EDEEQR.G.....NWG...T-HQ.....-R-	106
HPV50	I.....-T.....DTESHN.Q.....NW-...T-RQ.....-K-	118
HPV60	NK-NY.....-ESRP-PKDA.....Y-TKSTD.....RVPW...-PQ.....-KR	178

E4 SuperGroup B AA-Aln

most-likely	WESQFDQLVQNIQEDLEDYWKKLGIPQG.1	236
HPV19	--H--TR--EE-----R-L---	224
HPV25	--H--T---D-----R-L---	233
HPV20	--Q--T---D-----M--S---	228
HPV21	---L-N---E--V-----T--S---	326
HPV14d	---H-N---E-----G--T--S---	281
HPV5	--GH-----S--D-----AT--	245
HPV36	---H--L-----D-----S---	241
HPV47	---N-----G---G--R---T--	304
HPV12	--DL-NL-----ED--G-----ST--	251
HPV8	--D--NL-----G-----T--ST--	229
HPV24	--ES-R---EE-----D---RR-S---	223
HPV15	--A---H--E--LG--K---R--T--	232
HPV17	--N-----ETLVG--Q-----	196
HPV37	---E---ET--VD--K---T-----	207
HPV9	--HE-----D-TG--H---LR-KT-H	205
HPV22	--QH-----DS-VG--RN--TQ-KT--	193
HPV23	--RH-----DTVV--RN--MQ-KT--	242
HPV38	--R-----DKVV--RG--QT-QT--	189
HPV49	-DQEYK---DD-LD---G--RR-A-L-	264
HPV4	-GADI-K-KDKVCR--DS-KQ----RL	181
HPV65	---DIE--KDKVCR--DN-KL----HP	209
HPV48	-DQDLQR-QDTVTH--D--R-----RH	133
HPV50	--EDLT--QRMVCQ--D--KR-----H-S	146
HPV60	--ADI-LFLEAVYQ--Q-FKE----L-SC	207

E4 SuperGroups C-E AA-Aln

SuperE.con	M??R?????m1	4
CRPV	-SHGHCRI PVEKGSKALRKRHSKRTQLLL-FTMMVTE	37
GroupE1.con	MMVSKTTMLTFKKRP IDIAKQVDILFNMRVKGSQML	36
HPV1a	--	2
HPV63	-----	36
Unclass.con	RSGSTPSREYHHRTAHTASEQQQPDITTRGKRRLSRRRTPRDEEVLPGANTDAQVSI SPHLPSPAKLRRVEE	73
MnPV	-----	73
SuperC.con	G?????????????l?le????d?????????????????t?Pt?Ps.....l?LL??p??vP	17
	E3 start for BPV1 ->	
GroupC1.con	MLVSHPLLILEIAQTE??H?KDLKETLQEKKPSQPS.....LSLLCSAPPPA?P	46
BPV1	-----SGS-P-----V-	51
BPV2	-----F.P-Q-----Y-	50
	E3 start for EEPV ->	
GroupC2.con	G???irig?flldl?l?dp??Dg??t??vq??dr?TrPteP?.....ltLL?ghpP??vP	36
EEPV	YIIQPLVHP-TLETTETASK-SGA-PGS-EAREGP-Q---C.....--LDN--FVA-	55
DPV	-ITIVL-THI-RPPT-ER-SK-CG.-PGA-KEA-PP---A-C.....F--LEAT-FT--	55
OvPV1	E---C-T---Y-L--NQ--VN...T-RD--R-----S.....-L-Q---DS--	50
OvPV2	E---C-I---Y-L--NQ--VSL....N.-R-----S.....-Q---DL--	48
SuperD.con	MQHCILILAWGKCILKAKFFLPLLPVRFVLG	31
BPV4	-----	31
SuperE.con	cl???ap??glLgLlq?tpt??py????????g?i??t??t????????????????????????????p	25
HPV41	LLPTAPPRGREPQ	13
COPV	TNPLLPFPVPEPPDRNSPVTPPRGVPVVP.LP-	34
CRPV	GTTMNTHCGVY-L-GTLMGSLRLKVEWTIE-F-MW-LKE-MCIMWTSQPTRDVLMLMDTMTWCFKTCASL.L	109
ROPV	-LALLMRR-C-IGIQKE-IYIMWTLRLMLHAFQAKESMKLYIKAKNFLC-	50
GroupE1.con	CL???AP??GLLGLLQ?TPT??P????????????????????????R????????????L?A?DG?TD?E?PEVP	63
HPV1a	--.PL--Q.-----Y--TQ-YPRVTPPSNRPRSTTPNSQDRG-PRRSKDSRKH-Y.-.-L--G-D----	72
HPV63	--LSI--HY-----Q-P-KDNPPKLEPKQRRRGRDTRNR.....-F-S--P--E-G----	97
Unclass.con	EEEAKAPRRASQIPRVSLQDKTTGGNQRRRRRGERGARTPSPETTAQRPKRPRRACTRKEETPSSGGGGGR	146
MnPV	-----	146
SuperC.con	SE?A??G?Gp?lARlPT????arG??aaIPPPRCRARYR????????????r????r???r???rqt?qT	54
GroupC1.con	SEQASVGYGTVLARTPTIFLQARGALFSALPPRCRARYRWTWHQGRKK??RPT?QR?N?	101
BPV1	-----R.SS--P--K-Q	112
BPV2	-----KKIN--Q--R-L	112
GroupC2.con	SE?AktG?Gpi?ARLPTa??s??G?y?A?IPPPRCRARYR??????wvwn?rkgkrrRRRqtqqT	85
EEPV	--L---V--FT-----HHHPR-VPW-P-----A-----FCYQDHQIQ-----L--	114
DPV	--L---V--LT-----HH-PR-VAW-P-----RTPGAYLYPTVLDEGRIT-----INT-	122
OvPV1	--A-NI-A---L-----VQT-AK-F-Y-A-----G-----	110
OvPV2	--A-S--A---L-----QT-AK-F-Y-A-----G-----	108
SuperD.con	VPEDNAGPKPGTTPEDVADRPPDLPETPGAGSRGRSRLRDRDHGHDHRLRRGRTPVDETRGYRVPGDPREED	104
BPV4	-----	104
SuperE.con	??p????????????p????????????????d??k?????r?r????????????????????????	31
HPV41	RYYDRRGRDDAETRKGRSRSPQPLSEDEELTDA-PPRRPNAGP-R-LFLEE.....	64
COPV	GKGRHGGLDGGRRGS-EGQEDEEDSDEEEAENYPPSRSRPRRG-R.....	80
CRPV	LS-APPSRWSVPLKT-. .SPKRPTVQCPLPKRKGPKPRVHWADGQGHQCNEGRQSNENRPPRTKRILL.	179
ROPV	LL-AQPPYGPSLLAT-LTTPRRRPLQYPQAPRTIR-PRSSRY-G-FLVTDGGDDPQELDSTQQDPEDKENI	123
GroupE1.con	E????.....DEEKEN???.????????????.....	70
HPV1a	-VE.....-QRP...LGHPDLSL.....	92
HPV63	-IPPS.....-RPE...PLPVVENGWHSF.....	123
Unclass.con	GRRRGLAGRPEAVPRTTWRPSGGLGLPRQSSYPARPISVRLYPVTGGRGEQPS	201
MnPV	-----	201
SuperD.con	EGAPPNGNDALEHRLRQ.....	121
BPV4	-----	121
SuperE.con	????????????????????????????????????.....	31
HPV41	64
COPV	80
CRPVPGTSDRLLQR.....	189
ROPV	PPTSTPTSPPTPPTPPTSRPPLDHLLQ.....	152

E4 SuperGroups C-E AA-Aln

GroupE1.con	70
HPV1a	92
HPV63	123
SuperD.con	121
BPV4	121
SuperE.con	31
HPV41	64
COPV	80
CRPV	189
ROPV	152
GroupE1.con	70
HPV1a	92
HPV63	123
SuperD.conLLTKWEDDLQRLRD	135
BPV4	135
SuperE.conl?e?l???l??l??	36
HPV41TEDR-TSL-ES-TK	78
COPV-HNKWDQNINYEPP	94
CRPVTLDEELRR-EEHLP	203
ROPVRL-EEIRQ-QESLQ	166
GroupE1.conLRETLE????RL?R	79
HPV1a-----VYTQ--K-	106
HPV63-----HQLG--Q-	137
SuperD.con	KL.RLDLLSL	144
BPV4	--.-----	144
SuperE.con	???e?dfed??rkLgi????DTI	49
HPV41	DI.-S-I-HFE---RVLLQK---	101
COPV	AAP-D-W--FCK--T-PQFLF	115
CRPV	GGI.DG-ASL	212
ROPV	EDL-EE-GNLYLR---RQ	184
GroupE1.con	???.?QD??D??R?LGIHPWSV	91
HPV1a	DI.L--LD-FC-K-----	126
HPV63	EV.N--FE-LY-R-----	154

E4BLOCKS: Satisfactory alignments of E4 sequences are not generally possible, suggesting that all E4 sequences may not be orthologously related (see Doorbar and Myers, Part III, this compendium). Presented below are alignments based on BLOCKS results for supergroup A and supergroup B sequences taken separately; unlike other alignments in this section, these are not generated by HMMer. BLAST searches using these yield many borderline similarities to proline-rich non-papillomaviral proteins that are probably insignificant.

CONSENSUS-E4_superA	M?????gkyv?aAqly?lLhlyLal?????kYPLL?LLh?.....?pp???P?p?p?ap?k?????	34
HPV11	-VVPII----M----V-----...YE-----N---T.....P-HRPP-LQC-P--R-.....	53
HPV13	-GKRYN----L---S-V-----V-...YK-----G---T...P...P..P--HRP-PQC-A--R-.....	55
HPV16	-YV---C---...AT-----K--GS...T.WPT.T--RPI-K-S-W--K-.....	41
HPV32	LF---P---PQPPKQR---D--NW.YKPPTY..TT-HLH-Q-SQGVTAQT	52
HPV35h	LFV-N---...AQN---K---S...Y.TPT.T--RPI-K-A-W--Q-.....	41
PCPV1	-T.....-K--V-----V-...CK-----G---T...P...Q.P-LHRP-AQCHPS-Q-.....	45
RhPV1	CII-T-C---P.TATN---K--AD....C...NTSTHH-P-PTP--R-.....	41

CONSENSUS-E4_superA	????????c?rrl?nd????????????????????c??????pWTV????s?ltit?t?Tk?GttVtv?	59
HPV11TA-R---GSEHVD.RPLTT.PC.VWPTSD.....-QSTT-S-----S--E-----Q	105
HPV13NV-K---V--NEDLHVPLE.TPRTHKAL-V.SQTTT---QTTT-T-----I--D-----Q	115
HPV16H---SS-QDQSQTP.E.TP.ATPLS-C.TE..TQ---LQS..S-HL-.AH--D-L--I-T	92
HPV32	EYYTKTPRPP--E--TDSLCSH...QQ.STCSTTA.SQT.Y---PDRKG-H----I-SD--R-EIR	113
HPV35hPR.RQI.T--FEGVPS...P.TTPPSEC.DS..V---LTEG-T-HL-.AQ--T-VV-V-Q	93
PCPV1IV-K--PI--FEDPPTVLENSK.TPLTL-VPRTV.E---KTT.-TI---T-SN-----V	105
RhPV1T-GH--QSECVG.QTQ...V.EI..Q-.....G---KAGQ-FVDLH.-T-LQ-VP---T	88

CONSENSUS-E4_superA	lhl	62
HPV11	-R-	108
HPV13	---	118
HPV16	--P	95
HPV32	-RQ	116
HPV35h	---	96
PCPV1	V--	108
RhPV1	IR-	91

COBBLER sequence from MOTIF

>E4_superA HPV13, with embedded consensus blocks

mgkryngkyvlaaqsMWVNLNLYLVlyTKYPLLKLLTTPpTPPHPPPPSPxAPrknvckr
rlvndnedlhvpletprthkalcvsqtttpwtvtqttstltittitKDGTTVTVTLHL

CONSENSUS-E4_superB	m????k????????????????????????????????l?l?m????q????????????r????l????l?l?p	11
HPV12	-ETLNTIMYFLLMVHECIVKLDNGKLRIRKLC-L-SPAPHHPGH-D.KETQTPPA-PPPPP...PTPR-	66
HPV15	-.THGTRWKEKLTIMAHIIW...KELLKFITYS-K...-QPGLAKLE.SG.RCMLM-TLS-L...-L-AL	59
HPV17-LPGLAKLD.VG.KCMLM-TLS-L...-L-AL	27
HPV20	K.LIR-LC.....-L-SPAPPPPTH-EDKQTQTPPP-PPPPP...-TPR-	41
HPV4	-NSGT-LK.....VKWIM-A..YTL-T.IREKE..LILHY-A...-M-.K	36
HPV49	-.ICG-RCKVRWIMQVHII...RMELNSIM-PSLM-LLDMGHLD.NM.KSALTTKL-L...-L-A-	59
HPV5	K.LIR-LC.....-L-SPAPRLQGR-EDKQTQTPPP-PPPPPQPP-TPR-	44

CONSENSUS-E4_superB	d?????en????p?p????t????????pp????g????????p???p?g????g?k???l?	26
HPV12PVT-SHNK-T-GGKD.-DD.DHLAEQDRKRK-DQG.....RDTA-SLT--R.APSP-PGP-A	123
HPV15	RR...QL-KGQPPST-HPNR.RPT.DSFLPPPC--E.N.....HHHEPK-DA.T.TE-NLA-Q	110
HPV17	RR...QL-KGPT.RP-ST.P.HPG.RHQGDSL--PCPPE.....PHNGHHH-D.T.-G-RLA-Q	78
HPV20	-S...RP--SHNK-T-KGEG.-DGDLPVQGEQ-KRAR-DG.....PGQS-SPS--R.GR-RGTGLGL	99
HPV4LA-LDCGLCILKPKL.FPP.LLLALH..T-P.PS.....TLRNNSY...P-PPP...A	79
HPV49	PHHPRGY--PPT.-A-FTTPS-RH.PPAPQPPP--SAPPQPQPQEHLSH-KPV--KEGT-E-TLV-Q	127
HPV5	-SS..PHQ-SHNK-K-EEEG.-DG.GPPASQDRKRK-DQG.....PDTG-GLG--R.GPSP-PTP-G	103

CONSENSUS-E4_superB	pp????p?g?rr????l????????p????p????p????????d???pp?pp?????????	40
HPV12	--PYPGP--P--SHR-GTGGDRN-.EEGG.V.EGHPTPPLSGGDP-H.--PT-ENGHNAGEK...	182
HPV15P--G-KDKDKDKT..QQG.DQGP-.QGDKKSPGEGT.SADG-D.-EK.-P.SP.....	159
HPV17P--T.K..DKTSDD..QG-.PHGGDKQ..S-GEQS..DASG-E.NA-TPETPQDP.....	124
HPV20	GL...GLNR.-AGG-GTDH.DPD-.EGES-SAPLPP-PQPPPD.G.QVEGH--PP-PPPHN.....	152
HPV4	T-K...L-SR-A..L-EGGN..RGN..PTR-PPRPLK-REYD..YD..E-D..EKE.NQGSPQ.EK...	128
HPV49	Q-P...T--K.-SRDDDPGL.EPG-ADGKRAPQGPKK-AVPDDPDPLPEDPEG-E.DLSQPQ.EI...	186
HPV5	--P...G--P--SPR-GPLQADR-..EEG-QPPAEGEVEGH..PG..G-QGH--PP-PAPNHGSHGHEP	164

CONSENSUS-E4_superB	????????p????egavvg??e????????ppppppn????g????g?l1?vaslLkWe??f	68
HPV12E.D.GEK-----SD.-TDH.....Q-.....DPEQG.L--AGN--C--S--DL-	229
HPV15-PGEG--E-E-GP.QQGNP..RS-SHD-DP.....DPSRDHE--HG--R-QT--AQ-	210
HPV17-TGEG-----GP.QHGPS..RG-S-D-DR.....HDRDPE--PG--LR-S--NQ-	174
HPV20GRDSCG-----ADK-QGEGDHH-----Q-.....HEGS.QS--GNM----LT--QQ-	206
HPV4-PAKE-EEEEEEE.-.....R...PNWDLHH--Q--GADI	159
HPV49-APREPA--E--EG.-VEGH.....V-GKEGAA-QGGE.SLF-EGL--R--TR-DQEFY	242
HPV5	KVQPEGPEGREGHE-----EG.GDEEGH.P-----T-.....HEG...--SS-----V--GH-	223

E4 BLOCKS

CONSENSUS-E4_superB	dqLv??i??DL?dYwkkL?ipq	84
HPV12	NL--QN-ED--G-----ST--	251
HPV15	-H--EN-LG--K----R-GT--	232
HPV17	----ETLVG--Q-----G---	196
HPV20	T---QD-QE--E---M--S---	228
HPV4	-K-KDKVCR--DS-KQ--G-RL	181
HPV49	K---DD-LD--EG--RR-A-L-	264
HPV5	----QS-QD--E-----AT--	245

COBBLER sequence from MOTIF

>E4_superB HPV36, with embedded consensus blocks
 klirklsplspapplqgrqedkqtqtppprppppppqpltprrpssphqnsnkpke
 estdggppagqdrkrskgdggpdtplgpdrpsspgptpplglpppglgrsprlgs
 sgyqpdhdpeaplegeveggghhppppppppptnghecgpkpqgpegregvegpgvga
 vgggdeddhppppppptngqestLLWGLASLLTKWEQDFDQLVDNIQEDLEDYWKKLGI
 P
 Q

* coordinate 3333 in HPV16R

most-likely	ATGATT.....	6
HPV54	---CAATGGGTATTTATTATATGGATGCAGAACACAAAAGTATTATGTGGATTTTAAAAA.....	61
HPV32	T--T--.....	6
HPV42	T--T--.....	6
HPV3	T-C-CC.....	6
HPV28	T-C-CC.....	6
HPV10	----G.....	6
HPV29	T-C--C.....	6
HPV61	T-T-G.....	6
HPV2a	---GGGTCACCGGGACGTGGGAGGT.....	25
HPV27	---GGGTCACCTGGGACGTGGGAGGT.....	25
HPV57	---GGGTTACTGGGACGTGGGAGGT.....	25
HPV26	TCTG--.....	6
HPV51	0
HPV30	---GG-ATAAAGGCACATGGGAAG.....	24
HPV53	---GGGCATATATTATATACATGACGGCCATAAAAACGTATTATACAAAACTTTAAAGACG.....	60
HPV56	---TACATGATGGCCACAAAACATACTACACAGACTTTGAACAAGAGGCCAA.....	52
HPV66	-A-TG-GGTTTGATGGTAACAAAAATAATTGTATGGAATATGTGGTGTGGAAATTTATATATTATAATGGAGA.....	73
HPV18	0
HPV45	0
HPV39	T-C--.....	6
HPV70	T-C--.....	6
HPV59	0
HPV7	---GGAAAACAAATGA.....	16
HPV40	---GGAAAACAAATAG.....	16
HPV16	TATTA-.....	6
HPV35h	T--T--.....	6
HPV31	T--T--.....	6
HPV52	T--T--.....	6
HPV33	T--T--.....	6
HPV58	T--TA-.....	6
RhPV1	TGC--.....	6
HPV6b	---GGAGCACCAAACATTGGGAAG.....	24
HPV11	---G-AGTACCAATCATTGGGAAG.....	24
HPV44	-CT--AAAGGGTTGTATTATGTACATGGTGGGCATAAAAACCTATTATACAAATTTGAAAA.....	61
HPV55	-CT--AAAGGGTTGTATTATGTACATGGCGGGCATAAAAACCTATTATACCAATTTTAAAA.....	61
HPV13	---GGGAAACGTTACAATGGGAAG.....	24
PCPV1	---CAGCA.....	9
HPV34	TATG--.....	6

E4 SuperGroup A Nuc-Aln

most-likely	6
HPV54	61
HPV32	6
HPV42	6
HPV3	6
HPV28	6
HPV10	6
HPV29	6
HPV61	6
HPV2a	25
HPV27	25
HPV57	25
HPV26	6
HPV51	0
HPV30	24
HPV53	60
HPV56	52
HPV66 GTGTGGGTGGTGTAAAGTGTTCATCAGGGGTGGATTACAGAGGCATATATTATATGCATGATGGCCACAAAACA	146
HPV18	0
HPV45	0
HPV39	6
HPV70	6
HPV59	0
HPV7	16
HPV40	16
HPV16	6
HPV35h	6
HPV31	6
HPV52	6
HPV33	6
HPV58	6
RhPV1	6
HPV6b	24
HPV11	24
HPV44	61
HPV55	61
HPV13	24
PCCPV1	9
HPV34	6

E4 SuperGroup A Nuc-Aln

most-likely	6
HPV54GGAAGCATCTAAGTATGGGGAATATGGACAGTGGGAGGTGCGTATGGGCAGCA	114
HPV32	6
HPV42	6
HPV3	6
HPV28	6
HPV10	6
HPV29	6
HPV61	6
HPV2aGCACGTGGCTGGGACTG	42
HPV27GCACGTGGCTGGACGTG	42
HPV57GCAGGTCGGGGGCGCTG	42
HPV26	6
HPV51	0
HPV30TGCATATGGGAAATG	39
HPV53AGGCCACCAAATATGGGTGTAAAGGCACATGGGAAGTGCATATGGGAAAAC	111
HPV56AAAATTTGGGTGTAAAAACATATGGGAAGTACATATGGAAAATG	96
HPV66	TATTACACAGACTTTGAACAGGAGGCCAAAAAATATGGGTGTACAAACATATGGGAAGTACATATGGAAAACCG	219
HPV18	0
HPV45	0
HPV39	6
HPV70	6
HPV59	0
HPV7CTGGACTG	24
HPV40GTGGACTG	24
HPV16	6
HPV35h	6
HPV31	6
HPV52	6
HPV33	6
HPV58	6
RhPV1	6
HPV6bTATGTTATGGCAGCA	39
HPV11TATGTTATGGCAGCA	39
HPV44GGAGGCCGAAAAATATGGGAACTCTTTACAATGGGAGGTATGTATTGGCAGCA	114
HPV55AGAGGCTAAAAAATATGGGAACTCATTACAATGGGAGGTCTGTATTGGTAGCA	114
HPV13TATGTATTGGCAGCA	39
PCCP1	9
HPV34	6

E4 SuperGroup A Nuc-Aln

\ / 3' sj in HPV16R (E1\E4 fusion)

most-likelyCTC...CTGCATCTGTATCTAGTA.....ACGAAGAAGTATCCAC	43
HPV54	GCATCATTTTTT-----CCGAAG.....AGGCATTGTC-A-----T	172
HPV32	-----CA-----C-CCACAAC.....CACCG-A-C---G-----T	55
HPV42	-----C-CA-----C-CCACATC.....CACCG---C---GA--C--T-	55
HPV3ACGATT-AT..T--ACC-----C-.....CACG--GA--C--G-	49
HPV28ACCATG-AT..T--ACC-C-----C-.....CACG---A--C--G-	49
HPV10-AT..T--ACC-----C-.....CACG---A-----	43
HPV29ACAATG-AT..T--ACC-----C-.....CAC-----C--G-	49
HPV61AAC-CT..GC--C-----CCCAGGA.....CGCCGTGCG-----	58
HPV2a	TTATTACCATA-AT..-C-----G-----C-CCCAGGCCAGCGCCTCGGACG-----CC-C-----C-	112
HPV27	TTATTACCATA-AT..-C-----G-----C-CCCAGGCCACCGCCTCGGACG-----CC-C-----C-	112
HPV57	TTATTTATCATA-AT..-C-----G-----C-CCCAGGCCACCGCCTCGGACG-----CAC-C-----C-	112
HPV26G-----A--T-----CCTGCA.....GCAG-A-CC--A-----	52
HPV51A-----CCTG.....CAG---C-CGT-----	34
HPV30	AAAGTATTTATG-----C-AC---G-----CCCT.....CAGATCCA-C-----C-	94
HPV53	AAAGTATTTATG-----C-AC---G--C---CCTT.....TAGATCCA-C-----T-	166
HPV56	AGAGTATTTATG-----AC---G-----CCTG.....TAGAT-CA-C-----C-	151
HPV66	AGAGTATTTACTG-----AC---G-----CCTG.....TAGAT-CA-C---C--C-	274
HPV18A-AC---A-G-GC---CCAG.....TG---CACG-----G-	40
HPV45A-AC---A-G-GC---CCAG.....TG---CACG-----G-	40
HPV39G-----AC---A-G-GC---CCAG.....TG---G--TCG---C---	49
HPV70G-----AC---A-G-AC---CCAG.....TG---CAC---C---	49
HPV59A-AC---A-G-GC---CCAG.....TG---GC-----	40
HPV7	TTATTGTGGGTT-A-GCGT-AT--G-TCTC-----CTG.....T---GGC--C---T	79
HPV40	TTATTGTGGGTT-A-ACGT-AT--G-TCTC-----CTATCG.....AGG-AC-C-G-C--C---T	85
HPV16G-----A-----G-T--C-.....G-A-C-----T-	43
HPV35hG-----A-----T--C-.....G-AC---C-----	43
HPV31T-----A-----T--C-.....GT--C--A---TT	43
HPV52G-----C-----	40
HPV33G-----A-G--A-----C-.....CC--A-----	40
HPV58G-----A-----A-C---G.....TC--A-----	40
RhPV1A-T.....AC---G---CGCTACCC.....ACTG---CA--C--C---	52
HPV6b	CAGTTATATGTT-----C-CTA.....CAC-----T	91
HPV11	CAGTTATATGTT-----C-CTG.....TACG-----T	91
HPV44	GTATCATATGTT-----A-----CTG.....TGC---C-----T	166
HPV55	GTGTCATATGTT-----A-----CTG.....TGC---C-----T	166
HPV13	CAGTCATATGTT-----CTG.....TAC-----T	91
PCPV1	AAGTTATATGTT-----CTG.....TGC-----T	61
HPV34T---TC-----T---CC.....CGTGT-----	40

E4 SuperGroup A Nuc-Aln

most-likely	TGCTGAAACTGCTG...ACC.....CCC...TACCCAACAACACCACCACGGCCCCCACCACC	95
HPV54	-A---GC-----.....AA-----GAC-A---AATT----A	212
HPV32	-T---G-CT-A---...ATTGGTA.....CAAA--ACCGAC-TAT-----AC-TA-A-----A---	119
HPV42	-A---G-T-A--A...-GTTGG.....TACAA...A-GTGTG--C---A-A-C-ATTG-A-----A	113
HPV3	-C---G-C--CTGT...-G.....T.....GT-.....CAA--G-----CAA	92
HPV28	-----G-C--TTGT...G-A.....-G.....GTG-----A---GT-G---GAA	95
HPV10	-C---G-C--TGT...G-A.....-A.....GT-----C-A--GT----CAA	89
HPV29	-A---G-C--CTAT...-G.....-T.....-C-----CGCT-G-----CAA	98
HPV61	-----GA-----A---...-G-GGG-----ACA-A--A-----	110
HPV2a	-AT-AG-----TATC--.....-AGTCCC-G--CCAGT-G-AG--T-A--AGAAT-A--A	170
HPV27	-AT-AG-CT-----TAT.....-C-GT-CCAGC-C-AG-AT-A--AG-AT-AG-A	164
HPV57	-CT-AG-T-----CGG.....-G...C-GT--CAGC--AG---A--A--AG-A	164
HPV26	-----A-----G.....-AG...-T-A---G.....CCAGA----GAA	101
HPV51	-A--AC-----T---...A.....AA---...-T-A---...-C-A---A--AATC--CTT	83
HPV30	--T-----T---...T-G.....AATACAACA--T-----TATCAAA-----	149
HPV53	-T-----T-A---...-G.....AAT.....-T---T--CAT-A-A-----	212
HPV56	--T-----T-A...-G.....AAT.....-CA--A-A--A-----	197
HPV66	--T---G---T-A...-G.....AAT...ACAA---C---GG---CA--A--G--T--	326
HPV18	-A--C-GCT--T-A...-A.....AG-...--AGC---...-C--T-AC-GTATT---G-	89
HPV45	-A--C-G-T--T-A...GA.....AG-...--AAC-G...-T---T--T-GA--C---AA	89
HPV39	-A-----CT-A--A...C-G.....AAT...-T-A---...-G--A--ATT-----	98
HPV70	-A---GCT-A---...CAG.....AA---...AAC---...-C-----AT---G--	98
HPV59	---G-T--T---...-G.....AA---...-T-AT--C...-T-G-AA-G---C--GAA	89
HPV7	--T--CGC--T---...-ATCAGACATCCCGCGG--ACCGACG---C-G--G-----A--TG-A-GA-G--	149
HPV40	--T---G-----G.....-A...G---CCG-C---TG---C-A-A--C--GA-	137
HPV16	-C-----T-AT-AGGC-G.....A-T...-GG---C--C--G--G--A---AT---AA	98
HPV35h	-----T---ACAC-G.....TA...ACG--T-----GA-A--AT---AA	98
HPV31	-----GG-T--T-ACAA-G.....TA-CAAC-G-----AT-GAATT---AA	101
HPV52	-A-----T---...A---...-TG--C-G-A--T--A-A.....--	83
HPV33	-A-----A.....TA.....-G...-AGA--AC-ATAA-.G---	82
HPV58	-A-----AA.....-G...-GA---A--A--A-	83
RhPV1	--T---T--T-A...G-G.....GA-...-G-AAC---...T--A-C-AT-A---C--C--	101
HPV6b	-C-----T--A--A.....-AT.....-C--G-ACAGA--T-----	131
HPV11	-----C--A--A.....-AT.....-C--G-ACAGA-----G--	131
HPV44	-----GGC---TCAC--T.....--TCCTCCT---C--C-----CTT--A-AGG--T-A	224
HPV55	-----GGC---TCAC--A.....--TCCTCCT---C--C-----CTT--A-AGG--T-A	224
HPV13	-----GGC---TCAT--T.....-A.....C--...-T-CA-A-AGG--T--	137
PcPV1	-----GGC--A--TCAC--T.....-A.....CA.....-CTT--A-AGG-----	107
HPV34	-C-----T--T-A...GA.....--TGCACA-A-G---G--G--AC--A-AGGA-G-G	95

E4 SuperGroup A Nuc-Aln

most-likely	GCCACAG.....CCGTGGGCACCACA.GAAG.....CCCCGGTGC..	129
HPV54	C-ACGTA.....--ACAA-T-----A---.....-AATCCC-TGC	248
HPV32	AT----A...GGAGTAACT--GA-C---C-GCACAGACGGAATA...TTATACAAAGACC--A-CCC-A..	183
HPV42	A-GT-CA.....-T-A--A-CAC.C-C-CAGACTGTACAGACGGAACAGCATACAACGTG--CA-C-AA	176
HPV3	--CAG-.....-----G-GT-C.....GA-	117
HPV28	A--T-G-.....-----G-G-C.....	117
HPV10	--CAG-.....-----G-GT-C--G.....GA..	114
HPV29	--C-GT.....--GC-TGAG.--G.....	120
HPV61	C---GT.....G-----C---C.C-GACAT.....CCA--T-----..	150
HPV2a	-GAG--GAAGAG-A-CTCCGC---C.C---CGTTGT.....GCTCCG--A--C--CA	224
HPV27	AGA----.GAA-A-CTCCGC-----A-CTTGCTGT.....GCACCG---C--CA	215
HPV57	-T-C-GC.....--ACACT-CAGGAC.TCC.....--A--C--CA	200
HPV26	--TAC-...TGC-----AG--A.....-C-A-G..	135
HPV51	A---CT.....G-----G--A-.....CC..	111
HPV30	T---GC.....-----G--AC.....-G--TCCT..	183
HPV53	T---GC.....-----TAC.....-T-ATCAT..	246
HPV56	A--T-CA...CGT-----A-CA--C.....-G-A--AT..	234
HPV66	A--TTT-.....-----G-CA--C.....-G---AT..	357
HPV18	A--GTGT.....-----G--A-GA.....-TAC-GC-..	123
HPV45	A--G--T.....-----C--A--C.....-ACA-C-..	123
HPV39	--A--A.....--CCAT----CA-.A--A.....-AA-C-..	129
HPV70	--A--A.....--CCAT----A-.A--A.....-TAA-T..	129
HPV59	----GT.....A-T----C--CA.ACGT.....GGAACCGT..	123
HPV7	C--TAC-CCCTGC--C-TCG----C.A--TAT.....ACAA-GACAGC-..	195
HPV40	---C-C-.....--ACA-CG----C---ACGG.....TCGG---C-CC-..	177
HPV16	--GTC-.....-T-----GA-...A.....	123
HPV35h	--TGCT.....-----A.....CC..	126
HPV31	A--TGC-.....-T-----GT.....GTGT-CG--GG	137
HPV52	T--G---.TGT-----TG--A--CA.....-A-ACC-A-..	120
HPV33	A-----A.....-CA-CGG--A-C-C.....A-GACC---	115
HPV58	.GA-AGT.....A-ACA--GGA--A-.CGACGACGACT.....CGATTTA--AGAC-C-.A	132
RhPV1	---ACC.....CCA--G--AG.--A.....AC---T..	129
HPV6b	CTTGTGT.....-TCAA-----AG.----A-G-A----	165
HPV11	C-T----.TGT--CCT-----G.----A-GGC---T..	168
HPV44	T----C...TGC--A-T-----G-C--G.....A-TGC---G..	261
HPV55	C-TG--C...TGC--ACCT-----T-C--G.....AA-GC---G..	261
HPV13	A--G---.TGT--TGCA--G--T-G.----AATGT----	174
PCCPV1	TG-G---.TGT-ATCCAT-G-----ATAGT----	144
HPV34	-GTGTGC.....--A---G---A.....	113

most-likely	.CGACGCCGCCTCGAAAAACGACCACGAG.....	156
HPV54	A--C-----A-----G-TA---TCTACAGCACAGACCAGCAA.....	296
HPV32	.-C--C-----G-----TAC---CAGTCTTTGCAGCCACCAACAAAGCACC.....	237
HPV42	A-CT-A-----A-----TACA--CAGTGTGGACAGTGCCTATCACAGCACCTGCAGCAC.....	239
HPV3	.--GA--AAAAG---C-G---T.---ACGGTCTACGGGAGCAGCAGCAGCAACAGCAGCAGCAACAGCAA	188
HPV28	.GAC---A-. . .A-----AG---CTCGAGACACTCAACTGGGAGCAGCAGCAGCGACAGTACCCC.....	182
HPV10	..-GAA-AAAAG---C-G---T.---GCGGTTCGACGGACAGCACCAGCAGCAGCGACAAGGGTCCA.....	180
HPV29	.GACA-GAA-. . .-G-----GCA-GCTTGAAGCAGTTCGGCCCTGGCCACAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGC	189
HPV61	.A-----AT--G---AG---CTCCACAGAGACAGAGAGCAGCAGCCCG.....	204
HPV2a	A--GT-----GGCC--G--C-AG--T-TCATCGTCGGACAGCAGCATCCTCCGGCCC.....	281
HPV27	C--GT-----GGCC--G--C-AG--G-TCATCGTCGGACAGCAGCATCTCCGGCCC.....	272
HPV57	T--GT-----A-CC--G--C-AG--G-TCATCGTCGGACAGCAGTGGCAACAGCCC.....	257
HPV26	..-C-ATAC--AG---G---G---CTCAGTGGACCTGACACCACCGTCACCACAGTCACC.....	197
HPV51	.A--A-AA-AG-----T-G.....	135
HPV30	..-CG-A-G---GG-----T--TA--ACCACAGAGCCCAGCAGTACAGACACCACCAGACAG.....	245
HPV53	..-CCT--G---GG-----T--CA--ACCACAGAGCCCAGCAGTACTGACTCCACCACACAGTCCACT.....	314
HPV56	..-CCACAGA--AG-----CA--CTACGGGAATCAGAATTTGACTCCTCCAGAG.....	291
HPV66	..-CCACAGA--AG-----CA--CAAGTGAATCAGAACCTGACTCCTCCAGA.....	413
HPV18	.A---T--G--GCT-C-----TG--CACTGTGGACTCGC.....	163
HPV45	.A-----G--ACT--G---TA--CAGTGTGGACTC.....	161
HPV39	..-C-----T-----G---T---CAGTGTGCAGTCACAGAGCCC.....	176
HPV70	..-G-----T--T-C--GT-TGG.A-TC.....	155
HPV59	.A---AA-A--G---G---A--CAGTGTGGATACACACAGCAC.....	170
HPV7	..ACG-A-----C-----G---AGGA--ACGGAGACTTGTCCATCAGTGCAG.....	246
HPV40	.A-G-A-----CA---G---G-A--AACGGACACCTGCCCATCACCCTACT.....	230
HPV16	..-ACA-A--A--ATCC-G-----A--TCAGAGCCAGACACCGGAAACCCCTGCC.....	177
HPV35h	.A--A-A-AAA--AC-----TT---GGGGTACCAGACTCCCCTACAACC.....	177
HPV31	G-----A--T--ACT--G-----A--ACAGAGCCAGAGCACAGAAACACCCACC.....	192
HPV52	.AAC-A--A-. . .AG-----G---CCAGACGTACAGACTCCAGAAACACCAAGT.....	174
HPV33	.A--A--A-. . .AG-C--CG--CA-CCCCTTACAAAGCTGTT.....	154
HPV58	GA---AA-A--CA-T-CT-C--A-A-TATACAGA.....	166
RhPV1	.G-T-AT-----GC--G---GTG--TCGGTCAGACTCAGGTG.....	171
HPV6b	.AA-----A-G-----G-----GAGTCCAACAGTCCCCTTGCAACG.....	216
HPV11	..-G-----A-G--G--G---T-GACCGTCCACTAACAACACCC.....	216
HPV44	.ACG-----AT-T-----C---GACCCCCACAACACCAACAACGCCAGA.....	317
HPV55	.ACC-----AT-T-----C---GACCCACCACAACACCAACAACGCCAGG.....	317
HPV13	.AAG-----T-T-----A----GACCTTCACGTCCCATTGGAAACCCCCAGAACA.....	234
PCCV1	.AAG-----CTAT-----TT---GACCCTCCCACTGTGCTCGAAACTCCAAAACA.....	204
HPV34	..-G-ATA-A. . .C-GTGT---CA--CGAGG.....	141

E4 SuperGroup A Nuc-Aln

most-likelyCCGT	160
HPV54CCACACAGCAGCTCAGACC----	319
HPV32TGCAGCACTACGGCGTCACAAACGTAC----	268
HPV42TCAAACCCAGCATCCCAGCATCCCAGCGCAT----	277
HPV3	CAGC.....AACAAACATACCCAAACCCCGCCCGCAAACCACTGAACGAGCAGCTCAACC	244
HPV28CAAACCCCTCCACGCAAACCACTGAACGAGCAAGTCAAC-AC-	226
HPV10AAGATTCCACCCAGAAGGCCGCGGAACGAGCGGGTGGACAA--	223
HPV29	ACCAGCAGCAGCAGCAGCAACAGACCCCGACCCACACCCCTCCACGCAAGCCTGTGCACGAACGGGTGGACC	262
HPV61ACACAACACAAAAAGACAACCACAAGCGG--	235
HPV2aGACTCTACGCGAACGGTCGGAGAGGGGGAA--	313
HPV27GACTCTACGCGAACGGTCGGAGAGGGGGCAA--	304
HPV57GACTCTACGCGGAAGGTTCAGAGAAGGGCAG--	289
HPV26ACTGTACCACAGCTGCCACACAGCCCGGACAGT-A--	235
HPV51	135
HPV30TCCGCTGCCAGAGAGTCCCACGCAAACCGTGTCAA-AC	283
HPV53ACCACAGCCAGAGAGTCTACGCAGAGTGTGTGCGCAAGGAA-AC	358
HPV56AGTCCCACGCAAAGTGTGTACAACACACA-ACA	325
HPV66GAGTCTACGCACACTGTGTACACACAGA-AC	445
HPV18GGAGAAGCAGCATT--	179
HPV45ACAGAGCAGCA--AC	176
HPV39ACTGAGCCCGACGGAGTGT--C-	199
HPV70T-CA	159
HPV59CCTCAGTCTACCAGCGTGT-A--	193
HPV7TGGACGGATGTAGTGGAAAGAAAATA---	274
HPV40GTGGGCAAATCACTCGGAGGAGAGTA---	259
HPV16ACACCACTAAGTTGTTGCACAGAGACT-A--	208
HPV35hCCACCAAGCGAGTGCAGTCACTAGT---	205
HPV31ACCCCAACAAGTTGTTGCGAGGGGACT----	223
HPV52ACCCCAACAACCTTTTGGGGGACAACAAT----	208
HPV33CTGTGCAGACCCCG--T-	172
HPV58CTGCG--	175
RhPV1GAGATCCAGTGCGGG--T-	190
HPV6bCCTTGTGTGTGGCCACATTGGAC----	244
HPV11TGTGTGTGGCCAACATCAGAT----	241
HPV44AACACCGTCTGTGTGTCAGAAACAGCGACT----	349
HPV55GACACCGTCAAGTGTCCGACACAGCGACT----	349
HPV13CACAAAGCATTGTGTGTGTCACAGACTACGACA--C-	271
PCPV1CCTCTAACATTGTGTGTGCCACGGACCGTGGAA--T-	241
HPV34GGC--T-	148

E4 SuperGroup A Nuc-Aln

most-likely	GGACAGTGCAAACAACA.....GCCTCAACAGTGACACTAAAA...GCAAAAACAAAAGACGGAAC	218
HPV54	--G-T---AC---G---.....-G-A--T-----GA---C...A---G---C--G-----C--	377
HPV32	---CCC-G-TCGC-A-.....-GG---CATC-----A-.....A---T---C-GC-----	323
HPV42	---CC--G-TTGTGTG.....-GG---GA-C-A--G-G---...A-TGT-----GC-----	335
HPV3	ATTGGACA-TG---GG-.....C---GGG---C-----CGT...-TCC-C---CCC-TCG--C-T	302
HPV28	---GT-A---GG-C---.....G-G--T-----C-T...-TCC-T---CCGTCCG--C--	281
HPV10	---AC---GG-C-C.....GGTTGT-----G-...-TGC-C---CCCGTC---C--	278
HPV29	A-TGGACAGT---GG-.....C---GGG---T-----T---C---...TC-----CCCTAC---C--	320
HPV61	---A-TG--C-GT.....-GA-----G--C--CG---C...---C-G-A-C-G...-G--	290
HPV2a	---GT--TAC---GC.....-GAG--T-----T---CC...---C-G---CCC--GT--GG-	371
HPV27	---GT--TACG---A-.....-GAG--T---A-----C-...---C-GCTCCCC--GT--G--	362
HPV57	---GT--CA---G---.....-GAG--T-C--A--C--G-C---...C-G---CCCC-G---GG-	347
HPV26	---TA-A-----.....A---AC-----ACA-G-GG-G...-C-TC---CCGG--A--G--	293
HPV51	135
HPV30	AA---ACA-----GA.....CAGTG-CTTG---GAG---C-T...-TT-C---C-G...AAGT-	341
HPV53	A---ACA-----ACACCAGAAAACA---CTGT---GAG--TCGT...-T-C---CCG...AA-T-	425
HPV56	CAT---C-AC-CAG---.....ATAC-G-----AGA-G-G---...-T-TC---C...AC---	380
HPV66	A---TCAGT---G.....C-----AGA-G-CC-C...-T-TC---C-C...AA-G-	497
HPV18	---CTGT---C-C--TTC.....TCGG-G.CAGC-ACAC---C-G...---C-----A	239
HPV45	---GTGT--CACC--CGTGCA.CAACCCG--CTGT--TCA-G-C...-T-C-----A---A	245
HPV39	---CA-CTT---C.....CA--C---A--G--C-G...-C-C---C-----T--	257
HPV70	-AC-CTCAG---GACGGAGTG.TTCGT-GAC-.TTGT-ACA-G---G...-TGC-----C---C--	227
HPV59	---TACTGTG---C.....CAG--GT-C--TTGCA-CC-G...---C---CCGC---C--	251
HPV7	---C--G---GAG.....CA-G-TCGCC---T-T-G...---C-----TCA---	332
HPV40	---C---G---GA.....CA-G--CGCC---C-G---...---C---GGGCACA---	317
HPV16	---TCCA-T-C.....T--C--CATT--C...-TC-C---G-----TT	260
HPV35h	---TTG--GAG.....-GG--T--TC-ACAT--G-CT...-C-----GAC---TGT	263
HPV31	---TC---TGTG.....-GG-T-T-----CAG--GC-T...-C---C---C-A--GCT	281
HPV52	---A-T-CACGGG.....-A--GT--C--CA---G-GT...-C-----G---GTT	266
HPV33	---A-AG--CAGCAC.....GT-C--CA-----CT...-C-----GCAG---CT	224
HPV58	---AG-CCACGAGGAG.....GAG-A--AC---ACA---CT...-T-C-T---G-G---	239
RhPV1	---G--AA--G-CGGT.....CAG--CTTT--GAT--GC-C...A---C---GCT-C-G---GT	248
HPV6b	---G---C---.....A---T--C-A--A--C-CG...A-C-GC--C-----	302
HPV11	---A---T-----.....A-A--GT--C-----A-T-C...A---GC--C---A-----	299
HPV44	---A-----.....A-A--CT-CC-A--G-T-C...A---GT-----G---G--	407
HPV55	---A-----.....A-A--T--CC-A--G-T-C...A---GT-----G---G--	407
HPV13	---A-----.....A-A-----GT-A--CA-T-C...A---T-----G---G--	329
PcPV1	---A-----.....A-A--A--T-C-ACAA---C---C-GCA-----	299
HPV34	---TT--T-C-T--C.....-AC-GCCCACA--AG.....A-TC-TCG-CCCAGT-T-CT	200

E4 SuperGroup A Nuc-Aln

	* coordinate 3620 in HPV16R	
most-likely	CACAGTGGTAGTAACACTACGCCTA.....TAA	246
HPV54	ACA---A-G-G-----A-----G	405
HPV32	-CGT---A-A-C-G-----AG	351
HPV42	---T---A---C-GG-----G	363
HPV3	-GA---ACCC-G--TG-GT---G	330
HPV28	-CA---ACCC-G--TG-G-A---G	309
HPV10	-CA---ACCC-G--TG-G-A---G	306
HPV29	-CA---A-CC-G--TG-G-A---G	348
HPV61	A--T---AC---T---G-T-A---G	318
HPV2a	---G---AC-C-G--T--GT---G	399
HPV27	---G---AC-C-G-----GT---G	390
HPV57	-----ACCT-G--G--GT---G	375
HPV26	ACG---A--GACC-A---GT-TT--	321
HPV51	135
HPV30	G--G---TA---A---A---G	369
HPV53	G-----TA--G--G-A--G	453
HPV56	---CC---GA--G-----G	408
HPV66	---T---GA--A-----G	525
HPV18	-T-T--A--G-----	267
HPV45	GTGT--A--G-----	273
HPV39	-T---T--G-----	285
HPV70	--GT--T--G--G-----A---	255
HPV59	AT-CC-T-C-----	279
HPV7	AGTG---AG--C-TT---A---	360
HPV40	TGTG---AG--TCTT---A---	345
HPV16	A--T--AA-----A--C-	288
HPV35h	GGT---T-----CA---A---	291
HPV31	GT---T--CC-GCA---A---	309
HPV52	GCACA-ACA-C-TGT---G-A---	294
HPV33	GTGT--A--TC---GT-G-A---	252
HPV58	GTGT--A--TC---AGT-T-A---TCGTGCATT---	276
RhPV1	TC-G---AC---G--TA-----	276
HPV6b	A-----AAC---TCAG-----	330
HPV11	A--T--CAC---GCAG-----	327
HPV44	A---A-TA-T---CAG-----G	435
HPV55	A--A-TT-T---CAG-----G	435
HPV13	A-----TACT--GCAG---A---	357
PCPV1	A-----AAC---GTGG---A---	327
HPV34	-.....TAC.A---TGT-G---A-----	222

E4 SuperGroup B Nuc-Aln

most-likely	ATG...TTAATAAGGAAAATGTGA.....	21
HPV19	-A-...-----C---T.....	21
HPV25	-A-...-----C-C---T.....	21
HPV20	-A-...-----C---T.....	21
HPV21	--ACCAG-GCAG--AC-TT-AGA-GCCCTCCTGAAAATCATTTCAAAAAAGGGCCAGTGTTCAGTTGAGGTTAT	73
HPV14d	---ATAACG---A-C---CA-ATGCTTATACTATGTGGAAGCACATATATTACCAGGATGATGACGAACA	73
HPV5	-A-...-----C---T.....	21
HPV36	-A-...-----C---CT.....	21
HPV47	---ACAAAG--G-A-C---CT-ATTTGTATACTATGTGGACATTTGTGTATTACATGGATTTCAGATGATGT	73
HPV12	---GAGACTT---AC-CT--TATGTACTTTTTGCTGATGGTGCACGAATGTATAGTAAAAC.....	62
HPV8	-AA-...-----C-C---T.....	21
HPV24	GG-AGT---AC-TT-TT---C.....	24
HPV15	---...AC-CATG-A-C--G---GAAGGAAAATTGACTATCATGGCGCATATTATT.....	54
HPV17	0
HPV37	-A-TCTA-T---TAC--TT--AAG.....	24
HPV9	0
HPV22	-A-GGACCTT---AACCT--TAT.....	24
HPV23	--TGCT---A---G-CC-AAA-CAGTGGAGGTGTATTTTGATGGAGATCCTGAAAATGTTATGCCATATAC	73
HPV38	0
HPV49	---...A--TGTG-C---G---CAAGGTGAGGTGGATTATGCAGGTGCATATT.....	51
HPV4	---AACAGTGGC-CA--GT-AAAG.....	24
HPV65	---ATG-GTC-GTATGGTT--AT-ATGATAGATATAATGCTATGGTGTATACAAATTGGGATTATC.....	66
HPV48	0
HPV50	0
HPV60	---TGTGGTT-G-TA-T---AA-.....	24
most-likely	21
HPV19	21
HPV25	21
HPV20	21
HPV21	TTATGATAACGATAAAGACAATGCTAATGCTTACACCATGTGGAGATATGTTATTTACGTGGATGATGACGAC	146
HPV14d	GTGGCATAAAAGTGCAAGCGGGTCAACCACACAGGCATATATTATATGC.....	123
HPV5	21
HPV36	21
HPV47	GTGGCATAAAGACAACAAGTGGGGTCAATCAAACCTGGCATTTACTACCTAT.....	123
HPV12	62
HPV8	21
HPV24	24
HPV15	54
HPV17	0
HPV37	24
HPV9	0
HPV22	24
HPV23	AGTATGGTCTTATATTTACTATCAAACCTGATG.....	105
HPV38	0
HPV49	51
HPV4	24
HPV65	66
HPV48	0
HPV50	0
HPV60	24

E4 SuperGroup B Nuc-Aln

most-likely	21
HPV19	21
HPV25	21
HPV20	21
HPV21	CAATGGCATAAAAAGTCCAAGCGGTGTCAACCACACAGGCATATATTTTATGCAAGGAACTTTTAGACTACT	219
HPV14dAAGGAACCTTTAGAACTACT	144
HPV5	21
HPV36	21
HPV47ATGGAACATTTAAACACTATT	144
HPV12	62
HPV8	21
HPV24	24
HPV15	54
HPV17	0
HPV37	24
HPV9	0
HPV22	24
HPV23AGG	108
HPV38	0
HPV49	51
HPV4	24
HPV65	66
HPV48	0
HPV50	0
HPV60	24
most-likely	21
HPV19	21
HPV25	21
HPV20	21
HPV21	ATGTTTTATTTGCTGATGATGCAAGTAGATATAGCAGAACTGGACATTGGGAAGTTAACGTTAATAAGGAAAC	292
HPV14d	ATGTTTTGTTTGCTGATGATGCAACTAGATATAGTAAAACGGACATTGGGAAGTTAAAGTTAATAAGGAAAC	217
HPV5	21
HPV36	21
HPV47	ATGTGTTATTTGCTGATGATGCAAAGAGATATAGTGCTACTGGAGAATGGGAAGTTAAAGTTAATAAGGAAAC	217
HPV12GGACAATGGGAAGTTAAGGTTAATAAGGAAAC	94
HPV8	21
HPV24	24
HPV15TGGAAGGAACCTCTTAAAGTTTATTACAT	82
HPV17	0
HPV37	24
HPV9	0
HPV22	24
HPV23	ACACTTGGGAAAAGGTTGAAGGACATGTGGATTATACAGGAGCTTATTTTATGAGGGCCAACCTTAAAACTA	181
HPV38	0
HPV49ATAAGGATGGAACATCAAACAGTA	76
HPV4	24
HPV65TATATTATCAAGATGTCAATGAAATATGGCATAAAGT	103
HPV48	0
HPV50	0
HPV60	24

E4 SuperGroup B Nuc-Aln

most-likelyTTGCTCTGTACCAATTCACCCCACCCGGCT.....CACCAGGACGACAATCAGACTAAGACACCG	84
HPV19-A-----GC--A--A--C---A-----G---AG---CC-A----T	84
HPV25-A-----GC-----C---AG-.....G---G---C-A---T	84
HPV20-GC-----C-----A-----G-----G-----C-A--G--T	84
HPV21	TGTGT-----GC-----A-----G-----G-----C-A---T	360
HPV14d	TGTGT--A-----GC-----T---AG-.....G---G---C-A---T	285
HPV5-GC-----G--T--A--G-.....-G---G---G---AC-A---A	84
HPV36-C-----GC-----T--A--G-.....-G---G---G---AC-A--G--T	84
HPV47	TGTGT--A-----T-GC---A---A--G-.....G---A---CC-----T	285
HPV12	TGTGT-----GC-----A-----G-.....-AG---CC---G--A	159
HPV8-T---GC-----C---A-----CC-G---G---AC-----	84
HPV24-GTT-G---.ATG-G---ATAG-TA-A-TA...A-T-T--C-...--GG-...-G-T--GGA	78
HPV15	ACAGT--AAGT--.....-G-AG--AGTTT--A...A-A-T--A...TC-GG-...-G-TGCAT-	138
HPV17-G-TG--AGTTT--A...A-A-T---.GT-GG-...--TGCAT-	42
HPV37G--A-G-----GG-.....TTA--A...A-A-T---.GC-GG-...--TACAT-	69
HPV9-G-AG--AGTAT--A...G-A-T--CG...TT-GG-...--TGCAT-	42
HPV22AAATT--AA--AG--G-T-AA-G-TAT--TA...-A-----T-GG-...-G-TGCAT-	81
HPV23	TTACA--AAATT--AAG-AG--G-A-AG-GCTTT--TA...-TA-----A...TG-GG-...--TACAT-	243
HPV38AATT--AA-ATG--G-T-AA-G-TAT--TG...TCA----T...T--GG-...--TACAT-	54
HPV49	TTATG--A-CTTC-CTGATG--G-TGTTAG-TAT--GA...-T-T-----AT-...--T-CG-A	138
HPV4G--AAGTG-ATTATG--GG-T.....TATA-----TTA--AC-...-TA-G-GAG--AGAG...	75
HPV65	TAAAGG--AAGTG-ATTATG--GG-T.....TATA-----TTA--AC-...-TA--G--AC...	156
HPV48	0
HPV50	0
HPV60A-AA-A-AT-TC--T--A-A-ATTGGGAATATATTTACT-T-----T--T-T-G-A--A-T-G--A-	91

E5 start for HPV5 ->

most-likely	CCACCAAGAACACCATCTTTACCA.....CTGACACCAGTCCAGACCGC.....CCACTGGAGA	139
HPV19	--T-----C-C--C-ACC-----T--G-----TCTCGCCCACAG--T-CA----	148
HPV25	--T-----C-C--C-A.....G-----TCTCGCCCACAGG-T-C----	142
HPV20	--T--C--C-C--GC-ACC-----T-----A-----A-T.....GC-CA--A-	139
HPV21	--T--C--C-C--GC-ACC-----T-----TCTCG.....T---CA--A-	418
HPV14d	--T-----C-C--C-ACCG---T-----TCTCGCCCAGATT-CA--A-	349
HPV5	--C--GC--C-C--C-ACCT---CAACCGCCGT---T-----A--TC.....A---ATC-A-	151
HPV36	--T-----C-T--C-ACC---CAGCCACCGT---T-----A---AG-A--TC.....A---ATC---	151
HPV47	--T-----C-C--C-ACC---CAGCCGCCA-----T--C-----GC-AA.....T---TCAATA-	352
HPV12	--G-----C-C--GC-ACCT--T.....-C---T-----A-----T.....G--ACA-	211
HPV8	--G-----C-C--C-ACCT--G.....T-----A--AGC...GGT--C---C-A-	145
HPV24	TT-AT--G-A--TG-G---G--C.....T-----GC---C---A-CC.....GA-T-CCC-G	136
HPV15	TT-ATG--G---T-----G-TC.....TT--T-GC--TTCG--G.....-AG-----	193
HPV17	TT-ATG--G---T-----G-TC.....TT--T-GC--TTCG--G.....-AG-----	97
HPV37	TT-A---G---T-----G-TC.....TT--T-GC--TTCG--G.....-AG-----	124
HPV9	TT-A---G---TTG-G---G--C.....TT--T-GC--TTCG--A.....A-----	97
HPV22	TT-AT--AG-T--TG-G-----C.....TT---GT--T-CG-----AGT-----	135
HPV23	TT-AT--AG-T--TG-G-----C.....TT--T-GT--T-CG-----AGT-----	297
HPV38	TT-AT--AG---TG-G-----C.....-C-TT---GT--T-CG-----AGT-----	108
HPV49	TT-A---CG-A--TG-G---G-TC.....TT--T-GC---CC--A-CATCCACGGGGCTAC----	202
HPV4	...-TT-TTTT--AT-A---G-T.....-TG-TC...AA--T.....TT-GCA--AC	121
HPV65	GTG-AT-CTTT--TC-G---G-----A--TG-TC...A---T.....TT-GCA--AC	205
HPV48	0
HPV50	0
HPV60	GAC-AG--G-G-GGTGGAC--TA.....TG--TTT-.T-T--C-GAAA.....AT-A---A-	145

E4 SuperGroup B Nuc-Aln

most-likely	TCCCGGTCGC...GGTCCCGGTCAAAAAGCCTCTAGCCCTACCACCACCA.....	288
HPV19	-----G-----GCGGT-TCT-TCGT--A-CGGCGATCAC.....	306
HPV25	-----C-----CC-GT--CGCTC--G--T-CGAT-G.....	294
HPV20	---A-----GA---GCGGCA-CGGTCT-GGT-TCGGT-TC.....	303
HPV21	---A-----G---GCGGT-GCGGCT--GAT--CGAT--C.....	570
HPV14d	---A-----GA---GCGGT-TCGGCT--GAT-T-GAT--C.....	501
HPV5	-----AA--CC--A--CAC-C-A--CGGT-----CCA.....	318
HPV36	---A---C-----ACA-CCC-A--A--C-GT--G-----C.....	324
HPV47	-----A-T--TC--A--CACTCTT-C-----CCACCACCA.....	507
HPV12	-----C---A--CC--A--AGGGC--T-GG-G---TCCGTATCC.....	383
HPV8	-----TC-----GTT-GG--GT-G--T-C-----GTATCCA.....	309
HPV24	AAG--AA-A...--A-G--CG--GG-AG--A-----C--TGA-T--GATGCAGACGA.....	284
HPV15	G--A...GA...-C-A-AACCG---AA-----A-----CCA.....	339
HPV17	C-A--CGAT...ACA...-CGG---G-----AG-----.....	240
HPV37	C-A--CGAT...ACA...-AAG-----A-----A-----G.....	264
HPV9	---ACGAT...ACC...AACG-----G-----C-----.....	234
HPV22	ATA-----G...-CCG---A---T---A-T---CCA.....	249
HPV23	CG-----A-A-G-CCG---A-----AG-----.....	411
HPV38	G-A--CGAT...ACG...-AG-----A-----T-A-----T.....	231
HPV49	A--A--AAAGGAA--A-G--CG---A-----T---AG-AG--TCCA.....	390
HPV4	-TA-----G--C-CTCCA--A.....G-TA-T--GAAG.....	246
HPV65	CTA-----G--C-CTC-A-AC.....-C---TA---G.....	330
HPV48	A-TA.TGGA...A--TA-A-TT---AA-AAA-CTAT-T-TG--T-TG.....	60
HPV50	...C-G-T...-A-T-A-TAT-CTTTAAA--CTTT-A---TGATG-CACTGTATATGGCAAATCTGGACAA	65
HPV60	---TCCGACG...AC-A-ACT--C-----GGGCAG-AAC--CA-TT-T.....	309
most-likelyCCTCCAGGTCGACGTAGATCCAGA..GGCCTG.	318
HPV19GA---AA--C...GA.....-AAAG..	327
HPV25GG--GC-----CG--C-C.....-T---	318
HPV20GG--TGAA---C...C-CG--G-C...-T--C.	330
HPV21GG---C-A--CCG--CCTATCCC...-T-CC.	600
HPV14dGG--GCAA---T...CTGAG-G-C...-T--C.	528
HPV5GG---C---C---C-C--ACC...A-A--C.	348
HPV36GG--T----CC--C-C--GCC...A-A---	354
HPV47CCTACAGG-----T---C-C--A-C...A-A--C.	543
HPV12AGGT-----CC--C-G--ACAC...A-AT-A.	417
HPV8GG-----CT--C-C--ACC...A-G-A-T	340
HPV24CGATCCT-G---C--CAA-A-A--C...-AG...-GAC.	318
HPV15CGG---CA---A-GA--AG...A-AAA.	366
HPV17-A--C--CAC-...-A.....-A-AA-	261
HPV37-G--C--CAA-...-A.....-A-AA-	285
HPV9-AGG-A-AAA-GAC---...-A-AA-	258
HPV22T-AGG---CAA-AAAG-CGAG---...A-AAA.	279
HPV23-AGG---CAA-...-A.....-A-AA-	432
HPV38-CG---CAA-G-A-AG.....-A-AAA.	255
HPV49A-----AAAG...-G--TC-C...-A-GAC.	417
HPV4TTA--GA-CA-G--AGCC.....CTA--C.	270
HPV65AGCTT-CCCA-G...C--.....-C---T.	351
HPV48TTA-T--C--CT...C-----AAA-A.	81
HPV50	TGGACTGTTATATTTAAAAACAAAATATTCATTCCTCTGT-A-T--C--CT-AAG--GTGC-TTT--G-CT.	137
HPV60T-G--TCA--CT-A-C-C.....C-A--A.	333

E4 SuperGroup B Nuc-Aln

most-likely	..GAAACC.....GAACAA...GATCAAGATCCA.....GAAGAAAGACCA...CCACG	359
HPV19	..CCTC-A.....CC--T...--GGG--GGTC.....--G-GTCAC---...--G-C	368
HPV25	..A-TCT-AGTCGTCT...AAGCGGC--T-----C-----A---T...-AG-C	374
HPV20	..-GT-----T-C.....-CG-----GAG-G--GTCG--CTCCG-G-C	377
HPV21	..-GTCT-AATCGTCTGACCAGCCGCA-TACC...--TC-----G.....-G-GC-AGTGTCCCT--TC	662
HPV14d	..-GT-----T-----C-----GACA--A-G-AGTGT.....	570
HPV5	..-GGC-----TT---GCA---GC-----G---G-T--CCAA----C	395
HPV36	..-GGT-----AGCGGG.....T-TC-A---GATC-C--TCC-GA...G---C	395
HPV47	..-TGCT-----TT-C-...-G-----G-----CCTCC--TCT---GCA---C	590
HPV12	..-G-----G-GGT.....-GC---GC...AATCC--GGA-GGG...GGG..	456
HPV8	TC-GCC--...-GT-C-...-GC-----G--CG-G-T-...-AG-C	383
HPV24	..-GCA-----GT-CC...-CA-CC-G--GC...GCT-C--CTCC--TC...AA--T	362
HPV15	..-C-AG.....A-GAC.....-GC-AGGC...GATC--GTCC--T...-A-G-	407
HPV17	..AC-T-A.....-CG-T.....-G-----CCTC-C-GGG--GAC...AAG..	300
HPV37	..-G-AG.....AC--CG.....-C-AGGC...GATC--GTCC--T...-CG-	326
HPV9	..-G-AG.....-GA-G...-GA-G--GAAG.....-GA-G-A---ACTA--G-	302
HPV22	..-C-AG.....A--CC.....-C-AGGC.....A---GAT-A-G-	320
HPV23	..---AG.....A--CC.....TC-CCAGGC.....A---GAT-A-G-	473
HPV38	..-G-AA.....CC--G...-CA-CCA-AGG.....A-G--GAT-A-G-	299
HPV49	..-TC-A.....-GT-T-...-A-C-G--CGCAGAC-GGA-GC--G--CCT-A-G-	467
HPV4	..---GGA.....-G-A-C.....-G-GAAAT.....CCGACGC---TCCA----	311
HPV65	..-TGTA.....-GGG...A--G--GGAAT.....CTCA-CC---TCCA-A---	395
HPV48	..C--T.....CCT-TT.....TGA-AG--...GGTCGG-CT-T...-G-C-	119
HPV50	..-CTGA.....-G.....-CC-GG--T...TCC-C-TC-TA-G...A--A-	176
HPV60	..CT-C-G.....ACGG-G.....G-CAGA--T.....C-CA-G--GGAG...T-T-T	371
most-likely	ACCAGAAGCACAACCACAAGGAGAGCCACAC.....CCAGGCGCGACGAAGACGATGGTCACCC	419
HPV19	-----TGA-CA-T--T-C--TC-C--T--G.....--CTT.....CCTCCAC-ACC--CTTG	422
HPV25	-----G-G-G-GGTC--G--TC-C-----ACC.....A---CCA-TGAC--GCCGC-A-----T	437
HPV20	-TT-CC-C--C-----CC-CCA--G--.....-G.....C-G-TG--G-----	428
HPV21	-T-CCGC--C-----C-CC-CCA--G--ACCAAC...TACT---CCA-AG-GTC-G-G--G-----T--	731
HPV14d-T-----C-CC-----A.....-G-T--G.....GG	605
HPV5	TG-----GGG-GGTGG---TC-C.....-GC--TC-A-----	443
HPV36	T-T-----GGG-GGT-G---C-GAGGT---.....-T.....C-CC-TCCA.....	440
HPV47	-GT-----GGG-GGT-G-G--TC-T-----A.....A---TCGC.....GA	635
HPV12	.GTC--G-GT--T---CGAC-CCA---TA.....AGC-----A--TCC--TC--...-CT--	512
HPV8	---TCT--GCG--GGG--G-TC--GGT---.....-GC--TC-ACC---AGG	440
HPV24	CGATCT--AT-C---T-----GT--G-TCAA.....CCT----G-CAACA-G--GT-TA.....GG	422
HPV15	GGG---CAAGA--T-T-C---G-----A...AC-AGC-C--C.....GG	449
HPV17	...C--T-T-C-GGGG-G--GAGC.....-A--C-AG--G-----G...A--G-	344
HPV37	GGG-A-CAAG-----T-C---G--GGGAC.....-A-CA--G-----G...A--G-	380
HPV9	-GACA--GT-C-GAT-C-A-G-TCGA--GAAACCGAAAGGGGAGG--A-...-G-----G...G-AGG	371
HPV22	T--C-----CGAGCAGC--G-----A--GCCACC-----	365
HPV23	T--C-G---G-GAGCA-C--G-G.....-A--GA-ACCCA-A---.....	518
HPV38	T--C-----AC--G-----A--GACACCC-G-----	341
HPV49	T--CA--AAG-C-G-CGTTC--T--G-T.....--ATCCACTTC--G--CCAG-GGG	527
HPV4	T--CCTGAA--CGAGGG-GTAC--C.....TAC-A.....-C-----C.....GA	353
HPV65	T--CCCGAA--CT-GGGGCTAC---.....TAC-A.....-G-----C.....GA	437
HPV48	T---C---T-GGAG-GCCCTC--AGG-G--.....C-A.....-C-TCTC-G...A-AA-	167
HPV50	-G-CA-CAGGA--GAT-TG-A--C-.GT--A.....-AAA.....-CCCTAC-G.....GA	223
HPV60	-G-TCT-C---GT-GC-G--TGCT.....TTC-ATTA----CC--A-----A	420

E4 SuperGroup B Nuc-Aln

most-likely	TCCACCACCACCTCCACCTCCAAACCCC.....	447
HPV19	CGAT-A-...GAGGG-G-AG--GGGT-GGGCGC.....	452
HPV25	-----T-----TG--A--TCC-AA-GGTCACAAC.....	477
HPV20	A--T-----T-----A--TC--AA-.....	456
HPV21	-----T--T-----GG-CACGA.....	764
HPV14d	--AT--T...--A--T-----GGT.....	630
HPV5	-----T--T-----TG-A---C--AA-GGTCACAGCGGGCACGAGCCGAAAGTTCAACAACCAGAGGGGCC	516
HPV36	---T--T-----A-----A---CAAA-GGTCACGAGTGCGGGCCGAAACC.....	507
HPV47	--AC--T-----A-----A---GGTCACGGGAAGGAAACA.....	687
HPV12	---A-----GAAAACGG--AC---GGG.....	540
HPV8	--AC--T-----AA-----T---GGTCACAAA.....	474
HPV24	GGAGA---C--AGAG.....GG-AA-GAGGAGTC.....	453
HPV15	CGACGAT--CGAGAA-----TCT.....	477
HPV17	---TA-T--CGAGA-T---A-G-T---.....	372
HPV37	---TA-T--CGAGA-----GTT.....	408
HPV9	---T--T--G-AGA-T--A-T-CC---A.....	399
HPV22	CT-T---...GAGAAT--G-AG--T---.....	390
HPV23	---T---...GAGGAG---A--T---.....	543
HPV38	---T---...GAGGAT---AGTCT---.....	366
HPV49	---GGAG...GA--TGT-A-A-CCT--AGAG.....	555
HPV4	GAAGGA-...AA--AGGGC--GGGT--AGGAG.....	381
HPV65	CAA-GA-...AA--AGGGC--GGG--AGGAG.....	465
HPV48	---A---...--GAGT-GC--CCT--T.....	192
HPV50	CA-CGA-.C-AC-----G-C-T-AA.....	249
HPV60	A-G-G---...A-AAAG...AG--TAT.....	441
most-likelyCCG...GCAGGGGAAGGGGAGGGGCGAGTGGGGGAGACGAAGAAGACGATCCC.....	498
HPV19	..AGCAGG-GGG-GC-CA-C---TC--C-----A-----G-G-A-C--TCCAGAGA.....	511
HPV25	CGCGAT--AGGGCAG--A-C--CA-G-----C-C--CA--G-CG-G---C-----CA-AG.....	538
HPV20GGTCGC-ACA-CTGC-----C-----CA--CA---GC-AGGGGAAGGCGATCATC	523
HPV21	..CGGC-ACGAG-AG---CC-TT-----A-----A--G-GA--C-GT...C---T.....	819
HPV14d-AC...AAC---C-C-A--A---C-----CA-GG-G---G--ATC.....	682
HPV5	GAGGGT-GA...-AG--TC-C-A-----A--C-----G-GC-GC---GGAAGGTC.....	580
HPV36	CGCGAGGG-GTA-AG---CC---T---A--G-----C-G---C--G---ATC.....	568
HPV47	GAGGGAGG-GGA-ACAA--G--A-C---A-----GAGCAGC---GAGAAGGAGAT...CATT	757
HPV12GA-AAA-AG-AC-GG-A-A-A---G--A-----AG---C--GAC---AT.....	594
HPV8	GGGGAGGA-GGA-AC-----A---A-----A-----GGA-C--TC---T.....	534
HPV24	CAACCT--T...C-----A-----A-AA--TC-TCCTCCTCCTCC---.....	510
HPV15C-T-----A-A---A-AA--G-G-CC-C--C-A-G---AATCGA...AGTC	538
HPV17-A...A-----A-----...-G-CC-C--C--G---AGT.....	424
HPV37A-----A-A---A-A---G-G-CCGAG-C-----AAT.....	463
HPV9A---C-----A---AG---AA--G-G-CC-CG-CCA-G---AGT.....	454
HPV22-A...-GC.....-A-AG---A---G-C-CCCTC-.....	426
HPV23-C...-GC.....-A-A---A---G-G-CCCTC-.....	579
HPV38-A...C-----A-A---AG-A---AC--CA---GC-GG-GC-GG.....	417
HPV49	...ATT--AGCCC--A-A---CCC-CA-----A--A--G-G-G---TA--AGGTC.....	613
HPV4	...AAA--C...C-C-CAA---AA--A-A--AG-A--AA-AG--G--G--G.....	426
HPV65	...AGA--C...C--CAA---AA--A-A--AG-A--A-AG--G--G--G.....	510
HPV48-GACATC-...-CTAC---A-C-AC-AC-AC-AGA--CG---GA-TCTGGAA.....	243
HPV50-A...TAC-ACTTC-AC---AC-AC-A-AAA---AC-CC-T.....	290
HPV60-T...C-----A-AGTC-CC-C--ACCAAA-----C---G.....	477

E4 SuperGroup B Nuc-Aln

most-likely	..CCTCCCCCTCCCCCTCCCCCAAAC.....GGTCACGAGCGGAGT...CAGAGTCTG..	546
HPV19	GT-AC-AT-C-A-AA-A-----.....AGAC-----G---T..	561
HPV25	ATTG--TGAA-----A--T---G-.....-A---AGA-----G-----..	588
HPV20	AT--A--T--C--A--C--T-A-----.....G-----G-----..	573
HPV21	..--A--T--C--AG-C--T-----.....GAA-----..	867
HPV14d	CT--A--T--C--A-----T-----.....CGA-----T..	732
HPV5	CT-----T-----G--A-----.....G-----G-----..	624
HPV36	CT-----A-----G--A-----.....A--A-C.....C-----..	612
HPV47	CT-AA--T--C--TGA---T-----.....AGTCA--CG--.....C..	801
HPV12	..--A-----A-----A---A---.....-A-C---A-G---..-TAG---A..	642
HPV8	..--A--T--C--A--C--A-----.....-T--A--G---.....T..	576
HPV24	..--A-----AGAA--AAAG--TC-.....AACGGG--TGC--CA...-CG-----..	558
HPV15	CCT--A-GA---GA---GATCCA.....A---GA--T-AC.....G--G---T..	585
HPV17	GCGG---T---GA---GATCG-.....-----T---CGA-CCAG--G---T..	477
HPV37	AAGG---T---A-GA---GGTCG-.....-----G---T-CA.....G--G---T..	510
HPV9	CCGT---GT---G---A-TCC-.....-G---GT-CCGAG..G--G-A---..	504
HPV22-AGG---G---AAGGTCG-.....-A-C--TA-AC.....G-----..	468
HPV23-G---AGATC-A.....-A-CA--T-AC.....-----..	615
HPV38	..T-A--G---GAGA--AAGATCC-.....TC-----CT.....-T..	456
HPV49	AC--A-----A--T--A--AGT---GGGAAAGAAGCGCAGCC---A-G-G---..G---C---TT	680
HPV4A-A-CGA-TT--.....GA-----..	444
HPV65A-A-CA--TT--.....-----..	528
HPV48	..--A--GA-A--A-AC--AGA-G--GAGGA.....ACAAA-AGGAA-TT--G---..C--C---..	300
HPV50-TA-AGA-A-AGAAAGTC-.....AA--GA-TT--GAG...-C--C---..	336
HPV60TA--GA-GAAGT-GA-CG--.....A-AGTGCC-T--.....G-----..	516
most-likely	.CTACACGGCGTGCGTCTCTCCTGACGAAGTGGAACATCACTTCGATCAGTTAGTAGAAAACATACAGGAC	618
HPV19	..--GG-TC-A-----G-----C-----G---ACA-G-----G--G-A-----A	633
HPV25	.T--GG-TC-A-----G-----C-----G---ACA-----TC-G-----A	660
HPV20	.T--GG-AA-A---A-----TCT-C-----G--G--TACA-----TC-G-----A	645
HPV21	.T--GG-AA-----A-----C-----AG--T-----A-----C-G-A-----T-	939
HPV14d	..--GG-A-----A-----AGT-C-----AG--T-----A-----TC-G-A-----A	804
HPV5	..--AG-TC-----G-----GT-----GGG-----TC-G-----	696
HPV36	.T--GGA-C-----G-----C-----AG-----T-----TC-----	684
HPV47	..--A-TAC-----G-----AG--G-----AGCA-----G---GC-----T---G-	873
HPV12	.GC-GG-AA-----G-----GC-----G---T---A---T-----TC-----G-----	714
HPV8	..--GGTT-----G-----TCT-----G---G---A---T-----GC-----G-----	648
HPV24	.T--GGGACA---A-----GG--C-----G-AAG--AGA-----G---G-A---T---A	630
HPV15	..-C-----G-----A---G---CA-C-----GC---G-----C-G-----T---G-	657
HPV17	..-G-CG--G-----TG-G---GC-----A---G-----G-----C-C-GGT--G-	549
HPV37	..-T-CA--G-----TG-G---C-----AG--G---A---G-----G-C---GT---	582
HPV9	..-T-CA--GT-----G---T-----CG-G-----G---GC-GG---CAC--GA	576
HPV22	.T-GACG--G-----G-G-----G-A-----A-G-----C-G---GT--G-	540
HPV23	.T---G--G-----TG-A---AGT-----G-G-----C-CAG--GT--A	687
HPV38	..-G--G--G-----A-A-G-----A-----GG--G-----G-----C--AG-GGT---A	528
HPV49	T--GC-G--GT-----A---G-----A-G-----T--AG-G-A-A-A-----G--CG---CTT---	753
HPV4	..-AC--T.....CA-----G-GCAG--A---CA---GAA---C--GG--CTGTCC-	504
HPV65	..-GC--T.....GG-----TCAG--A-A-A---GAA---C--GG--CTGTCC-	588
HPV48	..-AC--A.....TCG-----T--AG-TC-AC-A-GC--GCA---C--CGG--TACTC--	360
HPV50	..-GC--A.....A-----G-AG-TC--ACA-----GCAGCGC--TGG--CTGTC-A	396
HPV60	..-CC--A.....G---A--G-----GCAG--A-A---TC--CC-----GCGG--T-TC-A	576

E4 SuperGroup B Nuc-Aln

most-likely	GACTTGGAAAGATTACTGGAAGAAGCTCGCGATCCCCCAG.....TAA	660
HPV19	-----G---TT-----	675
HPV25	-----T---G---TT-----	702
HPV20	-----T-----T-----G-	687
HPV21	-----C-----T-----	981
HPV14d	-----G-----C-----T-----	846
HPV5	-----C-----	738
HPV36	-----T-----G-	726
HPV47	-----G---T---G---A-G-C-----	915
HPV12	-----G---T-----T---C-----G-	756
HPV8	-----C---C-----AT---C-----	690
HPV24	-----C---T---G---G---T-----	672
HPV15	-----A-----G---A-G-C-----	699
HPV17	-----AC-----T-----A-G-----	591
HPV37	-----AA-----C-----A-G-----	624
HPV9	-----C-C-----CT-G---AAA-C-----T.....	618
HPV22	-----CGCA-----C-C---AAA-C-----	582
HPV23	-----CGCA-C---T---T-C---AAA-C-----	729
HPV38	-----ACGC-GC-----C---C---GCA-C-----	570
HPV49	-----G-----G---G---A-----T-----	795
HPV4	-----CTC---AA-C-----A-G---G---TA.....-G-	546
HPV65	-----CA-C---AA-CT-----A-G---A---CA.....-G-	630
HPV48	-----C-----A-----G---G---T.....-G	402
HPV50	-----A-C-----AA-G-----G---A---TC...C---	441
HPV60	-----C---C-T-AA-G-----G---T---ATCCTGC---	624

E4 SuperGroups C-E Nuc-Aln

Unclass.con	AGGGGATCCGGTACGCCTTCACGGGAATACCACCACAGGACTGCCCATACCGCTTCGGAACAGCAGCAGCAACC	74
MnPV	-----	74
SuperE.con	ATGA????G?????A?A?????T????????	8
CRPV	----GCCAT-GACATTGC-GG-TACCAG-AGAGAAAGGTT	40
GroupE1.con	ATGATGGTGTCAAAACTACTATGTTGACTTTCAAGA	37
HPV63	-----	37
Unclass.con	AGATATTACTACGAGAGGGAAGAGGAGACTATCCAGACGGCGCACGCCGCGAGACGAGGAGTACTACCAGGGG	148
MnPV	-----	148
SuperE.con	?GA???C??TC??A?A?A?A?????A?C?G?T????TGAGG?T?A?????????AtgttatGt	37
CRPV	C--AAG-CC--CGC-A-AG-C-TTCAAAAAGA-CC-A-C-ATTGT-----T-T-CTATGATGGTG-CAGAGG-A	114
GroupE1.con	AGAGGCCAATCGATATAGCAAAAACAGGTCGATATACTGTTCAATATGAGGGTAAAGGTTACAAATGTTATGT	111
HPV1a	-----	9
HPV63	-----	111
Unclass.con	CCAACACCGACGCCAGGTCTCTATCTCCCCCATCTACCGTCCCCCGCAAGCTACGAAGAGTCGAGGAGGAG	222
MnPV	-----	222
SuperC.con	GGG???A???gat?atgaTggtgt?tcttc??cctcttct?a?tctagaga?c??agaaGGAttg	51
GroupC1.con	ATGCTGGTGTCTCATCCACCTCTTCTGATTTTAGAGATCGCCAGACGGAGT?	52
BPV1	-----C	53
BPV2	-----T	53
GroupC2.con	GGG???A???gat??g?ataggg??ttt?ttctg?acctt??tct????accC????AGGAt?g	40
EEPV	TAT-TCATTCAACCTT-G-T-CACCCCC-CACTCTAGAAACGACAGAGACTG-ATCGA-----TC	65
DPV	---ATA-CGATCG-ACTT--CACTCACA--C-G-GCCCT-CCAC---AGAGAGA--ATCGA---CT-	68
OvPV1	GA---CA-G-----TGT---AC---G-----TA---CTTAG---GAATC-----G-	59
OvPV2	GA---CA-G-----TGT---A-----G-----TA---CTTAG---GAATC-----G-	59
SuperE.con	ct????caatagCtCcCca???GgacttcTggg?cTcctacaG???Ac?ccgAct??gc?Accc?a?a?caa	91
CRPV	ACAACAATG-ATA-A-A-TGTGGG-T-TA-T-ATTAT-GGG-AC-CTG-TGGG--G-GG-TT-AGACTG-AAGT	188
ROPV	GGT-C-T-	8
	\ 3' sj for HPV1a	
GroupE1.con	CT????CA?TAGCTCCCCA????GG?CT?CTGGG?CTCCT?CAG??AC?CC?AC????C?ACCC?A????A?	155
HPV1a	--T...C-C-----A...-G-G-----G-----G---TAC--T-G--TACC-A----T-TCCG-G	77
HPV63	--CCTGT--A-----CTAC--A--T-----T-----A---...-A--A--CCAG-C----A-GGAC-A	182
Unclass.con	GAGGAAGCTAAGGCGCGCCAAGACGGCGAGTCAAATACCCCGCTCTCCCTACAGGACAAAACCACGGGGG	296
MnPV	-----	296
SuperC.con	tggg?cg?ctccg??gg?c?tgaAggag?ccga?cgg??Actc?cCCGAc?gaGCC?tgC.....	98
	E3 start for BPV1 ->	
GroupC1.con	T????CGCATC?GAAGGACCTGAAGGAGACCTGCAGGAAAAGAAGCCGAGCCAGCCAGC.....	108
BPV1	-GGGT-----C-----	114
BPV2	-.C-----A-----	111
	E3 start for EEPV ->	
GroupC2.con	?G??a?cacg????gtacAg?a?g?agAccg??gActCgcCCGACaGaGCCgT?C.....	82
EEPV	T-GAGCG---CCGGGAGC---G---GCTCG---GG-TCC---A-AA-----C-G.....	126
DPV	T-GA...-TCCGGGGGCC--GA-AG-G-C-----CACCA-----C-C-----G.....	126
OvPV1	A-TG-A--A.....AC---AGA-AC-----AG-----C.....	111
OvPV2	A-TG-G-CT-.....-A-C...-----AG-----C.....	105
SuperD.con	ATGCAGCATTGTATTCTAATCTTGG	25
BPV4	-----	25
SuperE.con	g?agt??acactagaag?a?gtcttatatgga?t??a??aacac?c????at????g??c????????c??	131
COPV	-----C-A-TACTAT-CCCACCAC-AGTGCCGC-GG	37
CRPV	-G---GG--TA---G-G-TT-A---G---C-CTG-AGG-A--TATGTGT--TATGT-GA-TTCTCAAC-GA	262
ROPV	-C-C-GTTG-TG-----GGG--G-AT--A-GGATAC-GA-GG-AA-AATAT--ATTAT-TGGACTTTGAGACT	82
GroupE1.con	?????C????C?????A?????C?????A?????C????AC?CC?????A????G??G????????????	169
HPV1a	AGTGA-ACCG-CCAGCA-TCGA-GTCC-TCG-CTACA-CGA--T--CAGGAC-GGG-GA-ACCTCGCAGGTCCG	151
HPV63	TCCAC-CAAA-TGCCAG-AAAG-AGAG-CGA-GGGGT-GAG--A--ACCCGA-ATC-CC-G.....	243
Unclass.con	AAACCAGCAGCGACGACGAAGACGAGGGGAGAGGGGGCAGAACCCCGTCCCCAGAGACGACTGCCAGAGGC	370
MnPV	-----	370
SuperC.concT?accCTtct?c??g?gg?tcCccG??tgcggtCCCaTcaGA?	134
GroupC1.conCTGTCTTCTTTGCTCGGCTCCCCCGCTGCG??CCCATCAGAG	151
BPV1	-----GT-----	159
BPV2	-----TA-----	156

E4 SuperGroups C-E Nuc-Aln

GroupC2.concT?accCTtCT?C?gG?acaccCtCCg??tt?gGtCCC?TCaGAA	119
EEPv-T-----G--G-TC-ACA-T--C--ATT-GTC-C---G-----	171
DPVT-C--A--C--C-T--AGGCAA-A---TTCAC-----G-----G	171
OvPV1-CCT-----C-A--G-----GA--C-----A--C---	156
OvPV2-T-----G-A--G-----GA--T-----A-----	150
SuperD.con	CATGGGGCAAGTGCATTTTGAAAGCAAAGTTCTTTCTCCCTCTGTACCAGTTCCGCTTCGTGTTGGGAGTACCG	99
BPV4	-----	99
SuperE.con	??????c?????????ctg??caca?tg????gg?gtacgga??cag?ag??cag?a??cccag?gt??	166
HPV41C--TTACC-ACAG-TCCTC--CG--GGAG--A-CC--A-AG--AC	45
COPV	AACCTCCGGACCGGAACCTCC-C-GT---TCC-CCTC--G--C---TGC-T-TTCCC...TT-CC-----GAAAG	108
CRPV	CGCGGGA-GTTTGTCTGCTAA--GA--TA--ACGT--T--TTCA-AA--TGC-CCT-TCTT...TTCT--CA	333
ROPV	GATGCTG-ACGCTTTTCAAG-AAAGG-G-G-ATGAA-TT---TAT-AAAGCC-AAAA-TTTCTGTCTCCTC-GT	156
GroupE1.con	????????????????CTGT?CGCA??GACGGCC?TACGGACG??GAAG?TCCAGAAGTCCCAGAG?T?	213
HPV1a	ACAAAGACAGCAGAAAACAC----A-----T-----GC----A-----G-G	222
HPV63-T--AGC-----C-----AA--G-----A-A	297
Unclass.con	CTAAGAGACCGCGGAGAGCGTGCACCCGAAAGGAGAGACCCCCAGTTCCAGGAGGGGAGGAGACGTGGACGG	444
MnPV	-----	444
SuperC.con	c?gGCcaa?a?cGG?g?cGGcCg?TcctCGCccG?ctCCCTACag?tcacc?c??tgCccggGGggttc?cT?	195
GroupC1.con	CAGGCCTCGGTTGGGTACGGGACGGTCTCTCGC?CGCACCCCTAC?ATTTTCTGCAGGCTCGGGGGCTCT?TT	222
BPV1	-----T-----A-----A--	233
BPV2	-----C-----C-----C--	230
GroupC2.con	??aGC?Aa?AcCGGaG?cGGaCC??Ta??CGCCcGtCTCCCTAC?GcgCac??cagT?CC??gGG??Ttt??T?	173
EEPv	CTG--G--A-----T--G--GT-CAC-----A-----CATCA-C--CG--AG--CCG-G	245
DPV	CTT--G--A-----G-T--T--AT--AC-----A-----A--A--CA--C--CGA--AG-GGCG-G	245
OvPV1	GC--C--T-T-----CA-----TA--CT-----G-T--GAC--G--AA--GT--AC-A	230
OvPV2	GC--C--GT-----C-----CA-TCT-----G--T--AAC--G--AA--GT--AC-A	224
SuperD.con	GAGGACAACCGCGGACCCAAACCGGGGACCACGCCGAGGACGTAGCAGACCGTCCCCCGATCTTCCAGAGAC	173
BPV4	-----	173
SuperE.con	?acc??c?c??c?gcc????g??g??c?????gg??ac??????c????g?ac??g??c?????g??a	190
HPV41	T--GAC-G-AGGG-T-GAGAC-AC-CAGAAACGA--AA--GGGGGAGC-GGTC-CC-CA-CC-CTAAGC-AAG-	119
COPV	GG--GT-A-GG-G--TGGAC-GA-GT-GTCGCG-TTCC-CAGAAGGT-AGGA-G--GA-GAAGACTCG-ACG-	182
CRPV	CCAGCT-C-CC-A--GCTGTGCA-TG-CCCTGAA-AC--CG...TCCCC-A-GAG-CC-CCGACA-TGC-	401
ROPV	T--AG-T-AA-CC--CTACG-CCCAT-GCTCTT--CA--ACCCTGA-AACGCC--CGCGT-GCCCGCCCTG	230
GroupE1.con	?????????.....	213
HPV1a	GAG.....	225
HPV63	CCACCCTCA.....	306
Unclass.con	CGTAGGGGCTTGCTGGACGACCTGAAGCTGTACCAAGAACCACCTGGAGACCCAGTGGAGACTCGGACTCCC	518
MnPV	-----	518
SuperC.con	cgCcgCgaTtCCaCctCCccGgtg?cGaGcCcgGTAcCGg????????????????t?g?t?ggaac?	242
GroupC1.con	CTCCGCTCT?CCTCCACCCCGGTGCAGGGC?CGGTACCGGTGGACTTGGCA?CAAGGCAGGAAGAAGA?G??A	289
BPV1	-----T-----A-----T-----G...-	304
BPV2	-----G-----C-----C-----A-AAA-	304
GroupC2.con	?GC??CGATtCCaCCTCctG?tgtCGaGCCcGGTA?CGc?????????????????Tgggtttggaacg	221
EEPv	G--CC-----C-----GA-AGC--C--A--C-----T-----CT--C	298
DPV	G--CC--A-----C--C--C-----C--AGAACCCCGGTGCGTATCTC-ACCCGAC-GTTT	319
OvPV1	GTGCCG-CGCTCA-AAGAA-A-AG-G-C--A--A--CGT-CACTGGGCAGACGAAGG-CAAGGTACCC--G	283
OvPV2	C--TG-----T-----T--G.....	277
SuperD.con	GCCCCGGGCCCGCAGCAGAGGGCGCAGTCTTTCGCGATCGCGATCAGGTCACGATCAGATCGCCTACGAA	247
BPV4	-----	247
SuperE.con	??????c????g?a????gacc??g?cc?aaagcctcg?c?a?????????g????c?t?t?c????gag?	219
HPV41	CGAGGAG-TTAC-G-CGCA--T-CTCC--G--G---CAACGC-GGACCGCGGC-TGCG-TGT-T-TAGAG--A.	192
COPV	GGAGGAAGCGGA-A-TTACCC--CCAG--GC-GC-G--CT-GTCTGGTGCGC-CCGT.....	240
CRPV	GTGCCG-CGCTCA-AAGAA-A-AG-G-C--A--A--CGT-CACTGGGCAGACGAAGG-CAAGGTACCC--G	475
ROPV	CAGTATC-GCAG-CCCCGC-CA-CATC-GC--C--CG-T-A-GTCTTATCG-GGCCGG-T-CTCGTTACG-A	304
GroupE1.conGACGA?GAGAAGGAGAATC?C??????.....C?????C????G???	235
HPV1a-A-----AA-GCCCT.....-TAGGA-ACCCG-ATC	268
HPV63-G-----GG-CAGAG.....-CTCTG-CGGTA-TGG	349
Unclass.con	CAGGCAGTCTGTTACCCCCGCCCGCCAGACCTATCTCGGTACGACTCTACCCGTTACAGGTGGACCGGGAG	592
MnPV	-----	592
SuperC.con	agg??cggcaGagg?ag?ga?gccgccg?Cg?cagActcaacaGACgTAA	285

E4 SuperGroups C-E Nuc-Aln

SuperE.con	221
HPV41	192
COPV	240
CRPV	567
ROPV	456
GroupE1.con	237
HPV1a	276
HPV63	369
SuperD.con	363
BPV4	363
SuperE.con	221
HPV41	192
COPV	240
CRPV	567
ROPV	456
GroupE1.con	237
HPV1a	276
HPV63	369
SuperD.con	363
BPV4	363
SuperE.con	221
HPV41	192
COPV	240
CRPV	567
ROPV	456
GroupE1.con	237
HPV1a	276
HPV63	369
SuperD.con	363
BPV4	363
SuperE.con	221
HPV41	192
COPV	240
CRPV	567
ROPV	456
GroupE1.con	237
HPV1a	276
HPV63	369
SuperD.con	363
BPV4	363
SuperE.con	221
HPV41	192
COPV	240
CRPV	567
ROPV	456
GroupE1.con	237
HPV1a	276
HPV63	369
SuperD.conCTCCTGACCAAGTGGGAGGACGATCTTCAACGCCTAAGAGACAAGCTT...CGTCTAGAC	420
BPV4	420
SuperE.con?tgcgggagaagtgggaacaacacat?ga???cctcc?aaggac?t????ag?aagac	268
HPV41AC-GA---TCGTC--ACTTC--TTC-G--GAGT--GACG-A---A-C...G--TC---	249
COPVC-C-ACA-C---G---T---A---CA-CTA-GAA-C-CCA-CAGCGCCGG--G-C---	300
CRPVAC-TT---CG-AGAACT--G--GGT-G--AGAA-A--TCCC--G-GGAATA...G-C-G-	624
ROPVAGAG-TTG---AA-A--T-CG--GCTCCAAGAGAGTCT-CA-GAGGACTTG-AGGA-G	516
GroupE1.conCT?CG?GAGACGTGGAA???A???A???CGCCTC?AAAGGGA??T?...??TCAAGAC	276
HPV1a--G--C-----GTAT-CAC-CAA-----A-----CA-T...CT-----	333
HPV63--C-G-----CATC-ACT-GGT-----C-----GG-C...AA-----	426
SuperD.con	TTGCTCAGCTTATGA	435
BPV4	-----	435
SuperE.con	tt?gaggacttctacAggaagct??gGatcc?ccc?t??tag?tgtA?ACTATCTAG	316
HPV41	A-A---C----G-A--A--A--GC--G-GTTG-TCCAGC--AA-G-C-----	306
COPV	--GG--A-----G--A-----TAC-----C--AG-TC-T-T-T--G	348
CRPV	--C-C-AG---A--A	639
ROPV	AGTTC--CAACT--T-TCTGAGGCTC-GGATC-G-CAGTG-	557
GroupE1.con	TT?GA?GACTT?T?CAGGA?GCT?GGGATCCACCC?T??TCTGTGTAA	315
HPV1a	--A--C-----C-G-----A---T-----G-GG-----	381
HPV63	--C--A-----A-A-----G---C-----A-AA	465

This page intentionally left blank.