



E7 SuperGroup A AA-Aln

	[	Contains NLS	
	-CR1 domain -	CR2 domain	
		CKII binding region for HPV18 ->	
	<- E6 end for HPV7, 27, 40, 57, 2a	pRb bind	
	<- E6 end for HPV3, 6b, 10, 11, 13, 42, PCPV1	-> <-	
	<- E6 end for RhPV1	High vs. Low D	
most-likely	MHGPKPTLKDIVLDLQP.....	PEPVDLHCYEQLD....	30
HPV54	---NVA-IE-----K-.....	--F--Y-R---E....	29
HPV32	-R-NA-----I-YDL-TCDPT.....	TCDTP---Y---F-....	38
HPV42	-R-ET-----FDI-TC.....	ET-I--Y-----....	32
HPV3	-LHVSQ-TGKGREGQT-QRKAKTAQNIWSLEGELSVLLVTMHGPHPTIKDIELSLA--D-PAL-NV---....		69
HPV28	---H--V---E-S-A-.....	-D-PVQ-NV---....	29
HPV10	---H--V---E-S-A-.....	---DI.PV-NV---....	28
HPV29	---V---E---A-.....	---A-P-V-N---....	29
HPV61	---QVA-I---EER-.....	---V---N---L....	29
HPV72	---QVA-I---QEL-.....	---DV---N---L....	29
HPV2a	---NR-S---T-I-DEI.....	---I---D---F-....	31
HPV27	---TR-S-A--T-I-EEI.....	---II---D---F-....	31
HPV57	---ER-S-E--T-I-EEI.....	---I---D---F-....	31
HPV26	---NIINIE-VI--V-.....	QPEI--R-----YEQF	34
HPV51	-R-NV-Q--V--H-T-.....	QTEI--Q---F-....	30
HPV30	---KVT-IPEYI--V-.....	QTEI-----N....	30
HPV53	---NV---PQYIIE-I-.....	QTEI--Q-H---N....	30
HPV56	---KV---Q-V--E-T-.....	QTEI--Q-N---....	30
HPV66	---KV---QVI-E-A-.....	QTEI--Q-N---....	30
HPV18	---A-Q---H-E-QN.....	EI---L-H---S....	32
HPV45	---RE---QE---H-E-QN.....	ELD---L---S....	33
HPV39	-R-----QE---C-YN.....	EIQ---V-H---G....	33
HPV68ME180	---VQE---E-C-CN.....	EI---V-H---G....	33
HPV70	---R---QE---Y-YN.....	EIQ---V-H---E....	33
HPV59	---A-C---E-QN.....	Y-E--V---P....	32
HPV7	---ER---G-----.....	---S-S-N---....	29
HPV40	---ER---G---N-H-.....	---C-N-N---....	29
HPV16	---DT---HEYM-----.....	---TT-Y---N....	29
HPV35h	---EIT--Q-Y---E-.....	---AT-Y---C....	29
HPV31	-R-ET---Q-Y-----.....	---AT-----P....	29
HPV52	-R-D-A-I--YI-----.....	---TT-----G....	29
HPV33	-R-H---EY---Y-.....	---T---Y---S....	29
HPV58	-R-NN--REYI--H-.....	---T-F---C....	29
HPV6b	---RHV-----.....	---D-G---V....	30
HPV11	---RLV-----.....	---D-G---E....	30
HPV44	---NYT---E---Q-E-.....	---D-G---N---....	30
HPV55	---NY---E---E-D-.....	---D-G---N---....	30
HPV13	---KY-----E-T-.....	---D-G---N---....	29
HPV74	---KYS---E---E---.....	---D-G---N---....	29
PCPV1	---KYT-----S-.....	---D-G---N---....	29
HPV34	---K--SVQ-----K-.....	TTET--T---S---....	30
HPV73	---K-T--Q--T---K-.....	TTEI--T---S---....	30
RhPV1	-I-----E-----FP.....	Q-Q---M---S....	33

	Contains NLS ]		
	CR2 domain -  -		CR3 domain
	CKII binding region for HPV6b		
	-> <-		
		<- CKII binding region for HPV18	
	CKII binding region for HPV16		cysteine doublet
	-> <-		-> <-
most-likely	DS..EDEDEVDGQA....GQAQPARQA.....YR..IVTTCCK.CNSTVRLVVVESTGADIRVLQ		82
HPV54	--.DA-...-TAVT.....-DK-.....FK..VLSQ-GGV-CK----C-Y--HTG-----		76
HPV32	T-...-D-D-.....PIKQDI-R.....-CG-TQ.-GRS-K---S-----QQ-H		86
HPV42	S-...-D-.....KQDI-R.....-LCV-TQ.-YKS-K---QC-E---N--		75
HPV3	.....YINAV.....E-Q-.....C..V--V-P-.-S-QL-----CSH----AFE	112	
HPV28	....E-...YTNVE.....E-Q-.....V--L-P-.-S-PL-----CSH----A-E	72	
HPV10	....E-...YT-AV.....E-Q-.....V--E-T-.-SLPL-----CSH----A-E	71	
HPV29	S-..DE-..-CI-VV.....E-Q-.....V--L-T-.-ST-L-----SE----AF-	75	
HPV61	--S-.-S-E-.-S-RE-....LVEQ-Q-.....V---GI-.-KCP-----QCGD--LK--H	80	
HPV72	--S-.-S-S-.-R-.-VGVO..EQLVEQ-Q-.....G..V---GR-.-YRP-----CRD--VKA--	85	
HPV2a	S-...-E-...NNH.....LTE-DV-.....G..V-----GR-----CGQ--L-E-E	77	
HPV27	S-...-E-...NNH.....LTE-V-.....G..V-----GRA-----CGPE---D-E	77	
HPV57	N-...E-...TNY.....LTE-V-.....G..V-----H-----CGA--L-H-E	77	
HPV26	--.S-...-T-NM.....RD-Q---GQ.....EVC-...-EAQ--M-.-I-Q-A-Q-SRQNV---E	87	
HPV51	S-...-E-...-NMR.....DQL-E-R-GQ....ATC-...-EAP--R-.-S-V-Q-A--S-DTL--V-	84	
HPV30	S-...-E-...-NLQ....K-P-Q---EEQ....HPC-.-L-.-N-Q--R-.-A-A-Q-A-Q-PTKEL-A-	87	
HPV53	S-...-E-...-HLQ....E-P-Q---RDEQ....HPC-.-L-.-E-Q--R-.-E-L-Q-A-Q-STKEL-I-	87	
HPV56	S-...-E-...-HLQ....ERP-Q---KQ....HTC-.-L-.-HVP--E-.-KfV-Q-DIQ--KE-L--V-	87	
HPV66	S-...-E-...-I-HLL....ERP-Q---EQ....HKC-.-L-.-HVP---ELV-Q-DIQ--KEEL--V-	87	
HPV18	--.E-N-.-I--VN....H-HL---R-.....EPQ-HTMLCM---EARIE-----SAD-L-AF-	87	
HPV45	E-...E-N-.-A--VS....HAQL---R-.....EPQ-HK-LCV---DGRIE-T---SAE-L-T--	88	
HPV39	E-...-I-.-P-HAVN...HQHQLL--RD.....EPQ-HT-QCS---N-LQ---ASRDTL-Q--	90	
HPV68ME180	--.D-I-.-P-HAVNH...HQHQLL--RD.....EQQ-HT-QC-----NLLQ---ASRENL-NVE	91	
HPV70	--.DN-T-.-P-HVVN...HQ-QLL--RE.....EPQ-HK-QCM---T-LH---ASQENL-S-L	90	
HPV59	--DS-N-K-.-P-VN....HPLL--R-.....EPQ-HN--CV---NQLQ---TSQDGL-A-	89	
HPV7	S-..DS--DH-Q-QLDSSHNRQRE--TQ-DLQV..NLQS.FK..-H-VF-.-HCL-----HC-AT---QVH	93	
HPV40	S-..DS--DH-Q-QLDSLHSRERE--TQ-DLQV..NLQS.FK..V--R-VF-.-QCL---A-HCSIT--TQF-	93	
HPV16	--S-.-E-.-I--P-.....-E-D-AH.....-N-.-F---D--L--C-Q--HV---T-E	80	
HPV35h	--S-.-E-.-E-.-TI--P-.....-K-DTSN.....-N-.-S---EA-L--C-Q--HI---K-E	81	
HPV31	--S.DE-.-VI-SP-.....-E-DTSN.....-N-.-F--Q-.-K--L--C-Q--QV---I--	80	
HPV52	--S.DE--T-G--RPD.....-EQ-TSN.....Y-.-Y-HS-.-D--L--CIH--AT-L-T--	82	
HPV33	--SD---GL-RP---.....TAD.....Y-.-C-HT-.-T---C-N--AS-L-TI-	80	
HPV58	--.S---IGL--PD.....TAN.....Y-.-C-YT-.-GT---CIN--TT-V-T--	81	
HPV6b	--S-.-V-.....DS--LK-H.....FQ-.-C--G-.-D-N-----QC-ET---EV-	80	
HPV11	--S-.-V-.-K--K-.....D--LT-H.....Q-.-L-C--G-.-D-N-----C-DG---Q-	80	
HPV44	S-...-V-.-LAT-.....AT-DVT-P.....Q-.-GT-.-SRK-----QC--T--HH-H	79	
HPV55	S-...-V-.-LAT-.....AT-DVT-P.....Q-.-GT-.-RN-----QC--T--CQ-H	79	
HPV13	S-...-V-.-QAT-.....TQ-T-HSTL...LQC-.-Q-.-L-S-S-.-C-N-----C--P--HD-H	83	
HPV74	S-...-E-V-.-LAT-.....AT-QLT-.....Q-.-C-GV-.-RSL-----QC--P--NN-H	78	
PCPV1	S-E-.-V-.-QAT--.....TQATFT-H.....Q-.-C-GQ-.-D-N-----DC--S--QH-H	80	
HPV34	N-...-T-SH.....LERQ-E-.....W-.-D-SR-.-Q---C-TI--H--LL--E	79	
HPV73	N-...-T-SH.....LDRQ-ERE.....C-.-D-T-.-QC--C-AI--NK--L--IE	79	
RhPV1	--S-.-V-.....HHHN...N-Q-HHQH-RPEVPEDGDC-.-SD-YS-.-GKPL---V-SHEEL---E	95	

## E7 SuperGroup A AA-Aln

	CR3 domain	-	
		cysteine doublet	
		-><-	
most-likely	QLL.LGTLNIVCPLCAPK.Q		100
HPV54	E--HQDA-Q-----T--SR.L		95
HPV32	-M-. -D--G-----CV.E		104
HPV42	-M-. -D-----RV.E		93
HPV3	---.----TV---R....V		127
HPV28	---.----TV---R....V		87
HPV10	---.----KL---R....V		86
HPV29	E--.-R--K----R....A		90
HPV61	E--.-D-S----G....A		95
HPV72	---.-DN-S----R....A		100
HPV2a	--F.-K--TL---H....A		92
HPV27	--F.-K---L---H....A		92
HPV57	--F.-N--T----R....V		92
HPV26	-M-.MEDVSL--HQ--A..-		104
HPV51	-M-.M-E-SL---C--N..N		101
HPV30	-M-.M-A-EL-----TR.R		105
HPV53	-M-.M--VEL-----TR.R		105
HPV56	---.M-A-TVT-----SS.N		105
HPV66	---.M-A-TVT-----SS.K		105
HPV18	--F.-N--SF---W--SQ.-		105
HPV45	--F.-S--SF---W--TN.-		106
HPV39	--F.MDS-GF---W--TAN-		109
HPV68ME180	L-F.MDS--F---W--TET-		110
HPV70	--F.ME--SF---W--SGT-		109
HPV59	--F.MD--SF-----AN.-		107
HPV7	---.M-----N--AT.A		111
HPV40	---.M--H-----N--AT.E		111
HPV16	D--.M---G----I-SQ-.P		98
HPV35h	D--.M--FG----G-SQR.A		99
HPV31	E--.M-SFG----N-STR.L		98
HPV52	-M-. -QV---G--R..L		99
HPV33	---.M--V-----T--Q..-		97
HPV58	---.M--CT-----S--Q..-		98
HPV6b	---.-----I-----T		98
HPV11	D--.-----I-----P		98
HPV44	T--.--S-D-L--V----.T		97
HPV55	T--.--S-E-L--V----.N		97
HPV13	D--.-----S		101
HPV74	T--.-----L-----T		96
PCCP1	K--.--S-----Q.T		98
HPV34	D--.M-A-K-----N-SRR.L		97
HPV73	E--.M--G----N-SRN.L		97
RhPV1	D--.M--D-----S--SR.V		113

E7 SuperGroup B AA-Aln

		cysteine doublet	
		-> <-	
	<- E6 end for HPV4, 9, 15, 17, 49, 65	cysteine doublet	
	<- E6 end for HPV5, 8, 12, 19, 25, 47	-><-	
most-likely	MIGKE..VTLQDIVLELSELVPEVLPVLDLLCEEELPEEQQE....TEEEPIERTPYKIVAPCGC..CEVKL		64
HPV19	-----I-----Q--Q--F-----T-----.....A--SA--V-VL---K---		64
CgPV2	---D..AD---I---IQ--GQ-----A-----L---TTA--TF-V-----AN-		63
HPV25	-----FT-----Q--Q--F-----A-H-----A-D---V-----		64
HPV20	-----N--Q--Q--F-----N-----R---Q--AS--V-----K---		64
HPV21	-----N--Q--Q--F-----S-----LP---A--V-T---K---		63
HPV14d	.....		0
HPV5	-----V--I-----VQ-----F-----N-----N--IS--VI-----RN---		65
HPV36	-----V-----VQ-----F-----N..D.....L-T--IVF-VI---SH---		64
HPV47	-----VR-----VQ-----F-D---N..Q....A--L--D-VVF-VI---SC---		65
HPV12	-----V--FT-----Q-----N-----S--D--VF--I---SS---N-		65
HPV8	-----V--F--K--IQ-----N-----L---VF---SC-Q---		65
HPV24	-----T-PQ....T--H-----Q..D.....V---RA---ILC--GG--GTR-		57
HPV15	-----A-IP-----Q--..Q-T-H-Y--S-----RFI-----V--CF..DS--		57
HPV17	-----A-IP-----QQ--..Q-T-H-Y--S--ET-----R-I-----CF..GS--		59
HPV37	-----A-IPE-----Q--..QPTA--H-Y--S-----R..PHI-----CF..GS--		58
HPV9	-----A-IPEV---Q--..QPTA--H-Y--T...P....A--Q..CL-----G---GAR-		57
HPV22	---Q..A--C-----I--H-H---LPE-LEESVV---Y-----VY--G..DT--		62
HPV23	---Q..A--R-----Q--I--H-H---T--VE-A..VV---Y-----IVV--G..TQ-		59
HPV38	---Q..A--R-----Q--I--H-H---DLPEDIEASVV---AY-----IVL--G..R-		62
HPV49	-----IP--I-Q..EF..GQ--I--Q-Y-N-TA-APAEQELEA---L..QGI---VI-T--GG--GAR-		65
HPV4	-R-AA..P-VA-LN---ND---AN--S--V-QSSDD-YE..I---SVV-FR-DTC-YR...AV		61
HPV65	-R-AA..PRVA-LN---ND---IN--S--V-QPS.DD....ES-A-EE-LF-FR-DTC-YR...NV		60
HPV48	-R-DK..A-IP--E---AN-ISR-S-SPD..A....A---FC--R-DSK-HN..GCRI		54
HPV50	-R-DK..P-IP-----N--SD-SIETD..D....IA-S...S-F--DST-KH..HCRV		54
HPV60	---NQPN-NNL-VN---S--AD--SPD.GD....P---HY--T-DTC-KP..GAGV		57

		cysteine doublet	
		-><-	
most-likely	RLFVLATDFGIRTFQELLGELQLL..CPECRGNCK.HGGS		102
HPV19	-I--K--Q-----L-DI-IE-----N---V		102
CgPV2	---R--T---CR..TYRRSCSC..ARSAETA.SMAD		99
HPV25	-I--K-----L-N--IE-----		102
HPV20	-I-IS--E-A--S--Q--ID-----D-----		102
HPV21	-I--N--Q-A-----N--FE-----		101
HPV14d	-I-IT--E-AL---N--FEQ-----		38
HPV5	-I--H--E---A--Q--T-D-----D-----D--		103
HPV36	-V--Q--E---A--Q--T-D-----E-----		102
HPV47	-I--N--NR-----T-D-----F		103
HPV12	-I--N---T---L-D--ISD-----F		103
HPV8	---N---S-----FRD-----		103
HPV24	---A--Q---GL-D--E-VVI---D--NSDLQ---Q		96
HPV15	--I-V--P---SQ-D---E-VK-V...G--E...LRHV		93
HPV17	--I---HA---SQE-----V--V...N--E...LRHD		95
HPV37	--I-V--PI---SQE-----V--V...N...LRHD		94
HPV9	--Y---NL---AQ-----DI--V...RLRHE		93
HPV22	K-YI---LS---D--TS---PVK---T--E.EIRN-RR		100
HPV23	K-Y-----S--AS--ENVK-V...A--E.DIRN-RR		97
HPV38	K-Y-W---A---NL-DC---DVR---T--E.DIRN--R		100
HPV49	-V-----AA--S-----E--F...Q--E.EIRN--R		103
HPV4	-ITLY-AEL-L--LE.Q--V-GK-TFC-TA-ARSLNRN-R.		100
HPV65	-ITLF-VE--L-ALE.Q-IVDGK-TFC-TT-AR.TLRN-R.		98
HPV48	-VT-A--E---C-EQ--K--C-F...A-SRQLPRN-R		93
HPV50	--CCV---AA--V-EC--QS-FSF...LK-SKELLRN-RT		93
HPV60	-FTII--PSAVI-LRQ---Q-VF-T...LR-SRSLFR--R-		96

E7 SuperGroups C-E AA-Aln

SuperC.con	MmvhgPnTh??..Lp?desppl?l???????????	18
	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	MmvhgPnThkd..LPqdESP????l????l??p?e	22
EEPV	-----R-K-H..--PY---PLTL-LEPVAVPQQT	32
DPV	-ACAR-L-GRT..--A---CLTLILEPVSGEAAK	33
OvPV1	-----ETVT-HLRP-IQ-S-	32
OvPV2	-----GTVT-HLRP-KT-K-	32
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	???pp???p?????rp????????????????????????????????.....rrvYsVTV?C??..C?krLnFavkTss	44
GroupC1.con	PAAPDAPDFRLPCHFGRPTRKRG?TPPLSSPGK?CATGP.....RRVYSVTVCCG?..CGK?LTFAVKT?S	90
BPV1	-----T-----L-----N..---E-----S-	97
BPV2	-----S-----V-----H..---D-----G-	97
GroupC2.con	hgslpslkp?kiqk??p?.....lrtYyVTVaCn?.C??rLnFavsTss	58
EEPV	GIQA-QR--PSQKGHKKGH.....KKV-S---P-G..-DKN-E-CAR---	76
DPV	NSTPVVVDKPKGKPPP.KRH.....R-Q-N--S--D..-DK---S-K-TC	76
OvPV1	-----L---KSR-L.....P...-ST-----	75
OvPV2	-----L---NCR-L.....T...-ST-----	75
	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
Unclass.con	YCHEVL.....DEDELKEPTEAAPPEQYTL.....YQVLIETPE..CNKTIRLTCAAQA	68
MnPV	-----	68
	cysteine doublet	
	-><-	
SuperC.con	??iL?fe?LLt.?Dld?L.CptCeak??HGKR	66
GroupC1.con	T?LLGFEHLLN.SDLLL.CPRCESRERHGKR	119
BPV1	-S-----	127
BPV2	-T-----	127

**E7 SuperGroups C-E AA-Aln**

GroupC2.con	k?ILt??eLLt.?D?d?L.C?tC?akr?	75
EEPv	AT---LQN--L.K-L-F-.S--ETNHG	102
DPV	ST---LQQ---.E-L-F-.SF-E--NG	102
OvPV1	-S--IFE----.A-FQL-.P---P	100
OvPV2	-S--LFE----.T-FTI-.P---P	100
	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-HLDLA-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
Unclass.con	HQIRGLEHLLL.DGLRVI.CPRCNQKNGRS	96
MnPV	-----.	96

## E7 BLOCKS

E7 BLOCKS: The MOTIF algorithm recognizes one large BLOCK from a complete alignment of E7 sequences, which encompasses the zinc finger domain. The Gibbs Sampler algorithm confirms this conservation and additionally recognizes the first 17 amino acid residues as a conserved gapless stretch. The two regions have been denoted CR1 and CR3; an intermediate region, denoted CR2, is not considered conserved (a BLOCK) by either of the two algorithms. The CR1 region is regarded to have similarity to the E1A protein of adenovirus and the SV40 large T antigen. A BLAST search using the MOTIF Cobbler sequence (aka HPV6b, see below) yielded weak similarities to other zinc finger proteins. Residues that differentiate high-risk sequences from low-risk sequences can be found in the un-BLOCKED regions, for example the replacement of an aspartate with a glycine at position 21 in the most likely sequence (see Munger and Halpern, Part III, this compendium).

most-likely	MHGKPTLKDIVLELSP...EPVDLHCYEQL.DSSEDEDEETD.....	39
HPV18	---PKA--Q---H-E-.QNEIP.---L-H---.SD--E-ND-I-GVNHQ.....	47
HPV16	---DT---HEYM-D-Q-.....-TT--Y----N---E--.-I-G...P.....	41
HPV6b	---RHV-----D-Q-....PD-G-----V-----VD-V-G...Q.....	43
HPV11	---RLV-----D-Q-....PD-G-----E-----VDKV-.....	41
HPV13	---Y-----T-....D-G---N-----VD-QA.....	39
PCPV1	---YT-----D---....D-G---N-----V.....	37
HPV5	-I---V-VQ--I----EVQPEVL----F-E-E-.PN...-Q.--E.....	40
HPV12	-I---V-VQ-FT----ELQPEVL----L-E-E-.PN...-Q.--E.....	40
BPV1	-VQGPN-HRN...-DD--A..GPLLILSP-AGTP.TR-PAAPDAP-F...RLPCHFGRPTRKRGPPTTPPLS	62
most-likely	.....EEPA..QARQ.....PYKIVTPCG..KCESTLRLVVEATDADIRTLQQLLLGLTLQ.LVCPLC	91
HPV18	.....HL--RRAEP-.....RHTMLCM-C.---ARIE---SSAD-L-AF---F-N--S.F---W	101
HPV16	.....AGQ-E.PD-A.....H-N---F-C.--D-----C-QS-HV---ED--M---GI.---I-	94
HPV6b	.....DSQ...PLK-.....HFQ---C-C..G-D-NV---QC-ET---EV-----NI.---I-	94
HPV11	.....KQD-Q.PLT-.....H-Q-L-C-C..G-D-NV---C-G---Q-D-----NI.---I-	94
HPV13	.....TQAT...--T-HSTLLQC-Q-L-S-S...-C-NV---C-GP--HD-HD-----NI.---	97
PCPV1	.....-QAT...--T-ATF.TQH-Q---C--..Q-D-NV---DC-GS--QH-HK---S-NI.---	94
HPV5	.....--D..NE-I.....S--VIA---CRN--VK--IF-H--EFG--AF---T-D--.-L--D-	94
HPV12	.....--SD..ID-T.....VF--IA---CSS--VN--IF-N---TG---D--ISD--.-L--E-	94
BPV1	SPGKLCATG.....-R.....V-SVTVC--..N-GKE-TFA-KTSSTSLLLGFEH--NSD-D.-L--R-	118
most-likely	A.....GGQ1	95
HPV18	.....SQ--	105
HPV16	S.....QKP-	98
HPV6b	.....PKT-	98
HPV11	.....PKP-	98
HPV13	.....PKS-	101
PCPV1	.....PQT-	98
HPV5	RGNCKHD-S-	103
HPV12	RGNCKH--F-	103
BPV1	ESRERH-KR-	127
	**COBBLER sequence from MOTIF**	
	>hvp_E7_ HPV6b, with embedded consensus blocks	
	mhgrhvtlkdivldlqppdpvglhcyeyqlvdssedevdevdvgqdsqplkqhYKIVTCCCx	
	CESTIRLVVQATESGIRTLQQLLLGDLISIVCPxCapkt	



**E7 SuperGroup A Nuc-Aln**

```

* coordinate 562 in HPV16R          <- E6 end for HPV2a, 7, 27, 40, 57
  <- E6 end for RHPV1 <- E6 end for HPV6b, 11, 13, 42, PCPV1
most-likely ATGCATGGAAAAAACAACCCCTAAAGGACATTGTATTAGATCTGGAACCA..... 51
HPV54 -----TGTGG-T-AA-TG---T--A--CC-T--T-AA----- 51
HPV32 ----G-----CGC-----G-----A-T--GT--GACCTG---ACGTGTGACCCGACA..... 66
HPV42 ----G---G-G-CG--T-----T--GTT-GACAT---ACGTGT..... 57
HPV3  ----TACATGTGTC--A---ACTGGTA-AGGAAG-GA--GA-A-AC---GCAACGAAAAGCGAAGACTGCAC 73
HPV28 ----C--TCCGC-T--C--AG---A--T--A-A--GAG---T-C--- 51
HPV10 ----C--TCCGC-T--C--AG---A--T--C-A--GAG---T-C--- 51
HPV29 -----GCC--G--C--GG---A--T---A--G---T-C--- 51
HPV61 ----C--CC-GGTGG---A-----A--CC-T--AGA-CGT--T..... 51
HPV72 ----C--CC-GGTGG---A-----CC-TC-GGAACCTT--T..... 51
HPV2a ----C--C--CCG---C-G---C-----AC-C--ATAT---TGA-ATA..... 54
HPV27 ----C--C--CCCG---C-G---CGC-----AC---ATAT---GA-ATA..... 54
HPV57 ----G--CGC--C-G---TG-----CAC-C--ATAT---GA-ATA..... 54
HPV26 ----C-T-ATT-ATA-TG-A--TG-AA-C-----TG-G..... 51
HPV51 ----G---T--TGT---CAAT---A--TG-A---GC--T-AAC--- 51
HPV30 ----C--T---GT-A---TA-TCCA-ATA-A-T--G--C--T-T--G..... 51
HPV53 ----C--T--CGT-----A--TCCAC-ATA-A-TA---A--TAT--- 51
HPV56 ----T---GT-----G--GC-A--G-----A--AAC---T..... 51
HPV66 ----T---GT-----GT-GC-A--GG--A-----A--T-C--G..... 51
HPV18 ----CCT--GG---AT-GC-A-----GC--T-A--G--CCAAAAT..... 57
HPV45 ----C--CCCGGGA---A--GC-A--A-----GC--T-----TCAGAAT..... 57
HPV39 ----G---CC--G--C--T-GC---A-----T-ATGT--TTACAAT..... 57
HPV68ME180 ----G---CC--G--C--G-GC---A-----G---GT-ATGT--TGCAAT..... 57
HPV70 ----C--CGG--G--AT-GC-A--G-----T-----T-AT-T--TACAAT..... 57
HPV59 ----C--G---A--TTGT-----T-----T-----CAAAAAT..... 57
HPV7  ----G---GG---G--CGGA-----C--G-----CT--C---C..... 51
HPV40 ----G---GG---G--CGGA-----G--A-C---C-C--T..... 51
HPV16 ----G-T-C---T--AT-GC-T--ATA-A-G-----T--C----- 51
HPV35h ----G---T-A-T--AT-GC-A--TA---T-----T-----C..... 51
HPV31 ----G---G--C---T--GT-GC-A--TA---G-----A--AAC---T..... 51
HPV52 ----G---G-C---G---TA---A--TTA-A-----C---T..... 51
HPV33 ---AGA--C-C-G---GT-----ATA---T-----T-AT-T--T..... 51
HPV58 ---AGA---C-C---G---GA--ATA-A-T-----T-AC-T--T..... 51
HPV6b ----G-C-TGTT-----T-----C---C---T..... 51
HPV11 ----G-CTTGTT-----T--A--C---C---C-G--T..... 51
HPV44 ----C-T-A-T---T-----A-----T--C-G-----T..... 51
HPV55 ----C-T-T--T---T-G---A---T---G---T--T..... 51
HPV13 ----T-T--T---T---A-----T---G---ACT--T..... 51
HPV74 ----T-TT-T---T-----A---G---G--AC---T..... 51
PCPV1 ----T-TA-T---T-----G-----C--AAGT--T..... 51
HPV34 ----G---GTG-GC-----G-----A----- 51
HPV73 ----A-----T-GC-----ACT---C---A----- 51
RHPV1 ---AT--GCCT---T---CG-----CC---T--C---TTTCCA..... 57

```

## E7 SuperGroup A Nuc-Aln

	E6 end for HPV3, HPV10 <-	
most-likely .....		51
HPV54 .....		51
HPV32 .....		66
HPV42 .....		57
HPV3 AAAATATCTGGTCATTGGAGGGGAGCTGTCACTACTGCTGGTCACGATGCACGGTCCGCATCCCACGATAAA		146
HPV28 .....		51
HPV10 .....		51
HPV29 .....		51
HPV61 .....		51
HPV72 .....		51
HPV2a .....		54
HPV27 .....		54
HPV57 .....		54
HPV26 .....		51
HPV51 .....		51
HPV30 .....		51
HPV53 .....		51
HPV56 .....		51
HPV66 .....		51
HPV18 .....		57
HPV45 .....		57
HPV39 .....		57
HPV68ME180 .....		57
HPV70 .....		57
HPV59 .....		57
HPV7 .....		51
HPV40 .....		51
HPV16 .....		51
HPV35h .....		51
HPV31 .....		51
HPV52 .....		51
HPV33 .....		51
HPV58 .....		51
HPV6b .....		51
HPV11 .....		51
HPV44 .....		51
HPV55 .....		51
HPV13 .....		51
HPV74 .....		51
PCPV1 .....		51
HPV34 .....		51
HPV73 .....		51
RhPV1 .....		57

E2 binding site  
in HPV6b, 11  
-> <-  
degenerate E2 binding site in  
HPV31, 32, 34, 35h, 45, RHPV1  
-> <-

E2 binding site		
->in RHPV1 <-		
most-likely	.....GAgCCAGTTGACCTACATTGCTATGAGCAATTAGAC.....	87
HPV54	.....--A--GT-----GT-C--AGG-----A.....	87
HPV32	.....ACGTGCGACACACC--G-----GT---T---A---T---.....	114
HPV42	.....GAGACA--CA-----GT-----A-----G---.....	96
HPV3	AGATATAGAATTGAGTCTTGCACCA--GAC--CCCTGC--TA---A---T-----T.....	207
HPV28	.....--GAC--CCCAG-G--A--A---T-----T.....	87
HPV10	.....--GATA-C...CTGTA--A---T-----T.....	84
HPV29	.....-G-C--ACCTT--GTA--A---A-----T.....	87
HPV61	.....--GTG-----A-----G---TTA.....	87
HPV72	.....--TGTG-----C--A-----G---CTA.....	87
HPV2a	.....CCC--AATT-----G-C-----T---.....	93
HPV27	.....CCC--AATTA-----G-C-----T---.....	93
HPV57	.....CCC--AATT-----G-C-----T---.....	93
HPV26	.....CAACCCGA-A-----GC---C--A---G---TATGAACAATTT.....	102
HPV51	.....CAGACTGA-A----T-G--A---C-----T---.....	90
HPV30	.....CAAACCTGA-A-----G-----GA---.....	90
HPV53	.....CAAACCTGAGA-----G--A---C-----GA---.....	90
HPV56	.....CAAACAGA-A-----G--A-----G---.....	90
HPV66	.....CAAAC-GA-A-----A---A-----G---.....	90
HPV18	.....GAAATT--G-----T-TA--TC-C-----AG-.....	96
HPV45	.....GAATTA--T--T-----GTTG--T--C-----AG-.....	99
HPV39	.....GAAATAC---G-----TGTA--TC-C-----GA.....	99
HPV68ME180	.....GAAATA---G--C---TGTA--TC-C-----GA.....	99
HPV70	.....GAAATAC---G--C---TGTA--TC-C-----A.....	99
HPV59	.....TAT--GA-----TGTG---C-----CCT.....	96
HPV7	.....--A---AAGTT--AG---A-C-----.....	87
HPV40	.....--A--T--ATGT--A-C--A-C-----.....	87
HPV16	.....--A--AC---T--CT--C--T-----A-T.....	87
HPV35h	.....--G--AC-----T-C--T-----GTGT.....	87
HPV31	.....--G--AC-----C--C--T-----CC-.....	87
HPV52	.....--AA--AC-----C-----GT.....	87
HPV33	.....--A--AC-----T-C-----AGT.....	87
HPV58	.....--A--AC-----TTC-----TGT.....	87
HPV6b	.....CCA--C--T--A-GGT-----TA.....	90
HPV11	.....CCT--C--T--A-GGT-----A.....	90
HPV44	.....CCT--C--T--A-G-----A-----.....	90
HPV55	.....CCT--C--T--A-G-----A-----.....	90
HPV13	.....--C--T--A-GT-----A-----.....	87
HPV74	.....--C--T--A-G-----A-----.....	87
PCPV1	.....--C--T--A-GT-----A-----.....	87
HPV34	.....ACGACCGAGAC-----TACA--T--C--TC-----.....	90
HPV73	.....ACAACCGA-A-----TACA--T--C--TC---G---.....	90
RHPV1	.....CAACCGC-A--G--C-----TATG--T-----TCT.....	99

## E7 SuperGroup A Nuc-Aln

most-likely	AACTCA.....GAGGATGAGGAt...GATGAAATAGACGATCAAGaT.....GAaCAaGCAC	136
HPV54	G---T.....-T-CA--A.....-----G-C--CA-TAAC-.....-	121
HPV32	-C-----A-----GAC--T--C-----CTAT-A	154
HPV42	-G-----A.....-T--C-----CA	121
HPV3	.....-A-----T-T---A-T-C-GTG.....G	232
HPV28	.....-A--A.....-T-T-C-A-T-TGG-G.....G	112
HPV10	.....-A--A.....-T-T-C---T-CGGTG.....G	109
HPV29	-G-----T--A--A.....-TGT-----T-T-GTG.....G	121
HPV61	G--AGCTCA...--TCA---GGAG---AGTG-GCGT--G---TT-TTG	136
HPV72	G--AGCTCA...--TCA---TCAGAG-----G-GG---G-GTT-G-GTGCAG.....GAGC--TT-T-G	151
HPV2a	-G-----A--A---ATA--C-----TGA--G	127
HPV27	-G-----A--A---ATA--C-----TGA--G	127
HPV57	-----A--A---CTA--T-----TGA--G	127
HPV26	G--AGC.....TCA-----C--TA--ATG.....GT-AC-	142
HPV51	-G-----G-----G---TA--ATGCG-.....G-CCAG-	133
HPV30	-G-----A-----GAG-----G---TT-C-G.....A-G-GC--	142
HPV53	-G-----GAG-----G---C--TGC-G.....-G-GC--	142
HPV56	-G-----GAG-----G---C--TTGC-G.....-G-GGC--	142
HPV66	-G-----GAG-----C--TTGCTG.....-G-GGC--	142
HPV18	G-----A--AA-C-----T-GAGTTA--C-T--CATT	145
HPV45	G-G---G--AA-C.....GC--T-GAGTTAG-.....C-TGC-CA--	148
HPV39	G-G---AATA.....CCC--C--GC--T-AAT.....CACC---TCA--	154
HPV68ME180	G-T---C---AATA.....CCC--C--GC--T-AATCAC.....CACC---TCA--	157
HPV70	G-T---CA---AACA.....CCC--C--GT--T-AAT.....CACC---CA--	154
HPV59	G---CGACTCC--A---AA-A.....CC--T-GAGTTA--C-T-CTTTG-	151
HPV7	-G-----CTCA--A--GACC-----CA---C-A-T--CAGCTCACACAATAGAC-G-GT-AG-	154
HPV40	-G-----CTCA--A--GACC-----CAG--C-A-T--CAGCTTACACAGTAGA--G-GT-AG-	154
HPV16	G--AGCTCA.....G---T-G--C--C-----G-----G	136
HPV35h	G--AGCTCA...--G---A...--ACT--T---G--C--C-----G-----A	139
HPV31	G--AGCTCA...--T--G---TC-----AG--C--C-----G-----G	136
HPV52	G--AGCTCA...--T--G---ACA---GTG-G---CGG-C-----G-----G	142
HPV33	G--AGCTCAGAT-----A-GCTTG--CCGGCC---T-GA-----	136
HPV58	G--AGC.....TCA--C-----GAAATA-GCT-G---GG-C-----G-----	139
HPV6b	G--AGCTCA...--A-----TG...-C--G-G---GA---G-TT---	136
HPV11	G--AGCTCA...--A-----TG...-CA-GG-G---A-A---G-C---	136
HPV44	-G-----A-----TG...-C---C-ACG---GCCA-G-	133
HPV55	-G-----TG...-C---C-ACG--G.....GCCA-G-	133
HPV13	-G-----A--C---TG...-C---CA--C-ACG---CA	127
HPV74	-G-----A--G---TG...-C---C-ACG---GCCA-G-	130
PCCV1	-G---GAA...-A-----TG...-CA--C-ACG---CC.....ACGCA-G	136
HPV34	-----C---AGC--T.....T--A-A	130
HPV73	-----C---AGC--T.....T--ACA	130
RhPV1	G--AGCTCA...-----G---C---TC-CAAT.....A-T--GCAG-	151

E7 SuperGroup A Nuc-Aln

	E2 binding site		
	in HPV44, HPV55, PCPV1 ->		
most-likely	AACCAGCCAaACAAGCT.....	TACAGA.....	ATAGTAACTtC 170
HPV54	----T-A-----A.....	-TT-AG.....	G-GT---GCCA 155
HPV32	---AG-A--T---CG-.....	.....	-----GTG-GG 188
HPV42	---AG-A--T---GCG-.....	.....	-----C-GTG-GT 155
HPV3	-----GC-----G.....	--TT-T.....	G---C--AGT 266
HPV28	-----AC-----G.....	--T--G.....	G-G---ACT 146
HPV10	-----AC-----G.....	--T--G.....	G-G---AGA 143
HPV29	-----AC-----G.....	--T--G.....	G-G---T 155
HPV61	---A---AC-G--G--C.....	-----G.....	G-G--T---A 170
HPV72	---A---AC-G--G--C.....	-----G.....	G-G--T---A 185
HPV2a	-----ATGTG--G--C.....	-----G.....	G-G---A 161
HPV27	-----TGTG--G--C.....	-----G.....	G-G---AA 161
HPV57	-----TGTG--G--C.....	-----G.....	G-G---GA 161
HPV26	-G-AG---GGACAA.....	.GAAGTGTGT.....	-----T-A-G-ACA 191
HPV51	T-----AA-G--GG--GGACAG.....	.GCTACGTGT.....	-----T-A-G--C- 182
HPV30	-G-A---T-G---AAGAACAA.....	.CATCCTTGT.....	---CT-.....-TAAC--ACA 191
HPV53	-G-A---T-G--GG-ACGAACAA.....	.CATCCTTGT.....	---CT-.....-T-A---ACA 191
HPV56	-G-A---T-G-----AAACAA.....	.CATACGTGT.....	---CT-.....-CACGTAC- 191
HPV66	-G-A---T-G-----GAACAA.....	.CATAAGTGT.....	---CT-.....-TCACGTAC- 191
HPV18	T-----CG--G--C.....	.GAACCAC-AC-TCACACA.....	-GT-GTG-AT 191
HPV45	T-----CG--G--C.....	.GAACCAC-GC-TCACAAA.....	-TT-GTG-GT 194
HPV39	T--T-----G--GG-A.....	.GAACCAC-GC-TCACACA.....	---CAGTG--- 200
HPV68ME180	T--T-----G--GG-AC.....	.GAACAAC-GC-TCACACA.....	---TCAGTG-A- 203
HPV70	T--T-----G--GG-AA.....	.GAACCAC-GC-TCACAAA.....	---CAGTG-AT 200
HPV59	T--T---T-G--G---.....	.GAACCAC-GC-TCACAAC.....	-T--GTG-GT 197
HPV7	---CA-GC---G-ACTTGCAAGTA.....	.AATTTGCAATCA.....	-TT-A-.....-ACA 209
HPV40	---CA-GC---G-ACCTGCAAGTA.....	.AATTTGCAATCA.....	-TT-A-.....G-----CG 209
HPV16	---G-A--G-GCCCA-.....	---AT.....	-T-----C-T 170
HPV35h	---A--CCTCCAA-.....	---T-AT.....	-T-----G-- 173
HPV31	---G-A--C-TCCAA-.....	---AT.....	-C--T--C-T 170
HPV52	---A---C-AGCAA-.....	---TAC.....	-T--G--A-A 176
HPV33	-----C-GCT-A-.....	---TAC.....	-T-----C-G 170
HPV58	---G---C-GCTAA-.....	---TAC.....	-T-----G 173
HPV6b	---TTTA-----CA-.....	-T-CA.....	-----G--C-G 170
HPV11	---TTTA-C---CA-.....	---CA.....	---C-G--C-G 170
HPV44	--GAC-TT-C---GC--.....	---CA.....	-----CA 167
HPV55	--GAC-TT-C---GC--.....	---CA.....	-----CA 167
HPV13	CG-A---CG---CA-AGCACACTA.....	.TTACAATGC.....	---CA-.....-C---G-- 179
HPV74	---A-CTG-C---G--G.....	---CA.....	-----C-G 164
PCPV1	CCA-GTT--C---CA-.....	---CA.....	-----C-G 170
HPV34	G--A---TG-G---C.....	.TGG.....	-----T---GA 167
HPV73	G--A---TG---G--AG.....	.TGT.....	-----T---GA 167
RhPV1	-G-ATCATC-G--C--CAGACCTGAAGTACCAGAGGATGGTGATTGT.....	--T---.....	--T--G-GCGA 215

**E7 SuperGroup A Nuc-Aln**

	E2 binding site	degenerate E2 binding site	
	<- in HPV44, HPV55, PCPV1	->in HPV51<-	
most-likely	GTGTTGTAAG...TGTAACAGcACAGTTCGGTtGTGGAGAGCACAGAAGCAGACATACGAGAACTACAA		240
HPV54	---G-AGGTGTG---TGT-AG-----A-----ATG---T-T-----GC-CA---G---A-G-T---G--G		228
HPV32	T---ACAC---...---GGAC-GT-----AAA--T-----CAGT--T---GC--G-----A-C-G--G--T		258
HPV42	---ACAC---...---T---AGT-T---AAA--C-----C--T-T-----G--G-----A--A-C--G---		225
HPV3	---CCG---...---GTTTACA-C---A-----G--A---T---GCC-C-----T---A-G-CCT-CG-G		336
HPV28	---CCA---...---GTTTAC--C-G--A-----G--A---T---GCC-C-----T---A-G-C-T-GG-G		216
HPV10	A---ACA---...---GTTTAC--C-G--A-----G--A---T---GCC-C-----T---A-G-C---GG--		213
HPV29	---ACA---...---GT-CA---C-G--A-----G--A-----GC-----T---A-G-C-T-C--G		225
HPV61	C---G-C-TT...---GT-TC-----A-----G---C--T--GG---C-----C-GAAG-TG-----T		240
HPV72	C---G-C-G-...---CT--C-TC-----A-----G-----T---G---C-----G-GAAG-CG-----		255
HPV2a	C---C---...---GG---A--C-----G--T---T--GG-C-----C--A---G--GG--		231
HPV27	C---C--C---...---CGG---AG-C--C-----G--T---T--GG-CC--A-----A---T--GG--		231
HPV57	---C---...---CC---T-----C-----G--T---T--GG--CG--G-----A-GC-T--GG-G		231
HPV26	A-----T...---T-T-T---G-A---A-C-----C-----GTGC-CAGA--G-T---TG-G-G		261
HPV51	---C-G-...---TCA--TGT---A-AA---CA-----A---GT-G--ACAC-C-T--C-TTG---G		252
HPV30	---G...---GCGTCTG-G--G-A-T---C---TC---TC-CAC-AAG--GC-G--T--CC-----		261
HPV53	---G...---G-GTCGTTG--G-A-T---C---TC---TT--AC-AA--GC-G--TATTT-----		261
HPV56	T-----G...---GTTTGTG--G-A-T---ACA-TC---T--CA---AG---C-G--TTG-----		261
HPV66	T-----...---G-GTTGTTG--G-A-T---ACA-TC---T--CA---AG--GC---T-TGG-----		261
HPV18	---G-AGC--G-A--GA--A--A--A--A---T---C--AC---C-T---C-T-C--G		261
HPV45	A-----...---G--G--G-A--GA--TACA--A-----T-G-C--AG---C-TA--AC-----G		264
HPV39	---A---C-G-A---A---AGC-T--CGG-ATACTC-G---C-----G		270
HPV68ME180	---A-CT-C-G-AA--A--A--A--AGCGT-GCGG-AGA--C-G--GA-CG--G--		273
HPV70	---T-CT---C-G-ACT-A--A--A--AGC-T--C---AGA--C-G---TCT---TG		270
HPV59	---T-ATCA-C---A--A--A--A--A-C-T-GC---AC-GAT-G---CCT---G		267
HPV7	T---GTATTT...---C--T-TTT-----C--A--A--CC-TT-T--T-CTA-T--T---A-GC-GG-T--T		279
HPV40	---GTATTT...---C-GT-TTTG--G--CT-A-CA---C-TT-TT-CATCA-T--T---AC-C-GT-C--G		279
HPV16	T---C---...---G--TCT--GC-----T--TGC--AC-A-----C-C-T-----T--TACTT-GG--		240
HPV35h	C-----A...---G-GGCG---C-A--T--TG--AC-----C-CATT-----TA--T-GG--		243
HPV31	T-----C...---GTCT---C---TT--TG--AC-----C---T---T--T--CAT-T-G---		240
HPV52	T---CAC-GT...---G-T-----C-A---ATGCA-TC-T---T--CGA-G---C-T--TACT-----G		246
HPV33	T---CAC-CT...---C-----TT-ATG---CA-C--T---C-AGT---C-----ACCA---G		240
HPV58	T---AC-CT...---GG--C---G---TT--TG-A-CA-C--T--AC-A-C---G---ACC---G		243
HPV6b	T---C---GGA...---G-----AC--A-----C--T-----A-----CA---G-G---		240
HPV11	T---C---GGA...---G-----AC--C--A-----T-----C-G-----CA--C-----		240
HPV44	C---G---CA...---GTC-G-AG-----C--T-----G-A-----C-ATC-C-----T		237
HPV55	C---G---CA...---C-G-AC-----C--T-----G-A-----CT-TC-----T		237
HPV13	C---A---A...---TGT---AC--C-----G-----T-T---G-C-T-----T-AC--C-----C		249
HPV74	C---G---GTA...---TC--GCC-----C--T-T---G-C-T-----CAACA-T-----T		234
PCPV1	T---G--C---...---G-----AC--G--TT-----CT-T---G-T-G-----T-A-C--C-----C		240
HPV34	T---CA-C-GA...---C-GTC-----GT-T--TACCA-T-----C-C--T--C--TT--TGT--G--		237
HPV73	C---CACG---...---C-GT-----AT-C--T-CCA-T---A-----ACA---T--TT--A---TGA--G--		237
RhPV1	T---AC-GC...---GG--AGC--C-GA-----TT--T-GCC-C-A--GT---T-TG--G-G		285

E7 SuperGroup A Nuc-Aln

		* coordinate 855 in HPV16R
most-likely	CAGCTGCTT...ATGGGCACACTGAAcATAGTGTGCCCCcGCTGTGCACaAaA...CAG	294
HPV54	G-A-----CATCA--A-G-----C-A-----T--AC-----TT--CG-...-TA	285
HPV32	---A-----...C--A-----GG--T-----T--ATTG-----CTGCGTG...G--	312
HPV42	---A-----...T-----G-T--T-----T--TTTG-----C-GCGTG...G--	279
HPV3	-----T--G...C-----CGG-T-----T-----C.....GT-	381
HPV28	-----C--G...T-----CGG-C-----T-----C.....GT-	261
HPV10	-----A...C-A-----T-----GC-C-----T--T-----C.....GT-	258
HPV29	G---C--A...C-AC-----T---G--C-----T--T-----...GC-	270
HPV61	G-A--A--G...C---GACT--TC-----T--TG---C.....GCA	285
HPV72	--A--A--G...C---A--ATT--TC-----T--T---C.....GCA	300
HPV2a	-----T-C...T--AAG--G---CTC-----T-A---C.....GCC	276
HPV27	-----T-...C--AAG--G---TC-----A---C.....GC-	276
HPV57	-----T-C...C--AAT--GT---C-----C.....GTA	276
HPV26	--A--T-A...---AAGACG--TC-T-G-----AT-AG-----TG-...---	312
HPV51	--A--T-A...---GA---A-G-C-G--T-----T--GAAC...A-C	303
HPV30	--A-----...---G---G-GC-----T---TG-----A--GG...-G-	315
HPV53	--AA-----...---G--G-GC-T-----T--C---A--GG...-GA	315
HPV56	-----...---TG-GT-A-CAG--AC-----A-T--C---T--GT...A-C	315
HPV66	-----...---TG-GT-A-CAG--AC-----A-T--C---T--TCT...A-A	315
HPV18	-----T-...C--AA---C---TC-T-T-----T--GT-G-----T-CC-G...---	315
HPV45	-----T-...T--A---CT--TC-T-T-----T--GT-G-----A-T--C...--A	318
HPV39	-----T-...---A-T---AGGAT-T-----T--GT-G-----A-TGC-AAC---	327
HPV68ME180	-T---T-...---A-T---A--TT-T-----T--GT-G-----A-GG--ACC---	330
HPV70	-----T-...---AG-----TCAT-T-----T--T-G-----T-GGG-ACC---	327
HPV59	-----T-...---A-----ATC-T-T-----T--TTTG-----G---C...---	321
HPV7	---T---G...---A--T-----AA-----G-T-C...GC-	333
HPV40	---T---G...---T-AC-T-----AA-----G-T-C...G--	333
HPV16	G-C--T-A...---AGGA--T-----AT---T-T-AG---...-CA	294
HPV35h	G-TT-AT-A...---T-TGGA-----G-----T--AG-G...GCA	297
HPV31	G---T-A...---T--T-TGGA--C-----AA---T-TA-T-G...-T-	294
HPV52	--AA---G...T-----T-AC-AG-T-----G-----GG...-TA	297
HPV33	--A--A---...---G---T--T-----TAC-----A-...--A	291
HPV58	-----...---TGT-C---T-----TA-----AG...--A	294
HPV6b	-----T--G...T---A---A-----T--AT---C-----G--G...ACC	294
HPV11	G-C--TT-G...C-----A--T--T-----T--AT---C-----...CA	294
HPV44	AC--T--G...C---TT---G-T--T---T--TGTTG-----G--C---...ACC	291
HPV55	AC--T--G...C---TT---G-A--C---T--TGTTG-----G--C---...A-C	291
HPV13	G-C--A--G...C---G---T-----TTTG-----...AGC	303
HPV74	AC--T--A...C---T-----C-----T--T-TG-----G--C---...AC-	288
PCPV1	A-----G...C---T--T-A--T-----TTG---T---C---...ACC	294
HPV34	G-C-----...---TG---A--A--T-----AA---T-CAG-CGC...-TA	291
HPV73	G--T-----...---T---AGGT--T-----AA---T-CAG--C...-TA	291
RhPV1	G-C-----G...---TG---T-----T--A-----CAGC-G...GT-	339

**E7 SuperGroup B Nuc-Aln**

```

                                E2 binding site
                                ->in HPV9 <-
                                <- E6 end for HPV5, 8, 12, 19, 25, 47
                                <- E6 end for HPV4, 9, 15, 17, 49, 65
                                degenerate E2 binding site
                                in HPV8 ->
most-likely ATGATTGGTAAAGAG.....GCCACTaTGCAAGATATTGTTCTAGAGTTAAATGAGCTTGTGCCTGAAGTAC 67
HPV19 -----TG-TAT-----C-----AT-----A-----G-----T-GCA-----G----- 67
CgPV2 -----G-C-----GGACT-----C--A--T-----G-G-----A-CA-----GG- 67
HPV25 -----G-----T--AT-----T--ACAT-----G--AT-GCA-----G----- 67
HPV20 -----T--AT-----G-G-----AT-GCA-----G--T- 67
HPV21 -----T--AT-----G-----AT-GCA-----G----- 67
HPV14d ..... 0
HPV5 -----T--CG-----A--G--C-C-G--G-GCA--C--G- 67
HPV36 -----T--CG-----G--C-C-G--G-GCA----- 67
HPV47 -----T--CG--G-----G-----G--G--CAA-----T 67
HPV12 ----C-----T--CG-----T--ACCT-G--C-T-G--GCA-----GT 67
HPV8 -----T--G-----T--GT-GA-----A-ACAA-----GT 67
HPV24 -----A-----T--C-A--C--CT-----G-C--CACA----- 57
HPV15 -----G--A-----T--A-C--A-G-T--C-GC-A-----C----- 58
HPV17 -----G--A-----T--A-A-C--A-G-T--C-GC-AC-----C----- 58
HPV37 -----G--A-----T--A-A-C--A-A-G-T--C-GC-A-----C-----CAG- 61
HPV9 -----G--A-----T--A-C--GG-G-----AC-GC-A-----C-----CA-- 61
HPV22 -----G--C-A-----T--C--TGT--A--T--A-----C----- 52
HPV23 -----G--C-A-----T--C-T-GT--A--T--A-----C----- 52
HPV38 -----G--C-A-----T--C-T-GT--A--T--A-----C----- 52
HPV49 -----G--A-----TT--A--A-C--AA-A--C-A-----AGAGT-T-----GC- 55
HPV4 ----GA--AGC--C-----C--GG-TGC--C--AA-T--AC-----CT-A-----T 58
HPV65 ----GA--AGC--CA-----C--GGG-TGC--C--AA-T--A-----CT-G-----T 58
HPV48 ----GG--AG-TA-----T-----T-CT-C--A-AGT--A-----T-----T 52
HPV50 ----GG--G-TA-A-----C-A--T-CT-----T--A-----T-----T 52
HPV60 -----TC--CCTAAT-TT-A--AC-TT--G-AAA-T-G-----T-G--T-----T 58

```

degenerate E2 binding  
site in HPV37, HPV9

-> <-  
degenerate E2 binding site

<- in HPV8

```

most-likely TACCAGTTGACCTGCTTTGTGACGAGGAGTTACCAGACGAACAgCAGGAG.....ACAGAGGA 125
HPV19 A-----T-----A-----GAC-----A----- 125
CgPV2 AG-----A-----CT--G-----TTG----- 122
HPV25 A-----T-----A-----G-G-CT--G--T-----A----- 125
HPV20 A-----T-----A-----GA--G-----G----- 125
HPV21 A-----T-----A-----GAG--G-----A----- 125
HPV14d ..... 0
HPV5 -----T-----A--A--A--G...--A-----G----- 122
HPV36 -----T-----A--A--A--G...--T-----G----- 119
HPV47 -----T--C-----A--A--A--T--...--AC--...--G----- 122
HPV12 -----A-----A--A--A--G...--A-----G----- 122
HPV8 -----A--A--A--A--...--A-----G----- 122
HPV24 ..A-T-----TT--AC--A-----G--GC-G...--T-----G-----T 107
HPV15 AG--CAC-----A--CT--A-----AGT--A--...----- 110
HPV17 AG--CAC-----A--CT--A-----AGT--A--G--ACA----- 116
HPV37 CCA-T-C-----A--T--A-----GAGT--A--...----- 113
HPV9 CCA-T-C-----A--T--A--A--GA--A--...--CCT...--G----- 113
HPV22 -G--CA-----A--CC-----C-G--T--ACTT-CAG-A--TTAGAAGAATCAGTGGT----- 125
HPV23 AG--CA-----A--CC-----C-CA-T--A--GGTAG-A--AGCA...--GTCGT----- 116
HPV38 AG--CA-----A--CC-----G--T--TCTT-CAG--TATTGAAGCATCAGTGGT----- 125
HPV49 AG--CA-----AA--CT-----A-TC--A--CT--GC--CA-CTGAACAAGAGTTGGAGG----- 128
HPV4 -----CAA-----GA--G--TC--G-A-TCTTC-G-TG-T--TATGAG...ATT----- 125
HPV65 -G--TA-AA-----GA--G--TC--G-A-CCTTC...G-T--T-----GAGTCT-- 113
HPV48 -G--T-C-A--T-AA--C-----TCA--GT--CCA--T...--CT...--T-CA-- 104
HPV50 -G--T--GA--TT--A-----ATCTA-TGA-ACT--T...--C...--T-CA-- 104
HPV60 ---T--CAGT--TT-AGC--T-----GT--CC--T...GGT--T...C-T----- 113

```



E7 SuperGroup B Nuc-Aln

most-likely	GGAGCCTGAcATCGAAAGaACTCCTTACAAAATTGTTGCTCCTTGTGGCTGC.....TGTGAGGTCAAGCTT	192
HPV19	-----CT--T-----T--G-G-----G-----TA-T-----.....--CA---G-----	192
CgPV2	-----AACT-CT-C---G--CA-A-TT---G---C---G---A---.....--A-CA--C--A	189
HPV25	-----CT--T--C-----A-----G-----G-----T---.....-C-----	192
HPV20	-----C-G--T-----G-CT-A-----G-----A---C-----.....-CA---G--A---	192
HPV21	-----TACCA...-----G--CG-G-----G-----A-A-----C-----.....-CA-----	189
HPV14d	.....	0
HPV5	-----A-----G-TCT-----G--A-A-----G--C--T---AGGAAC-----	195
HPV36	-----T-----C-----TCGT--T---G-CA---A-G---T---AGCCAC-----C	192
HPV47	-----TA-----C--GTCGT--T---G-GA---A-G--C--T---AGCTGC--C-----	195
HPV12	-----T-A--T-----C--G---GTA-T-----CA---A-G-----AGCTCC-----C---	195
HPV8	-----TA-----GTA-T-----A-G-----AGCTGC--C-----A	195
HPV24	-----.....GAG-----AA-ACT-TG--C--G--GGT...--GAAC-CG---	171
HPV15	-----A.....CG-TTT-T-----G-----A-T--G--T--TT.....--TTC-----	171
HPV17	-----.....CGTC-T-TA--A-----G-----A---G--CT--TT.....--GTTCT-----A	177
HPV37	-----G.....CCTCAC-TC-----G-----A-----G--CT--TT.....--GTTCT--A--A	174
HPV9	-----AG.....TGTCTC---C---G--C--A---GGC---T.....--C-GT-CA-GA---	171
HPV22	-----.....GTAC-----G-----A-TATA-----GG-T.....--TACA---G	186
HPV23	-----.....TAC-----G--CA-C-TAGT-----AG--.....--ACAC--T-A	177
HPV38	-----A.....-C-TAC--C--A-----CA-A-T--T-----GG-T.....--A--A-G--A	186
HPV49	-----T...--C--G-C-TC-----G--A---A-----G--GGA...--C-GT-C--GA--G	195
HPV4	-----.....TCGGTGGT--A-TT-G--A-ACA-CTG--CTATA-A.....--A--TGCTG-A	183
HPV65	--CT--A--GGAG--GCTTTT-----TT-G--A-ACA-CTG--CTATA-A.....--A--T--TG-A	180
HPV48	-----G.....GTTTGG--G--CGG--A-ACT-CAAG--CA-AAT.....--GCTGTGCGCA-A	162
HPV50	ATCT.....--GT-A--A-T--G---A-T--A-G---AAGCAT.....--C-TTGTGCGCG--	162
HPV60	-----.....GCACTA--C--T-C---A-ACA-CTG--CAAACCT.....--GA-CAGGTG--	171
most-likely	CGAATTTTTGTGATTGCAACAGAATTTGGAATTAGAACCTTTCAAGAAGTCTGCTTGAAGAAGTGCAGCTGT	265
HPV19	--C--C-----AA--C--GC-----T-----C-A--G--CA-C--A-----T---A-----	265
CgPV2	--TC-G-----TCGG-----AC-----G--G--CA-A--ACG--G--G-----	261
HPV25	--C--C-----AA--C--T--T-----T-----AC--A--A-C--T--AA-----	265
HPV20	--C--C--A--A--GC--T-----CT-----G-----C--T---A---C--G-----	265
HPV21	--C--C-----A-AC--T--C-----CT-----A-----GA-T-----T-----T-----	262
HPV14d	--C--C--A--A--C--T-----CTC-----C--GA-C--T--AT---C-----	73
HPV5	--C-----CCAC--C-----T-----G-T--C---C-G--A--ACC-G--T-----CC	268
HPV36	--CG-----CCAA--T-----C--C--G-A-----C-GT---ACC-GT--C-----TC	265
HPV47	--C-----AC-----A-CCG--C--C--G--A-----G-----TT--AC--GT--T-----CC	268
HPV12	--T-----C-AC-----T--TAC--C--C--G--C--A--G--C-----A-CAGT--C-----C	268
HPV8	--TC-----C-AC-----T--T-CG--T--C--G-----T-----T-CAG--C--A-----TC	268
HPV24	--T-A-----AGCA-----C-G-----AC-TGG-C-G-----CT-A---A---GG--GTCA-T-	244
HPV15	--C--A-A--G-----TCC-----C-CT-ACAA-----CT-AT-AT-G-----G-TA--T--G	244
HPV17	--GC--A--TC-----GC-CGC-----C-TT-ACAAG-G--G--TT-AT-A-GT--G-A--T--G	250
HPV37	--C-GA-A--TG-----GCCTA-----T-ACAAG--G--AT-A---GT--G-----G	247
HPV9	--TT-A-AC--C---T--A-T--A-----C--G-GCAA--G---TT---G-GT--TA-A--A--G	244
HPV22	AAGC-G-A-A-AC-A-----TCTC-C-----C-CGA-----AC-TCT--A---G-CCTG-AA-A--T-	259
HPV23	AAGC--AC--C-A--C---T-----C-CT-G--C---C-TCTT---A---A-CG--A---G	250
HPV38	AA-C-A-AC---TGG--C--C--CGC--G---C-G-ATC-G-----TTGTT---G-GC--CG-AAG---TC	259
HPV49	--G-C--C---T-A--C--T--CGC--CT-----GT--C-----T--G--G-----AT-C-	268
HPV4	A-----ACAT--TA---TG-T--GC-C---C-AC-G---GG--...-AA--T---T---GGAA-----A	253
HPV65	A-G--AC-C--T---TGTG-----C--C--G-G--GG--...-AA--CA-A-TG--CGGAA-----A	250
HPV48	A--GG-GACA--CGC-----T-----AC-TTGT---G-GC-----T-A--GA---G--TTGTT-A-	235
HPV50	A--C-G-G-TGTG-C--C--C--CGCA-CT--CC-TGTG--G-GTGC--T--T-AATC---T--TTCTT-TC	235
HPV60	A--T--AC-A-T-----T--TCCT-C--CTG-A-T---TC---GTC---AT-----C-----G--TTC---A	244

## E7 SuperGroup B Nuc-Aln

	E1 start ->	
most-likely	TG.....TGTCTGAGTGCCGAGGAAACTGCAAA...CATGGCGGATCC	306
HPV19	--.....-C-G-----T-G-----T.....-GT-	306
CgPV2	--.....-C-G-----T-C-----G.....	297
HPV25	--.....-G-----T-C-G-----	306
HPV20	--.....-C-T-C-G-----	306
HPV21	--.....-C-----	303
HPV14d	--.....-T-G-----	114
HPV5	--.....-C---C-T-C-----A-----	309
HPV36	--.....-C---T-T-G---G-----	306
HPV47	-C.....-C-A-----T-G-----T-	309
HPV12	--.....-C-A-----T-T-----T-	309
HPV8	--.....-C-T-----A	309
HPV24	--.....-C-C---TAAC-G-GATCTGCAG-----CAA	288
HPV15	--.....-A-G--T---AG.....-G...-T-C--CATGT-	279
HPV17	--.....-A-C--A--AG.....-G...-T-C--CATGA-	285
HPV37	-T.....-AA-C-T--G--G.....-G...-T-C--CATGA-	282
HPV9	--.....-G-----C.....AGA-T-C--CATGAG	279
HPV22	--.....-CACC--T---A...GAG-TTCGCA---AC--CGA	300
HPV23	--.....-CC--T---A...GA--TTCGCA---AC--CGA	291
HPV38	--.....-CACC--T---A...GA--TTCGCA---CGA	300
HPV49	--.....-C---T--T-A...GAA-TTCGGA-----CGA	309
HPV4	C-TTTTGC--CA-C-CT--TGC-A--GTCTT--CAGAA----A--...	300
HPV65	C-TTTTGC--A--ACT--TGC-A--...AC-TT-AGAA----A--...	294
HPV48	-T.....-C---TCCA--C-ACTTCCCGCA----A----A	279
HPV50	--.....-T-A-----TCCA-G-A-TGCT-CGAA----A--A-T	279
HPV60	CC.....-TTGAG---TCCA--TC-CTTTTCGA-----A-----	288

E7 SuperGroups C-E Nuc-Aln

SuperE.con	ATGTATGGTAGGACTGTATTAGCTGTGAGACTAATATACTGTTTGC	46
HPV41	-----	46
SuperC.con	ATGatggttcacgG?CCaaaTACccata?a..	28
GroupC1.con	E6 end for BPV1, BPV2 <- ATGGTTCAAGGTCCAA?TACCCATAGA..	26
BPV1	-----A-----	27
BPV2	-----C-----	27
GroupC2.con	ATGatggt?cacgGaCC??aTACcca?aa?..	25
EEPV	-----T-----C---CCG---AA-G--A..	27
DPV	---GCATGTGCTC-G---CCT---GGCGCA..	30
OVPV1	-----G-----AA-----T--G..	27
OVPV2	-----G-----AA-----T--G..	27
SuperD.con	ATGAAGGGcCAGaaCgTGActTTg..	24
BPV3	-----G-----	24
BPV4	-----G-----A--A..	24
BPV6	-----G-A---T----	24
	E6 end for COPV <-	
SuperE.con	TGTATTGTATTGCTGTAATCGTGCGTAAATGCTATACCCGTGAATAATGat?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	...aaccT?cc??at?atgaatCAcctccgtt??t?at?tT?c??c??cg?gc?g??acaccgccaaggaa	80
	3' sj for BPV1 \ / 3' sj for BPV1 \ / E2 binding site ->in BPV2 <-	
GroupC1.con	...AaCTTGGATGATTACACTGCAGGACCGTTGCTGATTTTAAGTCCATGTGCAGGCACACCTACCAGG??T	93
BPV1	-----TC-	96
BPV2	-----GT-	96
	E6 end for DPV <- E6 end for EEPV <-	
GroupC2.con	...gacCTaCC?c?agATGAATCACCTTgg?a?t??a??tTgc?c??C??g??a??gagccAaa??aa	71
EEPV	...C---G--G-CGT-----CCCTCACACTGC-C-TAGAG-CAGTTGCTCCG-T--A-C-GAC-	96
DPV	...ACG----GGCT-----T-CTTAACATTGA-TTTGGAG-CAGTCTCGGGA--AG--GCCA-G	99
OVPV1	...-----A-A-----AG-C-GTC-CA---A-CTC-GGCC--TG-TAC-----GCG--	96
OVPV2	...-----A-A-----G-C-GTC-CA---A-CTC-GGCC--TT-AGAC-----GG--	96
SuperD.con	...aAagAC?TtGCTgtAGAATTAGAGatgtAgTcAGTCCAATT.....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-----GTTTCAGC-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??GAACCAAGCGTCCTAGAT?TA.....?AT???	48
HPV1a	...AAG--CC---TCT---CTT-----T--.....G--CTT	72
HPV63	...GGT--TT---GAG---GAA-----C--.....A--...	69
Unclass.con	...TGCTCACCGGCGAAACTCCTGACTCG.....GTCAGC	57
MnPV	-----	57
SuperC.con	catggaacacc??ccgcactg?Atccc??a??ac?g?a?cag?ac?gccg?ccac????????????	122
GroupC1.con	CCTGCAGCACCTGATGCACC?GATTTCAGACTTCCGTGCCATTTCCGCCCTCCTACTAGGAAGCGAGGTCCC?	164
BPV1	-----T-----A	169
BPV2	-----C-----T	169
GroupC2.con	ca??g?ag?c??ccctc?ctGaAacc??aaaata?A?aa?acagc??c?ac?c.....	110
EEPV	GGCATTTCAGGCA--GCAGAG---G--ACCTTCCCAGA-AGGAC---AAAAAGG--A.....	153
DPV	A-CA-T-CA-CAGT-GTTG--G-TAAGCCTGG...A-ACC-CC-CCTAAA-GC-A.....	153
OVPV1	--TG-A--T-TG-----C-----TTA-----C-G---A-A---CGC-C--TT.....	153
OVPV2	--TG-A--CTTG-----A-----TTA-----C-G---A-TT--CGC-C--T.....	153

## E7 SuperGroups C-E Nuc-Aln

SuperD.con	gAtTGtGAaGAgGAGATt.....GaaAcTGAGGAaGT?GACTgtCCTg?CcC?TtTgc??	121
BPV3	-----C--G-----A.....------A-----G-C---G-A---T.	126
BPV4	C-----A-----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
HPV63	.....T-----TA-A---G-----G--GGAG---TCT--A-AT.....--A.	114
Unclass.con	CTGTATGTGTCACGAAGTTCTC.....GACGAGGACGAATTAAAAGAGCCAACAGAGG	109
MnPV	-----	109
SuperC.con	??.....cgtcgagtgTAtt?	135
GroupC1.con	CTACGCTCCGCTTTCCTCTCCCGGAAAA?TGTGTGCAACAGGGCCA.....CGTCGAGTGTA?TC	223
BPV1	-----C-----T--	230
BPV2	-----G-----C--	230
GroupC2.con	.....ctt?g?acgTATta	122
EEPV	.....AAGAAAGTT---C	167
DPV	.....-GAA-ACA---A-	167
OVVP1	.....-C-C-----	167
OVVP2	.....-C-C-----	167
SuperD.con	tagtaGaagCTgt?.....	134
BPV3	..-----G-----T.....	138
BPV4	--AC--C-A--.....TGA--AG--T.....	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.con	.....TATGC	81
HPV1a	.....	140
HPV63	.....	119
Unclass.con	CGGCTCCGCCACCGGAACAATACACCTTG.....TACCA	143
MnPV	-----	143
SuperC.con	TGTGACTGTtctc?TG?a???ac.....TGcg?cAa?c?gCTgaacTT?gcTGtgA??ActagCtctac??C?	188
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	TGTGACTGTgCtTG?a????.....TG??CA?tcgGCTGaAcTtc?cTGtgAg?AC?a?Ct??aa??Ca	171
EEPV	-----C---C-ATGGA.....-TGA--AAAAC---G-A--TTG--CA--A--TTC-AGCGCCA-C	234
DPV	-----TT-C-C-ACGAC.....-TGA--AG--T-----T---C-AA--T-C--GC-GCA--	234
OVVP1	-----C---TCCC.....-CTC--C-----G-----C--A-G--CT--AT--	231
OVVP2	-----T-CT.....-CTC--C-----G-----C--A-G--CT--AT--	231
degenerate E2 binding site		
->in BPV3 <-		
SuperD.con	.....TGtTATgtTTGtGAacAagtct?CGTTTAGctgTcGT??CcTcAcCaGAcGGg	185
BPV3	.....A-CCC--A-----C-----CT-----G-----	192
BPV4	.....-C---C--G-----C-T-----T--AA-G--A---A--A	192
BPV6	.....C-----T--G-----C-----TG---G-----	195
SuperE.con	agT?g?gg?tcc?TGtg??ttt.....TGcgag?aa?tg?T?aG?t??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---TGA-A--GG-G-G--G--TT-T--TC-G---C-AA-AGAG-AT	207
CRPV	--GTCC-TG--A---AAGCGC.....-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.....TGTAATAAGACAATTCGGCTGACGTGCGGGCACAAGCACACCAG	210
MnPV	-----	210
SuperC.con	aT?cTta?ctTcgA?cAcTccTaac?...?caGA?tT?gac?TccTG...TgCtaccTgTga?gC?aa?c	244

E7 SuperGroups C-E Nuc-Aln

GroupC1.con	?TGCT?GG?TT?GAACACCT?TTAAAC...TCAGATTT?GACCT?TTG...TGTCC?CGTTG?GAATCTCGG	337
BPV1	C---T--A--T-----T-----...-----A-----C-----...-----A-----T-----	364
BPV2	T---G--C--C-----A-----...-----G-----G-----...-----C-----C-----	364
GroupC2.con	AT?cTta?c?T??AggAgCTcCT?act...??aGac?Ttgac?TCCTG...Tgt?CTacCTGt??gC?Aagc	223
EEPV	--CT-A-CGC-GC-AA-C-----GCTG...AA---C-A---T-----...--CT-----CGAGA-C--C-	301
DPV	--A--C--C--GC--C-A-----G--A...GAG--C-G--TT-----...--T--TT-----GAG--C---A	301
OVVP1	--C---T-T-CG-----A---...GC---TT--C-AA-----...--C-----...--A---	295
OVVP2	--A---CT-T-CG-----G--A---...AC---T--AC-A-----...--C-----...--A---	295
SuperD.con	AT?CatCAAcTGCAgCAACTgCTGtTg??GACT?CcTcTc?tTaCTG...TGTgCAa?cTGCTcTAgAgAaG	248
BPV3	--C-----T-----...--G-A---C-----...-----A-----...-----G-	259
BPV4	--T-----C-----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??gTg?c?c?a????	271
HPV41	--AC-GAAT--AC---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...GACGGCTAAGAGTGATC...TGTCGCGGTGTAACCAGAAGA	277
MnPV	-----...-----	277
SuperC.con	agcga?a?GGCAAACGATAA	262
	-> E1 start for BPV1, BPV2	
GroupC1.con	AGCGTCATGGCAAACGATAA	357
BPV1	-----	384
BPV2	-----	384
	-> E1 start for EEPV, DPV	
GroupC2.con	????aT?A	226
EEPV	ATGGC-G-	309
DPV	ATGG--A-	309
OVVP1	GGCC-	300
OVVP2	GGCC-	300
	E1 start for BPV4 ->	
SuperD.con	tgTtCTgTAACCGCAGACCCcAaCGaAATGGACCTTAA	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.