

E6 SuperGroup A AA-Aln

	16 E6 start ->		cysteine doublet	
			-><-	
most-likely	MASA....NDPTEP...RILLDL.....	CKELNISLHDLQLLCVFCCKELT		40
HPV54	-SAT....EPH-DQ...-T-A--.....	--VC--PM-S---P-A---TVC		40
HPV32	---T....SASSQ...ST-YQ.....	--DFGLT-RN--IC-IW--NH--		39
HPV42	-SGT....SASSQ...-T-YQ.....	---FGLT-RN--IS-IW---H--		39
HPV3	--V-M....SM-ANCPK...N-F-.....	---RNTG-GFD--R-H-I--T-Q--		41
HPV28	-D.....DQRPK...N-F-.....	---RDSG--FD--R-H-I--A-V--		35
HPV10	-SM.....GAQ-PR...N---.....	---RNCG-P-E--R-C-I--T-Q--		37
HPV29	-SR.....GDGYPK...N-F-.....	---RDSGVPFE--R-Q----T----		37
HPV61	-G.....-CNPT...N-F-.....	---DYEVDFFE--R-T-----N---		35
HPV72	-PM.....GLHNPT...N-W-.....	---IEVD-E--RIT-I--N---		37
HPV2a	-HTRA....GMSE-N-CPRN-F-.....	---YGLE-E--R----W--RP-S		43
HPV27	-RTRA....GMSE-N-CPRN-F-.....	---QYGLE-E--R----Y-RR-A-S		43
HPV57	-SE.....ENPCPR...N-F-.....	---R-YGLE-E--RI---Y--RP-S		37
HPV26	-FE.....-R---T-HE.....	---ES--TT-QN--VQ--Y--ET-Q		38
HPV51	-FE.....-KR---T-HE.....	---EA--V-M-NI-VV--Y-----C		38
HPV30	--FKF....ENTG---TVHH.....	---EVQET--LE--Q--Y-----S		41
HPV53	-DRQL...FENTE---T-HQ.....	---EVV-KP-LE--G-----A--		42
HPV56	-EPQF....N-Q---S-HH.....	---SEV-E-P-I--R-S--Y-----		41
HPV66	-D-IF....SNTQ---S-HH.....	---SEV-Q-P-L--R-S--Y-----		41
HPV18	--RF....E--R---YK-P.....	---T--T-Q-IEIT--Y--TV-E		40
HPV45	--RF....D--KQ---YK-P.....	---T--T-Q-VSIA--Y--AT-E		40
HPV39	--RF....HN-A---YK-P.....	---TT-DTT-Q-ITIA--Y-RRP-Q		40
HPV68ME180	--LF....HN-E---YK-P.....	---RT-DTT---VTID--Y-RRQ-Q		40
HPV70	--RF....PN-A---YK-P.....	---TA-DTT---ITID--Y--TQ-Q		40
HPV59	--RF....E--Q---YK-P.....	---STT--P---IRIN----G--Q		40
HPV7	-SA.....RCGSTA...-T-FE.....	---DQC--T-PT--IN-I--NSI-Q		38
HPV40	-SA.....RCGSQA...-T-YE.....	---DQC--T-PT--ID----TV-K		38
HPV43	-SAR....SCSQNAR...T-FE.....	---D-C--T-PT--IG-I---W-L		39
HPV16	-HQKRTAMFQ--Q---K-PQ.....	---T--QTTI--II-E--Y--QQ-L		45
HPV35h	-FQ.....-A---YK-H.....	---N-VEE-I-EIC-N--Y--Q--Q		38
HPV31	-FK.....N-A---K-HE.....	---SSA-E-PYDE-R-N--Y--GQ--		38
HPV52	-FE.....-AT---T-HE.....	---EV-EE-V-EIR-Q--Q-----Q		38
HPV33	-FQ.....-TE-K---T-H.....	---QA-ETTI-NIE-Q--E---P-Q		38
HPV58	-FQ.....-AE-K---T-H.....	---QA-ET-V-EIE-K--E---T-Q		38
HPV6b	-E.....-AS-SAT...T-DQ.....	---TF-L-M-T--IN----NA--		39
HPV11	-E-K....DAS-SAT...S-DQ.....	---TF-L--T--IQ----RNA--		39
HPV44	-E.....-AS-SAQ...S-DQ.....	---C--PM-N--I----R-T-S		39
HPV55	-E.....-AS-AAQ...S-DQ.....	---C--PM-H--I----R-T--		39
HPV13	-E.....-AS-PAK...T-DQ.....	---C-L-M-S--I----R-T-S		39
HPV74	-E.....-AS-SAK...S-DQ.....	---DC--PM-N--IS----R-T-S		39
PCPV1	-EK.....-AS-SAK...T-DQ.....	---C-LCM-S--I----R-T-S		39
HPV34	-FFP.....N-E---YK-PA.....	---E-V---I-EIE-D--Y-ERQ-Y		39
HPV73	-LFP....NSE---YK-QA.....	---D-V---I--IN-D---QRG-Y		39
RhPV1	-KKGVT.ENGATESGA...YKK-.KLVFFVAMVDCPGEPNELPRTIHEL-EQREET--E---E--Y-L----			68

E7 start for HPV3, 10, 42 ->

	cysteine doublet \/ E6*truncation -><-	cysteine doublet -><-	
most-likely	TAEVYAFKDLVYVYRDGFPYAACAACLEFYKSKVREYRHYDYSVYGTVEEETKKSLLDLLIRCYLCKQKPLC		113
HPV54	---I---QY---F--W-H---H---L---LHGQINYR--R-RACLWE---Q-CG-P-EEIF---W--H---S		113
HPV32	S--A--YH---H--WKK-----F-----CAL----R-AFWH---Q--GLL-EEQI---AI-----S		112
HPV42	G---L-YH---V--W-KD-----F---N--ICAL---ER-AFWY---K--GLL-EEQQ---A-----S		112
HPV3	-T-LQ---LRE-N--W-R-A--G---R--LVEGIA-RLKYWE--Y-VSG-----Q-IDTQQ---M-H---V		114
HPV28	---LS---LRE-N--W-T-A--G---R--LLQGI--RLK-W---L-VEG-----Q-IDTQQV---M-H---V		108
HPV10	A--LA---LRE--L-W-A-V--G---R--LLQGI--RLKYW---Y-VEG-----Q-IYTQ---M-H---V		110
HPV29	SP-LA--CIRE-N--WKS-A--G---R--L-EGIK-RLKYWQ--CFVEG--A--NE-IYTQ---M-H---V		110
HPV61	-E-LL---L-E-SI-W-HNW-FGV--P--AREV---L--W-H-C--P---QT-GR--AE-Y---HA-S---S		108
HPV72	-E-LL-I-I-E-QI-W--NW-FGV--P--ARAT---L-YWT--G--P---Q--G---AE-Y---HA-C---S		110
HPV2a	E-DIW---I-E-F--W-K---FG--G---IAAG-L-Q---WH--C--D---T--GIPIQ-FM---I-H---S		116
HPV27	D-D-L---I-E-S--W-K---FG--G---IAAG-L-Q---WH--C--D---T--GIPIQ-FM---I-H---S		116
HPV5	D-D-L---I-E-F--W-K---G--E---IAAA-L-Q---WH--C--D---T--GIPIQ-FM---I-H---S		110
HPV26	W-D--N--IC--R-----RS-----KR-VI---IT--R-TC---A-L-AL---CN---HR--M--G		111
HPV51	R-D--NV--TEIKI---NN---V-KQ--L-----I---R-SR-----L-AI-----Y--S---HR--R--G		111
HPV30	SS---N--C---RL---EDS---V-NF--L-----KI---N--L--ASLVAL---E-F-----R--Q--T		114
HPV53	AS---N--YT--R-----Y--GV-KF--L-----KL-Y-NC---ASL-AL---K-S--S---R--H--T		115
HPV56	R---N--CTE-KL---D---V-RV--L-----K--Y-----A-L-SI---Q-C-----R--S--T		114
HPV66	SL-L-R--CIE-KL---NNW---V-RV--L-----K--Y-K-----A-L-SI---Q-S--S---R--C--T		114
HPV18	LT--FE-----F-----SI-H--H--ID--RI--L--SD---D-L-KL-NTG-YN---LR---N		113
HPV45	RT--Q-----CI---CIA---H--ID--RI--L-Y-SN---E-L-KI-NTE-YN---LR---N		113
HPV39	QT---E---S-----E-L---QS-IK--A-I--L-Y-SD---A--L-NI-NTK-YN---MC-L---		113
HPV68ME180	RT---E---G--N-----V-L---QS-IK--A-I--L-Y-SE---A--L-TI-NTK-Y--S---MC-L---		113
HPV70	QT---E---S--FI---N-E---Q--IK-HA---L--SN---A--L-SI-NTK-YN-S---MS-L---		113
HPV59	ER--FE---N--FI---CT---L--IS--AR---L-Y-RD---E-L-A--TP-HE---R-L---		113
HPV7	---L---RE---W-ND--F--V-----G--NQ--NFR-AA-AP-----GLTI-EVR---CK-H---S		111
HPV40	---L---RE---W--D--H---PR--DLHG--NQ--NFR-AA-AP-----GLTI-QVR---CK-H---S		111
HPV43	-T--LS---R--R--W---Y-F---LA--Q-HG-ISQ---F--AA-AD-----QTVF--C---CK-H---S		112
HPV16	RR---D---R--CI---N---V-D--K---IS-----C--L---L-QQYN-P-C-----IN---S		118
HPV35h	RS---D--CY--CI---E-Q--GV-M--K---IS--W-R-----E-L-KQCN-Q-CH---IT-----		111
HPV31	ET--LD---T--TI---DT-HGV-T--R-----S-F-W-R-----L-KL-N-GIC-----IT--R---		111
HPV52	RR---K-L-T--RI---NN--GV-IM--R-L--IS-----Q--L--K-L--RV--P-SEIT---II--T---		111
HPV33	RS---D---A--T---E-N-FGI-KL--R-L--IS-----N--L-QTV--P-NEI---II--R---		111
HPV58	RS---D-V-A--RI---N-F-V-KV--RLL--IS-----N--L--D-L-QTL--C-NEI---II--R---		111
HPV6b	---I--SY-Y-H-K-LF-G-Y-----C---HG-INQ---F--AG-A-----QDI--V-----H---		112
HPV11	---I--Y-Y-N-K--W--N--F---C---LQG-INQ---FN-AA-AP-----NEDI-KV-----H---		112
HPV44	-----S--Y-Q-----GN--F---I---LQG--NQF--FN-AG-AV-----N--I--V-----H---		112
HPV55	-----S--Y-Q---F--GN--F---I---LQG--NQF--F-FAG-AL-----Q-I--VF-----H---		112
HPV13	-----QY-S--I-W-GQ--F---C---IQG-INQF--F-FAGFAV-----D--Q-I--V-----H---		112
HPV74	VP---S--Y-N--I---GN--F---I---VQG--NQF--FN-AG-AL-----I--V-----H---		112
PCCP1	-----QY---NI-WQGN--F---C---IQG--NQ--F-FAA-AV-----IN--IF-VR-----H---		112
HPV34	RC---D-I-R--C---K-K-LGV-QP--L-----Q--R-NQ---R-L-NL-N-Q-CNI---GK-----		112
HPV73	RS---D---S--CI---KDK--GV-QP--K---I---R-RQ-----L-NL-N-Q-CNI---GK-----		112
RhPV1	RI---D--RW--RL-H-Q-K--GV-PI--R-----I-K--R-E--I--C-L-RR-R-Q-VEV-----C-----		141

E6 SuperGroup A AA-Aln

E7 start for HPV2a, 6b, 7, 11,
 13, 27, 40, 57, PCPV1 ->
 cysteine doublet
 -><-

most-likely	PEEKQRHIDEKRRFHKIAGRWTGRCLHCWRSORE.....	ETQV	151
HPV54	NV-----V-YN----CVR-Y-K-----KP.....		144
HPV32	-S--DH--YNG-H-RF-LN-----TQ-RE.....		142
HPV42	QS--NH---TGT--QF-LCQ-----T--RGQ-V.....	RRLP	150
HPV3	K---D--RN-----L---S-H-R-S-QY--SR-TV.....	RIPR	152
HPV28	K---D--RN-R--L-C---Y-R-S-QY--LR-TV.....	RIPQ	146
HPV10	R---D--RN-R--L---S-Y-R-S-EY--SR-TV.....	RIPQ	148
HPV29	R---DK-RN-----L---S-Y-R-S--Y--SR-MG.....	QSPR	148
HPV61	IQ--EHQVQAYIH--Y---Q-----CQ-RGP-TA.....	RW-P	146
HPV72	CQ--EYQVQTGIH---S-L-----CQ-RGA-TA.....	RW-P	148
HPV2a	W---EALLVGNK---N-S-----H-MN-GS--TATD.....	PASR-LH	159
HPV27	W---EALLVGNK---N-S-----H-MQ-GST-TAPD.....	PASR-LH	159
HPV57	W---EALLVGNK---S-Q---H-MN-APR-M-NA.....	PALR-SH	153
HPV26	-----IV-----E--Q-K-L-TN---PR-Q.....	T----	150
HPV51	-----KLV---K---E-----Q-AN--QRT-Q.....	RN----	151
HPV30	-----L-CEY-K---R-SRT---L--Q---HTTS.....	T--A-	153
HPV53	-----L-C-Y-K----SHM---S--T---HTTA.....	T-SA-	154
HPV56	-----L-C-R-----L--HG---S--G---QTSR.....	EPR-ST-	155
HPV66	-----L-CEH-----Y--YA---S--Q---HTSR.....	QAT-ST-	155
HPV18	-A--L--LN-----N---HYR-Q-HS-CNRA-QERL.....	QRRR----	158
HPV45	-A--R--LKD-----S---QYR-Q-NT-CDQA-QERL.....	RRRR----	158
HPV39	-A--L--LNS-----SY--Q-RR--TTK--DRR.....	LTRR----	158
HPV68ME180	-A--L--LNS-----NF--Q-R--T-K--DRR.....	RTRQ----	158
HPV70	-A--L--VNT-----Q---SY--Q-R--T-N--DRR.....	RIRR----	158
HPV59	-TD-LK--T-----N---IY--Q-RG-RTRA-HLRQQ...RQARS--L-		160
HPV7	-V--TN--VK-TQ-F-LQDS---Y-----KK-M-KG.....	QRS--SC	154
HPV40	-V--TN--VK-TQ-F-LKDS---Y-----KK-M-KG.....	QRS--LC	154
HPV43	-V--VQ--VQ-AQ-F--HSV-K-Y-----K--M-KR.....	RRS--MC	155
HPV16	-----L-K-Q---N-R-----MS-C--S-T.....	RR--L	158
HPV35h	-V-----LE--K--N-G-----MS--KPT-R.....	E-	149
HPV31	-----L-K-K--N-G-----IA--RP-T.....		149
HPV52	-----E--VNANK---N-M-----SE--P.-P.....	V--	148
HPV33	-Q--K--V-LNK---N-S---A--AA---R-R.....	--AL	149
HPV58	-Q--K--V-LNK---N-S-----AV--PR-R.....	Q---	149
HPV6b	EV--VK--LT-A--I-LNCT-K-----TT-M.....	DMLP	150
HPV11	EI--LK--LG-A--I-LNNQ-K-----TT-M.....	DLLP	150
HPV44	HV--V---LD-A--I-LQDT-K---F--T--M.....	TILP	150
HPV55	HV--V---L--A--I-LQNT-K---F--T--M.....	TILP	150
HPV13	EV--L---LQ-A--I-LNSS-K---F--S--M.....	NILP	150
HPV74	HV--V---V-RA--I-LGNT-K---F--TT-M.....	NILP	150
PCPV1	DV--L---L--A--I-LNCE-K---F--T--M.....	NILP	150
HPV34	-L-----V--NK---Q--DQ-----TQ---P.....	SA-V-	148
HPV73	-L---K-V---K---Q--EQ-----TR---P.....	SA-V-	148
RhPV1	-I-----V-QGQ---R---Q-----M---PTVPETQPDTDQGSFL-A		191

cysteine doublet
-><-

most-likely	MA..TPAAPQS.....VLPATIKGLADLLDIPLVDLLLPNCFCGRFLTYLELC	46
HPV19	--.NAQ-TEEEIEIVEEG.....TTAPQVTEPP----A--E--D-C-V-----K--SH--A-	63
HPV25	---AN-E--IGPPE.....QAQVIQPP----TD--A--E--D-C-V-----N-----I-	58
CgPV2	--.SDN-EE-Q.....IPE--K-AV--H-----D-----T-----SFS-V-	49
HPV20	--.---PSSSEDADEGSPSNI.....GEAKPPILEPP----C--K--E--D-C-I-----N--H--V-	65
HPV21	--.DSS.TD-ADEGSPKRRH..LEEENTSSFLEPP----RD--N--E--D-C-V-----N--H--V-	68
HPV14d	---.TDSSTDSADEGSPKSNYCDSTETKSSFIEPP----F--N--E--D-C-V-----N--H--V-	71
HPV5	--.EG-EH-QKLT.....EKDKAE--LS-RD--EA-G--VI-C-I-----N--N--A-A-	54
HPV36	---EQ-SE-QNIT.....EKEKEQ--L-----SES-G--F--C-I-----K--D--A-	54
HPV47	---.QK-LE-TTVK.....EEKLE--T--R--Q-----C-----D--V-	53
HPV12	---.QQ-DQ-TVT.....DSTPE--T--E-----C-V-----K--DF--V-	52
HPV8	-D..GQD.KA-YLD.....TNKDE--S--E--AA-G--Q-CSV-----N--DF----	52
HPV24	---.Q-GK-----E...SR--N--D-CVV-----K--S--T--T	41
HPV15	-D..R-K.-F.....-Q..Q...--T-C-----I--R--Q-----I--V	40
HPV17	-D..R-K.--T.....-R..E...--T-C-----I--R--N--A--I--V	40
HPV37	---.R-K.--T.....-Q..Q...--T-C-----V--R--Y--A--I--I	40
HPV9	-Y..LTEQIMD.....RPK-R-V-E--T-V--I--I--K--N--S-F--L	47
HPV22	-Q..PLVVIYALLAYLSR.....MGCYSVFMALQR-L-VQQ-S-K-TV-V-----R--S-----R	64
HPV23	-Q..-VH.YL-RMCYTK.....LLMDSTRP..-VQQ-S-K-TV-V-----R--S-----R	56
HPV38	-E..L-K.--T.....-Q..Q...-S-K-TV-VE-----R--NS----I--R	40
HPV49	---.R-V.K.....-C..E...--HH-N--IWEV-----TG--Q--L	38
HPV4	---.DGR.-AT.....LDDFC...RR.F--SFF--R-T-I--SHTVDLAD-A	40
HPV65	---.DGR.-AA.....LDDFC...RR.F--SFF--H-T-I--SHTVDLQD-A	40
HPV48	-E..PQF.-TD.....LDSYC...KY.FN-SFF--V-K-I--KFSVSIVD-A	40
HPV50	-E..PQR-KNL.....D..Y...CKQQQ-SFFE-E-Q-L--KFVI-LPD-A	40
HPV60	-QMEEEDRF-TT.....ADYC...SE.F--K--K-K-V--RFY--EQQ-A	43

cysteine doublet
-><-

most-likely	EFDYKLSLIWKDE.FVFACCRVCCA.ATATFEFNEFYEQTVLGREIEQVTGKSIFDIDIRCQTCLKFLDLIE	117
HPV19	---D-R-----GH.L-Y---W--T.-----H--T-----F-----V---V---N-MRY--S--	134
HPV25	---E-R-----EY.L-Y---C--T.-----S--T-----D-----V-----M-Y--A--	129
CgPV2	---D-----HNY.T-S---C--V.-----Y-----N-----L--LHL-V---N--R--N--	120
HPV20	---E---T---H.L-----S.---Y--Q--S---D-----V---V--Y--M---S--	136
HPV21	---E-----L---H.C-----Y-Y-----S--V--D--EI-----V--YN-M---S--	139
HPV14d	---E-----GH.C-----T.---Y---S--E---S-----V-V--Y--M---S--	142
HPV5	---R-----Y.C-----G.---Y---Q-----D--LAS-L-----A--I--	125
HPV36	--EV-----Y.C-----G.---Y---Q--Q-----D--LAA-R--E-----A--I--	125
HPV47	---T-----Y.S-Y---L--S.---Y---V--Q-----D--LA--L--E-----H--S--I--	124
HPV12	D--K-Q-T---GH.--T---S---IY-----Q-----D--LA-----LK-----S---T--	123
HPV8	---K-R-C---NY.V-T---C--V.-----Y-----D--LA--R---E--V---N--S---I--	123
HPV24	D--T-C-----D.-----Y--V.---A---ENYFVES-I-W---KENTPLS--IV--HH--L-NQ--	112
HPV15	SLNR-G-Q---TE-D-----S.S--F---Q---SN---S-CSW---I-EQ-PVG--I---KF---K-----	112
HPV17	A--L-G-Q---TE-D-----S.S--Y---QY--SK---S-S---L-EIEH-P-GE-P---KF---K---L-	112
HPV37	A--R-G-Q---TE-DL-Y---T.S--Y---Q---TS--HS-S---EIEQ-P-GE-A---KF---L---L-	112
HPV9	N--H-C-Q---TE-DL-YGL-S.S--Y-S-QL--TH-FQFA-V-KD--T-E-TA-GN-C---RY-F-L---V-	119
HPV22	Q---N-Q---T--D-----S.G--Y-S-Q---QQY-QV-LY-----EEQRPVQG-YM---Y---S---L-	136
HPV23	---H-Q---TE-D-----S.G--Y-S-Q---IQQ--QL--Y-----EEQRP-GQ-C---Y---S-----	128
HPV38	---N-Q---TQ-D-----S.S--Y-S-QY-CQQ--L--F-----EQQT-GL-V---Y---C-----	112
HPV49	----DFN-L---G.---G--A.A--YRS-YH--TNYHQEI-V-I---GRAAAN-AE-VV--LI---R---L-	109
HPV4	L-YL-----VFRGN.CYY---SE-LR.LS-L--QENYFQCSIKAVHL-EIAQ-K-KE-C---IC--RL--IV-	111
HPV65	S-YL-----VFRGG.CYY---SE-LR.LS-L--QENYFQCSIKAVNL-EAQRK-KE-C---IC--RL--IV-	111
HPV48	S-HN-R---V--R-N.TP---TK-LR.L--LY-KDN-FVC-AKSHLLTGLVK-ELS--N---H-YS---YL-	111
HPV50	S-HC---A-VYR-G.IA--A-AK-LR.LS-I--NERY-TCSIKAYLLSDLI-RPLSE-A---EN-MCL--Y--	111
HPV60	A-YI-N-K-V---NR.YC---TP-LR.L--K--AENYFQCMCK-EVL-VL-RIPLSSLSV--FD--TL-SFA-	114

E6 SuperGroup B AA-Aln

```

                                cysteine doublet
                                -><-      -> E7 start for HPV19, 5, 47, 8, 12
most-likely KLDICGRGQPFHKVGRGSKGICRHCK....NIE      146
HPV19      -----RL-----D-----L--HF..Y-DW      166
HPV25      -----RR---L-----L--HF..Y-DW      161
CgPV2      -----NR-----NW-----.....YLL      149
HPV20      -----KR--YL-----L--.....HFQ      165
HPV21      -----KFF-----L--.....HFQ      168
HPV14d     --R-.....      146
HPV5       ---C---L-----NA-----Q--HF..YHDW      157
HPV36      ---C---L---R--NA-----Q--HF..Y-DW      157
HPV47      ---S---L-----NA---V--Q--HF..Y-DW      156
HPV12      ---S---L-----DR-----Q--HLYLN-DR      157
HPV8       ---C---R-----G---V--L--HL..YHDW      155
HPV24      -----SEL-----RG---L--Q--.....Q-.      140
HPV15      -----YKEEQ-----RN---L---R....A--      141
HPV17      ---T-Y-H-Q-----RN---L---G....S-G      141
HPV37      --ET-YTQ-Q-----RN---L---G....S-G      141
HPV9       --AT-YKFEQ-Y---N---L---G....SV-      148
HPV22      -----CSN-----DH---R-----.....A--      165
HPV23      -----SFN-----NH---R-----.....E--      157
HPV38      -----CSH-A-----N---R-----.....A--      141
HPV49      -----AQHRE--R--NR---V---R....V--      138
HPV4       ---LLYSDETCYLI--L-R-Y--N-I....RKQ      140
HPV65      ---LLYSD-ACYLI--L-R-Y--N-I....RKQ      140
HPV48      --YHLYNDVD-LLI--T-R-V--N-ISH...EGR      142
HPV50      -Y-CICH-GY--L--N-R-C--N-Y....EHEG      141
HPV60      -I-CIIS--N-YL---R-RSY--N-I....EK.      142

```

E6 SuperGroups C-E AA-Aln

		cysteine doublet -><-	
SuperC.con		MDL??Fmrgnp?sgL?CvwCrepLt?VdAf	25
GroupC1.con		MDL??F?R?NPFSGSL?C?WCREPLTEVDFAF	24
BPV1		---KP-A-T-----D-L-----	30
BPV2		---QS-S-G-----A-V-----	30
GroupC2.con		Mlssk?lgLqClwCrveLtk?d?y	21
EEPV		-CGECYAY-T-I--KKG-D-V-AK	24
DPV		-SADYYEH-Y-VF-YCV-G-VEAR	24
OvPV1		----F--K-----SL-K-	24
OvPV2		----F--R-----NL-K-	24
		cysteine doublet -><-	
SuperE.con		MASTSGVGS?????m????p?svr?L???l?i???dl?l?C?fC?k?l?naekl	30
HPV41		-----VGPASCCEtQK-HTI-E-CLAAQQ-TYPCIQ-C-HY-Y-I-SVLDIY	55
COPV		MFWGALLSMER-T---D-CMS-KLSLL--S-A-K--GNNIT-I---	46
CRPV		-ENCL-R-LEK-QQI-Q-SLE--PFG-I--G-L-GA---Q	40
GroupE1.con		M??T???VR?LS??L?IP?ID??PCNFC??FL?NAEKL	23
HPV1a		MA-PIRT--Q--ES-C--Y--VLL-----NY--S-----	39
HPV63		-DL-SVHS--D--SA-R--F--LVV-----LK--T-----	40
Unclass.con		MQQPTRPYSFMELC????T?????L?????L?LPC?FCS?F???????	24
MnPV		MDR-VHSFVER-GIPRED-L---T---R-LTQEELT	36
MmPV		-----REY-LEQLLKf-NVTLDt-M---H---S-MDLNnKA	50
		cysteine doublet -><-	
SuperC.con		RCm?K???vv?R?G.?rc??CT?CLen?LylERrLw?gvPv?g?eae?????ldrlcIRC?YCGGkLT??EK	74
GroupC1.con		RCM?KDFHVV?R?G.??GACT?CLENCL??ERRLW?GVPVTGEEA?LLHGK?LDRLCIRCCYCGGKLTKNEK	84
BPV1		---V-----I-E-.CRY---I-----AT-----Q-----E-----T-----	102
BPV2		---I-----Y-D-.VKF---T-----DK-----K-----Q-----S-----	102
GroupC2.con		RCtsK?I?vvqRg?..???VC?aCLE??L?LERsLypaqpiy?????.???peh?ertIRC?YCGGkL?rDEK	70
EEPV		--HE-K-RIAC-NG.KHCA--TS---NG-Y----F-GR---PGDLY.EPD-WVMFND---M---C-T----	95
DPV		--YD-K-RT-V--G.LRCA--T---KG-Y---V-NAP--V-QGSIE.EPD-FIQKAC---M---I-T-----	95
OvPV1		-----G-N-----K.GLYG--L---TA-T-----S-P.....ATV--L-----C-----NI---	89
OvPV2		-----G-N-----K.SFYG--L---VA-T-----T--T.....ATA--I-----C-----NL---	89
		cysteine doublet -><-	
SuperE.con		lFd???l?l?Wr?n.??fgcCq?Car??s?lef?????s????e????q?l????lRCv?C??L??eK	63
HPV41		A--QSC-Y-S-GEG.GPT-I-SQ-T-VLAR---TARHEV-CAASRLPHFIG-S-SDLEV---R-LAL-QSV--	127
COPV		---KAGFQ-I--E-.NA-----Y---VC-VV-QCFGSHRHlTSE-LVNVT.KT-QQLS---LG-LSI-SEAD-	117
CRPV		--KCTG-CIV-HKG.WPY-T-RD-TVLSCA-DLYCHLALTAPAL-A-ALVG-EISSWFM--TV-GRR-TIP--	112
GroupE1.con		LFD?FDLHL?WRDN.?VF?CCQ?CAR?VSLLEF?LYYQES?EV?E?EE?L??PL??I?LRCVTC?KKL?V?EK	76
HPV1a		---H-----V-----L--G---G---T-----V-----Y--P-I--I-DR--LQ-E-----I---S-A--	111
HPV63		---Y-----I-----F--A---C---H-----M-----F--S-V--L-NQ--VN-G-----T--T-S--	112
Unclass.con		????S?????????.C?G?C?C?R??A????????????V????????L??RC??C??L??EK	39
MnPV		AFDF-AFNLVWRGR.-AH-I-TA-A-VC-SLDLFLHHQNSRPLAD-LRDENLTLHG-KA--RV-MKI-SVT--	108
MmPV		SYLA-QLKVIvKDC.-FK-A-IK-R-KL-FAERQYQVCVGEADL-EAMVGSHVIN-TV--SE-LAL-TAS--	122
		cysteine doublet -><-	
SuperC.con		?RH?lfnEpfC??R????...rGRcydC?RHGsrs?yp??A??	100
		E7 start for BPV1, BPV2 ->	
GroupC1.con		?RHVL?NEPFCKTR?NII...RGRCYDCCRHGSRs?YP	115
BPV1		H----F-----A-----K--	137
BPV2		Q----Y-----S-----N--	137
		E7 start for EEPV, DPV ->	
GroupC2.con		rRH??f?E?????aqV???rGRcyEct??Gartkyp??A??	94
EEPV		E--RL-C-DFWIFRH--...-----L--RH-S-PP-KETP-AV	135
DPV		D--RY-E-LYVIFRN--...L----T--RH-MCSAPYRAN-TG	135
OvPV1		---L...NECY-L-RGCL-----KD-----	123
OvPV2		---L...GECY-Y-RGCL-----KD-----	123

E6 SuperGroups C-E AA-Aln

	cysteine doublet	
	-><-	
SuperE.con	?e?????vh?vr?????rg?CslCrl??iGDLGGYPPSPGSRGECDECCVPDLTHLTPVDLEELGLYP	117
HPV41	DYILREEDLS--RIGGIW....--T-VR-MVGLY	156
COPV	.-LCAELNDFSV--GKT....--L-----PP	144
CRPV	I-LRARNTLCCIDKGQYFQW--H--S-K-SDQ-----	185
GroupE1.con	L?VVS?GERVH?VRN??...KAKSLCRLY?I	99
HPV1a	-E---N-----R---RL....-----A-	140
HPV63	-A---A-----K---KF....-----I-	141
Unclass.con	L???????F??VR??W...R??CR?C??AIEC	52
MnPV	-ECAERGES-AK--GQ-....-AR--I-KPV	135
MmPV	-DAKCELQT-IL--HM-....-TS--A-RTP----	153
SuperE.con	GPEGTYPDLVDLGPVFGEEDEEGGLFDSFEEEDPGPNQCGCFCTSYPSGTGDTDINQGPAGAAGIALQSD	190
CRPV	-----	258
SuperE.con	PVCFCENCINFTEFR	205
CRPV	-----	273

E6 BLOCKS. The MOTIF algorithm identifies two BLOCKS in a complete E6 alignment, both of which are approximately confirmed by the Gibbs Sampler algorithm. These BLOCKS account for the four cysteine arrays that collectively constitute the two zinc fingers of E6. Sequence variation in the un-BLOCKED regions of E6 may point to determinants of oncogenic risk; in particular, alteration of residues 8,9,10 (SAT) in low-risk E6s to RPR in high-risk sequences has been of interest, although the RPR motif is found in some low-risk genotypes (see Myers and Androphy, Part III, this compendium). No significant sequence similarity was discovered through BLAST using the E6 Cobbler sequence (aka HPV10, see below) as the query.

most-likely	MAS...PNAS.....ERPRTLH..DLCKELNIPLHDLLLPVCFCKK	36
HPV18	--RF..EDPT.....R--YK-P...--T---TS-Q-IEIT--Y--T	37
HPV16	-HQ...KRTAMFQ.....DPQ---K-P..Q--T--QTTI--II-E--Y--Q	42
HPV6b	-E...A.....TSAT-ID..Q---TF-LSM-T-QIN-----N	36
HPV11	-E...KD--.....TSATSID..Q---TF-LS--T-QIQ---RN	36
HPV13	-E...A---.....TPAK-ID..Q---C-LSM-S-QIL---R-	36
PCPV1	-EK...A---.....TSAK-ID..Q---C-LCM-S-QIL---R-	36
HPV5	--...EG-EHQKLT.....EKDKA-L-LSIR..--AEA-G--VI-C-I--N--GN	46
HPV12	--Q...QADQQTVT.....DSTP-L-T-IK..E-ADL-D---V-C-V--N--G-	44
BPV1	--...D-K..PFAR..TN-FS..G-D-LW-RE	22
most-likely	FLTTAEVYAFKDLSLVWR.DGPFPAACCRCLFASKIREFRHYYY.SVYGGTL.EEE.TGKSLFDLLI	102
HPV18	V-ELT--FE-----FV-Y.-SI-H---HK-ID-Y-R---L---SD.----D--.-KL.-NTG-YN---	103
HPV16	Q-LRR---D---R-CI-Y.-N-Y-V-DK--K-Y---S-Y---C.-L--T--.-QQ.YN-P-C----	108
HPV6b	A-----I-SY-Y-H-KVLF-.G-Y-Y---AC---HG--NQY--FD-.AG-AT-V.---.-KQDIL-V--	102
HPV11	A-----I--Y-Y-N-KV---N-----AC---LQG--NQY--FN-.AA-AP-V.---.-NEDILKV--	102
HPV13	T-S-----QY-S-YI---GQ-----AC---IQG--NQ--FDF.AGFAV-V.--D.-KQ-IL-V--	102
PCPV1	T-S-----QY--NI--Q.GN-----AC---IQG-VNQY--FDF.AA-AV-V.---.IN--I--VR-	102
HPV5	--NYL-ACE-DY-R---I-K.-YCV--.-VCCG-TATY--NQF-E.QTVL-RDI-LA.S-L-I--ID-	112
HPV12	--DFL--CD-DK-Q-T-I-K.GH-VT-.-SCCA-TA-Y--NEF-Q.QTVL-RDI-LA.---I---K-	110
BPV1	P--EVDFAFRCMV--FHV-I.-E-CRYG--TI---NCLAT.-R-LWQG.VPVT-EEA-LL.H--T-DR-C-	88
most-likely	RCYTCLKPLD.PIEKLRHCDEKRRFHKI.RGRWK.....	134
HPV18	--LR-Q---N.-A-----LN-----N.-A-HYR.....	135
HPV16	--IN-Q---C.-E--Q--L-K-Q--N.----T.....	140
HPV6b	---L-H---C.EV--VK-ILT-A--I-L.NCT.....	134
HPV11	---L-H---C.E---K-ILG-A--I-L.NNQ--.....	134
HPV13	---L-H---C.EV-----ILQ-A--I-L.NSS--.....	134
PCPV1	---L-H---C.DV-----IL--A--I-L.NCE--.....	134
HPV5	--Q---AF--I.---DC-GRGLP--V.-NA--.....	144
HPV12	--Q---SF--.T---DS-GRGLP--V.-D---.....	142
BPV1	--CY-GGK-T.KN--H--VLFNEP-C-TRANIIR.....	121
most-likelyGRCLHCWRHCRE.....ETLV1	134
HPV18-Q-HS-CNRA-QERLQ.....RRR--Q--	135
HPV16--MS-C-SS-TRR.....--QL-	140
HPV6b--TT-M-.....DM-P-	134
HPV11--TT-M-.....DL-P-	134
HPV13-F--SS-M-.....NI-P-	134
PCPV1-F--TS-M-.....NI-P-	134
HPV5-I...-Q-KHF.....YHDW-	144
HPV12-I...-Q-KHLY.....LNNDR-	142
BPV1--YD-C--GSR.....SKYP-	121

COBBLER sequence from MOTIF

>hvp_e6 HPV10, with embedded consensus blocks
 msmgagqprnilllcrncgipleDLQLPCVCFCKKFLTxAEVYEFDYKDLQIVWRDGxPYG
 ACASCLllqgivrllkYYEYSVYGETIEEETGKSIXELxIRCYYCMKPLSxVEKLRHCxE
 NERFHKIRGQWrgsceycwsrctvripq

E6 SuperGroup A Nuc-Aln

```

                                degenerate E2 binding site
* RNA start site from P(105) for HPV18   ->   in HPV16   <-
      * RNA start site from P(97) for HPV16R   TATA box
      E2 binding site   E2 binding site
      -> in RhpV1 <-   ->in RhpV1<-   ->   <-
coordinate 104 in HPV16R *
most-likely ATGGCtAgAaCT.....AAtGATCCCgAGGAaCGACCA.....AACATATTGCAgGAtTT   50
HPV54      ---T--GCT---.....G-ACCC-A-AC---C-AG--G.....CGT-CTC-AGCT-----   50
HPV32      ----A--T---.....TC-G--TCATC--AG-----GT-C---AT-CC-A--   47
HPV42      ---T-AG-T--A.....TC-G--TCATC--AG-----CG--C---AT-CC-A--   47
HPV3       ----AGT-G-CATG.....TCT-TG--G-AA-CTGC-C-AA-----T-TA...C-   53
HPV28      ----A-.....GA-C-ACGG-CTAA-----C-TA...   35
HPV10      ---T-C-TG.....-G-G-AC-----CCAG-----TT...   41
HPV29      ---T-C---.....-G-GAT-GCT-T-C-AA-----T----C-T...   41
HPV61      ---GA.....---GTGCA-T-C-A-T.....-T--T--C-T...C-   35
HPV72      ---C---TG.....-GA-TGC-CA-T-C-A-T.....-T--T-G-TT...C-   41
HPV2a      ---CAC-C--GGGCA.....GGGATGT-T----GAAT--TGCCCTAGG----C--TTT...C-   59
HPV27      ---CGC-C--GGGCA.....GGGATGT-A--A--GAAT--TGCCCTAGG----C--TTT...C-   59
HPV57      ---T--GA.....--AAATCCATGC-CTAGG.....C---T-T...C-   41
HPV26      ---TTCCGAG.....---TAGA-----C.....-GA-CGC-A--T--GC-   44
HPV51      ---TTCGA.....---CAAGAG---A-----CGA-CGC---T--A--   44
HPV30      ----TTC-AATTT.....G-AA--A-A-GC--G--C-----CGT-CTG---CC--C-   53
HPV53      ---A-C-TCAGTTA.....TTTG-AA--A-A--A-G-----CGT-C-----CC-GC-   56
HPV56      ---AGCC-CAATTC.....-CA---AC-----T-----CGA-GCC---CC-C-   53
HPV66      ---A-TCC-TATTC.....-GCA--A-AC-----T-----CGA-GCC---CC-C-   53
HPV18      ----GC-CTT-.....G-G----AACACGG----C.....T--AGC-A-CT---C-   50
HPV45      ----GC-CTT-.....G-C----AA--C-----C.....T--AGC-A-CA---C-   50
HPV39      ----GC--TT-.....C-CA---T-CA---G-----T---A-----CA--CC-   50
HPV68ME180  ----GCT-TT-.....C-CA-C--T-----G-----T---A-----CA--CC-   50
HPV70      ----GC--TT-.....CCCA---T-CA---G-----T---A-----CT--CC-   50
HPV59      ----AC-CTT-.....G-G----TACAC-----T---A-C---CT---   50
HPV7       ---T--GC.....CG-TG--GCTCCAC-G-T.....-GA-CT--ATTT--A--   44
HPV40      ---T--GC.....CGGTG--GCTCC-AGG-C.....-GG-CCC--T-T--AC-   44
HPV43      ---T--GC-CG-.....-GCTGCT--C-AA-CGC--GG.....-CT-----TG--...   47
HPV16      ---CACCA--AGAGAACTGCAATGT TTC-G--C--AC---G----C.....-GA-AG--A-CAC-G--   65
HPV35h     ---TT-CAG.....-C--A-CT-----T.....T---A-C---T-----   44
HPV31      ---TTC-A.....A---T-CA--A---T.....CGG-A-----T--AC-   44
HPV52      ---TT-GAG.....---A-CAAC-----C.....CGG-CCC---C--A--   44
HPV33      ---TT-CA.....--CA-T-----AA-----CGA-C-----T-----   44
HPV58      ---TTCCAG.....---CG-A-----GAA-----CGG-C-----T-----   44
HPV6b      ---AA--TG-A.....---CCT--AC-TCTGC-A-G.....-C---GAC---...   47
HPV11      ---AA--T-AA.....G---CCT--AC-TCTGC-A.....TCT--GAC---...   47
HPV44      ---AA--TG-A.....---CCT--AC-TCTGC--A.....-GT--GAC---...   47
HPV55      ---AA--TG-A.....---CCT--AC--CTGC--A.....-GT--GAC---...   47
HPV13      ---AA--TG-A.....---CCT--AC-CCTGC-AA.....-CT--GAC---...   47
HPV74      ---AA--TG-A.....---CCT--AC-TCTGC-AA.....-GT--GAC---...   47
PCPV1     ---AA-A-G-.....---CCT--AC-TCCGC-AA.....-CG--GAC---...   47
HPV34     ---TT-TTTC-C.....A---T-----G-----T---AGC-A-CA-CC--   47
HPV73     ---CTGTTTC-C.....A--T-A--A-----T---AGC-A--A-CG--   47
RhpV1     ---AAA-AGGG-GTAACC...GAAAACGG--CAA---AAGCG-TG--...T-T-A-AA--TC...C-   59

```

E6 SuperGroup A Nuc-Aln

most-likely G.....	51
HPV54 -.....	51
HPV32 -.....	48
HPV42 -.....	48
HPV3 -.....	54
HPV28 -.....	36
HPV10 -.....	42
HPV29 -.....	42
HPV61 C.....	36
HPV72 -.....	42
HPV2a T.....	60
HPV27 T.....	60
HPV57 -.....	42
HPV26 A.....	45
HPV51 A.....	45
HPV30 T.....	54
HPV53 A.....	57
HPV56 -.....	54
HPV66 -.....	54
HPV18 -.....	51
HPV45 -.....	51
HPV39 -.....	51
HPV68ME180 -.....	51
HPV70 -.....	51
HPV59 -.....	51
HPV7 A.....	45
HPV40 -.....	45
HPV43 -.....	48
HPV16 A.....	66
HPV35h -.....	45
HPV31 A.....	45
HPV52 -.....	45
HPV33 -.....	45
HPV58 -.....	45
HPV6b -.....	48
HPV11 -.....	48
HPV44 -.....	48
HPV55 -.....	48
HPV13 -.....	48
HPV74 -.....	48
PCPV1 -.....	48
HPV34 A.....	48
HPV73 A.....	48
RhPV1 -AAACTTTGGTTTTTTGTGGCAATGGTAGACTGCCCTGGCGAGCCAAACGAATTGCCAGGACCATTACGAAC	133

E6 SuperGroup A Nuc-Aln

		GT repeat in HPV51		
		->	<-	
most-likely	..TGCAAGGAGTTGGAtATAaCTTTGCATGATTTGCAAATtAcTGTGTGTATTGCAAAAAAGAATTAACAAGA			123
HPV54	..-----TA-GCA----TC--A-----AG-----C-----CT-----CC-T-----G--GACGG-GTGT-C-			123
HPV32	..-----A--T--T-GGC-G--CC--GGA----A-----CTG----A-T-GG--T-----CC-C-----C--T			120
HPV42	..-T-----A--T-GGC-G--A-----GGA----A--G-----TC---CA-T-GG-----GC-C-----G-C			120
HPV3	..----GAA-CACC-GA---GGA--TG-C--CC-T-GCC-G-----CA-A-TC--T-CG---C-GC-G--T-C-			126
HPV28	..----GA-CAGT-GA---T-A--TG-----CC-C-GTT-G-----CA-A-TC--GCC---TGC-G--C-C-			108
HPV10	..-T-GAA-T-GT-GA---C-----G-G--CC-T-GCC-GTG---A-A-T-----C---C-GC-G--CGC-			114
HPV29	..----GA-CAGT-GAG--C-A--TG-G--CC-T-GCC-A--G-----T-TC---CG-----GC---C--C			114
HPV61	..-----C-AC--GG-GGAC--TG-G-----AAGGC-GACA-----A-T-----T-----C-			108
HPV72	..-----AA-T--GG-GGACC-AG-A-----A-GG--AC---CA-A-T-----T-----C-			114
HPV2a	..-----A---AT-G-T-GGAGC-AG-G-----G-T-G-T-----A-GG-----CGGCCG--T--GAG			132
HPV27	..-----AC---AT-G-C-GGAGC-AG-G-----AG-T-G-T--C-----G-CG--CGC-TT--GAC			132
HPV57	..----GA---AT-G-T-GGAGC-AG-G-----AG---A-TG--C-----GCGGCCG--T--GAC			114
HPV26	..A-TG---TA-A--A--C---CT-----AA-----GG-A--G-----A-----GG--ACC--CA-T-G			117
HPV51	..-TG-A-CT---A-CG-TT--A---CA--A-A--GG-AGTG-----T-----G-----TGT---			117
HPV30	..-TG---TACAA--A-C-T-G---TG--GC-A--GC-A--G-----A-----G--G-----T-C--C			126
HPV53	..-TG-A-TTG--A--A-C-A---TG--GC-----C--GG-----TC-----G--G-C---G--GCG			129
HPV56	..A-TG---TA-A--A--C---AAT-----C-TAG-T-ATCA-----A-----C-----C-T			126
HPV66	..A-G---TA--AC-A--C---A-T---C-TAG-T-ATCA-----A--C-----G---C-T---T			126
HPV18	..----C---AC--A-C-C-TT-AC---A--CA-AG---AAC-----A-----G-C--T--GGA-CTT			123
HPV45	..----CA--A--A--C-T-AC-A--A--CG-ATCT---GC-----A-----GC-AC--GGA-C-C			123
HPV39	..----CAAC-C---C-CC--C---G--CA-TAC---AGC-----C-----G-CG-CC-C--CAGCA-			123
HPV68ME180	..----G-ACA-----C-CC--A-----CG-TAC---AG-----C-----G--GGC--C--CA-C-G			123
HPV70	..----C--C-C---C-CT--A---C--CA-TAC---AG-----C-----T---C-C-GC--CAGCA-			123
HPV59	..A---CAACA--A---TC--C-----A-T-GC--CA-T-----T-----GGG---C-GCA-GA-			123
HPV7	..-TG-CC---GCA-----A-----C-ACG-----A-T--CA-A-T---T--C-GCATT--CA--C-			117
HPV40	..-TG-CC---GCA---T--A---C-ACG-----G-T-----T-----G-CG-TCC--A--C-			117
HPV43	..-TG-T---GTA-C-----C-AC-C-----GGG--CA-A-T-----G--GTGG---CTT-CC			120
HPV16	..----CA--C--C-A-C---A-A-----A-AAT-T-AG-A-----C-----GC--C-G---CTGC--			138
HPV35h	..----C---G-A--AGA--GCA-C---AA-TTGTT-GA-T-----A--C-----C-----CAGC-G			117
HPV31	..A--TC--CA-----A--C-C-ACG---AC-AAG-T-GA-T-----C--C-----GGTC-G-----GA-			117
HPV52	..-TG---T-C---AGA-T-GG-----AA-AAGGC-G--G-----C-G-----GC--CA-C--			117
HPV33	..--C-A-CA-----G-C---A-A--CA-CA-TG--C-A--G--C--G-A-----CCT--GCA-C--			117
HPV58	..-TC---C-----G-C-T--G-----AA-CG--T-GA-A--C--TG-A-----GACT--GCAGC--			117
HPV6b	..-----AC--TA--C--T--A---ACG-----A-T-----T-----G--T-C-C-G--C-C-			120
HPV11	..-----AC--TA--C-TT-----CAC-C-----G--C---T-----GG--T-C-C-G--C-CC			120
HPV44	..-----GCA-C--TC--A---CA--C-----TTA--C---T-----G---ACG---GT-CT			120
HPV55	..-----GCA-C--TC--A---CC-----TTA--C---T-----G---ACC--G--C-CT			120
HPV13	..-----GCA-CC-TT--A---CAGC-----TA--C---TC---GG---ACCC-GT-C-CG			120
HPV74	..-----C-GCA-C--TC--A---CA-----TCA--C---T-----GG---ACC--GT-TGTT			120
PCPV1	..-----GCA-CC-TTG-A---CAG-----TTA--C---T-----GG---ACCC-GT-T-CT			120
HPV34	..-TG-A---G-CA-C--TT-AA-A-----AA-AG--T-GG-----G--CG-C--C-GTAC---			120
HPV73	..-TG-C--AG--A---TT--A-A-----A-AA-CC-GG-----T---C--CGT-G-C-GTAC---			120
RhPV1	TA---G--C--CGT--GGAG--CC---C--GC-T---T-GG-G--C-----CTG--G--C---C-C			207

E6 SuperGroup A Nuc-Aln

	E2 binding site ->in HPV34<-	
HPV16 E6* 5' sj \	GCAGAGGTATATGCATTTCGATTTAAAGATTTATATGTAGTGTATAGAGACGGcTTTCCATATGCAGCATGTGC	197
most-likely	-----A-T-----CA--A---G--CC---T---G---GG---C---T-----	197
HPV54	-----A-T-----CA--A---G--CC---T---G---GG---C---T-----	197
HPV32	--T--A-CG-----A-CAT-----GC-C-----GG-AGA-A-----C--C-----	194
HPV42	-----GCTC--G-ACCAT-----GGTA--G---GG--GA-G-A-----T-----	194
HPV3	A-T--AC--C-A-----ACGG--AC-GA---G---GG--AGG--AGCG--C--C-GT--T-----	200
HPV28	--G--C---CA-----A-G---AC-A---G---GG--ACG--AGCG--C---GT--C-----	182
HPV10	--G--AT-GGCA-----C---G---A-----T-G---GG---CG--AG-G---C-GT--C-----	188
HPV29	C---AC-GGCA-----TGCA--CGG--A---A---G---GG--A-AGT--AGC--G--C-GT-----	188
HPV61	-A---AT-GCTG--G-----C-A--G--GC--AGCA-T---GG---C-TAA--GG---T--G--T--C--	182
HPV72	-A---AT-GCTG--GA-----A-A--G--GC--GC-GA-T---GGC-G---AA--GG---T--G--TC--C--	188
HPV2a	--T--CA---GG-----A-A---AC-G-T-----GG--A-G---C---T--G--C--C-G	206
HPV27	--T--T---TG-----A-A---AC-G-C-----GG--A-G---C--T--T--G-----G	206
HPV57	--T--T--GCTG-----G-A--G--AC-G-T-----GG--A-G--A--C--T---G-----A	188
HPV26	--T--T-----AAT-----A--TGT--CC--AGA-----A-----TA-GAG--G---T-----CAA	191
HPV51	-----T-----AATG-A-----CT--AA-TA-GA-T--A---G--TAATAA-----T---CAA	191
HPV30	T-----AAT-----G-----AGAC-G--A---G--G-A-AGC-----TG--CAA	200
HPV53	T-----AAT-----A--C---C--AGA-----G-A---G---G--TG--CAA	203
HPV56	--T-----AAT-----GC-CT--A--A--AT-----G--T-AT-----T---TG--CAG	200
HPV66	TT---C---AGG-----G--TT--G--A-AC---A---A--AAT-GG-----T---AG	200
HPV18	A-----T--A-----T--G-----A-TA-A--GC---T---CCA	197
HPV45	A-----CA-----T-----G-A-----T-TA-AG-----T---CCA	197
HPV39	A-C-----A-----GT-----A-----G---GGAA---CTA--T---CCA	197
HPV68ME180	A-----A-----C---GGT--C---A-----A---G---GG-A---TA--T---CCA	197
HPV70	A-----A-----GT-----T-A-----A-----A---GGAG-----T---CCA	197
HPV59	AG-----T--A-----T---C---T-A-----T-TACA--G-----G---CT	197
HPV7	--T-----GCTG--C-----G---G-----GGC-CA---A-----T--T---G---T	191
HPV40	--T-----CTG--C---C---G---G-----T---GGC-C---A-----C-C--C---C-	191
HPV43	A-G--A---TAT-G-----G-----AGG--T---GGC-C---A-A--G--T---T---CTT	194
HPV16	CGT-----AC---T---CGG-----GCA---A-----T--GAA-----T-T---A	212
HPV35h	AGT-----AC-----GCT-T---G-G-A---A-----T-C---A---CAG-----G--T---CAT	191
HPV31	A-----TA-AT-----C-----ACAA---A---G---A-ACA---C-C-G--TG--A-	191
HPV52	AG-----CAAG--CT---C-----CGAA---A-----AATAA-----GC-TG--AT	191
HPV33	T-T-----AT-----GC-----ACA-T--A-----G--AAA---T--G-AT---AA	191
HPV58	T-T-----AC---T---GC-----AGAA-----T--AAA---T---T---AA	191
HPV6b	-----A-T---T--A---A---C-CC--A-G--CC--T-C--G---A-----C--C--	194
HPV11	-----A-----A---C-A---GA-CC--A-G--T---GGC-----AA-----C-T---G---	194
HPV44	-----T---T---C---A---C-G-----CC--GAAA-----T---C-----	194
HPV55	-----T---T---C---A---C-G-----T-C---GTAA-----T---C-----	194
HPV13	-----T-----CAG-A--GAG-----A---GGC--GACAG-----T--G--T-----	194
HPV74	C-----T-----C-A---A---G---A---A---CC--GAAA-----T---G-----	194
PCPV1	-----G-----CAG-A--G-----A--A-T---GGCAG-G-AAT---T--G--C-----	194
HPV34	TGT-----AT---AT-----G---T--A-----A-G--GAAA---CT--GG-T---CA	194
HPV73	T-T-----AT-----GT---G-G-A-T--A-----A-G-ATAAA-----GT-T---CA	194
RhPV1	ATT-----AT-----CGGTGG-----AGAT-G---C-----C-A--AAG-----C-GG-T---C-	281

E6 SuperGroup A Nuc-Aln

	degenerate E2 binding site ->in HPV61<-	
most-likely	AATatATGTTTAgAATTTTATGCTAAAATAAGAGAATATAGACATTATAACTATTTCAGTGTATGGAGCAACAGTGG	271
HPV54	-C-G--CC-----C-GC-C-GGC-----ATT-TAGA--G---CGCG--CG-G-GTGCCTGT-G-A-----	271
HPV32	CT-C--C-----T-----G-GT-T-C-CTGC-----C--CG--AGA---CA-T-T-GCAT-----A-	268
HPV42	-T-T-----A--T-----TT-T-C-CTGC-----C--CG-AAGA---CA-T-T-GTAT-----	268
HPV3	-CGG-----CTTG-AG-G-GC-TTGC-C--CGCCTA-A-T---GGG-A-----TAT----T-T-TGGC----	274
HPV28	CCGG-----CT-C-GC-G-GC-TTG-GC--CGCCTG-AG--C-GGG-----T-----TG-A-GGC-----	256
HPV10	-CGG-----CTCC-AC-G-GC-TTG--C--CGCCTA-A-T---GGG-----TAT----T--A-GGT----	262
HPV29	-CGC--C---TTG---G-A-GC-T--AGC-GCGCCTA-A-T-C-GGC-G-----TTGT-T--TG-A-GGC----	262
HPV61	-CC--C--G-C-CG-G-A-TA---G-G--G--GCTGC-----GGG--C---CTGT--C---C-C--T----	256
HPV72	-CC---CC-T-C-AGAGCAA---G-G--G--GCTAC--T-C-GG-CG-----G-GC--C---C-C--T----	262
HPV2a	--A---CC-GATTGCAGCA-GA---C-T---C-----C-----GGC-T--C---TGC--C---AC-----	280
HPV27	--A---CC-GATTGCAGCA-GA---C-T---C-----C-----GGC-T--C---TGC--C---AC-----	280
HPV57	--A---C---ATTGCAGCA--A---C-T---C-----C--G--C-GGC-T--C---TGC--C---AC-----	262
HPV26	-G---G--AT-----T-A-----C---G-----GC-----CA-G--T-----T-----T-A-	265
HPV51	-CA-----CTG-----T-A-----T-----G-----G-----G-AGG--T-----TA-T---T-A-	265
HPV30	TT-C-----TT-----AG-----G-----A-GAT-----C-----T-----G-----GCC-A-	274
HPV53	-T-C-----GCT-----AG--GG-CC--A---TA---T---C--T-G-----C--G--T-GCC---	277
HPV56	-G-----CC-TG-----AG-----G-T--A-----GT-----G-----T-----G-----T-GCC---	274
HPV66	GG-----TTG-----AG--GG-T--A-----GT-C-----A-----G-----T-A-	274
HPV18	T-A---A---T-----T---G---T-----TA-----TCAG-C--T-----AC---T---	271
HPV45	T-A---A---C-----T-C-G---T-----TA---T---TCAA-C--T--A-----AG---C---	271
HPV39	-TC---A--A-----C-----C-G--GCTAC--T---CTCGG-C--G-----C-A-T---T-A-	271
HPV68ME180	-TC---A-TA-----G-----C-G--CTAC--T---CTCAG-A--G-----C-A---T-A-	271
HPV70	--A---A-TA-----C-----G---G---CTAC-G-----TCGA-C--G-----C-A---T---	271
HPV59	G-A---CA-TTC-----A-G-G-----TA---T---GAG---C-----A---T-A-	271
HPV7	--AG-----GA---G-G-ATC-G-----GA-C-T--GA--CG-T-CA---C-C-----T-A-	265
HPV40	-CGG--CC-G--CC-GC-C-GA---G--ACC---C--A-C-T--GA--CG--CC---C-C---C---	265
HPV43	GGCC---C--C-G---C--GA-----TC-----G--C-T-G---CG---CA---C--AT--T--A-	268
HPV16	T-A---A---A-G-----T-----T--T--G-----TGT--AGTT-----A---T-A-	286
HPV35h	G-A-----A-----T-A-----T-----TGG---GA---AGT-----A---GT-A-	265
HPV31	--A-----AG-----T-A---G---T---T---TGG---GA---AGT-----A---T-A-	265
HPV52	T--G--CC--CGC---TAT---G---T-----G-----C-A-----C-----GAA---T-A-	265
HPV33	-C-G---GCGG--C-TAT---T--T-----T-----T---T--A-----AAT---T-A-	265
HPV58	-G-G--C---CG--GCTAT-----T--G-----T-----GC-A-----AC---T-A-	265
HPV6b	GTGC--CC-----C--GA-----ACC-----C-T-G-T--G-T-GA---C-A-----T-	268
HPV11	CTGT--C-----C-GC-A-GG---T-ACC-----C-T---T---G-T-CA---C-C-T---A-	268
HPV44	C--T-----C-AC-A-G--GG-C-ATC---T--G---T-----CG-G-GA---C--T-----	268
HPV55	C--T-----C-AC-A-G--GG-C-ATC---T--G---T-----T-G---TCG-G-GA---C-TT-----	268
HPV13	-TGC--C-----A-AC-A-GA--G--T-ACC-G-T--G---T-G---TCG-G-GA-T--CT-T-----T-	268
HPV74	C--T-----G-AC-A-G---G---ATC-G-T-----C-T---CG-G-GA---CGTT-----	268
PCPV1	-TGT-----A-AC-A-GA--G-T-ATC---C--G---T-G---T-G-T-CA---CT-T-----	268
HPV34	-CCG-----CTG-----CT-A--GG-T---C-----AGA-----C-A-----CGG--GT-A-	268
HPV73	-CCG-----A-----T-----T---G---G-GA---GAC-A---A---CA-T--GT-A-	268
RhPV1	C-----C--GAGG-----CT-A-----TC--A-----G-GA--CG-G-----A-A-----GTGT--TT-A-	355

degenerate E2 binding site
in HPV27, 57, 2a
-> -<- -> E7 start for HPV3, 10, 42
 3' sj for HPV16 \/
most-likely AAGAAGAAACAAAAAAcCgTTATA TGATtTGTTAATAAGGTGCTATATGTGCCAAAAACCATTGTGTCCAGAG

HPV54	--C---GTGTGG---G-A--GG-A--AA-A--T-----GGC-----T-----T-----CAAC-T-	345
HPV32	--C-----GG-CT--T---GG-A--ACAAA---TC-C--TGC---A--T-----G--T--A-CG---AGT	342
HPV42	-GA-----TGG-CT--TT---G-A--ACAACA---T--A--TGCCT---T-----G--G--A-CA-AGAGC	342
HPV3	-----G-----C--T-AA--G--ACACA-CA---T--A---C-----T--C-----C--GTAAAG--A	348
HPV28	---G--G-----C--T-TA--G--ACACA-CA-G-G--A---C-----T--C-----C--GT-AA--A	330
HPV10	---G--G--C--C--T-TA---ACACA-C-G--C--A---C-----T--C-----GC--GTAAGG--A	336
HPV29	---CG--G-----CG-GT-CA---ACACA-C---TC-C-----C-----C-----C--GTCTCAG---	336
HPV61	--C-GAC---GG-CGGT-A---GC---AC-A-AT---C-----C--GCA--AGC-----G--AA--AT-C--	330
HPV72	--C-G-----GGC---T-A---GCA--AC-A-AT-----C--GCA--TGC-----CC-AA-CTGTC--	336
HPV2a	-GACT--G---GG--T---CA--CC-C-GC---T--G--A-----T-----T--G--CC--A-CTGG---	354
HPV27	-GACC--G---GG--T---CA--CC-C-GC---T--G--A-----C-----T--G--CC--A-CTGG---	354
HPV57	-GACC--G---GG--T---CA--CC-C-GC---T--G--A-----C-----T--G--CC-----TGG---	336
HPV26	---CCTT---T-----AGT---G-A-----TC--GA--T---TG-----G--G-----A	339
HPV51	-G-C-ATT--T-----AGC-----A-CG-----TC--GA--T---G---C-TG-G--T--A	339
HPV30	TG-C-TT---T-----GA---T-----A-----C-GA--T---C-G--G---ACA-----	348
HPV53	---C-CT--T-----AA---C-----A-C-----C-GA--T---C-T--G---ACA-----	351
HPV56	--AGTAT---T-----A---G-----A-----C-GA--T---GT--G--AAC---G---	348
HPV66	--AGTAT---T-----A---C-----A-C-----CCGA--T---TGT--G--AAC--G---	348
HPV18	--A-CT---T--C-CTGG---CA---A-----CTGCG-----G-----G---AA---CA	345
HPV45	--A--AT---T--T-C-GA--G--A-----CTGCG-----G-----AAC---CA	345
HPV39	--A-TAT---T--T-C-AA-----A---A-----ATGTGT--T-TG-----GC-----CA	345
HPV68ME180	--ACCAT---T--T-C-AA-----A-C-----ATGTGT---TG-----A---T-CT	345
HPV70	--AGCAT---T--T-CCAA-----A---A-C-----ATG-GT---TG-----CA	345
HPV59	-G-CT---C--G-C-----C---GC--C-G--C-C--T---GA---T-----TC-A-----ACA	345
HPV7	-----GG-TT-A-AA-T-TA--AG--AG-----A---GC-AA-----C-----C---T-T-	339
HPV40	-----G---GG-TT-A-CA-T-TAC-AG-AAGG--T--A---GC-A-----C--G--T---C---C-T-	339
HPV43	-----GC--A-AG-G-T-----GC--T--A---G--A-----C--G-----A-CA---T-	342
HPV16	--C-GC--TAC--C-----G-G-----T---TAT--AC--T---G---C-----T--A	360
HPV35h	--A--C--TGC--C---A---G-C---A---T---TAT--CA--T---GC-----TT	339
HPV31	--A--TTG---C---GGTA--G-----T---TATA-C---T---G---G-----A	339
HPV52	---GAGGGT-----A---AG---AA-AACT--T--A--TATA--T--T---CG---A---T--A	339
HPV33	--C--AC-GTT-----T---A---AA-A---T---TAT--A--T---G---T-----TC-A	339
HPV58	--C--AC-CT---GTGT--A---AA-A---T--A--TAT--T--T---G-----C-A	339
HPV6b	-----T---C--GACA-C-TA--CG--C---TC---CC---T--C---GC---GA--TA	342
HPV11	-----C--TG--GATA-T-TAA-AG-----TC-T--T---CC---T--C--G--G---GA-ATA	342
HPV44	-----T--GT-AA-TCTG--CG--C-G--C-C-----T-----C-----C-AC-T-	342
HPV55	-----G-----GC-GT-AA-T-TG--CG---C---C-C--T---T-----C-----C-AC-T-	342
HPV13	-----C-----GC-GT-AA-T-TG--G--C---TC-C-----T-A---C-----GA--T-	342
HPV74	-----GT-AA-T-TG--G--C---C-C-----CC-----T--G--G---C-AC-T-	342
PcPV1	-----T---C--GT-AA-T-T---G--AG---TC-A-----T-----C---T---GAC-T-	342
HPV34	-GA-TTT---T--C---A---G-G-A--A-T-----GGA-AA-----C-----TT-	342
HPV73	--A-TTT---T--C---A---G-G-A--A-T-----GGA-AA-----A-----CT-	342
RhPV1	-GCCTAG---T-G---A---GTG--GG-A-----T---TGT--T--G--G--CC-----CATT	429

E6 SuperGroup A Nuc-Aln

	E2 binding site in HPV44, HPV55	
	-> <-	
most-likely	GAAAAACAAAGACATaTTGATGAAAAGAAACGATTTCATAAAATAGCAGGTCAGTGGACAGGGCGTGTCTGCA	419
HPV54	-----G---C--G--CG-A---T-C--C-GG-----C--CTGTG-TAG---CT-T---AG--TA-G-----A--	419
HPV32	--G---G-TCAT-----T--A-CGGACGG-AT--CAGATTC--TTT-AA-AG-----G--T-----ACC--	416
HPV42	-----A-CCAT-----AC-GGT-C-A-----ATTT---TTGT-----G--T--G---AC---	416
HPV3	--G--GG-C-----CCGCA-C-----CG-A--C-G--C-----T-T-----T---GG--A-----A-T-	422
HPV28	-----GG-C-----C-GGA-C---CG-CG---C-G--CTGC-----T--CT-C---G---A-----AAT-	404
HPV10	-----G-C-----CG-A-C---CG-CG---C-G--C-----T---GT-C---G---TA-T--GA-T-	410
HPV29	-----G-C-A---CCGAA-C-----CG-A--C-A--C---TT-T--AT-C---G---A-T--C---T-	410
HPV61	-----GG-GCAT--GG-AC-G-C-T-C-TC-AC--C--CT-T---T--A-----G--AA-G---TGC--	404
HPV72	-----GG--TAT--GG-GC-GAC-GGA-TC-AC--C--C--G---AGC--A-T-----G--AA-G--CTGC--	410
HPV2a	--G--GG-GGC-TTAC-A-T--G---C--G--T--C--C--C---T---C-G-----G--A-AT--CA--A-	428
HPV27	--G--GG-GGC-TTAC-G-T--G---C--G---C--C--C---T-C--C-G-----G--A-A--CA---	428
HPV57	--G--GG-GGC-TTAC-G-TC-GC--C--G--G--C--C--G---T---C-----C--A-AT--CA--A-	410
HPV26	-----AT-G-G-----CG-----CG-----G-----A---TTG--ACAA-	413
HPV51	-----G---A-TTG-G-G--C-----A---A-G--C--G-----G--A-GT---G---AA--CGCTA-	413
HPV30	-----GTT--CTG--AT-T-----G-----C-G---T--C--AC-----C--TTA-----	422
HPV53	-----GTT--CTG--CT-T-----G-----C-----T--CA-AT---C---TCG--C---AC	425
HPV56	-----G---TTG--TG---CAG--A-G-----CT-----CA-GGT---C---TCA---T--GG	422
HPV66	-----TTG--CTG--AC-T--A-G-----T-T-----TA-GCA---C---TCA---T----	422
HPV18	-----TT---CC--A-----ACG-----C--C---T--G--C-AT-G---C-AG--C-ATTC	419
HPV45	-----GT---CC--A-G--C--ACG-A-----C-GC-----T--A---ACCG---AG--AATAC	419
HPV39	-----TT---CC-AA--AGC--ACG-A-----AAGC-AT---A-AG---GA-G	419
HPV68ME180	-----T--G--CC-AA--TC--ACG-A-----AA-C-TT---A-AG---GC--	419
HPV70	-----TT---G--G--A--ACC--A-G-A-----CC-----AAGC-AT---A-AG--C-GA--	419
HPV59	--T---TT--AG-----AAC-----A-G-A---C-----T-----T--AATA-AT---A-AG---GTGG	419
HPV7	-----ACC-AC--C---T-A-G---C--AG--TT---C-GCA--A-TC-----TA-----	413
HPV40	-----ACC-AC-----TAA-G---CG-A---CTT---T--AA--A-TC-----TA-----A--	413
HPV43	-----GT-CAG-----TGC---GC--A---CTT-----CATA-CGT---A--ATA--CT-A--	416
HPV16	-----G-----C-G--CA-----C--A---C---T---AGG---G---C--T--A--A--TC	434
HPV35h	-----G-----T-A--A---A-----C---C--C-GT--A-G-----T--G--A--TC	413
HPV31	-----T-G---A-----C--C--C---G---AAG-----A--T--CA-AGC	413
HPV52	-----G-----G--A---C---C--G-----T--TATG---GT-----TCAG-	413
HPV33	-----A--C---G--G---TT---C-----T--TT-G---GT---G-----GC-GC	413
HPV58	-----A---G--G--G---TT---C--A-G-----T--TT-G---GT-----GCAGT	413
HPV6b	-----GGT--A-----ACTAACC---GCG--G--CATA--GC--AATT--AC-----AG--T---C--A--	416
HPV11	-----T--AG--C--ATTG-G---GC--C--CATA--C--AATAAC-----AG--T--T--CT-A--	416
HPV44	-----GGTGC-C--C--ATTG--C---GCG-----CAT---T--CA--A-ACC---AG--T---CT-C--	416
HPV55	-----GGTGC-C--C--ATTG--G---GCG-----AT---T--CAGAA-ACC---AG--T---CT-C--	416
HPV13	--G---T-----TTGC-G---GC-----AT---T--AACA-CAGT---A---C-----T--T--	416
HPV74	-----GT-C-G--C---TG---G-GC-A---AT---C---GCAACACC---A--A---CT-T--	416
PCPV1	-----TT-C---C--CTTG--G--AGC-A---CAT---GT--AACT-CG-----A-----CT-C--	416
HPV34	-----G---G--G-A-----C---G---CC-----G-A-----C--A-----ACA--	416
HPV73	-----G---AG--G-A-----A---G---C-----AA-----C--A-----ACA-G	416
RhPV1	-----G-----CG-G--CC--GGAC--A-G--C--C-G-----G--A-----C--AA-G--CT--AT	503

E6 SuperGroup A Nuc-Aln

	\ / 3' sj in HPV16R	E7 start for RhPV1 ->	coordinate 556 in HPV16R *
	-> E7 start HPV2a, 6b, 7, 11, 13, 27, 40, 57, PCPV1		
most-likely	GTGCTGGACACCATGCAGGGAA.....		453
HPV54	T-----AG-----		432
HPV32	----A-AGA-----		426
HPV42	T--A-AGG--A---GT---G.....	AG-CGC-T--CC	450
HPV3	C-----T--G-----C--TC.....	.CGC-TC-C--GA	456
HPV28	C-----TT-AG-----C--TC.....	.CGC-TC-C--A-	438
HPV10	T-----T--G-----C--TC.....	.CGC-TC-C--A-	444
HPV29	T--T---T--G-----T--GC.....	.C--GC-C--G-	444
HPV61	---TA-AGGG-----C--CC.....	.AGGTGG----CA	438
HPV72	---TA-AGGGG-----C--CC.....	.AGGTGG----CA	444
HPV2a	C--G--T--T-----C--C-ACCGAC.....	.CCAGCCTCAAGG--TT--AC	477
HPV27	---G--T--A-----C--C-CCCAGAC.....	.CCAGCCTCGCGG--TT--AT	477
HPV57	C--TGC-C--AG-----T--GAACGCC.....	.CCAGCCTTGAGG--TC--AC	459
HPV26	T--T---G-----A-GC-CC-----	.ACA-----G--	450
HPV51	T-----CA--GTACAC-AC--.....	.CGTAAC----C--G--	453
HPV30	A-----G--ACACA-C-TCC.....	.ACT--G--GC-G-A	459
HPV53	A-----G--ACACA-CA-C-----	.ACT--T--GC-G-A	462
HPV56	-----G--A-ACATCTAG-----	.GAACCTAGA--T-TAC-G-A	465
HPV66	---T---G--ATACG--TAG-----	.CAAGCTACA--T-TAC-G-A	465
HPV18	-----C-AC-G-GCAC-AC-GGAACGACTC.....	.CAACGACGCAGA-----G-A	474
HPV45	A--T--TGAC-AGGCAC-C--GAAAGACTT.....	.CGCAGACGTAGG-----G-A	474
HPV39	-----CA--AAAC---GGACCGCAGA.....	.CTAACACGAAGA---C--G-A	474
HPV68ME180	C-----CAGTAAAC-A--GGACCGCAGA.....	.CGCACACGGCAG-----G-A	474
HPV70	C-----CAGCAA-C---GGACCGCAGA.....	.CGTATACGAAGA-----G-A	474
HPV59	---TC---C-G-GCA--AC-CCTAAGACAGCAA.....	.CGACAAGCGCGTAGT-----TGG--	480
HPV7	C--T---AGAA-----T--GAAAGGC.....	.CAACGCTCG--G--TCGTGT	462
HPV40	T-----AGAA-----T--GAAAGGC.....	.CAACGCTCG--G--TTGTGT	462
HPV43	T-----A-T-----T---AAACGC.....	.CGACGATCA--G--TATGTGC	465
HPV16	T--T--C-G-T--CA--AAC-----	.CGTAGA----C--G--	474
HPV35h	C--T---A---ACAC-TAG-----	-----CG-GG--	447
HPV31	A--T---G-AG-CCTC-TACT.....	-----C--G--	447
HPV52	---T---G---C...C-ACCT.....	-----TG--C--G--	444
HPV33	---T---GGT-CC-AC-TAG-----	-----TGC---	447
HPV58	---T---G---CC-AC-TAG-----	.C-----G--	447
HPV6b	C-----A-----T-----	-----C-TGTT--CC	450
HPV11	C-----A-----T-----	-----CTTGTT--CC	450
HPV44	T--T-----T-----T-----	.ACT-T--T--CT	450
HPV55	T-----T-----T-----	.ACT-TC-T--CT	450
HPV13	T-----T--T-----T-----	.A-T-TC-T--CT	450
HPV74	T-----A-----T-----	.A-T-TT-T--CT	450
PCPV1	T-----T-----T-----	.A-T-T--T--CT	450
HPV34	-----G-----	.TCT-C---GTGG--	444
HPV73	-----G-----	.TCT-C---TGTGG--	444
RhPV1	-----G---ACAGTACCTGAGACCCAGCCAGACACTGATCAACAGGGCAGTAGTTTCTTG---GCA		573

E6 SuperGroup B Nuc-Aln

		E2 binding site		
		-> in HPV22 <-		
most-likely	ATGGCT.....AAGCCAAAtGctCCTCAAACt.....			27
HPV19	-----CG--C-G---A-AG--GAAGAGATAGAAATTGTAGAAGAGGGA.....			51
HPV25	----A.....CTG-----GAA--G-CATAGGACCACCAGAG.....			42
CgPV2	----G.....TCTGAC--C--GGAGG--T-CCAA.....			30
HPV20	-----CA--TCC-T--T-AG--GACAGCGCTGATGAAGGACCATCTAATATT.....			54
HPV21	-----G-CT-TTCA...A-AG-C-G-GCTGACGAAGGTCTTCTCCTAAGCGTAGACAT.....T			58
HPV14d	----G.....CAA-TG-CT--T-AAC-GACAGTGCAGATGAAGGTCTTCTCCTAAGAGTAACCTATTGTG			67
HPV5	-----G--GG-GCC-AA-AC---CAGAAACTGACA.....			36
HPV36	----A.....G--A-GCCT-CGAA--GCAGAATATTACA.....			36
HPV47	-----C--AAGGC-TTGGAA--G--ACAGTTAAA.....			36
HPV12	----A.....C--AGGCC-A--AG--G--AGTGACA.....			33
HPV8	----AC.....GG--AGG-C...AAGGCTT-ATATTAGAC.....			33
HPV24	-----C-A--GG-AAA-----GT-A.....			27
HPV15	----A.....G-----G.....TTTT--			24
HPV17	----A.....G-----A.....A.....			24
HPV37	-----G--T-G.....T.....			24
HPV9	---TA.....TTAA--G-GCAGAT-ATGGAC.....			27
HPV22	---CAA.....CC--TTGTG-TAAT-T-TG-ACTGCTTGATATATTAAAGTAGG.....			51
HPV23	---CAG.....CTGTGC--...TA-TT--G-AGGATGTGTACACCAAA.....			42
HPV38	---AA.....CTA----A.....			24
HPV49	-----G-A--TGT-...AAG.....			18
HPV4	----A.....G-TGGC-GA.....GC--C.....			24
HPV65	----A.....G-TGGC-GA.....GC-G.....			24
HPV48	---AG.....CCA-A-TT-...ACTGA.....			24
HPV50	---AG.....CCT-AG-GA--AAAA-TTTG.....			27
HPV60	---CAGATGGAAG-AGAC-GGTT--AAC--A.....			33

		E2 binding site		
		in HPV23, HPV49		
		-> <-		
most-likelyGTGCTACCTtCAACTATTaAGAcCTAGCAGAAaTaTT			65
HPV19ACTACTGCACCACAGGTTCACAGGCCACCAT---AG---A---GCT-GAT-----C-T-GC-			116
HPV25CAAGCGCAGGTTATACAGCCACCAT-G--AG---A---CT--T-----CTT---			101
CgPV2ATTCTCT-A---T-AAA---GC-GT--GGT----C-TT---			74
HPV20GGAGAGGCAAAACCTCCAATCTTAGAGCCACCAT-G--G---A---CTGT-G-----A--C-T--			122
HPV21	TAGAAGAAGAAAATACATCTAGCTTTTTAGAGCCACCAT---AG-T--A---CGT-----CA-TC-G--			131
HPV14d	ATAGCACAGAAACCAATCTTCTTTTATAGAGCCACCAT---G-----ATTT-G-T-----A-CC---			140
HPV5GAAAAAGATAAGGCA-AAT-----T-G---G---T---T---GCC--			89
HPV36GAAAAAGAAAAGAACA---G---T-----G-G---GT---TC---			89
HPV47GAGGAAAAGCTA-AA-----A-T-----G-G-T---TC-T-G--			86
HPV12GACAGTACGCCT-A---G--CA-----GT---T---CC-T--			83
HPV8ACTAATAAGGAC-A-----C--T-----GT---T-CGGCT--			83
HPV24T---GAA.....TAGTAG-T---			50
HPV15---AG.....CAG.....--T-----C-CTC-			47
HPV17---AGG.....GAG.....--T--T--T-CC--			47
HPV37--T-A.....CAG.....--T-----T-CT--			47
HPV9AGGCCAAA---AG--AG-A--G--A-----C-CTC-			68
HPV22ATGGGCTGCTATTCTGTATTTCATGGCTTTGCAAAG---ACTG--AG-AC-GC-A--TAGT--T-AG--			119
HPV23TTATTGATGGACTCGACGCGACCA--G.....--GG-AC-GC-A--TAGT--T-AG--			95
HPV38---AG.....CAG.....--CAGT--T-AG--			47
HPV49--ATGT.....GAG.....-----CC-CCAC--			41
HPV4T--GACGAC-TCTGC.....AG-CG-....			47
HPV65T--GACGAC-TCTGC.....AG-CG-....			47
HPV48T--GATT-A-ACTGC.....AA-T-T-....			47
HPV50---GAC.....TA.....TGCA-GCA-CA			47
HPV60---GCTGA--ATTGC.....T-T-....			56

E6 SuperGroup B Nuc-Aln

most-likely	AGATATACCTTTAGTTGATTTTTTACTACCTTGTAATAATTTTGTGGTAATTTTTTAACTTATTTAGAATTGTGT	138
HPV19	---A---G--G-A---C-G---G-G-----T-C-----C-G-----T-AC-----GC---C	189
HPV25	G--A--T--A---A---GC--G---C-C--C---C-C---C---A---GA-C---	174
CgPV2	--C--T-----AC--CC-GC-G---G-----C-C-----C-C-GG-----T-G-T--CT--GG-C---	147
HPV20	---A---GC--A---G---GA-----C-C--C---CC-T--AC---G-T---	195
HPV21	---G---A--G-A---G---G-----C-----C-----C-T--C-----G-T---	204
HPV14d	G--A---AC--A---G---G-----C-----G---C-----G-C---	213
HPV5	--GC--C---G-GA-----G---A-----C-T-C-----C-C---C---A---G---GCT---	162
HPV36	--GC--T--G--T--A--C-G-C--A---C-----C--A---GA-----GCT---	162
HPV47	---C-----A---G--G-----C-C-----C-GA--C-TGAC-----G-T---	159
HPV12	-----C-G--GG-----C-T-----C-A-G-C---GA--T-C-G--G---	156
HPV8	--G---T--A--GCAG--C-G--C-G---G-C-C-----C---GGA--TC-----C---	156
HPV24	-A-----A---AC---G-G-TG---A---C---CAA-GA---C---G---AC---G--AAC-	123
HPV15	GTG-----A---A-A--T-G-----G-----CAG-GA-----A---A-----AGTA	120
HPV17	GTG--T--A---G--A---T-----C-G-----AA--GG-----G---CA-----GTG	120
HPV37	-TG-----A--G-----G-----C-G-----TA--GA--C---G-A---A-----ATC	120
HPV9	T-TG--T-----A-A---G--GA-----CAA--GA-----T-----T--GC-ACT-	141
HPV22	GAC-G---G---A--C---G-----G--C--CA--GG-----C-----G-----C-G	192
HPV23	GACAG---AG-G--A--C-C-G-----C-G-----TC--GG--C-T--C-----G---C-A	168
HPV38	-ACAG-T---G--AG--C-G--T---C---G---C---CAAC-G---CC-C--G---CA-T-----AC-	120
HPV49	-A-----A--TTGG--AG---G--T-----T---CACGGGG--C---A---CAG--G---TA	114
HPV4	C--C--TT-C--TT-----GCGC--TA-----TT-----TC-C--AC-G-CGA-CT-GCG--TC-TGC-	120
HPV65	T-----TT---TT-----GCAT--TA-----TT-----TC-C--AC-G-TGA-CTGCA--TC-TGC-	120
HPV48	TA-C---AGC--TT---C--AG-T--TAAG---TC-----AAATT--C-G--T--AT-G-T--TC-TGC-	120
HPV50	-C-G--TAG---TT---A--AGAG---AG--CTTG---AAATT-G--A-T---TGCCT--C--AGC-	120
HPV60	T-----T-----AAA--C--AAGT--AAA--GT-----A-ATT--AC-----G-ACAGC-G---GC-	129
most-likely	GAATTTGATTATAAAAAGCTTAGTTTAATTTGGAAAGATGAT...TTTGTGTTTGCATGTTGTCGTGtTTGTT	208
HPV19	-----G-----GA-----G-----G-C...C-----A--T-C-----CTGG---	259
HPV25	--G-----G-G---GA-----G-----AT...C-----A--C-C-----CTG---	244
CgPV2	--G-----G---A--GTC-----C-CA--T...AC-----CC--G-----CTGC--C-	217
HPV20	--G-----G-G--G---C-----C---...--G--T-----C-----CTGC--C-	265
HPV21	--G-----G-G-----C-----C---...G-----C-----	274
HPV14d	-----G-G-----A-A--C-----G-C...-G--A---T---C---A--C---	283
HPV5	---C--C--C---G---C-----C-----T...G-----G--C---C--A--C---	232
HPV36	--G---GGT-----C-----G--T-C...G--A---C--C-----	232
HPV47	-----C-----CT-C...AG--T-A--C-C--C---T-G--C-	229
HPV12	--T---CA-A--GC---A-CAC-----G-C...----TAC--T--C---AAG----	226
HPV8	--G---CA-A--G-GA--GT-CC-----A--T-C...G---TAC--G-----TG----	226
HPV24	--C---CACC---TGCT-A---G-----C---...-----TAC-----A-ATA----	193
HPV15	AGT--GA--CG---GGT--GCAG-----CT--G--AGAT---T---C---TC...A---	190
HPV17	-CG-----TA---GGTT-GCAG-----CT--A--AGAT-----C---CA...A---	190
HPV37	-C-----CGA---GGT---CAAC-----CC--A--AGAT--A---A---G--C---AC...A-C-	190
HPV9	A-T-----C-C--GTGTT-ACAGC-T-----C--G--GGAT--G---A--G-CTC--A...A-C-	211
HPV22	C-----G--TT-GCAA-----C---C--GGAC-----CA-C...G-C-	262
HPV23	-----C--TT-GCAG---C---C--A--AGAT---A-----C--CA...G-C-	238
HPV38	--G-----C--G--CT-ACAG---C---CTC-A--GGAT---T-----A-C...A---	190
HPV49	-----C-----G-CT---A--GC-G-----C-GA...----C---GT-----GCA...GC--	181
HPV4	TT---CT--CT--G--A-----G-A-TT-G--GAA...-G-TAT-A-----TC--AA--C-	190
HPV65	TCG---T--CT--G-----G---TC-GG-GG-G...-GCTAC-A-----C---TC--AA--C-	190
HPV48	TCT---C--A-C---CGA--GTC-G-----G---A...ACACCA-----AC-AAA----	190
HPV50	AGC---C--G-----T-AGC-C-TG---AT-G---G...A--CT-----TGCG--CGC-AAA--C-	190
HPV60	-C---T--AT--G--TT-A-AG---G-----A-CCG...-A-TGC---T-----AC-CCG---C	199

E6 SuperGroup B Nuc-Aln

most-likely	GTGCA...GCAACTGCAACATTGGAATTTAATAAATTTTATGAACATACTGTGATAGGTAGAGAAATAGAAGA	278
HPV19	-CA-...-----G-G-C-----G-----A-C-----T--GTT	329
HPV25	-CA-...-----C-----G-----C--AGC-----A-C-----G-----T-----	314
CgPV2	---TG...-----A-G-T-A-----C--G-G-----G--A--A--A-AC-AC---G---GC-	287
HPV20	-CT-G...-----A-G---A--G-----C-----GAG-----TT---C---C---GC-	335
HPV21	-C-...-----A-G---A-----A-----G-----TC-----TG-----T-----	344
HPV14d	-CA-...-----A-----G-A--G-----G-----GAG-----TGA---C-----GAG	353
HPV5	---GC...-C-----T-A-----CC-GT-----G--G-A--T---A-----T--T---TT	302
HPV36	---GT...-----A-C---A--G-----C-G-----C-G-G-A--AT---A-----T--T---TT	302
HPV47	-CT-...-----C---A-----GTT-----C---A--A--T-----T--T---GCT	299
HPV12	-C-...-----T-----T-A-----G-----C---A--A--C-----T---GCT	296
HPV8	---T...-----C---G-----G--A-----G--A-----C---C---T--T---TT	296
HPV24	---TT...-T-A--G-----G-A--T-A--T--T-G-G-G-----T-G-----C-	263
HPV15	----T-T-T-A--GCAG-----TC--C-----GT-G---TGTA--T-G-----GAT	263
HPV17	----GTAT--T-A--CAG-A-----TC--G-----AT-A---GT--A--G--GT---G---	263
HPV37	----TTAT--T-A--CAG-----CAG-----C-----G--CT-A--T-GT--G--G-----	263
HPV9	----TTAT--GT---CAG--A-----CAC-T---T-C--TT-G---AG-T--A-A--T-----AC	284
HPV22	----CTAC--TT-A--CCA-----C-GC-G-A---C--GT---T--TAT--C-T---T--GC-	335
HPV23	----TTAT--TT---TCA-----A--C-AC-----C-G-TA-----TAT--C-T---T--GC-	311
HPV38	----TTAT--TT---TCA--A-----G-C-GC-G-----TTA-----CT-T--CC-T---C-	263
HPV49	----CTATAG-T-A--TATCAC--G---C--T-A-C-CC--G-A-T---CG---C-TC-----G	254
HPV4	TAAG...TT-G---CTG-----CAAG-G--T-A--T-C--TG-T--A-T-A--C-GT-C-TT-G--G--	260
HPV65	TACGT...TT-G---G-----GCAAG-G--T-A--T-C-GTG-T--A-A-A--C-GTTA-TT-G---	260
HPV48	TAAG...TT-----TT--A---AAAG---T---T--TCTG-----CA-A-A--CATTTGT--ACT-G	260
HPV50	TAAG...TTGT---T-TC-----AA-G-G-G--A---ACTTGCT--A-A-A--C-TACTTGC--TCT--	260
HPV60	T-AG...CTT-----T-A-----GC-G-A--C-A--T-C-GTG--TGTGT-A--AGA--T-T-----T	269
most-likely	AGTAGCAGGAAATCTATTTTGTATATTGATATTAGGTGTCAAATTTGCTTGAAATTTCTAGATTTAATTGAA	351
HPV19	T--A---T-----G-C-----C-----G---A-----A---G-A---T---C-----	402
HPV25	C--TA---T---A-----C--A--G---A-----CG--A-----A---T---GC-----	387
CgPV2	G--GA---CTCAGC--CC-GC--C-G---G---A-----C--T---GG--C-----AAC--A---	360
HPV20	---A---C-----G-----A---G-C---CT-C-CC--TA-----T---C-C-----	408
HPV21	-A--A---C-----G-C-----CT-C-----A-----T---C-C--A---	417
HPV14d	T--A---C-----G---G-C---CT-T-CC--A-----T---C-----	426
HPV5	---CTT---CTT--A--A-----C-----AGC-----T--CA-T--A---	375
HPV36	G-CT---TCGC--C--A---A---C-----G-CG---AGCT---T--CA-----G	375
HPV47	--CTA---CCTT--C-----G---C--A-----T-CC--C--TC-----T--CA-T-----	372
HPV12	T-CTA-T-----A-----CT-AA-G--A-----G-CG---TC---T---AC-----	369
HPV8	--CTA---CGT--A-----G--A--CG-----C-----TC---T-G--A-C--A--G	369
HPV24	--AA--A-AAT-C-C--C---CG--C---AT-G-A-----CC-----A---A--TA--CA-----	336
HPV15	----A-CAG--GC--G--GGA-----AT---C-C--CA--TT---TC---GAAAT-----	336
HPV17	-A---AGCAC--GC-A--AGGG--A--ACC---C-C--CA-GTT--T--A--GAAAT-G-----C-A--G	336
HPV37	GA---AGCA---GC-A--AGGA--A--A-CC--AC-C--CA--TT-----A--G--AT-G-----GT-A--G	336
HPV9	T---A---C-G---GGAA---TG-----GCT-C--T--T--G--AT---C--G-G--G	357
HPV22	--A--A-CA-CG-C--G-AGGCC-A---T---G--A-----T-----G-C---T---GC-A---	408
HPV23	G-AG-AGCA-CG-C---AGGCC-A---TG-----GT---T---G-C---C---G--A---	384
HPV38	G--G-AGCA-C-GA-A--AGGCCT---T--A-----GT---T--A--G-G---T-----G--A---	336
HPV49	-CG---CGGCTAA---GC--G--A-TAG-C--A---TC-T---C-T--GAGG-----GT-G---	327
HPV4	-A-T--TCAG---AAG---AAG--A---TGC-----A--CATTTGC---C-T-G---A--T--A-TG---G	333
HPV65	-----TCA--GGAAA--AAG--G--TGC--C--A---AT-TG--T---G-C-A-----CA-TG---G	333
HPV48	TT---TTAA---GGAAT-G-CA-----A-----C---C---T-ATTC-----ATT-A---	333
HPV50	TT-GATT--T-G-C--T-GAG---A--C-CA---C-C---G-----TA--TGT--GT-G---AT-----	333
HPV60	TC--A-TC-T-TTC--T-GAG-TC-C--TC-G-AC-C---TTT-----C-T-C---GT--TC---TGCA---	342

E6 SuperGroup B Nuc-Aln

most-likely	AAGTTAGATATCTGTGGTAGAGAtCATCCaTTTCATAAAGTTAGAGGCACTTGAAAGGAATCTGTAGGCATT	424
HPV19	---C-T-----A---AGA-T--T-----A---A-T-----G-----TG-	475
HPV25	---C-T----T-----C---AGA-G--T--C---CT--A-----T-----TG-	460
CgPV2	---C-----A-----GA-C-G--G--C--C---A---AA-TGG-----G--C-----C---C-	433
HPV20	---C---C-----C---A-G-G-----T--TT--G-----T-----TG-	481
HPV21	---C---C--T-----GA-GTT-TTT-----G-----T-----TG-	490
HPV14d	---C-TCGC-----	438
HPV5	-----TG-----C---GC-T--C-----G--G--GAA-G-C-----G-----G-	448
HPV36	-----TGT-----A---GA-T--C-----G--C---AA-G-C-----G-----G-	448
HPV47	-----G-----A---GA-T--C-----C---A---AA-G-C-----G--TG-T-----G-	445
HPV12	-----C-G-----C-G-GC-T--G--C--C--G-----A--GG-----G-----T--C--A--G-	442
HPV8	--A-----TG-----G---GC-G--C-----AGGC-----G-T--C-----T--	442
HPV24	---C-T-----A---TC-G-ATT-----G--GA-GGGC-----C-----G-	409
HPV15	-----T---TAC-A---GG-G-A---C--C--G-----C--A-----T-G-----A----	409
HPV17	-----C-CT---TA---C---G-AG-----G-----C--A-----CT-G--C--A----	409
HPV37	-----G--G-CT--CTA--CTC-G--A-A-----C--G-----GC--A-----CT-G--A----	409
HPV9	-----C--CA--CTA--AGTT-G-G-AG--T---G--C---AA--GC-----T-G--C--A--C-	430
HPV22	-----CT--TCCA---A-----C--G-----ATCA-----G---GG--C-----C-	481
HPV23	---C-----A--TTTA---A-----C--G-----AATCA-----G---GG--C-----	457
HPV38	--A-----T-CTCTC---AG-----C--G-----A-----GG--C-----	409
HPV49	---C-T-----T---CACAGC-CAGAGAG---C-G-----AAT-GG-----GG-G---A----	400
HPV4	--A-----T-A-TACTACTCT--CG-GA-T-GCT--TT-A-A-G--TTTG---GG--CTAT--C--AA---	406
HPV65	--A-----CT-GCTGTACTCT--C--GG-C-GCT-CTT-A-A-G--TTTG---GG--CTAT--C--AA---	406
HPV48	-----GT-CCAT-TATA--AT--GT-GAT---TGTT-A--C-C--G-----G---TG-T---AA---	406
HPV50	---AC---TGTAT-T--CAC-G-GG-TAT-----TT-----T-A---GG--CTGT---AA---	406
HPV60	--AA-----TGTATAAT---T-G---AAAC---T--CTT--A--G--TCGC---G-TC-TAT---AA---	415

E7 start for

HPV5, 12, 19, 25, 47, 8 -> -> E7 start for HPV4, 9, 15, 17, 49, 65

most-likely	GTAAGCATTTT.....TATAATATAGGA	447
HPV19	-----C.....GATT-G	498
HPV25	-----C.....GATT-G	483
CgPV2	-----T--T--TT	447
HPV20	-----C--T-TCA-	495
HPV21	-----C--T-TCA-	504
HPV14d	438
HPV5	-----C--GATT-G	471
HPV36	-----C--GATT-G	471
HPV47	-----C--GATT-G	468
HPV12	-C-----GTATCTGA---GATC-G	471
HPV8	-----G.....C--GATT-G	465
HPV24	-----C-G---	420
HPV15	---G.....GCG---A-	423
HPV17	--GG.....TCG-----	423
HPV37	--GG.....TCG-----	423
HPV9	--GG.....TCGG---A-	444
HPV22	---A.....GCA---A-	495
HPV23	-----G-A---A-	471
HPV38	-C--A.....GCA---A-	423
HPV49	-C-GA.....GT----A-	414
HPV4	--TT.....-GG-A-CA-	420
HPV65	-C-TT.....-GG-A-CA-	420
HPV48	--TCAGCCA.....G-GGGGA--	426
HPV50	--T-C.....G-AC--GAG--G	423
HPV60	-C-TT.....G-G-A-...	426

E6 SuperGroups C-E Nuc-Aln

SuperE.con		ATGGCATCAACAAGCGGTG	19
HPV41		-----	19
Unclass.con		ATGC	4
MmPV		----	4
SuperC.con		ATGGACCTG?AA??TTT	14
		degenerate E2 binding site in BPV2	
		-> <-	
GroupC1.con		ATGGACCTG?AA??TTT	14
BPV1		-----A--CC---	17
BPV2		-----C--AG---	17
SuperE.con	TGGGATCC?T?????G?????tgagaga?g??c?ccac??tCgT??gggAgcTgtg?????c?ct		59
HPV41	-----G-CGGGCCT-CAAGCTGTTC-----C-CAGAAG----ATA-CA-AC-----T-----TTTGG-G-A		92
COPV	A-GTTTTGG-GGGCACTGT-ATCA-T-GAG-GC--GACG-----GA-A--T--T-CATGT-T--		65
CRPV	A-----ACTGC-TG---GC---C-AGA-A-----CAGCAAATAT-		47
GroupE1.con		ATG????GACA?C??T?C??C?GT??G??A?CT?????????CT	19
HPV1a		ATGGC----C-AA-C-GGA-C--CA-AC-G--TTCCGAAAGC--	44
HPV63		--GACCT----T-TG-A-ATT-G--TC-GG-T--GAGTCTGTCT--	47
Unclass.con	CGCAGCCCACCAGACCGTATTCTGTTTCATGGAACTTTGCA??GA??AC??TG?A?????T??TG?A????CT		56
MnPV		-TG--TAGG--CG--C-CTCCT-TG--G-GCGG--	35
MmPV		-----GA--GTAC--TT--G-GCAGC-AC--A-ATTT--	77
SuperC.con	Ta?g?g?g?c?At?ccT???cAg??T?g?cTgT?T?g?TGCa?ggag?ctcTt?ca?A?GTtGAtGctttt		68
GroupC1.con	T?C?AGA??CAATCC?TTCTCAGG?TTGG?TGT?T?TGGTGCAG?GAGCCTCT?ACAGAAGTTGATGCTTTT		75
BPV1		-G-A---AC-----A-----G---AT---C-G-----A-----T-----	90
BPV2		-T-C---GG-----T-----A---CC---G-T-----G-----C-----	90
GroupC2.con	ATGttt?gc??t?a?T??gt?g?a?taca?TGctTaTgTGCa?ggttGaatTa?ctAa??TaGAt??atat		54
EEPV		----GTG--GAATGC-AT-CATACC-CACC---A-C-----A-AAG-GC---GA---GG----GC-A-G	72
DPV		----CTGCTGA-T-C-AT-AACATC--T-C--TG---TT--TACTG--TTC-TGGA--GG-G--AGCTCGC	72
OvPV1		---C-GA--AG-A-A-TCT-G-G-AA---G-----G---A-----A---GCT-----AA---	72
OvPV2		-----GA--AG-A-A-TCC-G-G-AG---G-----G-----A-C---CT-----CAA---	72
SuperE.con	?ca?aTc?CaTtt?ttgat?Tg??g?Tt?ctTGcaatTtTTGc???aA?tTtctTtac?aatgc?GAaAa?ctg		116
HPV41	G--G--AA-T-A-CCATGCA-ACA-C-CTGC---C---A---TAT--GA-C---GCGTATTG--T-TTTAC		165
COPV	AA-GC--T-T--GC-----C--TC-C-G-----A---TGGC--TAA-A-A--A---ATA-----G---		138
CRPV	A--A--AT---GGAG--CT--CC-T--GG---T-TA-----GGG--A--G---GGGC---A-----A-AA		120
GroupE1.con	C?GTATCCCAT?TATTGAT?T??T?T?CCTTG?AATTTTTG?????A?TTT?T??C?AATGCTGA?AA??TG		70
HPV1a		-T-----A-----G-TT-AT-G-----T-----TAATT-T---T-GT-T-----G--GC--	117
HPV63		-C-----T-----T-GG-TG-T-----C-----CTTGA-A---C-TA-A-----A--AT--	120
Unclass.con	?????TT?CT??GGA????CT??TGCT?CC?TGC??T?T?TGC??AG?TTT?T??C??A??A??C??		89
MnPV		GGGAA--C--CG---GGAC--CC---G--G--ACA--C---TCG--G---C-TACC-AGG-GG-ATTAA-T	108
MmPV		AAATG--A--TT--TACT--TA-----A--T---CAT--T---AGT--T---A-GGAT-TTA-TA-TAAGG-C	150
SuperC.con	?G?TGCa??g??AAA?A??Tt????t?Gt?ttc?G?gaaGG?...?t?a?ATgTG?tG?aTGtACcactTG?c		114
GroupC1.con	AGGTGCATG?T?AAAGACTTTCATGTGTGA??CG?GA?GG?...??A?AT?TGGTGCATGTACCA?TTGTG		131
BPV1		-----G-C-----ATT--G--A--C...TGT-G--A-----T-----	160
BPV2		-----A-A-----TAC--A--T--T...GTG-A--T-----C-----	160
GroupC2.con	CG?TGCa????aAAA??ATtA??tAGtGcaaAGagga??a...?act?T?TG?aGTcTG??agC?TGc?		101
EEPV		--A---CATGA---AAA--A-GAA---C-TGC--GAACGG...AA--AT-G--CT-----TAC-T-T---C	142
DPV		--A---TATGAC---AAA---GAAC---GT-----GGG...CTCAGA-G--C--T--CACT--A---T	142
OvPV1		--C---CCTC---GGT---ATG-----G-----AA...GG---A-A--GG-----CTT--A--TC	142
OvPV2		--C---CCTC---GGT---ATG-----AA...TCTT-T-A--G--G--TTT--T--T	142
SuperE.con	cttTTtGAt?a??tggttTgca??Tt?tcTGGcgagAaaa?...t?ggcgttTg?tgctGTca??actTg		174
HPV41		GC---C--CC-GAGCT--C--T-CT-ATC---G---GGG...GG-C-AACG--TATT--TCTC-G---A	235
COPV		-----A-AGC-----T--GT-AA-----C...AAC--A-----A-----GT-----	208
CRPV		T-G--CA-ATGCACG--GC-ATGCA--G-A---ATA--GGG...-G-C---A---GAC---CAGAG---CA	190
GroupE1.con	CT?TTTGTAT?ATTTTGA?TTGCATCTT?TCTGG?GAGA?AAT...TT?GTGTTT?TG?TGTCa??G?TGTC		127
HPV1a		--T-----C-----T-----G-----A---C---...-G-----GA--C-----AG-G----	187
HPV63		--G-----T-----C-----A-----C---T---...-C-----CT--T-----GT-C----	190
Unclass.con	??T??????T??T??T??TAA??TT?TT??A?AG??G?...TG????A?GG??TGCA????TGT?		115
MnPV		GCA-TTGACTT-AG-GCTT-T--CC--G--TGG-G--GAA-G...-TGCC-T--AATC----CAGCC---G	178
MmPV		AGC-ACCTTGC-TC-CAAC-A--GG--A--GTT-A--ATT-T...-CTTGA-G--GGCT----TTAAA---C	220

E6 SuperGroups C-E Nuc-Aln

SuperC.con	T?GAAaAc?Gg?Ta?at?ttGAAAGaagaCT?tg?c?aggt?taCCagTa? ?a?gtG?gga?g?tgAa?????	167
	5' sj for BPV1 \/	
GroupC1.con	TTGA?AACTG?TTAG?TA??GAAAGAAGACT?TGG?AAGGTGT?CCAGTAACAGGTGAGGAAGCT?AATTATT	195
BPV1	----A-----T----C--CT-----T---C-----T-----G-----	233
BPV2	----G-----C---A--AA-----G---A-----G-----C-----	233
	E2 binding site	
	->in EEPV <-	
GroupC2.con	T?GAAaatG??cTa??ccTaGAAAG?tcccTtTaTcCtgacacacctaTttt????????????????...??	147
EEPV	-G-----GG--GTA---T-----G-----T-----GG-G---C--C-ACCCTGGAGACCTGTAT...GA	212
DPV	-G-----A-GG--CTAT--G-----AGTG--GA--G-GC-T-----G-A-A-CAGGGGTCCATTGAA...GA	212
OvPV1	-A---C--CTT--AC-----G-----A-----GAG---CC-.....	195
OvPV2	-A--GGT--CT--ACAT-----A--T-----AC-----AC-.....	195
SuperE.con	Ctaga?t??ttag??t??TgGAgttt?tttt?a??atca?g?gtctt?tg?gc??gga??t?gaaga??t	223
HPV41	----G-GC--GCAAGGC-----CAC-GCACGGC-CG-A-T-----G---A--CAGCCGTC-GCCGC-CT-	308
COPV	-A---G-CTGC--CG-TG----CAATG----GGAAGC--CAGACAC-TGA-TT-TGA---GC-T-TC...AA	278
CRPV	--GT-T-GTC-T-TGCTT---TC--TA--G-C-CCT-GCTCTTA--GC-C-T--TTT---GGCT---CGC-	263
GroupE1.con	CTAG??TGTTAG?CT??T?GAGTTT?T??T?TATTATCAGGAGTCTT??GAGGTA?C?GAA?TAGAAGAA?T	183
HPV1a	----AAC-----C--AT-G-----G-TT-A-----AT-----C-G---A-----A-	260
HPV63	----GCA-----T--GC-T-----A-GC-T-----TC-----T-T--G-----T-	263
Unclass.con	??CGT?????TGC?T??AGA????G?????A?CA?????T????G?????AG????GT????G?????	136
MnPV	CT---GTCTG---A-CCCT---CCT-TTCTGC-C--TCAGAA-TCGC-ACCATT--CAGAT--TCT-CGGGA	251
MmPV	GC---AAGCT---T-TTGC---AAG-CAGAAAT-T--AGTATG-GTTG-GGAGGC--ATTG--AGA-GCTAT	293
SuperC.con	GC?tg????atcccTt gataggct?tgCATaAGATGC??TAcTGTGGgGGaaaaCTaAcC??a?AcGaaAA?	227
GroupC1.con	GCATGGCAAA?C?CTTGATAGGCTTTGCATAAGATGCTGCTACTGTGGGGG?AAACTAAC?AAAAA?GA?AA?	261
BPV1	-----A-A-----C-----A-----T--A--A	306
BPV2	-----T-C-----A-----C-----G--G	306
GroupC2.con	??Ca??t?ca?agc?t?ttgaacgCac?ATtAGaTGC??TAcTGTGG?GGaaaa?T?A??c?aGA?GAAAA?	200
EEPV	GC-CGA-C--TG-GTCA-GTTCAA-GAC-----ATG--T-----T---TGCC-A-CC-GC--C-----A	285
DPV	GC-TGA-C-TTTCAT-CAAA--GC-TGC--A-----ATG-----G---T-C-G-CC-GT--C-----G	285
OvPV1	.G--ACAGT-G---A-C---G-----T-----TGT-----G-----GT-A-ATAT---T-----A	267
OvPV2	.G--AC-G--G---A-A-----T-----G---TGT-----T--G---T-G-ATTT---T-----G	267
SuperE.con	??T?g??cag?c??T?????a??ttg??T?aG?TGTgt?a?ATGC?taa?aa?acTga?tgttgc?GaaAAg	269
HPV41	TA-A-GA---AGCC-CAGCG-CC---AGG-G--G---G-GG---C--GCTCTT--ACAATC--TG-----	381
COPV	CG-AACAA--A-CT-GCAGC-GC--AGTC-T--A---T-AGG---C-C-GT-TT---G--AG--G--C--A	351
CRPV	GG-T-GT---GAAA-ATCTAGCTGGTTCA-GC-T---ACAGTT---GG--G--G-T-A-C-A--C-A-----	336
GroupE1.con	??T??A??ACCT?T??T??A?ATTG??T??G?TGTGTTACATGCA?AAAAAACTGA?TGTT?C?GAAAA?	232
HPV1a	TT-GG-CAG---T-AT-GC-A---AAC-CC-T-----T-----G---G-T---A	333
HPV63	AC-TA-TCA---C-TG-AA-T---GTT-AA-G-----C-----C---T-A-----G	336
Unclass.con	?G????T??????T?????CT?A?G??CG?TGT?G?G??TGC?T?????T?CT??C?G?G?CAGA?AA?	166
MnPV	C-AAAA-CTTACAC-CCACGGA--G-AA-CA--G---C-C-TG---A-GAAGA-A--GT-A-T-A---A--G	324
MmPV	G-TTGG-TCACATG-TATTAAC--A-CC-TT--C---A-T-AA--C-TGCTT-G--TA-T-C-T---G--A	366
SuperC.con	?Ag?GgCA????cttTtTaagGAgcctTtctg?A?A??cAG??T?A??Ta???.?gaGGacGcT	271
GroupC1.con	CA?CGGCATGTGCTTT?TAATGAGCCTTT?TGCAAAAC?AGA?CTAACATAAT?AGAGGACGCT	319
BPV1	--T-----T-----C-----C---G-----T	370
BPV2	--G-----A-----T-----G---T-----A	370
GroupC2.con	??gAGaCac?????TTttaaGAg?????gg??aT?c??g??ca?GTg?????????????gaGGacGgT	236
EEPV	GA-----AGACTG---GT--AGACTTCT-GAT--T-AGGCAT--G---.C-G-----T-	346
DPV	GAC--G---AGATAT---GA---CTTAC-TGAT--T-AGGAAT--G--TCTT--CA-A-	346
OvPV1	AG------G-----AATGA--G-TAT-CA-TT--AAGAGGCTGCTTGA-----	328
OvPV2	AG-----T-AA------TGAG-GTTAT-CAT-T--AGAGGCTGCCTGA-----	328
SuperE.con	?t?ga??Ta?t?ctgaag??a?a?gTtcaTagagTtag?aa?a?a?????????????AggGaaagT	311
HPV41	GATT-CA--T-T-GCGG---ACTTGTCT--G-----A--G-CGGG-TCTGGCT--	442
COPV-AC--TGTG---TTGA-CGATT--TC-GTG--C--GGGG-A-ACT-CCT--	409
CRPV	A-T--AT--AGAG--AG-AATGC-CGC--TG-T-TA--GAT--AGGTCAATATTCCAGTGG---TC-T-	409
GroupE1.con	TT?G??GTTGT?TC????GGAGAAAGAGT?CATA?AGT?AG?AACA?A?T?AAAGCAAAGT	278
HPV1a	--G-AG-----G-AAAC-----G---G---T--A---G-C-T	394
HPV63	--A-CT-----T--TGCT-----T---A---A--G---A-T-C	397
Unclass.con	CT?GA?????????????G?A??C?TTT????AGT??GG??C??GTGGAG??C????T	190
MnPV	--A--GTGTGCAGAAAGAGG-G-AT-C---GCCAA--CA--GG-CA----GG-ACGG-	385
MmPV	--T--TGCCAAGTGTGAGCT-C-GA-T---ATTTT---GC--CA-AT----AA-TTCC-	427

E6 SuperGroups C-E Nuc-Aln

SuperC.con	GCTAcgaCTGc??cAG?CATGGttcaaGgtCca?ctacc?atag?C????GC??CCG??TGA	319
	E7 start for BPV1, BPV2 ->	
GroupC1.con	GCTACGACTGCTGCAGACATGGTTCAAGGTCCAA?TACCCATAG	362
BPV1	-----A-----	414
BPV2	-----C-----	414
	E2 binding site	
	->in EEPV <-	
	E7 start for DPV, EEPV ->	
GroupC2.con	GCTAcga?TG?ACtA?G?ATGGtgcacGgaCca?atacc?a????C????GC??CCG??TGA	280
EEPV	----TCTC--C--C-G-C-----T-----C--CCG---AA-GAAA-ACCT--CG---TA---	408
DPV	----ACC--T---G-C---CATGT-CT-GGCCCTTACCGGG-GAAC--TA---GC---	408
OvPV1	-----G-C---A-G-----A-----C-	369
OvPV2	-----G--T---A-G-----A-----C-	369
	E7 start for COPV ->	
SuperE.con	GtagtttgTGcaga?T?t?a????atagGATTTGGGGGGCTATCCCCGAGTCCCGGCAGTCGCTGCGGGGA	376
HPV41	--GT-CGA--T-TGG-AGG-CTGTAT---	471
COPV	--TCGC-----C--T-ACC-CCATG-	435
CRPV	-C----CT----A-C-G-C-GACCA-GGT-----	482
GroupE1.con	G?AGTTTGTG??G??T?TA??TATATA?	297
HPV1a	-T-----TC-CT-G--TGC-----A	423
HPV63	-C-----CA-AC-C--CAT-----G	426
Unclass.con	GCAGA??TGCA?A?C??G??AATAGAATGCTAG	215
MnPV	----ATT----A-C-CGT-TA-	408
MmPV	----GCG----G-A-TCC-GC-----	462
SuperE.con	ATGTGACGAGTGTTCGCGTCCCGGACCTGACACATCTAACTCCGGTGGATCTGGAGGAACCTGGATTATATCCA	449
CRPV	-----	555
SuperE.con	GGCCCCGAAGGAACCTATCCGGATTTAGTTGACCTAGGGCCAGGCGTTTTTTGGGAAGAAGACGAGGAGGGGG	522
CRPV	-----	628
SuperE.con	GTGGGCTGTTTGACAGCTTCGAGGAGGAGGATCCTGGACCCAACCAAGTGTGGGTGTTTTTTTGCACCAGCTA	595
CRPV	-----	701
SuperE.con	TCCGTCCGGAACAGGTGATACAGATATAAATCAGGGACCGGCAGGAGCTGCAGGGATTGCACTGCAGTCAGAT	668
CRPV	-----	774
SuperE.con	CCAGTCTGTTTCTGTGAGAATTGTATTAACCTTCACAGAATTTAGATGA	716
CRPV	-----	822