

Number	Gene alignment	Protein alignment	Nt Pos	Nt change	AA pos	AA change	Node location	Gene Symbol
1	E1a_28k_nt.aln	E1a_28K_aa.aln	220	G-->C	74	A-->Q	275 -->230	E1A 28K
2*	E1a_28k_nt.aln	E1a_28K_aa.aln	771	C-->T	256	D-->D	322-->321	E1A 28K
3	E1b19_nt.aln	E1b19_aa.aln	319	A-->T	107	T-->S	322-->321	E1B 19K
4	E1b_nt.aln	E1a55_aa.aln	977	C-->G	225	P-->A	275 -->230	E1B 55K
5	E1b_nt.aln	E1a55_aa.aln	1066	C-->G	255	T-->S	275-->230	E1B 55K
6	E1b_nt.aln	E1a55_aa.aln	1117	T-->C	271	V-->A	275-->230	E1B 55K
7	E1b_nt.aln	E1a55_aa.aln	1212	A-->C	303	K-->Q	275-->230	E1B 55K
8	E1b_nt.aln	E1a55_aa.aln	1377	C-->A	358	Q-->N	275-->230	E1B 55K
9	E1b_nt.aln	E1a55_aa.aln	823	G-->A	275	C-->N	274-->273	E1B 55K
10	E1b_nt.aln	E1a55_aa.aln	1109	T-->G	370	F-->C	322-->321	E1B 55K
11	pIX_nt.aln	pIX_aa.aln	37	C-->T	19	P-->S	288-->279	pIX
12	IVa2_nt.aln	IVa2_aa.aln	1348	T-->C	358	V-->A	275-->230	IVa2
13	IVa2_nt.aln	IVa2_aa.aln	1183	G-->C	395	E-->Q	288-->279	IVa2
14	IVa2_nt.aln	IVa2_aa.aln	756	C-->T	252	T-->I	288-->279	IVa2
15	IVa2_nt.aln	IVa2_aa.aln	1047	T-->A	350	S-->T	322-->321	IVa2
16	IVa2_nt.aln	IVa2_aa.aln	859	G-->A	286	G-->S	322-->321	IVa2
17	IVa2_nt.aln	IVa2_aa.aln	682	C-->A	228	P-->I	274-->273	IVa2
18	IVa2_nt.aln	IVa2_aa.aln	396	G-->C	133	E-->Q	322-->321	IVa2
19*	IVa2_nt.aln	IVa2_aa.aln	352	C-->T	118	L-->L	322-->321	IVa2
20	IVa2_nt.aln	IVa2_aa.aln	140	A-->C	47	E-->A	315-->314	IVa2
21	Pol_nt.aln	Pol_aa.aln	3268	C-->A	1089	L-->I	322-->321	Pol
22	Pol_nt.aln	Pol_aa.aln	3133	C-->T	1044	L-->S	322-->321	pol
22	Pol_nt.aln	Pol_aa.aln	2857	G-->A	953	D-->N	322-->321	Pol
23*	Pol_nt.aln	Pol_aa.aln	2721	T-->C	907	S-->S	322-->321	Pol
24	Pol_nt.aln	Pol_aa.aln	2272	T-->G	758	C-->A	322-->321	Pol
25	Pol_nt.aln	Pol_aa.aln	1659	A-->C	554	K-->Q	315-->314	Pol
26	Pol_nt.aln	Pol_aa.aln	1006	G-->A	336	A-->K	322-->321	Pol
27	Pol_nt.aln	Pol_aa.aln	1013	T-->A	338	F-->Y	315-->314	Pol
28	Pol_nt.aln	Pol_aa.aln	137	G-->A	45	R-->H	322-->321	pol
29	pTP_nt.aln	pTP_aa.aln	1851	G-->A	618	V-->I	322-->321	pTP
30	pTP_nt.aln	pTP_aa.aln	1759	A-->G	587	I-->V	315-->314	pTP
31	pTP_nt.aln	pTP_aa.aln	1570	G-->A	524	V-->I	322-->321	pTP
32	pTP_nt.aln	pTP_aa.aln	1427	A-->T	476	H-->L	322-->321	pTP
33	pTP_nt.aln	pTP_aa.aln	1342	A-->C	447	M-->L	322-->321	pTP
34	pTP_nt.aln	pTP_aa.aln	518	G-->A	173	R-->Q	322-->321	pTP
35*	pTP_nt.aln	pTP_aa.aln	250	C-->T	94	L-->L	288-->279	pTP
36	52k_nt.aln	52k_aa.aln	256	A-->C	86	M-->L	315-->314	L1 52K
37	52k_nt.aln	52k_aa.aln	341	G->A	114	R-->K	288-->279	L1 52K
38	52k_nt.aln	52k_aa.aln	379	G-->C	127	V-->L	315-->314	L1 52K
39	52k_nt.aln	52k_aa.aln	443	A-->C	148	K-->Q	315-->314	L1 52K
40	52k_nt.aln	52k_aa.aln	558	C-->G	185	P-->A	315-->314	L1 52K
41	52k_nt.aln	52k_aa.aln	632	C-->T	211	T-->M	288-->279	L1 52K
42	52k_nt.aln	52k_aa.aln	695	T-->A	232	L-->Y	274-->260	L1 52K
43	52k_nt.aln	52k_aa.aln	791	A-->T	264	Y-->F	274-->273	L1 52K
44*	52k_nt.aln	52k_aa.aln	823	C-->A	275	R-->R	274-->273	L1 52K

45*	52k_nt.aln	52k_aa.aln	961	C-->A	321	R-->R	274-->260	L1 52K
46	52k_nt.aln	52k_aa.aln	980	G-->C	327	G-->A	275-->230	L1 52K
47	IIIa_nt.aln	IIIa_aa.aln	85	C-->G	29	P-->A	315-->314	IIIa
48	IIIa_nt.aln	IIIa_aa.aln	130	G-->T	44	A-->S	275-->230	IIIa
49	IIIa_nt.aln	IIIa_aa.aln	440	G-->C	147	S-->A	275-->230	IIIa
50*	IIIa_nt.aln	IIIa_aa.aln	670/671	TC-->AG	224	S-->S	275-->230	IIIa
51*	IIIa_nt.aln	IIIa_aa.aln	728	C-->G	243	S-->S	315-->314	IIIa
52	IIIa_nt.aln	IIIa_aa.aln	878	G-->A	293	S-->N	274-->273	IIIa
53	IIIa_nt.aln	IIIa_aa.aln	878	A-->G	293	E-->R	275-->230	IIIa
54	IIIa_nt.aln	IIIa_aa.aln	931	C-->T	311	Q-->L	288-->279	IIIa
55	IIIa_nt.aln	IIIa_aa.aln	1102	A-->C	368	M-->L	274-->260	IIIa
56	III_nt.aln	III_aa.aln	1080	A-->C	357	N-->T	275-->230	Penton base
57	III_nt.aln	III_aa.aln	1072	T-->G	358	C-->G	315-->314	Penton base
58	III_nt.aln	III_aa.aln	1169	A-->G	390	G-->A	322-->321	Penton base
59	III_nt.aln	III_aa.aln	1274	A-->T	425	Q-->L	275-->230	Penton base
60	VII_nt.aln	VII_aa.aln	460	G-->A	153	A-->T	322-->321	VII
61	V_nt.aln	V_aa.aln	598	A-->C	200	K-->R	288-->279	V
62	X_nt.aln	X_aa.aln	41	A-->T	14	Y-->F	288-->279	X
63*	X_nt.aln	X_aa.aln	43	C-->A	15	R-->R	322-->321	X
64	X_nt.aln	X_aa.aln	100/101	AG-->GC	34	A-->S	322-->321	X
65*	VI_nt.aln	VI_aa.aln	46	C-->A	16	R-->R	322-->321	VI
66	VI_nt.aln	VI_aa.aln	59	G-->C	20	G-->A	315-->314	VI
67	VI_nt.aln	VI_aa.aln	154/155	AA-->CG	52	K-->R	275-->230	VI
68	VI_nt.aln	VI_aa.aln	652	N-->C	218	N-->H	275-->230	VI
69*	Hexon_nt.aln	Hexon_aa.aln	15	G-->C	5	S-->S	315-->314	Hexon
70	Hexon_nt.aln	Hexon_aa.aln	125	G-->A	43	G-->N	288-->279	Hexon
71*	Hexon_nt.aln	Hexon_aa.aln	136	A-->C	46	R-->R	315-->314	Hexon
72	Hexon_nt.aln	Hexon_aa.aln	193	C-->T	65	T-->M	274-->260	Hexon
73	Hexon_nt.aln	Hexon_aa.aln	295	A-->T	99	T-->S	322-->321	Hexon
74	Hexon_nt.aln	Hexon_aa.aln	299	A-->T	100	Y-->F	274-->260	Hexon
75	Hexon_nt.aln	Hexon_aa.aln	1412	G-->A	471	R-->K	275-->230	Hexon
76*	Hexon_nt.aln	Hexon_aa.aln	1571	C-->A	524	R-->R	322-->321	Hexon
77	Hexon_nt.aln	Hexon_aa.aln	1736	G-->A	579	S-->N	322-->321	Hexon
78	Hexon_nt.aln	Hexon_aa.aln	2105	T-->A	702	F-->Y	288-->279	Hexon
79	Hexon_nt.aln	Hexon_aa.aln	2185	T-->G	729	S-->A	288-->279	Hexon
80	Hexon_nt.aln	Hexon_aa.aln	2663	C-->A	888	T-->N	274-->273	Hexon
81	Protease_nt.aln	Protease_aa.aln	247	A-->G	83	I-->V	288-->279	Protease
82	Protease_nt.aln	Protease_aa.aln	320	C-->G	97	T-->S	275-->230	Protease
83	Protease_nt.aln	Protease_aa.aln	328	A-->C	110	K-->Q	275-->230	Protease
84	Protease_nt.aln	Protease_aa.aln	562	C-->A	188	H-->N	322-->321	Protease
85	DBP_nt.aln	DBP_aa.aln	1321	C-->A	441	P-->T	315-->314	DBP
86	DBP_nt.aln	DBP_aa.aln	1039	T-->A	347	F-->Y	315-->314	DBP
87*	DBP_nt.aln	DBP_aa.aln	932	TC-->AG	311	S-->S	275-->230	DBP
88	DBP_nt.aln	DBP_aa.aln	907	G-->A	303	D-->N	315-->314	DBP
89	100k_nt.aln	100k_aa.aln	775	G-->A	259	A-->I	275-->230	L4 100K
90	100k_nt.aln	100k_aa.aln	781	C-->G	261	P-->A	275-->230	L4 100K
91	100k_nt.aln	100k_aa.aln	818	G-->C	273	G-->A	275-->230	L4 100K
92	100k_nt.aln	100k_aa.aln	904	A-->C	302	M-->L	275-->230	L4 100K

93	100k_nt.aln	100k_aa.aln	1103	C-->T	368	T-->I	274-->273	L4 100K
94	100k_nt.aln	100k_aa.aln	1085	G-->C	362	C-->A	315-->314	L4 100K
95	100k_nt.aln	100k_aa.aln	1087	A-->C	363	K-->Q	315-->314	L4 100K
96	100k_nt.aln	100k_aa.aln	1070	A-->G	357	Y-->C	275-->230	L4 100K
97	100k_nt.aln	100k_aa.aln	1484	G-->C	495	G-->A	315-->314	L4 100K
98	100k_nt.aln	100k_aa.aln	1615	G-->A	539	E-->T	322-->321	L4 100K
99	100k_nt.aln	100k_aa.aln	1781	A-->G	594	K-->R	322-->321	L4 100K
100	100k_nt.aln	100k_aa.aln	1799	T-->C	600	L-->A	315-->314	L4 100K
101	100k_nt.aln	100k_aa.aln	1805	A-->T	602	Y-->F	275-->230	L4 100K
102	100k_nt.aln	100k_aa.aln	2026	A-->C	676	K-->R	288-->279	L4 100K
103	100k_nt.aln	100k_aa.aln	2168	A-->T	723	E-->V	275-->230	L4 100K
104	22k_nt.aln	22k_aa.aln	398	G-->C	133	G-->A	315-->314	L4 22K
105*	22k_nt.aln	22k_aa.aln	421	C-->A	141	R-->R	322-->321	L4 22K
106*	33k_nt.aln	33k_aa.aln	516	A-->G	172	K-->K	275-->230	L4 33K
107	33k_nt.aln	33k_aa.aln	533	A-->T	178	H-->L	322-->321	L4 33K
108	VIII_nt.aln	VIII_aa.aln	38	A-->T	13	Y-->F	322-->321	VIII
109	VIII_nt.aln	VIII_aa.aln	93	G-->A	31	M-->I	288-->279	VIII
110*	VIII_nt.aln	VIII_aa.aln	151	C-->A	51	R-->R	315-->314	VIII
111	VIII_nt.aln	VIII_aa.aln	158	A-->G	53	Q-->R	288-->279	VIII
112	VIII_nt.aln	VIII_aa.aln	301	A-->C	101	M-->L	274-->273	VIII
113	VIII_nt.aln	VIII_aa.aln	440/441	GC-->CA	147	S-->T	322-->321	VIII
114	VIII_nt.aln	VIII_aa.aln	494	G-->A	165	R-->N	275-->230	VIII
115*	VIII_nt.aln	VIII_aa.aln	521	C-->G	174	S-->S	275-->230	VIII
116	34k_nt.aln	34k_aa.aln	398	A-->G	133	Q-->R	274-->273	E4 34K
117	orf3_nt.aln	orf3_aa.aln	302	TG-->GT	101	C-->V	288-->279	E4 orf3
118	orf2_nt.aln	orf2_aa.aln	110	T-->A	37	F-->Y	274-->260	E4 orf2
119	orf2_nt.aln	orf2_aa.aln	20	T-->G	7	V-->C	274-->273	E4 orf2

* Same base in an overlapping region.