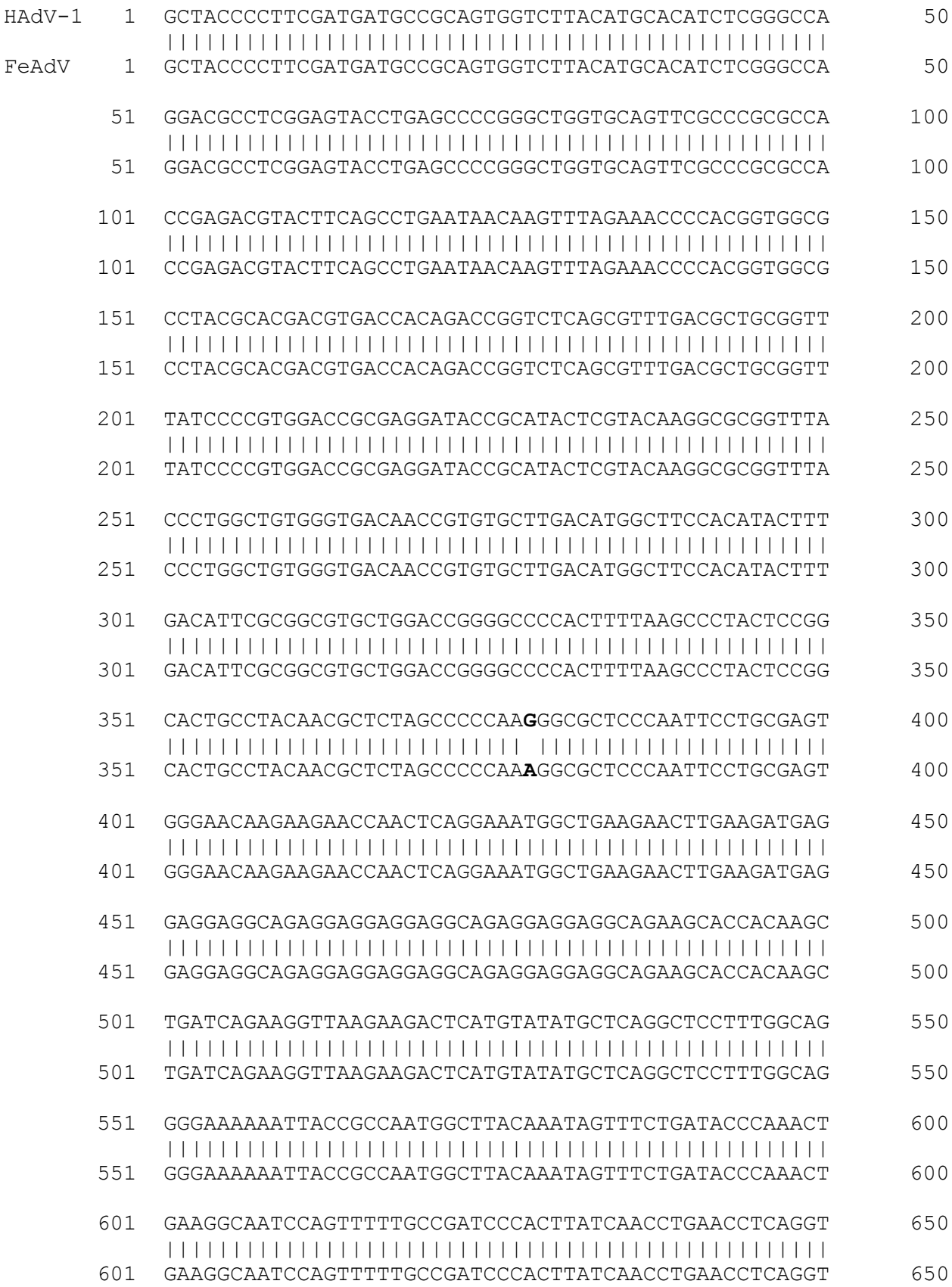
Supplementary Figure 1. Sequence alignment of the complete hexon genes of HAdV-1 (D11) and FeAdV.



```
 651  TGGAGAATCTCAGTGGAATGAAGCTGAAGCAACTGCATCTGGAGGCAGAG      700
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 651  TGGAGAATCTCAGTGGAATGAAGCTGAAGCAACTGCATCTGGAGGCAGAG      700

 701  TACTAAAAAAGACTACTCCCATGAAACCATGCTACGGATCGTATGCCAGA      750
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 701  TACTAAAAAAGACTACTCCCATGAAACCATGCTACGGATCGTATGCCAGA      750

 751  CCTACAAATAAAAATGGGGGTCAAGGTATACTAGTAGCAAACAACCAAGG      800
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 751  CCTACAAATAAAAATGGGGGTCAAGGTATACTAGTAGCAAACAACCAAGG      800

 801  TGCTCTAGAGTCTAAAGTTGAAATGCAGTTTTTTGCCCCCTCTGGCACTG      850
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 801  TGCTCTAGAGTCTAAAGTTGAAATGCAGTTTTTTGCCCCCTCTGGCACTG      850

 851  CCATGAATGAAAGAAATGCTGTTCAGCCAAGTATTGTTTTGTACAGTGAG      900
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 851  CCATGAATGAAAGAAATGCTGTTCAGCCAAGTATTGTTTTGTACAGTGAG      900

 901  GATGTTAATATGGAAACTCCTGATACTCACATTTCATACAAACCAAGCAA      950
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 901  GATGTTAATATGGAAACTCCTGATACTCACATTTCATACAAACCAAGCAA      950

 951  AACTGATGAAAACTCTAAGGCTATGTTGGGTCAACAAGCAATGCCAAACA     1000
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 951  AACTGATGAAAACTCTAAGGCTATGTTGGGTCAACAAGCAATGCCAAACA     1000

1001  GACCCAATTACATCGCTTTTAGGGACAATTTTATTGGCCTTATGTATTAC     1050
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1001  GACCCAATTACATCGCTTTTAGGGACAATTTTATTGGCCTTATGTATTAC     1050

1051  AACAGCACTGGTAACATGGGTGTCCTTGCTGGACAAGCATCACAGCTAAA     1100
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1051  AACAGCACTGGTAACATGGGTGTCCTTGCTGGACAAGCATCACAGCTAAA     1100

1101  TGCCGTGGTAGACTTGCAGGACAGAAACACAGAGCTGTCATATCAACTTT     1150
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1101  TGCCGTGGTAGACTTGCAGGACAGAAACACAGAGCTGTCATATCAACTTT     1150

1151  TGCTTGATTCTATTGGCGATAGAACCAGATACTTTTCCATGTGGAATCAG     1200
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1151  TGCTTGATTCTATTGGCGATAGAACCAGATACTTTTCCATGTGGAATCAG     1200

1201  GCTGTAGACAGCTATGATCCAGATGTCAGAATCATTGAAAATCATGGAAC     1250
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1201  GCTGTAGACAGCTATGATCCAGATGTCAGAATCATTGAAAATCATGGAAC     1250

1251  TGAGGATGAGTTGCCAAATTACTGCTTCCCACTTGGCGGTATAGGGGTAA     1300
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1251  TGAGGATGAGTTGCCAAATTACTGCTTCCCACTTGGCGGTATAGGGGTAA     1300

1301  CTGACACCTACCAAGGTATAAAATCAAACGGAAACGGTAATCCTCAAAAC     1350
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1301  CTGACACCTACCAAGGTATAAAATCAAACGGAAACGGTAATCCTCAAAAC     1350
```

```
1351  TGGACCAAAAATGACGATTTTGCGGCACGTAATGAAATAGGTGTGGGAAA     1400
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1351  TGGACCAAAAATGACGATTTTGCGGCACGTAATGAAATAGGTGTGGGAAA     1400

1401  CAACTTTGCCCTGGAGATTAACCTTAATGCCAACCTATGGAGAAATTTCC     1450
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1401  CAACTTTGCCCTGGAGATTAACCTTAATGCCAACCTATGGAGAAATTTCC     1450

1451  TCTACTCCAACATTGCACTGTACCTGCCTGACAAGCTAAAATACACTCCT     1500
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1451  TCTACTCCAACATTGCACTGTACCTGCCTGACAAGCTAAAATACACTCCT     1500

1501  ACAAATGTGGAAATATCTCCCAACCCTAATTCATACGATTATATGAACAA     1550
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1501  ACAAATGTGGAAATATCTCCCAACCCTAATTCATACGATTATATGAACAA     1550

1551  GCGAGTGGTGGCTCCCGGGTTGGTGGATTGCTACATTAACCTTGGAGCGC     1600
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1551  GCGAGTGGTGGCTCCCGGGTTGGTGGATTGCTACATTAACCTTGGAGCGC     1600

1601  GTTGGTCATTGGACTACATGGACAACGTCAACCCCTTTAACCATCACCGC     1650
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1601  GTTGGTCATTGGACTACATGGACAACGTCAACCCCTTTAACCATCACCGC     1650

1651  AATGCGGGCCTACGCTACCGCTCCATGTTGCTGGGCAACGGTCGCTACGT     1700
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1651  AATGCGGGCCTACGCTACCGCTCCATGTTGCTGGGCAACGGTCGCTACGT     1700

1701  GCCCTTTCACATCCAGGTTCCTCAGAAGTTTTTTGCCATTAAGAACCTCC     1750
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1701  GCCCTTTCACATCCAGGTTCCTCAGAAGTTTTTTGCCATTAAGAACCTCC     1750

1751  TACTCTTGCCGGGCTCATACACCTACGAGTGGAACTTCAGGAAAGATGTT     1800
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1751  TACTCTTGCCGGGCTCATACACCTACGAGTGGAACTTCAGGAAAGATGTT     1800

1801  AACATGGTCCTGCAAAGCTCCCTAGGAAACGACCTAAGAGTTGACGGAGC     1850
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1801  AACATGGTCCTGCAAAGCTCCCTAGGAAACGACCTAAGAGTTGACGGAGC     1850

1851  CAGCATTAAGTTTGACAGCATTTGCCTCTACGCCACCTTYTTTCCGATGG     1900
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
1851  CAGCATTAAGTTTGACAGCATTTGCCTCTACGCCACCTTTTTTCCGATGG     1900

1901  CCCACAACACCGCCTCAACGCTTGAAGCCATGCTTAGAAACGACACCAAC     1950
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1901  CCCACAACACCGCCTCAACGCTTGAAGCCATGCTTAGAAACGACACCAAC     1950

1951  GACCAGTCCTTTAACGACTACCTATCCGCCGCCAACATGCTTTACCCCAT     2000
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1951  GACCAGTCCTTTAACGACTACCTATCCGCCGCCAACATGCTTTACCCCAT     2000

2001  ACCCGCCAACGCCACCAACGTGCCCATCTCTATCCCCTCGCGCAACTGGG     2050
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2001  ACCCGCCAACGCCACCAACGTGCCCATCTCTATCCCCTCGCGCAACTGGG     2050
```

```
2051  CGGCTTTCCGAGGCTGGGCCTTTACGCGCCTTAAGACTAAGGAAACCCCA  2100
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2051  CGGCTTTCCGAGGCTGGGCCTTTACGCGCCTTAAGACTAAGGAAACCCCA  2100

2101  TCCCTGGGTTCCGGCTACGACCCTTACTATACCTACTCTGGCTCCATACC  2150
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2101  TCCCTGGGTTCCGGCTACGACCCTTACTATACCTACTCTGGCTCCATACC  2150

2151  CTACCTAGACGGAACCTTTTACCTTAATCACACCTTCAAAAAGGTGGCCA  2200
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
2151  CTACCTAGACGGAACCTTTTACCTTAATCACACCTTCAAAAAGGTAGCCA  2200

2201  TCACCTTTGACTCTTCTGTTAGCTGGCCTGGCAATGACCGTCTGCTTACC  2250
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2201  TCACCTTTGACTCTTCTGTTAGCTGGCCTGGCAATGACCGTCTGCTTACC  2250

2251  CCCAACGAGTTTGAGATCAAGCGTTCAGTTGACGGAGAGGGCTACAACGT  2300
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2251  CCCAACGAGTTTGAGATCAAGCGTTCAGTTGACGGAGAGGGCTACAACGT  2300

2301  TGCCCAATGCAACATGACCAAAGACTGGTTCTTGGTACAGATGCTAGCCA  2350
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2301  TGCCCAATGCAACATGACCAAAGACTGGTTCTTGGTACAGATGCTAGCCA  2350

2351  ACTACAACATAGGCTACCAGGGCTTTTATATCCCAGAAAGCTATAAGGAC  2400
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2351  ACTACAACATAGGCTACCAGGGCTTTTATATCCCAGAAAGCTATAAGGAC  2400

2401  CGCATGTACTCCTTCTTTAGAAACTTCCAGCCCATGAGCCGTCAGGTGGT  2450
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2401  CGCATGTACTCCTTCTTTAGAAACTTCCAGCCCATGAGCCGTCAGGTGGT  2450

2451  GGACGATACCAAATACAAGGACTACCAACAGGTGGGCATCCTCCACCAGC  2500
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2451  GGACGATACCAAATACAAGGACTACCAACAGGTGGGCATCCTCCACCAGC  2500

2501  ACAATAACTCTGGCTTTGTTGGTTACCTCGCTCCCACCATGCGAGAGGGA  2550
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2501  ACAATAACTCTGGCTTTGTTGGTTACCTCGCTCCCACCATGCGAGAGGGA  2550

2551  CAGGCCTACCCCGCCAACTTCCCCTACCCGCTTATAGGCAAGACCGCGGT  2600
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2551  CAGGCCTACCCCGCCAACTTCCCCTACCCGCTTATAGGCAAGACCGCGGT  2600

2601  TGACAGTATTACCCAGAAAAAGTTTCTTTGCGACCGCACCCTTTGGCGCA  2650
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2601  TGACAGTATTACCCAGAAAAAGTTTCTTTGCGACCGCACCCTTTGGCGCA  2650

2651  TTCCATTCTCCAGTAACTTTATGTCCATGGGTGCACTCACAGACCTGGGC  2700
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2651  TTCCATTCTCCAGTAACTTTATGTCCATGGGTGCACTCACAGACCTGGGC  2700

2701  CAAAACCTTCTCTATGCAAACTCCGCCCACGCGCTAGATATGACTTTTGA  2750
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2701  CAAAACCTTCTCTATGCAAACTCCGCCCACGCGCTAGATATGACTTTTGA  2750
```

```
2751  GGTGGATCCCATGGACGAGCCCACCCTTCTTTATGTTTTGTTTGAAGTCT     2800
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2751  GGTGGATCCCATGGACGAGCCCACCCTTCTTTATGTTTTGTTTGAAGTCT     2800

2801  TTGACGTGGTCCGTGTGCACCAGCCGCACCGCGGCGTCATCGAGACCGTG     2850
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2801  TTGACGTGGTCCGTGTGCACCAGCCGCACCGCGGCGTCATCGAGACCGTG     2850

2851  TACCTGCGCACGCCCTTCTCGGCCGGCAACGCCACAACAA..........     2900
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2851  TACCTGCGCACGCCCTTCTCGGCCGGCAACGCCACAACAA..........     2900
```

Mismatched sequences are printed in bold. The r-strands are shown.