

E1 SuperGroup A Markov Protein Alignment

most-likely	MADPEGTEGE GTGCNGWFLVEAIVEKKTGD.QISEDEDEDA.EDT.GSDLVDFIDDSV.ITN.QAER	62
HPV54	---NQ---E-. ---F-----R----.I--D--P--V.--S.-L-M-----N-.SQV.EGQ.	61
HPV32	---DT---. ---L--S---S-----RT-EN.T--D---NV.--S.-L-----V---R.-IP.TNQ.	60
HPV42	---DT---. ---L--S---C-----D-T-EN.A--D---NV.D-S.-L-----V-N-TV-H..TKQ.	60
HPV3	-D-TS----C...SE.LERAG---M-----DRR----.TV-S--.DEE.--G.-E-----RP.VG..DGQ.	62
HPV28	-D-TS----DEC..SE.LERAG---M-----DRR----.KP-S-----EDA-E.-E-F-----RP.VG..DGQ.	65
HPV10	-D-NT----GAC..SE.SERAG---I-----DRR----.P--S-D--EE.DEA.-E-F-----TR.SLG.DGQ.	65
HPV29	---NS----EEDCSE.AERAG---M-----DRR----.T--S-. . .E.-E.-E-M-----RP.-G..DGQ.	64
HPV61	---S---SGDG..TEAAERAG-----V-DRT--Y.-V-S--EDNS.I--.-E-----TRR.PG..DGQ.	65
HPV2a	-E-S---D-TE...ED-CRAG---H----I..TH-QR-V-S-----E.TE-.E--.----NR-.PG..DGQ.	61
HPV27	-E-S---D-TE...ED-CRAG---H----I..TH-QR-V-S-----C.TE-.E-V.----NR-.PG..DGQ.	61
HPV57	-E-S---D-TD...ED-CRAG---H----I..TH-QS-V-S-----E.TE-.RE--.----NR-.PG..DGQ.	61
HPV26	-.C---NE-. ---R--T--S-----H---.T--D--TDNS.S--.----IG-----S.-SD.Y--Q	61
HPV51	-.C---D-. ---A---F-----NV-D---N-.D--.----IN---SETS-CS---Q	62
HPV30	--S---DD-. ---G--T--H---V-K-R---.I-----T-ED.-G-.A---DG-L-N-NV--T--D-	63
HPV53	--S---DD-. ---R--H-----K-R---.V-----T-E.-S.-E---DG---N-NI-ST.---	61
HPV56	--S---D-. ---K--C--E-----K--D--SDEE.DEI.DT--DG---Y.-Q-I--DA	63
HPV66	--S---D-. ---M--C--Q---R---.T--D--S-EE.NE-.DT--VDG---NTL.-N-T-ED-	63
HPV18	-----D-. ---Y-Q---D---.V--D---N-.T--.---M---TQGTFC.---L	63
HPV45	-----D-. ---F--T-----V--D---T-.T--.---M---TQLS-CE.---Q	63
HPV39	--NR---D-D. ---S-----Q---D-Q---.TV-----N-.T--.---A---TD-CV.---	63
HPV68ME180	--NC---D-D. ---F-Q---D-Q---.TV-----N-.T--.---M---ATD-CI.---	63
HPV70	--NC---D-D. ---S-----Q---D-Q---.TV-----N-.T--.---A---TTD-CV.---	63
HPV59	---S---D-. ---F-Q---D---.K--D---N-.T--.-----TTT-CV.---	63
HPV7	---DS---DV. ---S--S-----V-D-Q---.VV-----I--S.-Y-M---N-T-.VSE.HE-L	63
HPV40	---SP---DG. ---A--S---V--V-D-Q---.AV-----EDI--S.-F-MI---N-.VAEEHV-L	64
HPV16	---A--N-. ---E.------Y--V-----.A--D--N-ND.S--.-E-----VNDNDYLT.---T	64
HPV35h	---A--DEG. ---E.------F--V--SRR---.PV-----N--D.C-R.-E-M---N-TD.-L-I---T	64
HPV31	---A--D-. ---Y--VIDRQ---.N-----N--S.S--.-E-M---N-NCNVYN-.---A	63
HPV52	-E-----RE--T--E---I--Q---.N-----N-.Y-S.-T--I-----N.-N-E---H	63
HPV33	-----N-A. ---M--T--E--VI-RR---.N-----T-.D-S.-T--LE---MENS.I--DT	63
HPV58	-D-----N-V. ---A--T--E--VI-RR---.N--D---T-.D-S.-T--IE---QS-T.---A	63
RhPV1	-.-----P-. ---V--T--N-----R---.VV----.D-T---.-I-----TC.GSV.-TGD	60
HPV6b	---DS---N-. ---S--T--M-----QHP--T---D---EV.--S.-Y-M-----N-. . . .HNSL	61
HPV11	---DS---N-. ---S--T--M-----HT--T---E-EV.--S.-Y-M-----RH-. . . .NSV	61
HPV44	---NT---. ---S-----NT--Q-----AV.--S.-L-M-----RP-. . . .HNSM	59
HPV55	---NT---. ---S-----T--Q-----AV.D-S.-L-M-----RP-. . . .HNSM	59
HPV13	--EDT--NN-. ---S-----V--RT--Q---.D---TV.--S.-L-M-----RP-. . . .HNSV	61
PCPV1	--NT--DNK. ---S-----DR---E.E--D---TV.--S.-L-M-----RC-. . . .HNSL	61
HPV34	---SGNW-. ---R--S---N-----R---.A-PA--NY-G.D--ED-EMG---NAH.-S-IYSQQ	61

E1 SuperGroup A Markov Protein Alignment

most-likely	ETAQALLNAQEQAADAAAVQALKRKYLGSPYV.SPLSNIEPSVENDLSPRLDAIKLNRGSKKAKRRLF...ELP	132
HPV54	-NP----H--QL---VE---Q-----I-----..-VA-S--C--K-----G--S-G-R-A-----DK..AQ	132
HPV32	LK-----R-Q-H--KE-----L-----E.--A-DLQE-INKE-----GGLQ-C---QG-----QSL-NR	133
HPV42	VH-----K-Q-H--QE-----L-----E.--V-DSQH-ID-E-----GGLT-C---QG-----QSL-NR	133
HPV3	-V--E--LQ-A-AD-DVE--TV---FAP---F.--VCV.H--I--E-----G-QTS-----...---	131
HPV28	-V--E--LQ-A-AD-DV---V---FAP---F.--VCM.Q--I--E-----G-Q-GT-----...Q--	134
HPV10	-V--E-FQQ-T-AD-DV---TV---FAP---F.--VCE.QA-I-HE-----G-Q-A-----...---	134
HPV29	-V--E--LQ-A-AD-DE--HTV---FAP---F.--VCV...-I-HE-----G-Q-S-----...Q--	132
HPV61	-VPL--FVQ-N--D---T-----TC--AS..TCV...SL-DSE-----RIH--QDR-R-----...EQ	131
HPV2a	-IPLQ-YAQ-T--D-E-T-----FVA--L..AC-...CI-----S--K-E-----ET..P-	128
HPV27	-IPLQ-YTQ-I--D-E-T-----FVA--L..AC-...CI-----S--K-E-----ET..P-	128
HPV57	-VPLQ-YAQ-I--D-E-T-----FVA--L..AC-...CI-----S--K-E-----ET..P-	128
HPV26	-VT---FQ--QK--NTK--RN---L---QN...--QD..ITNQHRQQSDSQQNTHQVNNNSQ---AVDS..V-	129
HPV51	---R--FQ--L--NKE--HQ---F-V--RS...--GD..ITNQ-NTHSHSQ-...NESQV---LDS..Y-	126
HPV30	---Q--H--NTY--TQTLHN-----L..GDI-...NQQFVC-E..GV---IIDT.DVA	118
HPV53	---Q--H-XNTH--TQTL-K-----L..GDI-...NQQTVC-E..AV---IDT..V-	116
HPV56	-XS-Q--QV-T-H--KQTL-K-----IA--L..RDI-...NQQTVC-E..GV---ILS.D-Q	118
HPV66	---Q--QV-T-H--QTL-K-----I--L..DI-...NQQTVY-E..EV---I..LSE	116
HPV18	---FH--VHN--QVLHV---FA-GSTEN---GE.RLE-DTE---QE-S--S-Q-----...TIS	133
HPV45	---FH--V-N--QVLHL---FA-GSKEN---GE.QL--DT---QE-S--S-H-----...TIS	133
HPV39	---V--HM---R--Q--R-----TD-SGDTR-YG...KK-GRNTRGT-QE-S--VS-TQ-.TQTVYS..V-	131
HPV68ME180	---V--M-Q--R--QT-R-----TD-IES---A-...KSP-QE-...LSXMEVET-...-	113
HPV70	---V-Y-M---R--QS-R-----G--NLNK--CAK.P-G-HREQRVT-QELPV-ICN-Q-.-TNVYS..V-	133
HPV59	---F-V---R--REMHV---FGC-IEN.-SEK...AAAGKKAKSP-QE-SV-VNHP-V---I..TV-	130
HPV7	SN----H--QTC---VELCE---I,-----I-QCS---DG-----H---GG-.-ERL-QR	134
HPV40	SN----HV-QTC---DLCE---I,-----I-QYS---IDG-----H--R-GG-.Q-----QRV-QR	135
HPV16	---H--FT---KQHRD---V-----L..DI-...GC-D-NI---K--CIEKQ-RA-----...SE	130
HPV35h	---FH---E-THKE---V-----AS--L..-SV-...LC-N-NI---K--CIENKNTA-----...--	130
HPV31	---FH---EEH-E---V-----V--L..DI-...SC-DYNI---K--CIENN--T-----...--	129
HPV52	-A-R--F---GED-LH--S-V---FTS--E..AGQ...DG--KHG---AKH-CV-TECVLP--KPC...HVE	129
HPV33	-A-R--F-I--GED-LN--C---FAACSQ..AAE...DV-DRAAN-CRTS-NK-KECTYR--KID...-E	129
HPV58	-A-R--F-V--GVD-IN--C---FAACSE..AVE...DC-DRAANVCVSWKYK-KECTHR--KII...-E	129
RhPV1	-APG---H---T-H-E---V---FV---A...-G-YN-C-DR-----NE-S--Q--GQ-----...--	129
HPV6b	-.----F-R---DTHY-T--D-----INT-AEA--SEI-----T-QP--V---QTR--T	133
HPV11	-.----F-R---D-HY-T--D-----I--VANA--SEI-----TTQP--V---ETR--T	133
HPV44	-.----E---D-HY---D-----QA--C-I-----T-S-QP--V---DRP--T	131
HPV55	-.----E---D-HY---D-----KEA--C-I-----S-QP--V---ERP--T	131
HPV13	-.----E---D-HY---D-----GHV-Q--DC-I-----S-N--V---QSR-IT	133
PCPV1	-.----E---D-HY---D-----GH--Q--C-I---N--Q--S-KP--V---QSR-IT	133
HPV34	-I---YHS-QVN--NE-IRV---FA--AGS.--D-...KRH-LKHKQ-SPH-LTI-DTNTTSTH-L.C.-EQ	129

E1 SuperGroup A Markov Protein Alignment

most-likely	DSGYGNT.EVETEQQ.TQVE.....GNGGG...EG....CGG..GGN	163
HPV54	PPPN-H-.D--AA.....V-TE-...TD....ETE.....	156
HPV32	-----YS.---IR-..E---.....NGH-A...P....D-S..M--	162
HPV42	-----YS.---VQ-.....HGh-A...V....H-T..M--	162
HPV3	-----Q-.Q-D--S-PK--QDICKTS.....QQDGCQ-ADE-...R-....RNV-...--	175
HPV28	-----Q-.Q-D--S-PL--QDICETG.....TQDGRQDADE-...S-....RNV-...--	178
HPV10	-----Q-.Q-D--S-PK--QGSSETQDGRQDDDEGSVVQSTLDTGNQNGRQN-DE-...S-....RNV-..EH	197
HPV29	-----Q-.Q-D-DT-PS--QDGCET.....GDQNGRQQYK.....S-TKD-E-	176
HPV61	-----H-.Q--IGASES--P.....-DAQH...E....G--..ESV	162
HPV2a	-----Q.MVVGT...P-.....EVT-D...-E....SQ-...-RP	156
HPV27	-----Q.MVVGT...P-.....EVT-D...-N....SE-...-RP	156
HPV57	-----Q.MVVGT...P-.....EVT-E...DN....SQ-...-RP	156
HPV26	-----Y-....LTP.V-D.....KQYEE.....N--..LPS	158
HPV51	-----Q-...VEATL--D.....-QH-...SQ....NSV.....	155
HPV30	-----L-...AT...Q-Q.....D-TY-...S-K...QQD-...SQ	150
HPV53	-----L.EXV-AT.Q-QEQY.....VREAS--..KE....QN-...SQ	152
HPV56	-----L.ETL-TP.E-D.....EEVQ-...R-....-N..TQ-	149
HPV66	-----L.ETL-TS.Q-...YEK-N...-...-S..SQ-	146
HPV18	-----CS.---AT-..I--TT.....N-EH--..NV....S-...ST	165
HPV45	-----CS.---AAE...T.....V-TNA...E....N-...S	160
HPV39	-----M.---AEV.EE-T.....VATNT...N-....DAE-..EH	162
HPV68ME180-S.-TVA...TN.....T-AD...-...EDE-..E-	134
HPV70	-----M.---AE..VE-TVV.....NNT--EE...--..EN-...E-	167
HPV59	-----YS.---MLE...T.....VENT-...N-....DSN...SV	160
HPV7	-----YS.Q-...TE...EEH-E...PE....GIE-...S	164
HPV40	-----YS.---TE...R-...TEH-...PE....DTV-...S	165
HPV16	-----S.---Q-M.L-...-RHET-...-TPCSQYS-...S-G	166
HPV35h	-----S.---IQ-I.Q-...-HDTV...E....QCS...M-S	160
HPV31	-----S.---Q-M.V-...EQQT...LS....-N.....	157
HPV52	-----S.---AQ-MAD--D.....-QN-DWQSNS....SQS...S-V	164
HPV33	-----S.---Q-MVQ-...SQN-DT..NL....NDL..ESS	162
HPV58	-----S.---MAH-...SQN-DA..DL....NDS..ESS	162
RhPV1	-----S.---SL..L-A.....-G--Q...DV....QA-....	156
HPV6b	-----YS.---AGT-...KH-VP...E....N--..D-Q	163
HPV11	-----YS.---AA-...KH-DP...E....N--..D-Q	161
HPV44	-----S.---A-...R--EP...-D.....-Q	160
HPV55	-----I.D--A-...R--EP...-D.....-Q	160
HPV13	-----YS.---A-...R--EPE..ND.....-H	163
PCPV1	-----H-...V-AA-...RH-EPE..N-.....-H	165
HPV34	-----S.---YE..R--P.....P--C...LQ....STS...SS-	159

E1 SuperGroup A Markov Protein Alignment

most-likelyGGSE.....ESRGGVDG.E.DSENST..ES.....PTTQ..ILELLKCSNLKATLLGKFKELYGLSF	214
HPV54T.....DQVQT-S-.TTTD-L.G.....RQ-.T--IHNT-IRVA-F-M--D-----	202
HPV32-G.M.....G-VH--Q..-NQ-IG-.NT.....-R..VV-----K--Q-----F----	212
HPV42-A.V.....G-EL--Q..-NE-G-.T.....TP-TR.VV-----K--H-----F-V--	213
HPV3-SQ.....-E-A-G--.ESQTE-V..QTD...T-ACG.V-AI--A--H-----QF--G-	229
HPV28-Q.....-E-A-G--.ESQTQGV..QTD...KAACG.V-AI-RA--Q-----QF--G-	232
HPV10-SQ.....-E-A-G--.E-DLQS..T-T...GKGAGG.VV-I-RA--K-----QF--GY	251
HPV29-SQ.....-E-A-G--.ESQPL--.TE...KGACG.V-SI--A--Q-----QF--GY	230
HPV61QEA.....-E--G--.AEATGNQ..TQ...AQEQAAD---VF-V-----K--Y--D-F--A-	218
HPV2aVEDQ.....-E-Q-G--.A-LTVH-P.Q-G...TDAAGSV-T--RS-----S--D-F-VG-	213
HPV27VEDK.....-E-Q-G--.A-LTVQ-P.Q-G...TDAAGSV-T--RS-----S--F-VGY	213
HPV57VDVR.....-E-Q-G--.A-LTVH-P.Q-G...TDAAGSV-T--S-----S-----VGY	213
HPV26VC-.Q.....GGSNASV..-IDVD-H.VN.....SV--..C-----V--A--S--TV--V--	209
HPV51C-S--GSV.M.-V-.T--CA..NVELNS..C-V--S--A--MA-----I-Y	205
HPV30	T...SVC..R.....-NSIEA..S.-MDIGA..T.....PQ..-Q---S--VQ-K-CY---F-IP-	201
HPV53	H...SVC-RD.....G-I-SGSD.M.-VDRQD..IM.....LQ..-QDI---VQ-K-YC---DIF-IP-	206
HPV56-QNSTYSNN-EDS-IH.M.-IDRNN..-T.....-Q..LQD-F-S--QGK-YY---V--IP-	206
HPV66-QNS...NC-EHS-SN.M.-IDTNM..-T.....-H..LQ--F-S--VQGR-HF---V--VPY	200
HPV18	EAIDN--T.....GNSS--.G.T-D--NI..-NVNPQCTIA..LKD--VN-KQGAM-AV--DT-----	226
HPV45VH-.T.....Q-S--DSS.D.NA--VD..PHC...SI-E..LK---QA--K--AM-AV--DI-----	212
HPV39-VR.....-ECSS--S.AI---QDP.K.....-A..KL--QSN-K--AM-TQ---T-----	216
HPV68ME180-D-IR.....-DCSS--S.AI---QDP.K.....-A..LKV--Q-N-K--AM-TE--KV-----	188
HPV70-IR.....-ECSS--S.AI---QDP.Q.....-A..LKTV-QAN-Q--I--SQ--HT---A-	221
HPV59CSDSQ.....IDCSDSSN.M.-V--IVP.T.....-N..L-Q--HSK-K--AMYA-----	213
HPV7-RAAT.....VETEA-EVL-ES-DVIQ..QLS...R--.VV--F--KD-N-K-C-----F-VG-	219
HPV40-RV.T.....TDEAEAV..-VV-DGSH.VIDH.CS-R-.LI--F--KD-N-K-Y-----VG-	220
HPV16-C-.Q.....Y-S-SGG..-GV--RH-ICQT.....L-N..-NV--T--A--AM-A-----V--	219
HPV35h-D-.I.....T-S..S.....-RHD..-T.....-RD..-IQI-----AN-AM-A-----F-I--	205
HPV31SD-TH.....-REN..-T.....-RN..-QV--T--G--AM-----V--	199
HPV52-A-.N.....SDVCTS.I..-N-ENS..NR.....TLKS..-QNIMCENSI-T-V-F---T--V--	215
HPV33-VG.D.....D-EVSC.E.T.NVD.-C.-NV...TLQE..-SNV-HS--T--NI-Y---A--I--	212
HPV58-VG.A.....S-DVSSE..T.-VD.-C..NTV...LQN..-SNI-HN--T-----Y---A--V--	212
RhPV1-K.....NT-PDDG.....GGD..A.....-R-----S--SV--V--	195
HPV6b	EK.DT-RD.I.....-GEEHTEA..-APT--VR..-H...AG-AG-----KD-R-A-----CF----	220
HPV11ERD.TGRDIEG-GVEHREA..-AVDD--R..-H...AD-SG-----KDIRS--H---DCF----	220
HPV44-RD.T.....-GVEQ-ET..-VQTH-NTQQH...TG-TR.V-----K-IR-----DC---Y	214
HPV55-RDT.....-GVEQ-ET..-VQTH-DT.QLH...TE-TR.VV-----K-IR-----DC---Y	215
HPV13-RD.K.....-GE-Q-HT..-VHTG-QIE-H...TG-TR.V-----KDVR---Y---DC-----	217
PCPV1-RD.K.....-GE-Q-HT..-VHTE-EI.-HH...TG-TR.V-----KDIR---H---QC-----	219
HPV34N--QMASPGETNS-SSSI.S.NMDIDM..-T.....I-D..-TNI--S--V-----A---V-----Y	217

E1 SuperGroup A Markov Protein Alignment

most-likely	TELVRPFKSDKTTCTDWVVAAFGVNPSVAEGFKTLIQPYCLYAHIQCLTCSWGMVLLMLIRYKCGKNRLTVAKG	288
HPV54	MD-A-----V-----I-----IYHGITD-----LE-H---G---W---R-----L-T-F-----S-C	276
HPV32	GD---Q-----SS-----HH-I---N---KAEA--T---W---T-----F-----T---S---	286
HPV42	GD---Q-----SS-----I-----H-I---N---KADS--T---W---T-----F-----T---S---	287
HPV3	N--I-H---N--V-S---CV---YCTL--S-----Q-E---V-S-Q---TV-T-V-F-RA---E-----	303
HPV28	N--I-H---S--V-L---CV---YCTL---I-----Q-D---V-S-Q---TV---V---RA---E-----	306
HPV10	N--I-H---R-S-A---CV---FCT---I-----L-D---V-P-Q---TV---V---RA---E-----	325
HPV29	N---H---SR-A-V---CV---YCT---I-Q---L-E---V-P-Q---TV---V---RA---E-----	304
HPV61	G---N---SI-G---IC---YHA---AV-----I-V---IQ--Q---I---V-----S-E---HS	292
HPV2a	Y---Q---S--A-A---C-Y--YYA---L-K---HTQ---VQ-S---VF--L--N-A---DS-S-N	287
HPV27	Y---Q---S--A-A---C---YYA---I-Q---HTQ---V---VF--L--N-A---D--S-N	287
HPV57	Y---Q---SR-A-A---C--R-YYA---I-Q---HTQ---IQ-S---VF--L--N-A---D--S-N	287
HPV26	A---V---C-S---C---AG---SI-S---Q---Y-----N--VIV---V-FT-A---T-IKNC	283
HPV51	N---V---C-I---C-L---S-M---NL---K-F-M-Y---S-D--TIV---FS-A---T-I--C	279
HPV30	S---T---S-C-H---IC-M---ETL--AL--I-KSQ-M-Y-----T--V-I-----T---K-II-S	275
HPV53	S---T---S-C-H---IC-I---EHX--AL--I-KTQ-I-Y-M---T--V-I-L---T---K-IV-S	280
HPV56	S---T---S-C-N---IC-I---ETL--AL--I-K-H-M-Y-M---T--VIVM---T---K-I--A	280
HPV66	---T---S-C-N---IC-I---ETL--AL--ILK-Q-V-Y-M---VIVM---I---K-IT-S	274
HPV18	-D--N-----T-I---TI-----FI-----D-K--VLI-A-L-----S-----	300
HPV45	-D--N-----M-I---T-----K-AT-----D-K--VLI-A-L-----S-----	286
HPV39	-D--T-----A-I---H-TI-----NK-A--T---S-DTKQ-VLI-----T---V--G--	290
HPV68ME180	ND--T-----A-I---TI-----KQ-A--T---DTKN-ILLI-----I--G--	262
HPV70	ND--T-----I---A-IC---TI-----A--T---DTKY-VYI-L-----I--G--	295
HPV59	QD--T---R---S---T-I---T-----V-----D-A--V-I-A-L-----I-----	287
HPV7	HD--Q---S---Y-V---TI---H--LKGQA--L-T-WT--R-----A-C--VA--E--VRQ	293
HPV40	GD--Q---S---Y-V---TI---H--LKRQA--L-T-WTS-K-----A-C--V---E--VRQ	294
HPV16	S---I-----N-S--C--CI---LT--I-DSI---L-Q---L---S-A---V-L-V-----E-IE-L	293
HPV35h	---I-----S---C---IA---SL---K---I---S---I-A-L-F--A---T-IE-L	279
HPV31	M--I---Q-N-S---C---TGT-----L-----C-L-S-A---M--V-F--A---I-IE-L	273
HPV52	M-----NRSS---CIIGM--T-----L-V---SI---L-----DR-VLI-L---F-----S-L	289
HPV33	M-----S---CITGY-IS---SL-V--KQHS--T-L---DR-III-L---FR-S-----L	286
HPV58	M-----S---CITGY-IS---SL-V--KQHSI-T-L---DR-II-L---F--S-----L	286
RhPV1	S---S---R--A---G-A--HH---L-Q---F-S-----D--VY--L-A-F-----S-C	269
HPV6b	ID-I-----L---G--IHH-IS-A-QK--E-LS-----W--NA-----V-L-F-VN-S-S---RT	294
HPV11	VD-I-----R--A---G--IHH-I-DA-QK--E-LS-----W--NA-----V--F-VN-S-C---RT	294
HPV44	-D-I-Q-----G---I---HH--S-A-QN---VTT-S---W--NA-----A-V-F-VN---C---RM	288
HPV55	-D-I-Q-----G---I---HH--S-A-QN---VTT-S---W--NA-----A-L-F-VN---C---RM	289
HPV13	-D-I-----G---IHH--S-A-EK-M--LTT-M---W--NA-----V--F-VN-S-C---RT	291
PCPV1	-D-I-Q---N---E-----HH--S-A-EK---LTI-R---W--NE---L--V-L-F-VN---C---RT	293
HPV34	M-----Y-----Q-Q---C-V---A--L--SL-S-LTQ---I-L-----IIV-L-A-F--N-----Q-L	291

E1 SuperGroup A Markov Protein Alignment

most-likely	LSTLLNVPETQMLIEPPKLRSTAAALYWYRTGMSNISEVYGETPEWIQRQTVLQHSLADSQFDLSEMVQWAYDN	362
HPV54	-GM---I-----D-----TP-----Q-L--A--IF-TP---LA----IEY-----K-----H	350
CgPV1	X---X--H	9
HPV32	MCK---I-AN-L-----R-Q-V---I--F-A-I--A-V-T-----IVE-CF--T--N-T-----	360
HPV42	--K---I-TN-L-----R-Q-V---I--F-S-I--A-I-T-D-----I-E-CF--A--N-T-----	361
HPV3	F-----NH-----AP-----FK-SL--C--F-----V---VG-A-EEA--S-----Y--H	377
HPV28	-----SH-----GP-----K-A--C-D-----V---MVG-A-EEA--S-----Y--H	380
HPV10	-----S-----GP-----K-S--SC-D-----V---MVG-AME-A--S-----H	399
HPV29	-----SH-----SP-----K-S--D-----V---MVG-A-QEV--S-----H	378
HPV61	MGK---I--R-----I--APC-----A-G-A-----V---VG-AMQEA--S--ML-----	366
HPV2a	M-M---I--KH-----P-----K-A-G-G-----V---LVG--ME-E--R--V--Y--H	361
HPV27	M-M---I--KH-----P-----K-A-G-G-----V---LVG--ME-E--R--V--F--H	361
HPV57	M-M---I--KH-----P-----K-S-G-G-----V---LIG--ME-E--K--V--Y--H	361
HPV26	-CM-----L-----V---F-K--L---T--D---V---Q-E--FD-AT---K----F-H	357
HPV51	---V-I-QS--F-----PV---F---I---NT-----T---Q---FE--T-E--Q---F-H	353
HPV30	--SIV---SE--VQ---I--P-V---F-K-A---DI-----QI---FQ-C--E--K---F--	349
HPV53	--ASI---TE--VQ---I--P-V---F-K-SI---D--S---E---Q---FE-C--E--K---F--	354
HPV56	--SI---QE---Q---I--P-V---F-K-A---D--D-----Q---Q---E--K---F--	354
HPV66	--SI---QE---Q---P-V---F-K-A---D-----Q---Q--N--E--K---F--	348
HPV18	-----H---C---Q-----SV-----I-----M-D-----L--II--GID--N-----F--	374
HPV45	-----H---C-----SV-----I-----S-D-----L--II--GID--N---D---F--	360
HPV39	-----H---SC--L-----PV-----I---V-T-D-----L--I--GID--V---D---F--	364
HPV68ME180	-----H---DSC--LQ-----PV-----I---C-D---K-L--II--GID--V---D---F--	336
HPV70	--K--H---SC-----PV-----S-T-----L--I--GID--V---D---F--	369
HPV59	-----H--D-C-----GV-----I-----L--II--GVD--V-----I---F--	361
HPV7	-AKM---DN-LMVQ---Q-S---F-F-S--G-G--S-T---AK--M-E--F-EA--S-TQ-----	367
HPV40	--KM---DN-I-VQ---Q-PP---F-F-A--G-G--S-T---AK--M-E--F--T--S-TD-----	368
HPV16	--K--C--SPMC-M-----K--I-----D-----FN-CT-E--Q-----	367
HPV35h	--K--CISAAS--Q-----P---FK-A-----D-----FN-AI-----	353
HPV31	-EK--CISTNC--Q-----D-----E-----FN-TT---Q-----	347
HPV52	M-Q---I--H-V-----ATC-----L-----T---EQ-----FDN-I--FG-----H	363
HPV33	M-N--SI--C-V-----QTC---F--A---D-Q-T---D-L-----FN-NI-----	360
HPV58	M-N--SI--C-I-----Q-C---F--A---D-Q-T---D-L-----FN-DI-----I-----	360
RhPV1	M-----Q--H-----A-----I--V--I-----T---MF--G-E--I-----H	343
HPV6b	-A---I--N-----IQ-GV---F---I--A-T-I--A---T---IE-G-----K-T-----	368
HPV11	-G---I--NH-----IQ-GVR---F---I--A-T-I--A---T---IE-----K-T-----	368
HPV44	MA-R--I--DH-----IQ-GV---F-S-I--A-I-T-----T---IVE-G--N--K-AD-----	362
HPV55	MA-R--I--DH-----IQ-GV---F-SSI--A-I-T-----T---IVE-G-G-N--K-T-----	363
HPV13	-A-F--I--DH-----IQ-SV---F--I--A-I-T-----K---IVE-G--N--K-T-----	365
PCPV1	-A---I--DH-----IQ-SV---F--SL--A-I-T-----A---IVE-G-----K-T-----	367
HPV34	-HG---TQEY-----R---PC-----SL---TV--V---K---V---E-C---Q---F--	365

E1 SuperGroup A Markov Protein Alignment

most-likely	DITDES	DIAFEYAQLADVDSNAAAF	LKSNCQAKYVKDCATMCRHYKRAEK	RQMSMSQWIKFRCSKVDDGGD	WKP	436
HPV54	NYI-D-I-L-K-I-E-G-G-I-Q-M-T-H-DL-EEE-E-E					424
CgPV1	-RIW-Y-R-N-AC-AA-T-SX					69
HPV32	-L-ED-Y-R-T-GI-K-QMKR-P-H-SERTG-N-R					434
HPV42	-ED-Y-R-R-GV-K-QM-R-GA-H-SA-IG-S					435
HPV3	-TL-Y-LQ-T-A-A-AC-G-QAR-N-E-GD-IQGD					451
HPV28	-ML-L-T-A-S-AC-G-QAR-N-E-W-GD-QGD					454
HPV10	-TL-Y-LI-T-S-L-AC-G-QAR-N-E-W-GD-QGD					473
HPV29	-GTL-Y-LI-A-AC-G-QAR-N-E-R-SN-QGE					452
HPV61	-VL-Y-L-GNE-P-A-I-AI-K-R-QAK-T-A-TH-GR-A-T-A					440
HPV2a	-VE-VL-A-N-AV-RE-T-GN-SEE					435
HPV27	-VE-VL-A-N-AV-RA-N-GN-LEE					435
HPV57	-AL-A-N-L-AV-RE-T-G-ISEE					435
HPV26	-D-E-K-I-T-Q-S-C-LQY-IEE-S-E					431
HPV51	EVL-D-E-H-I-G-A-QRKSL-A-RY-DRAK-N-RE					427
HPV30	-V-D-Y-L-Q-M-GI-QQ-N-K-THI-E-R					423
HPV53	EV-D-Q-H-Q-M-GI-QQ-N-K-HV-E					428
HPV56	EV-D-Q-Q-Q-M-GI-QQ-N-C-HI-T-E					428
HPV66	EV-D-Q-L-I-Q-M-GI-QQ-N-C-HI-E					422
HPV18	EL-M-L-SN-L-K-R-Q-N-R-I-E-R					448
HPV45	-L-M-Q-CN-L-V-Q-N-Y-I-E-R					434
HPV39	EY-N-M-CN-K-Q-C-E-R					438
HPV68ME180	EL-S-M-CN-Q-P-C-E-R					409
HPV70	-V-ED-YG-L-SN-R-Q-K-T-A-R-D-C-R					443
HPV59	-L-Y-LI-SN-L-V-Q-W-D-IEE					435
HPV7	GH-CE-YY-I-I-A-N-R-A-K-RL-M-R-AD-H-GE-C-E					440
HPV40	GH-CE-YY-R-A-N-R-S-K-RL-M-R-AE-H-GE-C-E					441
HPV16	-V-D-E-YK-TN-S-S-I-K-Y-DR-SV-N-Q					441
HPV35h	-FI-D-YK-ETN-C-S-I-E-T-R-E-D-RD					427
HPV31	-VM-D-E-YK-S-C-S-I-G-S-D-S-E-RD					421
HPV52	-D-YK-N-S-I-RKH-NIG-QY-DR-I-R					437
HPV33	EL-D-YY-KR-SN-S-I-GI-K-K-IG-QS-E-TN-N-R					434
HPV58	-D-YK-N-R-A-I-GV-G-T-G-QS-E-TN-N-R					434
RhPV1	-F-D-V-Y-GI-A-RQ-T-Q-E-T-R					417
HPV6b	-CE-E-RG-F-R-N-M-H-M-K-IK-H-G-IEGT-N					442
HPV11	-CE-E-RG-F-R-N-M-I-H-MKK-IK-Y-GT-SV-N					442
HPV44	-FCE-E-R-I-A-R-N-K-T-MKK-N-K-S-FE-T-N					436
HPV55	-FCE-E-R-I-A-R-N-K-T-MKK-K-S-YEET-N					437
HPV13	-FC-E-RG-F-R-N-K-N-MKK-K-TY-SK-IEEA-N					439
PCPV1	-YC-C-KR-F-K-N-K-N-MKK-T-N-H-SK-I-ET-N					441
HPV34	--NDCE-YK-L-SE-A-G-A-RK-T-TH-DLI-N-H					439

E1 SuperGroup A Markov Protein Alignment

	putative ATP binding	
	-> <-	
most-likely	IVQFLRYQGVEFISFLSALKLFLKGTPEKNCIVYGPNTGKSYFGMSLIKFLQGTVISYVNSSSHFWLQPLAD	510
HPV54	--R-----H-D---MI---Q--Q-I--H---LL---D---N-A---S--G-V-L-----E-----	498
HPV32	--K-I---ID-LT-M--F-K--HNI---S-L-LI-----Q-----V--A---F--H-----DS	508
HPV42	--K-I---QID-LA-M--F-K--HNI---S-L-LI-----Q-----N--A---F--H-----DS	509
HPV3	---Y---D---P--C---S--Q-I---S---F---AD-----C--L--G-V---A-----E	525
HPV28	-----HD---P--C-F-T--Q-I---S-L-F---AD-----C--LR--G-V---A--N-----	528
HPV10	-----D---P--C-F-T--Q-V---S-L-F---AD-----C--LR--G-A---A-----SE	547
HPV29	--H---N---P--C-F---Q-I---S-L-F---AD-----C--L--MG-V---A--H-----SE	526
HPV61	--KY---Q---VP-I-----V---S-M-F---SD---L-C--LN--G-A-----S-----	514
HPV2a	--R---H---V---A-F-----V-----F---AD-----C--LQ--G-A---A-----S	509
HPV27	--K---H---V---A-F-----V-----F---AD-----C--LQ--G-A---A-----S	509
HPV57	--K---H---V---A-F-S---V-----F---AD-----C--LQ--G-A---A-----	509
HPV26	--AK---F-H-N--Y--QV--Q-----H-----Q-A--F--M--S-----N-----E	505
HPV51	--AK-----N-M--IQMF-Q-----H-----L-A--M--M--SI-----G-----E	501
HPV30	-----D---YF---R---H--L-L-----C-A---Q-F--S-----H-----DN	497
HPV53	-----YF---Q---H--L-----C-A---N-FH-S-----H-----DN	502
HPV56	-----D---YF---Q---H--L-LC-----C-A---F--S---F--Q-----DN	502
HPV66	-----D---YF---Q---H--L-LC-----C-A---N-F--S---F--Q-----DN	496
HPV18	-----QI---T--G--S-----L-FC--A-----F-H-I--A--F--T---E--T---	522
HPV45	-----R---E-----LL--A-----F-H---AI--F--N---E---	508
HPV39	-----I---C--E-----A---H-C--MH-----T---E---	512
HPV70	-----T--C-F-E-----Q-----C--MH-----T---E---	517
HPV59	-----T--C--D-----R---LC--A-----LH-----H--N---E--T---	509
HPV7	--KL---HIDI-V--A---KW-H-I-----C-V--D---C---MH---I--F--C-----S-V-	514
HPV40	--KL---HIDI-V--A---KW-Q-I-----C-V--D---C---MH-M---I--F--C-----S--	515
HPV16	--M-----M--T---R--Q-I-----LL--AA-----L-----M---S--CF--K-----	515
HPV35h	--R---Q-D-VA-----N--H-V-----L--A-----L---MH---AI---K-----Y-	501
HPV31	--K---QI--V-----V-----L-H-A-----S---CI--A--K-----	495
HPV52	--R---DI--TA--D-F-K---I-----L-L--A-----R--S-C---K-----T-	511
HPV33	---L---NI--TA--G-F-K---I---S-ML-C--A-----Q--K-C---C---K-----S-	508
HPV58	-----NI--TA--V-F-Q--Q-V---S-MLLC--A-----H--K-CI---K-----S-	508
RhPV1	-----A--A-----I-----LF-----H---SI---N-----	491
HPV6b	-----H-NI--P--TKF--W-H-----A-V--D-----C---S--G---H-----V-	516
HPV11	-----H-NI--P--K--W-H-----A-V--D-----C--C-----G-----C-----T-	516
HPV44	-----H-NI--P--TK--MW-H-----A-V--D---C-C-----G-----CN	510
HPV55	-----NI--P--TK--MW-H-----A-V--D---C-C-----G-----CN	511
HPV13	-----H-NI--P--K--W-H-----A-V--D---C-C-----G-----CN	513
PCPV1	-----H-NI--K--W-Q-----A-V--D---M-C-----G-----CN	515
HPV34	-----Q--VP--I--Q---I--Q-----D--H---MQ-M--V-----N---S---	513

E1 SuperGroup A Markov Protein Alignment

most-likely	AKVALLDDATPQCWTYIDTYLRNALDGNPISIDRKHKALVQIKCPPLLITSNINPLKDDRKYLHSRVTVTFPP	584
HPV54	--I-M-----T--N-M-I-M-----MCF---R-M--T-----IV-----AST---R-----KC-C--	572
HPV32	--I-M-----P---L---L-----C-----TVV-----I---TDIRTE-----Y--ISL-E--	582
HPV42	--I-M-----P---L-I---L-----C-----TVV-----TDIRTN-K---Y--SL-E--	583
HPV3	--IG-----S---C-----QVC---R--L-L-----T-----G-E---R--LQ---N	599
HPV28	--IG-----S---C-----QVC---R--L-L-----T-----E-----R--QL---K	602
HPV10	--IG-----S---N-----Q-CV---R--L-L-----T-----T-E---F-R--LQL---K	621
HPV29	--MG-----S---S-V-----VMC---RS-L-L-----T-V---E-----R--LQ---S	600
HPV61	T--G-----Y--Q-----TV---A-----RN-T-L---M--T---E-PTF-----IV---Q-L	588
HPV2a	S-IG-----S---I---L---H-V-----T-L-L---M--T-T---EE-----R--L---K	583
HPV27	S-IG-----S-----L---V-----T-L-L---M--T---EE-----R--L-L---N	583
HPV57	S-IG-----A-----L---F-----T-L-L---M--T---EE-----R--L-K-T	583
HPV26	---V---YS--L--K--F---CC---RS-L-VT---I-----QE-NSLL-----IP--	579
HPV51	--I-----YG---Q---F---C---RS-I-LV-----QE-ANLM---T---L-K-L	575
HPV30	--LGM---DA--R--E-M--L---V-L---Q-----VI--T---H-AKLQ---IH-VP-L	571
HPV53	T-LGM---EA--K--E---L---V-L---Q-----V--T---MQ-AKLR---IH-LQ-L	576
HPV56	--LG---EI--K--D--LV---L---Q-----T---ML-AKLR---ML--Q-Q	576
HPV66	--LG---DT--R--D--L---L---Q-----VI--T-V---MQ-AKLR---IS--K-E	570
HPV18	T--M---TT---F--M-----P-I-L---I-L-T--H-A--N--P--E--I---E--	596
HPV45	T--M---HT---F-N-M-----P-L-L---I-L---D-A--NK--P--E-----	582
HPV39	--L-M---GT--S-F-N-M---YA--L---Y-S-L-M-----T--VE---P--R--L---K--	586
HPV70	---M---GT--S-F--M-----L---RH-I-----I---T--VEEN--P--T--L-----	591
HPV59	R-L-M---DS---F--M-----V---RH-----M---T--VT-N--P--N--LM--K--	583
HPV7	---M---V-SA--A-M--HM--L---T---S-AV-----L---IKH-CKYQ--Q-----E--	588
HPV40	---M---V-AA--G-M--HM--L---T---P-AV-----L---ITQ-SKYQ--Q---Q--E--	589
HPV16	--IGM---VP--N--DN-----LV-M-V--RP---L-----AGT-S--P--N-LV-----	589
HPV35h	--I-M---SP--A--Q-----L-V-----L-----AG-----P-----V---H	575
HPV31	--IGM---TP--H--N-----V--V---M-L-----AG-----P-----LV-----	569
HPV52	---GMI--V--I-----D-M-----D--V-V--R-----IL-T-T-AGT-P--P---LV--H-K	585
HPV33	--IGMI--V--IS-----D-M-----E---V--R---L-----L---T-AGT-S--P---L---E-K	582
HPV58	--LGMI--V-AIS---D-M-----D--V--R---L-----I---T-AG--S--P---L---E-N	582
RhPV1	---M-----S--N-----V-----N--M-----T-AGQ---M-----MV---E	565
HPV6b	-----QP--I-M---M--L---M-----TL-----V---DIT-E-KY---T---T---	590
HPV11	-----QP---M---M--L---M-----R--TL-----V---DIS-EEKY-----T---	590
HPV44	-----V-QS--V-M---M--L---MT-----S-AL-----IV---DIT-EEKY---C---L---	584
HPV55	-----V-QS--V-M---M--L---MT-----S-AL-----IV---DIT-E-KY---C---L---	585
HPV13	-----QS--V-M---M--L---M-----S-AL-----V---VDIT--KY--Y---TL---	587
PCCPV1	T-----HS--G-M---M--L---M-----S-AL-----V---DITTEEKY---Y-----K--	589
HPV34	--M-----A-----R-----MCL---H-L-----T--KA--T-----MK---S	587

E1 SuperGroup A Markov Protein Alignment

```

E2 cds start for HPV45 ->
E2 cds start, HPV18, 39 ->
E2 cds start, HPV51, 26, 6b,
11, 13, PCPV1, 34, 35h, RhPV1 ->
E2 cds start, HPV30, 53, 56, 31, 52, 16, 33, 58 ->
most-likely NFPFDSNGNPVYELNDKNWKCFFSRTWSRLDL...QEEEDE.ENDGDTSQTFRCVPGQNRTTLR 645
HPV54 -R-----D-SN---S--K-S---A-N..DNDN-E-...-P-N-----KAS-PI..$ 633
HPV32 ----L-K-----V---E---S--Q-L--S-EF...-S---.EN--G-----TVV--V..$ 642
HPV42 ----L-T-----S--Q-L--S-EF...-S---.DY-E-G-----TVV--V..$ 643
HPV3 -K--LTTQ-E-L-T---Q---S--Q-L-A-N...TDP---.DN-N--EP-----V..$ 659
HPV28 -K--LTTQ-E-L-T---Q---R-L-A-S...TDPD---.EN-NP-EP-----A---. $ 662
HPV10 ----VTTQ-E-M-T---Q---R-L-A-S...TDP---.EH-NP-EP-----A-I.. $ 681
HPV29 --C-LT-K-E---T---Q---S--Q-L-A-S...TDPD---.EN-EP-EP-----V..$ 660
HPV61 HKC-LN--D---T--NE---S--R-S-A-IEGSDQQE---E-.DE--V--RP-----EI--P.. $ 652
HPV2a ----A-P-E-L-PI-NA-----Q-S-----...NSP-EQ.DDN-N-GEP-----DVA--V.. $ 643
HPV27 ----A-P-E-L-PI-NA-----Q-S-----...NSP-EQ.DDN-N-EP-----DVA--V.. $ 643
HPV57 ----A-P-E-L-PI-NA-----Q-S-----...NSP-Q..DN-N-GEP-----DVA--V.. $ 643
HPV26 -T-----A-T-V---S---T-----...E-DA-K...-EPLPA-K---E---L.. $ 638
HPV51 -T---N---A-T---E---N---T-----...E---K...-PMPP-K---E---L.. $ 634
HPV30 ----I-T-----Q--NV-----E-----...NND-K...-H--SMP-----E-S-LF.. $ 631
HPV53 ----I-V-----Q--NA-----E-----...DND-K...-AMP-----E-S-LF.. $ 636
HPV56 ----L-N-----SNV-----T-----N...DND-K...-N--AFP-K---E---LF.. $ 636
HPV66 ----L-N-----SNV-----E-----N...DND-K...-N--SIP-----E---L.. $ 630
HPV18 -A---K-----I-----E-----H...E---A.DTE-NPFG-K--A--H-P.. $ 657
HPV45 HA---K-----I-----E-----H...EDD--A.DTE-IPFG-K--T---P.. $ 643
HPV39 -A---Q-R---TI-----E-K--C-----...QD--GD--EN-FT-K--T---I.. $ 647
HPV70 -A---Q-R---TI-N---S--QK--CK-----...QD--GD--N-IP-K--T-E-----. $ 652
HPV59 -KL--K-R---TI--R-----E---C---N...E---A.DS--HPFAA-K--T-S-I-----. $ 644
HPV7 -----A---S-A--NS--K-LA-S-E...-TT---.DG..E--AP-F--TVV---. $ 646
HPV40 ----A---A---A--NS--K-LA-S-E...-TPG--.DG..ES--AP-F--TVV--V.. $ 647
HPV16 -E---E---S---S---S---S...H-D--K...-SLP--K--S---N---. $ 649
HPV35h -E---K-----G-----S-----C--N...H---K...-AFPA-K--S-----D$ 637
HPV31 ----K-----S---S---C--N...H---K...-SFS--K--S---I---. $ 629
HPV52 ----E---I--I-NE---S-----CK-----...IQ---K...-VDTG--K--SA-K---SI-S$ 647
HPV33 ----E---AI--E---S-----CK-----...I---K...-H-GNIS--K--SA-E---S-S$ 644
HPV58 ----A---KI--E---S-----CK-G...I---K...-GNIS--K--SA---P-HI--S$ 644
RhPV1 Q-----Q-----S-----...---ET...-S-CRA-K--A---L--V.. $ 625
HPV6b ----R---A---SNT-----E-LS-S--I...-DS---.D--SN--A-----TVV---. $ 649
HPV11 ----R---A---S-A-----E-LS-S--I...EDS---.D--SN--A-----SVV---. $ 649
HPV44 ----R---AL-D-CET-----A-LS-S--I...-TS---.DD..-N--A-----TVV--V.. $ 643
HPV55 ----R---AL-D-CES-----A-LSTS--I...-TS---.DD..-N--A-----TVV--V.. $ 644
HPV13 ----R---A---S-A---T-LSAS--I...-DS---.DD..-N--A-----TVV--V.. $ 646
PCPV1 ----R---A---C-A---A-LSAS--I...-DS---.DD..-A-----TVV--V.. $ 648
HPV34 ----L-Q-TNE---A--TK--K---...T-DD-K...-V---K--S-R-P--V.. $ 647

```

E1 SuperGroup B Markov Protein Alignment

```

E7 end for HPV5 <-
  <- E7 end for HPV15, 17, 9
  <- E7 end for HPV4, 65, 19, 25, 14d, 47, 8, 12, 49
most-likely MADP..KGT....TSKEGCSDWCI.L.EAECSD...LDNDLEKLFEE.DTDSDISDLIDDED.LEQGNREL 59
HPV19 --ES...S.....-FG-----VE-----D-----L--N----- 59
HPV25 -----S.....-FN-----I-----Q--DQ-----L-EN-.V----- 59
HPV20 -----S.....-D-LD---V-----V-----E--DR-----E-L--N----- 59
HPV21 -----S.....-LE---V-----VE-----E--DR-----E-L--N----- 59
HPV14d -----S.....-D-LD---V-----IE---E--DR-----E-L--N-D-D----- 60
HPV5 -T--NS--S.....-FG---L-.-D-----VE--GQ--R-----L--TE-----L-- 61
HPV36 -----S.....-FG-----D-----IE--M-Q--R-----C-----L-- 59
HPV47 --S...S.....-FG-----D-----VED--GQ--R-----L-NC--D----- 59
HPV12 --S...S.....-L-----E--F-Q--Q-----V---L-NGE-----L-- 59
HPV8 --H...S.....-L-E-----V---F-Q--R-----L-NC--D---L-- 59
HPV24 --N...S.....ETD-LHE--L-.-D-----IE--DT-L-Q.NS---V---SNDGD----- 59
HPV15 -S-D...-Y....DP-----FV-.-A.S-G-----G--T-----N-.TV----- 62
HPV17 -T-DN.-.-KF....DP-----Q-----N.S-G-----G--TE-----I.I----- 64
HPV37 -T-DT.-.-KF....DP-----FV-.-N.S-G-----GN-T-----TV----- 64
HPV9 -S-N...-KL....DP--C--A-LS-.-S.S-G-----D-.G-----G-.AV----- 63
HPV22 -D-D...-DTT...DA---G-FM-.-A--DSD--S-----D.G-E-V---N-D-TAA----- 66
HPV23 -D-D...-D....-A---T--L-.-A--DSD--DS-----NAE--V---N-D-NAA----- 64
HPV38 --D...S.....DP-----FIY-.-ISD-----T-L-.GAG-----N-V.V----- 62
HPV49 --D...S.....DP-----E-F-DN--D-----E---Q--D-.SPK-N--N-LN--EDV-----D- 61
HPV4 -----DN...FDL--NN.-Y-VH---T...SIDT-DD-CD-SND--N--N---DV.VD---LA- 61
HPV65 -----EN...FDL--S.-Y-VH---T...SIDT--D-CD-.S--NV-N---DV.VD---LA- 59
HPV48 --H...-DNIDHNDVLD-SWCL.-T-----E....DT-VD---STN--VV-N-L--SESI I---E-S 64
HPV50 --EL...-DNN...SNV-IINELFDN.--V-D....DSFQE--D-STDE-T--N---SENVV---HA- 62
HPV60 ---N...-INSL...ELN--H-E-YVVT-----IN...SLDTM-E---STDG-IV-N---SEE--E---LA- 66

most-likely FHQESESESEQLQKLRKRY.LSP.K....AVAQLSPRLESISLSPQOKSKRRLFAEQDSGLELT....LTN 121
HPV19 -----CQ---H-----F----- 121
HPV25 --L--CQ-----F----- 121
HPV20 -----CKD-----I-----I----- 121
HPV21 -----K-----T-----C----- 121
HPV14d -----K---H-----Q....I-----T----- 122
HPV5 -----C-Q-----N----- 123
HPV36 -----CKQ-----C-----Q-----V-----N----- 121
HPV47 -----CKQ-----FN----- 121
HPV12 -----C-Q-----I-----S-----N----- 121
HPV8 -----C-Q-----Q-----V-----N----- 121
HPV24 -Q---L---NAL--S-----I-----L---Q-----SDH-T--K-----V----- 121
HPV15 LC-----Q-IHW-----I-S.Q...E-L---QC-I--H-----S....F.- 122
HPV17 LC-----Q-I-L-----S.Q...E-L---Q--TI--H-----R-----S....F.- 124
HPV37 LC--Q---Q-IHL-----F-S.Q...EIL---Q--TI--H-----G-----S....F.- 124
HPV9 -C-----Q-T-L-----I---Q....L---Q-----H-P-----CS....V.- 123
HPV22 LC--Q---C-Q-I-Y-----F---.---Q-----Q-MNI--GH-----V-H---CS....- 127
HPV23 LC-----C-Q-I-Y-----NI--E....Q-----Q-LN--GH-----V-----S....- 126
HPV38 LC--R---L-V-Y---C.F---.---QE---Q-MNI-SEH-----V-----S....- 123
HPV49 LR---F---A--V-----F---.---Q-----Q-M-I--R-----E-----SGLEQS--- 127
HPV4 YNA-IN-DCDNA-AH-----NK--EQ....---E---Q-QAVKIT-ERH-----Q....-IFE.....D 120
HPV65 YNAKITDDCDNAIAH-----NK--EQ....---E---Q-QAVKIT-ERN-----Q....-IFE.....D 119
HPV48 DRC...IQ..-LKR--NVTP.E...-...QISE-----SAVHIT-ERA-----N....-VVE.....D 114
HPV50 LNA-L---YDKD-VTV---FYAT-E...LASD-----SAVHIT-ERQ-----R....-I-D..... 120
HPV60 YNE-LT-DCNRAILA---LTKT-L-SQDRT--D-----AVTI--RQ-----GE.....D 129

```

E1 SuperGroup B Markov Protein Alignment

most-likely	EAEDVT...SEV...EVPALDSRPVA.EGGSG.LDIHYTLLLRSSNVKATLLAKFKEAFVGVFNELTRQFKS	185
HPV19	-----S...-----Q---.GEQ--DI---F-A--AN-NR-I-M-----YD-----	186
HPV25	-----S...P-----N-Q---.Q--DI--S-A--A-N--I-M-----D-----	186
HPV20	-----S...E-----Q---.HL-TV---E--A-H--I-----I--D-----	187
HPV21	-----S...-----Q---.AQL-TV---KE--A-N--I-M---F---D-----	185
HPV14d	-----S...-----Q---.AQI-TV---E--A-N--I-M-----D-----	187
HPV5	-----P-----I---DD---DV---A---K---M---S-----	188
HPV36	-----I---DD---DV---LS---K---M---A-----	186
HPV47	-----P-----I---DDD---DV---A---Q---Q-----	187
HPV12	-----S...P-----I---D---AI--D-LS---I---M---S-----	186
HPV8	-----S...H-----I---ED---A---D-A---T---M---D-----	186
HPV24	-T---.TL-QQEE---ETSSTS.NLRKE.DNA--KE-M-C-L---S---N---S-V---R-	189
HPV15	--Q-F-...QQT...L---T-VV-Q..GA.K-.G-VKD-.KCN---M-----M---Y--	184
HPV17	---L-QQTL---.Q--S-TG-V-AE.Q-VK-.G-VKD-.KC---M-----YMD---Y--	191
HPV37	---F-QQTL---.Q--S-SG-E-AD.Q-AK-.G-VKD-.KC---M-----M---Y--	191
HPV9	---LSE...TQ---.E---.NPPTT-.Q-TK-.G-VKD-.KH---V-M-----A---Y--	187
HPV22	---L...E---.SAPA-A-.Q-.GV.GSG---S---CN---V-G---D---SY-----R-	190
HPV23	---V-F...Q-L...SAPG-A-.Q-V-.GHIES--.CK-A-V-H---G---ISY-----	189
HPV38	---S...Q-L...SAPA-A-.DI-.GTVRD--.SR---S---DS---S-T---Y--	186
HPV49	-I--TP...A-L...ATPAEQ..G-QGE.GNL--KE-M-CN-SR-K--S-V-Y---Y--A--Y--	190
HPV4	---NSL...TQ---.SES.QAG-SS.QD.G-.G-NLL-.Q--RR--M-----WY--SY--I--IY--	181
HPV65	---NSL...TQ---.SNSQTGGNS..QD.G-.G-NLL-.QT--RR--M-----DWY--SY--I--VY--	180
HPV48	---SN...IQ-D.SLL-QK-.AGNQ..N-.AE.CELN.SI-.N-IR--V-C---DK---S---S---	176
HPV50	---N...I...Q-QD--SN--.GNKN-.A-AELYS-H-N-RR-A-C---KY-IP--I--T---	181
HPV60	--TN.S...I-K...KV-SNSLESNE..S-TLV.VETD.SIF.--T-R-----Y---AYGD--P---	190
most-likely	YKTCNDWVISVYAVHDDLIESSKQLLQHQCDYIWVRGIGAMSLYLLCFKVGKSRETVHKLMTSMLNVHEQQI	258
HPV19	-----A-----L-----V-I-QTA---F-----N-G-----M-----K--	259
HPV25	-----A-----V-I-----F-V---A-N-G-----T-----K--	259
HPV20	-----L-----E-L-----I--A---F-----A-N-G-----K--	260
HPV21	-----A-L-----L-----I-----F-----N-G-----A-----K--	258
HPV14d	-----H-L-----L---K-----V-I--A---F-----N-G-----K--	260
HPV5	H---K---V-----F-----A-N-G-----I-----	261
HPV36	H---H-V-----F-----L---D-----A-N-G-----	259
HPV47	-----H-V-----F-----D-----A-N-G-----I-T-----	260
HPV12	-----LA-----F-----T-----A-N-G-----Q---	259
HPV8	-----Y-VAA-----VY-----S-A-IT---S-A-N-G-----Q---	258
HPV24	N-----VAI-G-NY--F-----TEMS--F-----A-N-Q--IR-LV---Y-A-E--	262
HPV15	S---R---LT---Q-E-L-----I---A---LHQ-PP-C-----N-----LR-L-NL-Q-S-I--	257
HPV17	S---R---VTL---Q-E-----L---A---LQHMSPP-C-----N-----SR-LMNI-Q-A-V-M	264
HPV37	C---R---VTL---Q-E-----L---A---LQHMP-C-----N-----FR-LMNL-Q-A-V--	264
HPV9	N---R---A---N-----L---A---LHYMPP-C-----N-----CR-LSTL-Q-S-V-L	260
HPV22	N---KH--LAI--AK-E--DA-----T-L-LQTFSP-----C-N-----MR-LS---Q-N-NH-	263
HPV23	N---KH--LAI-GAKEE--DA-----S---LQTYTP-----C-N-A-----V-LI---QI--NH-	262
HPV38	N---HH--LA--AK---DA-----F---LQSFPC-----C-N-----D--VR-IATL-Q---NH-	259
HPV49	D---K---AA-G-REE-V--A---LN---S-V-ININ-I-T-----NHA-----GR-LM-I-D-QLL-L	263
HPV4	D-S-SDN---VIFRAAVEVL---IV-K---T--Q-KIF-FSA---VQ--SA-----Q---C-I---IQ-Y-M	254
HPV65	D-S-SDN---VIFRAAVEVL---IV---T--Q-KIF-FSA---Q--SA-----Q---C---IQ-F--	253
HPV48	D---TPN---TAIGIRE--RDAC-V-----VEFLEMICNDFSV-L-VE---T-N---L---C---AK-E--	249
HPV50	N-S-TQN-I-V-F-CAE----A--TTM-N-VS-LQMITSDPSA--II--AA-----V--IN-L--TK-E-V	254
HPV60	DRS--EN-----C-AAEEV--A--TVM-----FLQ-ISKY-FYA--VK--TA---D-IM--FSLT--Q---	263

E1 SuperGroup B Markov Protein Alignment

most-likely	LSEPPKLRSTAAALFWYKGSMSG.SGYFTYGPYPDWIATQTIIGHQSA.EASTFDLSTMVQWAYDNNLLDEADI	329
HPV19	-----N-----C-----G-----Q---L---N---S---E-I---F---HM---S--	330
HPV25	-----NV-----V-----S-----H---L-----D-----F---Y-----	330
HPV20	-----NV-----A---A-SH-----N-M-Q---V---T---A---E-I---F-H-Y-----	331
HPV21	I-----NV-----A---A---Q---V---T---A---M-A---F---Y-----	329
HPV14d	-----NV-----A---T-----M-H---V---T---NA---M-V---F---Y-----	331
HPV5	-----N-----C---A-SH-----Q---L---K---F---A---FH-H-----	332
HPV36	-----N-----C---V-S-----Q---L---NN---F---Q---F---Q-V---G--	330
HPV47	-----N-----C---P---V---H---E---QL---L---K---A---V---F---FE---	331
HPV12	-----N-----G---A---H-T---H---L---N---F---A---F---Y-E-P--	330
HPV8	-----H-----G---T---T---S-----H---L-----F---V---F---HFE---	329
HPV24	-----VS-----SNA.AT---H-S---K---IE---L---TG---A---M-----F---D-TE---	333
HPV15	IA-----LS-----NPNV-AH.-E-E-M---M-N---T---TQ-----Y---E-SE-E-E	328
HPV17	-A-----MLS-----NPNV-AH.-E-E-L---M-N---T---Q-TQ-----I-F---EY-Q-DE-	335
HPV37	-A-----LS-----NPNV-AH.-E-E-M---M-N---TQ-----I-Y---D-IN-DE-	335
HPV9	-----VC-----NPNV-AH.-A-E-L---L-N---N-TQ-----I-F---HEYF---T	331
HPV22	-----I---MI-----NPNV-AF.-E-E-M---M-H---T---DSVQ---E-I---QDYV---CT-	334
HPV23	-----N---VPV-----NPNV-AF.-E-E-V---M-Q---T---DSIQ---R-I---DH---CS-	333
HPV38	-----N---IP-----LN-.NV-CF-EA---LS-M-Q---T---DTLQ---R-I---DHI---SI-	330
HPV49	IC-----VVS---Y---D-SV-AH.-A---VN---M-S---A-AD-MQ---E-I---SD-TE---	335
HPV4	-CD-----VPT---YF---HA-LT.ESSVF-QT---K---LVS---A-TT-E---E-R-----YV---C--	326
HPV65	-TD-----VPT---YF---QA-LT.ES-VF-QT---K---LVS---A-TT-E---E-K-----E-C--	325
HPV48	-C-----K---YF---KIITD.TC-K---TL-S-VSRL---VE---L---S-D---S---E---DFTE---SV	320
HPV50	-CD---IK-M---YC---KVIAD.TCYK---DF---H-V-N---L---T-DS-KF-D---DM---A-	325
HPV60	MCD---S---PT---YF-RR-F-N.AS-I---F---L-KL-MLD-E---ASSEQ-E-AQ-I-F---TT-SE-	335
most-likely	AYQYAKLAPEDSNVAWLAHNNQAKFVRECAAMVRFYKRGEMKEMSMSEWIHTKINEVEGEGHWSDIVKFLRY	402
HPV19	-----N-----R-----K-Q-----YAR-H---D---T-A-----	403
HPV25	-----DN-----S-----K-Q-----Y---H---Q---T---Q-----	403
HPV20	-F-----N-----R-----S-----K-Q-----YAR-----S-A-----	404
HPV21	-----RY---V-S-----K-Q-----R-----T-A-----	402
HPV14d	-----R-----S-----K-Q-----R-T-----T-A-----	404
HPV5	-----R-----A-----Y-----K-Q-RD---I---Y-----I--	405
HPV36	--R--R-----A-----S-----K-Q-RD-----Y--H-----	403
HPV47	--G--R-----Y-----M---Y---K-Q-RD-----Y-R-H-----Q--S-----	404
HPV12	-----Q-----K-Q-----Y-R-H-----	403
HPV8	--G-----A-----S-----Q-R---T---Y-R-----S---V--	402
HPV24	-F-----D-V---T-----R-----N---Y---K-Q-R---A---F-LEQ---Q---T---I--	406
HPV15	-WH-----DT-A---R-F-Q---S---RL-KD---I---H-R-----S---K-LLV-----V--	401
HPV17	--H-----DT-A---R-F-Q---S---R---K---I---H-----I-T-V-R-LLV---D-----I--	408
HPV37	--N-----DT-A---R-F-Q---S---R-----L---Y-----D---I-A---N-MLV-----V-F	408
HPV9	-----ET-A---R-F-QS-S---RL-K---T---H-M-----T---R-LLT---SN-Q---R-I--	404
HPV22	-----R---DSN---R-F---S---Y---Q---Y---K-LVS---R---I-A---HC-SKI---D---Q-----	407
HPV23	--N-----DT---R-F---Q-S---H---D---Q---KH-----R---TI-A-V-HC-SRI---D-Q-Q-----	406
HPV38	-----DI---K-F---S-V-Y-K---L---Y-----I-A---HC-SK---N-QH---R-I--	403
HPV49	--L---M-NS---R-----RYL---Q---H-R---RD-----HR-QQ-----E---I-F	408
HPV4	--H---MY-E---A---A-Y-KS---V-H---D-ST---M---Y---RD-----YKCCD-CSE---D-KP-SQ---K-	399
HPV65	--H---MY-D---A---A-Y-KS---V-H---D-ST---M---Y---RD-----YKCCD-CTE---D-KP-SQ---K-	398
HPV48	--N---CY-T-NT---A-F---S-M-V-Y-KD-V---M---Q---S-T-----SKCCK-ETIGEE-KE---Q---K-	393
HPV50	--N---CY-S-NE---A-F-QT-S-L-Y-K---C---L---KQ---RN-T-P---KSCFTNNYNSDD-KV---RY-K-	398
HPV60	--K---L---DS-A---A-F-KS-Q-V-Y---D-Y---L-Y---Q---D---I---WKCCDCCNQ---N-KL-AQ-----	408

E1 SuperGroup B Markov Protein Alignment

putative ATP binding		
-> <-		
most-likely	QGVNFMFLAALKDFLHSVPKKNKNCILYGGPDTGKSMFTMSLIKVLKGRVLSFVNSKSFQWLQPLSDCKIALL	475
HPV19	-Q-----L--A--R-----N---A-----R-----I-----E-----	476
HPV25	-Q-----L-----R---F---N---A-----C-----E-----	476
HPV20	-Q--V-----M-----H---H---N---A-----H-----M-ET---I	477
HPV21	-Q-----M-----R-----N---A-----H--R-----M-E---I	475
HPV14d	-Q-----M-----R-----N---A-----R--R-----M-E---I	477
HPV5	-NI---V--T--E-----NS--S-A--R-----E-----	478
HPV36	-E-----F-----K-----H---NS--S-A--R-----E---I	476
HPV47	-EI---S---L-----R---FH---N---S-G-----R-----GE---I	477
HPV12	-D---T---F-N---A---H-----NS--S-A-----GES---	476
HPV8	--I---T-----R--L-----N---T-A--Q-----Y-----G-----	475
HPV24	--I---S--S-----GK---L-----N---A-----H--I-----H---M-EA---	479
HPV15	-DI---Q--DSF-S---NT---S-M-----K---A-Y--T---VA-T---I	474
HPV17	-DI---R--DIF-S---NK-----H-----K---A-CR-N-----A-T-L--I	481
HPV37	-DI---R--DVF-S---NT---L-F-----K---A-Y--N-----A-T---I	481
HPV9	-DI---E--TVF-A--QNK--Q--L-FH-----S---K---A-C--T---IA-T-L--I	477
HPV22	--L---V--DKFRT--KNF---L--C-----S---M-A-R-Q-V--A---H---A-A-L---	480
HPV23	--L---V--DKFRT--QNF---L-----NS--S-A-----M-A-R-Q-I--A-----A-A---	479
HPV38	-NL-----DKFRT--KNL---L-----A---L--S-V--A-----A-G--G--	476
HPV49	-EI---I--D-F-Q-I-GK---S-L--H---C---A--L-----K-I---A-----S---E---G--	481
HPV4	---ILS--IV--S--KGI-----V-H-----L-CY-F--F---K-V-Y--RS-H---M---VGFM	472
HPV65	---ILS--IV--S--KGI-----V-H-----L-CY--V-F--K-V-Y--RS-H---M---VGFM	471
HPV48	----LE--I---Q-FKCT--M--V-----CFK-VQF--Q-V-YI-KS---M--Q-A--G--	466
HPV50	-NI---LE--L---LL-KGI--M-LV-----Y-CYQF-QFMR-K-V--M-KN-H---M--L-S--GF-	471
HPV60	-E---S--C---TLFKGI--R--LVFW-----YICS--TRFMQ-K-V--M-RH-----Q---LGF-	481
most-likely	DDVTDPCWQYIDTYLRNGLDGNVSLDCKHKAPCQIKFPPLLLTSNINVHKEVNYRYLHSRIKGFEPNKFPM	548
HPV19	-----I-M-----H-----I-T--A-----N-----Q-----P---	549
HPV25	-----V-M-----HY-----M-T--A-----N-----P---	549
HPV20	-----V-M-----HY-----I-T--A-----N-----P---	550
HPV21	-----I-M-----H-----M-T--A-----N-----P---	548
HPV14d	-----L-M-----HY-----I-T--A-----N-IT-----P---	550
HPV5	-----I-M-----HY-----YR--T-M-----G-T-----TT-----P---	551
HPV36	-----L-M-N-----HY-----Y--M-T-----E-A-----TT---A--P---	549
HPV47	-----V-M-Q-----HF-----YR--M-T-----I-----A-T-----K-P---	550
HPV12	-----V-----HF-----Y--V-----G-T-----HP---	549
HPV8	-----L-M--F-----H-----Y--M-----L-E-A-----VR-----P---	548
HPV24	--A-----I-M-----HL-----I--R---I---AMA-P-----LVA-----P---	552
HPV15	---YV--D---Q---A---G--C--M--R-----R---M---DIM--ER-K--R--VQA-A--H--F	547
HPV17	---FV--D---Q-----C--L--R-----D-M--DK-----QS-A---F	554
HPV37	---HV--D---Q-----F-C--L--R-----MDIM--ER-----VHA-A---F	554
HPV9	---HV--E---Q-----Y-C--M--R---M---M---DIT-DQK-K---V-S-A-N---L	550
HPV22	--A-EV-----AF-----M---M--R---M---II---SLK--KKFP-----YE---F	553
HPV23	--A-EV-----MF-----M--R---M---II---SLK--KKFP-----YE---R-F	552
HPV38	--A--V-----SF-----L---I-----M-----II---LL--ER--F---VTQID---F	549
HPV49	--A-----SF-----V-----T-M--R---I---Y- IKANDK-KF-Y--AI--KH--F	554
HPV4	--A-YV--T---QN---A---PMCI-A--R--Q-L-L--M-I---DIKQ-QSLM-----QC-N---M-I	545
HPV65	--A-YV--T---QN---A---PMCI-A--R--Q-L-L--M-I---D-KQ-QSLM-----VQC-S---M-F	544
HPV48	--A-HN--I--L-----AF---TFC--I---NLQ-T-L--MII-T-V--TTDESLEF--R--LTC-N---L--	539
HPV50	--A-QC--M-L--HM--AF--A--V-V---NLQ--VL--M-I-T-CD-CRDPTFM--R--LTC-N---L-L	544
HPV60	--A-FQ---M-VNM--A---HI---L-----L---L---I-T-VD-EN-ASLM--K--LVF-K---L-L	554

E1 SuperGroup B Markov Protein Alignment

```

                                E2 cds start ->
most-likely KADNTPQFELTDQSWKSFFTRLWTQLELSDQEDE.GENGESQRAFQCTARSANEHLG1 604
HPV19      -----Q-----H-E-.-----T---ST-----.$ 604
HPV25      -----D-----H-D-----ST-----.$ 604
HPV20      -P---E-----K-----Q---S-----.$ 605
HPV21      -----E-----N-----S---S-----.$ 603
HPV14d     -----E-----N-----D-----P---S-----.$ 605
HPV5       -----D-----E-.--D-----S-----.$ 606
HPV36      -S-D-----E-----S-G-----.$ 604
HPV47      -----H-D-----H-----S---T-----.$ 605
HPV12      -P-----Q-----E-----D-----E-.QH-----S-----I-.$ 604
HPV8       -P---E-----A-----H-----S-----.$ 603
HPV24      -D-D-E-----K---R-D-----D-PEK--R-V---T----.$ 607
HPV15      DS--N---K-----E---R-----DD-Y---T---T-ES-G--.$ 602
HPV17      DNN-M---R-----E---H-D-----E-.DD-Q---T---EP-G--.$ 609
HPV37      DSN-K---R-----E---K-D-----DD-HT-S-----EP-G--.$ 609
HPV9       D-NHK-----K-----D-----D-N---T---DF-GPV.$ 605
HPV22      D-ND--L-K-----A--K-----E-.---T-T---T-EV-GLI-.$ 608
HPV23      DS-DK-L-K-----A--K---I--G-----D-ST-T---T-QV-GPV.$ 607
HPV38      DS--K-L-----A--K-----D-N---T-H---EV-G-I-.$ 604
HPV49      -E-G--V-Q-----E-----P---AD--GT--S---T-DV-G--.$ 609
HPV4       LD-GS-MYTF--GT-----QK-GR---T-P-.EN--VPS-T-R--S--NSDSY.$ 599
HPV65      LD-GS-MYTF--AT-----QK-GR---T-P-.ES--VPS---R--S--NSDSY.$ 598
HPV48      SDKDE-L-TIS-K--TC--RKF-N----.---AARDP--PEHP-C---NSVDFD.$ 593
HPV50      YENGE-K-KF--NC-T--SKF-KH-D-PEDDPD.-DT-N-E-T-S--T-HSI-SD.$ 599
HPV60      -ENDEVLY-I--A--C--IKFASH---TARG--QH-S-R-D---R--GTNT-SI-.$ 610

```


E1 SuperGroups C-E Protein Alignment

SuperC.con	Man???.?GS?.??SglG?s?.....y?l?EAeC??sDkEne?Pg?gv?????????.dS	28
	E7 end for BPV1, 2 <-	
GroupC1.con	MAND..KGSN.WDS?LGCS.....YLLTEAEC.ESDKENEPEGAGVELSVESDRY.DS	47
BPV1	-----G-----	48
BPV2	-----A-----	48
	E7 end for EEPV <-	
	E7 end for DPV <-	
GroupC2.con	M??E?.AGS....SG?GG??.....?I?FEA?CSD?D?E??SP?Q??.....?S	22
EEPV	-A.-T.-----Q--GA.....Y-C---D---S-T-VD--V-CS.....D-	38
DPV	-DK-N.-----V--DS.....F-L---E---T-S---A-G.....E-	36
	E7 end for BPV4 <-	
SuperD.con	M.DP??KGit.vlsFideQAECs?SD?SEq?EEs?Sd.....	30
BPV3	-----GQ--L-D-----E--N---C---L-----	34
BPV4	-----T--D--E-----Q--S--NC-----	33
BPV6	-----NE--E-----RG--E-Y---Q-S.....	35
	E7 end for HPV41 <- <- E7 end for COPV	
SuperE.con	MASRVSDTGNGma????GT?????????.....?w????eadC?d??d??edl?????????????s	26
HPV41	-----NENKENE--VASDHSEAR.....CSYILF--E-S-GGD-EESME.....D-	52
COPV	--AR..K--D.SETEDG.....G-VLI-----SE..V-SAD-TSENASNVS.....	40
CRPV	-----E-D.PLDDCG.....GFLDT.----L-.C-NLE---TELFDADTVSSLLD	45
GroupE1.con	M?D?..?GT?N?.....DW??V????C????E??L?DL?????????????S	14
HPV1a	-A-N..K--E-.....--FL-EATD-EETLE-TS-G--DNVSC.....V-R-S--	38
HPV63	-T...R--N-D.....--YI-DEAE-RDD.D-SE-E--EDTYNSLFNRS.E-	43
Unclass.con	MEDLE. EGT.....GEGCS.....GWFR.EAICSD.....GSSDEEPN.....ESFE	36
MnPV	-----	36
SuperC.con	qDED??DNAS.....v??GNHLE?FQ??EK?AGE?Qi?nLKRKv??...S??n.ss????s??lkr?kaga	69
GroupC1.con	QDEDF?DNAS....VFOGNHLEVFQALEKKAGEEQ?LNLKRKVLG...SS?N.SSGSEASETP?KR?K?GA	104
BPV1	-----V-----I-----Q-----	111
BPV2	-----L-----L-----E-----A--Q--A--	111
GroupC2.con	?DEDL?DNA?....?VPGNHLELFQ?QEKEAGERQIS?LKRK?CL...SP???.?SEVE?..L???????	64
EEPV	S---V--N....I-----L---F--...--GT---E...-SPGLAGI	96
DPV	T---L--T....A-----I---L--...--CS.AD---Q...-KSWACCH	96
SuperD.con	.lSDLIDNAE....?EQNSAELFAQQQAFDFHKDICTTKRNLKR...SLRN.AFQC.....ITSQSNTP	85
BPV3	-----C	44
BPV4	.I-----Y-----	89
BPV6	-----	39
SuperE.con	d??dl?d?a??...??QnSlElFh?qe??e?e?l?LKRK???.SP??r????e?????lSPrL??i	59
HPV41	LVE--V-D-S....VH-----S---A-TVE-Y-GEIQS----FIL...--LH--DVA-----AGV	110
COPV	...--V-N-SI...AET--L--Q--QQ--LT-C-EQ--QQ---FVQ...--QS--DLCS....--Q-AS-	97
CRPV	-TDQV.....-----P-QHH-AT-TLKSIEH---YVD...--DK.SLGIDNSVNA----QAF	101
GroupE1.con	D?SDLLD???Q....SQGNSLELFH?QE?L?EQ?LN?LKRK?L?...SP???.?SA?ET???S?SPRLE?I	56
HPV1a	-L-----EAP-.....K-S-ES--E--A---L-Y...--QA.R--D--DIA-I-----T-	101
HPV63	-I-----DTQ-.....L--H-QN--D--T---Y-N...--PQ.A--T--ACN-L-----S-	106
Unclass.con	SIADMFDDGTQ....TQGNSLELFHTQEKEETRTQIQALKRKYIP...SPEA.GGD.....LSPRLRAI	92
MnPV	-----	92
SuperC.con	????????????RRLF?e????????????nearrvlt?lQVQ???.Ge?r??snE?qaish??lq?????..	99
	E8 start for BPV1, 2 ->	
GroupC1.conKRRLF?E.....NEANRVLTPLQVQG?.GE?RQ??NE?QAISH??LQ.....	137
BPV1-A-.....E.--G--EL--E----LH--.....	152
BPV2S-----RL-----W--GF--D-----	151
GroupC2.con	???????NPVVRRLF?G??????TP??HE?????????.?QVQS..G???.?S?E?????????S????..	86
EEPV	RISPPKR-----DA-GRDAVR--RD--VNSSPEPR.S-----SSS.R-W-GHLESINEPA-DG....	161
RPV		0
DPV	KYHTSEA-----ER-DPGGAN--VN--ADNFSPSG.L-----ENR.W-Q-KGKGVSPVP-SAEP..	163
SuperD.con	ASRSA....PKRRLD....DSGYNEDISTEVVQVDENGSGEGY.GSLTSQHLSGVCLNQGDNNGVDKENV	147
BPV4	-----	151
SuperE.con	sl?????Kk?rkqLF??d...dsgi??s????????????q???.????????d????????.....	76
HPV41	--EE.NRG--A--S--H.....DS-AVEVSQLSSTPAPGPD.IRLPKPSDI-LEP.....	164
COPV	--TPRT.S--VK----AT-.....QS-.NEADDSLEGQR-VEP.LPGREENGA-A.....	147
CRPV	--SQ..K-AVK-R--GT-.....GDEAASGAESL.-VES.GFGSQQSVS-TPVTD.....	148

E1 SuperGroups C-E Protein Alignment

GroupE1.con	?I?.?Q??K??R?QLF?Q?...DSG?ELSL?QDE??NI?E????QV.D??Q????G?????GV?.....	84
HPV1a	S-T.K-DK-RY-R---S-D...---L---L---TE--D-ST...--.-QQ-KEHT-EVGAA--N.....	158
HPV63	T-S...-RE-KA-K---T-N...---I---C---VD--N-ALQE--.-IV-SLGG-VRDCI--D.....	164
Unclass.con	SITP..KKKKPSRRLFETPE..DSG.NGSLGNETTDTSSGFQVVG..DSAVDVC DAGR.....	143
FPV1	.	0
MnPV	143
SuperC.con?????N????fkl?LFK?L???sf???iTR?	112
GroupC1.conLVKSKNATVFKLGLFKSLFLCSFHD?TRL	165
BPV1-----I---	181
BPV2-----L---	180
GroupC2.conNMAA??KLFKTLYIA??GEITRV	105
EEPV-----VMH-----GF-----	185
DPV-----CIQ-----SH-----	187
SuperD.conDCTALLRAGSRRAAYLGVFKEKFTISFTALTRI	180
BPV4	184
SuperE.conilk????r??llskFk??gvSFtdlTR?	95
HPV41LFQSRQRCTHMY---AVY-----I--P	193
COPVLF-VRDK-AF-Y---SSF-I-----V	176
CRPV-NANTA-VKH-LL-RQAHS---SE---T	177
GroupE1.conILK?SN?R?ALL??FKDT?GVSFTDLTR?	106
HPV1a--A--I-A---SR---A-----S	187
HPV63--C--T-S---AK---V-----A	193
Unclass.conLLNLNLLQSHNRVARLLAVFKEAYGVSYKELTRE	177
MnPV	177
SuperC.con	F??dKTtNqQWV?a?fG??EV??eASfEllkKqCsf1Qm????HEgG?c.?vyl?cFN?aKSReTVr?Lman?	166
	E8 end for BPV2 <- <- E8 end for BPV1	
GroupC1.con	FKNDKTTNQQWVLA VFG?AEVFFEAS?ELLKKQCSF?QMQRSHHEGGTC.AVYL?CFNTAKSRETVRNLMAN?	232
BPV1	-----L-----F-----L-----I-----T	253
BPV2	-----I-----L-----V-----L-----M	252
GroupC2.con	FQS?KT?N?QWVI?A?G?SEVLY?ASF????K?C??LQ?SRKVHE?GS?.S????FNV?KSR?TV?KL????	148
EEPV	---D--N-N---A-H-A---A---EILS-H-SY--A-----T--M.-LFLAV---G---E--R--ISGV	257
DPV	---N--V-H---L-Y-V---S---DLFG-Q-NC--T-----K--I.-VYRCM--A---D--Q--MTTI	259
SuperD.con	FKNDKTCRRNWVGTVYRAREELLEASKTILQKCCDFILLLTHTCKYGFLA.LFLLEFKTAKSRETQRLFEHI	252
BPV4	256
SuperE.con	yksdKTcs?dWV?a??v????s?kt?lq?hc?y?????e?n???l1111?fkaqKsr?tv??l?t??	134
HPV41	F-----T-QH--V-AYYLA F DSEI-AMEV-LRQQCQFLYIDNNDGI...I-FF-EYNV----T--YNWF-AN	262
COPV	-N-----S---VCLYH-SDDRREAG--L--D--E-FFLHSMGFCT...---CLFVP-C-N-LFK-CRSL	244
CRPV	FQ-----M-W---GGLADIHVSVLE-LQ-S-RS--V-VQYDLNFA-T-ASS-----R-----C-DG-KA-LSQL	250
GroupE1.con	YK?NKTCC??WV?AVWGV?????D?VK????Q??C?Y??EH??TEKN?F.L??L??FKAQKSRETV??L?T??	147
HPV1a	--S-----GD--L-----RENLI-S---ELL-TH-V-IQL--AV-----R-. -FL-VR-----IK-I-TI	259
HPV63	--N-----SY--I-----TSTSV-V--TVF-VQ-N-MHV--CL---K-. -IV-AG-----LN-V-SS	265
Unclass.con	YKSDKTCNPDWVIALYSLSEPILNAARTTLQGICEYVFMQSRPTAAATVA.LLTVRFKCSKSRETVRKQCMGM	249
MnPV	249
SuperC.con	LNvreecL11QPPKIRGLs?ALFWFK?sLSPAT1?HG??PeWIr?qT???.?n??e?eKFDfGTMVQWAYDhk	225
GroupC1.con	LNVREECL??QP?KIRGLSAA LFWFKSSLSPATLKHGALPEWIRAQTTL...??SL?TEKFDfGTMVQWAYDhk	297
BPV1	-----ML--A-----NE--Q-----	324
BPV2	-----LM--P-----HD--A-----	323
GroupC2.con	LN?????LLLQPPKIRGL?PALFWFKL?LSPAT?THGTT?WI?Q?TNV.A?NTGEA?KFD?GTMVQWAYDH?	205
EEPV	--TPCSR-----C-----G-----Q-----D--K-Q---. -Y----S---F-----R	329
DPV	--VTAGN-----G-----T-----L-----E-Q-A---. -S-----A---L-----G	331
SuperD.con	LQVEKEDMLLEPPKLSLPAATFWWKIQHSNNSFKWGTLPDWIARQTMISHQIA.DDEPFSL SVMQWAYDHN	324
BPV4	328
SuperE.con	l?v?????laePPktRs?aaALfwYkr?m?sgvft?G?mpewiaqQt1?nhql????k?FeLs?MVQWAYDN?	188
HPV41	FHYNENRM--N--R--NMP---F-H-F-GT-GIKH-A---I-VN-CVVSNT-QT...DT---R---L--D	332
COPV	FHISNVQM--D-----P-V--Y---KGFA--T--H-EL-S-----IT-H-.AAE-T-D--E-----D	316
CRPV	-G-QDLKV-L-----V-V-----A-V-----SY-P-----T---NV---M.LQE-P-Q--V-----H	322

E1 SuperGroups C-E Protein Alignment

GroupE1.con	L?V???YI??EPPK?RS?AAAL?WY?RSMS??V?TWG???W?AQQTL?NHQL?SE.??FEL??MVQWAYDNG	195
HPV1a	-P-DAS--LS----S--V----F--K----ST-F---TTLE-I-----I----D--.SP---CK-----	331
HPV63	-N-QSN--MA----N--M----Y--R----PA-Y---EMPD-M-----L----A--.KH---SQ-----	337
Unclass.con	FHSDPLLCLCDPPKQVSPAALYWYKSSMYSGTFTHGAEPEWIKRQTMITCAM..EETKFDLSEMVMQWAYDNN	320
MnPV	-----	320
SuperC.con	y?EESKIAYeYAl?AGsDsNA?AFLA??sQA??VKDC?TMVrHYLRAEtQaL?m?ayIKrRC?latGeGS..W	285
GroupC1.con	YAEESKIAYEYALAAGSDSNARAFLLATNSQAKHVKDCATMVRHYLRAETQALSMPAYIK?RCKLATGEGS..W	367
BPV1	-----A-----	395
BPV2	-----T-----	394
GroupC2.con	?TEE?KIAY?YA?CAG?D?NAKAFLAST?QARLVKDCCTMV?HYLRAE?Q?LT?S??IKRRC??G?GS..W	259
EEPV	L---C---Q--K---T-L-----N-----K-----E-S--I-AF-----NAT-K---..	400
RPV		1
DPV	F---S---E--L--S-C-----S-----R-----V-A--M-GY-----QTA-S---..	402
SuperD.con	YTEESTIAYHYAKLASEDSNAAFLKCNNQVKHVKECAQMTRYKTAEMTEMSMGQWIKKCI GEIEGVGD..W	395
BPV4	-----	399
SuperE.con	l?dEs?iAy?YA?LAe?DeNArAFL?sN?QakyVkdCa?MvrhYkrAem??msmS?wi??r1?????g??W	239
HPV41	-Q--HML-LE--L--S-G-----KQ-N-PMI--N-SI-----T-LVAK--I-QYVNK-CLDHGEADENS-	405
COPV	-K---E---K--A---T---L---K--N-P-H-----T-C-Y--K---KRL---Q--DE-CKATDDGPGD.-	388
CRPV	-Q---S---K--M---T-----A--S-----R--CN---L-L---RQ-T--A--NY--DGMNDD-D..	393
GroupE1.con	?T?E??IAYYYA?LA?EDENA?AFL?SN?QAKYVKDCA?MV?HY?RAEM??MSMS?WI??L??VE??G??W	243
HPV1a	H-E-CK-----V--D----R--S--S-----Q--R--L---AQ----E--FRK-DN--GS-N..	402
HPV63	Y-D-SD-----I--E-----K--A--A-----R--S--K---SS---A--YKR--EE--NG-D..	408
Unclass.con	YEDESQIAFEYARTATESPNANAWLASNAQAKHVRCATMVRHYKRAEMKAMSMSQVWVK??E??E??..W	383
FPV1	YDV-STD-DG..	11
MnPV	-----CCR-EPE-GT..	391
putative ATP binding		
-> <-		
SuperC.con	lSiMnllkyqgIE?I?FvNAlkpWlKGIpK?NCiaivGPPnsGKSllCNsLi?FLGGkVlTFANh?SHFWLAp	353
GroupC1.con	KSILTFFFNYQNIELITFINALKLWL?GIPKKNCLAFIGPP?TGKSMCLNSLIHFLGGSVLSFANHKSHFWLAS	438
BPV1	-----K-----N-----	468
BPV2	-----N-----K-----	467
GroupC2.con	LSIMNLLKfhGIEpI?FVNAlkpWlKGTpKhNCIaIVGPPNSGKSllCNsLi?FLGGkVlTFANhsSHFWLAP	330
EEPV	-----Q-----N-----T-MS-----	473
RPV	-----H-----N-----T-----	74
DPV	-----Y---H-Q-----I--Y--T-----A-----H-----	475
putative ATP binding		
-> <-		
SuperD.con	KQICKFLKFQNVNFLSFMSALKDLLHRVpKRCNMVICGPPNTGKSMFVMSFMKALQgKVLsFVNskSHFWLQP	468
BPV4	-----	472
putative ATP binding		
-> <-		
SuperE.con	k?iV?FLR?Q?vEFi?Fm??fk?fL?g?PKKncly??GppntGKSmFcmsLl??L?G?ViSyvnskShFWLqP	296
HPV41	RG--H---Y-GQ--LP--CKMHN--HHR---ST--LC--SD---Y-ANG-NKF-D-H-L-F-SNG-----S-	478
COPV	-EV-K---H-GI---L-LAD--R--R-R-----FW-----SF-H-V-----	461
CRPV	-VV-H---H-R---P--VKL-A--R-T-----M-FY----S---Y-----IRL-A-R-L-FA--R-----	466
GroupE1.con	K?IV?FLRFQVEFEFISFMIAFK?LL?GKPKKNCL?I?GPPNTGKSMFC?SLL??L?GKVISY?NSKSQFWLQP	305
HPV1a	-E--R-----D--C-----L-F-----T--KL-G-----C-----	475
HPV63	-H--K-----E--S-----V-Y-----M--RV-K-----V-----	481
putative ATP binding		
-> <-		
Unclass.con	??I??L?????????F?S????WL?G?PKK?C????G?P??GKS?F??SLIKFL?G?V?SFANSKSHFW?QP	420
FPV1	KK-LVF-TFQHINFKE-I-ILCM--K-R---S-ITIA-V-DS---M-AY-----N-S-L-----L--	84
MnPV	TP-SLY-ASEGVEVIR-L-AMKS--R-I---N-LVfy-P-NT---L-TM-----R-R-I-----M--	464
SuperC.con	lad?r?al?DDATHACWRYFDTyLRNvLDGYpV?IDRKhK?AVQ?KAPPLLvTSNIDVhAeekYfYlhSRVkt	420
GroupC1.con	LAD?RAALVDDATHACWRYFDTYLRNALDGYpVSVIDRKhKAAVQIKAPPLLVTSNIDVQAE?RYLYLHsrVQT	509
BPV1	---T-----D-----	541
BPV2	---A-----E-----	540

E1 SuperGroups C-E Protein Alignment

GroupC2.con	l?dcrvaliDDATHACWRYFDTyLRNVLDGYPvcIDRKHksAVQmKAPPLLIITSNIDVHADeKYFYlqSRVK?	401
EEPv	-T-----L-----T	546
RPVT-----S	139
DPV	-A-----T-----H-----FG-----NT-----V-----E-----SH-----P	548
SuperD.con	LRGAKVAVLDDATRATWTYFDTYLRNGLDGTpVSLDMKHRAPLQICFPPLVITTTNVNMQDPAYFYLHSRIVC	541
BPV4	-----	545
SuperE.con	La?ak??LlDDAT?pcWdyiD?ylRnaLDGn?isvDlKHkaP?qikcPPLIITtN?dvk?d??w?YL?sRi??	354
HPV41	-RG-RCC-I---LTF-R-A-QNM-AL---YE--I-A--RN-M-TRA---I---E-IMRLDEFK--QT-TMY	551
COPV	-TEG-MG-----R---L---T-----TF---C---L-L-----VN-CG-EKFK--R--CSF	534
CRPV	--D--LA-V---SA---F--T-----P-----IE-----V---S-DR-R--F---CV	539
GroupE1.con	LA??KI?LLDDATKP?WDY?D??RNALDGN?IC?DLKH?APQqIKCPPL?ITSNI?VK?D?CWMYLHSRI??	361
HPV1a	--DA--G-----C--M-IYM-----T--I---R-----L---D--S-T-----SA	548
HPV63	--ST--A-----A--I-LFL-----P--V---K-----M---N--A-V-----TC	554
Unclass.con	L?E?K??L?DD?T??WDYVDT??RNA?DGN??IDCK?R?PVQ?KCPP?L?T?N?D??L?????SRIQV	461
FPV1	-T-C-AA-I---V-LPC-----FL---L---AIC---H-A---T---L-L-S-Y-PR-HGVDSGGG	152
MnPV	-A-A-VV-L--A-RAT-----YM---M---PLS---Y-T--V---M-V-T-E-VH-NDRWRYLH-----	537
SuperC.con	FyF?ePC?asd?GE?pF?ITDADWksFFF?RLWgRLDLsD?E??...??ed??S?RtftCSARntnavd	471
E2 cds start for BPV1, 2 ->		
GroupC1.con	FRFEQPC.TDESGEQPF?ITDADWksFFVRLWGRDL?DEEED...SEEDGDSMRFTFTCSARNTNAVD	571
BPV1	-----N-----I-----	605
BPV2	-----T-----V-----	604
E2 cds start for EEPV ->-> E2 cds start for DPV		
GroupC2.con	FYfKepCpASDnGEP?F?ITDADWK?FFERLW?RLDLSDQEDE...VD?DECSQR??TCSARN?????	454
EEPv	-----T---L-F-----N-----E-----...-E-----SF-----TDAMH	611
RPV	---T---C-----	153
DPV	-----M-S-----H-----G-----...-D-----TV-----ANDIN	613
E2 cds start for BPV4 ->		
SuperD.con	FEFPNTFPLDEAGNPLLLIDELsWksFFERLWTQLDLTDAEE...DEDGEPRSPFRCCPRSVATSL	604
BPV4	-----	608
E2 cds start for HPV41 -> -> E2 cds start for COPV, CRPV		
SuperE.con	f?F?qefP??NG?P?f?l?d?nWksFF?rFW??L?LsDpEde...g?DG??q??lRL?tra??si	395
HPV41	VY-NKP--LKG--Q-LYYIDGYT-N---RK--RH-N-K-----S--ETPGTI--Y---DTDT-	614
COPV	-H-P---LDD--N-G-Q-N-QS-A---K---KH-D-----E--ET-RG---TA-GTTE-V	597
CRPV	-N-L--L-IR.--T-VYE-N-A-----K---ST-E-----D--GS-PA---H-GGTSQ-L	602
E2 cds start for HPV1a, 63 ->		
GroupE1.con	F?F??FPF??NG?P?FSLTD?NWksFFERFW?QL?LSDQEDE...??DGKpQQ?LRL??RAA??I	406
HPV1a	-K-AHE---KD--D-G-----E-----Q--E-----GN-----S---TA---NEP-	612
HPV63	-E-KQP---DE--Q-A-----I-----S--D-----ES-----P---AT---SNS-	618
Unclass.con	FHLKEPMPIDTAGNPEYSFSNRHWKAFFEKlQKPLDLSEDEGD...PKDNgeHTQPFSCCARGTDVHV	526
MnPV	-----	602

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

* coordinate 865 in HPV16R
 \ / 3' sj for HPV16

most-likely	ATGGCGGATCCTGAAGGTACAGAGGGGAG GGGACGGGGTGTACTGGATGGTTTTT	56
HPV54	-----AACC-----A-----T-----A-----	56
CgPV1	0
HPV32	-----GA-AC-----CTA-----T-----T-----C	53
HPV42	-----GA-AC-----CTA-----T-----G	53
HPV3	---AT--A--TC-----ATGTTT CGAGTT-GAAC--GC-GGA-----A-	65
HPV28	---AT--A--TC-----CGAATGT TCAGAGTT-GAAC--GC-GGG-----A-	68
HPV10	---AC--AA-AC-----GCGCATGT TCCGAATC-GAAC--GCGGG-----A-	68
HPV29	---C--AACTC-----GAGGAGGACTGTTCTGAG-C-GAAC--GC-GGA-----CA-	74
HPV61	---T--CAG-----AA-C-G-GATGGGAC . . . CGAGGCC-C-GAAC-CGCAGGG--G-----C-	71
HPV2a	---A--T-C-----C--C--ACCGAGGA GGAC--TGCC--GCAGGG--G-----CA	65
HPV27	---A--T-C-----C--C--ACAGAGGA GGAC--TGCC--GCAGGA--G-----CCA	65
HPV57	---A--T-G-----C--C--ACCGATGA GGAC--TGCC--GCAGGG--G-----CCA	65
HPV26	---CTG-----A-T-A-----CG-----A--G-----C	53
HPV51	---CTG-----AT-----G-----A--G-----	53
HPV30	---TCA-----T-AT-----AGG-----C--G-----CA	56
HPV53	---TCA-----T-AT-----A--CCGG-----CA	53
HPV56	---TCA-----T-----A--A--TG-----GA	56
HPV66	---ATCA-----T-----T--A--TG-----CA	56
HPV18	---T-----A-----C-----C-----T--AC--C-----A	56
HPV45	---A-----C--C-----A-----A--C-----C--	56
HPV39	---CA--G-----C-----T-----T--A--AC-----C-	56
HPV68ME180	---CA--TG-----T--C-----AC-----	56
HPV70	---CA--TG-----T--T-----T--A--AC-----CC-	56
HPV59	---C--T-G-----T--A-----C-A-----	56
HPV7	---A--CGA-TC-----AT-T-----T-T-----T-A-----	56
HPV40	---A--CT--CC-----AC-G-----G-T-----CT-A-----G-	56
HPV16	---T-----C-----CA-T--AGA G--T-----A--A-----A	59
HPV35h	---T-----C-----T-AA-G-GA G-----A--A-----	59
HPV31	---T-----A-C-----T-----A-C-A--T-----A	56
HPV52	---A--C-----C--A A-GA--A--A--C-----GA	56
HPV33	---C-----A-T--CT T-----T-----GA	56
HPV58	---AT--C-----A-C--TA G--C-----C-----GA	56
RhPV1	---C-----CCA--A GT-----G--G-----AA	53
HPV6b	---CGA-TC-----AAAT-----T-T-----A--G-----A-	56
HPV11	---CGA-TC-----AAAT-----T-----A-----A-	56
HPV44	---T--CAA-AC-----A-----A--CT-A-----C-	50
HPV55	---A--CAA-AC-----CT-A-----C--	50
HPV13	---A--GGA-AC-----TA-TAAT-----A--CT-A-----	56
PCPV1	---C--CAACAC-----CAACA-----T-----CT-A-----	56
HPV34	---C-GA-TC-----ATTG A-----T-G-----AA	47

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	TGTAGAAGCAATAGTAGAAAAAAAAACAGGGGAT...AAAATATCAGATGATGAGGATGAAGATGAG...GAAG	124
HPV54	---G-----T-----CGT-----...-TT--T-----CC---G---T-...-G-	124
CgPV1	0
HPV32	-----GG-CT---AAA---...-CT-----C-----A---TA...-G-	121
HPV42	-----T-----C---C---AAA---...GCT--T-----C---C---A---TA...-C-	121
HPV3	G---G---G---C---GGCGG---G---C---...-C-G-G---AGC-----...-T-G---...-G-	130
HPV28	G---G---C---C---GGCGG---G---C---...-GCC---TAG-----G---C---GAT-C--	139
HPV10	A--G---C---T---T---GGCGG---C---...CC-----TAG-----T---G---G---...-C-	136
HPV29	G---G---T---C---G---CGG-----C...C-----CAG---C---...-G-	136
HPV61	G-----CG-G---CCGC-CC---AT-C...C-GG-G---CAG-----G---CA-AGC...ATT-	139
HPV2a	---G-G-C---TA-...-C-CAC---CC-GAGGC-GG---CAG---C---C-G-C---A...AC--	130
HPV27	---G-G-C---TA-...-C-CAC---CC-GAGGC-GG---CAG---C---G-CTGC...AC--	130
HPV57	---G---C---A---...-CTCAT---CC-GAGTC-GG---CAG---C---G---A...AC--	130
HPV26	A-----T---G---C---T---C...C-----AACA---CA-AGT...AGT-	121
HPV51	---T-----A---...-TG-T-G-----A---CA...-T-	121
HPV30	---T-G---TG---CA-G---CGT---G---A---...-T-G---G---C---AACA---A---T...-G-	124
HPV53	C-G-G---A---CGT-----GT-----T-A---A...AC---C---...-A	118
HPV56	A---G---T---A---...AAG---C---G---...-T-	124
HPV66	G---T---T---G---G---...C-----AAGC---G---G---...A-T-	124
HPV18	---C---T---C---A---...GT-----C---A---CA...AC--	124
HPV45	---A---T---G---...GT-----AC---CA...AC--	124
HPV39	A---C-G---T---C---C---C...C-G-G---G---G---...A---CA...AC--	124
HPV68ME180	---C---T---C---T---C...C-G-C---G---G---...A-C-C-...AC--	124
HPV70	A---C-G---T---C---G---C---CTG-G---G---C---C---A---CA...AC--	124
HPV59	---GC-G---T---T---C...T---C---A---CA...AC--	124
HPV7	A---T-G---TG-G---T---C---T---...GT-G-T---A---A---G---CTATA-G-	127
HPV40	A---G---TG---G---T---C---G---...GCTG---G---A---G---G---CATA-G-	127
HPV16	---G---TG---G---...GCT-----C---A-C---A---C...AGT-	127
HPV35h	---G---TAGT-G-CGT-G---...CC-G-G---G---C---AA-----C...TGT-	127
HPV31	---G---A-T---C-G-C-G---...C---T---G---C---AA-----CAGT...AGT-	124
HPV52	A---G---A---C---A---...C---T---G---C---A---CA...T-T-	124
HPV33	G-----G-CA---G-G---A---...-T---T---A-----ACA-CA...-T-	124
HPV58	G-----GG-A---CG-G---A---...-T---T-----C---ACA-CA...-C-	124
RhPV1	---G-G-T-----CGT---G---...GTGG-G---G---C---A...-C-CACA...-G-	118
HPV6b	G-----T---GC-C-CCC---TACA...C-----C-----G-G-T-...-G-	124
HPV11	G-----C-----GC-C-CT---TACA...C-----A-----A-G-G-T-...-G-	124
HPV44	A---G-T---G-G-C-C---C---C-A...C-----G-----G-CA-T-...-G-	118
HPV55	A---G-T---G-G-C---T---C-A...C-----T---G-----G-CA-T-...-C-	118
HPV13	A---G-TG-----CG-C---T---C-A...C-----ACA-T-...-G-	124
PCPV1	A---G-T-----C-GG---T---A---A...G-----ACA-T-...-G-	124
HPV34	-----C---T-----GG-----...GC---C---CA---AA---T-T---G-...-C-	115

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	ATACA...GGGTCAGATATGGTAGACTTTATAGATGATAGTACT...ATAAGAAAACAGGCAGAGCTGGAAACA	192
HPV54	-C-GT...---CTT-----G-----T---A-----GTG...TC-CAGGT-G---GGC---...---AT	189
CgPV1	0
HPV32	-C-GC...---TG--CC-C---T---G---C---C---C-GA...---T...---CTA--A-T-AATT--AG	186
HPV42	---GT...---T---C-T-G--T---G---A-----A...G---T...---TA--A---A--T-CAT	186
HPV3	-CGG...---GA---T-A-G--T---C-----GC---...G--G-G...G-C-G-C---...---GTG	192
HPV28	-CGA...---GA---T-T---T-----C---GC---...G--G-G...G-T-G-C---...---GTG	201
HPV10	-AG...---GA---CT-T-----C---GGTCGC--G-G...G-T-G-C---...---GTG	201
HPV29	--GAG...---TGA---C-----AC---...---G-G...G-C-G-C---...---GT-	198
HPV61	-C---...---GA---CC-A-----C-----ACA--GCGC...CCCG-G...G-T-GGC---...---GTG	201
HPV2a	-G---...---GAG---T-A...---CA---GGT...CCCG---...G-T-GGC---...---TT	189
HPV27	-A---...---GAG---G-A...---C---CA---GGT...CCCG---...G-T-GGC---...---TT	189
HPV57	-A---...A--GAG---T-A...---C---CA---GGT...CCCG---...G-T-GGC---...---GTT	189
HPV26	-----G--CC-AA--GA-----G-----TG-TT-T-----A-A---GGT-	189
HPV51	-----A--T--T-AA--A-----AG-GAA--AGT--TT-C-GT-----G--A-A--G---	192
HPV30	GC---...CA-----T-A-AT-GG--C---CA-----A-GTA---C-C-----CAG---G---	195
HPV53	GC--C...AA--T--T--AT-GG-----CA-----A-ATA--TCT-C-----AAG---G---	189
HPV56	-A-T...ATA-----T-A-AT-GA-----C---TCATA-ATACA--AT-T-----CGCA---%AC	194
HPV66	-A---...ATA-----G-A-AT-GA-----CA---CACT-ATA-AC-AT-C-----A---CAG---G---	195
HPV18	-C-----G-----T-----T---ACACAAGGAACAT-TT-TG-----A---G---	195
HPV45	-----G-----T-----T---CACACAATTATCC--TT-TG-----AA--G---	195
HPV39	-----T-----CC--C-----T-----TCC--AGAT--TT-TGT-----GT--G---	195
HPV68ME180	-----T-----C-----T-C-T-----GC--AGAT--TT-T-T-----GT--G---	195
HPV70	-----T-----CT--C-----T-----C---AGAT--TT-TGT-----GC--G---	195
HPV59	-----T-----CT-----T-----T-----CC--AACA--TT-TGT-----GC--G---	195
HPV7	-C-GT...---A-AT-----T-----TA-----C-GTA...G---TG---T-A---A---AAGT-AT	195
HPV40	---GT...---A-TT-----A---T-----T---A---GT-GTGGC-GAGG---T-T---A---AAGT-AT	198
HPV16	-----TGA---T-----T-----TAA--GA--A-GATTATTT-C-----AACA--G---	198
HPV35h	-C-GG...---GAG-----G-----A-----CAGA-ATAT---AC-T-----AACA--G---	198
HPV31	---T...---GAG-----T-----T-CA--T---A-GTATAC-AC--T-----AGCA--G---	195
HPV52	---GT...---AA-----C-AA---T-----TCA-A-ATA-AT-ATG-----A-AT--GG--	195
HPV33	-C-GT...---CA-G---T-AC---G-----TC---TGGAA-AT--T-T-----CACAA--GG--	195
HPV58	---GT...---TA-----T-AA---G-----TCAGTACAA-GT-CT-C-----AGCA--GG--	195
RhPV1	-----AT--T-----C-CATG...GG---TGTG--A---G-GAC--GG--	186
HPV6b	-C-GT...---AT--C---G-----T-----C--C-A...---T-C...---CAATTCA-----... 186	186
HPV11	-C-GT...---AT--C---G-----T-----C--GCA...---T-C...---AAATTCTG-----... 186	186
HPV44	---GT...---TG-----G-----C--GC...---T-C...---CAATTCCA-----... 180	180
HPV55	---GT...---TG-----G-----C--GC...---T-C...---CAATTCCA-----... 180	180
HPV13	---GT...---TG-----G--T--C-----C--AC...---T-C...---CAATTCCG-----... 186	186
PCPV1	---GT...---TG-----G--T-----C--GTG...---T-C...---CAATTCTT-----... 186	186
HPV34	----GAG-AT--T--A---GG--T---T---A--GCACACATATCT-AT-T-T-TT--C---A---TT 189	189

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

poly-A signal
for HPV42, 32
-> <-

most-likely	GCACAGGCATTGTTTCATGCGCAAGAAGCACAGGCTGATGAAGAGGCAGTGCAGGCCCTAAACGAAAGTATGT	266
HPV54	C-----A-----C---C-GCTG-----A---T-----ACAAT-----A-	263
CgPV1	0
HPV32	--G-----A-AA--AG---C-----T--A--A-G-----A---A-----TAT-	260
HPV42	----A-C--A-AA-AAA---C-----T-A--C-G-----A-----A-----CTAT-	260
HPV3	-----A-C-----G-TGCA---C---TGC--A--C--T-TA-A-----A-AG-----T--C	266
HPV28	-----A-C-----G-TGCA---C---TGC-A-A-----T-TA-----T-----TG-----T--C	275
HPV10	-----A-C-----C-GCA--GAC---TGCA-A--C--T-TA--T-----A-TG-----T--C	275
HPV29	-----A-C-----G-TGCA---C---TGC--A--C--T--A-----CA-TG-----T--C	272
HPV61	C-G-TT--G-----CGT-CAA--A-T-----A--C-CT-CAA-G-----A-----AC	275
HPV2a	C-CTT-CAGC-A-A-GCACAA--ACC--T---A--C---CAA-----T---	263
HPV27	C-CTT-CAGC-A-A-ACACA---ATC-----A--C---CAA-----TC--	263
HPV57	C-CTT-CAGC-A-A-GCACAA--ATC--C---A--C---CAA-----T---	263
HPV26	A-C-----G--A--C--AA-----AA-AC-A-----GCAATT-----TAC-	263
HPV51	---G--G-----G--C-----TT-----AA-CA-----T-----TCAGT-----T-C	266
HPV30	--T--CAG--A--G-----C--A-CA--T-T--A--AC-C--A-GC---CAATT-----T-	269
HPV53	--T--CAG-----A---C%-A-CA---T--A--AC-C--A-GC---AAAT-----T-	262
HPV56	AGT--ACA-----G--A-TA--AC-----T--A--A--C--A-GT---AAAA-----A-	268
HPV66	--T--ACA--A--G--A-TA--AC-----T--A--C--A-GT---AAAA-----A-	269
HPV18	-----C-----G--G-TC--CAA---C-C-A-TGT---T-TTT-----T--C	269
HPV45	-----C-----G-----TT--AA--C---C---TGT---TCITT-----T--C	269
HPV39	-----T-C-T--A--AT-----G--C--AAGG---C-C-A-----GT---T-----AC	269
HPV68ME180	-----T-C---AA--AT---C-G--C--AAGG---C-C-AA-----GT-----AC	269
HPV70	-----T-C---A-A--AT---G--C--AAGG---C-C-AT---GT---T-----G	269
HPV59	-----C-----A--T---G-----C--AAGG---C-CG--A-A---T-TTT-----T--G	269
HPV7	-----T---A---A---C-GA--TGT--A---CT-TA-AGT--TGT-AG-----CA-	269
HPV40	-----C-T--A---TA--GC-GA--TGT--A---CT-CT-ACC--TGC-AGT-----CA-	272
HPV16	-----T--G---AC--A--G---A-ACAAC--AG--T---A---TT-----T-	272
HPV35h	-----A---A-----A--G--G-AG--AA-AC-CA-----T--A---T-----C	272
HPV31	-----A--G---GG--AAC--C-----T-----TT-----	269
HPV52	--C-G-----A---A--G---GGG--A---TT-C-T--T---TCT--AG-----T-AC	269
HPV33	--C-G-----A--ATA--G---GGG--A---TT-A-T--T---TGT--A-----T--C	269
HPV58	--C-GA--G-----A--TA--G---GGGT--AC--AT-A-T--T---TGT--A-----T--C	269
RhPV1	C-TGG--G---G--C--A--G--A---A--GC--C-----TTT-----T---	260
HPV6b	-----A-CAG--G--G--GG-CA-CC--T--T-C-A-T-----A-----T-	260
HPV11	-----A--AG--G--G--GG-T---C--T--T-C-A-T-----A-----T-	260
HPV44	-----AA-C-A--G--G--GG-T---C--T--T-C---T-----A-----T-	254
HPV55	-----AA-C-A--G--G--GG-T---C--T--T-C---T-----A-----T-	254
HPV13	-----AA-C-A--G--G--GG-T---C--T--T-C---T-----A-----T-	260
PcPV1	-----AA-C-A--G--G--GG-T---C--T--T-CA--T---A-A-----T-	260
HPV34	-----A-A--CT-A--GC---TTA-T--A--CA-T-----TA-A-GT-TT-----T--C	263

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	AG...GCAGTCCATATGTA...AGT.CCTTTAAGAGATATACAACACTGC.GTAGAAAATGATC.TAAGTCCAC	331
HPV54	--...-----G-----...-----G-TGC-A-C-GCG---C---T.-----G--C-.-----C--C-	328
CgPV1	0
HPV32	--...-----A-.....-CGCC--T--T---GG-GA--.A--A-C--A--G-.-----C--TA	325
HPV42	--...-----A-.....-C-...-G-C--T--TC---G---A--.A---C--C--A-.-----TA	325
HPV3	TC...C-----G---T-T...-C-...-G-GT-T...G---T-C-A--.A-----G-.-----GA	328
HPV28	TC...C-----G---T-C...-...-G-GT-TATG...-C-A--.A-----A-.---C-----GA	337
HPV10	-C...C-----T---T-C...-C-...-CG-GT-T--G...-GC-A--.A-----C---A-.---C---A	337
HPV29	TC...C-----C---T-C...-C-...-G-GT-T-TG...-C-A--.A-----C---G-.-----CA	331
HPV61	-T...-T-C--TGCAAGC...-CA--G-GT-T...-CT--..-G--C-G---AT.-----C-	331
HPV2a	G...C-----T-TG...TC-.G-A-GCTC-.....-A---G-----T.-----CA	313
HPV27	G...CT-----T-TG...TC-.G-A-GCTC-.....-A---G-----T.-----CA	313
HPV57	G...CG-----T-TG...TC-.G-A-GCTC-.....-A---G-----T.---G---CA	313
HPV26	--...-T---AGA-C.....-C-...-G--GCA.....G-CATAACAAA-CA-C-CA--CAGC--AG-G--	321
HPV51	--...-T---C--GCGAAGC...-C-...-A---G---C.....-TT-CA-AT.C-AA-A--	315
HPV30	--...-----G-TG...G-A.GACA-T--T.....	294
HPV53	--...-----TA.....G-.GA-A-T--T.....	287
HPV56	--...CT-----TA.....-G.GA-A-T--T.....	293
HPV66	--...-T---C-TA.....-GA-A-T--T.....	294
HPV18	--GAG---CA--G-AAAC.....-A---G-G--G...-GG-TGGAG.-G--T-CA--GT.-----	334
HPV45	--...-AG-CAGCA-G-A-AAC---A---G-G--G...-G-TAA-T.-G--T-CG---.-----	334
HPV39	--...A---CAGTGGC-ACACT--A.-G-ATG-.....A-AAAA.---GC-GGA--A.CC--GGG-A	328
HPV68ME180	--...A---AT-G-AAGC...-C-...-GC-.....-G.-	304
HPV70	--...-G--CAATCTAAATAAA---GTGC-A-A...CG-CAG---C-T-GG--A.A--GGT-A	334
HPV59	GT...-AT-G-AAAC...-AG-GAG-A-.....GCGGCG.-C--G--AA-AG.CT-AGT--	325
HPV7	T.....-A-TCAGTGCTC-G---CG-C.-G--CGGG---T.-----A	331
HPV40	T.....-C-----A--CA-T-CTC-G---CG-CT.A---CGGG--C-.-----A	334
HPV16	G...-T-----CT-.....GA-A-T--T.....GGA--T.-----C---A--A.-T-----TA	325
HPV35h	TA...-T-----CT-.....-C.AGCG-G--C.....TTA--T.-TA-T--A-CA.-----	325
HPV31	--...-T-----T-TA.....GA-A-T--T.....AGT--T.-G--TT--A--A.-T-----	322
HPV52	-A...-----GG-A.....G--GGGCA-.....G-TG-T.-----AC--G.GT----G-	322
HPV33	C...CAT--T--C-A.....G--GCGGAG.....G--GTT.--T--TCG--C-G.C--AC--GT	322
HPV58	--...CAT-CT--G-A.....G--G--GAG.....G---T.-G--CCGG-C-G.C--A-GTGT	322
RhPV1	--...-----GGCA--T.....-G--GG--A-CTACA-T-C--T.-----C-GG---T.-----CA	325
HPV6b	--...-T-----T.....-A--ACAC---GCCG-GGCA.-G---G---AA.-----	325
HPV11	--...-----A---CA--G--GCTA-TGCA.-----G---GA.-----	325
HPV44	--...-T-----T.....-TA---TG-G--GGCA.-G--GTG---CA.-T--C---	319
HPV55	--...-T-----G.....-CA---TA-GG-GGCA.-G--GTG---CA.-T--C---	319
HPV13	--...-T-----T.....-CC--G--C--G-TG---G-CA.-G--CTG---A.-----T-	325
PCPV1	--...-T-----C-----T.....-A---G-CC---TG---G-CA.-C--GTG---A.-----T-	325
HPV34	--...-T--G-TGGCAGT...-C.-AGAC--T.....A-AA-A.CAT--TTGA-A-.AC-AA-AG-	319

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	GGTTAGATGCAATAACGC.TAAATAGAGAGTCTAAAAAGCAAACGACGGCTATTTGAAACACGGGA	404
HPV54	--C---GG--T---T-C-.-GGAC-GCG---AGCC-----C-----G-----AT-AGG--	393
CgPV1	0
HPV32	--C-T-G--G-T--CA-T.--TG-C-G-G---CC-GGG-C-----A-----C--T--TT---AAT-G	398
HPV42	--C-T-GC-GTT-----TG-C-G-G---CC-GGG-C-----AT---CC-GT---T---AAT-G	398
HPV3	--C-----A---GGGG---C-AA-ATC-----C-----C-----G-----	392
HPV28	--C-----C---A---GGGG---C---GGGG-C---C---C-----C.....C-G---	401
HPV10	---C---C---A---GGGG---C---AGC---G---C---T---G---G-----G-----	401
HPV29	--C---C---C---A---GGGAC-GC---CTCT---C---GA-----C.....C-----	395
HPV61	--C-G--C--C--CG-A.--C-CC-G-GACAGG-C-GG--T-GGA--A---G---GAG-A	392
HPV2a	-A-----CT-C-.-C---A---AG---G---G-GA-G--CT---C-G-----C---	383
HPV27	-A-----CT-C-.-C---A---AG---G---G-G-C---C-G-----C---	383
HPV57	-A-----CT---C---A---AG---G---GA---CT---C-G-----G-C---	383
HPV26	A--C--CA-A.--CACA.CC--GT-A-TAA-TC-C-G--C--A-GA-AGCCG-G-C-GT.....G---	386
HPV51	ACAC-C-.-C.-TA-T.C-GGC-A-CGA.G.TC-C---TT---A-GA-AT--C-G--C-GT.....TAT--	377
HPV30A--CAGCA-TTGTG.-GTGCC-G-A.....GG-T---A-A-A---T---CG-GG-	353
HPV53A--CAGCA--AG.-GTGCC-G-A.....GCT-T---A---A---T---G-G--	346
HPV56A--CAGCA--TG.-GTGCC-G-A.....GG-T---GA---TA-TT-T---C---A	352
HPV66A--CAGCA--TG.-GT-CC-----G---T---A---A-A.....TT-TC-GA	347
HPV18	-----C-A-A---T-TT-----T-G-CAG-----G-----A-G-----AC-A--T-	398
HPV45	-----C-A-A---TT-AT-----T-G-CAC-----T-G-----AC-A--T-	398
HPV39	CAC--C-G-A--TT-AT-----GT-AGCAG--CGC-G---C--A-AC-G-G-A.....TCCG-G--	392
HPV68ME180	CA---C-G-A-C--T-A%A--TGG-AGTG-.....CT-CT-GA--TA-C-G.....	354
HPV70	CAC--C-A-AGC-CC--G-----C-T-TGCAA---C-G---G-AC-AACG-G-A...T-----G---	398
HPV59	CA---C-A-A---T-AG-----GTTA-CCACCC---T---A--A--T--A-A.....AC-G-G--	389
HPV7	--C-GC---C---A---TGCGC-C-GT.....G---T---A-G---T-G---GCG-TT---G-AG-G	401
HPV40	--C-GC---C---A---TGCGC-C-GC...C---G---T---G---T-G---CC-GCGTGT---G-A-AG	404
HPV16	-A---A-A--T---TGTA.--G-A-A-C-AAG-G-GCT-----A-GA-AT-----AGCGA	389
HPV35h	-T---A-A--T---TTGCA.-TG-A-ATA-AAA--C-GC-----G---AT-----	389
HPV31	-----A-A--T---TGCA.--G-A-ATA-CAG-----C-----A-A--C-----T--	386
HPV52	-TGC-A-ACAC--TTGTG.-----C---G-GTTTT-C-----CAAA-C--G-----C-CG--GA	386
HPV33	-TAG-ACGT-T--T-ATA.A-----A---A-GC-C-T-CAG-----AAAA-GA-----G--GA	386
HPV58	-TG--TCGTGG-A-TATA.A-----A---A-GC-C-C-CAG-----AAAA-TA-----G--GA	386
RhPV1	-A---A---A---GTT.-----CCA--GCAGCGG-C-G-----GA-A-G-----T-G--	386
HPV6b	-A--G--C--C--T-AA.-T-CA--C--C-A---G-T--G-----G---C---CA-----A-	398
HPV11	-----C--C--T-AA.-T-CA-C-C--C-A---G-T--G-----G-----T--A-	398
HPV44	--C-G--C--T---AT---G---C-AC-A-----T--G-----G---C-G--CA--T--A-	392
HPV55	---G---C---AAT---G---C-AC-C-----G-T--G---G-----G---CA--T--A-	392
HPV13	-A--G--C--T---AAT---G---A-T-----T--G---G---G---C--T--A---A--A-	398
PCPV1	-A--GA-C--C---CAAT---G---A-AC-----T--G---G---G---CC--T--A---A--A-	398
HPV34	-TAGTCCACAT--TT-A.CG-TA--G--CA---T-CTA--TCTAC--AC---G...TGT...-GGA--A	386

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

		E2 bind, HPV3, 28, 10, 29 -> <- -> E2 bind for HPV27 5' sj for HPV16 \/	
most-likely	AGACAGTGG..ATATGGCAACT..GAAGTGGAAACTGAAGAG.....AAACAGGTAGAG.....		456
HPV54	CA--C-CC-CC-A-----C-----G---CG.....G-----		438
CgPV1		0
HPV32	C-----T--T-----TACGGC-----G-----A.....		450
HPV42	-----T--T-----GTAC-GC-----C-----A.....		450
HPV3	G-----G-----C-A--A...C-G----T--G---TC-GGACCA-----C--GACATTTGTAA		461
HPV28	G-----G-----C-A--A...C-G----T--G---TC-GGACCACTG-----C--GACATTTGTGA		470
HPV10	G-----C-----C-A--A...C-G----T--G---TC-GGACCA-----C--GGCAGTAGTGA		470
HPV29	G-----G-----C-A--A...C-G----T--G---CAC-GGACCA-GC-----C-AGATGGTTGCGA		464
HPV61	--T-----C-----C---G...C-----T--G---CATCAGAA-GT-----CC.....		450
HPV2a	-----G-----G...C-GA--TTGT--G-AC.....CC.....		429
HPV27	-----G-----G...C-GA--TTGT--G-ACA.....CC.....		429
HPV57	-----G-----G...C-GA--TTGT--G-AC.....CC--A.....		429
HPV26	G----C---G-----T-----CTTAC-CCC...GT-----T.....		441
HPV51	G----C---G-----A...C-----TG--AGCAACGTTG-----T.....		435
HPV30	C----C---G-----TTG-----G-AACG.....C-----C.....		405
HPV53	G----C---G-----TTG-AA%-CGTG---CAACG...C-----C--GAACAGTA...		408
HPV56	-----C---G-----A...TTG-AAACTCTG--ACACCA...G-----T.....		407
HPV66	-----C---G-----A...TTG-AAAC-TTG--ACATCA...C-----A.....		402
HPV18	--T-----C-----TG-T-----G-AAC-C-----TT-----ACTACA.....		453
HPV45	--T-----C-----TG-T-----G---C-----CT-----ACT.....		450
HPV39	-----C---G-----TG...A-CT--AGTG...G-GG-----ACT.....		447
HPV68ME180T-GCAA...CT-A-AC---TG-GG.....CG--C.....		380
HPV70	-----C---C-----TG...A-CT--A...GTGG-----ACTGTAGTA....		456
HPV59	-----C---C-----T--T-----TGCTC-----CT-----ACC.....		441
HPV7	-----C---C-----T--T-A...C-----AAC-----C-----		453
HPV40	G-----C---C-----T--T-----AAC-----G-----		456
HPV16	-----C---G-----C-GC--ATG...TT-----A.....		444
HPV35h	-----C---T-----T-----TAC-GC--ATA...C-----		444
HPV31	-----C---G-----G-C-GC--ATG...GT-----		441
HPV52	-----C---C-----G...G-GC-GC--ATGGCAG-C-----C.....		444
HPV33	-----C---C-----G...G-GC-GC--ATGGTAC-----A.....		444
HPV58	-----C---C-----G...G-GC-GC--ATGGCAC-C-----A.....		444
RhPV1	G----C---T-----GTCGCTA...TTG-----CA.....		438
HPV6b	G-----T-----T--T-----G--G-AC-GGA...CG-----		453
HPV11	G-----T-----T--T-----G--C-----CG-----		447
HPV44	G-----T-----T--T-----G-----CG-----		441
HPV55	G-----T-----T--T-----G-----CG-----		441
HPV13	G-----T-----T--T-----G-----CG-----		447
PCPV1	G-----C-----GTG---CAGCA...CG-----A.....		453
HPV34	-----C-----GT-C-----G-----CC.....		438

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	456
HPV54	438
CgPV1	0
HPV32	450
HPV42	450
HPV3	GACAAGC.....CAACAAGATG	478
HPV28	GACGGGG.....ACACAAGATG	487
HPV10	AACGCAAGATGGCCGACAGGATGATGATGAGGGGAGTGTGGTACAGAGCACACTTGACACAGGCAACCAAAATG	544
HPV29	GACGGGT.....GATCAAAATG	481
HPV61	450
HPV2a	429
HPV27	429
HPV57	429
HPV26	441
HPV51	435
HPV30	405
HPV53	408
HPV56	407
HPV66	402
HPV18	453
HPV45	450
HPV39	447
HPV68ME180	380
HPV70	456
HPV59	441
HPV7	453
HPV40	456
HPV16	444
HPV35h	444
HPV31	441
HPV52	444
HPV33	444
HPV58	444
RhPV1	438
HPV6b	453
HPV11	447
HPV44	441
HPV55	441
HPV13	447
PCCPV1	453
HPV34	438

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

	E2 bind for HPV27 <-	->	E2 bind for HPV40 <-	
most-likelyGAAGAAGATGAAGAG.....AAAGAA.....		AGTGGTGGGGGGGAAAT	495
HPV54-T-A-TACC--G-G-.....-C--T.....		GAAACA-A-.....	468
CgPV1			0
HPV32A-T-G-C---GC-CC.....CC-.....		GAC--GA-TAT---T--C	486
HPV42C-C-G-C---GC-CC.....-T.....		CA--GACTAT---T--C	486
HPV3	GCTGCCAG-GT-CG---G-G-.....-G--GT.....		--GAA--T-----	525
HPV28	GCCGCCAG--C-CG---G-G-.....-GC-GT.....		--GAA--T-----	534
HPV10	GCCGCCAGA-CA-T---G-G-.....-GT-GG.....		--GAA--T----A-C--	591
HPV29	GCCGACAGC-GT-TA-G--G-G-.....-GT-GT.....		--CAAAG-AT----A---	528
HPV61-GG--T-CGC--C-T.....G.....		--G--G-----AATCCG	484
HPV2a-G-T-ACG-GG--T.....G-G--.....		--CCAA-----C-GCCG	468
HPV27-G-T-ACG-GG--T.....G-GA-C.....		--C-AA-----C-GCCG	468
HPV57-G-T-ACA-GG--A.....G-CA-C.....		--CAG-----C-GCCG	468
HPV26A--C--T-----A.....		-A---C---TT-CCT-G-	474
HPV51-GGC--C---GC-GT.....TC-C-G.....		-ACA---T-T-TA-T-GC	474
HPV30--TA-TACGT-T-GTAGT...GGT---C-G.....		CAA-A--A--CTC-C-G	450
HPV53	.TGTAAGG--G-C-AG--GC-G-.....-G.....		CAAAA--A--CTC-C-A	454
HPV56-G-TAC-G-GA.....CGT-GG.....		T-C--GAATACACA----	446
HPV66T-C--A-G-G-A-T.....-GG.....		T-C--GA-CTCACA----	438
HPV18AAT-GC--C---GC-GC.....-T-T-.....		T--A---C--CA-T-CG	495
HPV45-T-A-CAC-A-T-C-.....-C---C.....		-A---C---C---G-	480
HPV39-T--C-AC-A-TACA.....-T-GG.....		GA--C--AA----A-C--	486
HPV68ME180-GG--G-----G-.....-G-----		-A---C-AC.....	407
HPV70	..AATAATAC-A-T-GG-----G---GG.....		GAAAA--C---A----	501
HPV59-TG--GA--ACT-GA.....-T-GGGAT.....		AGC-A---CA-T-TTT-T-GC	486
HPV7-C---GC--A.....CCG---.....		G--ATA-A-----C-G-	492
HPV40AC---C---GC-GA.....CCG---.....		GA-ACC-T-----T-G-	495
HPV16-GGCGCC---GACT.....---ACACCATGTAGTCAGTAT-----		AA-T--GGG-	498
HPV35h-GGC-T---AC--TT.....G--C--.....		T--A--AT.....	474
HPV31-GC--C-AAC-ACA.....T.....		TAA-T--TA.....	466
HPV52-GGC--A---GC--CTGGCAAAGT--CAGT.....		---CAATCAA-T--GGTG	492
HPV33AGTC--A---GC--CAC.....A--CTT-.....		-A--ACTTA-AATCT-G-	486
HPV58AGCC--A---GC--CGC.....AG-CTT-.....		-A--ACTC--A-TCT-G-	486
RhPV1-GG-GG-GC-GCC--.....G-T-T-.....		CAG-CA---.....	468
HPV6bA--C-T-GC-T-CC-.....-G-----		-A---G--A-AT--TC-G	489
HPV11A--C-T-GC--CCC-.....-G-----		-A---G--A-AT--TC-G	483
HPV44AG-A-T-GC---CC-.....G---T.....		T---G--A--T---C-A	480
HPV55AG-A-T-GC---CC-.....G---T.....		T---G--A--T---C-A	480
HPV13AG-A-T-GC---CC-GA.....A--T--T.....		T---G--T--T---C-C	489
PCPV1AG-C-T-GC---CC-GA.....A--T-GC.....		T---G---T---C-C	495
HPV34-GGCCG-GG-G-TGT.....TT-C--.....		--AC-A-CA-TA-T--C	477

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likelyGGGGGGGAC....GAG.....GAGGAGGGTGAAGGGGGAGATGGGG	532
HPV54ACA.....--CC--TGC-GACA-T-TC-----	496
CgPV1	0
HPV32G-...AT-.....-GCAGT-TAC-T---TGC-G...-	520
HPV42CA...-T-.....-GTAGT-AACTT---TGC-G...-	520
HPV3-CA-CC-G...---.....-C--C--A-G-----	562
HPV28-C--CC-G...---.....-C--C--A-G-----	571
HPV10-CA-CC-A...---.....-C--C--A-G-----	628
HPV29-CA-CC-A...---.....-C--C--A-G-----	565
HPV61T-CA--A-.GC.A--.....-C--GG----G-C--A-	523
HPV2a-T--A---TCA.G--.....-C--C-----C--A-	508
HPV27-T--A---TAA.G--.....-C--C-----C--A-	508
HPV57-T--AC-TTAG.G--.....-C--C-----G--C--A-	508
HPV26-T-T-TAGT...C--.....-G--G-TCAA-T-CCTC--TG...-	508
HPV51-G-.....-TGTTA--G-T-T---A-C...-	503
HPV30	ACT.....AGT-T-T-TAG-...AG-.....--AA-CA-CAT--AA-C--C...A	490
HPV53	CAT.....AGT-T-T-TAG-...AGA.....-T-G-A-CAT---TC--GAA-T-	497
HPV56-A--CTCA...C-AAACAGTACCTATAGTAACA-TAGT-AG--CTCT-T-ATACATA	501
HPV66-A--CTCG...C-A.....A-CAGTAA-TGTA-T-AGC-CTC--	475
HPV18	GAGGCTATAGACAAC---CACA...---.....-GCA-CAACAGCA-T-T--C...-	544
HPV45-TACATAGT...ACA.....C-AAGTA---GT---ATAG-A-T-	517
HPV39-C--CAGTGT.ACG-.....-T-CAGTA-T-TG---A-T-	526
HPV68ME180A-CATA...CG-.....-CT--AGTA-T-T--CA-T-	441
HPV70-C--CAG-AT.ACG-.....-T-CAGTA-T-T--CA-T-	541
HPV59-ACA-TC-A...ATA.....-CTGTA-C--CA-CA-TA-C...A	520
HPV7-A--CTGC.GACA.....-TT--AACG---C--TT--A-T-C	532
HPV40-A--TGAC.CACA.....-T---CG---CA-T--G-TT-	535
HPV16-TT-CAGT...C--.....T-CAGTA---G-A-T--G-GA...-	532
HPV35h-CAGT...-G-.....-TAGTATAACCTCTA-TAGC...-	505
HPV31-T-GTA---C--AC-C--...-	486
HPV52-CTAGT...A-T.....TCA--T-TAAGTT-TACTAG-ATA-	529
HPV33-T--GG...--T.....-TTCA-AA-T-A-CT-T--G...A	520
HPV58-T--GG...-CT.....AGTTCA-A--T-A-CA-T--A...A	520
RhPV1-G-.....A---AAACAC-C--CC---...-	492
HPV6b	GAAAAG...GACACA--AA-----ATA.....-G--AG--CATA--G-C--	538
HPV11-AAA-----AC.A-G-AGGGACAT...AGAGGGT---G--TG---CATA---G-C--	538
HPV44-AA-----ACA.....-G--TG---CA--TG--AAC--	517
HPV55-AA-----AC.A--.....-G--TG---CA--TG--AAC--	520
HPV13-AA-----A-A.....-G--AG-G-CA--TGC-CAC--	526
PCPV1-AA-----A-A.....-G--AG-G-CA--TGC--AC--	532
HPV34	AACGGCA.GCCAAAT--C-TC-C-AGGG--A.....ACAA-TA---GGTCCA-TAGCATTT	532

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	AG...GATATTGAAAAAAGCAAT.....GAAACA.....ACAGCAACACAA.....ATATTA	576
HPV54	-A...ACA-C-AC-G-T---CTA.....-G--GG.....CAG---...--TAC-	534
CgPV1	0
HPV32	-A...A--CAG----T-G---CA.....A-T--G.....C-TA----AGG.....G-GG-G	564
HPV42	-A...A--GAA---GGT--T-C.....AC--GT.....--GC-T---AC-AGG...G-GG--	567
HPV3	--GAATCGCAGACTG-G--TGTA.....C-G---GAT.....--GA--G-CTGTGGA...G-G--G	615
HPV28	--GAATCGCAGACTC-GG-TGTA.....C-----GAC.....-AG---G-CTGTGGA...G-G--G	624
HPV10	--.GA--C-GACTT-C-AAGTACAA...-C-CTGG.C.....-AG-G-G--GGTGGC...G-GG--	681
HPV29	--GAATCGCAACCTCTG--T-CA.....-----GAG.....-A--G-G--TGTGGT...G-G--G	618
HPV61	--GCC--GGCCAC-GGT-A-C-G.....-----GCAAGCGCA...GGAGCAG--GG--G-C.....-----	582
HPV2a	--GCA---C-AACTGT-CA--C-CCA...C-GT--GGA.....-----ATG-GGCGGGTAGCG-GC-G	567
HPV27	--GCA--CC-AACTGT-CAA-C-CCA...C-GT--GGA.....-----ATG-GGCGGGTAGCG-GC-G	567
HPV57	--GCA---C-AACTGT-CA--C-CCA...C-GT--GGA.....-----ACG-GGCGGGTAGCG-GC-G	567
HPV26	-A...-----C--TGT-GA--CACAT...-T--AC.....-GT-TT-----GT	555
HPV51	.A.....AC-G----TG-.....-C--ATGTA.....GA-CT--ACAGT.....--GT	543
HPV30	GT...GA--C-G--T-T-G--GCC.....ACG.....C--C--CAG-----CA-	531
HPV53	-TATG--G-G--T-G-CAGG--.....AT--TG.....C--CTGCA-----CA-	544
HPV56	T-.....-----T-G--A-----G.....C--A--CA-----T-GCAG	545
HPV66	TATCAA----G--T-T-GAT-CAAATATG-----C--A--CAC-----T-GCAG	528
HPV18	GT...ACA-G--C--T-----ATA.....-ATGTAAATCCACAATGT--CAT-G-----T-AA-	606
HPV45	-C...A--GCA----TGTAG--.....CCGCATTGC.....GTATT--G-----C--AAG	564
HPV39	CTATA---G-----CCAGG--CCC...A--T-T.....C--A-TG-----TAA-	576
HPV68ME180	CTATA---G-----CCAGG--CCT...A--T-.....C-TA-T--G-----C--AA-	491
HPV70	CTATT---G---G--TCAAG--CCA...C-GT--.....C-TA-TG---G.....C--AA-	591
HPV59	T-...--G-----C-TAGT-CCA...AC-T-C.....C-CA-T-AT---T-G--	567
HPV7	TAGAA--A-GCAGTG-TGTT-TACAG...C--CTTAGT.....C-GCGT----G.....G-GG--	585
HPV40	T-...--AGAC-GC-GTCATGT-ATA...--CCACTGTAG.....TC-GCGC-----C--A--	588
HPV16	--GGT-T--G-----G-CA--C-ATATGCC-----C--CTT--A-T.....-T--	585
HPV35h	-T.....--G-CATG--.....G--T.....C--A-GCG-G-C.....--A--	543
HPV31-G---CG-GAG-----T.....C--A--CGTA-T.....--G	525
HPV52	--...--C-A--GG--AT-G-.....A-T-G-.....-GCT--A-AGC.....--CA-	573
HPV33	CA...A--G-A--T...--TG-.....-ATGTT.....-GTTGCAGG--...TAGT	564
HPV58	C-...--G-A--C...--TTG-.....A-T--TGTT.....C--TT-CA-A-T.....--TAGT	564
RhPV1--CGGGG-GGGG.....-T.....-C--G--G.....	516
HPV6b	-A...-CGCCAC--C--TGACGG...--GCAT.....G--GC--GC-GGA.....-G	588
HPV11	-A...-CAG-A--CG-C---CCCGA...--GCAT.....G--AC--TC-GGA.....	588
HPV44	-A...-TGCAGAC-C-T----CACA...C--CAGCAC.....--C-GG--CACGCGG...G--C--	570
HPV55	-A...-TGCAGAC-C-T--G-CACA...C-GCTGCAC.....--C-AG--CACGCGG...G--G--	573
HPV13	-A...-TGCACAC-GGC---C-GATA...--GAGCAC.....--GG--CACGCGG...G-G--	579
PcPV1	-A...-TGCACAC-G-----G-GATA...--CACCAC.....-G-GT--TACGCGG...G--C--	585
HPV34	CA...A---G--T-T-GA--TG.....--GCACA.....C-TAT--GG-C.....--TAC-	579

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

poly-A signal for RhPV1
-> <-

most-likely	GAATTATTAAAAATGTAGTAATATAAAAAGCAACATTGTTAGGTAAATTTAAAGAACTATATGGAGTATGATTTAC	650
HPV54	-----A--C-TAAC-CA-----TCGT-T-G-----T-----TG-----C-----T--A-T-----T	608
CgPV1	0
HPV32	----GC-T--G---AG--CT-GC-----G-----G--G-T---T-G-C---GG	638
HPV42	----C-T--G---AG--CC-GC-T-----G-----T-G-T---G-C---GG	641
HPV3	-C-A-----GC--C--CAC-----GC-AC-G---G-----A--T---GT--G---A	689
HPV28	-C-A-----G-GC--C--CA-----T--GC-AC-C---G--C-----A--T---GT-GG-----A	698
HPV10	---A-----G-GCC--C---AG-----TC-AC-G---G-----AG-T---GT-GG-G-A--A	755
HPV29	TCTA--C-G--GC-----CAG-----CC-AC---G-----A--T---C-TG---A--A	692
HPV61	--GG-G--T--GGT-----T-----A---AC-GTAC---C--G--C---T---C--GC---GG	656
HPV2a	ACC---C--G-A---C---C-G-G--G--G---C-GA---G---G--C--G-T---G--GG---CTA	641
HPV27	ACC---C-G-G-A---C---C-G-G--G--G---AC-GA---G---G---G-TC--G--GG---A-TA	641
HPV57	ACG---C-G---A---C---C-G-G--G--G---AC-GA---G--C--G--G---C--G--GG---A-TA	641
HPV26	-----G-----G-----A-----AC-G-----T---A-T---G-	629
HPV51	---G-----A-C-----GC-----G--AA-G-CA-----GT-G---TA-TA-T-A--A	617
HPV30	-----C-----G--C-G---AGC--GTTA-----GT--T---A-TCC---T-	605
HPV53	--TA-----G-GC-G--C-AGC-A-ATT-----TA--T---CA--CC---T-	618
HPV56	--C--G--T---A---C---T---GT-A---A-ATTA-----G-G---TA-TCC---T-	619
HPV66	---C---T---A-----CG--C--G--G---ACATTT-----G-G-----GCC--A---	602
HPV18	--C--G-----GTA-AC---A-C---G-G-TA-----CAGT-----CAC-----GC--C-----	680
HPV45	--GC-----C--GCA---C-A---G--TG--A--C-G-CAGT-----CA-----GC-G-C-----	638
HPV39	TT---G---C---CC-A---C-A---G--TG--A--C--ACAC-----AC-----C---CC-----	650
HPV68ME180	-T-----C-----A-----A-----TG--A---ACAG-----A--G-----T-G-CC---A	565
HPV70	AC-G-----C-GGC--A---CCA-----C-T-C-AC--TCAC-----C-CAC-----T--GC-----A	665
HPV59	C-G-----C-TA-C-AA---AG---G-TA---AT-CA-----T-G---GT---C---CA	641
HPV7	--GC-G--T-----C-AGG--T---T--T-A-C---GT-----G-----T-T---GG-C---CA	659
HPV40	--GC-G--T---C-AGG-CC---T--T-AGC---AT---G-----G--T-----GG-G---GG	662
HPV16	A-TG--C-----AC-----GC--G--G--A-----CA-----GT---C--G--GA-T---T-	659
HPV35h	C--A--C-----GC---C--G-TA---G-C-----T---TA-TA-T-----	617
HPV31	C--G-G-----AC---C---GGT---TG-TA-----T-----T---A-T---T	599
HPV52	A-TA-TA-GTGCAGAA-A--GC-----A---TG-A--TT-----AC-----T--TA-C---T	647
HPV33	A-TG-TC--C-TA-----C-----ATA-A--TA-----GGCC-----A--A-T---T	638
HPV58	A-TA-TC--C-TAAC-----CT-----GC-A--TA-----C---GCT-----A-T---T	638
RhPV1	...C-GC-CCGT--C--C--CT-----C--T---C-GA-----TCTG-G-----TA-C---T-	587
HPV6b	----G-----AAG--T--CGG--G---AC-T---G-----TGC-T---GC-G-CT---T	662
HPV11	-----C-----AGG---CG-T-T-----ACAT---G-----CTGC-T---GC-G-C---GT	662
HPV44	---C---G-----AG-----GG--T--C--C-T---G-----G--TTGC---GT---C--A---	644
HPV55	---C-G-----AG-----CGG--T---C--C-T---G-----G--CTGT---GT---C--A---	647
HPV13	---C-CC-T-----AGG--G--GG--T-----AT---G-----CTGT---GT---C-----	653
PcPV1	---C--C-----AGG-----GG--T-----CAT---G-----C--TGC---GC--CG-----	659
HPV34	A-CA-----A-----G---G-----A---CA-----GG-----T--A-T-A--T	653

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	AGAATTAGTAAGACCATTTAAAAGTGATAAAACAACATGTACAGATTGGGTAGTTGCAGTATTTGGAGTAAATC	724
HPV54	G--CC---C-C-G-----C-----GTG-----C-----TA-----C-----A--T---	682
CgPV1	0
HPV32	T--T-----A-----C---GT-GT-----C-----T---C---	712
HPV42	C--T-----AG-----C---GC-GT-----C---TA-----C-----G--T---	715
HPV3	T--C-GA-T---AC-----A-C---GT---GC-----G--ATGT--G---T---T-CT	763
HPV28	T--C-TA-CC--AC--C---AGC---CGTT--CCT-----G--ATGC--G---G---T-CT	772
HPV10	C---C--A-T--G-AC-----G---T-G---G-C-C---G--GTGT--G--C--G--GTT-T	829
HPV29	T----G--T--G-AT-----AG--GG--G---GTG-----GTGT--G---G--GT-CT	766
HPV61	G--GC-G-----AAT-----GT---T---GGG--C-----A-ATGT-CG---T---T-C-	730
HPV2a	T--C-G-C---AG--C---CAGC--G--G---G---C---C--CTGC-CC-A---T--GT--T	715
HPV27	T--C-G-----AG--C--G--CAGC--G--G---G---C---T--CTGT-CC--C--GT-CT	715
HPV57	C--C-G-C---AG--C--G--CAGC-GG--G---CG---C-----ATGT-CC--C--T--GT--T	715
HPV26	---C---C--GGTG-----C-----TGC---T-----GTG---C---C--T--GGCAG	703
HPV51	T--G--G---C--GGTG-----TGT---T-----TTG---T-G---C--TTCC-	691
HPV30	---G--G--C-TA-----C-GC---TGT---CAT--C---A--TG--CA-G---T--T--G	679
HPV53	---G--G--C--A-----GT---TGT---CAT-----A--TG--TA-----G	692
HPV56	---G--G--GC-TA-G-----GT---TGT--C-AT-----A--TG--TA-----T--T--G	693
HPV66	---G--G--GC--A-----C---GT---TGT---AC-----A--TG--A-----C--T--G	676
HPV18	---T---T---AAT-----C--G-----TACA--TA-----C	754
HPV45	G--T--G--T---AAT-----A-G--TA-----T---	712
HPV39	T--CC-G---C-TA-G-----C-----G-CA--CA-----C---	724
HPV68ME180	T--CC---C-TA-----G--C-----G--C-----CA--A---C-----	639
HPV70	C--CC-G---C-TA-----C--T-----T--C-----CA--A--G-----	739
HPV59	---T--G--T--GA-----C-G---T--C---GC-----ACC--CA-T---T--T---	715
HPV7	C--T--G--T---AG-----T---G-----GTAC-----G---G--T---	733
HPV40	---CC-G-----AG-----T-C--G---C-----GTA--T--G--C--G--T---	736
HPV16	-----A-----T---G---TGC-----TGTA---T-C-----C-T-CA	733
HPV35h	---C-TA-T-----G-----T-C-----TGT--G--C-C-----A--GCC-	691
HPV31	G--C--A-T--G-----C---CA---GC-----T-----TGT--A--T-CG-----T-CAG	673
HPV52	G-----A--G--GT-GT-----TGTA--AT--G-A-G-----CA-	721
HPV33	G-----GC-----TGTA-AA--G--A---A-T-G--	712
HPV58	G-----T-----GC-----TGTA-AA--GG-A---A--G--	712
RhPV1	---G--G--GC--AGC-----C--C-GG--C--G--CG-T--C-----G--G--GG--C--GCG--G--CC---	661
HPV6b	---T---A-T--G-----TT-----G--A---GG---TA--C---	736
HPV11	T--T---A-T--G-----G--C-----G--C-----G-----G-----TA--C---	736
HPV44	---T---A-T---A-----C--G-----GGG--C-----A-----CC---G--GC-C-	718
HPV55	---T---A-T---A-----C--G-----GGG--C-----GA-----C-----G--GC-C-	721
HPV13	---T---A-T-----G--G--G--C-----G-----C-----TA--C---	727
PcPV1	---T---A-T---A-----A-----GAG--C-----G--G-----C-----T--GC---	733
HPV34	G-----A---G--T-A-----CAG--CAG--C-----TG-----G-----G--GCG-	727

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

	E2 bind for HPV45		
	->	<-	
most-likely	ATACTGTAGCAGAAGGATTTAAAACATTAATACAACCATATTGTTTATATGCACATATACAATGTTTAAACATGT		798
HPV54	--GG-A-TA-----T-----GC--G-G-----C-----G-----GC-----C-----GC-----		756
CgPV1		0
HPV32	---G-A-T-----C-----T---C---TA-G--G-GGCG-----A---C-----G-----C---		786
HPV42	---G-A-T-----G-----T-----TA-G--G--CAC-----A-----GC-----C---		789
HPV3	G--AT-G-----A-C-----G--GC-----C-G--CGA-----GGTAC--T-C---		837
HPV28	G--AT-G-----G--CA-----G-----G--TC-G--GAC-----C-----GGTGC-GT-C--C		846
HPV10	GC--A--G-----G--CA-A--G--CC-----TG--GAT-----C-----GTGC--C---C		903
HPV29	GC-----G--C--G--CA-A--CAG--G-----G--CTA--GAG-----GTGC--C-C---		840
HPV61	--G-----G-----G-CTG-A-----C-----TATA--G-G-----C-----ATACAG-----C		804
HPV2a	--G-----G--G--TC-A--G-A-----G--C--ACACA-----GGTACAG--CA-C		789
HPV27	--G-----G--TA-C--CA-----G--C--ACGCA-----C-----GGTAC-G--C--C		789
HPV57	--G-A--G-----G--TA-A--CAGC-G-----G--C--CACGCA-----C-----GATACA--CA--		789
HPV26	GCT-----A-TA-----T-----A-----TAT-----		777
HPV51	CA-TG-----AAT--A-----C---TA-G---T---CA-G--CTAC-----T----		765
HPV30	-A--CT-----G-C--A-----A-T--TA--T--C-G--CA-G--TAC-----G-----G---		753
HPV53	-ACA-%-----G-C--A-----A-T--TA--A--C-G--CA--TAC-----G-----		765
HPV56	-A--AT-----C--G-C-C-A-----TA-----A-----C--A--G--TAT-----G-----		767
HPV66	-A--AT-----G-CG--A-----TA--C--A-----C-A--G-G--CTAT-----G-----C-----		750
HPV18	CA--AA-----C-----G--T-ATA-----C-----T-----C--GAC---		828
HPV45	CA--G-----C-----TA-----GCAACG-----C--C-----C-----GAT---		786
HPV39	CA--A-T-----C-----CA-CAA--GCC-----A-----A-C--GACACA		798
HPV68ME180	CA--CA-T--C-----G-----C---TA--A--GCA-----A-C-----GATACA		713
HPV70	CC--CA-----C-----C---T-G-----GCG-----A-----G-----GGATACC		813
HPV59	CA-----C-----C-----GTGC-----C-----GAT---		789
HPV7	CC--A-----C---C-T-----T--A--GG-C-GGCA--CTT-----C--G--GAC---G---		807
HPV40	CC--CA---C--G--C--C-T---C-GC-GA--AGGC-GGCA-----TT---CC---GACGT---C		810
HPV16	CC-G-A---T--CA-TA-A-----C--T-----A-----TT--C--T--A-----G-----		807
HPV35h	CA-G--G--G--A-T--A-----TA-----AT-----T-G---		765
HPV31	G--A--T-----CC--T-G-----G--TGC--T-----A--G---		747
HPV52	CAT-A--T-----A--GT-----G--C--A-CA-----C--T-G-----		795
HPV33	CAT-A-----A-T--A--GT-----TA--AGC--A--G--A-T--T-----T--C		786
HPV58	CCT-C-----A-T--A--GT-C---TA--AGC-CA--A-----A--CC-----G---		786
RhPV1	---GC--G-----G--G--A--GCAGC-C-T-G--T-T---CAGT-----C--C--G--CC-T---C		735
HPV6b	---GCA--T---G-C---C--A-----TG-G---TAA-----GC---AA		810
HPV11	---GCA-----T-C---C--AG-----TG-G---TAA-----GC-T---AA		810
HPV44	---G---GT---G-CG---C--AT-----G--GTAACAAC---AGC--C-----GC-T---AA		792
HPV55	---G---T-G--G-CG---C--AT-----GTAACAAC---AGC--C-----GC-T---AA		795
HPV13	---G---T---G-C---G--AG-----G--G---TAACAAC---ATG-----GC-T---AA		801
PcPV1	---G---GT-T--G-C---G--AG-----G---TAAC-A---AGG--C-----GC---AA		807
HPV34	CAT-AT-G-----A-T--A--T---C--ACC-A---CC---CAT---C-----		801

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	ACATGGGGAATGGTAATATTAATGTTAATAAGATATAAAATGTGGAAAAAACAGAAAAACAGTTGCAAAAGGATT	872
HPV54	-GG-----C-----T-----T-A-----C-----T-----C-----TT-----AAGT---T-T--	830
CgPV1	0
HPV32	--C-----T-G-----C-----T-----T-----C--G--TC-C-CC-----GT-T-----A-	860
HPV42	--G-----C-----GT-----C-----T-----T-----TC-T-CT-----GT-C-----CC-	863
HPV3	CA-----C---AC-G-G---C---GG-C-G-TC---C-G-CC-----G-G-G-G---T-----T--	911
HPV28	CA-----G---AC-G-GC-G---C---GG-C-G-C---C---CC-----G---T---G---T-----	920
HPV10	CA-----AC-G-GC-T---C---GG-C-G-C---C---CC-----GG-----G---T-----C--	977
HPV29	CA-----AC-G-G-----C---GG-GC-G-C---C---CC-G--T---GG-G-----A-----TC-	914
HPV61	CAG-----C-----TG-GC---C-----G--G-G---GG-----A---C-CA-CA-	878
HPV2a	T-G-----C-----GG-C--T---C---GC-GC---C---C-----GG-CT---GT-C---GAACA-	863
HPV27	T-C-----C-----GG-C--T---C---C-----C---G---GG-C-G---GT-C---GAACA-	863
HPV57	T-C-----GG-T--C---GT-GC-C---C---C---G---GG-C--C---CT-C---GAACA-	863
HPV26	-AT-----G-AA--G--C---C---G-GC-C-T--C---C-----C---A---AA---CT-CC-	851
HPV51	GAT-----C-CCA-TG-----C---T---G-T-TC---C-----C---A---T---GT-T--	839
HPV30	-----CG-T-----T-----C-----T-----A---AT---TC-C-	827
HPV53	-----CG---T-----T-----T-----CG---C-----A---T---GTCT--	839
HPV56	-----GG-TA--G--A-G--C---T-----C-----C-----A---T---C---	841
HPV66	T-----G-AA-TG--A-G--C---T-----T-----T-----A---A---TCGC-	824
HPV18	-A-----G-AT-----GCCC-GT-GC-T--C-----T--G-GT---CT-----T-----T--	902
HPV45	-A-----G-AT-----GCT--T-----C-----T---CT---T-----C--	860
HPV39	-A-CAA--G-AC---T-----C-----C-----T---GGTT--T--A-G---G-----	872
HPV68ME180	-A-AAC---AT-----C-----G---T---T-----A-G-----	787
HPV70	-A-AT--G--TAT--C--C-A---T-----G-T-----A-GC-----	887
HPV59	G-----G-A-----GCA--T-----T---T-----C-	863
HPV7	-G-----T-----T-GC-TGCA--GTGT-----GGTA-C-----T--G-----A-TGCGGAGC-	881
HPV40	-A-----T---GT-GC-TGCA--GTGT-----GGTG--T---T--GG-----TT-G-CAGC-	884
HPV16	T-----TG-G--C-A--G-----T---G-----A---A---TTGC-	881
HPV35h	T-----T-----TC--GCA--T--C--T-----C-----C---A---A---CT--	839
HPV31	T-C-----C-----T--G-----C-TG-G---T-----C-----T---T---A---A---TT--	821
HPV52	GACA-A--CG--C-T--C-GC--C---T--G-T-----TT-----GT-C---CT-A-	869
HPV33	GATA-A-----AA-----T-----T---T---GG---A-C-----GTT-----A-----CT-A-	860
HPV58	GACA-A-----TA--T---T-----T---T-----A-C---T---TT--T--G-----TT-A-	860
RhPV1	GAC-----GG--TACC-GC--C--C-GGC-C-G-T---G-----C-----CT-----T-T---T-CA-	809
HPV6b	G-----T-G---G-A--T---T---GTAAAT---GT---GT---C-----CGTAC-C-	884
HPV11	G-----C-----G-A-----G-T---GTAAAT---G-G---TGT--C--G---CGTAC--	884
HPV44	G-----CC--C-GGCA---G---G-T---GGTAAAT-----TGT---G---CGTATGA-	866
HPV55	G-----T---C-GGCA---T--C-G-T---GGTAAAT-----TGT---G---CGCATGA-	869
HPV13	G-----G-----T-G---G-A---T---T---GTAAAT---GT---TGC---G---GCG-AC-C-	875
PCPV1	GA-----C--T-G---G-A---C-----T---GTAAAT---T---TGT---A---CG-AC-C-	881
HPV34	T-G---T--AA--G---T---GC---T---G--CAAT---T---TTG---ACA---TT--	875

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	AAGCACATTATTAAATGTACCAGAAAACCATATGTTAATAGAACCACAAAATTACGAAGTACTGCTGCAGCAT	946
HPV54	-G-A-TG-----A-----C--A-----T--T-----G-CGC---A-----T-	904
CgPV1	0
HPV32	GT---A-C-----A---T-CT--T--AC-----G--G--CG----A---GTG--A---A	934
HPV42	T--T-A-----CA---TAC--T--AT-A-----G-----TCGG---A---GTG-----C--CA	937
HPV3	C-----T--GC-----G-----C-----G-----A---CG--C-A-----GC	985
HPV28	-----C-----G---G--G--C---G-----T--C--A---CGGCC-A-----GC	994
HPV10	-----G-----G---G--G-----T-----GG-C-A-----G	1051
HPV29	T--T--T-----G-----T--G---T--C--A---G-C-A-----	988
HPV61	GG-A-A-C-G---CA---G---GA--G--C---T-----GA-TA---CG-AC-GTGC--C	952
HPV2a	G---TGC-GC---CA-T--C---G-----C-C-----C-GA-----CC---C--C-	937
HPV27	G---TGC-G---CA-C--T---G-----C-C-----C-A-----CC---T--C-	937
HPV57	G---TGC-G---CA-T--C--G--G-----C-C-----C--A-----AC---T--C-	937
HPV26	-T-T-TG-----G---CG--AT-AC---T-----G-----A--A-T-----	925
HPV51	---T-----G---A-C---C--TCA--A---T-----T---AC---TG---	913
HPV30	---TT--A-TG-----G--CAGCG-A--A--C-TG-GC-G---T---A---T--CC---C-TT---	901
HPV53	-GCAT-CA-----ACTG-A--A--C-TG-GC-G--T---A---T--CC---G-TT---	913
HPV56	---T--A-----C-GG-G--A-----TC-----A-----C-----T---T-	915
HPV66	---T--A-T-----C--G-G--A-----TC-----C-----C-----T---	898
HPV18	---T--G--G--C-C---T---CTTG-----TC-----G-----G--T-----C	976
HPV45	-----G--GC-C---T---CATG-----T-----G-----G--T-----	934
HPV39	---T---G--C---T-----GTTG---C-TC-G--G--T--T---C-G--C--CC---TA-----C	946
HPV68ME180	---T---G--GC---T---C-G-TG---C-TT-GC-G-----G--T--CC---T-----C	861
HPV70	---T-A-----C---G-----GTTG---C---T-----T---G--T--CC---T-----C	961
HPV59	T-----C--C-----T-CGTGC-----T-----C---G--T---GG--T-----C	937
HPV7	TGC--A-A-G-----T--T--AC-AA-GG--C---T-----A---T---A--G--T-	955
HPV40	-TC--A-A-G-----T--C---G--AC-GG--C---G--T-----A---C-GC-----	958
HPV16	GTCT-A-C---TG---GT--TCC--TGTG---A-G-----G--T-----G--T---A---A-----	955
HPV35h	-TCA-A--GC--TG-A-TT--CTGCAAG---C---C-----T---CC-A--T--G-	913
HPV31	-GAA-A-----GTG-A--T--TAC---TTG-----TC-G---C-----T--C--A-----	895
HPV52	GTCACAGC-G---A-----CA---G-----G-----G--A--CTGT---	943
HPV33	G--T-AT-----TCAA---T---CATG---G-T---G-----G---CCAAA-ATGT---	934
HPV58	G--T-AT---C--TCAA-T--T---CATG---A-T--C--G-----CAA--ATGT--C-	934
RhPV1	G-----GC-G-----G-A-----CG--C--C---T-----G--GC-G--T--CG-A--A---TC	883
HPV6b	TGCA--GC-----A---T-----A-----G-----A---A---GG--T-----CC	958
HPV11	-G-T--G-----A---T-----T--C-----T--G--T--T---A---A---GGC-TACG---CC	958
HPV44	GGCA--CCGT-----A---T--GG---C-----T---T--T---A---A---CGG--T-----G-	940
HPV55	GGCA---CGT-----A---T--GG--T-----T---T--T---A---A---CGG--T-----	943
HPV13	GGCA--C--TC-T---A-T--T--GG---C-----T---T--C--A---A---C-G--TG-----	949
PCPV1	GGCA---GC-T--CA-T-----G---C---C---T-----T---A---A---C-G--TG-----	955
HPV34	-CATGGG-----A--C-GG-AT-----T-G-C--A---C--GC-ATGT---	949

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	TATATTGGTATAGAACAGGAATGTCAAATATTAGTGAAGTATATGGAGAAACACCAGAATGGATAGAAAGACAA	1020
HPV54	-G-----CAG--GC---C--GCA-----A---T---TAC-C-C--G-----C-G-CC-----	978
CgPV1	0
HPV32	-----T-C-G-----A-T---GCC---T---ACC--G-----C-----C-----	1008
HPV42	---C---T---T-----A-T---GC---CATT---ACC---C-----G---TC-----	1011
HPV3	-G-C---TC-A---A-CC-A-----TG--C--G--G-T--G-----G-----TT--G--G	1059
HPV28	-G-----AG---CC-----CTG---T--G---G-----G-----TG-----	1068
HPV10	-G-----C-AG--TA-T---C-GCTG---C-C-G---G-----G-----TC--G--G	1125
HPV29	-G-----C-A---TA-T---C-----T--G---C--G---T-----T-----G	1062
HPV61	-----CC--GG--CGCC--C--G--G---C-----T-----T-----	1026
HPV2a	---C---C-AG--G-CC--GGC--CGGA---G-----G-----T-TT---G	1011
HPV27	-G-----C-AG--G-CT---GGT--CGGA---G-----G-----T-T---G	1011
HPV57	-G-C---C-AG---TCC---GGT---GGG---G-C-----G-----T-TG---G	1011
HPV26	-----TT---A-----GT---C---A---GAC-----T-----T-C-----	999
HPV51	-----TT-----C-A---C---CA-TAC-----G---T-----TAC-C-----	987
HPV30	---C-TT-C-A---T-C---T-----CA-----T--G-----C-GC-----	975
HPV53	---C-TT---A---TCT--A--C--C-----C--G---GAGT-----	987
HPV56	-----TT---A---C-----T--G---C-----C-----	989
HPV66	-----TT---A---C-----G--G---G-----C-----G	972
HPV18	-----A-----ATG---C---T--G---C---TT	1050
HPV45	---C-----T--A--C-----AG---C---T--G---C---TG	1008
HPV39	-----C-C---T--A--C-----TG--ACA--G--T--G-----C--C--TT-	1020
HPV68ME180	-G-----A--T-----G--G-G---C--G-----A---TT-	935
HPV70	-G-----T-----T-----A-----G-CA-TACT-G-----C-GC--TT-	1035
HPV59	-----C-----C-----TATA--G---G--C-----C---T-	1011
HPV7	---T---T---T-----GGT--GGA---G--G-C--CAC---G-----CT-A---	1029
HPV40	---T---T---G-----GGT--GGG--C--G--G-CC--CAC---G-----CT-A---	1032
HPV16	-----A---T--A-----G-----C--G-----C-----	1029
HPV35h	-----T--A---C-----G--TG-----TC-----	987
HPV31	-----C-----C---T-----T-----	969
HPV52	-----TT---T-----G-----TACC--C-----CA---	1017
HPV33	-G-----T-----C-----C-----T--C-A--TAC-----T-----T---T-	1008
HPV58	-----T-----C-----A---T--GC-A--GAC-----T-----T---TT-	1008
RhPV1	---C---C--G---T--A---G-A-----ATA--G-----T--G---TAC---G	957
HPV6b	-G-----T-C-T---T--A---GCC---AC---TATA--G---G-----AC-C-C---	1032
HPV11	-G-----T---G---C---T-----GCA--AC---TATA--G--GG-G--G-----ACGC-C--G	1032
HPV44	-----T---GT--T--A--C--GCC---AT---AC-----G-----AC--G---	1014
HPV55	-----T-----GTA-T--A--C--GCC---AT---TAC-----G--T-----AC--G---	1017
HPV13	---C---T-----T--T--T--GC---AT---AC---T-----A---G---	1023
PCPV1	---C---T-----CA-TC-A--T--GCC---AT---ACA-----T-----C---G---	1029
HPV34	---C---C---TA-CC-A---C-----ACGGTG-----GT---C-----TA-----	1023

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	ACAATATTAGAACATAGTTTTGATGATAGTCAATTTGATTTATCAGAAATGGTGCAATGGGCATATGATAATGA	1094
HPV54	--TG--A-T---T---C--A-CA--C--C--G-----TA-----A-----CC--A-	1052
CgPV1%G-----T--G---C-%--C--CC-C--	26
HPV32	---TG-----T-C---CA---CA--G--A---A-----	1082
HPV42	---T-----T-----CA--GCC---A---A-----	1085
HPV3	---G-GG-G-G---GCA--A--G--AGCG--G--CAG-C-G-----G-AC-----CC-C--	1133
HPV28	--G--GG-T-G---GCAC-A--G--AGCA--G--AG-C-G--G--G---A--G-AT---C--CC---	1142
HPV10	---GG-G-G---GCAA-G--G--GCG--G--AGCC-T-----G-----G-----CC---	1199
HPV29	---GG---GT--CGCA--AC-A--AGTA--G--CAG-----T-----A-----C---	1136
HPV61	---G-GG---G---GCAA-GC-A--AGCA--G--AG--G--CATGT-A-----C-----	1100
HPV2a	--GT-GG---G-----CA-G--A--CGAA--G--CAGAC-G---TT-----A--G-AT-----CC---	1085
HPV27	--GT-GG---G-----A-G--A--GAG--G--AGAC-----T-TC-----A---TT-----C--CC---	1085
HPV57	---C-GA---G--C---A-G--G--GAG--G--CA-A---T-TT-----G-AC-----CC---	1085
HPV26	---CA-----GC-AC-----A-----G-TC--C---	1073
HPV51	--GCA-C-C-----G-----ACC---A---C-----T--CC---	1061
HPV30	---CA-A--C-G--C-----C-G--CT-C-----AC-G--GA-----T-----	1049
HPV53	---CAG--C-----C-----G--CT-----AC---TA-----G-----T--C---	1061
HPV56	---CA--GC---C-----AC-G-----A---TA-----G-----T-----	1063
HPV66	---CA--GC---C-----AC-A--C-A-----A--G--TA-----A--G-----T-----	1046
HPV18	--T--TA--C-----G-AA-A-----CA-T-----G-----A-----T-----	1124
HPV45	---TA-TC---G--A--C-----A-T-----G---C-----T-----	1082
HPV39	--TG-TA--C-----G-AA-A-----GT-----CC--G--C---A-----T--C---	1094
HPV68ME180	--T--A--C-----G-AA-A-----GT-----C-----C---A-----T-----	1009
HPV70	---G--A--C-G---G-AA-A-----C--GT-----CC-G--T--T---A-----T-----	1109
HPV59	---TA--C-----G-AG-----CGTG---CC-G-----A-A-----G-T-----	1085
HPV7	---G--G-----C---AGCA--G--AG---A-TC-G-----G-----G	1103
HPV40	--T--G-----C--C---C--C-CA--G--AGCC--A---C-----G-----C-G	1106
HPV16	---G-----C-----A---T--AC-----A-----C-G-----A-----C--C-----	1103
HPV35h	---G---C-G-----A---GCAAT---CC---T-----A-----C---	1061
HPV31	---G---C-G-----A---C-CAAC-----G--CC-----A-----C---	1043
HPV52	---G---C-G-----C---CA---CAT---C---TGG-----C---	1091
HPV33	--TG-T--C-----C---A-----A-AT-----AGT-----A--G-----C---	1082
HPV58	---G-G--C-G---C---A---GA-AT-----AGT-----A-A-----C---	1082
RhPV1	---G--TC---G--CC-G--G--C---AT-----G--T-----G-----C--CC-C---	1031
HPV6b	---G-TA-T---CG-G--G-CA--C---G---A-A---A-----G-----G-----	1106
HPV11	--CG-TA-T-----G-C--C-----A-A---A-T-----G-----	1106
HPV44	--C--TG-----G-GC---CA--C-AC-----A-A--G---C---T-----	1088
HPV55	--C--TG-----G-GC---G--C-AC-----CA-A--A-----	1091
HPV13	---TG---G--G-AC---CA---A-----A-A---A-T-----G-----	1097
PCPV1	---G-----G-CC---CA-----A-A---A-T-----C-----C-----	1103
HPV34	---G--G--C-G--C--C--A--G--CT-----CC---TC-----A--G-----T-----	1097

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	CATAACAGATGAAAGTGAAATTGCATTGGAATATGCACAATTAGCAGATATAGATAGTAATGCAGCAGCATTTT	1168
HPV54	TTAT-TT-----C---ATT-----CC-G-----TA-----T-----GAA-----G--T--C---C	1126
CgPV1	T--C---. . .-G--AATTTGG--C-A-----CAG-----G--G-G-----C-----	97
HPV32	TT---C--A--T---C-----A-----C---CGT--T--C-C-----T-----	1156
HPV42	T--T--T--A--C-----C-----A-----CGG-----C-GG-----C---T--T-----	1159
HPV3	-----CACGT-G---A-----T-CA-----C---GCA-----G--CC	1207
HPV28	---T-----G--CATGC-G-----T-C-----C---GCC-----C--G--CC	1216
HPV10	T--T---C--G--CACGC-G---AC--G-----TGA-T--T--C-C---TCA-----T--G--C	1273
HPV29	T-----G--ACCT-G---AC--G-----TTGA-----G---CTC-----T---T--C	1210
HPV61	-----TGC-G--C-A-----TTGC-G-G-A--GAG--CCCA-----G--G--C--C--	1174
HPV2a	---TGT--G-----TGC-----G-----C-----G-G--GCC-----C	1159
HPV27	---TGT--G-----TGC-G-----C--G-----GC-C-----G---GCC-----C	1159
HPV57	-----G--C--G--C-C-C-G-----G--C---GC-G--G--CG-G--CGCC---G-----C	1159
HPV26	-----T-----A-----G---T--C-----T--C---	1147
HPV51	AG--TT-----T-----A-----C-T-----T-----G---	1135
HPV30	-G-----C-----C-----T-C-----G-----G-----CAG--T---	1123
HPV53	AG---C---T---C---A---C-T-----G-----G---C-----CA-----	1135
HPV56	AG-----T--CC-----G--C-----G---C--C-----CA--C---	1137
HPV66	AG-----T--CC-----C--TT-----C-----C-----CA-----	1120
HPV18	GC-G-----C--T--G-----CTT-----C-GCA-C--C-----T--C---	1198
HPV45	-C-T-----T--G-----C-----C-----CTGCA-C-----T-----	1156
HPV39	ATAT--T-----C--A-----A-T-----ATG-----TGTA-C-----T---C---	1168
HPV68ME180	GT-----T--A-----TC-----TATG--G-----TGTA-----T---G---	1083
HPV70	TG-----A--C---C--A---A--G-----TT-----GTA-----T-----	1183
HPV59	-C-----T-----A-----TT-A-----GTA-----C--C--T-----	1159
HPV7	GCAT-----T-----A---A-T-T-----A-----GCA-----G---	1177
HPV40	GCAT-----GT-----A---ACT-T-----AG-----CG-G--GCA-----CC	1180
HPV16	---GT--C--T-----A-A-----G-----C-CTA-----AGT--C---C	1177
HPV35h	TT-T-T-----T---T--A---A-A-----G---A-CTA-----TGT--T---	1135
HPV31	TG-T-TG-----T-----C-A-A-----T--C-GT-----TGT-----	1117
HPV52	T-----T-----C--A---A-A-----G-----G--A---C---T---CC	1165
HPV33	GT---G--C--T---C-----A-T-T-----C-T-----TC-A-----T--T-----	1156
HPV58	---T-----T---C-----A-A-----G-----G-TA-----T-----	1156
RhPV1	-T-T-----C---TG--A--G-AC--G-----GC-G--GG-----C--C--C--T--T-----	1105
HPV6b	---TGC--G--G-----AGG-G---T-T--TC-----CG-----	1180
HPV11	T--TTGT--A-----G--A-----GCGT-G---CT-T--CTCC-----AGG--C---	1180
HPV44	-T-TTGT--G-----CGT-----GCC---CAG-----CC	1162
HPV55	-T-TTGT--G-----CGT-----GCA-----AG-----	1165
HPV13	TT-TTGT-----C-----A-----CG--G---T-T---TCA---CAGG-----	1171
PCPV1	TTATTGT-----T-C--C--A-----A--CG---T--T--T---TC---CAA---T---	1177
HPV34	-----A---CT-----A---A-A-----TT-----TC-GAG---C---T--T-----	1171

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	TAAAAAGTAATTGTCAGGCAAAATATGTA AAAAGATTGTGCAACAATGTGTAGACATTATAAAAAGAGCAGAAAAG	1242
HPV54	--GG-----A--T--G-----C--G-----T--G--C--A	1200
CgPV1	---C--C--C--C---C--G-----GCATGT-----C-----GC-G---GGCA	171
HPV32	-----C--C-----G--TT-----C-----A--C--T-	1230
HPV42	-----C--C-----GCGTC-----C-----A--C--T-	1233
HPV3	--GCT--C-----G--CGCATGC-----C-----C-----GT--C--	1281
HPV28	--GT--C-----G--CGC-TGC-----C-----C--C-----GT--C--	1290
HPV10	--GT--C-----T-----C---G--GCATGC-----C-----G---C--	1347
HPV29	-TGCC--C-----A--T-----G--GC-TGC-----C-----C--C-G-GT--GC--	1284
HPV61	-GGCC---C--C--A---G--A-T---GCAATT-----AG-----G-C-T---GC--	1248
HPV2a	---C---C---C---G--C--G--G--CGCA-TG-----C--G--C---GC-T---G-GA	1233
HPV27	---C---C---C---G--C--G--G--CGCA-TG-----C---C---C-T---G-G	1233
HPV57	---C---C---C---C---CC---CGCG-TG-----C---C---C-GC-T---G-G	1233
HPV26	-----C-----C---AC-----C-G--A	1221
HPV51	---G---C--A---GG--C--GCAC-G---C--C---C--GA	1209
HPV30	---C---ATG---C-----G---G--T---C---C---C--A	1197
HPV53	-----ATG--A-----C---G--T-----C---C-G--C--C-A	1209
HPV56	-----C---ATG-----G-----G--T-----G--C--C--	1211
HPV66	-----ATG--A-----G-----G--T-----C---G--C--GC-A	1194
HPV18	-----C---A--T---T-----C---A-----GGC---CC---A	1272
HPV45	-----C--C--A--C---T-----TGT-----C---A	1230
HPV39	-----C--C-----A-----C--GC---C---A	1242
HPV68ME180	-----C--C---A-----C--C-G--C---A	1157
HPV70	-----C--C-----CGC--C---T-----C-----G--C---A	1257
HPV59	-----C--C--C-----CC-----GTT-----G-----C---A	1233
HPV7	-----CAA--A--T---T-G-----G-T---AG-----GGTTG-----T-	1251
HPV40	-----CAA-----C---C--T-GG-----T-C---C--A--C---GGTT-----T-	1254
HPV16	-----CA-----AT-----G-----C-----A	1251
HPV35h	-----CG--A--T---AT-----C---T---A	1209
HPV31	-----CG-----ATA--T-----G-----C-----A	1191
HPV52	-----C---CG--A---ATA---G--C---C-----C-G-----GA	1239
HPV33	-----C--CA--A---ATA---G--C---G--T-----A-----A	1230
HPV58	--G---C---GCA--A---ATA-----C---GCGTT---C-----	1230
RhPV1	-----GCA---C-----G--G-----C--T-----G--C--C---C---G-	1179
HPV6b	---T--C---ATG-----G-----T-----CAT-----T-	1254
HPV11	---T-----ATG-----T-----TT---C-----CAT-----T-	1254
HPV44	---T-----C---C-----C-AG--C-----CT-----T-	1236
HPV55	---T-----T-----C-AG--C-----CT-----T-	1239
HPV13	---T-----C-AG-----AT-----T-	1245
PcPV1	---T-----A-----G-----AG-----AT-----T-	1251
HPV34	-----C--GCA--A-----T--G-----G-----GCT-----CGT	1245

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	AAACAAATGACTATGTGCACAATGGATAAAAATATAGATGTGATAAAAATAGATGATGGAGGAGATTGGAAACCAAT	1316
HPV54	-TG-----A-----T--C--C-T-----TT-G---G--G-A--T--G-----GGA---	1274
CgPV1	GCC--G---A-----GC.....	202
HPV32	---GT--T-A--C---G-----T---C---A---A-G--CT-GC---AAT--T-----G--T--	1304
HPV42	-G--GT--T---GGTGC-----C---A---CC--G---GG---A-T-----T--	1307
HPV3	GCC-G-----AC-----G-----G-T---G-A-----C-G-GG-AT--C-----	1355
HPV28	GCG-GC---AC-----G-----TGG-TC---G-----G--C-G-GC-AT--G--C-----C--	1364
HPV10	GCG-GC---GC-----G-----TGG-T---G-C--C---G--C-G-GA-AT-----	1421
HPV29	GC--G---T-C---TG-G---CGG-T---A-CA-C---G--C-G-GA-AG--G--C-----	1358
HPV61	GC-A-----A--G---G---T-C-C---G-CCGC--GG-G-CA--CAC--G-----GG-T--	1322
HPV2a	G---G---G-----G-----C--TC--G-AA---GG--TCA--G-A--G--C---G--C--	1307
HPV27	GC--G---G-----C--G-----C--TC--GG-AA---G--TTA--G-A--C--C---G--C--	1307
HPV57	G-----G---AGC--G---C-C--TC--G-GAG--G---TCA--G-A-----G--T--	1307
HPV26	CG-TCT--TG-----C--C-----TC-----A--G--C--GTCG---GGA---	1295
HPV51	---TC-T-AT-----GCC-----GG-----G-GC-A-G-----CA-C---G-GA---	1283
HPV30	C-----AC---AA-----T-C-C-C-T---AG---G-----G--C--G--C---GG---	1271
HPV53	C---G---A---AA-----GC--GT---AGC--GG-G-----T--G--C---G----	1283
HPV56	C-----A---GC--G-----GC-C-T---AG---C-----A--G--T-----C--	1285
HPV66	C-G-----A---GC--G-----GC--T---AG---G-----A--G--T-----C--	1268
HPV18	CG-----A-----G-----CG--T---TCA-----A--G-----G-----	1346
HPV45	CGC-----A-----T-----T-----TCC-----A--T--G-----G--C--	1304
HPV39	-GG-----T-C---T-----T---G--AG---TGT---A--C--G--C---G--C--	1316
HPV68ME180	CG-----T-A--C-G-----T---T---CAG---TGT---A--C--T---CGC....	1226
HPV70	-----G-G-----T-GG-T-----TGT--C-----G--C--C---CG-----	1331
HPV59	-G-----G-----G-----GG-----A--G--G-----C--	1307
HPV7	-GG-GG--T-A--G--G-C-----GC-----G---A---.TG---A-----G--T--	1322
HPV40	-GG-GC--T-A--G-TG-G-----GC-----G-G--G--G..TG---A--C---T--	1325
HPV16	-----G---AGT-----GGG-----T-----G-A---	1325
HPV35h	-G-G-----A-----G---T---AGGC-----A--GG-G--C---AC--T--C---GGGAC--	1283
HPV31	CG-----T-C--GG--G---T---AG-----C---G-TAG---C-A--T--C---GGGAC--	1265
HPV52	----T---A---TGG-----C-G-----G-----T-----GG--T--	1313
HPV33	CGTA---T-A--AGG-----C--AG-----A---C-A-----A-----G-----	1304
HPV58	CGTGGT---A--GG-----C--AG--G---A---C-A-----TA-----G-----	1304
RhPV1	C---G-----G-----C-A--G---A---CT-----G--C---GG-----	1253
HPV6b	-GGA-G--T---AAA-----C---GG--TC-----A-GCAC---A-----	1328
HPV11	---A-G--T---TAA-----T--G-----GG--AC---G-T--CAG--T---TA-C---G-----	1328
HPV44	---A-----A---AA--G-----T---GA-CAG---T-T--A--CAC---A-----	1310
HPV55	---A-----G---AA--G-----T---GA-CAG---TAT--A--AAC---CA-----	1313
HPV13	---A---T---AA-----C-----A--A--A-----G--A-C---A-----	1319
PCPV1	---A-----A---AAT-----C-----A-CA-A-----AAC---TA-----	1325
HPV34	-----A-----T-C-C-----TT-----A-C-----AT--	1319

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	AGTACAATTTTTAAGATATCAAGATGTAGAATTTATATCATTTTAAGTGCATTTAAATAATTTTTACAAGGTA	1390
HPV54	----G--CC-T-----C---G--T-----T---A-G-TA-----A---C-----C-----	1348
CgPV1	202
HPV32	---A---A-T-----GAA---T--T--A---A-GTC-----C---A-----G--TAA--	1378
HPV42	---A---A-T-----C-AA-T--T--T--G---A-GTC-----A-G-----TAA--	1381
HPV3	-----G-A-----G-C-G-C-----C---C-T-C--TC-G---C---CC-----A-	1429
HPV28	-----C-----G-----C---CC-GT---C---ACC--CC-G---A-	1438
HPV10	---T-----G---T-----CC--CC--T---C-----AC--CC-----AG	1495
HPV29	-----C-----C--A-----C---C-GT---C---G-T--CC-----C-	1432
HPV61	T--A-G-A-----C-G-----G-C---A-T---CC-----TG--C--A-G--GG	1396
HPV2a	---CAGG---C---C---GG---G---G-G-G---CC--GC--C---TG--CC--A---CG	1381
HPV27	---A-G---GC-C---GG---G---G-G-G---CC--TGCC--C---T-----A---CG	1381
HPV57	---GA-G---GC---G-GG---G---CG-G---CC--TGCC--C---G-C---C--A---CG	1381
HPV26	T-CCA-----G-T---C---A-C---T-AT---CAA-TG-A---C-G-----A-G---	1369
HPV51	T-CTA-----G---A-C---G-C---A-TCAAATG-----C-G-----A---A-	1357
HPV30	T---G-----GG-C-C-C-T---T-----TAT-----T-----G---C-	1345
HPV53	---G--CC---G-----GG-C-G---T-----TAT-----T-----A---C-	1357
HPV56	T---G-----GG-C-T-C-T---C---TAC-----T---C-----A-	1359
HPV66	T--G-----C-----GG-C-C-C-T---T-----TAT-----T-----A-	1342
HPV18	---G---CC-GC---C---C-AA---G---A-----G-A-C-A---C-----A---A-	1420
HPV45	-----CC-----G-GA-----TAGC-----G--C-A--GG---C-TA---A-	1378
HPV39	-----C-----GAA-----C-----T-----A--GG-----A-G---	1390
HPV68ME180	1226
HPV70	---G---C---G-----GG-----A-C---GT-----GG-G---A-G--C-	1405
HPV59	---G-----G-----GA-----A-G---T-----A--G-T---A-----	1381
HPV7	---TA--C-AC-----C--A---CA-A--TGTG-----GC--G-G---A--GGC---T--A-	1396
HPV40	---TA--A--C-C---C--A---TA-A--GTT-----GC-----A--A--GGC---G---	1399
HPV16	T--TATG-----G-----G-----G-----C-----A--AG-----G---C-	1399
HPV35h	---G-----C-A---T--G-GG-----TC---C-A--A-T-----T--G-	1357
HPV31	---A-G-----C-AA-----G-G-----TC-----A--GCTG-----A---AG	1339
HPV52	---AG-----CA-----C-G-C---GAC-----A---A-----	1387
HPV33	---G--G-----A-CA-T-----C-G-----G-----A-G-----A-----	1378
HPV58	---G--G-----A--A-T-----C-G-----GT-----C-G-----A-----G	1378
RhPV1	---G--G-----G--C---GG--G--G-----G-----GCA--T--A--GCTG-----GA-G--C-	1327
HPV6b	T---G---CC--C--C---A--A-----C--TC-T-----C-AA-----T--GGC-G--C---	1402
HPV11	T--G--G---C---C---A-CA-----TC-----CAA-C-A---T--GGC-G--C---A-	1402
HPV44	---G-----C-C---A-CA-----TC-G-----C-AA--A--GATG-GGC-G--T---	1384
HPV55	---T-----A--A-T---C--TC-----C-AA--G---ATG-GGC-G--T--G-	1387
HPV13	---G-----GC---A--A-----TC-----AA--A---TG-GGC-T--T--C-	1393
PCPV1	---G-----GC-C---A--A-----T--G-----AA--A--G-TG-GGC-T--G--C-	1399
HPV34	T--G-----GC-G--T---G--C-G-----T---T--A---C---G---A-G---	1393

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

	poly-A signal for HPV42 ->	
most-likely	TACCAAAAAAAAAATTGTATAGTAATATATGGACCACCAAATACAGGAAAATCATATTTTGGGAATGAGTTTAATA	1464
HPV54	-----C-C-----T--C-G-----T--G-C-----TA-----CC-----T	1422
CgPV1	202
HPV32	-----G---GC---T---T--AT---T--G-----C-G-----G--	1452
HPV42	---T-----G---T---GT--AT---T--T-----C-G-----	1455
HPV3	-----G-----GT-T-----G--G---T--G--G---C---T-C---CC-GT-G	1503
HPV28	-T-----G---T---GT-C---T---G--G-----G-----CT-C---C--T--	1512
HPV10	-----G---T---GT-T-----G--G-C--T--C-----C--T-T---C--C-T	1569
HPV29	---C--G---GC---T---GT-T-----TG--G-C---G--G-----T-C---C-GC--	1506
HPV61	-----GC--C--G---T-T--C-----AGCG-C---G--G--GCTA---T-C---CC--C--	1470
HPV2a	-G---G-----GT-C-----TG--G-C---C---C-----T-C---C--GT-G	1455
HPV27	-G---G-----GT-T-----TG--G-C---C--G-----CT-C---C--GT-G	1455
HPV57	-G--C--G--G---C---GT-T-----TG--G---C-----T-C---C--TT-G	1455
HPV26	CC---GC-C-----G-----T--T--G--C-G---C-----T---	1443
HPV51	C-----C-C---C---C---C-----C-----C---C---TA---C---CC---G	1431
HPV30	C-----C-C--C--CC---T-----C-----G--G---CT---CC-T---	1419
HPV53	C-----C-T---T---T--T---T--T---C--G--T---G---CT---C-T---	1431
HPV56	C--T---C-T--C---T-G---C-T-G---G-----T---GC---CT---C-T---	1433
HPV66	CG--T---C-T---T-G---C-G-G-----T---G---CT---CC-T---	1416
HPV18	CC--C-----T---T-T-G---G-----T-----T---	1494
HPV45	C-----C-GT-----TG-----G-----T---	1452
HPV39	CT--C-----C-----T-----TG-G-----G--C---T-T---CC-T--G	1464
HPV68ME180	1226
HPV70	CC---G-----C-----C-G-----C---C--G---C---T-T-----G	1479
HPV59	CC---G---C---T---GC-G-G---G---G---C---G---C---CC-GC--	1455
HPV7	-----TTGT--TGT-----T--G---T---G---G---T-----G--G	1470
HPV40	---T-----C--TTGT--TG TG--T--T---G-C-----G---G---CC-G--G	1473
HPV16	---T-----C--T--C---TG--G-T--C---T---TA---T-----G	1473
HPV35h	-G--T-----C---C-T---G-----C---T---TA-----C--G	1431
HPV31	-G---G---C---TT---C---TG---T---T-----CC-T--T	1413
HPV52	---T-----T---T---TG---C-----T	1461
HPV33	-----GC---GC---T-G---G-----G-----	1452
HPV58	-----G---GT--C-G-G---C---G-----G-----	1452
RhPV1	-T-----C--C---GT--T---G-----T---C--C---C---C---	1401
HPV6b	CG-----C--C---CC---GTA--C--T---G---T---G---G--C---T-T-----	1476
HPV11	CG--C-----C---T-C---GTG--C---G-C---T---G-G---T-C---T	1476
HPV44	C-----C---T-C---GTG--C---G-C---T---G-G---T-T-----T	1458
HPV55	C--T---C---T-C---TGTA---G-C---G---G---G---CT-T---T	1461
HPV13	CG---G---C---T-C---GTG--G---G---G---G---T-C---C---T	1467
PCPV1	C-----C---T-C---GTG--G---G---C---ATG--T-C-----	1473
HPV34	-----C-----T-----G-----G--C-----G	1467

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

	<- poly-A signal for HPV42	
most-likely	AAGTTTTTACAAGGGACTGTAATTTTCATATGTAAATTCAAACAGCCATTTTTGGTTGCAGCCATTAGCAGATGC	1538
HPV54	-GC-----GG--TGTA--GC-A-----T-----T-GT-----AG-A--T--G-----	1496
CgPV1	202
HPV32	-----GC--A--A-----C-T-----C-----ACAG---	1526
HPV42	--C--C--GC--A-----A--T-----C-T-----C-----G-ACAG---	1529
HPV3	--A--C-GGGC--GTA--T--A--T---CC-----C-G-----A-----A--	1577
HPV28	-GA--C--GGT--GTG--A--T---CC-----A--G-----T-----	1586
HPV10	-GA--G--GGG--G--T--A--C---CT--C---G-----T-T--A--	1643
HPV29	--A--A-GGGC--TGT-----CG-----C-----C-----GT-T--A--	1580
HPV61	--T--C-GGG--AG--G-----G-----ATCA--T-----A--	1544
HPV2a	C---CC--GGC--CG--T--C-----CT---T-G-----C-T--A--T---T---AG	1529
HPV27	C---CC--GGT--CG--T--C-----CT---C-G-----C-T---T---T-T--AG	1529
HPV57	C---CC--GGT--CG-----A-----CC-----C-GT---C-----C---T--CAG	1529
HPV26	--A--A-G-----T-A--C-----T-----C-----T---A--	1517
HPV51	-----A-G-----T-CA-T-----C-TGTT--T-----A---C---AG-----	1505
HPV30	C-A---T--G--T---T-----C---T--C-----A--A--G---ACA---	1493
HPV53	--C-----T--T--T-A--C-----C---T--C-----A--A--G---ACA--A--	1505
HPV56	-----T-----T--C-----T--G-----C--A---C-----ACA---	1507
HPV66	--T-----C-----T-A--C-----T--T-----C--A---C-----A---C---ACA---	1490
HPV18	C-C--A-----AG-A--A--T--G---C-CT--T-----G-A--G---A---A--	1568
HPV45	C-T--CC-----TG-AA--A--T-----AG-A--G-----A--	1526
HPV39	C-T-----G--C--A--T-----C--C-C-----C-----C-AG-A--C-T-----	1538
HPV68ME180	1226
HPV70	C-C-----T--A-----C-CT--T-----AG--C--T-----	1553
HPV59	C-T-----A-----C-----T--T--C-----C-AG-A--T---A---CG	1529
HPV7	C-T---G---T--A-----T--T---GTGT-----AT-----TG--C--	1544
HPV40	C-C---A-G---T--AA--A-----T-----CTGT-----AT---G-----	1547
HPV16	--A--C-G---T-----A-GT-T-----T--A-----A--A-----	1547
HPV35h	C-T--C-----AG--A-T--A--C-----T--A-----TAT-----	1505
HPV31	-GC-----ATG-A--A-----C-----A--T-----A--A--C-G--T-----	1487
HPV52	-G--C---AGT--ATG-----A--C-----C-----A-----C-A--A-----	1535
HPV33	C-----A---TG--T--A--G-----T--A--T--C-----C-A-----T-----	1526
HPV58	C-T-----A---ATGCA-T-----C--A--T-----T-----	1526
RhPV1	C-T--C--G---T--A--C-----C-----T--C-----TC-G-----	1475
HPV6b	-GC--C--GG--T--A--T---AGTC-----C-G-----A--G---T-----	1550
HPV11	-----GGGG--A--A--T---AGT-----T---CTG-----C--C--A-----C--A-G-----	1550
HPV44	--A--C--GG--C-----AGT-----C--C-G--T--C-----C--A-----C--TGCA---	1532
HPV55	--A-----GG--C-----AGT-----C--T-GT--T--C-----C--A-----CC--TGCA---	1535
HPV13	-----GGG--C--A-----AGT-----GT-----TGTA---	1541
PCPV1	--A-----GGG--A-----AGT-----G-----C---A--G---TGTA--A--	1547
HPV34	C-----A-G---TGTG--T-----C--T--T-----ATC-----G--T-----	1541

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	TAAAATAGCTATGTTAGATGATGCAACACCTCCATGTTGGACATATATAGATACATATATAAGAAATGTATTAG	1612
HPV54	C-----C---C---T---A-A-A---C---AC---G--C-TT---GC-C---C-----	1570
CgPV1	202
HPV32	A-----A---C-----CT-----T-----T---C---	1600
HPV42	A-----C-G-----T--A-----T---T---T-----T-----	1603
HPV3	C--G---G-T--C-G--C-----TAG--AG-----TGT-----C--G--T-----CT---	1651
HPV28	C-----GGT--C---C---C---CAGC--AG--C---TGC--C-----G--T-----C---	1660
HPV10	C-----GAC-----TAG--AG-----AC-----T--C--T---T-----CC---	1717
HPV29	----G-G-C--C---C-----AGC--A-----GT--G---C-----T-----C--G---	1654
HPV61	---G-G-GAC-AC-G--C---C---CTA--AG--C---CA--C-----T--C-G-CA-----	1618
HPV2a	---G---GGT-AC-G--C--C-----C-AG-----GT--C-----T---T-----C-T--G---	1603
HPV27	---G---GGT-AC-G--C-----C-AG-----GC-----C-----T---G---T-GC-G---	1603
HPV57	---G---GGT-AC-G--C---G---GG-C-AG--C---G---T-----C-T--G--CC--C---	1603
HPV26	A--G-T--AG-A-----T---TA-AGC--C---TT-----T---A---T--C-T--CT-T---	1591
HPV51	-----AT-----T---GTA-GGG-----T---CAG--T-----CT-T---	1579
HPV30	---T-G-GA---C-----C---GA---C---G---G-----GA-----GC-----T---	1567
HPV53	---T--G---C-----C---GAGG-----A-----T---GA--CC-----T-----	1579
HPV56	---C-T-GGT---G-----GAAAT-----A-----CGAT--T---G---T-GG---	1581
HPV66	C---T---G-T--C-G-----GA-A-G-----G--C-----GAT--C-----T-----	1564
HPV18	---GG-G--C-----T---GA-CA-G-----CT-T---C---G-----CG---	1642
HPV45	---GG---C---G-----C---ACA-G-----T-T---AT---G-----C-----	1600
HPV39	A--C---A-----CGG-A-C--C---T---T-C---AT---G-----C-----	1612
HPV68ME180	1226
HPV70	A--GG---A---G-----C---GGCA---C---T---T-C---G---G-----C-----	1627
HPV59	---T-----C---C-----GA-AGT-----T-T-----GC-----CT--G---	1603
HPV7	A--G-----TG--TT--G---C---G-C---G-----C-C--G---T-----	1618
HPV40	A--GG-----C-----TT--G-GG---C---GGG---G---C-C--G--G--CT-----	1621
HPV16	C-----G-----T---GTG--C-----AC--C-----GACA--T-----C---G---	1621
HPV35h	C-----T---T-G-----G-----CCA--T-----C-C---	1579
HPV31	-----GC-----T---A-G-----CAT-----C-AT--CC--C-----C-C---	1561
HPV52	A--G-G-G---A-----T---AT-----GAT---G-----C-C-G---	1609
HPV33	A-----GA---A-----T---G--AAT-A-----GAT--C--G-----CG---	1600
HPV58	---C---G---A-----T---G-CAT-A-C-----GAT---G-----C-----	1600
RhPV1	---GG-G--C---G-----T---AG--C---T-C-----AT--T---G--C-C-C-G---	1549
HPV6b	---GG---AT-----AG-----T---G-----G-----T-G---	1624
HPV11	A--G-G--AT-A-G-----C---AA-----G-----G-----CC-----	1624
HPV44	A--G---AT-A-----T---C-AAT-C--C---GT-----G-----G---CC-----	1606
HPV55	A--G---AT-----C---T---AAT-G--C---GT-----G-----C--G---CC-----	1609
HPV13	A--GG-----T--C-----G-AGT---C---GT-----G--C---C--G---T-G---	1615
PCPV1	---G-----T--C-----A-T---C---GG-----G-----G-----T-----	1621
HPV34	A----G--AT-A-----G---C-----T---G---T-----C-----	1615

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

	E2 bind for HPV11	
	-> <-	
most-likely	ATGGAAATCCTATAAGTATAGATAGAAAACATAAAGCATTAGTACAAATAAAATGTCCACCATTACTAATAACA	1686
HPV54	---C-----GT-CT-T-----CG---TA-G-G---C-----T---C--A--G-G--C	1644
CgPV1	202
HPV32	---C---ATGC---T-----G-----AC-GTTG-T-----A-----	1674
HPV42	---C---ATGC-----AC-GTTG-T--G--C-----T-----	1677
HPV3	-----C-AGG-GT-C-----G---GG--C--GC-----C-G-----T--G---T-G-----	1725
HPV28	-----C-AGG-TT-C---C--G--G--G---C-GC---GC-G-----T--TC--T-----	1734
HPV10	---C--C-AA--T--G---C---G---G---GT---GC-----C--T--C--T-----	1791
HPV29	---G--CGTA--GT-C-----C-GGT-CC--C---C-C---C--T--C-----T	1728
HPV61	---C--G-C---C-----G---C-G-AAT--AC--GC-G--G-----T-----A-G-----	1692
HPV2a	---C-C--AG-G--C---C---G--C--A-T--GC-G--GC-T--G-----CC--A-G-----	1677
HPV27	-----C--AG---C---C-----A-CC-GC-G--GC-T-----C--GA-G--T---	1677
HPV57	---C---CT-C--C---C--G-----GA-CC-GC-G--G-----T--C-GA-G-----	1677
HPV26	-----CTGTT-----C-----G-AGCC--C-G---G-T-C---C--C---A---T--C	1665
HPV51	---T---ATGT-----GGAGT--A---T--GT-----G	1653
HPV30	---G---G---T-----CA-C-----G--A-----	1641
HPV53	---C---G---CT-----GCA-C-----G-----TG-----	1653
HPV56	---C---T-----CA-----T---	1655
HPV66	---G---C---T---G---CA-----T--G-TA-T--T---	1638
HPV18	---C---A-----T-----G--C--C---A---C-----T--A---C---C	1716
HPV45	---T---C---C---C---G---C---T---GC-----T--A-C--T--T---	1674
HPV39	---GT--G-A-----T---G--T---AGT--C---G-----G-----T-----C	1686
HPV68ME180	1226
HPV70	-----CC-T--C-----G-CAT--A-----T--G-----CA--T-----	1701
HPV59	---C---G-----G---GGCACC-----T-----A-G--T--T---	1677
HPV7	---C--A-C-----T---G-CTGTG--T-----T-----T-GT-----	1692
HPV40	---T--C--A-CC--C-----C-G---C-GT--T--G--C--T--G---GT---G	1695
HPV16	-----TTAG-TTC--G---GT--G---G-C---G---C-----C--T-----T---T---	1695
HPV35h	-----TTCAT---GT--G---G---T-----C---T---T---T---T---	1653
HPV31	---C--C---G--TC-----GT--G-----T--A-G-GT-----T--T---T-G--T---	1635
HPV52	-----GA---TCAG---GT--G--G--C---G-----C-----A-TT-----	1683
HPV33	-----GAA--TTCA---GTG---GG---G--T-----C-G--TC-T--C	1674
HPV58	---T--CGAC--TTCA---GT---GG-----T-----A---T--C	1674
RhPV1	-C--G--C--C--T--G-T-----AATC-T---G--G--C--C---G--T--T--C	1623
HPV6b	---T-----G---T--C---G-----GAC-TT--T-----TC-G--G--G	1698
HPV11	---T-----G--C-----G-----AC-TT--T--G-----GC---GG-T---	1698
HPV44	-----C---G-CC--T--C-----C--T-----C-TT-----G--T--A--G-----	1680
HPV55	-----C---G-C--T--C-----C--T-----C-TT-----G---A--G-----	1683
HPV13	---C---A--G--C--T-----GT-T---C-TT-----G-----T--G-----	1689
PCCV1	---T--C---G-----T--G---C-TT-----G-----T--G-----	1695
HPV34	---C-----GT--T--C-----CAT--T-----T-----T-----	1689

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

E2 bind for RHPV1		
-> <-		
most-likely	TCAAATATAAATCCTATAAAAAGATGACAGATGGAATATTTACACAGTAGAGTAACAGTGTTTACATTTCCAAA	1760
HPV54	--C--C-----G---GT-C---C-----CGC--CC-----A-TGT---TGT-----C--	1718
CgPV1	202
HPV32	-----C-G--AT--G--C--A-----C--T-T-----A-T-GTT---GA-----	1748
HPV42	-----C-G--AT--G--C-A-----A-----CC--T---C-----T-GTT-A---GA-----	1751
HPV3	A-T-----T-GGGG-----A-----G---C-G-G---C---C-GCAG-----AAC--	1799
HPV28	A-----AC--G-G-----G---C-G-G---C-----CA-C-----CAA--	1808
HPV10	A-----AT-G-CG-----A-----G-T---G-G---C---T-GCAGC-C--C-----AA--	1865
HPV29	A-C---G-G---GT-GG-G-----G-----G-G---C---C-GCAG--A--C-----CAGC--	1802
HPV61	A-----AC--G-G---CCT-CG-TT-----CC-G-----A--GTG-----CAG---TT-C-	1766
HPV2a	A-C--C-CC-----C--G-G-G-----G-G---C--GC-G-----AAG--	1751
HPV27	A-C--C--T-----CC-TG-G--G-----G-G---C--GC-----C-----AAC--	1751
HPV57	A-C--C-----T--G-G-G-----G-----G-G---C-----C-----AG--A-C--	1751
HPV26	-----CA-G-----A--TC-CTTTG-----T-----A-AC-----	1739
HPV51	----C-----ACA-G-G---CA-ACCTA-TG-----T-CA--G-----A--A-AG---TT--	1727
HPV30	A-----T-----AC-GC-C---CA-A--T-C-G--C--G-----A--CAT---G-GC-----T--	1715
HPV53	A-T-----A--GC-----CA-AGCTACGG-----G-----A--CAT---ACAG---TT--	1727
HPV56	A-C-----GCT-----CT-A--TACG-----A-GTT-----CAG---A--	1729
HPV66	A-T--G-----GC-----CA-A--TA-G-----A-TT-----AG---GA--	1712
HPV18	A-----C---AGC--G--A-T---CC-----G-A---A-----A--GA-----	1790
HPV45	--C---TG---AGC-----A-T-A---CC-----G-A---G--G--G--A-----C	1748
HPV39	--C---CC-----G-GG---C--T--G---CC-----GT---GC-----A-----T--	1760
HPV68ME180	1226
HPV70	--C---CC-----G--G-G--AA-T--G---CC---CC---ACT--C--C-----T--	1775
HPV59	-----C-----AG-T-C---A---G---CC-----A-T--C---T--TG--A---A-----	1751
HPV7	-----CAT--A-C-T---TG--A--ATC-----G-----G-----GA-----	1766
HPV40	--C-----ATA-C-C-G--CAGT-AG-ACC-----A---G--TCA-----GA-----	1769
HPV16	--T--C--T---G--GGT-C---TCT--G---CCT-----T-A---T-GGTG-----T--	1769
HPV35h	-----G-AGGC-----G---CC--C---T--C--G--GTG--C-----AC--	1727
HPV31	--T-----G-AGGT--G-----CC---CC---T--C---C-GGTG--T-----	1709
HPV52	A-----C---G-AGG--C---CCT--G---CC-----T-----T-GGTT---CAT--CAA--	1757
HPV33	-----C---G-AGGC-C---CTCT---CC-----T-----T-----A--GA---AA--	1748
HPV58	-----C---G-AGGC---TCAC---CC-----G-----C-----A--GA---AAC--	1748
RhPV1	----C-CC---G-AGGTC-G-----G---TG-----G-----A-GGTT-----GA-C-	1697
HPV6b	--C--C--G--AT--CT---A--T-A--AT--G-----T-C-----ACA-----	1772
HPV11	-----G-CAT--GC---G--G-A--AC-----T-----T--CACA-----	1772
HPV44	----C---G-CAT--CT---A--G-A--AC-----TGT--C--G-----T-A-----	1754
HPV55	--T--C---G-CAT--CT---A--T-A--AT-----TGT--C--G-----T-A-----	1757
HPV13	--T--G--G-CAT--CC-----A--AT-----GT-T-----ACAC-----	1763
PcPV1	--T-----G--AT--C--C---G--A-A--AT-----GT-T---G-----A---A-----	1769
HPV34	-----C-----A-GC-----T-CC-----G-----A-G-A-----G--T--	1763

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	TCCATTTCCATTGACAGAAATGGAAATCCAGTATATGAATTAATGATGAAAACGGAAATGCTTTTTTTGAAA	1834
HPV54	-AG-----T--T-----C--T--G-----T-----G-A--A-----T-----CA--C---A---	1792
CgPV1	202
HPV32	C-----A--T-A-----T-----TG-----T-----CA-----C---	1822
HPV42	-----A--T-C-----T-----CA---T-----CA-----C---	1825
HPV3	CAA-----AACT-C-C-A--G-G--C-G--AC-----C-----C-----C---	1873
HPV28	CAA-----AACA-C-C-A--G-A--C-G--AC-C-T-----C---T-----CG--	1882
HPV10	C--T-----G-GACA-C-C-A--G-A--A-G--AC-----C---T-----CG--	1939
HPV29	----G-----AACA--T--A--G-G--T--AC-C-----C---T-----CA-----C---	1876
HPV61	-AAG-G---C-AA---T---GG-C-----ACCC-G---A-----T-----CA-----CCG--	1840
HPV2a	-----T---CA--TCCG--G-G--CC-G--CCCGA---A---C-----CC--	1825
HPV27	-----T---CA--CCCG--GG-A--CC-G--CC-A---A---C-----CC--	1825
HPV57	C-----C--C-CA--TCCC--GG-G--CT---CCCTA---A---C-----CC--	1825
HPV26	-A-----C---G---T---C---G-C---T---T---A-----TCC-	1813
HPV51	-A-----T-AC---G---G-T-G---AC---G-----T---AAT---TCC-	1801
HPV30	-----A---T-C---T---T---C---A---T-----T-----	1789
HPV53	-----A---TGTG---T---CC-----A---C-----T-----	1801
HPV56	-----A--T-AT---T---T-----G-A--T-----T--C---AC--	1803
HPV66	-----A--T-AC---T---T-G-----G-A--T---T-----T-----	1786
HPV18	-G-----T-A-----C-----A-----CA---T-----T-----	1864
HPV45	-G-----T-A-----T-----A-----A---T-----T-----	1822
HPV39	-G-----CA--CA-G-----G-CAC-A-C-----A-----T-----	1834
HPV68ME180	1226
HPV70	-G---C---CA---CA-G---G-CAC-A-C---A-A-----A-T---CC---	1849
HPV59	CAA--G-----A---A-----AC-A-T---CAG-----T-----	1825
HPV7	-----C--C---G-T-G-----G---C---T---C-C-----A---	1840
HPV40	-----C--C---G-T-G-----C---T---C-C-----A---	1843
HPV16	-GAG-----GA--C-----G---GC-T---A-G-----C---CTC--	1843
HPV35h	-GA--C-----T-A-----C---G---GGC-T---A-----C---CTC--	1801
HPV31	-----A---C-----G---A-----C---CTC--	1783
HPV52	C-----TGA---C---TA-----A-T--CA-C---T---C---CTC--	1831
HPV33	-----C-----TGA---T--C---G---C-A-----T---C---CTC--	1822
HPV58	-----TGC---T---G---A--A-----T---C---CTC--	1822
RhPV1	G-----TCAG--C--T-----T---G-----A-----C---CTC--	1771
HPV6b	-----C--T-----G---G---G---C-GTCAA--AC-----T-----	1846
HPV11	-----C--C-----G---G-----C--TCA---C-----T--C-----	1846
HPV44	-----C--C-----G---G---C-----CC-GTG--AAC-----T--C---C--	1828
HPV55	-----C--C-----G---G---C-----CC-GTG--ATC-----T--C---C--	1831
HPV13	-----C--T-----G---G-----G--GTC---C-----T---AC--	1837
PCPV1	-----C--T-----G---G-----G--GTG---C-----T---C---	1843
HPV34	-----T-----C---CC--C-T-C-A-----GGCA-----AC--	1837

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

E2 cds start for HPV30, 53, 56, 31, 16, 33, 58 ->
 E2 cds start for HPV51, 26, 6b, 11, 13, PCPV1, 34, 35h, RhPV1 ->
 E2 cds start for HPV18, 39 ->

3' sj
 \ / for HPV16 E2 cds start for HPV45 ->

most-likely	GGACGTGGTCCAGATTAGATTG.....CAGGAGGAAGAGGACGAG...GAAAACGATGGAGACACT	1893
HPV54	--T-A-----AC-T---CGC--AAC.....GACA-C--TA-C-----G-----G--T...-----C--	1854
CgPV1	202
HPV32	--TT-----C-----A--T.....--A--ATC-----G-AA-----	1881
HPV42	--TT-----C-----A--T.....--A--ATC-----G--T-----G---	1884
HPV3	--TTA--G-AC-T---A-CC-T.....ACC--TCCT--A-----G--A---A-----	1932
HPV28	--TT--G-AC-T---AGCC-T.....ACC--TCCT--C-----G--AA---A--C--	1941
HPV10	--TTA--G-AC-T---AGCC-T.....ACC--TCCT--A-----G--GC---A--C--	1998
HPV29	--TTA--G-AC-T---AGCC-T.....ACC--CCCT--C-----G--AA-----AC--	1935
HPV61	--T-C---G-AC-CA---GGGATCTGATCAACAGG-----G-----G-----TG-G-----T---	1911
HPV2a	--T-----C-C---CC-A.....A-CAGTCC-----GC-----CG-A-----A-----	1884
HPV27	--T-----C-C---CC-A.....A-CAGTCC-----GC-----CG-A-----A-----	1884
HPV57	--T-----C-CC---CC-A.....A-CAGTCC-----TC-----G-A-----A-----	1884
HPV26	CC--C-----G-----C-C---A-A.....T.....AC--	1869
HPV51	CC--A-----G-----A-A.....T.....C--	1857
HPV30	---A-----A-CA-C-C-A--A.....C-----T--	1848
HPV53	---A-----G-TA-C-C-A--A.....G-----	1860
HPV56	---A-----A-----G-TA-C-C---A-A.....A-----G--	1862
HPV66	---A-----A-----G-TA-C-C---A-A.....A-----T--	1845
HPV18	---A-----CA.....CG---A-G-A-T-CA...-C-C--A--A--C--	1926
HPV45	---A-----CA.....CG---C-T-A-T-CA...-C-C--A--AT-C--	1884
HPV39	A--T---G-----C-----C---C---T--AGGA--C--T---A-A-----	1896
HPV68ME180	1226
HPV70	A--T---G-A---C-----C---C---T--AGGA--C--T---A-----	1911
HPV59	---G-----AA.....CG---A-G-A-T-CA...-C-GT---C--C--	1887
HPV7	--TT-GC---T---GC-----ACAAC-----TGGA.....A--	1893
HPV40	--TT-GCA---T---GC-----AACACCT-G-----TGGA.....AT--	1896
HPV16	---AG-----C---C---A.....T--	1902
HPV35h	---G-----A-----C-----A-A.....T-----G--	1860
HPV31	---G-----A-----C-----A-A.....T-----	1842
HPV52	---G-A-----A.....ATAC-----A-----T-GA	1890
HPV33	---G-A-----A.....ATA-----A-----C-----GA-A	1881
HPV58	---G-A-----GC-A.....ATA-----A-----GA-A	1881
RhPV1	---A-----A-----GAC-----T-----AG---	1830
HPV6b	-ACT--C---A--CC---CA-T.....TTCT-----G-T---AG--A	1902
HPV11	-ACT--C-----CC---CA-T.....G---TTC-----G-T---AG--A	1902
HPV44	--ATTA-CA-A--TC---A-A.....AACATC-----CG-T.....A	1884
HPV55	--ATTA-CAA-A--TC---A-A.....AACATCT-----CG-T.....A	1887
HPV13	-ATT--CAG-A--CC---A-A.....CTCT-----CG-T.....A	1893
PCPV1	--ATTA-CAG-A--T---A-A.....CTC-----CG-T.....A	1899
HPV34	A-----A-A-C-----A.....ACA-----C--C--A-----T-----	1896

E1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

		* coordinate 2814 in HPV16R
most-likely	AGCCAAACGTTTAGATGCGTGCCAGGACAAAATACTAGAACTTTA.....TGA	1941
HPV54	---A-C-----T-----A-GGC-T-----C--A-----	1902
CgPV1	202
HPV32	G-----AC-GT-GT-----G-----	1929
HPV42	G-----AC-GT-GT-----G-----	1932
HPV3	---G-C-----T-----G-----	1980
HPV28	---G-C-----T-----G-----	1989
HPV10	---G-C-----G-----A-----	2046
HPV29	---G-C-----G-----	1983
HPV61	---G-C-----G--T-----C--C-----	1959
HPV2a	G--G--C-----G-CGT-G-----G-----	1932
HPV27	---G-C-----G-CGT-G-----	1932
HPV57	G--G-GC-----G-CGT-G-----G-----	1932
HPV26	TTG-C-G-----A-----G-----CTA-----	1917
HPV51	-TG-C-C-----A--T-----G-----CTG-----	1905
HPV30	-TG-C-----G--T-----CTG--T-----	1896
HPV53	-TG-C-----G--T-----CTG--T-----	1908
HPV56	TT--C-----A-----A-----CTG--T-----	1910
HPV66	-T--C-----A-----	1893
HPV18	TT-GG-----AG-----TG-----CA-----C-AC-----	1974
HPV45	TT-GG-----AG-----TA-----C-AC-----	1932
HPV39	TT-AC-----A--T--TA-----TAC-----	1944
HPV68ME180	1226
HPV70	-T--C-----A-----TA-----G-----A-----	1959
HPV59	TT-GC-G-----AG--T--TA-----TC-----T-----A-----	1935
HPV7	----GG--CC-----TT-----AC-GT-GT-----	1941
HPV40	----GG--CC-----TT-----AC-GT-GT-----G-----	1944
HPV16	TTG-C-----A--T--T-----AC--A-----	1950
HPV35h	TT--C-G-----AG--T--T-----A---CGAGAC---	1914
HPV31	TT-TC-----A--T--T-----T-----A-----	1890
HPV52	-C-GGC-----A---AGTG-----A-----T--A--CGAAGC---	1944
HPV33	-T-AGC-----A---AGTG-----G-----T---CGAAGC---	1935
HPV58	-T-AGC-----AG--AGTG-----C-----CA-A--CGAAGC---	1935
RhPV1	T--AG-G-----AG-----TG-----G--CT-----G-----	1878
HPV6b	-----G-----AC-GT-GT-----	1950
HPV11	-----G-----TC-GT-GT-----	1950
HPV44	-----G-A-----T-----AC-GT-GT-----G-----	1932
HPV55	-----G-A-----T-----AC-GT-GT-----G-----	1935
HPV13	-----G-A-----AC-GT-GT-----G-----	1941
PCPV1	-----G-A-----AC-GT-GT-----G-----	1947
HPV34	GTG-----AG-----T-----GC--C-----G-----	1944

E1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

```

E7 end for HPV5 <-
  <- E7 end for HPV15, 17, 9
    <- E7 end for HPV19, 25, 14d, 47, 8, 12, 49, 4, 65
most-likely ATGGCGGATCAT.....AAAGGTACT.....ACTTCTAAAGAAGGTTTAGTG...ATTGGTGTATTTT 56
HPV19 -----GTC-----G-----A-----G----- 56
HPV25 -----C-----G-----A-----A----- 56
HPV20 -----C-----G-----A-----C-----GGA-----G----- 56
HPV21 -----C-----G-----A-----GGAG-----G----- 56
HPV14d -----C-----G-----A-----C-----GGA-----G----- 56
HPV5 ---A----C-AATTCT-----G-----A-----G-----T-A-- 62
HPV36 -----C-----G-----A-----G----- 56
HPV47 -----TC-----G-----A-----G----- 56
HPV12 -----TC-----G-----C-----A----- 56
HPV8 -----G-----A-----A-----G----- 56
HPV24 -----CA-----G-----GAA-C---C---GCA-----A---CT-A-- 53
HPV15 ---T-T--G-C.....-ATAT.....GA-C-----C-G-----T-G--C- 59
HPV17 ---A-T--CG-CAA...C-----CAAAT...TTGA-C-----A-G---C...-G-----AC- 65
HPV37 ---A-T--CG-CAC...G-----AAAAT...TTGA-C-----A-G-----T-G-GC- 65
HPV9 ---AGT--CA-----AAAT...TAGA-C-----T-C-G-----C-----TATCG-- 62
HPV22 ---AC--CG-----GACACAACCTGA-G-----A-G-----G-----T--G- 65
HPV23 ---AC--CG-----GAT.....-G-----C-G---A...C-----CT-A-- 59
HPV38 -----CG-----GAC-----C-G-----TTATATA-- 56
HPV49 -----CG-----GAC-C-----G---C...-G---T---AGA 56
HPV4 ---A-----AGACA...ATTT-GACTT-----AA-A-----A--G- 56
HPV65 ---A-----AGAAA...ATTT-GACTT-----AG-----A--G- 56
HPV48 ---A-----GATAATATTGA-CA--T--T-TT--AGA--GGTC-----T-AA 68
HPV50 ---A--A-T-----AGATAATAATT-AA-GT---ATTA--A---G-T--T-GA-AA 65
HPV60 ---A--C-AA...T-----T-AATTCTCTTGAA-TA--T--G---CA--C...-A--A-G--G- 68

most-likely G...GAAGCTGAATGTAGTGAT.....TTAGAAAATGATTTGGAAAAATTATTTGAAGAA...GATACAG 115
HPV19 -----G-----A-----T----- 115
HPV25 -----A---C-----C-----TC----- 115
HPV20 T.....C-----G---C-----G-----CAG----- 115
HPV21 -----C-----G-----G-----CAG----- 115
HPV14d -----C-----A-----G-----CAG----- 115
HPV5 -----C-----G-----G-C-----GAG----- 121
HPV36 -----C-----A-----A-----C-----AG----- 115
HPV47 -----C-----G-T--GG-----G-C-----GAG----- 115
HPV12 -----A-----G-----T--C-G-----GC----- 115
HPV8 -----G---C-----T--C-----GCG----- 115
HPV24 A.....C-----A-T-----C-C--GC---GC---A--T--- 112
HPV15 A.....A---CTC---GCT...AGT---TGG-----G-----G--- 124
HPV17 A.....A---TC---CAAT...AGT---TGG-----G-----G--- 130
HPV37 A.....A---CTC---CAAT...AGT---TGG-----G-----GG-AT- 130
HPV9 A.....A---CTC---TCT...AGT---TGG-----C-----GG--- 127
HPV22 A.....CG--CTCA--GATAGTGAC---T--AG-----G-----T...G--- 133
HPV23 A.....G---CT--TC---GATAGTGACC---TG--AG-----G-----G...A--G--- 127
HPV38 A.....G---CTC---CATTAGTGAC---T-----C-----G-----G-G-G- 124
HPV49 TAAT-----A-C-----C-----C-----T-----AGCC--A 118
HPV4 CCAT-----A---C-C---C.....AGTAT-G--ACG---TG-T---GC--C---AGTA--GAC 121
HPV65 -CAT-----A---C-CA--C.....AGTAT-G-CAC-----GG-T--G-GC--C-----GC- 115
HPV48 AACT-----GAG--C.....G--ACG--A-TGG-T--G---G--GAGCACA-AT- 127
HPV50 T.....TC--GA-----G--TC--TC-GG---G---T---AGTACGGAT- 121
HPV60 -ACA-----G---T-A--.....AGTTTGG--ACAA---G-GC-----AG--- 130

```

E1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	AC...TCAGATATTTTCAGACTTAATAGATGATGATGAC...GTGGAGCAGGGAAATTCCTGGGAACTATTTTCAT	183
HPV19	--...-----T-----A-----...T-----T--C--T-----	183
HPV25	--...-----T-----GA-----...A-----C-----T-----	183
HPV20	--...-----A--T-----A-----...C-C-----C-----T-----	183
HPV21	--...-----A-GT-----A-----...C-----G-----C-----	183
HPV14d	--...-----A--T-----A--TGACT-----C-----T-----	186
HPV5	--...--T--A--G--T--GT-----AC--A...C-----C-----T-----	189
HPV36	-T...--T-----G-----TG-----...C--A-----TTT-----C-----	183
HPV47	--...-----C-G--C-GT--CA-TG-----...C--T--C--A-----	183
HPV12	--...--C--G-A--G--GC--A--G--A...C-T-A--G--T-T-----	183
HPV8	--...-----G-----T--A-TG-----...C--T-----T-T-----	183
HPV24	-T...--T--G-A--TC-T--AG-A--GGGACT--A-----C--A--G--A	183
HPV15	-T...A-T-C--T-----A--G-----...ACT-TA--G-C--C--T--ATGC	192
HPV17	-T...A-T-A--T-----G-----...A-TATA-----C--C--T-G--ATGC	198
HPV37	-T...A-T-C--T--T-----G-----...ACT-TT-----C--T-G--ATGC	198
HPV9	--...--T-----C-----GA-T...CT-TA-----C--G--TGC	195
HPV22	-G...--G-A--T--T-----A-----TACT-CT-CT-----C--T-GC-ATG-	204
HPV23	-G...--G-G--T--T-----A-----TAAT-CT-CT-----C--T-GC-ATG-	198
HPV38	GA...--C-----T-----A-----G-TT...--T-----C--T--ATG-	192
HPV49	--...--CA-----A-T-GT--A-----G--GGAT-----G--A--T--GC--GC	189
HPV4	-T...--A-C--TA-----T-----C--T--...--T--T--G-----TT-CG--G-ACA--	189
HPV65	-T...--A-G--CA-T--T-----C--TG...--T--T--G-----T--C--G-ACA--	183
HPV48	--...--T-TAG--GA-TC-GT--C--TCC--AAGTA-AATT--G--TGA--AGTGAC-GC	198
HPV50	-A...--TAC--C--TA-T-----CTC--AAAC--T-T-----G-----AT-C-T--C-AA--	192
HPV60	-TGGA--TAT-G-G--CA-TC-G--C--TCC--GGAAC--G-----T--C--C-ACA--	204
most-likely	CAACAAGAGAGTGAGGAAAGCGAGGAGCAATTACAAAACTAAAACGAAAGTAT...TTAAGTCCA...AAA..	249
HPV19	-----T--C-----A-----T--G-----C...-----C...-----	249
HPV25	-T-----T--C-----G-----C...-----C...-----	249
HPV20	-----T--A--C-----C-----C...A-----C...-----	249
HPV21	--G-----A-----C-----C...-----C...-----T...-----	249
HPV14d	-----A-----C--G-----C...--G--T...C--..	252
HPV5	-----G--T-----C--G-----G-----C--T-----C...-----	255
HPV36	-----G--T--A--C--G-----G-----C--T-----C...-----	249
HPV47	-----G--T--A--C-----C--T-----C...-----C...-----	249
HPV12	-----T--C-----TT-----C--T-----C...-----	249
HPV8	-----G--T-----C--G-----C--T-----T...-----	249
HPV24	--G--G--TTA--G--A-T-CTTTG--G--GT-----A-T--T...-----	249
HPV15	--G--A-----C--A--A--CTGG-----A-C--T--...C--..	258
HPV17	--G--A-----C--A--GA--TTG-----G--T--...C--..	264
HPV37	--G--C--A-----C--A--A--TTG-----C--T--...C--..	264
HPV9	--G-----C--A--AC--TTG-----A-C--C...C--..	261
HPV22	-----GC-A-----T-T--C--GA-T--T-T-----C-----G...-----	270
HPV23	-----G-----T--C--A--T-C-----AATA-C-----...G-G..	267
HPV38	-----A-----G--ACT--GG-T--T-T-----G...--C--G...-----	258
HPV49	--G--G--ATT-----C--G--GT-----G-----C--T...-----	255
HPV4	GC----ATA-A-----TT-T--CA-TGC-C--GC-C-C-----AACAA-----GAGC-G..	261
HPV65	GC-A--ATA-C--T--TT-T--TA-TGC-A--GC-C-C-----AACAA-----GAGC-G..	255
HPV48	TGT.....ATTC-G.....T-AA-AG--GT--TGTT-CTCC...GA.....	243
HPV50	GC--GCTTTCA-----TAT--CA-AG-CC-GGTT-C-G-----T-TATGCC-CC--GG.A--..	263
HPV60	G---GTTA-CA-----TT--A-TAGAGCTA-TTT-CGC-----TAACTAA--CA--TTTG--AG	278

E1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likelyGCT.GTCGCACAGCTTAGTCCGCGACTGCAGTCTATGTCTATGTCACCTCAGCAGAAATCTAAA	312
HPV19-T-TG-AAG--T--T-A-----G-----	312
HPV25-T-CG-AAG--T--T-----G-----	312
HPV20A-T-----TG-AAG--T-AC-----A-----G--A---	312
HPV21-C-----CG-AAG--AA-GC-----G-----	312
HPV14dA-----TG-AAG--AA-AT-----G-----	315
HPV5-TG--A--T-AT-----C-----G---G	318
HPV36-T--A--T-AT-----G-----G---G	312
HPV47-G-----T-TG--A--T-AT-----C--G	312
HPV12-G-----T-CG--G--A-GT-----G---	312
HPV8-G--C-----G-C--A--A-AC-----C--G	312
HPV24-ATT-----G---A-A--TG-A--C--T-GC-----T-AG-C--T--A---G	312
HPV15-AG--TTTG-----C--T--C-----G--A---T--G--A---T--G-----	321
HPV17-AG--TTTG-----C-----C-----CA---A--G--A---T--G-----	327
HPV37-AG.A-TCTG--T-A---T--T-----TA---T--G--A---T--G-----	327
HPV9-TTTG-----C--T-A--G-----C--T--G-----T--C-----	324
HPV22-TCAG--A---A--T-----AA--T--G--GG--T-----	333
HPV23-TCAG--A--T--A-----T-AA-T--G--GG--T-----	330
HPV38-TCAGG-----T--T-----AA--A--TT-AG--T-----	321
HPV49-A--TCA--A---C--A--GT-----A--A--T--G-GA--A--G-----	318
HPV4-A-----TG-AT-G-----AGT-----G--G--AAA--AA-T--G-AAGAC-CAGC---	324
HPV65-A--T--TG-AT-G--C--T-AGT-----G--G--AAA--TA-T--G-AAGA--CAGC---	318
HPV48CAG.A--T--G---A-----GT-ATC-G-AG--CA--AA-G--G--AGAGC-----G	306
HPV50-C-C-T-TG-TT-G-----A---TTCAG-GG--CA--AA--AG-AAGAC---C---	327
HPV60	CCAGGACAGAA-G.--T--TG-C--A---AA-GT--G-AG--G-CA-A--T-----AGAC--AGC---	351
most-likely	AGGAGACTATTGACAGCAGGACAGCGGACTCGAGTTAACT.....CTAACAAATGAAGCTGA	371
HPV19	C-A---T-----G-----T-----	371
HPV25	C-A-G-C-----G---A-G-----T-----	371
HPV20	C-A-G-T-----G-----T-----	371
HPV21	C-A-G-C-----G-----GT-----T-----	368
HPV14d	C-A-G-C-----GT-G-----T-----	374
HPV5	C-A-G-C-----C-G-----T--AC-----	377
HPV36	C-A-G-C-----G---C-G-C-----T--AC-----	371
HPV47	-A-G-C-----A-----C-----T-T-AC-----	371
HPV12	C-A-G-C-----C--T-----AC-----	371
HPV8	C-A-G-C-----G---C-----T-AC-----	371
HPV24	--A-T-G---T-----T--G-A--A--G--C-----T-----A---	371
HPV15	-----T-----A-A-----A-AC--T-A-----T-T-----C-	374
HPV17	-----T-----A-GA-----A-AC-GT-A-----T-T-----	380
HPV37	-----T-----AGGA-----A-AC-GT-A-----T-T-----	380
HPV9	-----T-----A-A-----A-A-GTT-----G-----	377
HPV22	-----T-----TG--C-----G---GTT-C-----	389
HPV23	-----T-G---TG---A-----G---T-----T---	386
HPV38	-----T-----TG--A---T---G---C--T-----	377
HPV49	C-A--G-----G---G--A--T--GGGGCTCGAACAGTCTT-G--T-----AT---	389
HPV4	-----T-----C-----T--GA-TTTCGA-----G-----	368
HPV65	-----T-----CAG---T--GA-ATTTGA-----G-----	365
HPV48	C-----G---AAT-----T--T---G--T-TGA-----G-----	350
HPV50	---C-TT---AG-----T--GA-T--AGAT-----	368
HPV60	-----T-----T--T-A-GAGA-----G-----AC	395

E1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	AGATGTTACT.....CCTGAGGTG.....GAGGTACCGGCTATAGACTCTCGGCCGGAAGCT.	423
HPV19	-----T-----T-----T-----T-----A-----T-----	423
HPV25	-----T-----T-----T-----A-----A-----T-----	423
HPV20	-----T-----T-----GAG-----CC-----A-----TT-----	426
HPV21	-----T-----T-----C-----A-----TT-----	420
HPV14d	-----T-----T-----C-----A-----TT-----	426
HPV5	-----T-----T-----T-----T-----AC-----	429
HPV36	-----A-----T-----T-----T-----AC-----	423
HPV47	-----T-----T-----T-----T-----A-----G-----	424
HPV12	-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----	423
HPV8	-----T-----A-----T-----T-----T-----A-----	423
HPV24	-----A-ATT---CAGCAGGAGGAA-----A---T---GA-ATCTT-CACCAG--	435
HPV15	---T---AGC---ACT.....TTG-----G-CC---TGT-GT---C-G....	426
HPV17	---C---CAGCAGACTTTG-----CAG-----T---G-CC-GT---GTA---C-AA.	444
HPV37	---T---CAGCAGACTTTG-----CAG-----T---ATCC-G---GA---C-AC.	444
HPV9	---C---T---GA....AA-AC-----GAA-----C...A-TC-A-CAA-AAC-----	432
HPV22	---C---GAA-----G-GC-CTC-AGC---C---A.	441
HPV23	---T---AA---T-----G-GC-CTC-AG---C---C.	438
HPV38	---TC---AA---T-----G-GC-CTC-AGC---C---A.	429
HPV49	---AC-C---G-G---C-----G...CAA-G-C-G-A---G....	435
HPV4	-A-TC-CT-....A-AC---A.....-ATCCGA-AGC...C-GG-G-A--TTCTAGC.	417
HPV65	-A-TC-CT-....A-AC---A.....GA-TC--A-A--C...-GGT---AAC-G..C.	414
HPV48	-AG-AA-----AT-C---AGAT...TCACTGTT--G-AAAAA...-G-GG-AAATC--...	405
HPV50	-A-----T-ATT-T.....C-----A-A-...-TAG-TC-AAT-TG-G.	411
HPV60	-A-TC-T-....GAAA-AAA.....-TA--TT--AAC...TCT-TAGA-AGTA-T-AA.	444
most-likely	..GAGGGAGAATCAGGG...GTAGATATTCATTATAAAGTATTATGCGTTGCAGCAATAATAAGCAACATTA	492
HPV19	..-G--A-C-----GACA---C-A---T-C-C-----GCA-A-----C-G-----TT---	495
HPV25	..-----C-----GACA---C-AAG-----C-C-----GC-----T-----	495
HPV20	..-----C-C-T---AACA---C-----C-A-----GC---T-CC---G---TT-G	498
HPV21	..-----C-C---T---AACA---C-----AG-----A---GC-----C---G-TTC-T	492
HPV14d	..-----C-C---AT---AACA---C-----C-A-----A---GC-----C---G---TTC-T	498
HPV5	..-----GT-----GAC-----A-----C-CT-C---G-----CT-----C-A-----T-----	501
HPV36	..-----G-----GAT-----A-----CTTTC-C-G-----C-----C-A-----C-----	495
HPV47	AT-----G-----GAT-----C-C---G-----C-----CC-A-G-C-----	498
HPV12	..-----G-----GCCA-----G---CTGTC---GC---A-T-----T-----C---G---	495
HPV8	..-----G-----GCTT-----G-C---C---G-----G-C-----C-CA-G-C-----	495
HPV24	..A-CTT-AGGAAG-AA...-ATA--GCA-----A-C-TA---A-----T-CTTA-----T-C---	504
HPV15	..-GT-CC...AAG--A...C-G-GC---GT-A-AG-TC-TC-T...AAA--T-A---GTG-----TG---	489
HPV17	..C---T-TCAAG--A...T-G-GA---GT-A-AG-CC-T---...AAA--T--T---GTG-----T-TG---	510
HPV37	..C---T-CCAAG--A...C-G-GC---GT-A-AG-CC-TC-T...AAA--T--T---GT-----T-TG--G	510
HPV9	..C---ACTAAG--C...T-G-GA---GT-A-AG-TT--C-T...AAACAT-----GTG-----TGT---	498
HPV22	..C---T-GTGT---...TCG-GACA-T-CACC-GTT-G---...A-A---A---GTA-G---GT---G	507
HPV23	..C---T-G-GT---...C-G-GACA-AT-G-A-GTT-G---...A-A--T-AA---GC-----GTG--G	504
HPV38	..-----T---TAT---...C-G-G---C-GTAAGAG-TC-T---...A-GA---T--C-GC-G-----C-G	495
HPV49	..C---T-GTCAG--AGAG-GCA--T-G-----AG--A---A---AT---G-CGT---A---	507
HPV4	..C-A-AT...GGC--C...-G-----A---TGTGT-G---...AAA-T--T--C-GG-GG-----A-G	480
HPV65	..C-A-AT...GGC--A...-G-----A-C-TACTGT-G---...AAACT--T---GGCGT--T---A-G	477
HPV48	..A-T--C...G-T-A...TGT--AC--A---...TCTA-T--G...-A-T-AT---TC-G---T--TG--	465
HPV50	..-GAAACA--AAT--C...-CT---GCCG-G-TGT-TTCG--GC-T-A-A--AT---CG--G---TG-T--G	480
HPV60	..AGT--GACC-TG-TT...-G--A-CGG-C...-GTA---T...-CA-T-CT---GA-----C--T---	507

E1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	ATGGCAAAATTTAAAGAAGCGTTTGGGGTAGGCTTTAATGAATTGACAAGACAATTTAAAAGTTATAAAACCTG	566
HPV19	-----C-G-----G-T---C-A---C-C-----A--	569
HPV25	-----G-T-----G-----TC---C-T-----G---C-----	569
HPV20	T-----G-G-T---A---G-----T-----C-T-----C-----	572
HPV21	-----GTTT-----A-----TC---C-C-----C-----	566
HPV14d	-----G-G-T-----T-----C-T-G-----C-----	572
HPV5	---T-G---GT---A---T-----C-G---C---CC-C-----	575
HPV36	-----C-----C-T-----C-----C-----	569
HPV47	C-----C---C-----C-----C---C-----	572
HPV12	-----C---GT-A-----TC-C-G-----C-----	569
HPV8	-----G-A-----AT-----C-A---C-C-----C---T---	569
HPV24	C-AT-----A-T-T---T---A---GT---C---TC-C-G---C-G---A---G-T---	578
HPV15	T-A-T-----A-G-G---TG---A-T-----A---CAGC---A---	563
HPV17	T---C---C-----A---A-G-A-A---TG-T-A-C---G-A-----AG---G-A---	584
HPV37	T-A-----A---A-T-----TG---C-T-T-G---A-----G---A---	584
HPV9	---T-G---G---T-G-G---GC---GC-A-----A---C-----A---	572
HPV22	C---G-----C-A---A-GA---A---GC---T-----G---A---G-T---	581
HPV23	C-ACAT-----G---GT---AA-TA-T-A---GC-T-C---G---CA---G---	578
HPV38	T-AAGC-----CT-----CA---CA---C-----A---CA---G---	569
HPV49	T-AAGT---G-C-G---TAT---T-G-T---T---G-AG-T---G-A-----G---A---	581
HPV4	C-A---G-----TG-A---CTCA-AC---A-A---ATT-A---G---T-T---	554
HPV65	C-T-----TTG-A---TTCA-A---A-A-T---GTT-A---G---GT-T---	551
HPV48	C-TTGC-----TAAA---TTCA-----GC-T---AGT-----G---G-A---	539
HPV50	C-TTGT-G-----AAA-A---CA-TCCA-----A-T-T---ACT-----A---G-GT---	554
HPV60	T---T-----TAC---T---CA-A-GGA---T-A-GC---CG-----G---G-T-A---	581
most-likely	CTGTAATGATTGGGTTATAGCTGTATATGCAGTTCATGATGATCTAATTGAAAGCTCAAAACAGTTGTTGCAAC	640
HPV19	-----C-----T---G-----GC-----C-----	643
HPV25	T-----C-----TT-----G-----C---T-A---T---G---C-T-----	643
HPV20	-----C-T---G-----G---TC-----G---A-----	646
HPV21	T-----C-----C-GT-----TC-----G---A-----	640
HPV14d	-----C-----C-GT-----G-----TC-----GA---A-----	646
HPV5	-----G-C---G-CT-----G-----T-----G---C-A-----	649
HPV36	-----C-----G-CT---T-----C-----T-----T---G-----	643
HPV47	-----C-----G-T-C-----C-----T-----G---C-----	646
HPV12	T---C-----T---G-----T-----G---C-----	643
HPV8	-----CT-----G-----CT-----G-----G-TA-----G---A-----	640
HPV24	T-----GG---AA---GT---AA---T---T---T---G---A---AC-A---	652
HPV15	---GA---C---AC-GA---T---T---A---A---G---GT-A---T---A-----ATT-	637
HPV17	---GA-----AG-TA-AT-G-----A-G---GT-G-A-----C---A---C---TG-	658
HPV37	T---C-GA-----G-A-GT-G-----A---A-G-A-----C-----C---TT-	658
HPV9	---GA-----A-T---G---T-GA---CT-----T---A---ATTG-	646
HPV22	---GC-----AT-G---CA-----T-C-A-A---AT---A---TGCG---C-----A---	655
HPV23	---AC-----AT-G---CA-----GT-CAA-A-A---G-C-A---TGCG---T---G---A---	652
HPV38	T---CC-CC-----CT-G---A---G---T-C-A-G---CT-G---A---TGCG---C-----A---G---	643
HPV49	---A---A---A---T-A-CC---GC---G-GA---A---G---GG-A---TG-----A---AC-TTT-A	655
HPV4	TA---G---A-----A---T-A-T-T-AG---C-GC---T---AG---T-A---T---GATTG-T---AA-G-	628
HPV65	TA---G---A-----T-A-C-T-CG---C-GC---T---AG-TT-G-----T---ATTG-T-----	625
HPV48	TACACCAA-----A---A-A-C-ATA-GTA---AGA---A---T---CGA---TGCT-GT---GTT---A---A---G-	613
HPV50	TACAC-AA-----A---T-TA-T-T---CTG-GCA---A---T-----GCT---T---ACCAC-A---A	628
HPV60	T---G-AA-C-----AG---G-G---C-C-GCA---A---AG---A---GCT-----ACAG-TA---G-	655

E1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

	E2 bind for HPV5, 12	
	-> <-	
most-likely	AGCATTGTGATTATATATGGGTTTCATGGGATAGCAGCTATGTCATTATATTTATTGTGTTTAAAGTTGGAAAA	714
HPV19	-----C--G--A--AGACA--C-----A-----G-T-----C-----G-----	717
HPV25	-----C--G--A--C-G-----G--C-----G-T--G-T-----G-CG-----	717
HPV20	-----A-C-G-----A-----G-T-C-----CA-----	720
HPV21	-----A-A-G-----G--A-----G-T--G--A-----	714
HPV14d	-----G-----A-A-G-----T-----T-----C-----G-----	720
HPV5	-----C-----C--C-G-----GT--A-----CC-----G-CG-----	723
HPV36	-----C--T-----G-----AT--A-----C-----G-CG-----	717
HPV47	-----C-----C-G-----AT--A-----C-----G-CG-----	720
HPV12	-----C-----C-----G-----A--C-T--CC-----C-----CG-----	717
HPV8	-----T-----AGAA-T-----T--A--TA-----C-----C-----G-CG-----	714
HPV24	-----T-----ACA-AA--GT-T--A--TT-----C-G-----C--G-C--C--	726
HPV15	-A--C--CA-----T--T-A--CAA--C-CC-----GC-----C-----T-----T--	711
HPV17	-A-----C--A--ACAT--GT--C-----GT-----A-----T--C-----	732
HPV37	-A--C--C-----T-G--GCAT--GC-TC-A--GT-----T--G--T--	732
HPV9	-----C-----T--C-A--TAT--GC--C-A--GT-----A-----C--A--C--	720
HPV22	-----ACC--T-G--T-G--AACAT--CT--C-C-----GT-----T-----G--	729
HPV23	---C--TC-----T--T-G--GACATACA--C-----C-T--CC--GT--C--T--C--	726
HPV38	-----TT-----C--ATCAT--TTGTC--C-----C-T--GT--C--T--T--	717
HPV49	-T-----TCC--G-G--A-AA--ATA--AT--GGAT--A-T-----C-----TCA--C--G	729
HPV4	-----ACA-----TCAA--A--GATCT--T-G--TT--TCAG--T-----G--ACAG--AG--CG--	702
HPV65	---C--ACA-----TCAA--A--AATAT--T-G--TT--TCAG--T-----ACAA--C--AG--CG--	699
HPV48	-A--GT--G-T-T--GAAA--GAT--T-C--AT--ATTT--TCTGTGC--CTA--GG--AGAA--G--AACT--	687
HPV50	-T--GT--TCC--T--CAAA--GAT--ACTTCT--ATTT--TCAG--T--G--A--TA--T--C--G--C--CT--G	702
HPV60	-A-----T-T--CA--AT--TCATAT--GGTT--TATG--T-----GG--AAAA--ACA--C--	729
most-likely	AATAGAGAAACTGTTTCATAAATTAATGACTTCAATGTTAAATGTGCATGAAAAGCAAATATTGTCTGAGCCTCC	788
HPV19	--CC-T-GC--G--G-----G-----TG--T-----A-----A-----A-----A--	791
HPV25	---C-T-GT-----G-----AA-T-----A-----A-----A--G--A--A--	791
HPV20	---C-T-GG--G-----G-----A-----G-----	794
HPV21	---C-T-GG--G-----G--G-----G-----G--CA--A-----A--	788
HPV14d	---C-T-GG--A--A-----C-----	794
HPV5	---C-C-GG--A-----G-----T--C-----C-----G-----	797
HPV36	---C-C-GG--A--G-----G--G-----C-----G--T-----	791
HPV47	---C-T-GG--A-----GC-----T--CA-----GC--A--G-----	794
HPV12	---C-C-GT--G-----G-----A-----C-----A--C--G--T-----	791
HPV8	---C-C-GT--G-----C-----C-----A--GC--G-----	788
HPV24	-----C-----ATA-GG--T--AGTG--T-----T-----GCA--GG-----T--A--A--A--	800
HPV15	-G-----A--ATTA-G-----C--T--GAATT--C--A--ATC-----TA-----A--AG--A--A--	785
HPV17	-G--G-----ATCACG--GC--T--TGAAT--TC--GC--A--AGCA--GGTA-----G--AG--A--A--	806
HPV37	-G-----TT--G--C--GC--A--TGAATT--A--GC--A--AGCA--GTA-----G--A--	806
HPV9	-G-----ATG--G--C--T--A--GCA--TT--C--GC--A--ATC--GT--T--AAG-----	794
HPV22	-G-----GATGCG--GT--AT--C-----C--A--TA--G--T--T--T--A--A--A--	803
HPV23	-G-----A--GTA-----T--T--T--C--GC--AA--A-----T--T-----A--A--A--	800
HPV38	-G-----C-----GTA-G-C-----AG--A--T--A--C--G-----T--T-----A-----A--	791
HPV49	-G-----GG--G--GC--T--TG--AC--GG--A--ATT--TT--T--A--T--G--A--A--	803
HPV4	-G-----A--A--G--G--TG--T--A-----A--C--A--T--T--G--A--G--T--	776
HPV65	-GC-----G--A--A--G-----TG--T--G--A--T--A--GTTT-----A--C-----	773
HPV48	-----G--TTA--G-----TG--AGT-----CTA--A--G--A-----T--G--A--G--	761
HPV50	-GC-----G-----GT-----G--T--A--AGCT--C-----ACAA--A--GG--A--G--C--A--G--T--	776
HPV60	-G-----T--A--AATG-----T--TT--T--CA--G-----A--A--C--A--T--A--G--T--A--	803

E1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	AAAATTAAGAAGTATAGCTGCAGCATTATTTTGGTATAAAGGTAGTATGGGATCA...GGATCTTTTACTTATG	859
HPV19	T--C-G---A-CT-----T-G-----G-CT-----T...---GGG-----	862
HPV25	-----A-G-T-----C-G-----ATCA----T-C...---GTA----A---	862
HPV20	-----A-G-T-----T-T-----GCA-----G-C...---G-A---T--C---	865
HPV21	-----A-G-T-----T-----G-----G-GCG---G-T...---G-A-----	859
HPV14d	---GC--C--A-G-T-----T---G-C-----GCA---G---...---GA-A-----	865
HPV5	-----G---A-C---C-T---G-C-----G-T-----G...---GG-G---GCC---	868
HPV36	---G---GC---A-CT---T---G-----C-----CT-----G...---GGTG--C-G-----	862
HPV47	---G-----A-C-----T-----C-----AT-----C-T...---GTG--C--CC-C-	865
HPV12	T--G-----A-C-----T---G-C-----C-----G-----G---...---CG-A---CC---	862
HPV8	T-----G---CAC-CT---T-T-G-----AG-A---GA...---A-A--C-G---	859
HPV24	-----GC-----C--TGT---T-----CTCAAATG-T...---CTA-C---AC---	871
HPV15	---GC-TC-----C-CTGT-----A-----AATC--AAT-TT-A-GC-CA...---	856
HPV17	-----G-----C--GTTGT-----A-----AATC--AAT-TG-A-GCCAC...---	877
HPV37	---GC-TC-G--C-C-TTAT-T--C-G-----C-----AATC--AAT-TC-A-GCACA...---	877
HPV9	---G---GC---G-GTG---T-----A-----AACC-TAAT-T--ACGCACA...---	865
HPV22	---A-C-----GATA--T-T-----AATC--AAT-TC-A-GCATT...---	874
HPV23	G--AAC-----G-C---T--T-----C-----AACC-TAAT-T--A-GCATT...---	871
HPV38	---AAT-----TC-A---G-----A--T--AATAGTAAT-TG-T--G-TT...---	862
HPV49	---C-----G-G-TGT---C--AC---C-----AC---TCT-TG-A-GC-CA...---	874
HPV4	-----C---G--C-CA-----AC-TT---GCA-GC---TT-A--...---AGAG--C-GT--T-	847
HPV65	T--G---C---G-GC--A---T---AC-TC---GCAAGCC---TT-A--...---AGAGC---GT--TC-	844
HPV48	-----G-A---C-----T---A--TC---GAAG-T--AACTGAT...AC--G---AA---	832
HPV50	T--A--A---G-----A--C-----AAGGTA--A-C-GAT...ACC-G--A--AA---	847
HPV60	----CT-----CCC-AA---TC-T-A--TT---G-A-GTCAT-T--AAT...-C--G---T----	874
most-likely	GTCCATATCCTGATTGGATTGCAAAAACAACTATGATAGGTCATCAAACCTGCA...GAAGCAAGAACATTGAT	930
HPV19	-----C-A-----A--C-----A--AT-----A--T...---T-GT-----	933
HPV25	-CT-----A-----A--CC-C-----A--AT-G--C-----GC--T...---T--T-----	933
HPV20	-----A-C-----G--C-G-----TG-T-----G-GCA--...---C--TG-T-----C	936
HPV21	-A--T-----CC-G---A--TG-T-----G-A--...---C--TG-----	930
HPV14d	---C--C-----G--C-T-----TG-T--C-----G-A--...---ATG-----	936
HPV5	-A-----CC-----AT-----CA--G---T...---G-----T--T-----	939
HPV36	-G-----C---G---AT-----CA-T-A--T...---C--C-----	933
HPV47	---T--C---A-----C--TT--C--TT-G--C---A-G-G---T...---G-----TG-G-----	936
HPV12	-CA-----C-T---A--TT-G--C-----A--T...---C-----	933
HPV8	--T---C-----C-T---A--TC-T--C-----G---T...---C--C-----	930
HPV24	-GT-T-----A-A-----AT-G---AC-----A-----A-G...---TGC---G---C	942
HPV15	-AGA-----G---AATG-C---A-----AA--C---A...---T-C-CAG-----	927
HPV17	--GA-----G-----TT--C-----TAA-----A---...C-G---C-CA---C---	948
HPV37	--GA-----G-----ATG-C---C-----CAA--C---T-A...---T-C-CA-----	948
HPV9	--G-G-----A---ACTT-C---AC-A--TAA--C---T---...A-T--T-C-CA-----C	936
HPV22	-AGAG-----G-----ATG-C---G-----CA-----C-----T...---CAGTGT-CA-----C	945
HPV23	--GAG-----G-----TG-C---C-----CAA-----T...---CAGT-T-CA-----	942
HPV38	--GA-GC-----CT-TC---A-----CAG-----T...---CA-TTTGCAG-----C	933
HPV49	-AG-C-----T--T--G--C---A-----GG-A--GCA--T--T-TGCA-----C	948
HPV4	-A-A-ACA--G-----C-----C-CG--A-----G-A--ACTACT---GAG--T-----G	921
HPV65	-A-AGACA--A-----G---CT-AG--A-C-----G-A--ACTACT---GA-----C--A	918
HPV48	-CA-T-TG---TCC---G--AGT-G-TT---AG--AA-----GTTA--T...TC---GAC-----TCA	903
HPV50	-AGAC--T---C---A--C-C---T---G-T--AA-----GCTA---...ACT---GAC-GC---A-A	918
HPV60	-A--G-T--A-----T-A-----TT-----T--AC--G--T-C--CGCGAGCT--GA-CAG-----A	948

E1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	TTGTCTGAAATGGTACAATGGGCATATGATAATAATTATTTAGATGAAGCTGATATTGCTTATCAATATGCAAA	1004
HPV19	-----A-T-----T-----C-CC-CA-G-C---T-A-----G-----	1007
HPV25	C-A--G--C---T-----T-----C-----C-----A-----A-----T--	1007
HPV20	-----A-T--G-----T---CC-----C-----G-----A-C-T--G-----T--	1010
HPV21	A-----C-----T-----G-T-----C-----A-C-----T--	1004
HPV14d	A-----TT-----G--G-----T-----C-----A-C-----T--	1010
HPV5	--T--A-C-----C-----T-C-----C-C-TA---C---A---A--A--C--G-----G	1013
HPV36	--T--AC-G-----C-T-----C-G-TAG-T---GA-----A--G-----G	1007
HPV47	C---A-TC-----T-----T-----C---CTG--T--G--G--A--C---A--CGG-----G	1010
HPV12	--T--A-CC-----C-----C-TC-----C-----A--C-A---A-----C--	1007
HPV8	--T---T-----T-----T-----C---T-G--G--C--C-----GG-----	1004
HPV24	A---CAC-----T-T-----G---CTCAC--G-----C-A---T-----	1016
HPV15	--A--ACT-----AT-----G-A-TG-C--A---A--A---GG--T-----	1001
HPV17	C-A--ACC---A-----TT--T-----CG-A--CC-TC-A---A--A--A-----T---T--	1022
HPV37	--A--CACT---A-----AT-----C--G---TAA--A---A--A---A-T---C--	1022
HPV9	--A--GAC-----A-----TT--C-----C-G-A---T-----ACC---A-----	1010
HPV22	C-----A-----T-----C-AG---G-T-----TG-AC-----A-C--G---T-G	1019
HPV23	-----CGT---A-T-----C--C-----G--C--C-T--C---TG-AG-----A-C-----	1016
HPV38	-----CG---A-T-----C-----G--C--A---C---AGCAT--A-----T--	1007
HPV49	C-T-----A-----C-----GCG--CTCAC--G-----C---A---TT---T--	1022
HPV4	--A--AG-----T--G-----C-----G-G---TG--C-----C-----T	995
HPV65	--A--AA-----T--G-----T-----CTGC--G--A---TG-----G---T---T-T	992
HPV48	--A-----T-----T---C--G---T-ACT--A---ATC-G-----A-T---TG	977
HPV50	--TAG---T-----G-----C-----G--ATGC--G-----CA-T---GTG	992
HPV60	C-TG--C-----A-T---TT--T---C---C-TGAC-AC---T---A--A---A-----TT	1022
most-likely	ATTAGCACCAGAAGATGCTAATGCAGTAGCATGGTTAGCACATAATAATCAAGCAAAATTTGTTAGAGAATGTG	1078
HPV19	-----A-CAGC-----T--G-----C-T-----T-G-----	1081
HPV25	---G--G-----CA--AGC-----T--T-----C-C-----C-----GC-----	1081
HPV20	GC-----A--AG-----T-----C-T-----C-----GG-----	1084
HPV21	GC-----AG-----T-----C-T-----G--C--G--A-----GT--	1078
HPV14d	G-----AG-----T--G--C--C-T--C-----G--C--GG-----	1084
HPV5	GC-T--T--C-----C--G-----T---C--T-----C--C--G--C-----G-----	1087
HPV36	GC-T-----C-----T--T-----C-T-----G-----T-----A---G---	1081
HPV47	-C-G-----G---AGC-----T-----C-T-----C---T---A-----	1084
HPV12	GC-T-----AGC-----C-----C-A---T-----A---G---	1081
HPV8	-C---C-----T-----C--C-T--T-----GC-----T-----A---G---	1078
HPV24	GC-G---T--T---TA---ACT--T---G--T--C-----G--GCGT---A-----	1090
HPV15	-----GATAC-----A--C--GAG-----TT---CAG-----C--G---G---C--A---C---	1075
HPV17	-----GATAC-----CG---TT---CAG-----G-----CGG---A--A-----	1096
HPV37	-----GATAC---C-----CAG---T--TT---CAG--C---G-----C--G---C-----	1096
HPV9	GC-G--TGA-AC-----CAGG--T--TT---CA-AG--C-G-----C-G-C-A--A-A-----	1084
HPV22	---G--TGATAGTA--AG-----CAG-----TT-----T-----C---A-----	1093
HPV23	---G--TGACAC---CAGC-----AG---T--TT---T--A---GC-----CA--A---T---	1090
HPV38	-----GATATT---AG-----TAA---T--TT-----T-----C--GC---TT---A---A---G---	1081
HPV49	-A-G---AATAGT--CT-----AG---T-----G-----GG-ACT-A-----	1096
HPV4	G-AC---GAG--G---A---T-CT--T-AT---AA-AG-----T---GCA---AC---T---A	1069
HPV65	G-AT--TGAT-----T-C--C-AT--AAGAG-----T---CA-----T-CA	1066
HPV48	T-AT--CA---A--A-A-----C---C--TT---CAG-----TG---TT--G-A---A---T---	1051
HPV50	C-AT--AGT---A---AA-----CT---TT---CA-AC-----G---TT--G-A---AG---T	1066
HPV60	G-----TGATTCT-----CT---TT---AA-AG---C-A--G-T-----A---AC---C---CT	1096

E1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

```

most-likely CAACAATGGTTAGATTTTATAAAAAGAGGAGAAAATGAAAGAAATGACTATGTCTGAATGGATACATACAAGAATA 1152
HPV19      -GG-----GC-T-----A--TC-----GC-----G----TT--G-T----C 1155
HPV25      --T-C-----G-----AG--TC-G-----G-----TT----T-A---T 1155
HPV20      --T-----C--G-----A--TC-----GC---A-----TT--G-C---T 1158
HPV21      --T-T-----A-----A--C-----T-----A-G-----T----T 1152
HPV14d     --T-T-----A-----A--TC-----T-----A-----T----- 1158
HPV5       --TAT---AC-----G-AG--C-----G--C---G--A-----T-C--T-A---C 1161
HPV36      --G-----GC-C-----A--TC-----GG--T--T-C---G-----CT---T-A--- 1155
HPV47      -T-TG-----C--AC--C---AG--GC-----G--T---GC-----G-----T-----G--- 1158
HPV12      --G-----AC-G-----A--C-----G-----A-G-----C---A---T 1155
HPV8       -G-----C-----C-----G--GC-----G-----C-----T-----G--C 1152
HPV24      -T-AT-----A-----A--TC-G---CG-----T-----G-C-----C--CTTT-A-T-- 1164
HPV15      --T-----CAC---G-C-G-----T-----ATC-----A--AGT-- 1149
HPV17      --T-----G--CA-----GC-T-----G-----GC--T--ACG--G-----G--A-T-- 1170
HPV37      --CT-----A--C--C---T-----T---GC--A---CC-----AT-A---G 1170
HPV9       --C-----G--CA--C-TG--G-----G-----CAC-----G--A-C-G 1158
HPV22      -TCA-----A-----C-T-----CG--T--T-A--T---C-----CATT-T--- 1167
HPV23      --CAG-----AGCA-----T-----CG-----T---C---G-----CATT-C--- 1164
HPV38      -TTT-----A---A-----G-----T---T---CT---T---CACT-C--- 1155
HPV49      -TCA-----CA--C-G-C-G-----GG--T---G-----G-----CAC----- 1170
HPV4       GT-----C--GA-G-----TAT-----G--T--T-A---A-----TT--A-T-TTGT 1143
HPV65      GT-----A-G-----TAT-----GG--T--T-A---A-----TT--A-T-TTGT 1140
HPV48      T-G-----A-G-----CA-----TC-----A---A-G-----TTCC-A-T-TTGT 1125
HPV50      GTG-----C-G--A--C---AGCA-----GGA-T-----C-A-----TA-AT--T-TT-C 1140
HPV60      ATG----T-A---A-----CA-----T--T-A--T---G-----TGG-A-T-TTGC 1170

```

E2 bind for HPV65

-> <-

```

most-likely AATGAAGTAGAAGGAGAAGGACATTGGTCAGATATGTAAAATTTTAAAGATATCAAGATGTAATTTTATAAT 1226
HPV19      C---G--G--C-----C-----CAC---CT-----C-A----- 1229
HPV25      C-----G-----G--T--A-----CACC---C-----G-----GC-A--C--C----- 1229
HPV20      -----C-----TC---CT---C-T-----GC-A---G----- 1232
HPV21      -----AC--A-C---G--CC-T-----GC-A----- 1226
HPV14d     -C-----T-----ACA--A-C-----C-T-----C-A---C----- 1232
HPV5       -----G---G--C-----A-----G---A-T---C---A--A---C---TG- 1235
HPV36      C---G-----T---T--C-----A-----A-T-----G--G---C----- 1229
HPV47      C-----G-----G---TAGC---T-----AA-----TTC 1232
HPV12     -----T---G-----A-----C-----T-C 1229
HPV8       ----G--T-----G--G-----TTCC--A-----G---G--C--G-G-A-----T-C 1226
HPV24      G-GC-----G---G--G---AC-----A-T--G---G-G-A-----T-G 1238
HPV15      TTG-TT--T-----T-----T---A-----G--G-C---C---A-----CA 1223
HPV17      TTA-TT--T-----T-----T---A-----A-T-----G--CA-T-----T-G 1244
HPV37      TTA-TT--G-----C-----T-----G---G-----TC-----A-C-----G 1244
HPV9       CT-AC--G---A-CA-T--G--A-----A---CGG--A-T---C--G---A-T-----TGA 1232
HPV22      TCAA-GA-----C--T--T--C---CA-----T-----GC---C---GGT-----G 1241
HPV23      TC-AG-A-T---T--T---A---CA-----T-----GC-C---G-GAT---C--C--TG- 1238
HPV38      TC-A---T-----CA-----CAGC-----T-GG---A-T---C---A--T-G-----T-- 1229
HPV49      C-AC-----G---C-----T--A--A--T--G--A-----T---AA---C----- 1244
HPV4       G-----TGTTCT-A-----G-----AAGCCA--CTC-C-G-----A-----G---T---A-AT--TC 1217
HPV65      G-----TGCACC-A-----TG-----AA-CC---TCTC-----A-----G---C---A--C-TTC 1214
HPV48     --A---A-ACTATT-GT-A-G-G---AA--A-----C-G-----A-----G-GA---C--T--GA 1199
HPV50     -CAA-TAATT-TAATTCT-ATG----AA--T-----G--A-----A-----A--A-T--C--T--GA 1214
HPV60     G----TTGTA-TCA---G--CA-C---AA-TTA--A-C-C-----C-T-----A--T---C---TTC 1244

```

E1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	ATTTTTAGCTGCATTAAGAAATTTTACATTCTATTCCAAAAAATTTGTATATTAATTTATGGTCCACCAG	1300
HPV19	G-----A--CC-----T--A--G--G--AG-G-----CG-----C-----T--TA	1303
HPV25	G-----C-----T--AC-G--C--G--G--CG-----C--TT-----A--C--CA	1303
HPV20	G-----T--G-----TA-GC-G-----G--A--T--C--T--C-----AC---C-----TA	1306
HPV21	G--C---A-----CA-GC-----AG---T--CGT-----G-----C--TA	1300
HPV14d	G-----T--G-----TA-GC-----AG---C--CGT-----A-----T--A	1306
HPV5	--CC--A-----CC---C--AG-G-----C--T-----T--A	1309
HPV36	G-----G-----C-----T-----G--C--A--AG-----T-----C---C--T--TA	1303
HPV47	-----G-----T-----T--A-----AG-A--T--CGC-----T--T--CC---C--T--A	1306
HPV12	C-----G--A-----T--A--C-----G--G--G--A-----C--C-----TC-T--A---G--C--TA	1303
HPV8	-----C-----T-----G-----CG-A--T--GCG---C--T-G---C-----TA	1300
HPV24	T-----AG---T-----T-----GG-AA--T-----G-----T-----A---C--T--A	1312
HPV15	-----A--T---T---AGC-----AA--C--T-----G-----G---A-----T-	1297
HPV17	G-----A--AT---T---TC---C--G--CAA--AA-----C-----C---C-----	1318
HPV37	G--C---A--TC--T---TC---G---AAC--C--T-----G-----C--T---T-----T-	1318
HPV9	-----C--A--T---T---C---C--G--AAAC--AA-----GC---C---T---T---C---A---T-	1306
HPV22	G-----A--AA---T--G--AC---C--A--AAA--T-----G-----T--G---A--G---T--G-	1315
HPV23	-----A--AA---T--G--ACG-----GAA--T-----T--G---A---G--T---	1312
HPV38	G---C---A--AAG--TCGGACC---A--AAA--C--G-----T-----A-----T--T-	1303
HPV49	---C--G--A---T---C--G---A---GGC--AA--T-----GC---T-----AC---G--G--G-	1318
HPV4	C---C--TATA--TGC--T---TC-----A--AGG-----C-----G--T---C-----	1291
HPV65	T---C--TATA--TTC---GTCT---A--AGG-----T--G-----C---G--C---C-----	1288
HPV48	-----ATA--T---C-----TA--A--GC--C---T---G--TG-----G---A-----	1273
HPV50	-----GTTA--T---GTT--C---A--AGGC--A--T-----TG--CT--G--T-----A-----	1288
HPV60	-----TG-----GAC--G--TA--AGG-----G-----T--G--GT--GG--A--T---	1318
most-likely	ATACAGGAAAATCAACGTTTACTATGTCATTAATAAAAGTGTAAAAGGTAAGTATTATCATTGTAAATTCT	1374
HPV19	---T--C-----G--C-----C-----G-----C--G---A---G-----C--C	1377
HPV25	---G--G-----G--T-----G-----G-----G---GG-----CTGT-----C	1377
HPV20	---T-----TG--A--C-----G---C--T-----G--A--GG---G--C-----	1380
HPV21	-C--T-----G---G--A-----T-----TC--T--AC---G---G--GG---GC-----G---C	1374
HPV14d	---T--G--G---G--A---C---T---TCGT-----G--A--GG---GC--T-----T-----	1380
HPV5	--T--T-----G---T--A---G--A-----G-----G--G---G---G---G-----	1383
HPV36	--T-----G---T--A---G--A-----GG--A-----C--G-----T-----A	1377
HPV47	-----G---T---GGA-----C-----TC---GG--G--G-----C---C	1380
HPV12	-CT--T-----G---T--A---G--A---C--G-----T-----G---G---G-----G---C	1377
HPV8	---T--G-----T--A---G-----C--G---C--G---G-----A-----C	1374
HPV24	---T-----G--A-----T-----GC--T--C--G---A-----	1386
HPV15	-C-----C--T-----C-----G-----T--G-----C---A	1371
HPV17	-----T---T--T-----A---TC--T-----G---C---G-----C---G-	1392
HPV37	-----C-----T-----T-----T-----A---T-----C---C---A	1392
HPV9	-C--G-----T-----A-----C---TCT-----A--G---C--G---CC---GC	1380
HPV22	-----T--T-----GC-----G---CA---G---AC--G---G--T-----C-----	1389
HPV23	-C-----C-----T-----T---G---CAC---G---C---A---G---C-----	1386
HPV38	-C-----G--T--T---G--A---C--T--T---C--A--G-----GT---G---T---CT---G	1377
HPV49	-CTGT--C--G---T---G-----T-----T-----C--G---A--T-----G--A	1392
HPV4	-----TTA---TG--TAT--T--T-----T--T-----A-----G--T---A-----AGA	1365
HPV65	---T-----TCT---TG--TAT--TC--G--G---T--TC--T-----G---C--A---G---CGA	1362
HPV48	---T-----G---T---TG--T--TAA---G--C--T--T--G-----C---TG---T--A--T---CAAA	1347
HPV50	-----C--G---TAC---TG--TATCA---T--TC--GT--TA--G--G---A-----TG---C--CA--G---CAAA	1362
HPV60	-----G--TTATA--TG--TCT---C--T--C--CGGT--TA--GC--G--A-----GG---T--CA--G---AGA	1392

E1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	AAAAGTCAATTTTGGTTACAACCTTTAGCAGATTGTAAAATAGCATTATTAGATGATGTAACAGATCCTTGTG	1448
HPV19	-----G-----GT---G-----C-C-----C-C-T---G-----	1451
HPV25	-----G-GT---A-----T-GC-----C---C-C---	1451
HPV20	---C---C-----AA-GT---AAC-----A-T---C---T-----C---	1454
HPV21	---C-G---C-G--G--AA-GT---A-----A-T---G-----A-C---	1448
HPV14d	---C-----C-G---AA-GT---G-----T---A-T-----C---A-----	1454
HPV5	---G---C-G---CC-TT---G-C-G---TC---G-----C-----	1457
HPV36	---C-----G---CC-TT-T-A-----GA-T-----T---C-C-----	1451
HPV47	---G---G-G---C-T-G---A-----T-----T---A-----	1454
HPV12	-----C-T-G---AA-----T---G-G-----T---C---C---	1451
HPV8	---C-----C-T-GT---C-----C-G---G-----C-C-C---	1448
HPV24	---C-----G---AA-GT---AGCC-----T---C-T-----CT-T---A-----	1460
HPV15	---AC-----C-T---G-G---ACA-----T---A-----TT-GT-----	1445
HPV17	-G---CA-T---C---C-T-G---A-----CAC---GC-T---A-T-----G---TT-GTA-----	1466
HPV37	---A-T-----G-G-G-G---AC-----T-T---A-----C-C-GC-GTG-----	1466
HPV9	---ACT---C-----A---T---AC---C-T-T---A-T-----C-GTG-----	1454
HPV22	---T---C---G-----GCA---C-G-T-----CT---AGT---C---	1463
HPV23	---C-----C-G---A---T---GCA-G-C-C-----C---AGT-----	1460
HPV38	---G-AC---T---G-G---T-GT---G-----C---T---GTG-----	1451
HPV49	---C-GTCT-AC-TT---A-----GGC-G-G-----CT-C-----	1466
HPV4	-GT-C-T---G-G---C-GATG---C-GG-G---TA-G-----CT-CT-GTG-C---	1439
HPV65	-GT-C-C-C---G-G---ATG---GG-G---TA-G-----C---CT-GTA-C---	1436
HPV48	TCG---G-----ATG-A---CA---GC---T-GT-G-----CC---C-AA-----	1421
HPV50	-T---T---ATG---TT---CA---G---T-----C---TC-ATG-----	1436
HPV60	C-C-----C-----CA-----GC-T-G---C-----CT-TT-AA-----	1466
most-likely	GATATATATGGATACATATTTAAGAAATGGATTAGATGGTAATTTGTGTCTTTAGATTGTAAACATAAAGCAC	1522
HPV19	---T-C-----GC-----T-----GC-G-----G---C-----C---	1525
HPV25	-G-G-C---C---C-G-----C-----AC---A---A-----C-G---	1525
HPV20	-G-T-----C-----AC---A---C-AC-----C-G-----	1528
HPV21	---T-----C-----C-G---A-A---C-C-----	1522
HPV14d	-T-G-----C-T---G-G---CC-T---C---A---T-----C-----	1528
HPV5	---C-----C-G---AC---A---T-A-----T---G---C---	1531
HPV36	-T---AT---C-----C-T---GC---A---C-A-G-----T-C---T---	1525
HPV47	-G-G-----CA-----G-----GC-----G-----T---G-----	1528
HPV12	-G-----A-C-----C---C-CC-----T-----T---G---	1525
HPV8	-C-G-C-----T-C-GC-----GC-G-----A-----T-----	1522
HPV24	---TC-T---AC-C-A-T-A-----G-----	1534
HPV15	-GAT---A---CA-----C---G-C---GG-G---T-G-----ATG---C-GG-G---	1519
HPV17	-GAC---A---CA-----G---G---G---G-----TG-----G-G---	1540
HPV37	-GAT-C-A---CA-----G-----T-G-----CCTA-----G-G---	1540
HPV9	-GA---A---CAG-C---G---G---C---A-A-G-----ATG---G-----	1528
HPV22	-CA-----T---G-T-TC-----CA-G---A-----ATG-----G---T---	1537
HPV23	-CA-----T---TG-T-C-TC-----G-----G-A---G-G---ATG-----G---	1534
HPV38	-CAG---A---T-T-T-C-T-----T-----A-----ATA-----	1525
HPV49	-CA-----A---TC-C---A---G---AAG-G-G---C-----A-C---	1540
HPV4	---C---A---CA-A---G---C-----CCAA---G-A-T---CGC-----C-G---	1513
HPV65	---C---C-A---CAGA---G-G---C-----A---CCAA---G-A---GCA-----G---T---	1510
HPV48	---T---T-A-C---G-----C---T-----CACGT-T-G-----AT-----AAC---	1495
HPV50	---G---T---C---C-CA-G---C---T-----GCA-T---G-T---GTG-----AATT---	1510
HPV60	-CA---C-----GT-A---A-GC-----C-----CA-A-T---A-----TA-----T---	1540

E1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

		E2 bind for HPV65		
		->	<-	
most-likely	CAATTCAAATAAAATTTCCCTCCATTATTAATAACATCTAATATTAATGTAATAAAGAAGAAAATTATAGATAT			1596
HPV19	-C-----CT-----G-GC-T--C-T-----A-----C---T--G-TT-----C			1599
HPV25	---G--G-C-----G--C---GC-T---C---A---GC-C--T---TG-----			1599
HPV20	-----C-----G---C-GC-T-C-----TC---T---TT-C-----			1602
HPV21	-G--G---CC-----G---C-C-T-----C---GC---T---TT-----			1596
HPV14d	-G--A---CT-----G--C---C-T-----C-C--T---AT--CG-----			1602
HPV5	---CG---G-----C-----T-----C-----GC--GGG--ACT-----			1605
HPV36	---G---C---G-----C-----A---GC--G-G---CT---C---C			1599
HPV47	-C--G---C--G---A--T--A--C-T-----C--GC--GACC-----C			1602
HPV12	-CG-A---T--G-----G--C-C-----TC--GG---AC-----			1599
HPV8	-C--G---T-----CC-T--GT---T--C-----CC-GC--G-G--G-CT--C-----			1596
HPV24	-T--A-----CGC-----C-T-----C--TGGC---CCT--C-----			1608
HPV15	--TG-----GG---A---A-GC---T---C---G--A-C-TG-----GG---A---			1593
HPV17	--TG-----T---A---A---C-T-----G-----TG-----C--A---			1614
HPV37	--TG-----T--G---A-----C-G--T--C---GG--A-T-TG--G-----GG-----			1614
HPV9	-TTG-----G-----A--CC-TA-GT---G---C--AG--A-T-C-----CC---G--C-A---			1602
HPV22	--TG-----G-----A--TC-TA-T-----C---G-T---A---A---A-T-CCC---			1611
HPV23	--TG-----G-----A---A-T-T-----GCC-T--G-----A-G--G-T-CCT--C			1608
HPV38	-TTG-----G-----A-T--T--T--C-----T--TTA---G---CGA--C---T---			1599
HPV49	-T--G---T--GG--C--A---G-----T--A--TA---A-T--AGCTA-T--T--A---AG-T---			1614
HPV4	--CAA--T-----A--A--A-GC-----G--A-----G--A-T--AC-G---C--TC--TA-TG---			1587
HPV65	--CAG--T-----A---TA-G-----A-----G---G--AC-G---C--TCA-TA-TG---			1584
HPV48	TGCAA--G-C---C---A--TA-GA-----TA---G-----CA-CT--T--TC-CTATTT---			1569
HPV50	T-CAA-----GTT--A--A--TA-G-----A--A--TG-G-----TGC-G---TCC--CG-T--TG--C			1584
HPV60	--TT-A-----A---T-----TA-C---G--G---TG-A--T---CT-GC-TA-TG---			1614
most-likely	TTACACAGTAGAATAAAAGGATTTGAATTTCCAAATAAAATTTCCAATGAAAGCAGATAATACACCTCAATTTGA			1670
HPV19	-----C-----C-----G-----CCC-----T-----C-----			1673
HPV25	C-G-----G-----CCT-----C-----T--C--G-----			1673
HPV20	----T-----T-----CC-----C---C---C---G-G-----			1676
HPV21	--G--T--C--G--T---C-----C---CC-----C-----C---G-----			1670
HPV14d	--G--T-----T--G-----CC-----C-----G-----			1676
HPV5	-----C--C-----CCT-----T-----G--C---			1679
HPV36	-----T-----C-----CC--C-----T---CG-----G---			1673
HPV47	C---T-----T--G--T-----AA---CC-----T-----			1676
HPV12	-----T---G---G-----C---CCC-----T---C-----G---C---			1673
HPV8	-----T--C---G-C-G-----CCT-----C---C-----G-----			1670
HPV24	-----GT--GT--CG-----T---CCC-----T-----AT--CG---C---G-----			1682
HPV15	---G-----G-GC--CT---C-----C---G---TT-TG-TAGT-----AT--A-----A			1667
HPV17	-----T-----TC--A-C---CT-----G---GT-TG-TAATA-C---TG--A-----CG			1688
HPV37	-----T--C--GG-GC-T-CT---C-----G---TT-TG-TAGTA-C---AG--A-----CG			1688
HPV9	--G---C---G-T--TCC---CT--CAAT--C-----C-TG-T--TA--C-C-A---A-----			1676
HPV22	-----T-----T-T-A-----G---T--C-----CT-TG-C---A--G-----TG---A			1685
HPV23	--G--T-----T-T-A-----C-G-----T-TG-TT---G---A---TTG---A			1682
HPV38	-----G---C-CA-A---T-----G---CT-TG-CT-----AG---TTG-----			1673
HPV49	--GT-----TGC-AT-----AA-C---G--C---T-C---AG--GG--C---GT---C---			1688
HPV4	-----C-GT-T--A-T-----T--C---A-G--T---TTT--AT---GG--GT---ATG-A-AC			1661
HPV65	--G--T---GG-CC-GT-T---AGT---T-----A-G--TT-TTT--AT---GG-T-T---CATG-A-AC			1658
HPV48	--GAGA-----C-T-CGT-T--CA-T---G---G--A-----TCT-ACA-AG--GA---TTG---AC			1643
HPV50	--AGG-----T---C-T-T--A-C-----G--A---T--T-T-A-A--GGAGA---AA---A---			1658
HPV60	--A-G-----C--GT-TTT---A-G-----T--C-----A--TT-A---A--G--GA-GTA-TT-A---			1688

E1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	ACTTACTGACCAAAGCTGGAAATCTTTTTTAAAGGCTTTGGAAACAATTAGAGCTGAGTGACCAAGAAGACG	1744
HPV19	-----C-----C-----A-----C-----G-----	1747
HPV25	TT-A-----C-----C-T-----C-----	1747
HPV20	G-----C-----G-----	1750
HPV21	G-----C-----T-----	1744
HPV14d	---C-----C---C-----T-----	1750
HPV5	---A-----C-----C-----C-----T-----G-----	1753
HPV36	GT-A-----G-----C-----A---C-----	1747
HPV47	GT-A-----C-----C---C-----C-----	1750
HPV12	GT-A-----G-----C-----C-----G-----	1747
HPV8	-T-A-----GC-----C-----T-----	1744
HPV24	-----G-----C---C-----	1756
HPV15	-----G-----G---G-----C-----T-----	1741
HPV17	-----G-----C-T-G-----T-----T-----A-----	1762
HPV37	-----G-----G-----T---C-----	1762
HPV9	-----C---G-----T-----T-----	1750
HPV22	-----GCG-----C-----A-----T-----A-----	1759
HPV23	-----GCG-----T-----GA---C-----G-----	1756
HPV38	-----T-----GC-----C-----G---C-----C-----T-----	1747
HPV49	-----G-----C-----C-----C-----	1762
HPV4	-T-----GGT-CT-----CC---A---G-C-G-----AT-A-CA--T-CT---...-	1732
HPV65	-T-----GC--CG-----CC---A---G-C-G-----A-CA--T-CT---...-	1729
HPV48	CA--T---A---CC-G-----G--A-T-----T-----A-T.....-T-----T-----	1711
HPV50	-T-----TA-TT-----CG-----GC-A-T-----G---C-----TT-ACC--AG-T--CCCA-	1732
HPV60	-A-----TGC-TCA-----G-----TC-AAT--GCA-GC--T-----CA-C-AG--G-----	1762

E2 cds start ->

most-likely	AG...GGAGAAAATGGAGAATCTCAGCGAGCGTTTCAATGCACTGCAAGATCAGCTAATGAACATTTATGA	1812
HPV19	--...-C-----A-----TT-A-----	1815
HPV25	--...-C-----TT-A-----	1815
HPV20	--...-A-----T-----	1818
HPV21	--...-T-----TT-----	1812
HPV14d	--...-C-----C-----T-----	1818
HPV5	--...-C--GG-----T-----	1821
HPV36	--...-C-----T-----G---T-----	1815
HPV47	--...-C--C-----T-----A-----	1818
HPV12	--...-CC--C-----TT-----A-----	1815
HPV8	--...-C--C-----TT-----	1812
HPV24	--...-GG-----C--G-AAA-----G---TGT-----TA-----	1824
HPV15	--...-CG-----T-C---A-----G---A---GA-T---G-----	1809
HPV17	--...-CG-----C-----A-----T-----GA-C---G-----	1830
HPV37	--...-CG-----C-CA-----T-----GA-C---G-----	1830
HPV9	--...-GG-----A-C-----CA-----GACTT---G--C-G-----	1818
HPV22	--...-GG-----A-----A-----G---A---GA--T---G--T-A-----	1827
HPV23	--...-GG-----AGCA-----A-----G---A---CA--T---G--C-G-----	1824
HPV38	--...-C-----A-C---CA-----C--T-----GA--T---G---A-----	1815
HPV49	--...-C---C-----GCA---A--CT-----T--A---GAT-T---G-----	1830
HPV4	--...-A-A-C-----TCC--AGT--CA-----G-----T---AGCAA-TC---CTCA-AT---	1800
HPV65	--...-A-AGC-----TCC--AGT--C-----G-----T---AGCAA-TC---CTCA-AT---	1797
HPV48	CAGCCA---CCCA---GC--G---ACC---TGC---A---AATT-AGT---CTT-GAT---	1782
HPV50	-T.....-C-CA---A-C---G---CA---TCT---AA---CATT-A-T---TC-GAT---	1800
HPV60	--CAGCAT---TCA--CCG---G-C-----C-G-----G--A--AA--C---TC-A-----	1833

E1 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

SuperC.con	ATGGc?aacGA????...?AGGTAGC????????TCgGg	22
	E7 end for BPV1, 2 <-	
GroupC1.con	ATGGCAAACGAT.....AAAGGTAGCAATTGGGATTCGG?	34
BPV1	-----G	35
BPV2	-----C	35
	E7 end for DPV <- <- E7 end for EEPV	
GroupC2.con	ATGG?T??GAAA?T...GCAGGTAGC.....TC?GG	23
EEPV	---C-----C-----G--	26
DPV	---A-AAA---A-----T--	29
	E7 end for BPV4 <-	
SuperD.con	ATG...GAcCCT?????AAAGGTAtTaccGtGct?agtTT	31
BPV3	---G-----G-AA----	32
BPV4	-----C-----TGAC--	32
BPV6	---T---AATGAA-----GAA-----G----	38
	E7 end for HPV41 <- <- E7 end for COPV	
SuperE.con	ATGGCGTCCAGGGTCTCAGACACCGCAATGGcAtggc?ga?a?????aaAGGTACaga??ct????t?a	56
HPV41	-----AT-AAA-C-AAGAGAATG-----TGG-ATCTGA-C-	74
COPV	-----G-CT-GA.....-T--CT--GAGAC-G-	35
CRPV	-----T.....G-----CC--TTAGA-G-	29
	poly-A signal for HPV1a	
	<-	
	->E2 bind for HPV63<-	
GroupE1.con	ATG?C?GA????.....A?AGGTAC??A?AA????.....	16
HPV1a	---G-A--TAAT.....-A-----TG-A--C.....	27
HPV63	---A-C--C.....-G-----AA-T--TGAT.....	27
Unclass.con	ATGGAAGATCTTGAA...GAAGGTACT.....GG	26
MnPV	-----	26
SuperC.con	gttgGG??G??ca???.....TaT?T?ct??tGAgGCaGaaTGt??GAAA?tG	56
GroupC1.con	?TTGGGATGCTCA.....TATCTGCTGAC?GAGGCAGAATGT...GAAAGTG	76
BPV1	C-----T-----	79
BPV2	A-----A-----	79
GroupC2.con	G???GGGGGG??CT.....T?TATC??CTTGA?GC?GA?TG??GA??C?G	54
EEPV	-CAG-----GAG--.....-A---TG-----A--C--C--TAGC--CT-T-	76
DPV	-GTT-----ATT--.....-T---CT-----G--A--A--CTCA--TA-A-	79
SuperD.con	TaTtGA?GAaCAAGCAGAATGTAGtgaTctGAT??AGCGAGcAAGGgtgTGAAGAAAgcc?gTCTgaT...	96
BPV3	-C---C--C-----AAT-----T-----	102
BPV4	-----G-----C-----CA-----ATTGT-----	99
BPV6	---A--T-----A-GG--A-----G-----A-----A---AG-....	105
SuperE.con	???tg????????.....ggttggttt?tg??GaggCaGA?TGT?g?GA????	84
HPV41	TTC--AGGCGCGT.....T--A-C-A-A-AT-ATTT----T--A--A-C--TGCGC	127
COPV	GGA--GT.....-G-AC-AA-A.....-T--A-T--G....	75
CRPV	CTG--GG.....-G-TC--AGACAC.....-A--G--C--TTA-C....	69
GroupE1.conGATTGGT?T?T?GTGGA?G?G?CAGA?TGT??GGA????	42
HPV1aT-T-G-----G-C-A----T--GA---AACGT	67
HPV63-A-A-T----T-A-G---A---CG--TGAT.	66
Unclass.con	CGAAGGTTGCAGT.....GGCTGGTTTGATAGA...GAAGCTATTGTAGTGAC....	72
MnPV	-----	72
SuperC.con	A?a?AGaAatgag??ACcTgGg??AgGtGta?????????????????Gat??c?a?GAT	90
GroupC1.con	ACAAAGAGAATGAGGAACC?GGGGCAGGTGTAGAACTGTCTGTGGAATC?GATCGGTAT...GATAGCCAGGAT	145
BPV1	-----C-----T-----	150
BPV2	-----T-----C-----	150
GroupC2.con	AT?C?GA??????TCACCTG??CAA?G????.....GA?TC?A?TGAT	79
EEPV	--A-A--GGTTGAT-----TA---T-CTCT.....-T--A-G----	120
DPV	--T-T--A.....-CC--G-T.....-A--T-C----	114
SuperD.con?Tg	98
BPV3T--	105
BPV4A-A	102
BPV6C--	108

E1 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

SuperE.con	????GAcga????gaa???g??ga??aga?????t?at??t????????????????????ga??ta	106
HPV41	GG...----TGAG---AGTATG--G.....GATAGCTTGG-G	162
COPV	..GTA---TCTGCA--TGAAACCAGTGA-A-TGCAAG-A--GTCTCT.....	120
CRPV	..TGT---A-CCTT--GGAG-ACCTGAC---GCTGTT-G--GC-GACACTGTAAGCAGTTTACTAGAT--TAC-	141
E2 bind for HPV1a		
-> <-		
GroupE1.con	??...GA?GA?A?C??A?T?G??GA??T?GA??A??T?T??T????????????????GAC?TA	65
HPV1a	TA...--G--A-C-TC-C-T-GT--CC-A--TA-TGTT-C-TG-GTTAGC.....--T--	120
HPV63-T--G-G-GA-T-G-AG--TT-G--GG-CACC-A-AA-TCATTGTTTAAATAGATCTGAAAGT--A--	135
Unclass.conGGGTCTAGTGTGATGAGGAGCCTAAAT.....GAGTCTTTGAATCTATT	114
MnPV	114
SuperC.con	GAGGATtTa?T?GA?AATGC??c?.....gtc?TTC?GGGAAA?CACCTGGAGgTcTTCCA??C	138
GroupC1.con	GAGGATTT??TTGACAATGCATCA.....GT?TTTCAGGGAAATCACCTGGAGGTCTCCAGGC	201
BPV1	-----TG-----C-----	209
BPV2	-----CC-----A-----	209
GroupC2.con	GAGGAT?TA?TAGATAATGCCA?T.....?CGTTCGGGAAACCACCTGGAG?T?TTCCAAAC	131
EEPV	-----C--G-----A.....AT-----T-G-----	179
DPV	-----T--C-----C-----GC-----C-----	173
SuperD.con	TcTgACCTAATTGATAATGCTGAA.....T?CGAGCAAGGGAATTCTGCAGAATTGTTGCACA	156
BPV3	-----G-----	132
BPV4	-----A-----	161
BPV6	--C-----	118
SuperE.con	???gAtcT??tagacgatgcg?????.....?????a??CAGGGaaaTTCcTGgaactgTtTCA??a	150
HPV41	GAA--C--TG-G--T-----TTCT.....GTGCAT-----T--TCG-----TGC	221
COPVTG-----A-----AGCATT.....GCAGAA-CA-----CT-----C-----AC-	182
CRPV	GATC-GG-G.....CT-----C-----	179
GroupE1.con	TC?GAT?TATTAGACGA??CGC?GCAA.....AG?CAGGG?AATTCCTGGAA?TGTTCCAC??	114
HPV1a	--T--T-----GG--C-----C-----G-----T-----AA	179
HPV63	--A--C-----TA--A-----T-----A-----C-----TT	194
Unclass.con	GCGGACATGTTTCGATGACGGAACACAA.....ACACAGGGCAATTCCCTAGAGTTGTTCCATAC	173
MnPV	-----	173
SuperC.con	t???GaaAAA?AGGCGGG?GA????CAGaTTT?aa?TTTGAAAAGAAAAGTgT???g.....A	182
GroupC1.con	?TTAGA?AAAAAGGCGGGTgAGGAGCAG?TTTTAAATTTGAAAAGAAAAGT?TTGGGG.....A	256
BPV1	A-----G-----A-----A-----	268
BPV2	T-----A-----C-----G-----	268
GroupC2.con	?CAGGAAAAAGAGGCGGGAGAAAGACAGATTC??TTTTGAAAAGAAAAT?TGTTT?.....A	184
EEPV	G-----GC-----T-C-----G.....	238
DPV	T-----AA-----C-G-----A.....	232
SuperD.con	ACAGCAGGCTTTTCGATTTCCATAAAGACATATGCACCACAAAGCGAAACTTAAAACGG.....T	215
BPV4	-----	220
SuperE.con	?CAagag??g??ggAaa?cgag?agga??T?Ag??cTaAAacGAAAGTtt?T??a?.....A	191
HPV41	C---ACTGTGCA---TA---GGA--GA--CC--AGC-----A-CCTG.....	280
COPV	G-----CT-ACT---TGT--AG--C-GT-GC--CAG-----G-AC-A.....	241
CRPV	T--T---GC-ACT--G-C-TT-A-AAGCA-AG-CAT--C--GA-----A-G-CG-T.....	238
GroupE1.con	?CA?GA?????TG?A?A?CGA?CAGGA?CT?AAT?C??TAAAACGAAAGT??T??AC.....A	152
HPV1a	G--A--ATCGC--G-A-G---A-----A--T--G-TT-----TAC-TT-----	238
HPV63	A--G--GCACT--C-G-A---G-----C--A--A--CC-----ACT-AA-----	253
Unclass.con	CCAGGAAAAGGAGGAGACTAGGACACAGATACAAGCTCTAAAGCGAAAGTACATTCCC.....A	232
MnPV	-----	232
SuperC.con	G??Cg?aaaac?gcagC??t??gG?gG??t?g?????????ttAaga?????c??aa??agga?ca??????	217
GroupC1.con	GTTTCG?AAAACAGCAGCGGTTTC?GA?GCATC?GA?ACTCCAG?TAA?AG?..C?GAAA?C?GGAGCA.....	310
BPV1	-----C-----C--A-----T--A-----T---A--A...-G---T--A-----	333
BPV2	-----G-----A--G-----A--G-----C---G--G...-A---G--C-----	333
GroupC2.con	GCCC??????G????CTC?GAGGT?GAG?AG.....CT?A??C??GG??T??C?G??A???????	212
EEPV	---G.....-GAAC---A---C---G---T-GTC-TG--CT-GC-G-AATC-GAATCTCT	297
DPV	---TTGCTCT-CTGA---T---G---C---C-AGT-CT--GC-TG-T-TCAT-AGTATCAC	297
SuperD.con	CACTGCGAAACGCTTTTCAATGC.....ATAACCACT...CAGAGTAACACCCTGCTTCT	268
BPV4	-----	273

E1 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

SuperE.con	GtCCtcag?agag???tg?g???ga?a????c????t??ccT?AGtCC?...agatTggaa?ctaTttc??T?	236
HPV41	----C-T-C-T--GGA--T-GCA--A.....--A--C--G...C-TC---CGGG-G---CC-G	336
COPV	-C--G--ATCTC-GGA-TT-TGTAGC.....-T-----G...CA----C-AGC---AGCT-A	297
CRPV	-----G-TA----CCTG-GTATC--C-ACTC-GTCAA-GC-T-G-----A...-----AC--G--T-C--AC-G	309
GroupE1.con	GTCCCTC?G??G??AAG?GC??G?GA?AC?G?C??G??TAGC?T?AGTCC?...AGATT?GAA?CTAT??C?ATT	197
HPV1a	-----A-GC-AG---C--GGAC--A--A-A-ATTGC---A-T-----T.....-A---A---TT-T---	309
HPV63	-----C-CA-GC---T--CACA--G--T-C-TGCCAA----C-C-----C.....-G---T---AA-A---	324
Unclass.con	GTCCAGAGGCAGGTGGGGAT.....CTCTCACCA...CGGCTGAGGGCTATCTCTATT	282
MnPV	-----	282
SuperC.con	????????????????????????????A??GaAG??T?TtTg?agaA??TGaagc??aC?gtGttcttAC?CCc??	252
E8 start for BPV1, 2 ->		
GroupC1.conAA??GAAGATTATTT?C?GAAAATGAAGCTAACCGTGTTCCTTACGCC... 354	354
BPV1-GC-----G-T-----	381
BPV2-AA-----T-A-----	381
GroupC2.con	?C??C?A??AATCC?GT?GTTAG??G?AGGCTTTT?GA??AGGTG??AG?CG??G??ACACC???	253
EEPV	C-GC-AA-GCGA-----G-G-----GA-A-----T--CGC-----GGAG--A--CC-TGCGA-----GCG	371
DPV	A-CT-GG-AGCG-----C--T-----AC-C-----C--AAG-----ATCC--G--GT-CTAAC-----TGT	371
SuperD.con	AGATCCGCG.....CCAAAAAGACGTTTCTAGAC.....GACAGTGGTTATAATGA	315
BPV4	-----	320
SuperE.con	?ca?aaaca????aaAaaag?tagaAagcaaCTgTtT????????????ca??atga?agtggcatagag??	285
HPV41	GA-G--A-CCGTGGG-----C-C-C--ATCT-----C.....-CG---C-----CAG	398
COPV	A-GCC--GGACGTCT-----T-A-----G-----GCAACTGAT.....-TC---TC	359
CRPV	T--GG--A...A---GGCT-T--A---AG--T--CGGTACTGAC.....	354
GroupE1.con	?C??AG?????AAAAA?G??GAA?GCAACT?TTT.....?C?CA??ATGA?AGTGG??TAGAG?T	237
HPV1a	A-AA--CAAGACA-----G-TATC---G-----G-----T-T--GG---T---TT---C-	374
HPV63	T-GC--...AGGG-----A-GCAA--A-----A-----A-A--AA---C---CA---T-	386
Unclass.con	ACCCCC...AAAAAAAAGAACCTAGCAGACGGTTGTTT.....GAGACCCAGAGGATAGCGGC...AACGG	344
MnPV	-----	344
SuperC.con	????????????????????????????????ctgCAGGTACAG??g??GGg...gaaaggAGg??ggt	280
GroupC1.con?T?CAGGTACAGGG??G?GG...GA??GGAGGCAAG?A?	381
BPV1C-C-----GGAG---...-GG-----A-C	418
BPV2T-G-----A.....-AT-----G-T	415
GroupC2.con	??A?CATGAAG?T?A?A?TT?T?CT??C??G??CAGGTACAGTC?...GG?...??A??AG?...?GG?	289
EEPV	TG-T-----T-A-T-G--C-C--GAAC-CA-GAGT-----G...-A...AGT-GC--T...A--T	436
DPV	GA-C-----C-G-C-A--T-T--CCGT-AG-ACTG-----T...-G...GAA-AT--G...T--A	436
SuperD.con	AGATATTCTACAGAAGTGGTACAGGTAGATGAAAATGGCGGCTCAGAGGGTTAC...GGGAGCTAACCTCGC	386
BPV4	-----	391
SuperE.con	????????????a?g??c????????????cAGg??aaa?t?ag??a??a?c?...g?a?cg??????a?c	307
HPV41	CAGCGCAGTGG-A-TCT-C.....--CTATCT-G-AC-CC-TC-G-T...CC-GG-CCAGACATC-	457
COPV	CAGC.....A-T-AAG-TGATGATTCTCTG---GGC---GAC--GT-GA-C-G...TTGC--GGTCGGG-AG	424
CRPVGGAG-T-AAG-TGCTTCTGGTCTG--TCGTT-...C--GT-GA-T-G...-G-TTTGGTCTC-A-	415
GroupE1.con	ATCGCT????.....CAGGATGAA??TGA?AATATT?A?...GAA?CG?????????C	268
HPV1a	-----GCTT.....-AC---A-----G-T.....-T--ACA.....-	418
HPV63	-----ATGC.....-GT---C-----A-C.....-G--CTTCAGGAG-	436
Unclass.con	GAGTCTTGGGAATGAGACTACAGATACTTCTCGGGGTTT.....CAGGTAGTAGGGGACT	400
MnPV	-----	400
SuperC.con	ttaa?GAggagcaggca?ttagtc?Tc?acatctgc????????????????.....	312
GroupC1.con	TTAATGAGGA?CAGGCAATTAGTCATC?AC?TCTGCAG.....	416
BPV1	-----G-----T--A-----	456
BPV2	-----C-----G--T-----	453
GroupC2.con	????GGA????????G????TT????????CTAG????G????????.....	300
EEPV	CTTG---GGGACATCTG-AATCCA--AACGAGCCTG---TGAC-GC.....	483
DPV	GCCA---AAAGGGAAAA-GGGGAG--TCGCCCGTGC---CTCA-CTGAGCCA.....	489
SuperD.con	AACATTGTCTGGTGTATGCCTAAATCAAGGGGATAACGGAGGGGTAGATAAAGAAAATGTA.....	448
BPV4	-----	453

E1 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

SuperE.con	ag?t?g????aga??ca??t?t??t??t??g?g???????????????????????????	321
HPV41	G-C-GCCTAA-CCCT--GA-A-AGA-CTA-A-CCA..	492
COPV	-AAAT-GCGCC--TG--	441
CRPV	-AAGC-TATC---TA--CC-G-GAC-GAC..	444
GroupE1.con	AGGTAGA????CAG????????TGGGG????TG?????GG?GTG?AC..	292
HPV1a	-----TCAACAG---AAAGAACATAC-----AAGT--GGGCCGCT--G---A--	474
HPV63	-----CATCGTA---TCTCTGGGAGG----TGCG--ACTGTATA--A---G--	492
Unclass.con	CAGCTGTGGATGTATGCGATGCGGGGCGG..	429
MnPV	-----	429
SuperC.con	312
GroupC1.con	416
BPV1	456
BPV2	453
GroupC2.con	300
EEPV	483
DPV	489
SuperD.con	448
BPV4	453
SuperE.con	321
HPV41	492
COPV	441
CRPV	444
GroupE1.con	292
HPV1a	474
HPV63	492
Unclass.con	429
MnPV	429
SuperC.con?????????????AAat????C?G??t	318
GroupC1.conCT?GT?AAATCTAAAAATGCTACAGTTT	442
BPV1--T--T-----	484
BPV2--C--C-----	481
GroupC2.conAA?ATGGCCGCC?	311
EEPV-C-----G	496
DPV-T-----T	502
SuperD.conGATTGCACAGCGCTACTGCGAGCCGGTAGTCGAGGGCAG	488
BPV4	493
SuperE.conaTtTT?aAag??agtaata??G?gcc?	341
HPV41C-G--CC--AGCC-CC-GCGCT-TA-GC	520
COPVT-G--T---TG--GG--AGC-C--T	469
CRPV---A--T-CA-A--CAGCAA-A-T-A	472
GroupE1.conATTTTGAAA??AGTAATA??G??C?G	311
HPV1a-----GCT-----TCC-CG-C-	502
HPV63-----TGC-----CAA-AT-T-	520
Unclass.conCTGCTTAATCTGAATCTGCTTCAAAGCCATAATAGGGTGCGGA	472
MnPV	472
SuperC.con	ttA?gC?g??g?TgTT?AAg?CTtTgT?c?Tc??cagctt??gGA?aTtACT?G?gTgTt?A?A?TgATAA?	372
GroupC1.con	TTAAGCTGGGGCT?TTTAA?TCTTT?TT?CT?TG?AGCTT?CA?GAT?TTAC?AG??TGTTTAAGAATGATAA?	503
BPV1	-----C-----A-----G--C--T--T-----C--T---A---G--GT-----G	558
BPV2	-----T-----G-----A--T--G--C-----T--C---C---T--AC-----A	555
GroupC2.con	??AT?CA?AA?TTGTTCAAGACT?T?TACATCGC?T??TGGGGAGAT?AC?CG?GT?TT?CAAAGT?ATAA?	365
EEPV	TG--G--C--G-----T-G-----GGGTTT-----A--A--C--C--T-----G---A	570
DPV	GC--A--G--A-----C-C-----CTCCA-----C--T--T--A--C-----A---G	576
SuperD.con	CGTATTTGGGIGTTTTTAAAGAGAAATTTACTATTAGCTTCACTGCTTTGACAAGAATCTTTAAAAATGACAAA	562
BPV4	-----	567
SuperE.con	?t?t?ttt??caaATTTAaagat?cg??g?gT?AGcTTTaCaGA?cT?ACcaGa?caTacaAaAgcgAcAAA	401
HPV41	A-A-G-A-AG-----C-GT-TAC--G--T-----TA-A---GC---T-----	594
COPV	T-T-G-A-TCA-----TC-T--TT--AA-A-----TT-A--T--GTT--T--T--T--T--	543
CRPV	AACAT--GTTGTT-----GGC-AG-TCACA-T--T-----T-G--G--C-----A---TTC---T---G	546

E1 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

		E2 bind for HPV1a		
		->	<-	
GroupE1 . con	C??TA?T??CA?ATTAAAGA?AC?G??GG?GTCAGTTTTAC?GACCT?AC??G??C?TACAA?A?CAACAA?			363
HPV1a	-AT--T-AAG--G-----T--G-CT--C-----A-----G--GC-GT-G-----G-G-----A			576
HPV63	-TC--C-TGC--A-----C--A-TA--T-----T-----C--CA-AG-A-----A-A-----G			594
Unclass . con	GGTTGCTTGCTGTCTTCAAGGAAGCTTATGGGGTGTGCATACAAAGAGCTTACACGGGAGTACAAGAGCGATAAA			546
MnPV	-----			546
SuperC . con	ACTactAatcA?CagTGGGTG?TagctG?gt?TGGcgttgcaGAGGTGtTtT?Tg?gGC?AG?tT?GAacTcct			437
GroupC1 . con	AC?ACTAATCAGCA?TGGGTGCT?GCTGTGTTTGG??TTGCAGAGGTGTTTTTTGAGGC?AGT?TCGAACCTCT			570
BPV1	--C-----A-----G-----CC-----G-----T-----			632
BPV2	--T-----G-----A-----GA-----C-----C-----			629
GroupC2 . con	ACT???AA??ATCAGTGGGTGAT???GC??ATGG?G????GAGGTG?T?TAT?C?GC?AGCTTTGA??T??T			413
EEPV	---AAC--TA-----AGCA--CC---C-CATCA-----C-T---G-C--A-----AA-AC-			644
DPV	---GTT--CC-----TCTG--AT---A-TTAGT-----T-G---T-T--T-----TC-CT-			650
SuperD . con	ACTTGCTGCAGAAACTGGGTGGAACTGTATATAGAGCCAGAGAAGAATTGCTCGAGGCTTCAAAAAACAATTTT			636
BPV4	-----			641
SuperE . con	AC?tg?tgt?gggAtTGGGT?gt?gc?gt?t?ggatgTa?ctg?taat????tgga?agtgt?aaacattatT			459
HPV41	--AACA-CACA-C-----T--G--C-CC-ACT--T--G--TT-G--AGTGA-ATA---CT-TGGAGG-T--			668
COPV	--T--CA-CTC-----A--ATGTC-T-ATC-----T--A-G--AGAAGA--GGCA-GA-----			617
CRPV	--TATGA--T-----A-GT-GGC-GGC--CA-TCA--TA-GCGTGT---G--CT-GC-G-----CTC-			620
GroupE1 . con	AC?TG?TGT?G??A?TGGGT??T?GCAGT?TGGGG?GT????A??T??T?GAC??TGT?AAA??TATT			406
HPV1a	--C--T--G-AG-T-----TT-G-----T-----T--CCGTGAA-AT-TAA-T---AG---A---GAAT----			650
HPV63	--A--C--A-TT-C-----CA-A-----G-----A--AACATCT-CG-CTG-G---GT---G---ACTG----			668
Unclass . con	ACCTGCAATCCAGATTGGGTATCGCATTGTACTCTTGAGTGAGCCCATCTAAATGCGGCGGCAACAACACT			620
MnPV	-----			620
SuperC . con	aa?gAA?CAGTG?Ag?Tt?cTgCA?a?G??A?aA?g??tCATGAa?gAGG?...A?t??t...?C?gTtTact			484
<- E8 end for BPV1				
GroupC1 . con	AAAGAAGCA?TG?AGTTTT?T?CA?ATGCA?AAAAG?TC?CATGAAGGAGG?...AC?TGT...GCAGT?TA?T			626
BPV1	-----G--T-----C-G--G-----A-----A--T-----A...--T---...-----T--C-			700
BPV2	-----A--C-----G-A--A-----G-----G-A-----G...--G---...-----A--T-			697
GroupC2 . con	??G?AAACA?TG?A?CT?CCTGCA??CGTC?AG?AAGGT?CATGA?A?AGG?...AG?AT?...TCT?T?T?C?			460
EEPV	GA-C-----C--C-G--A-----GG---T--G-----G-----G-C---A...--C--G...--T-G-T-T			712
DPV	TG-T-----G--T-A--G-----AA---C--A-----T-----A-A---G...--T--T...--G-T-A-C			718
SuperD . con	GCAAAAAATGCTGTGATTTTATTCTATTGTTAACGCACACTTGTAATATGGT...TTCCTGGCA...TTGTTTT			704
BPV4	-----			709
SuperE . con	gcaa??tCAttgtg??tAt?Ttca?tt?gatca?a??t?ctga?A?aaat...??t?????ta?TgtTat			505
HPV41	--TGCGA--ACAATGCC-AT--TTA-ACAT-G-C-ACAATGA--GC-TT.....A-C---C-			727
COPV	---GGA-----AA--T--TTT--GC--TCA-TGGGGTT-TGT-CT.....T-----			673
CRPV	-AG-AG-----C-TA--G-----G-AT---TC-ATT-TG-A--G-C---...GCT-CATCTC-GC--C-GC			691
GroupE1 . con	?CAA??CA?TGT??TATAT?CA??T?GAACAT??TAACTGAAAAAAT...A?TTT...TA?TT?TAT			453
HPV1a	G---ACC--T--GTG-----T--AT-G-----GCAG-----...-GA---...T--T--T---			718
HPV63	C---GTT--G---AAT-----G--TG-A-----TGTT-----...-AG---...C--A--G---			736
Unclass . con	ACAGGGAATTTGTGAGTATGTGTTTATGCAAAGCCGCCCTACAGCGGCAGCC...ACAGTTGCT...TTACTAA			688
MnPV	-----			688
SuperC . con	tatttt?cTT?AA????GctAAaAG?AGaGAgACaGt?cggAAacTaATg...gCaaacatgcTaAAtgt?a?a			545
GroupC1 . con	TA?T?TGCTTTAACACAGCTAAAAGCAGAGA?ACAGT?CGGAA?CT?ATG...GCAAACA?GCTAAATGT?AGA			689
BPV1	--A-C-----A-----C-----T--G---...-----C-----A---			771
BPV2	--T-A-----G-----G-----C--C---...-----T-----G---			768
GroupC2 . con	????T?T?TTCAATGTTG??AA?AGTAG?GA?AC?GT???AAA?TAAT?...?C?????T??T?AA?????C?			498
EEPV	TAGC-G-C-----GG--G-----G--G--T--CAGA--C-----T...T-AGGTG-CT-A--CACCC-G			783
DPV	GTTG-A-G-----CC--A-----A--T--A--GCAG--T--G...A-CACAA-TC-G--TGTTA-C			789
SuperD . con	TGCTGGAATTTAAGACTGCTAAAAGTAGAGAGACTGTGCAGCGCTTGT...GAGCATATATTGAGGTGGAA			775
BPV4	-----			780
SuperE . con	T??t??gaTttaaGc?Ca?AAatgTAGaga?ac?gTgttaa?ct??ta...ac?a??attt?catgtt?at			560
HPV41	--CC-GGA--AC--C-TG--G---C---GACT--A---AC--TTGGT-C...--AGCC-A---C---TA-A--			798
COPV	-AT-AT-T--GTTT-TG-CT--G-----A-T--TT---T--AT-ATGT...-GA-GTT-A--T---A-AAG-			744
CRPV	--CC-GA-----A--A-----G---CGGG--TAA-GCG--GC---...T-CCAAT-G--GGGA---C-A			762

E1 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

GroupE1 .con	T?G??G?TTTAAAGC?CA?AAAAGTAGAGA?AC?GTG?TAAA?CT??TA...AC?A??A?T?T??GT??A?	499
HPV1a	-G-TAC-A-----C--G-----G--T--A--A--TA--...--C-CA-T-C-TCCA--TG-T	789
HPV63	-A-CTG-C-----T--A-----A--A--T--T--CG--...--T-GC-G-T-GAAT--GC-A	807
Unclass .con	CTGTTTCGCTTTAAATGCAGTAAAAGCAGGGAGACAGTAAGAAAACAAATG...TGCGGCATGTTCCACTCAGAT	759
MnPV	-----	759
SuperC .con	gaag??tgccTacTgcTgCagCCccCtAAAATt?GaGgacT?aGt?C?Gct?TATT?TGGTTTAA?a?tagt?T	608
GroupC1 .con	GAAGAGTG??T?TG?TGCAGCC??CTAAAATT?GAGG??T?AG?GCAGC??TATT?TGGTT?AAAAGTAGTTT	747
BPV1	-----TT-GA--C-----AG-----C---AC-C--C-----TC---C-----T-----	845
BPV2	-----CC-AC--A-----CC-----A---CT-A--T-----CT---T-----C-----	842
GroupC2 .con	??G?GC??CCT?CT??T?CA?CC?CC?AAAAT??G?GG?CT??G?CCTGCT?TATT?TGGTTTAAAG?T??G?CT	545
EEPV	TGTA--CG--A--AT-G--A--G--G-----TC-T--A--AT-T-----T---T-----T-GGGG--	857
DPV	GCGG--AA--C--CC-A--G--C--T-----CA-A--T--CG-G-----C---C-----C-CACA--	863
SuperD .con	AAAGAAGATATGCTGTTAGAACCTCCTAAGTTAAAAGTTTACCCGCGGCAACCTTTTGGTGGAAAATTCAGCA	849
BPV4	-----	854
SuperE .con	gata??a?at?tTggctgA?CctCcaAaaacaaGaAgt?tggCtGctGCaTTaTtTggTataaaAgatctaT	627
HPV41	--A-ATAGA--GC-A--A-T--G---GG---C---ACA--C-----T-----C-TC---C-T---T---	872
COPV	A--GTAC-G--G-----T-----T-----T-----CCT--A-T-----A-----A-GGGT-	818
CRPV	---CTAA-AG-T--ATTA--A-----G--G-C---T-----G--C---C-----GG-G--	836
	TATA box for HPV1a -> <-	
GroupE1 .con	??TA??TA?AT??TG?CTGA?CC?CCAAAA??AGAAGT?TGGC?GC?GC?TTAT?TTGGTATA??AGATCTAT	553
HPV1a	GC--GC--T--TT--T---G--T-----TCA-----G---T--T--A---T-----AA-----	863
HPV63	AG--AT--C--AA--G---A--A-----AAT-----A---G--A--G---A-----GG-----	881
Unclass .con	CCGCTACTCTGCCTGTGTGATCCCCCAAGGTCCAAAGTGTGCCTGCAGCTCTATACTGGTATAAGAGCAGCAT	833
MnPV	-----	833
SuperC .con	gTCaCCcGctACactgA?gCatGGT?Ct??aCC?GAgTGGATac?G??GcaaACTa?t?Tg?????????Ata	662
GroupC1 .con	GTC?CCCCTAC?CT?AA?CATGGTCTTTACCTGAGTGGATACGGGCGCAAACCTAC?CTG?AC.....GA?A	808
BPV1	---A-----A--T--A-----T-----T---A-----G---	913
BPV2	---G-----T--G--G-----A---C-----C---	910
GroupC2 .con	?TC?CC?GC?AC??AC?CA?GGTAC?AC?CCGGA?TGGAT??AGCAG??AC?AATGT?...GCC??AATA	593
EEPV	C--C--A--A--ACAG--G--C-----G--T-----C-----TA-----CAG--C-----G...--TAT---	928
DPV	G--A--T--T--CTTA--C--T-----C--A-----A-----AC-----GCA--T-----T...--AGC---	934
SuperD .con	TAGCAACAACCTTTTAAATGGGGAACCTCTACCTGATGGATAGCTAGACAAACTATGATATCTCATCAAATAG	923
BPV4	-----	928
SuperE .con	ggcttCaggtgttttAcata?GG?gcaatgccaga?tggAT?gc?cAgCagaca?t??T?aatcATCA?tta?	690
HPV41	--G-A----G-G-A-A-A-C-T--C-----AATA--T-TAA-C---TGCG-GG-GTC-A---GCAGA	946
COPV	T--A-----ACA-----C-C--A-AGT-----AGT-----A--T-----C-AA-A-CA-----T---	891
CRPV	--T--T--G-----GC--C--TC-----T--A-----AA-G-----AATG-T--C-----AA-G.	909
GroupE1 .con	GTCT?CA?CTGT?T?TAC?TGGGG??AA????GA?TGGAT?GC?CAGCA?AC??T??T?AATCATCA?TTAG	604
HPV1a	---T--A---T--T--A-----TAC--CTTTG--G-----T--A-----A--CC-TA-T-----G---	937
HPV63	---C--G---A-A---C-----AGA--TGCCA--T-----G--G-----G--AT-GT-G-----A---	955
Unclass .con	GTATAGTGGGACATTACACACGGAGAGGCGCCTGAGTGGATCAAGAGACAGACCATGATTACCTGTGCAATG.	906
MnPV	-----	906
SuperC .con	??g?ggaG?C?g??AAaTtGA?TtCGGaActATGgTgCA?TGGGC?TATGA?CAca?at?t?CtGAGGAgTc?	721
GroupC1 .con	GC?TG??GAC?GAGAA?TT?GACTTCGGAAC?ATGGTGCATGGGC?TATGATCACAATATGCTGAGGA?TC?	872
BPV1	--T--CA--C-----A--C-----T-----C-----G--T	987
BPV2	--C--GC--G-----G--T-----G-----G-----A--A	984
GroupC2 .con	CTGG?GAGGC??CTAAATTTGATTT?GG?AC?ATGGT?CAGTGGGC?TATGACCA??G??T?AC?GAGGAGT??	651
EEPV	---G-----CT-----T--C--A-----A-----A-----CC-GC-A--A-----GC	1002
DPV	---A-----GG-----A--A--T-----G-----T-----TG-TT-C--G-----CG	1008
SuperD .con	CA...GATGATGAGCCATTTAGTCTCAGTGTAAATGGTGCAGTGGGCTTATGATCATAATTATACTGAAGAATCA	994
BPV4	-----	999
SuperE .con	??tc?gaa??aa?cccTTTgA?tTgtct?A?ATGGT?CAGTGGGC?tatGAtAatga?cttaaaGATGaa?gT	750
HPV41	CA.....G-CA-----A--A--ACGT-----A-----ACTG--C--C--T--GC-----CA-	1011
COPV	..G-T-C-GAG--AA-----T--AG-G-G-----T-----T--G-----C--GTC-	963
CRPV	..-TGC-GGAA--G--G--C-G-----GTC-----C-----A-----CC-C--C-G-----A--	981

E1 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

GroupE1.con	??TC?GAA...A?C??TTTGA??T?T??AAATGGT?CA?TGGGC?TATGATAATGG??ATACAGA?GA??GT	654
HPV1a	AT--C----...-GT-CC-----GC-T-GTA-----T--G-----C-----AC-----A--GT--	1008
HPV63	CA--A----...-AG-AT-----AT-G-CAC-----A--A-----T-----CT-----T--AA--	1026
Unclass.conGAAGAGACTAAATTTGACCTTTTCAGAAATGGTGCAGTGGGCATATGACAATAACTATGAGGACGAATCC	975
MnPV	975
SuperC.con	AAAAT?GcTtATgAATATGCtTtg??tGCaGgT?ctGA?agcAATGCa??aGC?TTtTaGCAA?tA?cAgcCA	785
GroupC1.con	AAAATAGC?TATGAATATGC?TTGGC?GCAGG?TCTGATAGCAATGCACG?GCTTT?TTAGCAACTAACAGCCA	941
BPV1	-----C-----T-----A-----G-----T-----	1061
BPV2	-----T-----A-----T-----A-----C-----	1058
GroupC2.con	AAAATTGC?TAT?AATATGC???TGTGC?GG?A??GAC??AATGC?AAAGCATT?T?GCAAG?AC?A??CA	705
EEPV	-----A--C-----AAAA-----A--T-CA---CTA-----G-----C-T-----T--C-AT--	1076
DPV	-----T--G-----TCTG-----T--G-GC---TGC-----C-----T-G-----C--T-GC--	1082
SuperD.con	ACAATTGCATATCATTATGCAAAATTAGCCTCAGAAGATTCAAATGCTGCAGCATTCTAAAATGTAATAATCA	1068
BPV4	-----	1073
SuperE.con	aa?aTtGCaTac?A?TATGCT?t?tTaGCaGAAA??GATGaaAATGCaagaGC?TTtTaa??tctAAT?c?CA	812
HPV41	-TGT-A--T-TAG-G-----T-GC-T--T-----GT-----GC-G--T-----AGCAG--AAT--	1085
COPV	G-A-----A-A-----AGCA-----CA-----TTT--T-----AG-----AAC--	1037
CRPV	-GT-----A-G-----AA-GC-C--T---CT-----G-----G--C--GCT-----T-T--	1055
GroupE1.con	?A?ATTGCATA?TATTATGCT?TTTTAGCAGA?GA?GATGAAAATGCAA??GCATT??T??TCTAAT?CACA	713
HPV1a	A-A-----T-----G-----T--G-----GG-----TC-AAGC-----T----	1082
HPV63	G-T-----C-----A-----A--A-----AA-----CT-GGCT-----G----	1100
Unclass.con	CAAATAGCATTGAAATATGCTAGAACAGCCACTGAGAGCCCTAATGCGAATGCCTGGCTGGCTTCCAATGCACA	1049
MnPV	-----	1049
SuperC.con	?GcT??gc??GTcAAgGACTG??aActATGGTgAgaCA?TA?cT?aGaGCTGAa?caCA?gC?tTaA?cATg?	843
GroupC1.con	AGCTAAGCATGT?AAGGACTGTGCAACTATGGT?AG?CACTAT?TAAGAGCTGAAAACACAAGC?TTAAG?ATGC	1009
BPV1	-----G-----A--A-----C-----A-----C----	1135
BPV2	-----A-----G--G-----T-----C-----T----	1132
GroupC2.con	GGC?CG??TGGTCAA?GACTGCTG?AC?ATGGTGA?ACATACCTG?G?GCTGA?G??CAG?C??T?AC?AT?T	761
EEPV	---A--GC-----G-----T--T-----A-----A-A-----A-AG---T-AT-A--C--T--	1150
DPV	---C--TT-----A-----C--C-----G-----C-T-----G-TA---G-CC-G--A--G--	1156
SuperD.con	AGTAAAGCATGTGAAAGAATGTGCACAAATGACTAGGTATTATAAGACTGCAGAAATGACAGAAATGTCAATGG	1142
BPV4	-----	1147
SuperE.con	ggCaAaatatGT?AaggActGTgC?a?aATGgt?AGacacTataaaagaGC?gaaaTga?aaaaTgtctATgT	880
HPV41	-C---TGATA--G---A-T---AGC-T-----T-----C--G-C---GCTGG-CGC-----T----	1159
COPV	-C-T---C---A--A-----A-C---TGC---T-T-----A--T-----A--G-T-AAG-----	1111
CRPV	---G--G-----T-G-----TGC-AC---C---T---TT-----A-----G-C-G---A-C----	1129
GroupE1.con	?GCAAAATATGT?AA?GACTGTGC???AATGGT?AG?CA?TA??A?G?GC?GA?ATG????ATGCTATGT	765
HPV1a	G-----G--A-----ACA-----A--A--C---TTT-C-T--T--G---GCACAA-----	1156
HPV63	A-----T--G-----TAG-----T--T--T--CAA-A-G--A--A--AGTAGT-----	1174
Unclass.con	AGCTAAACATGTGAGGGACTGTGCTACAATGGTGAGGCATTATAAACGGGCGGAGATGAAGGCTATGAGTATGT	1123
MnPV	-----	1123
SuperC.con	CtGc?TaTATtAAAa??aG?TGc?A?c?agCaaCtGG??aaGG?AGc.....TGG?tgtctATcaTgAattTg	900
GroupC1.con	CTGCATATATtAAA?CTAG?TGCAAGCT?GCAACTGGGGAAGGAAGC.....TGAAGTCTAT?CT?AC?TT?	1070
BPV1	-----G--G-----G-----.....C--A--T--T	1203
BPV2	-----A--A-----A-----.....T--C--A--C	1200
GroupC2.con	C?G?TT?TAT?AAAAGG?G?TG?GAT?A??C??C?GGAA??GGCAG?.....TGGcT?agcATcATGAAttTG	812
EEPV	-T-C--T--T-----A-A--C---A-TG-AA-T---AA-----T.....T-G-----T-----C---	1218
RPV	-----T-----	21
DPV	-A-G--A--A-----C-G--T---C-AA-TG-A---GT-----C.....CTCT-----	1224
SuperD.con	GACAATGGATTAAAAAATGCATTTGGTGTGAGATAGAAGGTGTAGGTGAT.....TGAAGCAAATCTGCAATTT	1210
BPV4	-----	1215
SuperE.con	CagagTggaT?ataaaagatt?gagga??ttga?gatg?Tggtgat????TGGaaggaaaTtGTgaa?Ttt	940
HPV41	--C---ATG-GA---GC-G-GTCT---CCA--GG--A-C--A---AAACAGC---CG--G-----C-T---	1233
COPV	-TC-----AG-CG-----GCA---CTAC---T---G-CCA-G-GAT.....G-----A---	1182
CRPV	-T-CA-----AA-CT-C-----G--T-GGA-GA-C---A--G-----TGG-C---C-T---	1197
GroupE1.con	CAG??TGGATTT?TA?AA?ACT?GA??A?GT?GAA??T??TGGT?A?.....TGGAAA?A?ATTGTAA??TT?	812
HPV1a	---AG-----T--G--A--A--TA-T--A---GG-TC---A-T.....G-A-----GA--T	1224
HPV63	---CA-----A--A--G--G--GG-A--T---AA-GG---G-C.....C-T-----AG--C	1242

E1 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

Unclass.con	CACAGTGGGTATGGAAGT??T??AGAG??C?GA?GA?G??T.....TGGA?A??ATTT??T??	1164
FPV1	-ATGA-GT---AGCA-C--T--A-ATGG-.....-A-AAG---TGG-G-TC	51
MnPV	-----GCTG-AG---GAAC-T--G--G-GCAC-.....-C-CCT---CCC-A-AT	1191
SuperC.con	tTtAA?TaTCA?gg?ATtGAac??ATtaacTTgTtAATGcCtTtAA?CctTGGcTaAAaGGcAttCCaAAA?A	967
GroupC1.con	TTTAACTATCAGAA?ATTGAATTAAT?ACCTTTATTAATGC?TT?AA?CT?TGGCT?AA?GG?ATTCCAAAAA	1135
BPV1	-----T-----T-----T--A--G--C-----A--A--A-----	1277
BPV2	-----C-----C-----C--G--A--T-----G--C--T-----	1274
GroupC2.con	cT?AAaTtTCAtGGgAT?GAaCctAtTcA?TTTGT?AATGcCtTtAA?CctTGGtTaAAAGGCActCCaAAAcA	881
EEPV	T-A--G-----A--C--C--G--C---A-C---A-----G--A--A---C-G-----C-----	1292
RPV	--C-----T-----T-----T-----T-----C-----	95
DPV	--T---A-----A---A--A--G---G---A---G-----T---C---T---	1298
SuperD.con	TTAAAGTTTCAAAATGTCAACTTTTTATCATTTATGTCTGCTTTAAAGATTGTTCACAGAGTACCCAAAAG	1284
BPV4	-----	1289
SuperE.con	tTgaGgtatCAAggagt?GAaTtTaTa??TtCaTG?t?gaatTtaA?ga?TT?tTaag?ggT?aCCaAAgAA	1003
HPV41	C-----TCAG-----CC-GCCC-----TGTA--A-GC-CA-T--CC--CACCA--G-----	1307
COPV	--A--AC-----GA-A-----TTTG--TT--GCA--C-----AAGA--T--G--A---GG--T--A--	1256
CRPV	C--C--C-C---C---G--G--C---CCT-----G-GA-GC-G--G-CC--CC---A--A-C-----A--	1271
GroupE1.con	TT?AG?TTTCAAGAAGT?GAATTTATAAG?TT?ATGAT?GCATTTAA?GA?TTGT?TA?GTGGTAA?CCAAAGAA	876
HPV1a	--A--A-----T-----C--T-----T-----A--T-----T-----G-----	1298
HPV63	--G--G-----A-----T--C-----A-----G--A-----A-----	1316
Unclass.con	CT??CGT?C?AA??T??A??T?A?A??TTT?T?TCT??T??A??TGG?T??GG?A??CC?AA?AA	1199
FPV1	--TA---T-C--CATA-TA-TT-T-A-GAG---A-C---ATCC-TTGT-TG---C-AAAA--A-GG--T--A--	125
MnPV	--CG---C-G--GGGG-GG-AG-G-T-AGA---C-A--GCTA-GAAG-GT---T-GCGG--G-TT--A--G--	1265
SuperC.con	tAAcTGcaT?gCaaTtgTtGGcCC?CCaAA?AgtGGcAAGTCtcTgCT?TGcAAActc?tT?ATt?ctTTcTgG	1034
GroupC1.con	AAACTG?T?GCATT?ATTGGCCCTCCAAA?ACAGGCAAGTCTATGCT?TGCAACTCATTAATTCATTT?TT?G	1201
BPV1	-----TT-A-----T-----C-----C-----C-----T--G--	1351
BPV2	-----CC-G-----C-----G-----G-----G-----C--A--	1348
GroupC2.con	TAAcTgCaTtgCaAttGT?GGaCCcCaaAtAGTGGgAAGTCaCT?CTtTgCaAataccTgAT?C?TtTCTgG	950
EEPV	---T---A-----A-----T--T--G-----C--GT-G-----	1366
RPV	-----T-----T--A--G-----C--A-----G-----T---G-----TA-T--C----	169
DPV	-----A-----T--C--G--T--C-----C-----CT-TT---AG-A-----T-	1372
SuperD.con	GAATTGCATGTTATCTGTGGCCCTCCAAACACAGAAAATCTATGTTTGTAAATGAGTTTATGAAAGCTTTGC	1358
BPV4	-----	1363
SuperE.con	Aaattg?cTtgTatTaT?tGG?CC?cCaaAtAcaGG?AAaTcaatgTTTtgcAtgaGtcT?t?AgatT?tT?g	1067
HPV41	-TCAACA-----G---A--GT-GG-C----C-----TAT--GC--ATG---TAAC-A--T--G--	1381
COPV	-----C-----C--GG--T--T-----C--G--T-----C--GC-T--T--T--GC	1330
CRPV	-----CA-G--G--T-A--G--A-----GT--G--G--TAT-----C--CA-A---AC-T-	1345
GroupE1.con	AAA?TGT?T?TAATAT?TGG?CC?CCAAATAC?GG?AAATC?ATGTTTTGTA??AGTTT?TTA??T?TTA?	931
HPV1a	---C---T-GT-----T---A--T-----A--A-----A-----CA-----A--A-AGT-G--G	1372
HPV63	---T---C-TG-----A---T--A-----T--T-----T-----TG-----G--G-GAG-A---A	1390
Unclass.con	AA??TG??T??A?TT??CGGC??TCCA?A?A??GG?AAGAGT?TGTTT?C?????CT?AT?AA?TT??T?A	1241
FPV1	--GC--CA-AAC-A--GC---GT---G-C-GT--C-----A-----G-ATATCT--G--C--A--CC-C-	199
MnPV	--AT--TC-GGT-T--TA---CC---A-T-CA--G-----C-----A-TATGAGC--T--T--G--TT-G-	1339
SuperC.con	G?GGaAa?GTtcT?aC?TTTGCcAAcCac?a?AGtCacTtTGGcTtGC?cCc?tagc?ga??tagag??gct	1094
GroupC1.con	G?GG?AGTGTTTTATC?TTTGCCAA?CATAAAAGTCACTTTTGGCTTGCTTCC?TAGCAGAT?CTAGAGC?GCT	1268
BPV1	-T--T-----T-----C-----C-----A-----T---	1425
BPV2	-G--A-----C-----T-----T-----G-----A---	1422
GroupC2.con	G?GGaAaAgGT?CTgAC?TTTGCaAAcCACTccAGcCAcTtTGGcT?GC?CCc?t??c?gactg??g?gt?gc?	1010
EEPV	-A-----A-----G-----C-----T-A--G---C-TA-C-----TA-G--C--C	1440
RPV	-G-----A--T-----T-----T--T--T-----T--C--A.....	222
DPV	-C--C-----G--T--A-----CA-----T-----C--A---T-AG-G-----CC-A--T--T	1446
SuperD.con	AAGGAAAAGTATTATCATTTGTAAATTCAAAAAGCCATTTTGGCTCCAGCCTTTACGTGGAGCAAAAGTAGCT	1432
BPV4	-----	1437
SuperE.con	aaGGA?aaGT?aT?tc?Tatgt?AacAgcaaaagtCATTTTGGtTgcaaCCacTagctga?gc?aaagatagg?	1133
HPV41	-T---C-C--GC-GAGC-T---C-G--ATGGGTCA-----ATC---T--CG--GG--ACG-TGCT-T	1455
COPV	-C---GT---T--T--A-----C--T-----C-----T--TA-A--G-GG--A--G--T	1404
CRPV	C---CGG--CT-G--G-T--CA-----G--C-----C-----T---A--C--C--C---CG	1419

E1 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

GroupE1.con	?AGG?AAAGT?AT?TC?TA??AA?AG?AAAAGTCA?TTTTGGTTGCA?CC?CT?GCT??CTAA?ATAG??	983
HPV1a	G---G-----G--T--A--CTGT--C--T-----G-----G--T--G--GATG---G---GG	1446
HPV63	A--A-----A--A--T--TGTA--T--C-----A-----A--A--A--AGCA---A---CA	1464
Unclass.con	??GG??GT?TA??TTTGC?AA?AG?AA??CA?TTCTGG?TGCA?CCA?T??C?GA??AAGG??G??	1282
FPV1	AT--TTCT--AC--AGC-----A--C--T--GTCA--C-----C-----A--T--AA--G--ATGC----CT--CT	273
MnPV	GA--GCGA--TA--TCA-----C--T--C--AAGC--T-----A---G---C--GG--T--GGCA----TA--TG	1413
SuperC.con	ttaataGATGAtGcTAc?catGC?TgCtGGAGgTAcTTTGACACAtAcCtCAGAAATGtAtTgGAtGGcTAcCC	1166
GroupC1.con	TTAGT?GATGATGCTACTCATGC?TGCTGGAGGTACTTTGACACATACCTCAGAAATGCATTGGATGGCTACCC	1340
BPV1	-----A-----T-----	1499
BPV2	-----G-----C-----	1496
GroupC2.con	tt?AtaGATGAtGC?AC?catGC?TgCtGGAGgTAcTTTGACACAtAcCtCAGAAATGTgCtTgAcGGtTAtCC	1080
EEPV	--G-----C--G-----G-----A-----T-----A-----	1514
RPV	...-C-----C--G--A-----A--T-----T-----	293
DPV	--A--T-----T--CACA--T-----C-----T--G--T--C--C--	1520
SuperD.con	GTATTAGATGATGCTACACGAGCCACATGGACATACTTTGATACCTACCTCAGAAATGGCCTAGATGGCAGGCC	1506
BPV4	-----	1511
SuperE.con	cTatTaGAtGATGC?ACaa??cC?tg?TGGgatTatat?GAca?atat?TgAGaaatgc?cTaGATGG?aAt?c	1196
HPV41	---A---C---G---CCTCA-G-TT---AGG---CGCG---CA-A-CA---GGCACTG-----AT--GA	1529
COPV	--G-----C--T--GG--T--C---CTC-----A---CT--T-----T-----C---A-	1478
CRPV	--CG-G-----T---TCCG-G--C-----TC--T--T-C---CC-C-----C--T-----C--A-	1493
GroupE1.con	?TATTAGATGATGCAACAAA?CCA??TGGGATTATAT?GA?T?T?T?TGAGAAATGC?TT?GATGG?AA??C	1041
HPV1a	C-----G---TGT-----G---CA-T-A-A-----A--G-----T--CA-	1520
HPV63	T-----A--GCA-----T--TT-A-T-T-----T--A---G--TC-	1538
Unclass.con	?T??TAGA?GATG??AC??C??TGGGA?TATGT?GA?AC?T?T?AG?AATGC??T?GATGG?AAT?C	1328
FPV1	T-GA---C---TA--CTTAC--TTGT----T----G--C--C-T-T-A--A---AC-T---T---G-	347
MnPV	C--TT---T---CC--AAGGG-CACA-----C-----A--T--A-A-A-G--G-----CA-G-----A--C-	1487
SuperC.con	a...gTc?GT...ATTGAtaGAAAgCACAAa?CcGcTGTtCAaAT?AAAGC?CCtCCCCTtTtagTAACCAGTA	1230
GroupC1.con	?...GTCAGT...ATTGATAGAAA?CACAAAGCAGCGTTCAAATTAAGCTCCACCCCT??T?GTAACCAGTA	1403
BPV1	T...-----A-----CC-G-----	1567
BPV2	C...-----G-----TT-A-----	1564
GroupC2.con	A...gTttGT...ATTGAtaGAAAgCACAAaTCCGCTGTgCAGaTgAAAGCcCCTCCCCTtTTacTAACCAGTA	1148
EEPV	-...-----C-----C-C-----G-----	1582
RPV	-...-----C-----A-----	361
DPV	-...T-CG-----A-----TA-----T--A-----C--G-----	1588
SuperD.con	T...GTGTCA...TTAGATATGAAGCATAGAGCCCCCTTGCAAATATGTTTCCCCCTTTGGTAATCACCACCTA	1574
BPV4	-----	1579
SuperE.con	?...aTttgt...gTtGAt?t?AAaCacAaagc?CCa?tacAaattAaatgcCC?CC?cT?cTgAtaActactA	1256
HPV41	G...-----CC...A---GCA-----G-AAC---A-G---C---G-GCA--A--AT-AA-A---C--A-	1597
COPV	A...T--A--...-----TGC--G-----G--TT-G---C-A-----G--T--G---T-----	1546
CRPV	C...--A-CG...--G--CC-G--G-----G--A--A--G-G---G-----T--C--C-----C--A-	1561
GroupE1.con	T...ATTTGT...?T?GAT?T?AAACATA??GC?CC?CAACAAAT?AAATG?CC?CC??T?T?AT?ACT??TA	1090
HPV1a	-...-----A-T--T-A-----GA--T--T-----T-----C--A--TT--AC--T--T--AG--	1588
HPV63	-...-----G-A--C-G-----AG--A--A-----A-----T--T--AC--TA--G--A--TC--	1606
Unclass.con	?...?TAT??...ATTGATTG?AAG?A??G??CACC?GT?CA??AATG?CC?CC??TGCT??T?AC?A??A	1370
FPV1	C...A---GT...-----T---C--CC--TG---C--C--AACT-----T--G--AT---GC-A--C--GT-	415
MnPV	A...T---CA...-----C---T--TA-AA---T--G--GGTA-----C--C--CA---TG-C--A--CA-	1555
SuperC.con	ATATTGATGTGCAtGCAGAgGAAaAgTAtTTcTAtttGCA?AGccGgGTgAaaccTTttatTTcaaggAGCCa	1303
GroupC1.con	ATATTGATGTGCAGGCAGAGGA?AGATA?TTGTACTTGATAG?CGGGTGCAAACCTTTTCG?TT?GA?CAGCCA	1471
BPV1	-----C---T-----T-----C--T--G-----	1641
BPV2	-----A---C-----C-----T--C--A-----	1638
GroupC2.con	ATATTGATGTGCATGCAGAtGAAAAGTATTTCTATctGCAaAGcaGAGT?AAaaccTTcTAtTTCAaGGAGCCg	1221
EEPV	-----T-----C-----	1656
RPV	-----C--G--G---G-----C-----A	435
DPV	-----G-----TC---C-----T--GC-G--T--C-----	1662
SuperD.con	ATGTCAATGTGATGCAGGATCCTGCATATTTTATTGTCACAGTAGAATGTATGTTTGGAGTTTCCAAATACA	1648
BPV4	-----	1653

E1 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

SuperE.con	ATgt?gAtgTtaa??cagatga??gaTggA?ATattT?catAgtAGaatatc?t?ttTt?A?TTTT??cAagaa	1316
HPV41	---AG--CA---TGCG-TTA--TGA--TC-A----C-G--A-CC----C-ATG-A-G-GT-C---AACA-GCC-	1671
COPV	---CA---TGTGG-----AAA--TT-A---C-T-GC--C---TGC--T-TC---C-T---CCA-----	1620
CRPV	---G--C--C--AT-----TA-----G--C--ATT-----T-GTGTG--A-C---TTG-----	1635
GroupE1.con	ATAT?ATGTTAA??C?GAT??TGTGGATGTATTT?CATAGTAG?ATA?CA??TTTT?AATTT??CA????	1143
HPV1a	---TG---AT-A---ACC-----G-----A---T--GC---A-----GCT--TGAG	1662
HPV63	---AA-----GG-T--GTA-----A-----G---A--TG---G-----AAA--ACCT	1680
Unclass.con	A??A?GA????C??TTG?ATG?????GC?????AGCAGAATACAAGTCTTTCACCTTAAAGGAACCT	1416
FPV1	-CT-T--CCCT-GA---C---GGGTAGATA--GGGGGGGGG	456
MnPV	-TG-G--TGTG-AC---A---ATAGGTGGC--TACCTTCAT-----	1629
SuperC.con	TGC??tgCatctGA?ac?GGTGAGC?ac?tTtt?cTAttACTGATGC?GAtTGGAAAt?TTTTTTTG?AAGG?T	1366
GroupC1.con	TGC...ACAGATGAATCGGGTGAGCAACCTTTTA?TATTACTGATGCAGATTGGAAATCTTTTTTTGTAAGGTT	1541
BPV1	---...-----A-----	1712
BPV2	---...-----C-----	1709
GroupC2.con	TGCccTGC?TCaGAtAatGGTGAGCC??T?TT?T?TAT?ACTGATGCTGA?TGGAAA?ATTT?TTTGAAGGCT	1285
EEPV	-----G--T---C-----CC-T--C-T---T-----C-----A---T-----	1730
RPV	---TG---A-----C-----	459
DPV	-----T-----C-----TA-G--T-C---A-----T-----C---C-----	1736
SuperD.con	TTTCCATTAGATGAGGCTGGAAATCCTCTTTTATTAATTGATGAACCTTAGTTGGAAATCTTTTTTTGAAAGGCT	1722
BPV4	-----	1727
SuperE.con	TTtCC?tTtaaaga?AATGG??aaCC?g?atTtactTaaatGac?aaAa?TGGaaaTCTTTtTTTaaAaggTT	1382
HPV41	---TC-----GA-----GC---GTT--A---A-TG---GTT-T-CA-----C-----GG-AA--	1745
COPV	---T--GG-T--C---AA-T--T-GC---C-G-----C--GC--GCT-----	1694
CRPV	--G--CA--G...-----GAC---T-TG-A-G-A-----TGC--C-----	1706
GroupE1.con	TTTCCATTT?A?GA?AATGGT?A?CC?G?ATTTTCCTTAACAGAC??AATTGGAAATCTTT?TTTGAAGGTT	1206
HPV1a	-----A-A--C-----G-T--A-G-----GAA-----C-----	1736
HPV63	-----G-T-A-----C-A--G-C-----ATC-----T-----	1754
Unclass.con	ATGCCATAGACACTGCCGGTAACCCAGAGTATTCCTTCTAATAGACATTGGAAGGCGTTTTTCGAAAAGTT	1490
MnPV	-----	1703
SuperC.con	ATGGGggCGtTAGAcCTga??Gac?A?GAGGA?GA?.....??TGAaGAgGATG????CAGC??gcGaa	1417
E2 cds start for BPV1, 2 ->		
GroupC1.con	ATGGGGGCG?TAGACCTG?TTGACGAGGAGGAGGAT.....AGTGAAGAGGATGGAGACAGCATGCGAA	1604
BPV1	-----T-----A-----	1777
BPV2	-----C-----G-----	1774
E2 cds start for EEPV -> -> E2 cds start for DPV		
GroupC2.con	ATGGG??CG?TTAGA?CT?AGCGA?CAAGAGGACGAG.....GTTGA?GA?GATGAGTGCAGCCA??GA?	1339
EEPV	----AG--A----T--C----C-----T--A-----GC--T	1795
DPV	----GA--T----C--G----T-----C--C-----AA--A	1801
E2 cds start for BPV4 ->		
SuperD.con	TTGGACACAGCTAGACCTCACAGACGCTGAGGAA.....GACGAAGATGGTGAGCCTCGAAGCC	1781
BPV4	-----	1786
E2 cds start for COPV, CRPV ->		
E2 cds start for HPV41 ->		
SuperE.con	tTGG??ca?tTagA?tTAAGtGACc?GAaGAcgag.....gg??a?GATGGAgA??CTCagc?a?	1431
HPV41	---CGT--CC--A-TC---AA----T--G--T---.....TCA-----GA--CTGG-A	1804
COPV	C---AAA--T-----T-----T-----GG-A-----AA-----G-G	1753
CRPV	C---TCCACC----AC----C-----G-----TG-C-----GCT-----C-G	1768
E2 cds start for HPV1a, 63 ->		
GroupE1.con	TTGG??CAGTTAGA?TTAAGTGACCAAGAAGACGAG.....G??A??GATGGAAA?CCTCA?CA??	1256
HPV1a	---CAA-----A-----GA-AC-----A-----G--GT	1798
HPV63	---AGC-----C-----AG-GT-----G-----A--AC	1816
Unclass.con	ACAGAAGCCACTAGATCTAAGCAGGACGAGGGGTGAC.....CCCAAGGACAATGGAGAGCATAACACAGC	1555
MnPV	-----	1768
SuperC.con	C?tTTAC?TG?AGCGCAAGAAACaCaaATGca?TtgATTGA	1454
GroupC1.con	CGTTTACATGTAGCGCAAGAAACACAAATGCAGTTGATTGA	1645
BPV1	-----	1818
BPV2	-----	1815

E1 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

GroupC2.con	CA?TTACTTGCAGCGCAAGAAAC?CA?ATG??AT??ATTGA	1373
EEPV	--T-----A--G---CA--GC-----	1836
DPV	--G-----G--A---AC--TA-----	1842
SuperD.con	CGTTTCGATGCTGTCCAAGATCAGTTGCTACAAGTTTATGA	1822
BPV4	-----	1827
SuperE.con	cgCTTAGACT??cTaCAaGAGcAgcTactgA?tCTaTATGA	1469
HPV41	--A-----ATA-----A-----CA-----	1845
COPV	GC-----TA--G-----G-A-----G---G-----	1794
CRPV	-----CCA---G---G-A--T--C-G---C-----	1809
GroupE1.con	CGCTTAGACT??CT?CAAGAGCAGCT??T?A??CTATATGA	1289
HPV1a	-----TA--G-----AA-G-AC-----	1839
HPV63	-----GG--A-----TC-A-CT-----	1857
Unclass.con	CGTTTAGCTGCTGTGCAAGAGGAACTGATGTGCATGTATGA	1596
MnPV	-----	1809