

E2 SuperGroup A Markov Protein Alignment

```

                                <- E1 end for HPV6b, 34, 39, 51, 30, 32, 3, 27, 7
                                16, 31, RhPV
                                <- E1 end for HPV52, 35h, 33, 58
most-likely M.....ETLAQRLDACQEKILELYE.KDSKLEDQIEHWKLVRLLENALLYKAREMGLTHIGHQVVPALTVSK      66
HPV54      -.....-T--V--RL-D---.---N-----CI---C--Q-----YKVLQ--AL---A---      66
HPV32      -.....-K-----QL-----.E--H--KHVQ---CL-I-A---F-----YAQV---I---EI-R      66
HPV42      -.....-R--K-----QL-----.EN-RD-QKH-----CL-M-AVV-----FAN---I--T-ETCR      66
HPV3       -.....-N--V--D-----D---D-----M--Q-M---Q-----C-----P-S-T-      66
HPV28      -.....-N--V--D-M-----.-N-----M--Q-M-V-----C-----P-S-T-      66
HPV10      -.....-N-----D-M-----.-D-----T--H-L-V-----C-----P-S-T-      66
HPV29      -.....-N--N-----D-----.R--D-----T--Y-M-V-S--Y---C-M-R-----T-S-A-      66
HPV61      -R....M-S--D-----L-D---.-N-----L--HY-----M-F---QA---RV--M--T-S-T-      68
HPV2a      -.....-N-----TL-----.-N-----K--AQ---VM-F---C-M-RV-CTA-----      66
HPV27      -.....-N-----TL-----.-N-----K--AQ---VM-F---C-M-RV-CTT-----      66
HPV57      -.....-S-----TL-----.-N-----K--AQ---VM-F---C-M-RV-CTT-----      66
HPV26      -.....-N-C--N-----DY---.L--N--T---DY---Y-C-IF---GNMQC-N-----STV-C-      66
HPV51      -.....-CH--NV-----DC--.L--D--V---NY-T-L-Y-A-MF-A---RN-RT-N-----T---      66
HPV30      -.....-C-----DCF-.N---I--H-VY--A--H--VV---QNNI-KLR-----C-Q-C-      66
HPV53      -.....-C-----DCF-.R---NIT-H-DY--A--Q--VIY---NNM-KL-----C-Q-C-      66
HPV56      -.....-S--N--N-----DCF-X---RCIA-H--Y--A--H--V-Y---NDI-VLN--M--C-Q-C-      67
HPV66      -.....-S-----N--DC--.-CII-H-DY--A--H--YV-Y---NDINVLN--M--S-Q-C-      66
HPV18      -QT..PK---SE--S-L-D--IDH--.N---DIDS--QY-Q-I-W---IFFA---H-IQTLN-----YNI--      70
HPV45      -KMQTPK-S-SE--S-L-D--DH--.N---DINS--SY-Q-I-----I-FT---H-I-KLN-----PINI--      72
HPV39      -KE.TMMK--S--NVL-D---Y--.Q---SIY---NY--C--M---IF-A--R-MHT-D---TINI--      71
HPV70      -KE.TMM--S--N-L-----H--.Q---LIY---NY--Y-----IF-A--R-MHT-D---PG-T--      71
HPV59      -QT..VMD--S--SVL-DQ---H--.N---DINEH-NY---M--VI-FA---NNIHTLN-----TFL---      70
HPV7       -.....-K--R---L--QL-----.Q---Q-QHH-L---YI-Y-SVIY-T--Q--IKRL-----S-D---      66
HPV40      -.....-N--R---L--QL-----.QN--E-QQH-L---YI-Y-S-IY-T--Q--IK-L-----S-D---      66
HPV16      -.....-C--NV--D---TH--.N--TD-R-H-DY--HM---C-IY-----FK--N-----T-A---      66
HPV35h     -.....M--S--SV--D---H--.T--TC-S-H-QY---I--C-VF-----IKTLN-----TQAI--      67
HPV31      -.....-S--NV--D---H--.N---R-C-H-DY--HI---CV-M-----IHS-N-----S---      66
HPV52      -.....-SIPA--N-V-----D---.A--ND-NA-----T-M-CV-F--K-L-I-----PMA---      66
HPV33      -.....-EISA--N-V-----D---.A-KTD-PS-----I-M-C---T-KQ--FS-LC-----S-LA--      66
HPV58      -.....-EISA--S-V-D---DI--.A-KND-TS-----I-M-C-IM-T--Q--IS-LC-----S-VA--      66
RhPV1     -.....M-A--E--S-L-DR-----.A--D-K-----C--Q-C-V-----V-FS-LN-----S---R      67
HPV6b     -.....-AI-K-----QL-----.EN-TD-HKHVL---CM-H-SV---KQ---S---M---P-K--E      66
HPV11     -.....-AI-K-----DQL-----.EN-IDIHKH-M---CI--SV--H--KQ--S---L---P---E      66
HPV44     -.....-I-KH--V---QL-----.EN-N--TKH-Q---CI-Y-CV--H--KQ--N---M-----A--Q      66
HPV55     -.....-I-KH--V---QL-----.EN-NN-TKH-Q---CI-Y-CV--H--KQ--N---M-----Q      66
HPV13     -.....-I-KH-----QL-----.EN-NE-KKH-Q---CL-Y-SV--H---Q---S---L---P---Q      66
PCPV1     -.....-KH-----QL-----.EN-NE-TKH-Q---C--H--V-----Q---S---L---P-K--Q      66
HPV34     -.....M--CK--S---DA-----.R--IH-S-H-D---H-----V--H-----QSVNQ-A--S-A--R      67

```

E2 SuperGroup A Markov Protein Alignment

most-likely	AKAHQAIELQMALETLQQSEYNTEPWTLQDTSLEMWLTPEPKKCFKKQGQTVEVKFDGDKDNTMHYVWVKFIYV	139
HPV54	G-G-K-----L-----KTV-S-----C--R-NAP-TG-L-RR----D-I---HQ----Q--M-GD--Y	139
HPV32	---V---I-L-----L--TFG-----E--Y---HA-----L----R----V---NPE-A---TA-T----	139
HPV42	---M---IHL-----L--S-GK-----E--N-L--N-----R-----I---KQ--A---TA-TY--I	139
HPV3	---RS---VHVS-QQ--H-AHAQD---R--R---D-V---W--R-L---RY---ENKA-C--Q-RE-I-	139
HPV28	---RS---VHV--LQ--E-A-AQDS---R--R---D-V---W--R-V---RY---ETKS-C--H-RD-FT	139
HPV10	---RN---VHV--QQ--E-A-AH-----R--R---D-A--G-W--R-I---RY---ESKA-C--Q-REL--	139
HPV29	---CS---MHV--QQ---A-GK-----R--R---DAV--R-W--R-V---RY---ETKA-CH-L--D-I-	139
HPV61	G--K---VHLS-QG--T-A-AH-----T-----N-Q-QR-W--K-RRLT-----EDHKAVE--S-GY---	141
HPV2a	---C---V-L-Q--M--A-S--A---R--C---DAP---W--K--S-L-----SS-RD-I--TS-G----	139
HPV27	---C---V-L-Q--M--A-S--A---R--C---DAP---W--K-LS-L-----SS-RD-I--TG-HH---	139
HPV55	---C---V-L-Q--M--A-S--A---R--C---EAP--R-W--K--S-L-----SC-RD-I--TG-GH---	139
HPV26	Q--W---IHI--QS-INTD---A--MR---Y--YM---H---E-T--T-V--CN-E---D-IR--YV-Y	139
HPV51	Q--C---MH--QS-NK-D--M---MRE-CY-L-CVA--Q---G-I--T-I---N---A-D-TS-----I	139
HPV30	---CV---I---S-YKT--KV-E---K-VCEN--H-A--Q---S-KRI--W--K---RTE----QWV-Y	139
HPV53	---CV---I---S-CKT--M-E---R-VCES--Y---Q-----HI--W--S---RAE----WV-Y	139
HPV56	---CS---V-I---S-STTI--N-E---R-CE-L-----E--HI--W--S-N-C-Q--A--Y--Y	140
HPV66	---CS---I---AISNTI--KN-E---R-CD-L-R---N---E--HI--W--N-N-C-E-----Y	139
HPV18	S--K-----QG-A--R-K--D-----CE-L-N--TH---G---Q-Y--N---C-T--A-DSV-Y	143
HPV45	S--K-----KG-A--K--N-E-----CE-L-N--SQ---G-K--H-Y--N---C-N---DS--Y	145
HPV39	C--Y-----SVA-T---E---K--N-L-H-Q--Q---T---WY---C-A-N--L-GA--Y	144
HPV70	---Y-----S-A-TDF-K-E---K--N--Q-K--Q---K-V---WY--N---S---GA--Y	144
HPV59	N--CE-----S-A-T-FKN-Q--M-E-CQ-L-Q-A-----I---R--CS-E-----TS-T--Y	143
HPV7	---A--M--C--S--TT--L-----Q-L--A-----G-K--R--CNEH-A---TL-TAV--	139
HPV40	---A--M--C--S--NT--V-----Q-L--A-----G-K--R--CNET-A---TL-TTV--	139
HPV16	N--L-----LT---IYN-Q-SN-K---V--VY--A-TG-I--H-Y---Q---IC-----TN-TH--I	139
HPV35h	---M-----LM---NTT--S--T---E--I-LYT-V-QG---H-V---Q---Q---TN-TH--I	140
HPV31	---L-----M---NNT--KN-D--M-Q---LY--A-TG-L--H-Y---Q---VH-----TN-----L	139
HPV52	---C-----L--A-NKTQ-S-DG---Q-----RA--Q-Y---H-Y-IT-QY-N--N--D-TN--E--L	139
HPV33	T--F-V-----SK-Q-S-SQ---Q---V--C--P-----E--T-QY-N--K---D-TN-GE--I	139
HPV58	T--F-V-----NA-P-K-DE---Q---V--S--Q---K-I--T-QY-N--A---D-TN-SE--I	139
RhPV1	---K---V-L--S--N---N-E-----A-----H---G---T-VP-T-L--C-----E--L-GH---	140
HPV6b	--G-N--M--H--S-LRT--SM-----E--Y---Q-P--R---R-K-----CAN--D---TDV--	139
HPV11	T-G-N--M--H--S-AKTQ-GV-----Y-----P--R-----N-----CE--V-E---TH--L	139
HPV44	T-G---M--T---LN-D-G-----E--R-----P--Y-----CNA--A-E--W--V---	139
HPV55	T-G---M--T---LN-D-GM-----R-----A--Y-----Y-CNA--I-E--S--Y---	139
HPV13	--G-E--M--T---LE--FGM-----R-----P--R-----Y-CNT--R-D--S-TY---	139
PCCPV1	T-G-E--M--T---VLK--G-----E--F-----P--H-----RY-CNAE-S---L--Y---	139
HPV34	S-G-N-----L--S-NE-S---E---Q--W-Q-V-D--Q---G-K---RY-C-----Q---T-V-Y	140

E2 SuperGroup A Markov Protein Alignment

```

most-likely QD..DDTWTQVGTQVDYKGLYY.VHEGHKTYVDFKKEAKKYGKTGQ.....WEVHVGGQVIH..CPASVSS      201
HPV54      -NCDGEG----CSNI-AM-I--.MDAE--V-----S---EY--.....---RM-SSI-F..S-----      203
HPV32      -TL..-G--C--Y-H-C-A----.IVDNM-QF-CN--N-----V---.....---D-T---V..S---I--      202
HPV42      -TV.QG--C--Q-H-CHA----.IV-NM-QF-CN--E-----V-D-.....---D-N---V..S--PI--      202
HPV3       -NYT--N-V--A-L-SHE----.M---Q--F--K--DD-RV--D--T.....-D-----K---HDSFDP---      205
HPV28      -NYS--K-V--A-H-S-E----.I---EQ-F--K--DD-YV--E--K.....-----K---HHAFDP---      205
HPV10      -NYS--R-V--P-K-S-E----.T--NMNI---N--DD-CV--E--K.....-----K---HDAFDP---      205
HPV29      -NLS--Q-V--K--S-E-----.--DV-VF--K-H-D-RV--E--I.....-----K---HNAFDP---      205
HPV61      -STET-L-Y--P-K-S-----.EM--QE--H--T-AQ--Q---E--K.....-----M-NT--YE.PC-----      206
HPV2a      --TIT-S-H--P---EL-----.--D-VRVN---GT-SLT--V--T.....-----A-T---H.TS-----      204
HPV27      --AN---H--P-K--EL----.E-D-VRVN---GT-SLT--V--T.....-----A-R---H.TS-----      204
HPV55      --IN---H--P---EL--F--.--D-VRVN---GI--LT--V--T.....---Q---R---YH.TS-----      204
HPV26      KT..-IG-C-G--D--A--I--.TQGAY-Q-----Q--E---TGV-.....-A---C---C...-EF---      201
HPV51      Y-..N-K-V-TN-N---T-I--.TVNSK-E---Q--D---I--AQ.....---YMY-T--T...-EY---      200
HPV30      CG..-NG---PSV-----I---.D-N-V--T--ND--V---YK-T.....---M-NES-Y...-D---      201
HPV53      CG..E-G-C--SSA-S-E-I--.I-D-----TN--D--T---CK-T.....---M-K-S-Y...-D---      201
HPV56      NG..-CG-Q--CSG---R-I--.D-----T--EQ---F-CKNI.....---MENES-Y...-D---      202
HPV66      NG..ECG-C--SSG---R-I--.M-D-----T--EQ-----C-NI.....---METES-Y...-D---      201
HPV18      MTD.AG--D-TATC-SHR----.K--YN-F-IE--S-CE--N--T.....---F-NN--D...-ND-MC-      206
HPV45      ITE.TGI-D-TAAC-S-W-V--.IKD-DT---Q--S-CE---NSNT.....---QY--N--D...-ND-MC-      208
HPV39      KNN.I-I-C-TE-C---W-I--.MN-HL-V--EV-IQD-ER--TS-K.....---YN-NI---...-D-MC-      207
HPV70      KTH.T--C-TE-Y---W-I--.---Q-----EV--QD-QM--TS-K.....---CN-NI---...-D-MY-      207
HPV59      VND.VGQ-C-T--N--FW---.KV-EEQV---K-IHD----T-DK.....---YN-K--D...-YD-MC-      206
HPV7       -V..E-----E---HR--F-.TVH-CT-----G--HT---ND.....-T-I--SR--C..S-ST-EG      201
HPV40      -V...A---K-----S-.TVH-CT-----A--QT---NR.....-T-I--SH--C..S-STIEE      201
HPV16      CE..EASV-V-E-----Y---.---IR--F-Q--DD-E--S-NKV.....---A-----L...-T--F-      201
HPV35h     LE..-SIC-V-K-L-N---I--.---Q-VE---T-RE-----KNI.....---V...-E--F-      202
HPV31      CI..-GQC-V-E---NC--I--.---I--F-N-TE-----TGKK.....---A-----V..F-E--F-      201
HPV52      LG..ECEC-I-E-----Y---.WCD-E-I-F-K-SND--Q-CV--V.....-----V...-----      201
HPV33      IE..E--C-M---K---I-M--.I-NCE-V-FKY--ED-A--S--QM.....-----V...-T-I--      201
HPV58      IE..ET-C-L-A-E---V---.I-GNE---FKY--ED---S--QL.....-----SR--V...-T-IP-      201
RhPV1     WG..-NG-V-TF-EA-NW--H-.TVA-E-V---Q-YED---HGNGNGDGYE-----T-M-..YSD---      208
HPV6b     --..N--V--HSM--A--I--.TCGQF-----N-V--E---S-KH.....---CY-ST--C..S-----      201
HPV11     --..N-S-V---SS--A--I--.TCGQF-----N-N--Q---S-NH.....---CY-ST--C..S-----      201
HPV44     F-..T-K-V---HI-----.-G-----TN-E---E--NSL.....---CI-SSI-C..S---I--      201
HPV55     H-..T-K-V---HI-----.-G-----TN-E-----NSL.....---CI-SS--C..S---I--      201
HPV13     F-..T-K---K-M-----.I-GNL---LE-E-----E-L.....---CI-ST--C..S-----      201
PCPV1     CE..N-R-Q--K-M--I-----.MVGQC---I--E---Q-S--L.....---CYDSK--C..S-----      201
HPV34     WL..EGK-Y--SSH---N-I--ETQDNE-V--TQ-DRD--R--VK-I.....-D-CM--K---...-F-P-F-      202

```

E2 SuperGroup A Markov Protein Alignment

most-likely	T...VSDDE.VSTAE.TATELS.....NTTATTTT.ATSVGTTE.....EAV...QT	239	
HPV54	-.EEALS.I-STG.--EH.....-RPANS-.PRTDNS-K.....AIPC..TP	239	
HPV32	-T...TTEA-.-SSG.LT.--VQTDLY---P-P--.I-RSNCDPDGTG.....ILYKDPTP...T-	256	
HPV42	-T...ST-A-.IPSTG.ST.K-VQQV.CTTNPLH---.SIDNHADCTDGT.....AYNVPIQ...TS	254	
HPV3	-.R...IPAPG.PL.Y.A.....C--QAP-.QAQ--AS-GPEQKRQ.....RLETVYG-QQ...Q	251	
HPV28	-.R...IPA-G.PL.CTG.....D--KAS-.E---A--.....GPQ...-K	238	
HPV10	-.R...I--PG.PV.CT.....---PAS-.QAQ--AS-GPEQK.....RQRL---.DG	247	
HPV29	-.Q...-PATG.PL.YA.....HN-TRSP-.QAPL-PE-GQERKRRRLEAVGPGPQQQQQ...-H	258	
HPV61	-QD.A-R...------GH-RD.....-Q----P-C--P-QT.....STS-....-	248	
HPV2a	-QA.SA---PL-PIR.--VSPV.....PAPVAASAES-GA-RAAPPTQA.....LCSAQ-P..TS	256	
HPV27	-QA.TA---PL-PIR.L-VSPV.....PAP-SAA..SART--APPTNL.....LCTAP-P...PS	253	
HPV57	-QAATSD--T.L-PLR.S-AAAV.....TA--A--.-VPPTLQDS.....AQ-P...SS	248	
HPV26	-.C-SNQ.I---K.--EPV-.....-A-TQ--EAYVP---.K.....-TE...AP	239	
HPV51	-.C--A..L--TT.-VEQ--.....-PT-NPL.T-C--A.K.....--...--	235	
HPV30	-.LRSN..--PV-.--VV-YNT...Y--YQ-P--.S-P--AN-.....A-S...SA	240	
HPV53	-.FRSN..--SV-.--VN-YY.....SHKTP--.S-P--Y-.....ASS...SL	237	
HPV56	-.CRYN..--PV-.--VN-YN.....THKT----S---NQD.....A...SH	239	
HPV66	-.CRYN..-PPV-.--VN-YN.....HRT---A.S-F--AQD.....A--..SH	238	
HPV18	-.--T.--ATQ.LVKQ-Q.....H-PSPYSS.TV---AK.....TYG...--	243	
HPV45	-.--T.--ATQ.IVRQ-Q.....HASTS-PK.TA---PK.....PHI...--	245	
HPV39	-.--GS.-P-T-.LT-----HS-.-TPC-QK.....TI...PP	243	
HPV70	-.--T.-P-T-.LTA--Q.....H--PAH-A.--TPC-.K.....KTK...SA	243	
HPV59	HPV59	-.--EQ.---G.SSEQ---.YPS--PPE.--YL-PQT.....WNR...--	243
HPV7	Lp.I-APVD.IRHPA.ATDATD.....A-KVHDAPY-LPAS--KV.....YNSD...HA	244	
HPV40	HPV40	-.H..G.LPIV-.--DARP.....P----D-P.DAPATA-T.....-T-GPA-A	238
HPV16	HPV16	S...N...--SP-IIRQH-A.....HP-A-H-K-VAL--.-----TQ...T-	237
HPV35h	HPV35h	S...T...L---I--Q-HA...Y---E-H-K.-C---.T.....TQ...K-	238
HPV31	HPV31	S...D...I-F-G.IV-K-PTA...N---TSNSK.TCAL--S-.....GVRRA-A-	240
HPV52	HPV52	-.N...--T-.-VH-C.....TE-SK-S..-V--A.K.....DTH...LQ	233
HPV33	HPV33	-.N..Q.I--T-.-.D.....IQ-DN...DNRPP.Q.....A...AK	226
HPV58	HPV58	-.D..Q.I--T-.-.D.....PK--E...-NN-.....STQ...G-	226
RhPV1	RhPV1	A...THC-K.LP-V-.IVSG-Q.....HINPSP.PANPSA.K.....-N...WS	244
HPV6b	HPV6b	-.TQ...--IP-.ST-Y.....-P-Q-S-.LV-SS-K-.....D-....-	234
HPV11	HPV11	-.R...-I--.PT-Y.....-P-Q--APT-AC---.....DG...SA	235
HPV44	HPV44	-.-Q..D.--I-G.P-SHS-SS...TT--LAQASSTLPI--A-.....DC...DA	241
HPV55	HPV55	-.-Q..D.--I-G.P-SHT-SS...TT--LAQASP-LPTC-S-.....R...DP	241
HPV13	HPV13	-.-Q...-I-G.P-.SY.....T--S-QAST-V-CSAS-.....-C-...-A	237
PcPV1	PcPV1	-.-Q...-I-G.PTSH-.....T--LAQA-C-V-SIA--.....DS...-A	237
HPV34	HPV34	P...C...--P-.IV.R.....PLH-S...N-SNAQD.....AG...P-	230

E2 SuperGroup A Markov Protein Alignment

most-likely	PPR.....KRPRGSPGP...DST..DSTLCVG.....GSVDSTN..RNILTDSNS.....TN	279
HPV54	---.....--A-VY-TD...QQP..H--...S.....DP-GCD-D.-H-S.-D-N.....K-	276
HPV32	---.....--Y-.Q-LQ...PP-KHLQHYG-TN.....VP--PG...SQRV-SD-N.....N-	297
HPV42	---.....--Y-.QC-Q...-P..SQH-QHSNPSIPSIPSA---PGL..CGVR-N-EN.....C-	301
HPV3	QQQ.....QQQQQHTQT...PAP..QT-ERAR.....QPL-T.D.-TRDR-TTC.....PH	291
HPV28	RQ-LETLNWEQQQ-QYPQT...P--..QT-ERAS.....QPL-V.-.-TSDC-TTC.....PY	284
HPV10	.QH.....QQQ-.QGSK...--Q.KAAERA.....-Q---.D.-TR-C-TR.....AH	285
HPV29	QQQ.....QQQQT-THT...P--..QACART.....-P---.-.-TRDC--T-.....Q-	297
HPV61	--H.....--Q-LHRDRE...QQP..-T-QKDNH.....KR----D..QW-NGHR--.....-E	290
HPV2a	--A.....--Q-VIV-QQH..PRP...--RT--E.....-E-ECY-K.-S-S.--R.....-D	299
HPV27	--A.....--Q-VIV-QQH..LRP...--RT--E.....-Q-ECYDK.-S-S.NT--.....-A	296
HPV57	--P.....--Q-VIV-QQW..QQP...--RK-RE.....-Q-ECQ-D.-S-R.NPD-.....-D	291
HPV26	Y-G.....--R..L---...-T...VT-VTTVTAA.TQPGQ---Y--.N-LHST-GG.....HH	286
HPV51	QQ-.....--Q..LTE-.....--STISP.....L---N--..NQ-HCG-G-.....--	271
HPV30	R-G.....-----TTE-.....--T-RQSA.....ARESHA-..-VNTNNT-NRQCLGGATCY-	288
HPV53	R-G.....-----TTE-.....--TQSTT.....TARESYAEC.VARN-NTN.....N-	279
HPV56	R-G.....-----LRESEF...--SRESHAK--TT.....HTHISD-D..NTDS.R-R.....I-	283
HPV66	R-G.....-----A-ESEP...--S..RESYAHC.....VTT-TDIS.N-ANSR-PR.....I-	280
HPV18	SAA.....T-G.HC-L.....AEKQHC.....-P-NP.L..LGAA.TPTG.....N-	276
HPV45	-AT.....-----QC-L.....-EQHH.....-R-NTHVH.NPL-CS-T-.....N-	280
HPV39	-S.....-----QCAV.....-EP-EPD-.....V-L-HL-..NPLHSN-TG.....H-	280
HPV70	-SC.....-C.G.V-R.....-E...T.....DG-FVD...LV.T-KG.....C-	270
HPV59	KTG.....-----QC-YT...QHP..Q--...S.....V--YCD..NPVVRHLHPG.....N-	280
HPV7	---.....--R-DGDLs...I-A..VDGCSGR.....KY--TG-..ARSP-IE.....N-	284
HPV40	---.....--R-NGHL-I...TT-..VGKSLG-.....EY--TAD-..TRTP-PE-.....N-	279
HPV16	..I.....Q--SEPDt...GNPCHTTK-LHR.....D---A...P---AF-.....SH	275
HPV35h	.NH.....--L--GTEL...PYN..PTKRVRl...SA---VD-..GVYST-DC.....--	277
HPV31	TST.....-----TEPEH...RN-HHPNK-LR-.....D---V-..CGVISAAAC.....--	282
HPV52	--Q.....--R-..-DVTDS..RN-KYPNN-LR-Q.....Q-----T-..GLV-ATEC.....--	277
HPV33	..-.....R--ADTDT...AQP..LTK-FCA.....DPALD-..-TAR-AT-C.....--	263
HPV58	.K.....R-LDL-DSR...-N-..QYSTKYTD.....CA--RPRGGGLHSTT-C.....-Y	268
RhPV1	S-A.....--V..R-DS.....GGDP-R.....A.L-GKS...-SV-CG-AH.....N-	278
HPV6b	---.....--A..GVQQ...-P..CNA---AH.....I-P---G-..H-LI-NNHD.....QH	274
HPV11	---.....--A---TN.....N---AN.....IR-----I..N--V--NYN.....KH	273
HPV44	--C.....-----PTNT...NNA..RN-V--RN.....SD-----N--PN-YN.....S-	284
HPV55	--C.....-----TINT...NNA..RD-VS-RH.....SD-----N--YPN-YN.....S-	284
HPV13	--C.....--Q---R-IGNPQN-..Q-IV--TD.....YDTL--A-..N--NVNHYN.....N-	283
PCCV1	--Y.....--L---HCARKLQN-..SNIV-ATD.....R-TL--E-..NINNNNY-N.....N-	283
HPV34	..-.....--H-.QCD-.....DE.....-PL-FV...H-LQ.PTTD.....SS	257

E2 SuperGroup A Markov Protein Alignment

most-likely	KRRNNS.....DSDTTPIVHLKGDPNCLKCLRYRLQK.YKHLFVNVSSSTWHWTCGDG..TNKT.AI	336
HPV54	QG-HT.....SG-----F--E--T---F-Q-I--.-----EQA-----A-VP-. .-T-NRG-	334
HPV32	Q---PC.....GNQ---VI--Q-----W--K-NCS---TQ-----L-EK-YTRDS-D.G-	357
HPV42	---HC.....G-QA--VI--Q-----F--KRNCS---TQ-----L-EN-CTRDT--.G-	361
HPV3	PIGHR.....-P-CV-VI--R-----F---N-GKNK-YSRT---R-S-ES...E-QC.-Y	348
HPV28	TVGHP.....-P-CA-V-----F---H-GKRK-YCKT---R-S-ES...E-QA.-F	341
HPV10	PV-HP.....-P-CA-VI--R---S---F---HHGKRK-YSRS---R-S-ES...E-QA.-F	342
HPV29	PY-HP.....-P-CA-VI--R---S---F---NGK-G-YCKA---R-S-EP...E-QS.-F	354
HPV61	TG.D-C.....-YSS-VI-----K---F---HSVPE--DKA-----AG-QS...-TRA.-F	347
HPV2a	P-WGHG.....-T-SV-VI--R--A----F---V--HKDV-YAR-----AG-N...GD--.-F	356
HPV27	P-WDHG.....-T--V-VI--R--A----F---V--HKDK-YDR-----AG-K...CD--.-F	353
HPV57	P--GH.....-L-AV-VI--Q-EA---F---V--HKDV--KA-----A--N...GD--.-F	348
HPV26	PG-DT.....SDQ-VF-----T-S-----FK-.H-G-YC-----SN-...-QQ.G-	342
HPV51	TGGHQ.....ATQ-AF-----T----F---FT-.H-G-YK-----S...NT--.-G-	325
HPV30	TE.VDG.....GYK---V-----E--R-----C--.H-----I---Y---NTH...EY..SY	342
HPV53	T-KHLPGGASCNNTEIDSGYK-A-V--I--EA-R-----F--.H-Q---T---Y---NVNC..AVNN.SY	348
HPV56	NN.-HP.....GDK---V-----E--R---C---F--.--T---D-T--Y---ST...NKNY.S-	338
HPV66	TQ.SHC.....GDK---VI---EA-R---C---F--.--T--TD-TT-Y---ST...NKDS.S-	335
HPV18	---KLC.....SGN---I-----R-S-----R-.HSDHYRDI-----GAG...NE--.G-	332
HPV45	---KVC.....SGN---I-----K-S-----R-.ADHYSEI-----G..C..NKN..G-	335
HPV39	T--YL.....CGN---I-----K-G-----.-DT--E-I-C---IR-K...KNA.G-	337
HPV70	---HQC.....CG-----K-G-----R..FNS-YE-I-C---IG-K...SKH..G-	327
HPV59	P--HIP.....C-N---I-----K-G-----R..VHW--E-I-----GNR...SA--.G-	337
HPV7	-I--SG.....GGHS---IQ-E-A---F---T..VS--YT-S-T--R--TESR...--N.--	341
HPV40	GH--CG.....GGSS---IQ-E-EA---F---G..VS--C-S-T--R--TESR...-E-N.--	336
HPV16	-G-I-C.....N-N-----A-T-----FK..HCT-YTA-----GHNV..KH-S.--	332
HPV35h	-D-CG.....C-T-----A-T-----G..-A-YQDA---R---TND...KKQI.--	334
HPV31	QT-AV.....CPA---I-----A-I-----S...-Q-YEQ-----T...KH-N.--	339
HPV52	-G-VAH.....TTC-A--I-----S-----VKT.H-S-Y-QI-----SNECT.N--L.G-	335
HPV33	-Q-TVC.....S-NVA-----ES-S-----KP..-E-YSSM-----SDNK...NS-N.G-	320
HPV58	-G--VC.....S-KVS-----S-----KP.F-D-YC-M-----SD-K..GD-V.G-	325
RhPV1	ATGSSG.....-Y-----ES-----F--G..H--YI-I-----R-ANHA...SE...--	333
HPV6b	Q-----N-SA---QFQ-ES---F---NDRHR--DLI-----ASSKA..PH-H.--	332
HPV11	Q---C.....H-AA---Q-Q--S---F---NDK-----ELA-----ASPEA..PH-N.--	331
HPV44	-G-D-N.....YCTA--V-Q-Q--A-----HAK--T---AA---R---S...-SSN.-L	341
HPV55	-G-D-N.....FCTA--V-Q-Q-----HAKH-T---AA---R---S-T...SS-H.-L	342
HPV13	-G-D--.....YCAA---Q-Q--S---F---HEK--D--LLA-----APNN..SQ-H.-L	341
PcPV1	QQ---N-SG---Q-Q--S-N---F---HDK-----MLA-----ASSN..ST-N.--	341
HPV34	TQ.CTL.....HN.VA-----K-S-----MH-G-S--N--TT-----NNT...NS-C.GV	312

E2 SuperGroup A Markov Protein Alignment

	E5 start for HPV31 ->	
most-likely	VTLTYTSETQRQQFLNTVKIPPTVQVSLGYMSL..F...1	370
HPV54	-----S-VE-----V--R---SISM---V---...L..\$	367
HPV32	I-IH-YN-E--DK--S---L--GIKSCI-----M..LQFM\$	394
HPV42	I-IH-YD-A--NL-----SGIKSCI---MLQ-I..\$	398
HPV3	--IW---YG--EA--S---V--GI--I--H--M..-T..\$	383
HPV28	--IW---YS--NE--S---V--GI--I--H--M..-V..\$	376
HPV10	---W---D---TE---V--V--GI--I-----I..-...\$	376
HPV29	--IW---V---AE--AN-----GM-AI--H--V..-...\$	388
HPV61	---W-VNVE--K---R-T--KGI-ATA---M..CI..\$	382
HPV2a	---W---VE--TE--TR-S--KGLIALP-----A..-V..\$	391
HPV27	--VW---VE--KE--TR-N--KG-IALP-----A..-V..\$	388
HPV57	---W-K-QE--AE--TR-HL-KG-KALP-----A..-V..\$	383
HPV26	--I-FN-I---NN--T-----QSITST--I---...L..\$	375
HPV51	--IVFD-AH--ET-IK-I-V--S-TL---I-T...L..\$	358
HPV30	I-VV-KD---AN--V-----SIKIVM-H-TG..VDM.\$	378
HPV53	I-VV-KD---K--DI-----S-SLV--H-TC..VDM.\$	384
HPV56	I-II-KD---NS--SH---#S-----Q-#.....	368
HPV66	I-IL-KD---DT---V-----S---I-Q--C..P...\$	369
HPV18	L-V--H-----TK-----A-DS--ILV---TM..\$...\$	365
HPV45	L-V--N--V--NT--DV-T--NS--I-V---TI..\$....	368
HPV39	L-V--AT-S---K--D-----SS-H-----T...L..\$	370
HPV70	L-V---T-A---K--E--R---S-H--V---T...L..\$	360
HPV59	L-----NE-D-----NS--IHV-----...V..\$	370
HPV7	I----S-VH--S---AL----K-IKH--MLTI..M...\$	375
HPV40	I----S-VQ--SD--AI----K-IKH--MLT..M...\$	370
HPV16	-----D-W--D---SQ----K-IT--T-F--I..\$....	365
HPV35h	-----T-Y--DK--T-----N--T--K----I..\$....	367
HPV31	-----I-TS--DD-----N--S--T---TI..\$....	372
HPV52	--I--SD-----K-----N----IQ-V-----...L..\$	368
HPV33	--V-FVT-Q-Q-M--G-----I-T-F-T...L..\$	353
HPV58	--V--T-----L-----I-T-V-----...L..\$	358
RhPV1	--V-FAN-L-----S--TL-Q-V-T...V..\$	366
HPV6b	--V--D--E-----DV-----ISHK--F---.HLL.\$	368
HPV11	-----S--E-----S-----IRHKV-F---.HLL.\$	367
HPV44	-----VD-Q-----L--K-TYKV-----QLL.\$	377
HPV55	-----VN-E--E-----RL----TYKV-----QLL.\$	378
HPV13	-----VN-Q---D--K-----ITHK--F---.QLL.\$	377
PCCPV1	-----VN-Q---D-----A-IKHT--F--F..QLL.\$	377
HPV34	I-FMFS-TS-QK---QCA-----IS--S-----I..\$....	345

E2 SuperGroup B Markov Protein Alignment

```

                                E1 end <-
                                E1 end <-
most-likely M.....ENLSERFNALQE.QLMNIYESAETLESQIEHWQLLRKEAVLLYYARKKGVTRLGYQVPVPLAVSE      66
HPV19      -.....-V-D.-.....-A-----I-----F-R-----I-----T-----      66
HPV25      -.....-V-D.-.....-T-AQ--A-----I-R-----F-Q-----A-M-----      66
HPV20      -.....-K-----D.-.....-PD-----T-----F-QH-IS-V-----V-----      66
HPV21      -.....-D--V-D.-.....-AN-I-----T-----F-Q-----Y-----      66
HPV14d     -.....-D-----D.-.....-T-AN-----T-----F-QN-----V-T-I--      66
HPV5       -.....-D-----D.-.....-A-Q-QA-K--T---P-----E-----VK-----      66
HPV36      -.....-D.L-----A-Q--A-K--T-Q---F-QR-----VK-----      66
HPV47      -.....-A-Q-KA-L--T---T-F-Q--IN-----A-I-----      66
HPV12      -.....-V-D.-.....-A-H--T-A-T--R-----Q-I-----T-----      66
HPV8       -.....-V-D.-.....-A-Q--A-A-L-----F-Q--I--I-----      66
HPV24      -.....-KK-DV--D.L-----QGSD-----A-R-----QN--L--L-----T--      66
HPV15      -.....DT-----N-D---GRDDI-T--L---Y-Q-Q-F-F--H-M--DX-----T--      66
HPV17      -.....D-----V---N-D---GQ-DI-T-K---Q-Q-F--N-M-V-----T--      66
HPV37      -.....DT--D-----N-D---GRDD--T-M---Q-QI-FH---N-M-----T--      66
HPV9       -.....T--A-----T--DL--GR-D-Q--D--T-Q-QI--H---N-M-----T--      66
HPV22      -.....K---S---K--DL--GV-D-T--Q--K--Q-Q-F--RH-IL-----T--T--      66
HPV23      -.....S-VA-D---D.K--DL--GL-D-T--Q--K--Q-QI-----R-IM-----T--      66
HPV38      -.....T--A--TV---K--D---GV-D-DT--Q-----Q-QIIYH--RH-----S--S--      66
HPV49      -.....A-NA--V---M--D---GK-D-T---K--Q-QA--FF--HSIM-----M-----      66
HPV4       -.....S-VA-D---AI-TH-ESQES.-----QY-ENI---NAIMH---Q-L-K--L--L-T---T--      66
HPV65      -.....S-VA-D---AI-TH-ESQDD.-----RY-ENI---NAIMHF---Q-L-K--L--L-T---T--      66
HPV48      -QPE.TQ-S--T--A-Q--I--TL-EKESY.D-KDHLAY-KAV-L-N-IA----EHI-K--L--L-T---T--      71
HPV50      -TQMETQ-T--A--L-Q-DI--NL-EKDSK.N-KDH-DY-EISM---Q-AF--K-ENMS---L--L-AK---      72
HPV60      -N....QAD-T--SD-----IL-L--QDSKDIQA--QY-D-N--LY-TY-----E-YSH--L--L-A-Q---      68

most-likely AKAKQAIGMVLQLSLQKSEYGSEPWTLVDTSLFTRSPENCFFKKGVPVVEVIFDNDPDNANLYTMWKYIYY      139
HPV19      ---E-----Q-----T---S---A--Y--A--Y---M-I--Y-K-A-----FV--      139
HPV25      ---E-----Q-----F-K---S-----T-YK---H---M-I---Y-K-A-----R---      139
HPV20      ---E-----R-----S--A-A-----H---IS---Y-K-K---A---RFV--      139
HPV21      SR-----M-Q-----AK---S---A-A-----H-----S---Y---K---A---R-V--      139
HPV14d     ---E-----Q-----QF---S---G---A---H-----S---Y---K---A---H---      139
HPV5       T---E--A--Q-E---T-DFAH-----I---A-GH-----L-----Y-----T-V--      139
HPV36      ---E--A--Q---T--A--T-----I---A-DGH-----Y--A-----T-V--      139
HPV47      -R--E--Y--Q-E---AFAL-----T---K-A--H-----Y-K-EA-----TFV--      139
HPV12      ---E--E--IM-Q-----A--N-----A--YNNV--HH-----Y-KE-E---V---V--      139
HPV8       ---E--Q-----IM-Q-----FAD-----I--YKNA--H-----AT-----Y-KQ---V---H--      139
HPV24      ---E--S--Q-----Q-P--T-K-----I--KNT--H-----IN---Y-G-----V--      139
HPV15      T---D-----I-----A--K---TQ-----V--A-A-----QNI--M--K--E-IMV--V-T---      139
HPV17      ---D-----P--K---TQ-----V---A-----QNI--M---E-LMS--V-SF---      139
HPV37      ---D-----I--E---Q-A--K-S---TQ-----V---A-----QNI--M---E-LMV--A-SF---      139
HPV9       Q---D-----R-A--Q---AQ---AV---AYA---QNI--VY-G---VMS--I-NF---      139
HPV22      S---D--A-G---E---Q-AE-----E---VK---AD-----KS---Y--G--E-VMS--V-S---      139
HPV23      I---D--AIGI--E---K-AD-----E---I---VD-----KT--Y--G--E-VMP--V-S---      139
HPV38      ---D--S---E--K--K-AD-Q---AQ---AV---AD-----KNI--V--G--E-LMS--V-T---      139
HPV49      T-----M-T-----PF-K-K---N---YNA--AQ-----YNI-----G--E-LMV--A--E--F      139
HPV4       YN-----QIH-T---L--PFA--R---T-V-A-LINTS-Q--L---GYD-A-W---RQ--M---N-DFL--      139
HPV65      YN-----QIH-T---L--P---R---PEV-A-LINTA-Q--L---GYD-S-W---RY--MV--N-D-L--      139
HPV48      Y---E--NIQ--I---L---FAL-R---AE--A--IN-S-R-----V-FI-N-W---ER-SFP--C-DF---      144
HPV50      Q---D--RIQ-----Y--DF-----SEC---MLNA--R-----Q-FT-T-Q-----K-VYP-ICYE---      145
HPV60      Y-----E-G---T--S--Q-A--L-G-T---A-LLLT--R-T---KGYT-N-W---NEN-TFP--N-E---      141

```

E2 SuperGroup B Markov Protein Alignment

most-likely	QDDDDKWHKVEGGVDYTGIIYLEGTFKHYY.VLFADDAKRYSKTGQWEVKVNKETVFAPVTSSTPPGSPGGQA	211
HPV19	V-E--N---S-S--NH--L-FMQ-N-R---.-----RK--A--H-----T-----D-----R	211
HPV25	V-----SAS--NH---FMH-S-R---.-----R--N--H-----D--T-----E-----	211
HPV20	-----SAS--NQ---FMQ---R---.-----S--T-----D-----	211
HPV21	V---Q---SPS--NH---FMQ---R---.-----S--R--H--N-----D-----	211
HPV14d	---EQ---SAS--NH---MQ---RN---.-----T---H-----T-----E-----	211
HPV5	M-A---ARS--NHI---Q---N---.-----GT--E-----	211
HPV36	ME.--V---ARS--NE---Q---Y---.-----RK--Q-----	210
HPV47	M-S--V---TTS--NQ---Y-----A--E-----T-----T	211
HPV12	M-PE-V---TTS--NQ---H-D---.-----G-RM-----R	210
HPV8	T-A---TTS--NQ---MQ-S-R---.V-----R--A--E---I--D-----P---	211
HPV24	M--S--Q-Q-T-S-ANH-----I-E---.-----N---S---RI-----D---. .	209
HPV15	-TL--T-N---KI--H-A---L-V---.IQ-EV--A-FG---I--H--ED-I-----S-A..A-EG-	209
HPV17	-NL--T-N---R---H-A--M--SL-V---.IQ-EV--A-FG---R--H--ED-I-----S-A..A-EGT	209
HPV37	-TV--T-N---H---Y-A--F--DL-V---.IQ-EG--A-F---R--H--D-I-----S-A..A-EGT	209
HPV9	-TVN-T-E--Q-H---F-A--F--V-T---.IN-DK--A--GR--V--H--DI-----S--TGD--. .	209
HPV22	-T--ES-E---H---A--I---T---.IK-ET---GT--H--H--D--T-----V-V..	207
HPV23	-T-E-T-E---H---A-FY--QL-N---.IK-EA---FGT--M--H--D--T-----V-D..	207
HPV38	LT-E-I-E---H---A--Y--KL-V---.LK-EN---GV--L--H--D--T-----V-DST	209
HPV49	V-S-N-Q-Q-T-S-ANH-----A-A--KD--I-Q---.T---V--GTS--Y--RI-N-----S--LR	209
HPV4	--MNEQ---K-E---D-L-FTDH-GERA-FT--SS--Q-F-R--L-T...H...-KTQVI-S-I...V..	200
HPV65	--VNEI---K-E---D-L-FTDH-GERA-FT--ST--H-F-R--L-T...H...-KTQVI-SSV...V..	200
HPV48	---QN---T--L--HN-C--VDLNGDFV-FT--QP--VK-G--L-T...R...-KNK-I-AS...V..	204
HPV50	---R---K-L--HN-L-FK-V-GDSV-FK--QP--TV-G-S--T...I...-KNK-IHSS...V..	205
HPV60	---IEQ--RTR-E---N-L-FT-NNGNRA-FL--DS--QT--Q--T-T...H...YKNQII-A...V..	201
most-likely	DSNTSSKT.....PTTTT..TSSDSPTRQ.....SKQSQTETKGRRYGRRPSSRTRRTT.TRQSR	265
HPV19	-P-----DSR-RL--AS.....RE-----N-----E-----Q-Q---K-	267
HPV25	-----D-.A-RL--GS.....GER---S-----E-----QQAQA--R-	266
HPV20	---A--Q-----A--DS--TRQ--R.....N-----Q---R-	264
HPV21	-----T-----A--DS--RL-S.....R-----N-----Q--H-R-	265
HPV14d	-----A-DS--RL--ADS.....R---AN-----E---R-	267
HPV5	-T--TPA-----S-.AV--TS--LT...T--P---R-----KS--SQ--QQ--R--	269
HPV36	-T-A-----S---.ATV--T-K-LT...T-E-P-----K-----PQAKQ--R-	268
HPV47	-PD-----A.ATDT--R--S.....IN-----R-G-----PQ...H-R-	267
HPV12	-PDAT-----A.-----T--SS.....D---ADPRRKG-----QE--QQ--R--	263
HPV8	-TD-AA-----A--TS--QR...SPA--P-----PQKE.Q--R--	266
HPV24	...SRELP.....GS-AN..SKAS---Q-P...QQAC-DE-.--RK-----E--.P..-D..S-CR-	257
HPV15	T.SID-AP.....ESPANRQL--T-VS.....-RKRTPPR-EA--N-KE--P-----	257
HPV17	-ASPINAA.....SRSSP..ARGL-A-SV.....-TRTT-R.-SP--R-KA--.P..-A...T	256
HPV37	-GAA-VH.....VSGSPL.ARGF-T.....SV-TRKR-PP--R-KA--.P...A...A	255
HPV9	.E--KH.....L.....SR-G---.T-RLPA-TVPTG-S-T--R..YQR.KAS-P	251
HPV22	..ASQNSA.....EPA..ST---Q.....R-S-V...TH---KA--.P..-I...I-	246
HPV23	..ASNNAV.....EAS-..--LS--Q.....R-PS-..N---KA--.P..-A...-	246
HPV38	--ASRAAL.....EP..ST-V--E.....RPPS---A---KA--.P..S--S...	249
HPV49	E-SNA-PVHDTVDETPTS--A...-TTF-T-TATATATGAPEL-SK-G-RKG---KD--.PTAASN.S-KEV	278
HPV4S-----Y.....S--FDTE.....EQ-LP.....GPS.T-Y.SEV-EQ.A...P	231
HPV65-S-----N.....P-FDFE.....EQ-LP.....GPST-TY.-EL-QA.S...P	231
HPV48-SR.....N.....TNP-SE.....SRV.....GLS.T--.S..SE..S...P	230
HPV50-SR.....S.....AFG-A.....DE-P.....GPS.T-Y.D..KSQ.Q...E	232
HPV60-SK.....Q.....S-D-YTS.....AG--P.....HFFAS--.S..P---D	233

E2 SuperGroup B Markov Protein Alignment

most-likely	SRSRS.RSRSRSRSRS.....TSTSRTRSRSRSLTK.RR.....SRSRS.....RSRGR.....	307
HPV19	---K-.K-----L-SN-R---K-.....KA-TT.....G---GSP.....	308
HPV25	---K-.Q---R.....IR-R--S---E-QSSK--.....RKTSATRGRGP...	318
HPV20K-K-K-----R-RH-S-----ESPR--.....Y--.....GS-GRVALRA...	313
HPV21K-----RLR--S-----Y.S-.....Q-SDQPQY-F-SGGQVSLITTATT	321
HPV14dK-----R--L-----QSSE--.....Y--.....S-QKEVS.....	310
HPV5	--H--K-----K-QT...H-TR-T---T---T-AL..T-----G-SPT.....	318
HPV36	--H-S-----Q---HT...PT-RSAT---P-A-.TGVQRVST---TS-R.....	321
HPV47	----S-QTH-ST...T-T-TTY---T-N..T....A-----TS-ST.....	314
HPV12	--Y-.Q-N---Q-QTRALGA-V-S---P-V-QI-N...R---Q---GGRGS.....	317
HPV8	--H-T-----L--VRA...VG--TVS---S---AV-...P---AT.....	314
HPV24	..S--QKKQG-.....RAR-----CS-.Q.T-----T-.....RSRS.....	294
HPV15	..QK..-QGGQ-QE.....D-A-R---T-.....G-QEI.....SRG-N.....	288
HPV17	..HK..-QDI..R--ST--G-Q.....AI-.....GGE-.....	282
HPV37	..QK..-QGE..D.....ATR---T-.....G.....KQAT-.....GGD-.....	285
HPV9	TTRKK..Q-Q.GE.....GEGEGEET.NY.--Q---KG-TETER.....	289
HPV22	..QKR..E-Q-QE.....PTR-RKT--TE.....QRG--.....	278
HPV23	..QK..-QGGK..E.....LTR-RKT--E.....QRG--.....	275
HPV38	..Q-K.GQ-E..T.....G-Q-R.RK---TN.....G-.....	279
HPV49	--R-...-T...TRR-EA-T--QKA.S-.....TS-.....	314
HPV4	T-R-..KP-K.-D.....A--T-.-PETE.....GV.....L-R-.....	258
HPV65	CGRG..K--E-.Q.....P--T-.-PET-.....GL-V.....RGR-.....	260
HPV48	..R-..P-I..E.....N-N-E-PTS-.....T-.....L-E-.....	255
HPV50	..G-.GQPK..A.....LQD-EPPT-.....TV-.....	255
HPV60	GGQT..SQEG..V.....S-T-.-P-AV.....L-R.....RSNE.....	261
most-likelyTRRRRGRSSRTSSSTS.....GRGRRGGS.RGGRERRS...RSR	343
HPV19TA-SDQSS--P-A--T--LRS.....RGSSRV--S-G-R-.-V--S-GR...GK-	355
HPV25	..GSPTTT-SD-AA--P-T--A-Q.....RSQRS-S-A-S-....G-GG...-R-	365
HPV20	..ITTTTIT-T--A-GG-PTST--T.....SQRS-QL--G-.-SRQ-AR..GR-	360
HPV21	TTTTATNYST-GS-G-S-----KRPR-.P--A.I--SSG-G...-RS	367
HPV14d	...RITT-T-G--G-S--KR-.....Q-.A--RG-.-S-GR...-S	348
HPV5TC--GG--PR-R-R-P-TSSSCTQRSQRARAESSTTRGARGS--S-----G--R...GRS	380
HPV36GG---S--P-TS--T-TNKRSRVR.....AETTGSRGARG--A---G---G...-S	376
HPV47ST-S--G-G--TRQR-R-PSTYTSKR.....SREGNTRGRGR--QG-A--S---Q-R...-R-	371
HPV12	...STDTT-K--S---SNTRKR-.....Q--E--RGE---GK-R...DRS	359
HPV8ATS---A-G-P-RRR--RSPST.....NTFKRSQR-G---RG-.-S-G--E...-RS	365
HPV24S-GNR-..C-GDTPRG.....Q--VSTS-.-G-G-...-RS	327
HPV15Q--R-.-E.T-I-.....PAW--G-R-.-R-PTT--Q-K	321
HPV17RQ--E--Y--D-.-R-.....PN-.G---S-PTT--Q--	317
HPV37R--E--Y--D.T-S-.....PD--G-R-.-P-T-...Q--	321
HPV9GGE-----AD-TTPT.....DRR-.G--G-.-PTT--Q--	327
HPV22AT-...-L--E-.-AE-.....P-.-G-RG.G-PLT-...-	309
HPV23ETQ.....G.A-K-.....P-.-G-R-.G-PLT-...-	306
HPV38DT-...-G-.-V-.....PTR-...-DS--R...GPV	310
HPV49GS-GS-G.-VT--RDS-.....PK-T--RG-.-S--PTPT-T	353
HPV4R-E...GK-GPG-GE-P.....RK-....G-.-G-TEL...G-A	291
HPV65Q-K...SGPGBP.ETP-.....K-....G-.-G-T-L...E-A	291
HPV48R-..EP-.E-G-.TD-T.....P-....TK-KLG-...D-A	284
HPV50L-.-.-EREHH-.....Y-.H-K...SQS-LGA...D-A	282
HPV60QQ-...EL--E-.-PRT.....K-.-V...P.D-VDR...Q-A	288

E2 SuperGroup B Markov Protein Alignment

most-likely	S..SRSPTR..KRSRGES..SSSRQRGVSPDEVGKSVRSVSSRHTGRLGRLLEEARDPPVILLRGDANTLKCF	410
HPV19	-RE-P---NT.----RQ-. .G--LH--A-A--T--HT--G-N-----L-----V--EP---RS-	425
HPV25	HRL-E---S. .----R-. .G-V-LH--A-A--T--HT-----L-----V-----RS-	434
HPV20	-S.-T---PS.-----E-V--H-I--SD--TA-YT-----D--L-----V--EP-----	429
HPV21	-. .-T--SPS.-----K-. .E-V---I---D---LQ---T-N-----D--L-----V--EP-----	435
HPV14d	. . .-T---SS.----R-. .E-----I--SD---LQ-----N-----D--L-----V---P---R--	415
HPV5	-S.-S--AH. .----G-. .AKL-. .----G--G-L-----K-----IVK-A----NV	446
HPV36	-. .-T--AH. .----EH-. .VR-. .----Q---L-----K-----L-----V--E-----	441
HPV47	-F.-T--DSS.---V-R-. .PKY-. .----S---QL---GAK-S-----V-----	438
HPV12	-. .-T---P. .----AG-. .R-----EQ--R-LQ---K-R-----L-----ICK-G-----	426
HPV8	. . .-T---PT.-----RL-. .----S---R--Q---AK-----D--I-----V--E-----	430
HPV24	-S.-S---PRT-A-QRGCDTR-V-DS-I--GD--RKLQT--G-NS-----L-----G-----	399
HPV15	-L.---RS-SKS-----PRG. .-I--AD--S-----LGRK-----E-----K-----	388
HPV17	-L.---RS-SRS-----AGG. .-A-EQ-----GRNPG---T-----E--K-----	384
HPV37	-L.---RS-. .S-----RG. .-A-A-----T-GRD-S---K---D-----V-----K---Y	386
HPV9	-R.---HS-. .S---G. .TA-. .V-----TR-----GAG-H---A---A--K---LM-----V---Y	393
HPV22	. . .---R-. .E-VD.G. . . .G. .-A---ATL--IGRQ-S---AQ--DA-K-----A-----Y	368
HPV23	. . .---ES. . . .VT.G. . . .G. .-A-S--A-L---RHSS---AQ--DA-K-----G-----Y	363
HPV38	. . .T--RS-. .SL--A. .-AGG. .-I---K--TA---GRQSG---T---AD-A-----Y	373
HPV49	-. .K-ERR-. .S---GE. .PV-GGV-I--K--SR-QT--G-L-----S-----P-I---Y	420
HPV4P--AE. . . .V-.H.RQ-E.RQGL.S---L-QA-----M--K-T--S---W	337
HPV65P--GE. . . .V-.H.RT-E.RQGL.S---Q-QA-----M--K-T--S---W	337
HPV48PT-SE. . . .V-.TTLA.RHGY.S---Q-----LV-FT-QQ-N---W	330
HPV50PT-EE. . . .V-.HT-A.AHGL.S--R--Q-----LIIT-QQ-N---W	328
HPV60	V. .GSA--A. . .EEV-.H.RSLP.R-GI.S--A--QG-----IL-IK-L--S---W	338
most-likely	RNRAKKKYAGLFKSFSTTWSVGGDGTERTLGRSRMLISFSNTQRKDFDKTVKLPKGVDSYGSLSLGL	479
HPV19	----HM-R--S---A---A--I---T-----V-FN---H--D--RY---R-F--F---.\$	493
HPV25	----HM-T--S---A---A--I-----I---S---H--DA-RY---R-F--F---.\$	502
HPV20	----QR-T--Y---A---A-----I-FS-----E---Y---R-F--F---.\$	497
HPV21	----L-----Y-A---A-----F-FE-----Y-----R---F---.\$	503
HPV14d	----Q-FT--YRA--A---A-----F-FN--R--Q---Y---R-F--F---.\$	483
HPV5	----I--M--R-----A-----P-----Y--R--EA-RY---KA--N---.\$	514
HPV36	----I--M--YR-----A-----P-----YN--R--DV-RY---EK--N---.\$	509
HPV47	----RN--R--R-----F---A--SI-----CL--R--DA--Y---E---.\$	506
HPV12	----RH--T---A-----A--S-----P-----T-TN-----E---Y---ETA--N---.\$	494
HPV8	----RVR-R--Y-----A--S-----L-T-AG-----E---Y---T---N---.\$	498
HPV24	----LR-R-HY-A--S---AA-----L-V--T-FK--SG-LDL-RF-----L--F-K-. . \$	467
HPV15	-F-----QD-V-YY-----TSND-I---L-LA-----E-EL-I-IM---P-----L-Y--D-. \$	456
HPV17	-Y-----R-GS-V-YY-----ANTND-I-----LA-NTYDE-EL-IQKM---P-----L-H--D-. \$	452
HPV37	-Y-----HGN-V-YY-----STND-I-----LA-Q---E-EL-L--M---P-----L-H--E-. \$	454
HPV9	-F-ER--KR--V-YY-----E-SCD-V--A--ILA-DTYEH-QQ-IR-M---PT---L-NV-D-. \$	461
HPV22	-Y-FR--H--S-QFI-----HT-D-I---I---HTDRE-EKCLQQM---L--E---QF-D-. \$	436
HPV23	-Y-FR--H--K-YYV-----I--HS-D-V--A---A-H--HE-EKCIQEM---L-----QF-D-. \$	431
HPV38	-Y-FR--H--G-RFV-----I-DASND-I-----LA-Y-ES--EK-IQ-M---T--E--L-QF-D-. \$	441
HPV49	-Y-D--RKL--V-HY-----V--N--I-----L--T--ST-SQYV-IM-----E--F-NF-K-. \$	488
HPV4	-Y-KVNSNCCN-LFM--V-N---. -CSHN. .H-----A-D-TD--DA-V-HNLF--LCTYT---N-. \$	402
HPV65	-Y-KQNSSNCG-LFM--V-N---. -VS-N. .H-----A-K-PG--DS-V-HNLF--LCTYT---N-. \$	402
HPV48	---CTT---S--LC--SV-K-L-PNSDGG. .AAKV-VA-K-DA--QV-LN--HI---TTITL-R-----.\$	396
HPV50	-Y-FSQ---D-YECC-SA-K-L-PKSEGYR-DAKL--A-KNPE--LS-LN--G---NTTY-M-H----.\$	396
HPV60	-Y-L. .---TRY--CM--VFR--DI-VP-S. .S-HKL-VV-NDT---DV-M-L-T--R-CTYTF-T-N--. \$	404

E2 SuperGroups C-E Protein Alignment

SuperC.con	MKM??AcerL??AQETQMqlIEKdSdKlqDHilyW?aVR?EntLLYAARKKG?tv1Ghc?VP??Vcqe	58
	Start of activation domain in BPV1 -> E1 end <-	
GroupC1.con	METACERLHVAQETQMQLIEK?SDKLQDHILYWTAVRTENTLLYAARKKGVTVLGHCRCRPHSVVCQE	66
BPV1	-----S-----	67
BPV2	-----A-----	67
	E1 end <-	
GroupC2.con	MKMSAA??LLAAQETQM??L?DH??WG?VRRE??LLYAAR?KGL??G??PVPPCSV???	46
EEPV	-----SDH-----QC-----RL-Q--ACY--A--KL-----T---KTI-CV-----TAE	69
DPV	---KEQ-----TL-----TD-K--IDS--P---HG-----H---IWL-LN-----KCL	67
	E1 end <-	
SuperD.con	MVSLEARFQDQDLQVYENDSNTLELCLQYWALIRRENALYYARQQGKTRGLYTVPPTRVSEQ	67
BPV4	-----	67
	E1 end <-	
SuperE.con	MSQME?Ls?rLD?lQEql?LYEKds??ledqi??WnLlR?Eqvl?h?ark?Gimr?G?q?VPSl??Sq?	52
HPV41	-----R-LE---YI---I-T-----VD---H-RL-----R-NAIWYVL-QE-HA-V-GRA--AMTV-EA	70
COPV	--K--EA--L--E--S---QN-QS-A--SRH-S---K---LYY--GK---I-M-P--PQSV--A	67
CRPV	--A--Q---SI--E--S---E-TS--S-LQH-----K---L-FCK-H--RQL-YTP---LT--E	67
	E1 end <-	
GroupE1.con	ME?L??RLD?LQEQL??LYE?DSK?IEDQI?QWNL?RQEQVLFH?ARK?G?MR?GLQ?VPSLA?SQ?	50
HPV1a	--N-SS---L-----MN---Q---L-----K---I-----F---N-V--I---A-----S--E	67
HPV63	--S-NN---W-----LT--K---D-----M---L-----Y---K-I--L--V-----A--D	67
	E1 end <-	
Unclass.con	MESIHSRLAAVQEELMCMYEDGEETLEAQLKHWGLLRKEQVLLHAARQHGHNKIGLQAVPPLSVTQQ	67
MnPV	-----	67
SuperC.con	rAkQAIeMQLslqeLsk??gnEPWsLld?SWDRY??ePKrc?KKGARvVEVE?DGn?sN??WYT??s?lYmR	117
GroupC1.con	RAKQAIEMQLSLQELSKTEFG?EPW?LLDTSWDRYMSEPKRCKFKGARVVEVEFDGNASNTNWTYVS?LYMR	136
BPV1	-----D--S-----	140
BPV2	-----N--C-----	140
GroupC2.con	?A?QAI?MQL???L??SPW??EPWSL?DLsw?RYQA?P??LKKGAR?VEVEYDG?S?NKTWYTAW??Y?R	95
EEPV	Q-K---C---IVEE-LH---AK-----T---E---A-KGC-----V-----N-S-----STV-V-	142
DPV	E-R---E---LGNS-KE---CN-----C---G---P-AET-----L-----S-T-----NSL-L-	140
SuperD.con	KAKDAIKMYLCLLESQSEFANQRWSLVDTSIETFKAPPENTLKKRQHVTVIYDQNAMNSMVYTLWKEVYV	140
BPV4	-----	140
SuperE.con	kAK?AIEm?lylesL??SpY??E?WsLqdTsrErflapP??TFKK?g??ev?yd?dp?N?tr?tlW??yyq	104
HPV41	N--F---QIK---KA---AA-G---E-TK--Y--E-SR---L-QPVTLMF-N--E-L-EVW--KWV--I	143
COPV	---Q---QS--ID--LH-K-AN-P-T-C-----LV-E-AY---G-KQID-R-GDSEE-IV-YV--LDI---	140
CRPV	C--Q---V--I---LR--SD-P-T-----ES--QK---NPAIV--Y--G-RG-NNEY--GIFIIIG	140
GroupE1.con	KAKTAIEM?L?L?L?DS?YG?E?WSLQDTSRE?FLAPP??TFKK?G?T?EV?YD??P?N?TRHT?W?H?YYQ	101
HPV1a	-----V-H-ES-K--P--T-D-----L-----AG---S-S-L--T--NN-D-Q---I-N-V---	140
HPV63	-----T-Y-SG-R--Q--S-Q-----I-----DH---G-Q-I--I--ED-N-S---V-R-I---	140
Unclass.con	NAKNAIEMHLLQSLAETPYAREAWTSLQTSREMYMAGPSGTFKKDGTIVEVIFDGDKTNMPTYTKWGKIYFA	140
MnPV	-----	140
SuperC.con	?te??G..W??AkagADgtGlyYctmagagr?Yy?rF??AarfStTgh.....?VR.D?DrvY??vss??	164
	E2 spliced here in BPV1 producing E8-E2 repressor ->	
	Start of internal hinge in BPV1 ->	
	End of conserved N-terminus activation domain in BPV1 <-	
GroupC1.con	.TED.G.WQLAKAGADGTGLYYCTMAGAGRIYYSRFG?EAARFSTTGH.....YSVR.DQDRVYAGVSSTS	197
BPV1D-----	202
BPV2E-----	202
GroupC2.con	??EEG..WETA??AD??G??Y??????VY?E?FE?DA?R?S?TG?.....WTVR.DND??YHS??AP	129
EEPV	GTE---.----VCA--GQ-IY-C.AGMSSK--F-T--T--R-W-R--H.....---VI---TFG--	205
DPV	KPD---.----TGG--AD-LF-.TMSGTR--Y-L--R--A-Y-T--T.....---RT---HS--	202
SuperD.con	.DETET..WHKTSSLDYDGIIFY.IDNQGNKIYYVNFQDDAALYSNSGM.....GQVHFESKVL.SPSVTSS	202
BPV4	202

E2 SuperGroups C-E Protein Alignment

SuperE.con	.n?dd?.W?Ka?sgvD??GvyY.?dheg?k?YYVdF?eeA?r?s?tG?.....y?v?y?g?rl?nvs???s	145
HPV41	.TPT-E..Y--RG-I-DT-I--I---SV-M---R-DM--ENF-E--T.....VTYR.L-SA-V--PEPVT	205
COPV	.DEF-T..E--HGKL-HK-LS..M-GTQQV-----E---NKY-E--K.....EILNQPTTIPTT-AAGT	202
CRPV	.-A-GE..-V-TE----YR-I--.V-S--NVV-----STD-G-FAAN-H.....-D-VFQNM--S.S-VTS-	202
ROPV	VP-T--EK----.R-T--NNI-----ETD-A-F-SK-E.....-E-V-KSQK-SVS-VTS-	55
GroupE1.con	.NGD???.WRK??S?VD??GV?Y.LE?DG?KNYV?F?EEA??YS?TG?.....Y?V?Y?GKRFITNVMs???	142
HPV1a	.---DV..---VS-G--AV--Y..--H--Y-----L-A---SK--T--Q.....-A-N-R-----STS	203
HPV63	.---NR..---AA-D--VH--F..--Y--V-----D-Q--NR--K--R.....-T-Q-E-----PVN	203
Unclass.con	.DPNGN..WSRTTSHDTINGIYF..NKSGDKEYYVRFKKEAKRYSLTGT.....WEVHDGLETHSLIPVTS	202
MnPV	.-----	202
SuperC.con	s??Rdrpdg?ega?egp?gd??g?eaepa???ssllgspac?pir???gw???g?r?h?y????g?g????r?	206
	E3 start for BPV1 ->	
GroupC1.con	SDFRDRPDGV?ASEGPEGDPAGKEAEPAPVSSLLGSPAC?PIRAGLGWVRDGP?HPY?FPAGSGGS?LRS	264
BPV1	-----WV-----G-----S---N-----I---	275
BPV2	-----S-----V-----P---H-----L---	274
	E3 start for EEPV ->	
GroupC2.con	?HSR????IEG?W??G??RG?R????DRA????????????PVR??ENR?R??R??PYS?P?SP?S?V	159
EEPV	P---NDRDC---F-SDA-ER--S-GSDTT---LPYPAARQSPICR---TG---S-AVH-QA---A-S--G-S-	278
DPV	S---ET...---L-NSG-RE--.-PTNSP---VLHTPPGGNTVHG---AC---G-SIN-PT---T-Q--R-G-	271
SuperD.con	LRVGSTGGQRGTQTDHARGRSRPSRSDRARGR.....QQRA	241
BPV4	-----	241
SuperE.con	s?p???a???t????????????????g????r????s????r??r??sr??r????p??sr??g???????	161
HPV41	VTSSSTRER-PKVLRPQGSRRRNEET-EPVAPAPKRRRGAYGRRSSPKAQR-TAAS-VSRGNG-SSDFTSG	278
COPV	-G-ELPGHSASGSGACSLTPRKGPSRRP-RRSS-FPRR-GGRG-LG-GG-GELPPQPQ-SS-WSPSPQVGS	275
CRPV	PQ-LVS-PED-VPEEAPDSAVPAAQKKT-PKTT-TL.....G-RR--SPGVQRR-AKQ-KQAAPDEADS	266
ROPV	TPLRPI-LGN-LDNATASPAPAVSAGPAHHPQTPVKSL-GPVS-YG-RR--SPGVGFD-AR--RQ-KHPTDFN	128
GroupE1.con	S????????????P?????T????????????????????R??????R?P?????R?????R?????	150
HPV1a	-PRAAGAPAVHSDY-TLSESD-AQSTSIDYTELPGQGETSQVVRQ-QQKTPVR-R-YGRRRS-SPRGGG-REG	276
HPV63	-SPLRTSGSPDTDN-ATQGS-QTARKAETKGSRRHHPKSPAVRKR-PYGRRRS-S-RDTTLR-GEGESA-ASA	276
Unclass.con	STPQTGFPRGDPVRLHGNTTGLPIPLRNSSSNQILLREGRGDYPDGARRETRRYQGPPTPRSLSPPIYRP	275
MnPV	-----	275
SuperC.con	g?.?pv?g?vpv??a.?rqe?e?pqspdst.eep??sP??tdvidgfhllka?fs?????????.....	245
	Start of conserved C-terminus DNA-binding and dimerization domain of BPV1 -> End of internal hinge for BPV1 <-	
GroupC1.con	?S.TPVQG?VPVDLA.?RQEEEE?QSPDSTE.EEPVT?PR?T??DGFHLLKAG?S.....	307
BPV1	S-.....T-----S-----L--R-TN-----G-.....	326
BPV2	A-.....P-----N-----V--H-SDA-----Q-.....	327
GroupC2.con	GP.D??S?????VP?.????V?LP?????????.???PPSPD?DVI????????RFS?????GG?.....	181
EEPV	--.SP-ESSRQ--L.....L--GPSDPA.....ST---AEGDKEPE---ILSKP--Q.....	331
DPV	--.TT-PLPSP--Q.NPRC-S--DGFRGE.EDN----QH---PNPQPKEP---LFGSS--L.....	332
SuperD.con	QS.SSRSRSRSRRS.PTKGPHSSGRDTRLP.SPGRPPGGRRRTPERERCPTPTPTPDQ.....	300
BPV4	-----	300
SuperE.con	?s.????????????????r?p?????g???.?????????????.....	165
HPV41	E-.DEGHRVHRALR.KKTAGVAPAEHG.....	304
COPV	KH.QLRTTSSAGG.....	287
CRPV	AA.GDI.....-P-APEDV-RR.TTTVGRTPPGRNR.....	295
ROPV	AN.TISADSTDSTDF.SPAF-P-TPSEV-RR.NTTAPRESARGLGG.....	171
GroupE1.con	?S.????????S?????.?????????????????.?.....	152
HPV1a	E-.TPSRTPG-VPSA.RDVGSIHHTTPQKGH.S.....	306
HPV63	G-.GERVAFI-PGDV.GTSTRSPKGGQS.....	303
Unclass.con	PP.SYEESSRRRKL.RRQDGRVKYPASPYR.TKPPGETSSDDEDEGRGGHEPRPQRRLLRGLRDRGERAPER	345
MnPV	-----	345
SuperC.con	245
GroupC1.con	307
BPV1	326
BPV2	327

E2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

```

* coordinate 2756 in HPV16R
most-likely ATG.....GAGACTAGCCAAACGTTTAGATGCGTGCCAGGACAAAATACTAGAACTTT 55
HPV54      ---.....-C-A-C-----T-----A-GGC-T---C-A- 55
HPV32      ---.....-G-----G-----AC-GT-GT---G- 55
HPV42      ---.....-G-G-----AC-GT-GT---G- 55
HPV3       ---.....-A-----G-C-----T-----G- 55
HPV28      ---.....-A-C---G-C-----T-----G- 55
HPV10      ---.....-A-C---G-C-----G-----A- 55
HPV29      ---.....-AC---G-C-----G-----G- 55
HPV61      ---AG.....GATG--T-----G-C-----G--T---C-C- 61
HPV2a      ---.....-A---G-G-C-----G-CGT-G---G- 55
HPV27      ---.....-A---G-C-----G-CGT-G---G- 55
HPV57      ---.....-A---G-G-GC-----G-CGT-G---G- 55
HPV26      ---.....-AC--TTG-C-G-----A-----G-----CTA-- 55
HPV51      ---.....-C--TG-C-C-----A--T-----G-----CTG-- 55
HPV30      ---.....-T--TG-C-----G--T---CTG-- 55
HPV53      ---.....-G--TG-C-----G--T---CTG-- 55
HPV56      ---.....-G--TT-C-----A-----A-----CTG-- 55
HPV66      ---.....-T--T-C-----A-----CTG-- 55
HPV18      ---CAGAC....ACCGAAG--A-C--TT-GG-----AG---TG-----CA---C-AC- 67
HPV45      ---AAGATGCAGACACCGAAG--AT-C--TT-GG-----AG---TA-----C-AC- 73
HPV39      ---AAGGAG...ACAATGATGA-A---TT-AC-----A--T-TA-----TAC- 70
HPV70      ---AAGGAG...ACAATGATG--A---T-C-----A---TA---G-----A-- 70
HPV59*     ---CAGAC....AGTGATG--C-C--TT-GC-G-----AG--T-TA---TC---T---A-- 67
HPV7       ---.....-A-----GG--CC---TT-----AC-GT-GT----- 55
HPV40      ---.....-AT-----GG--CC---TT-----AC-GT-GT-----G- 55
HPV16      ---.....-T--TTG-C-----A--T--T-----AC--A-- 55
HPV35h     ---.....ATG-----G--TT-C-G-----AG--T--T-----A-- 58
HPV31      ---.....-T--TT-TC-----A--T--T-----T---A-- 55
HPV52      ---.....-T-GA-C-GGC-----A---AGTG---A-----T--A- 55
HPV33      ---.....-GA-A--T-AGC-----A---AGTG---G-----T-- 55
HPV58      ---.....-GA-A--T-AGC-----AG---AGTG-----C---CA-A- 55
RhPV1      ---.....ATG--AG---T--AG-G-----AG---TG-----G--CT-----G- 58
HPV6b      ---.....-AG--A-----G-----AC-GT-GT----- 55
HPV11      ---.....-AG--A-----G-----TC-GT-GT----- 55
HPV44      ---.....-A-----G-A-----T-----AC-GT-GT-----G- 55
HPV55      ---.....-A-----G-A-----T-----AC-GT-GT-----G- 55
HPV13      ---.....-A-----G-A-----AC-GT-GT-----G- 55
PCPV1      ---.....-A-----G-A-----AC-GT-GT-----G- 55
HPV34      ---.....ATG-----GTG-----AG-----T-----GC---C-----G- 58

```


E2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

```

      <- E1 end for HPV6b, 34, 39, 51, 30, 32, 3, 27, 7, 16, 31, RhPV
      <- E1 end for HPV52, 35h, 33, 58
most-likely ATGAA...AAAGATAGTAAAAAACTAGAAGACCATATAGAGCATTGGAAAATTTATACGACTGGAAAAATGCAAT 125
HPV54      -----T-----G-----A-----A-----GC-----C-----GTG----T- 125
HPV32      --G...G-----C-TT----A-A--G-GC--C-----G-G-T---CA-A---GCA--CT- 125
HPV42      --G...G--A-----GGG-TT--C--A-A-----T-A-----G-T---TA---GGCA-TGG- 125
HPV3       ....-G----CG-C----T-G----A--AT-----C---G--G--GT-A--GC-A--TT- 125
HPV28      -----G----C--C----T-G----G--AT-----C---G--G--TG-A-----TT- 125
HPV10      -----G----CG-C----T-G----G--CAC-----C-C--AT-G--TG-A-----TT- 125
HPV29      -----G----CG-C----T-G----G--CAC-----T-TC---G--TG-A--G-G---GT- 125
HPV61      ....-G----C--C--G--T-G----A--TT-----C-C-A-G-G--TT----- 131
HPV2a      -----G----C--C----T-G--T-G--TA-----GCGCAGG-C--G--A-----TC-- 125
HPV27      -----G----C--C----T-G--T-G--TA-----GCGCAGG-T--G--A-----TC-- 125
HPV57      -----G----C--C----T-G--T-G--TA-----GCGCAGG-C--G--A-----T--- 125
HPV26      ....CTG-C----T--T--ACT--T--A--T--TT-----C-GG----TAT---TG----- 125
HPV51      ....CTG-C----G-T--T--T--T--A--TA-CT-----C--GT---TAT---GC---T-- 125
HPV30      T-----G----C-----A-T-----T-T-C-----GC-G-----AT-----TTG- 125
HPV53      T-----G----C-----TA-TAC-----CT-C-----GC-G-G---AA-----T--- 125
HPV56      T---%A-----G-TGTA-T-C---T-----AT-----GC-G-G---AT-----TGC- 126
HPV66      -----G----C-----TGCA-TAT--T-C-----CT-----GC-G-----AT---T--T-T- 125
HPV18      ....-T-C-----G-CA---CAG--A--C--T---C--C-A---TTG----- 137
HPV45      ....-T-C-----G-CA--A-CAG--A--AGTT-----C--C-----TT----- 143
HPV39      ....C--C-----TC-A--T-T--T--A--TA-TT-----G-G-G--A----- 140
HPV70      ....C-G--C-----CT-A--T-T--T--A--CA-TT-----A-G-G----- 140
HPV59*     ....-C-----G-CA-TA-T--A--C---A-CT-----C-GG-G--TA-----T--- 137
HPV7       ....C--C--C---C-G---C-GC-----TT---C-----A-----TTAT---G--T--- 125
HPV40      ....C--A-C--C---G-G---C-GC-A-----TT---C-----A-----TTAT---G--- 125
HPV16      ....-T-----C-G--C---CGT-----CT-----CAC--G--C--A---TG---T--- 125
HPV35h     -C--G...-CT----C-C-TGTT-GTCT--T--C---C--T-----C-G--T--T--T--TG---G- 128
HPV31      ....-T-----CG---TTGT--T-----CT-----CA---T-----T---TG--T--T- 125
HPV52      -C---...GCT-----TG-C---A-C-CA--A--T--A-----G-CT--A---TG--TTT- 125
HPV33      -C---...GCT---AA-CTG-TT--CC-TCA--A--T--A-----C-G-----CA---GTG---TT- 125
HPV58      -C---...GCT---AA--TG-TT--AC-TCA--A--T--A-----C-A---CA---GTG---T-- 125
RhPV1     ....GCT---C--GG-CT--A-----A-----C-----G-G-G--C-AA---TG---G- 128
HPV6b     ....G--A-C---CTG-C---C-CA-A--G--TT-----GC--GA---AT---G--T--T- 125
HPV11     ....G--A-C---TTG-TA--C-CA-A--C--TAT-----GC-----T-----G--T--T- 125
HPV44     ....G--A-----T---TAC-A-A-----C-A-----G-----TAT---TG--TGT- 125
HPV55     ....G--A-----T--C--TAC-A-A-----C-A-----GC---A--TAT---TG--TGT- 125
HPV13     ....G--A-----TG---TA--A--A-----C-A-----GCT--A-GTAC---G--T-C- 125
PCPV1     ....G--A-----TG---TAC-A-A-----C-A-----G-G---G-AC-----T-C- 125
HPV34     ....CGT-----T-C-TT--AGT--T---T--T--C-----CACG-G-----T-T- 128

```

E2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

TATA box for HPV31, 35h, RhPV
 -> <-

```

most-likely ATTATATAAAGCAAGAGAAAATGGGCATGACACATATAGGCCACCAGGTGGTGCCAACATTAACAGTGTCAAAA 198
HPV54      GCA---C-----CC-G-----ATAC-A-GTGT--CAG-----CAC-----TG--C-TG-T-----G 198
HPV32      -----T--G--TC-T-----TATG-----AG---A--T--AA-A-----G--C-GGA-A-A--C-GG 198
HPV42      ---G-----G--CC-T-----T-TG--A-----A--T--AA-A--A-----GGA-ACA-GT-G- 198
HPV3       G--G--C-----G--TGT--AT-A-----C--T-----C-TC-T-GT--AA-C--- 198
HPV28      GC-G--C-----G--TGT--AT-----T-----T-----C-TC-T-GT--AA-T--- 198
HPV10      GC-G--C-----TGT--AC-----T-----T-----C-TC-T-GT--AA-T--- 198
HPV29      G-AT-----TGT--A-----G-----C-T-GT--AG-T--- 198
HPV61      G---T--G--C--C--GCA--AC-A--G-G-G-G-----A-----C-T-GT--TA----- 204
HPV2a      GC-G-T--G--CC-----TGT--A-----GAG-C---TGTACA-CT-----TG-CC-C--C----- 198
HPV27      GC-G-T--G--CC-G--TGT--A-----GAG-C---TGTACAACA-----CG-CC-C--C-----G 198
HPV57      G--G-T--G--TC-G--TGT--A-----GAG-C---TGTACAACA-----CG-CC-C--C-----G--- 198
HPV26      ---T-----TC-T--GGAAA-----CA-TG-----AA-----CT-TACTGTT---GT--- 198
HPV51      G--T--GC-----C-G---GAAA-T-ACG-ACA--CAAT-----A--A--G--AC-----A----- 198
HPV30      -----C--ATAAT--T--TA-AC--C-----TGT--CA---GT--- 198
HPV53      --AT-----G-----ATAAT--T--TA-AC--C-----CTGT--CA---GT--- 198
HPV56      --AC-----AT-A--T--TGTAC--AA-----A-----TTGT--CA---A-GT--- 199
HPV66      --AT-----AT-A-----T-ATGTAC--AA-----A-----CT-T--CA---GT--- 198
HPV18      ---C-T-GC-----G--CAT-----ACAGACAT--AA-----G-C-AT-ACA-T----- 210
HPV45      -C--T--C-----G--CAT--T--T--CA-AC--AA-----TC-TA-T-ACA-T----- 216
HPV39      ---T--GC-----C--CGT-----CATAC--T-A-----CA--ACA-T----- 213
HPV70      ---T--GC-----C-G--CGT-----CATAC--A-----C--GGC--TACT----- 213
HPV59*     T---T-GC-----G-ACAAT--ACATACAT--AA-----G--TTTG-----T--- 210
HPV7       --AT-----C-----C-----T-A--G-C-G-----GT--GAT----- 198
HPV40      --AT-----C-----C-----T-A--T-----GT--GAT--T-----G 198
HPV16      T-AT--C--G--C-----AT-T-A-----TAA-----A-----C-GG-T--A-----G 198
HPV35h     ---T-----A--T-A-AC-C-TAA-----A-----T-----GCAGG-CA-T----- 201
HPV31      -A-G-----A--ACACAG--TAA-----G-G--GT---A-----G 198
HPV52      G--T--C-----AG--C--A--A--T-----C--A-GG-----T--G 198
HPV33      ---G-----C--A-C-----AT-TT-----T--T-----TT-T--GTT--CA-----G 198
HPV58      -A-G-----C--C--C-----A--AT-----T-GT-----GT---GGT--CA-----G 198
RhPV1     G--G-----G--C-G--G-A--GT-TT-C--CC-GAA--T-----T-----T-----CGG 201
HPV6b     -----A-C-----C-A-GC--C-----AATG--A--A-----C-----AG-----CG-- 198
HPV11     -C--C-C-----A-C-----C--GC--C--C--GTTA--A--A--A--C-----T-----G-G 198
HPV44     -C--C-C-----T-AGC-----C--AC--C--T--AATG--A-----G-----G-----C-G 198
HPV55     ---C-C-----AGC-----C-A-AC--C--T--AATG--A-----G-----G-----C-G 198
HPV13     C---C-C-----C-CC-----C-A-GC--C--T--ATTA--A-----C---G---A---C--- 198
PCPV1     G-----C-----C-CC-----C-A-GC-----T--A-TA--A--T-----C-----A---A---C--- 198
HPV34     ---C---G---C-T-----AC--CA-TCAG-TAA--A--A-C-----GCC-TG---A---CG- 201
  
```

E2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

	-> mRNA start site from P(3036) promoter	TATA box for HPV58, RhPV	
	-> <-		
most-likely	GCTAAAGCACATAAAGCAATTGAAATGCCAATGCAATAGAAACATTAATAAATAATGAAATATAATACAGAAC		271
HPV54	-GC---GG--C--G--C-----C-----C-T-----G-----GC---G--A-T---C-GC--C----		271
HPV32	--C--G--C--CGTT-----T--T--G-----G-----TTGC-GT-CAC--T-GG-----		271
HPV42	--C--G--C--C-TG-----A--CT-----G-----TTGC-GT-CTCG--GG--A-----		271
HPV3	--A--G---GC-GT--C-----G---TG-AT-T--GC--CA---C-GC-C-G--C-C--GCACA---C-		271
HPV28	----G---GC-GT--C-----G---TG-A--T--GCT-CA---C--G--G--C---GCACA---CT		271
HPV10	--C--G---GC--T--C-----G---TG-A--T--C--GCA--GC--G--G--CC--GCACAC---		271
HPV29	-----TGC-GT--T-----TG-A--T--C--CA--GC--C--G--C---GGA-AG----		271
HPV61	-GC-----G-A--TC--T---GC--GGG--C---C--G--C---GCCGAT---		277
HPV2a	----G---TG-C-G--C--A--GG-A--GC-----C-G-----G-TGC-G-G--CC---GC--G--GG		271
HPV27	----G---TG-C-G--C--A--GG-A--GC-----C-G-----G-TGC-G-G--CC---GC--G--GG		271
HPV57	----G---TTG-C-G--C--A--GG-T--GC-----C-G-----G-TGC-G-G--C---GC--G--GG		271
HPV26	CAA--G---TGGC-G-----A--T--A---GC-GT-G---T---C--G--C-----G		271
HPV51	CAA--G---CTG-C-----C-----C--C--T-GC-T--C---T-A--C-----C-TG----		271
HPV30	--A--G---TG-GTT--T--A---A-----G---T-----T-T---A--G---AGTG--GG		271
HPV53	--A--G---TGC GTT--T--A--C-A---A---G---T--C-TTGT-----A-----TG--G		271
HPV56	--A-----TG--GT---A--G---A---C-G---T-----GT-C---AAT-----C-AT--G		272
HPV66	--A-----TG--GT---A--T-A---A---C-G---G--A--GT--C---AAT-----A-AT--G		271
HPV18	AG-----T-----C-----CC--C--GGCC-TGC-C---G-CG---C--A--C--GG		283
HPV45	AGC-----T-----C-----C---A--GGCC-TGC-C---GCA-G-----C-AT--GG		289
HPV39	TG-----T--C---T---C---G---C---C---GTG-TGC-C-----C-----GG		286
HPV70	--A-----T--C---T---C---G---CC--C--GCC-TGC-C-----C-T---A---GG		286
HPV59*	AAC--G---TG-G---T---C---G---G---G---G-GT--GGC-C-----G-T---A-AT--G-		283
HPV7	--C-----C---GC-----TGTC-----T-T--GC---CT-----CTT---G-		271
HPV40	-----C---GC-----TGT-----T-T--GC---C-----GT---G-		271
HPV16	AA-----TTAC-----C---C-AA-G-----A--T--T--CT-AC-----G--AT---A		271
HPV35h	--C-----ATGC-----C---T-AATG---G-----T-C-----G---GC-----A		274
HPV31	--C-----CTTAC---T-----C-A---ATG--G-----T--C-----C--A-AT--GG		271
HPV52	--A--G--CTGCC---T-----C-A---T-----G--GG-----C---AC---GC---TG		271
HPV33	A-C-----TT-C---T-----C-A---G-----G-----GT---T-AC-G---G---AGC-		271
HPV58	A-----GTT-C---T-----C-A---G-----G-----TGC-T-ACC-----A---TG		271
RhPV1	-----C--C-----G---GC-----G-GT---C---TT-G--G---C-AT--GG		274
HPV6b	--A---G---T---C-----CAT-----T---TT--GG---G---G--TG---		271
HPV11	A-----G-----T--T-----CAT-----T-C---GC-----C-G---GG-GTG---		271
HPV44	A-A--G--G---CC-G-----A-----CT--CT---C---GG--G---		271
HPV55	A-A--G--G---CC-G--C-----A-----C--TT--CT---C---GG--TG---		271
HPV13	----G--G---G-G-----A-T-----G-----CT-G-GT---G-T-GG--TG---		271
PCPV1	A-----G--G---G-G-----A-G-----G-GCT---GT-A--G---GG---G---		271
HPV34	T-C---GG---T-----C-A---T-A--CC-----GT---TG--T-AAGC---C---G		274

E2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

```

most-likely CATGGACATTGCAAGACACAAGTCATGAAATGTGGCATAACAGAACCAAAAAATGTTTTAAAAACAAGGACA 344
HPV54 -G-----A-G-----T-C-TG--CG----A-G--CC----CTGGT--C--A---G--GT----- 344
HPV32 -----G-----T-----G-G--G--C-----G---A-----G---G----- 344
HPV42 -----A-----A-----C-----T---GA-T--T-----G-----G----- 344
HPV3 -C-----C--G---GTCA-GG-----G-C---TT--C--G--G--C-GG-----AG---TTT 344
HPV28 -----C--G-----TCA-GA-----G-C---T--C--G--G--C-GG-----AG---TGT 344
HPV10 -C-----GG-----TCA-G-----G-C--T-CT--T---GGG--C-GG-----AGG--GAT 344
HPV29 -----C-T-GG---TTCA-GA-----G-CG---T-----G-GG--C-GG-----AG---GT 344
HPV61 -C-----AC---CTC-TTG-----A---GC-G--C--CG--C-GG--G---A-----G 350
HPV2a -----CC-A-G---GT--TG--G-----G-CG--CCT---G---C-GG-----A----- 344
HPV27 -----C--A-G---GT--TG--G-----G--G--CCT---G---C-GG---GA-----T 344
HPV57 -----CC--G---GT-C-TG--G-----G-AG--CCT---G-G---C-GG---GA----- 344
HPV26 -T-----A--G-----CT-----ATATG-----T--C-T-----G---AC 344
HPV51 -----A--GG--G---T--T---C-A---TG-GTG-CT--C--GC-----C---GGGG--CAT 344
HPV30 AG-----AA---TGT-T--G-AA-T-----C-----C-G-----AGT---A- 344
HPV53 AG-----AAGG--TGT-T--G-AA-T-----T-----C--C-G----- 344
HPV56 AG-----AAG-----T-CG-G--C-A---T--T---T-----C-----G----- 345
HPV66 AG-----A-GT--T--T--G---C---GC--G--G--T---C-----G----- 344
HPV18 AT-----C-----T-CG-G--C-A---A-----T-CTC-C--C-----GGT--C-- 356
HPV45 A-----C-----T---T-CG-G--C-A---A-----GTCGC-G-----GGC--TA- 362
HPV39 AG-----AA-----T--A---C-----C-G-----C-----AC 359
HPV70 AG-----AA-G-----A-----G--A-G-----C-----A---TGT 359
HPV59* A-----A-----A---T-C--A--C-A---A---C---T-----G---CAT 356
HPV7 -----G--A--G-----A--C-A---T-G-----G-----GG---A- 344
HPV40 -----GC---G-----A--T-A---T-G-----T--G-----GGT--CA- 344
HPV16 AG-----A-----GTT--C-T---G--ATTTA--T-C---C-GG---A-A-----T--T- 344
HPV35h -----C-----A-----AT---T-A-ATACA--TT--C--GG-----T--GGT 347
HPV31 AC-----A-----GC-A-----T---C---ATTTA--T-C---T-C-GGG---A-----T---T- 344
HPV52 G-----A--C-A-----TA-----G-G-----C-----AC-----T--GT- 344
HPV33 A-----C-A-----CTTA--GG-----T-TGT-----CC-----G----- 344
HPV58 A-----C-A-----CTTA--G-----TTAT---G--C-----C-----A---CAT 344
RhPV1 AG-----GC-----TG-C--CTTG--G-----C-----T--GGG---C--C-----AC---TGT 347
HPV6b -G-----A---A---T-----A---CC---T--CGC-----GG--CA- 344
HPV11 -T-----A--G---C---T-----TA--CC--C---CGG--C-----G---A- 344
HPV44 -----G-----GG-----TTA--CC--C---T-T--C-----G--G----- 344
HPV55 -----G-----G-----TTA--C---C---T-C-----G----- 344
HPV13 -----T--A---T-----G-----TA---CCC-----CGC-----G---G----- 344
PCPV1 -----G--A---G-----TT-----TTA--CC-----C-T-----G----- 344
HPV34 A-----A---C-G-----TGG--CA---GTA--G--C-----C-----GGT---A- 347

```

E2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	AACAGTAGAAGTAAAATTTGATGGCAACAAAGACAATGCAATGGATTATGTAGTGTGGAAATATATATATGTT	417
HPV54	-----T--T-T-----GC-TC-G--T--CA-----C-A-----A-----GG-G---T---TA-	417
HPV32	C--T--G--G--TGT---C-----A--TCCT--G-----C-----AC--CA---C---T-----C--G	417
HPV42	T--C--G--G--T-T-----A--AC-G-----C-----AC--CA---C-----A-A	417
HPV3	---T--G-----C-G--A-----AG--G--A---A-----TG-----CAA---GGG-A---AT---G	417
HPV28	---C--G-----T-G--A-----AG--G--AC---AT-C---TG-----CAC---G-G-C---T-AC-	417
HPV10	---T--T-----C-G--A-----AG--G--TCT--A--C---TGC-----CAA---GGG-AC-T-----G	417
HPV29	G--T--G-----T-G--A-----AG--G-GACT--A-----TGCC-----C-----GG-C---AT---A	417
HPV61	C-G-C--AC---T-----G-GG-CC---A---G---A--C--TAGT---GGG-----T-----A	423
HPV2a	-T-----TT--G-----G--GT---GA-AC---ATA---AC-AGC---GG--TC--T-----G	417
HPV27	GT-----TT--G-----G--GT---GA-AC---AT---AC--GC---C-CC-C-----G	417
HPV57	-T-----TT-----G-----G-TGT---GA-AC---ATA--CACG-GC---GGCC-----G	417
HPV26	---G--AC---GGT-----T-T--T--G--A---A-----A-TAG-----G-G---TA-	417
HPV51	---T--AC---T-T-----A--T--G-----C---AC-AGC-----T-----A-A	417
HPV30	-CGTA-----GTGG-----G--A-----CG--CT--A-----T-----C---GGG-G---TAC	417
HPV53	-CATA-----GTGG-----G--G-----CGGGCT--A-----T-----GGG-----TA-	417
HPV56	-CATA-----TGG-----T-GT--A---TGT---C-A-----CC-----TAC	418
HPV66	-CACA-----GTGG-----T-----A-T---TGT---A-----G-----T-----TA-	417
HPV18	-----C-----T-T-----TGT---ACC-----CA--G-CAG-G-G---TA-	429
HPV45	---C--GC-C---T-C-----G-----CTGT--A-C-----A--G-CAG-----TA-	435
HPV39	T-----G--G--GTGG-A-----GG-----TGT---T--A-C-----T-A--GGTGC-----TA-	432
HPV70	T-----G--G--GTGG-AC-----A-----G-----T-T--C-----GG-GCA-----TA-	432
HPV59*	T-----G-----CGG---CT--G--G--A--CA-----C---CAC-AGC---C--T-----TA-	429
HPV7	G-----T-G-----CT-T--TG--C-T-----C---ACTC-A---CTGCAG-----A	417
HPV40	-----G-----T-G-----CT---TG--ACA-----C---AC-C-----CCACAG-----A	417
HPV16	T-----G-----GC-G-----AG--T-TG---A-----C---AC-AAC---C-C-----A--	417
HPV35h	T-----G-----C-----TG-T--C-A--A-T--C---ACTAAT---C-C-----A-A	420
HPV31	T--T-----G--GC-----TG-TGT-C---CA-C---C---ACTAAC-----T-----CC-A	417
HPV52	T--A--AC---GC---AC---AATG-T--A---A-T-----AC-AAC---GG-A--T--T-A	417
HPV33	-----ACT--GC---A---CAATG-----A-A--A-----AC-AAC---GGTG-A-----A--	417
HPV58	-----ACT--C---A---CAATG-T---CA--CA-----AC-AAT---GTG-A-----A--	417
RhPV1	TC-----AC---TTTG-----CT-TG-----A-C-----G-----GC---GG-C-C-----G	420
HPV6b	---T-----T-----TGTGC-A---A-----G--A---C-G--G-G---G	417
HPV11	T--T--G--G-----TGTG-----T-----G-----G--A---C--C-----CC-G	417
HPV44	---T--G-----CT---TGC-----G-----TG-----GTC--T-----A	417
HPV55	---T--G-----A---CT---TGC-----CATT-----G-----TC-----T-----G	417
HPV13	---T--G-----A---CT-T--T-C-----AG-----GTC---C---C-----G	417
PcPV1	---T--G-----G--A---CT---TGC---A--T-----C-----T-----C--T-----G	417
HPV34	-----T-G--A---CT-TG---G-----CA-C---C-A-----G--A---C--T-G-G---TA-	420

E2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

```

most-likely CAGGAC.....GATGATACATGGGCTAAGGTGACAGGACAGGTAGACTATAAGGGTATATATTAT...ATAC 481
HPV54      --AA--TGTGAT-GG--GGG----A-----TGCA-TA-TA---TGCA-T-----T-----...--GG 487
HPV32      --AACACTA...----GC-----TG--A--ATAC-----C---TG---GCA--AC-----C--C...--TG 484
HPV42      --AACTGTG...C-A-G-----TG--A--ACA-----C--TTG-C--GCA--AC-----...--TG 484
HPV3       --A--TATACA-----AC---TG-----G-----T--GTCTC--G---C-----C...--G- 487
HPV28      --A--TATAGT-----A-----TA-----G-----C--GTCA--G---AC-G-----C...-- 487
HPV10      --A--TATAGT--C---G---TG---C---A-A--CTCA--CG---C-----...--C-- 487
HPV29      --AA--CTTAGT-----CCAG---T--A--T-A--T--A--CTCA--G---GC-----...G-G- 487
HPV61      --AAG-ACAGAAAC---CTG---TA-----TC-T--A-A--GTCA-----CC-----...GA-A 493
HPV2a      -----ACTATCAC---T-C---CA-----C---G---G---G-ACT--AT-----...G-G- 487
HPV27      -----TGCTAAC---C--C---CAC---TC---GA---G---G-ACT--AT-----...GAG- 487
HPV55      -----ATTAAC---C--CA-----C-C-G---G---G-ACT--AC--T---...G-G- 487
HPV26      A-AACT.....--ATAGGG--TG--A-GT--T--G-T--T--TGCA--A--G-----...--C-- 481
HPV51      T-T--T.....A-----AG---TA--ACA-AT--A-T--G-----C-----...--CTG 481
HPV30      TGT-GG.....-CA--GGG--A--A--C-TTCTGTA-----T--C--A-----...G--- 481
HPV53      TGT-GG.....-G--GGG--TG--A--T-TTCTGCA--AG---G---C-----...G--- 481
HPV56      A-T-GA.....-TG-GGG--CAA-A--TGTTCTGG-----GA-----...G--- 482
HPV66      A-T-GA.....-GTG-GGG--TG--A--T--TC-GG--G--T--C-GA--C-----...G- 481
HPV18      AT-ACTGAT...-CA-GA-----AC--AACCG-TACCTGT--AGTC-C-G---AT-G-----...G-A 496
HPV45      ATAACTGAG...ACA-GG-T---AC--AACAG--C-TGT--TAG---TG---G-----...--A 502
HPV39      A-AA-TAAT...ATA--C-T---TG--AACAGA--GTGT--G-----TG-----...--GA 499
HPV70      A-AACACAT...ACA--C-G---TG--AACAGA--GT-T-G--T--CTG-----...G-G- 499
HPV59*     GTAA-TGAT...TA-GACAG--TG--AACC-----A-T-G---T-TG--AC-----...-A-G 496
HPV7       ---TG.....-G-----A-A-----TGA--C---G---C-C-GA--CC---T---...-C-G 481
HPV40      ---TG.....-G-----A-A-----A-A--C---G---C--A--CC-C-CA---...-C-G 481
HPV16      TGT--A.....-A-CAT--GTAA--GT--AGAG--T--A--T-----T-T---T-----...G-T 481
HPV35h     TTA--G.....-CAG--T--TA--GTT--A-AG---T---A-T---A---T-----...G-G- 484
HPV31      TGTATA.....-GCCA--TA--GTT--GA--G--A--TA-T-G-----C--T-----...G--- 481
HPV52      -TT-GT.....-GTG-GA--TA-A-TT--AGA-----A-----T--CT-T--GT-----...TGGT 481
HPV33      ATA--G.....-A-----TA--T---T---GA-A---T---TA---G-----...--- 481
HPV58      ATT--G.....-AACA-----TA--TT--AG--G-A--T---GT--GT-G-----...--- 481
RhPV1      TG--GG.....-CA--GG---TG--ACATTC--TG--CG---A-CTG---C-GC-C---...-CCG 484
HPV6b      -----.....A---C--C---TA-----CATA-TAT-----TGC-----...-C-T 481
HPV11      -----.....A-C--CT-----TA--A--A--TA-TTCC-----TGCC-----...-C-T 481
HPV44      TTT---.....ACA--C-A---TA--A-----CA-----A--GT-G-----...G--- 481
HPV55      --T---.....ACA--C-A---TA--A-----CA-----A--GT-G-----...G--- 481
HPV13      TTT---.....ACA---A---A-A-----A---AT-----T---A--GT-G--C--C...--- 481
PCPV1      TGT--A.....A---C-G---CAA---A-A---AT-----AT--A--AT---C---...--GG 481
HPV34      TG-TTG.....-A-GC-AG--TA--A---GTA-C--T-----T---T-----...GAA-C-- 487

```

E2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

poly-A signal for HPV11		-> <-	->	<- E2 bind for HPV57	
most-likely	ATGAAGGAGAAAAACATATTATGTAAACTTTAAAAAGGAGGCCAAAAAATATGGGAAAACAGGAAAA.....				549
HPV54	---C--A-C-C---GTG-----GG-T-----A---TCT--G-----G--TAT---C-G.....				555
HPV32	TG--CAACATG--CAG-T---TGT-----T-----GT--C---C-----				552
HPV42	TG--AATATG--CAG-T---TGT--T-----G-----GT-----ACC-----				552
HPV3	-C-----C-G----T-T-----A-----G-T--T--GCGCGTG-----G-C-----C-----				555
HPV28	-C-----C-----T-----C-A-C---G-T--C--GT--CGTG-----G-----				555
HPV10	----AATATG--C-T-----G--T--C--GG-T--C--TTGTGT-----G-----C-----				555
HPV29	-C---AC-T---GTG-T---C--G--A--CC-T--A--C--CGTGTG-----G-----C-T-----				555
HPV61	TG--G---C--GG--CAC-----G--CA--GC-C-----CC-----G-----C-----				561
HPV2a	-C--T--T-T-CGTGTTA-C-----GG-----GG--CA--T-CTTG-CC-----GTC--C--G-CG.....				555
HPV27	-C--T--T-TGCGTGTTA-----GG-----GG--CT--T-CTTG-CC-----GTC--T--G-CG.....				555
HPV57	-C--C--C-T-CGTGT-A-----GG-----GG--TA-----CCTG-CC-----GTT--T--G-CG.....				555
HPV26	-A-GG-C-T-T--GCAG-----C--GG-----C-A-----GG-----C-GGT-TGC-----				549
HPV51	TAA-TTC-A---GA-----CAC-C-G-----G-T--A--C---T-----...G--CA-C-G.....				546
HPV30	---C--TA-C--GT-----AC-G-----TG-C-----GT--G-----T-T-A--C-C-----				549
HPV53	---C--CC-T-----G-----AC-----G-C-----C-CC-----TGT-A--C-C-----				549
HPV56	---T--CC-C-----C--CAC-G-----G--C-A-----C-----T---TGT-A-AAC-T-----				550
HPV66	---T--CC-C-----CAC-G-----G--C-----C-----TGT--AAC-T-----				549
HPV18	-G-----GT-C--C--G-T---A--G-A-----GT--ATGTG-----C-----T-CG.....				564
HPV45	-A--T-----T-CC-----C-A-----GC--ATGTG-G-----A--T--GTAAT-CG.....				570
HPV39	-C--GCACCT---GT---C---A-GTG---TTC-A--T--GG--GG-----CT-GT--C-----				567
HPV70	-C--GCAGC-T--G-----A-GTG---GC---T--C---TG-----CT-GC-----				567
HPV59*	TG---AG---C-GGTG--C-----A---T-C-T--T--C-----CT---AC--G.....				564
HPV7	TGC-T--GTGC-C-----G-----GG-----A--C-T-C-----AATG-C.....				549
HPV40	TGC-C--GTGC-C-----G-----GC-----A--C--CG-----AAT-GG.....				549
HPV16	-----AT-CG-----T---GC-G-----G-T--T---G-----A-T---ATAA-GT.....				549
HPV35h	--C-G--T-T-G-----T-CT---GGG-A---T---G---A---A-AAT-T-----				552
HPV31	-----C-T-T-----T-----T-----C-G-A-----CTGGTAA-----				549
HPV52	G---T-----T-----T-----A-----GT--C--T-----GC-----T-TGT-----GT.....				549
HPV33	--A-CT-T-----GGT-----T-AA-T-T-----G-----T--TGC--G---TCT-----CA--TG.....				549
HPV58	--GCAAT---G--G---T-AA-T-T-----G---T-----G--CTCT-----CA-TT-----				549
RhPV1	T--CT--G-----GGTG--C-----GC-G---T-TG---T--T-----AC-TGG-AATGG-AATGG				557
HPV6b	G--G-CA-TTT-----GT--A-----G---G-----GC--CAA-C-T-----				549
HPV11	G--G-CA-TTT-----T-----T--A-----C---G-----T-GT--CAATC-T-----				549
HPV44	---GT--GC-T---C-----AC--T--G-----CG-----CT-TTT-C-----				549
HPV55	---GC--GC-T---C-----ACC--T--G---A---T-----CT--TT-C-----				549
HPV13	---G-AATTTG-----T--G-G--G-----T-----G---GTT-C-----				549
PCPV1	T--G-CAGTGT-----A--G-----G-----T---C-----A-T-----TT-C-----				549
HPV34	-G--CAAT---GGT-----AC-C-A--G-C-GA--T-----CG-----GTT-A---T-----				555

E2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

```

                                E4 orf start in HPV16R ->                3' sj in HPV16R \ /
most-likely .....TGGGAAGTACATGTGGGTGGCAAGGTAATTTAT.....TCTCCTGAATCTGTATCTAGT 603
HPV54 .....-----G--G-G-A----CA---GCA-C----T-.....-----C----- 609
HPV32 .....-----G-----AT--CACTC---G--GT-.....-----C---CA-----C 606
HPV42 .....-----G-----AT--CAATC---G--GT-.....-----C-C-CA-----C 606
HPV3 .....-----C-----A-----A-----C-CCACGAT--ATT---CC-----C 615
HPV28 .....-----G-----A-----A-----C-CCACCATG-ATT---CC-C-----C 615
HPV10 .....-----G-----A-----A-----C-CCATGATG-ATT---CC-----C 615
HPV29 .....-----G-G-----A-----A-----C--CACAATG-ATT---CC-----C 615
HPV61 .....-----G-----A-----AAA--CA-G---GAA...C-CTGC-CC----- 618
HPV2a .....-----G-G-C-----C---G-CT--T---C-CCAT...A-AT-C-C-----G---C 612
HPV27 .....-----G-G-C-----C---ACGT--T---C-CCAT...A-AT--C-----G---C 612
HPV57 .....-----G-G-G-C---G--GCGT--T-----CAT...A-AT-C-C-----G----- 612
HPV26 .....-----CT-----T-----TC-----C-G-.....-G-----T----- 603
HPV51 .....-----G-CT--A--TA--T-CT-----AACA.....-G-----A----- 600
HPV30 .....-----G--A---AAATG-AAGT-----.....-G--C--C-----G----- 603
HPV53 .....-----G--A---AAAAC-AAAGT-----.....-G--C--C-----G--C--- 603
HPV56 .....-----A--AAAATG--AGT-----.....-G-----C-----G----- 604
HPV66 .....-----A--AAAC-G--AGT-----C.....-G-----C-----G----- 603
HPV18 .....-----T-T--GAAT--T-----G-----.....-G-AA--C--A-G-GC--- 618
HPV45 .....-----ATAT--G-----T-----G-----.....-G-AA--C--A-G-GC--- 624
HPV39 .....-----G--TATAA-----CA-----C-----.....-G-----C--A-G-GC--- 621
HPV70 .....-----G--TGTA-----CA-----C-----.....-G-----C--A-G-AC--- 621
HPV59* .....-----G--TATAA-----T-----G-----.....-G-TA--C--A-G-GC--- 618
HPV7 .....-----ACT--TAT-----TCACGC--T--A-G-.....-----AGTA---C....-A 599
HPV40 .....-----ACT--TAT-----TCAC-C--T--A-G-.....-----AGTA...---G-G 601
HPV16 .....-----T---C-----TC-----A-TA.....-G---AC-----G-T---C 603
HPV35h .....-----G-----TC-----GT-----.....-G-----C-----T---C 606
HPV31 .....-----G---C-----TC-----GT-----.....-T-----T---C 603
HPV52 .....-----TC-----GT-----.....-G-----C----- 603
HPV33 .....-----TC-----GT-----.....-G---ACG---A---C 603
HPV58 .....-----G-----A-TCG-----GTA.....-G---AC---A---C 603
RhPV1 AGATGGCTATGAG---G--G-----T---G-C-----GC--.....-A-T---C---G---C 624
HPV6b .....-----TG-TAT--CA---CA--T--A-G-.....-----C-----C 603
HPV11 .....-----TG-TAT--CA---CA--T--A-G-.....-----C-----C 603
HPV44 .....-----G---TG-A-T--CA---GTA-C--A-G-.....-----C---A----- 603
HPV55 .....-----G--CTG-A-T--A---GT--C--A-G-.....-----C---A----- 603
HPV13 .....-----TG-A-T--CA---CA--C--A-G-.....-----C----- 603
PCPV1 .....-----TG-TAT-ACA---A--T--A-G-.....-----C----- 603
HPV34 .....-----T---TG-A---C--T-----A.....-G-TT--CTC-----T---C 606

```


E2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	ACC.....GTCAGAGACGACGAAGTATCCACTGCTGAAACTGCTGAACACCTATCC.....	654
HPV54	---.....-AAGAG-CATTGTC-A-----T-A--GC-----.....	654
HPV32	---AC.....AAC--CC--A-CA--G-----T--T--G-CT-A--...G-AT-GGTACAAACCACCG	667
HPV42	---AC.....ATC--CC---CA--GA--C--T--A--G-T--A--...A-GT-GGTACAACAA...	663
HPV3	--A.....C--.....--GA--C--G--C--G-C--CTG...T--...G--.....	651
HPV28	--A.....C--.....--A--C--G-----G--C--TTG...TG-ACCGGT.....	654
HPV10	--A.....C--.....--A-----C--G-C--TG...TG-ACCAGT.....	654
HPV29	--A.....CA-.....-----C--G--A--G-C--CTA...T--GCC--.....	654
HPV61	---CAGGA...CGCC--GC--.....-----G-----GCGGGA.....	674
HPV2a	---CAGGCCAGCGCCTCGGAC----ACC-C----C--AT-AG-----T-TC--C-GT-.....	675
HPV27	---CAGGCCACCGCCTCGGAC----ACC-C----C--AT-AG-CT----T-TC--C-GT-.....	675
HPV57	---CAGGCCGCCACCTCGGAC----AC-C----C--CT-AG-T-----CGGC-GC-GT-.....	675
HPV26	---.....TG--CAG-A--C--A-----A-----G-CAG--A.....	654
HPV51	---.....TG--C---CG...T-----A--AC-----T-----A----A.....	648
HPV30	---.....C----TC-A--...-----C--T-----T--TCG-ATACAA-ACC.....	654
HPV53	---.....T-T--TC-A--...-----T--T-----T-A-CG-A...-A.....	648
HPV56	---.....TGT--T-A--...-----C--T-----T-A-CG-A...-A.....	649
HPV66	---.....TGT--T-A--...-----C--C--T--G--T-A-CG-ATACAA.....	651
HPV18	---.....-T-----ACG-----G--A--C-GCT--T-A--G--CAG.....	666
HPV45	---.....-T-----ACG-----G--A--C-G-T--T-AG--G--CAA.....	672
HPV39	---.....-T---GATCG--C---A---CT-A--ACCG-AT---A.....	669
HPV70	---.....-T-----AC---C---A---GCT-A--C-G-A--CAA.....	669
HPV59*	---.....-T---GC-----G-T-T---G-A---A.....	666
HPV7-G...G...C-C--T--T--CGC--T...G--A-CAGA.....	633
HPV40-AC.....-G-C-C--T--T--G-----CGC-AG-C--.....	642
HPV16	-G-.....-AC.....-T-C-----T-AT-AGG--G-AC-TGGCC.....	648
HPV35h	-G-.....-C-.....-C-----T--AC--G--CA-GCC.....	651
HPV31	-GT.....GAC.....-A-----TT-----GG-T--T-AC-A-G--C-AACAGC.....	650
HPV52-AC.....-A-----A-----TC-----G-.....	642
HPV33-AC.....C--A-----A-----G--A--CAG.....	639
HPV58GAT.....C--A-----A-----G--...C-A.....	636
RhPV1	G-T.....AC-CACTG---A--C--C-----T-----T--T-AGCGGA--GCAA.....	675
HPV6b	--T.....ACACA-.....-T-C-----T-A--AC-T--.....	642
HPV11	--T.....-AC-.....-T-----C--A--AC-T--.....	642
HPV44	--T.....-GCA-.....-C-----T---GGC---TC---TCC---TCCTC.....	653
HPV55	--T.....-GCA-.....-C-----T---GGC---TC---ACC---TCCTC.....	653
HPV13	--T.....-ACA-.....-T---GGC---TC-T---TCCA--.....	648
PcPV1	--T.....-GCA-.....-T---GGC--A--TC-----.....	645
HPV34	C-G.....T-T.....-C-----T-T-...G--.....	640

E2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likelyAACACCACCCCGACCACCACCACC...GCCGCGTCCGTGGGCACCACCGAA.....	702
HPV54---GA--AG---ATT---A...C-ACGTA---ACAA-T---AA-.....	699
HPV32	ACCTATAC-----A--T--AC-----A---ATCA-AAG-AGTAACT--GA-C-A--CGGCACAGACGGAAT	740
HPV42	..GTGTGC-C---A-A---ATGCA-----...A-AA-----A-T-A--A-CA-C-CGCAGACTGTACAGA	728
HPV3TGT-----AAG-GC-----...CAA--CCAG-----G-GT-----	696
HPV28G-----AA-G-GT-G-----...AAA-C-G-----G-G-----	699
HPV10-----AG-GT-----...CAA--CCAG-----G-GT---G.....	699
HPV29C---A---A-CCG-T-GC-----...CAA--CC-GT---GC-T...-G.....	699
HPV61C-----A-A-----...C--A--G-----C-----C-GACA.....	726
HPV2aCCAG--C-AGTCG-AG--T-AG-AGAAT-AA-AGGA-CA--A-GA...-C-GCTCCGCCACCCA	737
HPV27CCAG--C-AG-AT-AG-AG-AT-A...--AAGA.A-AG-AA--G-T--CCCACAAACTTGC...	733
HPV57-CAG---AG-C--AG---A-A...-A-TCC-GCCCACT-CAG--CTCC.....	726
HPV26---G---A-CCAG-----GAAGCCTA--T-C-----...A-G.....	702
HPV51-----C-AA-----ATC--CTT...A--A-C-G-----G--A.....	693
HPV30TAC-----TAT-AA--C-----...T--A--C-----G--A-----	705
HPV53T--T--CATAA---C-----...T--A--C-----TA-----	696
HPV56-----CA-AA-----ACCT--A-----A-CAA--C.....	700
HPV66---CA--GGA-C-----G--...T--A-C-TT-----G--CAA--C.....	699
HPV18C---C--T-AC-GTATT--G...A--T-----G-AA-G.....	714
HPV45C--G--T--A--T-G--C---AA...A---A-----C-AA-----	720
HPV39-----G---CATT-----...--AA-AA--CCAT-----...C-----	714
HPV70C-----G--CAT--G--...--AA-AA--CCAT-----...A-----	714
HPV59*T--C--T--G-A--GC--C--GAA...--A--A-T---C--CAAACG.....	714
HPV7C-TC-G-GG-C---GA-G---GAC---A-CAAG---CA-GA-G---CCCTACGCCCTGCCCGC	698
HPV40CCG---TG-C---GA---C--GAC---C-CG--ACA-CG-----ACG.....	696
HPV16AACC--C-G-G-G---CAT---AA...---TCG--T-----...AC-----	696
HPV35hTAC-----GA---CAT---AA...---TGC-----...AC-----	699
HPV31CAAC-----A-AT-G-ATT---AA...A--TGCG--T-----GT-----	702
HPV52-C-GAA--T-C-AG--T-.....--A-T-----TG--...A-----	684
HPV33-CAGA--A-GAT-.AC-G-----...A--A-AAG-AGC---CAA--..-C.....	682
HPV58-G-----GA-G-----A--A...-AAAGTA-ACA--G--A...A-GCGACGACGAC...	691
RhPV1C---T--A---AT-AC--C.....C---CAA-CCA--G--...A-G.....	717
HPV6b---C--G-ACAG--T-----...CTT-T---TCAA-----AG-----	687
HPV11---C--G-ACAG-----G--CCTA-A-T-----CCT-----G-----	690
HPV44CACC-C-----TTG-ACAGG--T-ATCCA-ACT-C--A-T-----G---G.....	708
HPV55CACC-C-----TTG-ACAGG--T-ACCT--ACT-C--ACCT-----T---G.....	708
HPV13-C---T--A-ACAGG--T-----...--A-T---TGCA--G--T-G---	696
PCCP1-CA-----TTG-ACAGG-----TGC--A-T---ATCCAT-G---A---	696
HPV34C--TGC--ACAAG-A.....A-A--A...GCAA-G-ACAG--C.....	675

E2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likelyGACACCCTG...CCGACACCGCCTCGAAAACGACCACGA.....	738
HPV54-CA-T--C-TGCA--C-G-----A-----G-TA--GTCTACAGCACAGAC	753
HPV32ATTATACAAAGACCC----C-...A-C--C-----G-----TAC---CAGTCTTTGCAGCCA	804
HPV42	CGGAACAGCATAACAACGTGCC--T--AA...A-CT-----A-----TACA--CAGTGTGGACAGTCG	798
HPV3-GAC-GGA-...-AA-AG.....-C-G---T---GACGGTCTACGGGGA	740
HPV28-GAC-G-A-...-AA-A-.....-C-G---T---GACACTCAACTGGGA	743
HPV10-GAC-GGAA...-AA-AG.....-C-G---T---GGCGGTCTGACGGACA	743
HPV29-GGGA.....-A-GA-.....-G-----GCA-GCTTGAAGCAGTCGGG	741
HPV61TCCAC-T-GG--...-A--G-----AT--G---AG---CTCCACAGAGACAGA	780
HPV2a	A..GC GTTGTGCTCCGCC--GG-G-CA...A--GT----GGCC--G--C-AG--TGTATCTGTCGGACAG	804
HPV27TGTGCACCGCCCGG-G-CA...--GT----GGCC--G--C-AG--GGTCATCTGTCGGACAG	795
HPV57GCCC--GG-G-CA...T--GT----A-CC--G--C-AG--GGTCATCTGTCGGACAG	780
HPV26-A--GA-...G--C--TAC--AG---G---G---CTCAGTGGACCTGAC	753
HPV51-AG-.....-A-----AA-AG-----AG---CTTACTGAGCCCGAC	741
HPV30-C-G-GTCC...T-CG---G---GG-----T--TA--ACCACAGAGCCCGAC	756
HPV53-C-T-ATCA...T-CCTG-G---GG-----T--CA--ACCACAGAGCCCGAC	747
HPV56-C-G-AG-A...T-CCACAGA--AG-----CA--CTACGGGAATCAGAA	751
HPV66-C-G-GG-A...T-CCACAGA--AG-----CA--GCAAGTGAATCAGAA	750
HPV18AC-TA-GGC...-A--GT--G--GCT-C-----TG--CACTGTGGACTCGCG	765
HPV45CC-CA-A-C...-A--G---G--ACT--G-----TA--CAGTGTGGACTCAC.	770
HPV39A-A--AA-C...--C-G---T-----G---T--CAGTGTGCAGTCACA	765
HPV70A-A--TAA...T-G-G---T--T-C--GT-TGG.A-TCTCCAGA.....	756
HPV59*TGG-A--GT...-A--GAA-A--G---G-----A--CAGTGTGGATACACA	765
HPV7	GTCGACCACCAAGTATACA--GA-AGC...-ACG-----C-----G---AGGA--GACGGAGACTTGTC	768
HPV40GTC-G-C--GCC...-A-G-----CA---G---G-A--AACGGACACCTGCC	750
HPV16-A-A-A-...A---T...ATCC-G-----A--TCAGAGCCAGACACC	741
HPV35h-A---A...AA---...AA--AC-----TT--GGGGTACCAGGCTC	747
HPV31-GTGTG-G-CGGG---GA--T--ACT--G-----A--ACAGAGCCAGAGCAC	756
HPV52-A-AC...-TACA--A--A-AG-----G---CCAGACGTCACAGAC	735
HPV33-GA-----A-----A-AG-C--CG--CA-CCCCTTACAAAGCT..	728
HPV58TCGATTTACC-G--T-CA...GA---A-A--CA-T-CT-C--A-A-TATAC.....	740
RhPV1-A-A-G---TG-T--T----GC---G---GTG--TCGGTCAGACTCAGG.	767
HPV6b-G-AG---AA--G-----A-G-----G---GGAGTCCAACAGTCC	738
HPV11-GG-G---T--G-G-----A-G--G---G---TGGACCGTCCACTAAC	741
HPV44-TG-G---GACG-G-----AT-T-----C---GGACCCCCACAAAAC	759
HPV55-ACG-G---GACC-G-----AT-T-----C---GGACCCCCACAAAAC	759
HPV13-ATGTG---AAG-G-----T-T-----A---GGACCTTACGTC	747
PCCV1-T-GTG---AAG-G-----CTAT-----TT---GGACCCCTCCACTGT	747
HPV34-CGGGTG---A---G-----G-ATA--CAGTGTGAC.....	714

E2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	738
HPV54	CAG.....	756
HPV32	CCAACAAAGCA.....	815
HPV42	CCATCACAGCACCTGCAG.....CACTCAA	823
HPV3	GCAGCAGCAGCAACAGCAGCAGCAACAGCAACAG.....CAACAACATACCCAAACCCCG	796
HPV28	GCAGCAGCAGCGACAGTACCCC.....CAAACCCCT	775
HPV10	GCACCAGCAGCAGCGACAAGGGT.....CCAAGATTCCA	778
HPV29	CCTGGGCCACAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAACAGACCCCGACCCACCCCT	814
HPV61	GAGCAGCAGCC.....	791
HPV2a	CAGCATCCCCGG.....C	817
HPV27	CAGCATCTCCGG.....C	808
HPV57	CAGTGGCAACAG.....C	793
HPV26	ACCACCGTCACCACAGTC.....ACCACTG	778
HPV51	TC.....	743
HPV30	AGTACAGACACCACCAGACA.....GTCCGCTG	784
HPV53	AGTACTGACTCCACCACAGTCCAC.....TACCACAGCCAGAG	787
HPV56	TTTGACTCCTCCAGA.....GAGT	770
HPV66	CCTGACTCC.....	759
HPV18	765
HPV45	770
HPV39	GAG.....	768
HPV70	756
HPV59*	CAG.....	768
HPV7	ATCAGTGC.....	776
HPV40	ATCACCACT.....	759
HPV16	GGAAACCCCTG.....	752
HPV35h	CCCTACAA.....	755
HPV31	AGAAACACCCA.....	767
HPV52	TCCAGAAACACCAA.....GT	751
HPV33	728
HPV58	740
RhPV1	767
HPV6b	CCTTGCAA.....	746
HPV11	AACAC.....	746
HPV44	ACCAACAACGCC.....A	772
HPV55	ACCAACAACGCC.....A	772
HPV13	ATTGGAAACCCAGAA.....CACAC	769
PcPV1	GCTCGAAACTCCAAAA.....CACCT	769
HPV34	714

E2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likelyGAACCCGTGGACAGTGCAAAC.....AGCACCATCAACAGTAA	776
HPV54CAACCACACAGCACCTCA--C-----G-T---AC---.....GA--GGCA--T---G-	812
HPV32	.CCTGCAGCACTACGGCGTCAAAAAC-T-----CCC-G-.....TCGCAA-GGGT--CATC	875
HPV42	ACCCCGCATCCCAGCATCCCAGC-C-T-----CC--G-TTG.....T-TGGGG--GA-C---	887
HPV3	CCCCGCAAACCACTGAACGAGCACGTC---AT-----C-...G--.....-G---CGGG--C--G-	857
HPV28	CCACGCAAACCACTGAACGAGCAAGTC---AC-----GT-A-.....-G---G-G--T--G-	836
HPV10	CCCAGAAGGCCCGCGGAACGAGCGGGT-G--AA-----...G--.....-G---CGGTTGT--G-	839
HPV29	CCACGCAAGCCTGTGCACGAACGGGT-G--A-----CC--G-TTG.....-G---CGGG--T--G-	875
HPV61	.CGACACAACACAAAAGACAAACCACA-G-GG-----A-TG-.....CAGTGG-----G--C-	854
HPV2a	CCGACTCTACGCGAACGGTCGAGAG-GGGAA-----GT--TAC---.....-AGCGG-G--T---G-	881
HPV27	CCGACTCTACGCGAACGGTCGAGAG-GG-AA-----GT--TACG---.....-AA-GG-G--T---G-	872
HPV57	CCGACTCTACGCGAAGGTGAGAGAA-GG-AG-----GT--CA---.....GA--GG-G--T-C----	857
HPV26	TCACCACAGCTGCCACACAGCCCGGAC-GT-A-----TA-A-----.....-A--A-C-AC-----C	842
HPV51CTCCACAATCTCCCCTGT-----A-A-----.....-A-CAA--AC--T--GG	797
HPV30	CCAGAGAGTCCCACGCAAACCGTGTCA-CA-AAACA---CAAAC---.....-ACAGTG--CTTG--GG	848
HPV53	AGTCCCTACGAGAGTGTGTGCAAGGA-CA-A-ACA---CAAAC---AACACCAGA-AACA-C--CTG--GG	860
HPV56	CCCACGCAAAGTGTGTGCACAACACACAC--A-A-CAG-GACA--G--.....-AT---GA--GT...-G	831
HPV66	.TCCAGAGAGTCTCTACGCACACTGT-TCA-AAACA---CA-AC-T-AG.....T-A--A-GC-----G	824
HPV18GAGAAGCAGCATTGT-G---T-CA--CCACTT.....CT-GGTGCAGC--C	812
HPV45AGAGCAGCACCCAC-G--GT--CA---CCCACGTGCA.....C-A-C-GC--CTGT--TC	824
HPV39CCCCTGAGCCCGACGGA-TGT--C-----CA-CTT---.....-A-C-AC--C-----	824
HPV70CCCTCAGA---AGAC---GT-.T.....GTGGA-C-TGTT...-C	794
HPV59*CACCCCTCAGTCTACCAGC-TGT-A-----TACTGTG---.....-A-C-AG--GT-C--TT	824
HPV7	...AGTGGACGGATGTAGTGAAGAA--TA-----C--G-----.....-AG-ACG-TCCG--G-	836
HPV40	.ACTGTGGGCAAATCACTCGGAGGA--GTA-----C---G-----.....-A--ACG--CGCC-G-	821
HPV16	.CCACACCCTAAGTTGTTGCACAGA--CT-A-----T.....C-A---CT--C-GC	809
HPV35h	...CCCCACCAAGCGAGTGCAGTCTAGT-----TTG---.....-AGGGG--T--TC--C	815
HPV31	.CCACCCCAACAAGTTGTTGCGAGGC--CT-----TC-----.....T-TGGGG-T-T---GC	830
HPV52	ACCCCAACAACCTTTTGCAGGACAAAC--T-----A-T-CA.....C-GGGAC--GT--C-GC	815
HPV33GTTCTGTGCAGACCCCG--T-----A-AG-----.....-AGCACGT-C-GC	773
HPV58AGACTGCG-----G--CACG.AGGAG-AGGAC-AC-----C	788
RhPV1TGGAGATCCAGTGCAGG--T-----G--AA--G-----.....C-GT-AG--CTTT--GG	818
HPV6b	...CGCCTTGTGTGTGGCCACATT-G-----G-----.....CA--A-C---T--C---	806
HPV11CCTGTGTGTGGCCAAACATCAG-T-----A--T-----.....-A--A---GT--C-G-	803
HPV44	GAAACACCGTCTGTGTGCAGAAACAGC--CT-----A-----.....-A--A---CT-CC---	836
HPV55	GGGACACCGTCAGTGTCCGACACAGC--CT-----A-----.....-A--A---T--CC---	836
HPV13	AAAGCATTGTGTGTGTGCACAGACTAC--CA--C-----.....-A--A-----GT---	833
PCCV1	CTAACATTGTGTGTGCCACGACCGT-G-A--T-----A-----.....-A--T--A---T-AC---	833
HPV34CCAGACGAG-GG---T---TT--T-----.....CAT-A-C-AC-G...CC	755

E2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

	E4 end in HPV16R <-	5' sj in \\ HPV16R
most-likely	CACTAAAAGCAAAAACAAAGGACGGAACCACAGTGGTAGTAACTACGCCTATAGTACACTTAAAAGGTGAT	849
HPV54	-GA---C-A---G---C-----C-----ACA---A--G--G-----A-----G-----T-----A	885
HPV32	TGAC--T-A---T---C-GC-----CGT---A-A-C-G-----AG--A-----C-----	948
HPV42	--G-G---A-TGT---GC-----T---A---C-GG-----G--A-T--T--C-----C	960
HPV3	---CGT-TCC-C--CCCATCG--C-T-GA---ACCC-G--TG-GT---G--A---C--G-----	930
HPV28	----C-T-TCC-T---CC-TCG-C---CA---ACCC-G--TG-G-A---G-----C-----	909
HPV10	----G---TGC-C--CCC-TC--C---CA---ACCC-G--TG-G-A---G--A---C--CG-----	912
HPV29	-T---C---TC-----CCCTAC--C---CA---A-CC-G--TG-G-A---G--A-----CG-----C	948
HPV61	-CG---C---C-G-A-C---G...G--A--T---AC---T---G-T-A---G--A---C-----	924
HPV2a	-T---CC---C-G--CCCA-GT--GG---G---AC-C-G--T--GT---G--A-C--C-G-G-----	954
HPV27	----C---C-GCTCCCC-GT--G---G---AC-C-G---GT---G--A-C--T--GCG-----	945
HPV57	-C--G-C---C-G--CCCC-G---GG-----ACCT-G--G--GT---G-GA-C--C-GC-----A	930
HPV26	A-G-GG-G--C-TC--CCG---A--G--ACG---A--GACC-A---GT-TT-----C-----	915
HPV51	A-G-GG---CT---CT--G-C---A---CA-C-C-G--G--TT-----G--T-----	870
HPV30	AG---C-T-TT-C---C-A-. . .GT-G--G---TA---A---A---G---G--T-----A	918
HPV53	AG--TCGT-T--C---CC-A-. . .-T-G-----TA--G--G-A--G-----TA-----A	930
HPV56	A-G--G---T-TC---CAAC. . .---CC---GA--G-----G-----T-----A	901
HPV66	A-G-CC-C-T-TC---C-CA-. . .G---T---GA---A-----G--A-C--T-----A	894
HPV18	AC---C-G---C-----A---A-T-T--A--G-----A---T-----C	885
HPV45	A-G--C---T--C-----A--A---AGTGT--A--G-----A-----C	897
HPV39	--G--C-G--C-C---C-A---T--T---T--G-----A---A---T-----C	897
HPV70	A-G---G--TGC---C---C---GT--T--G--G-----A---G--T-----C	867
HPV59*	GCA-CC-G---C---CCGC---C--AT-CC-T-C-----A-----C	897
HPV7	T-T-G-----C-----ATCA---AGTG---AG--C-TT---A-----A---AC-GG-----	909
HPV40	-C--G-----C---GGGCACA---TGTG---AG--TCTT---A-----A---A--G-----A	894
HPV16	ATT---C---TC-C-----TTA--T--AA-----A--C-----T-----	882
HPV35h	AT--G-CT--C-----AC---TGTGGT--T-----CA---A-----T-----	888
HPV31	AG--GC-T--C---C--AC-A--GCTGT---T--CC-GCA---A-----A-----	903
HPV52	A---G-GT--C-----GTTGCACA-ACA-C-TGT---G-A-----A---C-----	888
HPV33	A-----CT---C-----GCAG---CTGTGT--A--TC---GT-G-A-----G--T-----A	846
HPV58	A-----CT-T-C-T-----G-----GTGT--A--TC---AGT-T-A---C--G--T-----C	861
RhPV1	AT--GC-CA---C---GCTAC-G---GTTC-G---AC---G--TA-----G--C-----A	891
HPV6b	--A-C-CGA-C-GC--C--A-----A---AAC---TCAG-----G--A--TC-----A	879
HPV11	--A-T-C-A---GC--C--A---A-----A--T--CAC---GCAG-----G--AC-GC-----	876
HPV44	--G-T-C-A--GT-----G--A---A-TA-T---CAG-----G---T--A--C-----	909
HPV55	--G-T-C-A--GT-----G--A---A-TT-T---CAG-----G---T--A--C-----	909
HPV13	-CA-T-C-A---T-----G--A---TACT--GCAG---A-----T--A--C-----C	906
PCPV1	TTAC--C-A---C---C-GCA-----A---AAC---GTGG---A-----G--A--C-----C	906
HPV34	---A-C-GA-TC-TCG-CCCAG. . .TGTACTCTACA--A-. . .GT-G---A-----T-----C	822

E2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

```

most-likely CCAAATAGTTTAAAATGTTTAAAGATATAGATTACAAAAA...TATAAACCAATTGTATGAAAATGTATCATCCA 919
HPV54      --T---CA-----T--GC-A--A-----G...-----T---T---C-A-C---C--A- 955
HPV32      --T---T-CC---G-----G-GG-G---A-G---AAT-G-TCT--C--A-T-CTC-A--G----- 1021
HPV42      --T---T-CC-----CC--C---T--GC--A---G-AAT-G-TC--T--A-T-AC-C-G--G-----T- 1033
HPV3       --T--CT-----T-----G---A-C---GGTA-A--TA-G--A---TC--GGACC--T----- 1003
HPV28      --T---T-C--G-----T-----G-----C---GGGA-A-G-A--C-----TGT--AACC--T----- 982
HPV10      --T--C-----C--T-----G-----CC-CGGAA-A-GGA--C-A--CTC-CGGTC--C----- 985
HPV29      -----C-----T-----G-----CGGAA-A---GGG-----CTGT--A-C--G----- 1021
HPV61      -----AA---G---TC-G---G-----C-TTCAGTACCTG-GC---T---C--A-C----- 997
HPV2a      G-----T-----G--C--C-----C--GG-G-----CATA-AG-CGT-C-----CC-GG--G--C----- 1027
HPV27      G-----T-----G--C--CC---C--GG-----CATA-AG-CA-GC-----C-GG--G--C----- 1018
HPV57      G-----CT-----G--C--C-----C--GG-G-----CATA-AG-CGT-C---T--TG--G-C---C----- 1003
HPV26      A-----T-----G-----TA---G...C---GG-----TGC-----T- 985
HPV51      A-----T-----T-----C---TAC-----...C-C---GGG--A--A---C---C--A- 940
HPV30      -----C--A---G-----G-GT-----...C---G--CC-A-T--T---A---G--T- 988
HPV53      G-----C--AC---G-----G--C-G--T-----...C-----C---T--TT-C----- 1000
HPV56      --T--C--A-----GT-----C---T-----...AC---T--TGG-----A---A- 971
HPV66      G-T---A---G---GT-----C---T-----...AC--A-T-AC-G-----A--A-A- 964
HPV18      AG---C-----C-G--C---G-G-----...C---GCG-CCAC--AG-G--A----- 955
HPV45      AA--C---G-----G-----GC--GC-----...GC-G-CCAT--CTC-G-AA---C--- 967
HPV39      AA---G-----C-----...G-CAC---T-----A-T---GT- 967
HPV70      AA---G-----G--C-T-G---C---G-G-----...T---TTC-----A-T---GT- 937
HPV59*     AA---G-CC-T-G-----G-----AG-----...GTAC-CTGG--A-T-----A-T--C--T- 967
HPV7       G-C---T-----G-----T-----GC--AC--G...GT--GC--T--A---AC---TCT--A-T- 979
HPV40      G-C---T-C---G---T-----C--GG-----...GTGTC--T--A-T-TGT--TCC--A-T- 964
HPV16      G-T---C-----TA---G...C---TGTAC-----ACTGCA--G--G--T- 952
HPV35h     G-----CA---G-----GGGT-----...GC-----C--G---CT---T- 958
HPV31      G-----TA-----GC-GTC-----...C-A--G-----T- 973
HPV52      --T-----GG--A--C...C---AGT-----TTC-AA-T---T- 958
HPV33      T-----C-----A--CCT...G-G-----AGTTC-A-G----- 916
HPV58      -----A--CC...T---G-C--A--CTGT--A-G----- 931
RhPV1     T-T--CT---G--G---GC-G-TC---C-GGG---G...C---G--CC---ATT--A---G--- 961
HPV6b     T-C---T-----G---T-----GC--A-TG-CAGAC-C-G---T--A-T--TTTAA-----A- 952
HPV11     T-C---T-----T-----C-GA-TG-CAAA-----T---T---TTA-C---T--A- 949
HPV44     G-T---T-----G-----TGC-AAG-----AC-----T--T-GCA-C---G--- 982
HPV55     --T---T-----G-----TGC-AAGC-----AC-----T--T-GCA-C---G--- 982
HPV13     T-T---T--C---G---TC-----TG--AAA-----G-T--A-T-TTGTTA-C-----T- 979
PCPV1     T-----AC-----G---C-----G--TG-CAAA-----T--A-T-ATGCTA-C---G--T- 979
HPV34     AA---C-----C-----GA-G--T--GGG---TC---T---T-A-T-----A--A-T- 895

```

E2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

```

most-likely CATGGCATTGGACAAGTAAAAATGGA.....AAAAATAAAAAAT...GCAATTGTAACATTAACATATAAAAAG 983
HPV54 -----G--T---T-CCA--T.....-CC-C---G--AGG-GC-----C----GT-- 1022
HPV32 -----CCT---GAAA--G-CTATACACGTG-CTCA--GG--...-GT--AA-----A-TCAT---T-T-A 1091
HPV42 -----TA--GAAA-TG--T-TACACGTG-C-C-----C...-GT--AA-----A--CAT---T-TGA 1103
HPV3 -----AGG---T-CT----TCA.....G-----C-GTG-...-GTAC-----CA-TTGG---C--- 1064
HPV28 -----GG---GCT----TCA.....G-----C--GCA...-TT-----TA-TTGG---C--- 1043
HPV10 -----AGG---T-TT----GTCA.....G---CC-GGCA...-GT-----GC-TTGG---CC-- 1046
HPV29 -G---GG---T-CT----CCA.....G-----C--TCA...-T-----A--TGG--C-C--- 1082
HPV61 -----G-CG---G-C-AA-T.....-C--CC-G-GCA...-T-----GTGG--GTT-A 1061
HPV2a -G-----C---G-GG--GG--C.....GGTG---G-CA...-CT-----C-GTGG--C-CC-- 1088
HPV27 -G-----C---G-CG--G--G.....TGTG---G-CA...-CT---G---G-GTGG--C-CC-- 1079
HPV57 -C-----G-GT--GG-----GGTG-C--G-C...-CT-----GTGG--C----- 1064
HPV26 -C-----C---A-TG--.....-CC--C--C-A...-GC-----A-T--C-T--C-- 1046
HPV51 -C-----C---.....-T-C-----CA...-GC-----T-CA-TGTG-T-G-C-- 995
HPV30 --AT-----C-A-AC-C--.....-C-G-GT-C.....AGCTACA-T--TG-TGT-----GA 1046
HPV53 -C-AT-----A--T---CT-T.....GCTGTA--T---AGTTA-A-T--TG-TGT-----GA 1064
HPV56 --AT-----AC-G-C.....-T--A--TT---AGC--AA-T--A-T-T-----GGA 1032
HPV66 --AT-----AC-G--.....-T--AG-C-G...AGT--A-T--A--TT-----GA 1025
HPV18 -C-----G--C-GGC.....-TG-A--CA...G--AC-G--TG-----CC-T-- 1016
HPV45 -C-----G--.....T-T.....-T--A--C-C...-GT--AT--TG-----T-- 1025
HPV39 -C-----T-C-G-GT--G---.....-CC--A--CGC...-GC--AT--TG-T-----GCC-C 1031
HPV70 -T-----T-G-G-GC--G---.....-GT--AC-T-CA...-GT--AC--TG-----CT-C 1001
HPV59* -C-----G-AA-C-GA---.....TC-GCC---CA...-GC--T-----C--- 1031
HPV7 -----AGG---T-CA--TC-A.....-C-----C--A-----GT-- 1043
HPV40 -----AGG---C-C---TCCA--.....-CCG-G-----T-AA--G-----GT-- 1028
HPV16 -----G-AC-T---T.....-C-----G.....T--C-T--G-T-- 1016
HPV35h -----AGA---T--AC--C-AT.....-AC--TA.....-T--C-C--C 1022
HPV31 -----T--AC-G-----.....-C-----T-----C-----T-- 1037
HPV52 -C-----C---A-TG-AT-TAC...A--T-----CTA...-GT-----A---G--C-GTGA 1025
HPV33 -C-----C-----C-CAA.....-T-G-----G-----TG-----T-GT--C 980
HPV58 -----C-----TG-CAA.....GGTG-C--GTA...G-----T--TG-----C-C--C 995
RhPV1 -C---AGG---G---ACC-TGCA.....-GTG-G---.....-TG-G---T-GC--A 1019
HPV6b -G-----C---G-CTCCTC--G-C.....CC-C-----C-----TG-----G-T-- 1016
HPV11 -G-----G-CTCACCTG-G-C.....CC-C-----G-----GC-- 1013
HPV44 -----GC-----T--TC-G--.....-C-TCC-GT-----C-G-----GTTGA 1043
HPV55 -----GC-----T--TC-G--ACT.....TCC-G---C-----C-G-----GTT-A 1046
HPV13 -----GC-----CGCCCT--AAT.....TC-C-A--C-----C-G---C---C---GT--A 1043
PCPV1 -----CGCCTCT-GCAAT.....TC--CA-----GTG-A 1043
HPV34 -----C-A-A-T-CA.....-T-G---TG...-GTG-AA-T---T-TG-T-TCC-- 956

```


E2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

```

E5 start for HPV35h, 16 -> * coordinate 3853 in HPV16R
most-likely TCAA.TATTATTA.....TAA 1071
HPV54 ----- 1104
HPV32 -----G---CA-TTTATG--G 1185
HPV42 --T-.G---CAGTTTATA-G- 1197
HPV3 -----G-CAC-..... 1152
HPV28 -----G--TG----- 1131
HPV10 -----A--TTC..... 1131
HPV29 --T.....G-GTTT...-G- 1167
HPV61 -----G-GTA----- 1149
HPV2a --TG.C--TG----- 1176
HPV27 --TG.CC--TG-----G 1167
HPV57 --TG.C--TG----- 1152
HPV26 -----G----- 1128
HPV51 A-----C-G----- 1077
HPV30 A--GG-G--GA--.TG..... 1137
HPV53 A--TG-G--GA--.TG..... 1155
HPV56 A##..... 1105
HPV66 AGT.-G-CC..... 1110
HPV18 A-----A-G----- 1098
HPV45 A-T.....A-----G- 1107
HPV39 A-----G----- 1113
HPV70 A-----G----- 1083
HPV59* AGT.....G-G----- 1113
HPV7 A-T.....A--ATG..... 1128
HPV40 A-----C-GATG..... 1113
HPV16 --T.....A-----G- 1098
HPV35h --T.....A-----G- 1104
HPV31 A-T.....A-T-----G 1119
HPV52 -----G-----G- 1107
HPV33 A-----G----- 1062
HPV58 -----G----- 1077
RhPV1 A-T.....G-G-----G 1101
HPV6b ---C.-GCACC--TTG..... 1107
HPV11 ---T.--CAT--TTG..... 1104
HPV44 --TT.--CA---GTTA..... 1134
HPV55 --TT.--CA---GTTA..... 1137
HPV13 ---T.-GCA---GTTA..... 1134
PCPV1 --GT.-TCA---TTG..... 1134
HPV34 --C.....A----- 1038

```

E2 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	ATG.....GAGAATCTCAGCGAGCGTTTCAATGCACTGCAAGAT...CAGCTAATGAACA	52
HPV19	-----A-----TT--A-----	52
HPV25	-----TT--A-----	52
HPV20	-----A-----T-----	52
HPV21	-----T-----TT-----	52
HPV14d	-----C-----T-----	52
HPV5	-----T-----	52
HPV36	-----T-----G-----T-----	52
HPV47	-----T-----A...	52
HPV12	-----TT-----	52
HPV8	-----TT-----	52
HPV24	-----C--G--AAA-----G--TGT-----TA-----	52
HPV15	-----T-C-----A-----A-----G...A-T-----G--	52
HPV17	-----C-----A-----T-----G...A-C-----G--	52
HPV37	-----C-CA-----T-----G...A-C-----G--	52
HPV9	-----A-C-----CA-----G...ACTT-----G-C	52
HPV22	-----A-----A-----G-----A-----G...A-T-----G-T	52
HPV23	-----AGCA-----A-----G-----A-----C...A-T-----G-C	52
HPV38	-----A-C-----CA-----C-T-----G...A-T-----G--	52
HPV49	-----GCA-----A-CT-----T--A-----G...AT-T-----G--	52
HPV4	-----TCC--AGT--CA-----G-----T-----AGCAATT--G-CTC-T-	55
HPV65	-----TCC--AGT--C-----G-----T-----AGCAATT--G-CTC-T-	55
HPV48	-----CAGCCAGA...GACCCAG--GC--G--ACC--TGC--A--AATT--T-G-CTTTG-	70
HPV50	-----ACCCAGATGGAGACACAG--A-C--G--CA-----TCT--AA-----C...ATT-A-T--TC	70
HPV60	-----AAT.....CAG--CCG--G-C-----C-G-----G-A...--AA--C--TC	58

E1 end <- <- E1 end

most-likely	TTTATGAATCAGCAGAAGAGACTCTTGAGACACAAATTGAACATTGGCAAATTTTGAGAAAAGAACATGTGCT	125
HPV19	-----T---C---A---C-----T-----C-----C-----GC---A--	125
HPV25	-----A-T---C-C-A---C-----G-----G-----G-----C---G---GC----	125
HPV20	-----G--T---CC---C-----T-G-----G--C-----CCC---C-----GC-----	125
HPV21	-----G--T---C-A-C---A---T-G-----G-----CAC---C-----GC-----	125
HPV14d	-----GA-T---C-A-C---A---T-G-----G-----C-C-TC-----GC-----	125
HPV5	-----G-T---C-A---AT-GC--G-----A-----CC--AC-----C---AT-	125
HPV36	-----G-T---C---A---G---G---AA---C-----CC---C---C-----GC---TT-	125
HPV47	-----G-T---C---AT-AA--G-----TT-----G-CA---C-----GC---AC	125
HPV12	-A-----G-T---C-T---A-----G---CC-----AC-C---C---G---GC---TT-	125
HPV8	-----G-T---C-A---A---G---G---CG-----TGC---C-----GC---T-	125
HPV24	-----CA--GCAGT--T--A--A--AT-----GGCC---C---G---GGCA---T-	125
HPV15	-----G---GTCG--CGACA-A--A--T---ATTG--C---TA---GC-----A--AT-	125
HPV17	-----G---GTC--AGA-A-A---T---AA---C-----T-A--A---C-G---A--A--	125
HPV37	-----G---GTCG--TGAC--A---C---ATG-----C--C-A--GC-G--G--GA-C--	125
HPV9	-G-----GTCG---GA---AC-A-GT--G---C---G-C---A---C---G---AA-A--	125
HPV22	-A-----GT-T---GA-----A-C---C-----A--T-A--A---C-----A--T-	125
HPV23	-G-----GTTT---GA-----A-T---AC-G-----A-C-C---A---C-----AA-TT-	125
HPV38	-A-----GT-T---GAC--G--T-----C-G-----GC---A---C---G---AA-TA-	125
HPV49	-----GGA---GA-----A-----A---C-G--A---C-G-----A-CTT-	125
HPV4	--G-GTC-CAG-AGAGC...--T-G--AT-C---CC--T---G---A-A-C-----A---CTA-	125
HPV65	--G-GTCTCAG-AC--T...--T-G--AT-C---CG-T---G---A-A-C-----A---CAA-	125
HPV48	--G-AA--GA-T-TT-T...GA---A-AGAT--TT-A-C-T-C---A--GC-G-A--TT---A---TA-	140
HPV50	-GAT---AA--ATTC-A-A-A-T-AA-AGAC--T--A--CT-----G--TC-A-----A-----	143
HPV60	-A-----GCA--ATTC-A--GACA--C--G-C---AC--T---G--TT-AAAT-----CT-T---CAC	131

E2 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

		E2 bind for HPV4		
		->	<-	
most-likely	ACTATATTATGCTAGGAAAAATGGTGTACGCGGTTTGGATATCAACCTGTACCTCCATTAGCAGTATCTGAA			198
HPV19	-----T-----CG--G-----AA-----T-CA-G-----G-----			198
HPV25	-----T-----C--G-----A--C-----G-C--ATG-G-----			198
HPV20	-----T-----C-C--A-C-GCA-G-----G--GT-----T--G--A---			198
HPV21	G--T--T--T--C--G--G--A--C-----TA-----T--A-----			198
HPV14d	-----T-----C--G--A--AA-AC-----C--GT--G--A-----CA-T--A---			198
HPV5	--C-C-----G-G-A-----AA-C-----G--GT-AAG-----A---			198
HPV36	G--C--C-T-----C-G-GA--G--AA-C-----G--GT-AA--T-----			198
HPV47	--C-C-T-----C-G-A-CA-A-ATA--G--C--A-G--G-----A-----G			198
HPV12	G--T--T-----C--G--A--AA-AC-----C-----G--G--A--G-----T-----			198
HPV8	G-----TC-----C--A-CA-C-CA-A-----G--G--C-----G-----			198
HPV24	--T-----AC-----G-GCT--C-G--T--CTT--A--T--A--C--TACC--A---			198
HPV15	-T-C--T--C--C--A--A--T--T--A-AT%--G-----C--T--CACCAG--G			197
HPV17	GT-T--C--C--A--A--G--T--TG-A--T-----G-----T--CACCAG--G			198
HPV37	GT-TC-----C--A-----A--C-T--T--A-----T--CACCAG--			198
HPV9	TT-GC-----C-----A--T--A-G-G--C-----G--G--TACCAG--			198
HPV22	-T-T-----A--G-C--GA-ATT--T--G--G--C--A--CA-TC-G--ACT--A--G			198
HPV23	-T-G-----C-A--CG--AA--T--T--G--G--C--G--G-----TC-G--AC--A---			198
HPV38	TTATC-C-----A--G-C-----T--A-G--C-----T-T--G--AGT--A---			198
HPV49	-T--T--T--AC-T--C-CA-CA-A-T-A-AC-G--G-----C-----GA-G-----			198
HPV4	-A-GC-----C-A--C-A-CC-A-CAAA--A--TCTA--AC-T--A--C-----A-----			198
HPV65	-A-GC--T--AC-A--C-A-CC-A-AAAA--A--TCTG--AC-T-CA-----A-----			198
HPV48	TGCC-----A--G-ACA-A--TAAA--A--TCTG--G--AT--AA-----T--A-----			213
HPV50	TGC--T-----A-AA--G-AAA-A-G-GCA--C-----TA-----C-T--TGCTAAG--T--G			216
HPV60	-TAC-----A--A--G-A-CTA-T--AT--G--TCT-----CT--AG-T--GCA-----A--G			204
most-likely	GCAAAAGCAAAAGAGGCTATAGGAATGGTGTGCAAGTTGCAATCATTACAAAAATCTGAATATGCAAATGAAC			271
HPV19	-----T--G--A--G-----G-----A-----C--G-----G--C--G--G--			271
HPV25	-----T--G--A-----G-----AC-----G-----G-----T--G--A--G--			271
HPV20	--C-----T--C-----AT-AAG--A-----G-----G--G--G--			271
HPV21	T--G--T--C-----G--A-----G-----G-----G-----			271
HPV14d	-----C--GC-----C-----G-----C-G--G--C-G-T--GC-G--			271
HPV5	A--G--T--A--C-----C-TG-G--C--G--C-----T--T--TC--G--			271
HPV36	-----T-----C-----C-T--G--TC-----CG-----TC--A			271
HPV47	---GG--C-----TAT--T-----AG-G--GC-----A-CG-T--TTTG--G--			271
HPV12	-----C--GC-----G--AA--A-----TC--G--G--G--G--TTCG--GA			271
HPV8	-----C--GC-----AA--T--C--G--C-----G--T--G--G--			271
HPV24	--C-----T--C-----TA-T--T--C-----T-----C--CCT--GC-CA--A			271
HPV15	A--C-----G--T--T--T--A--T--A--AGT--G--G--G--A--C--GC--G--G--			270
HPV17	--T-----G--T--T--C--TT--TTA--GAGC--G-----ACCG--GC--A--G--			271
HPV37	--T-----T--A--T--C--TA-ATTA--AG--AGT-----C-G--CT--GT--A--GT			271
HPV9	CAG--T--T--T--C--TT-A-TA--AGCC-T--G--A-CT--G--C--G--			271
HPV22	AGT-----T-----CC--GA--ATT-C--G--AGC-----AC-----G--G--			271
HPV23	ATT-----T-----C--T-GAA-TTT-C--G--AGT-----CA-----G--G--			271
HPV38	--C-----T--C--TTCT--C--TTTAC-TG--AGCC-GA-----CA-----G-----			271
HPV49	A--C-----C--C--A--T--C--A--AACT--AGC--G--G--CCT-T--G--A--A			271
HPV4	TAC--T-----GC-A--TCAG--ACATT-AACT-----GTT-----CCC-T--TC-----			271
HPV65	TAT--T-----C--A--A--CA--ACATT--ACT-----G-----TT--G--CCT--G--TCA--G--			271
HPV48	TAT-----A--A--TAAT--ACA--TTA-T--AGT--TTG--A--G--T--TTTG--A			286
HPV50	CA-----T--A--TA--TCAAT-A-TT-----C--GT-T--G--T--T--GGTC-----			289
HPV60	TAC-----C--GC--A--C--A--GAT--TTA--AACCAGT--AGC-----CC-----TTCA-----			277

E2 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	CATGGACATTAGTAGAACTAGTGTAGAGACTTTTAGAAGTCTCCAGAAAATTATTTTAAAAAAGGACCTAT	344
HPV19	-T---T-C-G-T--C--C---C-----G-A-----G-----G--T--A--	344
HPV25	---T---G--T--C--C--AC-----A--A-----A-----CC---C-----C--A--	344
HPV20	---T-T-G---TG-A---C-----A-----C-G-----C-C-----T--G--	344
HPV21	---T-C-G---T--C---C-----A-----C-----T-----C---C-----G--AG-	344
HPV14d	---T-C-G-T--T--C---G--A--A-----G-----C-----C---C---G--T--AG-	344
HPV5	---TC---T--T--C--CA---A--A-----CG-----GG-C-C--C-----C--CC-	344
HPV36	-T-----T--C--C--A---A-----G-----CGG-C-C-----G--T--AG-	344
HPV47	-T-----C---G--C---AC-----AG--G-----C-----G--G--G-	344
HPV12	AC-----G--C--A---C--A--G-A--AC-A-GT-----C--C-C-----G--T--AG-	344
HPV8	-T-----G--C--A---A-----A--AG-A-G-----C-----CG-C-C	344
HPV24	AG-----C-G--C--A--CA---A--C-----A--A--A-----G--CC-----	344
HPV15	---C--AC-C-G---T-G---G-G---G-A--T-C--C-GC-----G--ACA	343
HPV17	---GC--AC-C-----T-G---G-GC-----A--C-C--C-G-----G--T--CA	344
HPV37	-C-----C-TAC-C-----T-G---CG-G--G---A--T-C--G-----G--C--CA	344
HPV9	-T-----C-G-C-C-----C-T---G-GG-AC-C---A--T-C-T--GCC-----G--T--ACA	344
HPV22	-G-----C-----T-G---AG--A--C-----C-G-C-G-----G-----A	344
HPV23	---T--G---CT-G---AA-----A---T-G--GC-----G-----A	344
HPV38	A-----CTC-----CC-G--G--G--C-C-C---T-C-G-C-G-----G-----A	344
HPV49	AG----T----A-C--A---C-T--A--A-AC-ATGCA--A---C-C-G-GC-----T--TA	344
HPV4	GG-----GAC---TGT---C---ACTGA-A-AT-CCT---C---C-G--A---G--GG-TA	344
HPV65	GT----TC-GCC---GT---C---ACTGA--AT-C-G---C-G--C-G-C-A--G-----GG-TA	344
HPV48	G-----TC-T-C-----C--A--A-A-AC---T-C--CAG---G--C-----T---T-	359
HPV50	---T---TC---TG---T---A-TG-A-ATGCA---TAG---G-----CA---GT-	362
HPV60	T---GGT--AC---T--A---C---ATTG--ATT--CC-----AG---ACA-----GAAGGGATA	350
most-likely	AACTGTAGAGGTGATATATGATAATGATCCAGAAAATGCTAATGTGTATACTATGTGAAATATATTTATAT	417
HPV19	GC--A-----T-----C--A--G--T---C--T---C-----T-G-G---C	417
HPV25	GC--A-----C--T-----C--A--G--T---C--CT---C-----G-----C	417
HPV20	TT-A-----C-----C--A--AA--C---C---CT---C-----G--T-G---C	417
HPV21	GT-A--T-----T--T-----C--AA--C-----CT--C--C-----G-----C	417
HPV14d	-T-A-----T-----C--AA--C---A---CT-----GC-C--A---C	417
HPV5	CC-----A--T--T-----C-----T-----C--T-----A-----CC--G-G-----	417
HPV36	GC-----A---T---C-----G---T---C---T---C-----C---CG-G-----	417
HPV47	-C---G-----C--A--GA--C-----T-----C---T-G-G-----C	417
HPV12	GC---G---C--T-----G--G-----A-----A-----G--G-G-----	417
HPV8	-C---G-----AC-G--T--C---C---A--C-----GC-C---C--C	417
HPV24	--A--G---T-----GG---G--C---C---T-----C---G-A-----	417
HPV15	G-A-A-T--A--T--G-T---G---T-----CAT--TG--A--C---G-T---C---C-----C	416
HPV17	--ACA-T--A--T--G-T---C---C--T---CT--TGTC---AG---TC--T-----C	417
HPV37	G-ACA-T--A---G-T---C---C--T---CTA-TG-----GCC--TC--T-----C	417
HPV9	--A-A-T--A--AG-T---GGA---T--T---T--TGAGC-----A---C-T---A-----	417
HPV22	-T---G--A---TAC-T---GGA---T-----TA-TGTCT---AG---TC---C-----	417
HPV23	--A--G-----TAT-T---GGA---T-----T--TGCCA---AG-A--TCT-----C---	417
HPV38	--A-A-T--A--TG---T---GG---C--T---CT--TGTC---G-----C-----A-----C	417
HPV49	T-A-A---A--T---T---GGA---T-----CTA-TG--A-----GCT-----G-G-----T-	417
HPV4	TGA---T-CT---TGG-T-----AG-C-G---A-TGC---C--A-AT---G-C-T-T-A-----	417
HPV65	TGA---GTCT--ATGG-T-----AG-T-T-----TG-----A-AT--G-T--C-A-----	417
HPV48	C-T---A-T--ATGG-T-----GA-AG---T--TT-CCT---CTGT--G-T-T---A-----	432
HPV50	T-----ACT---CA--T---C-----TA-----TGT--CCT---TATGT-ATG-----A-----	435
HPV60	T-----A-T---TGG-T-----A--GA-A-T---A-ATT-CCC---A-AT--G-----C---	423

E2 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

		E2 bind for HPV15		
		->	<-	
		E2 bind for HPV12		
		->	<-	
most-likely	CAGGATGATGATGACAAATGGCATAAAAGTTGAAGGTGGGGTGGATCATACTGGCATATATTATATAGAAGGAA			490
HPV19	GT-----G-----T-----AG---A-----AA-----TT-----T---GC-----			490
HPV25	GT-----G-----T-----AG---C-A-C-----A-C---C---A-----T---GC-C----			490
HPV20	--A-----C-----G-----C---AG-CTA---T---TA-C---A---A-----T---GC-----			490
HPV21	GT-----C---C-----AG-CC-A-C---T---CA-C---C---A-----T---GC-----			490
HPV14d	-----C---AC-G-----AG---C-A-C-----CA-C---C---A-----GC-----			490
HPV5	AT----CG-----T---G-----G-CAAG-A-----A---C-T-----T-----T---C-----			490
HPV36	AT---A...-C---TGTG-----CCAG-A-----CA---G-G-----T---C-----			487
HPV47	AT---TCA---TGTG-----GACAAC-A-----CA---A-----T---C---CC---T-T---			490
HPV12	AT---CCCA--G---TGT-----ACCAC-A---T---AA---G---G---T---C---T---C-T---G			490
HPV8	ACT---CA--C---T---G---C---ACCACCA-----TA-C---G-----C---GC---C---			490
HPV24	AT---AC---T-A---T-CT---G-A---AC---A-----C-CCA-----A-----T---AT---GG			490
HPV15	--AC-TTA-----C---A-C---G---G---AAAAA-T---CT---CA---GC-----T-G-----			489
HPV17	--AA---TTA-----CC---A-----G---CC-T---T---CT---CA---TGC-----G---CT			490
HPV37	--AC---TA-----CG---A-C---G---G---ACAT---T---CT-CTA---TGC-----T-T---G			490
HPV9	---AC---T-A---T-CT---G-A---C---CAC-----T---TT---AGCC---CT-T---G---			490
HPV22	---AC-----GTC---G-A---G---G---CAT---CT---A---AGCT---C-----G---			490
HPV23	--AAC---G---CT---G-A---G---ACAT-----T---A---AGCT---T-TAT---G---CC			490
HPV38	-T-ACA---G---T---G-A---G---CCAT-----T---A---AGCC---TAT---G---C---			490
HPV49	GTA---CTCA---T-TG---A---G---GC-----A-----T---G-A---TGC-----AG-T---			490
HPV4	--A---ATGA---AC-G---C---A---AA-----T---GA---T---C-T---C---CCAT---			490
HPV65	--A---TCA---A-T-----A---AA-----T---GA---T---C-T---C---CCAT---			490
HPV48	--A---CC-AA-----C---GAC---GCT---T-----A---ATGT---G---TCT---			505
HPV50	--A---AGA-----A-----CTA-----C-A---C-T---T---A---TG-			508
HPV60	-----AT---AC-----C-GGACCAG---A-A-----CT---A---AC-T---TC-C---AAT-			496
most-likely	CTTTTAAACACTATTAT...GTICTATTTGCTGATGATGCAAAATAGATATAGTAAAACCTGGACAATGGGAAGT			560
HPV19	AC---G-----...--GT-----CG---A-----GC-----T-----			560
HPV25	GC---G-----...--GT-----TCG-----C---T-----T-----			560
HPV20	-A---G-----C---...--T-G-----G-G-----C-----			560
HPV21	---G-----C---...--T-----G-----C-G-----T-----			560
HPV14d	-C---G-A---C---...--T-G-----C-----G-----T-----			560
HPV5	-----A-----...--A-G-----C---G---A---G---C-----G-----			560
HPV36	-A-----T-T-C---...--A-----C---CG-A---C-----G-----			557
HPV47	-A-----...--GT-----G-----GCT---G-----			560
HPV12	AC-----...--A-T-----G---CGA-TG-----GCT-----			560
HPV8	GC---C-G---T-----...--G-G-----CG-----GCT---G-----			560
HPV24	AG-----T-----...--G-G-----C-----C-----T-----C-----G---			560
HPV15	--C-----GTT-----C...A-A-AG---AA-T-----GCC---G-T-G-C-----ATC-----G---			559
HPV17	--C-A---GTG-----...A---A---AA-TG---TGCC---G-T-G-C-----GT-----			560
HPV37	A---A---GT-----...A-A-A---AA-G---TGCC---G-T---C-----GC-----			560
HPV9	--G-A---ACA-----...A-AAAC---ACA-A---GCC---G---G-C-G---CGTT-----			560
HPV22	-C-----AC-----...A-AA---AAACA---T---AC---G---C---A---T---G---			560
HPV23	AAC---A-----C...A-AA---AA-CA-----GC-C-T-G---CT---A---ATG-----			560
HPV38	AA---A---GGTG-----...T-AAA---AAA---T---AC---G---GTC---A---TT-----			560
HPV49	--A-C-----G-----...--ACC-C-----TGT-----G-G-C-T-----AT-----			560
HPV4	-GGGAG---AGAGC---TTTACAT---AGCTC---TC-A---T---C-G-----TG---ACT---			563
HPV65	-AGGAG---GTGCA---CTTTAC---G---AGCACA---TC-C---T---C-G-----T---ACT---			563
HPV48	A-GG-G-TTTTGTA---CTTTAC-T---CAACC---TGTA-A---G-A-----T---AC---			578
HPV50	--GG-G-TTCAGTA---CTTTAAA---C---CAACC---C-C-GT---G-C---T-----ACT---			581
HPV60	A-GGA---TAGAGCA---TTTC-C-----A-AG-----C-A-C---TCAC-----GAC---AC---			569

E2 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

		\ / 3' sj for HPV8	
most-likely	GAAAGTTAATAAGGAAACTGTGTTTACTCCTGTCCACCAGCTCCACCCTCCAGAGTCACCAGGAGACAAGCA		633
HPV19	A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----AG-		633
HPV25	A-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----		633
HPV20	-----G-----C-----C-----C-----		633
HPV21	T--C-----G-----A--C--C-----		633
HPV14d	T-----C-----		633
HPV5	A-----G-----G-----G-----G-----		633
HPV36	-----C--G-C-----G--G-----		630
HPV47	T-----T-----A--A--G-----A--		633
HPV12	T--G-----G-----A--A--C-G-----AG-		630
HPV8	A--A-----C-----G-----T-----C--C-GA-----CC		633
HPV24	C-GGA-----G-C-----A--A--C--C--C-----G.....		627
HPV15	-C-T-----G---C---A-C---G-----T--T---TT-G--GG--.....G-T---A-GGG---		626
HPV17	-C-T-----G---C---A-C---G-----T--T---TT-G--GG--.....G-T---A-GGGA-C		627
HPV37	AC-T-----C---A-C---G-----T--T---TT-G--GG--.....G-T---A-GGGA--		627
HPV9	-C-T-----C---C-T---G-C---T--T---TT-G--A---.....A-T---ACGGG-G-		627
HPV22	-C-T-----A--T---C---T---T---T--G--G---.....GTT---TC.....		621
HPV23	AC-T-----A--T---C---C---T---T--T--T--G--G---.....GTT---AC.....		621
HPV38	AC-T-----A--C---C---C---T---T--T--G--G---.....GTT---ACTCCA-C		627
HPV49	CCGCA---C--C-----G-----T--T-----A-----T---C-G--C.T-CG-		627
HPV4	-----C-T-----AAA-CCAAGTT-TT--T---ATT-----TT.....		600
HPV65	-----C-T-----AAA-ACAAGTT-TT--T--T-GTT-----TC.....		600
HPV48	T-----GA-----AAAACAAA--T-TT--TG--T-----TT.....		612
HPV50	T-----TA-----AAAACAAA--T-TTCATT--T-----TC.....		615
HPV60	-----C-T-----A--AAAACCAA--TT-TT--TG-T-----TT.....		603
most-likely	GACTCAGACACCTCCTCCACGACC.....CCCACCACCGCCACC.....		672
HPV19	---C--A-----A-----A-----A-----TGAC....		675
HPV25	-----A-----A-----T-A-----		672
HPV20	-----A--G-----CA-----G-----A-----TGAC....		675
HPV21	-----A-----CA-----G-----A-----TGAC....		675
HPV14d	-----A-----A-----TGAC....		675
HPV5	---A--A---A--C--G-----T---A-----		672
HPV36	---A--A--G-----A-----T-----A-----A-----		669
HPV47	---C-----A-----A-----A-----		672
HPV12	---C-----G--A--AG--A-----G-----		660
HPV8	---A-----G--G--A-----		663
HPV24T--CGAGAACTAC-----GGAT-----T-A-----		657
HPV15	AC-...TC--T-GA---G-AC-----GAAT-GC-G---A-AGACAGC		669
HPV17	---G-GTC-C--AT-AA-G-CG-A-----T--CGGT-GT-AC-A-----		666
HPV37	---GGG-CAG---GT-CAC---GTAT--GGGT-GC-GCT....		668
HPV9	--G-----AAGCAC---CTTCCAGGT.....CGGGTCGCCAA--A--T---G--TCC....		682
HPV22-C-T--CAGAA-T-CG-A-----GAAC-GG-A-----		651
HPV23-C-T--AA-AA-G-CGTT-----GAAG-AT-T-----		654
HPV38	----C-CAT--AGGG-GG-ACT-----AGC-T-----		660
HPV49	--A--CTC--A--G--AG-C-CGTTACGACACCGTCGACGAGACACCCACCAG-----A--A-----		693
HPV4AG-T-T--A-----TA-----		612
HPV65AG-T-A--A-----AA-----		612
HPV48TAG---T--GA-----AAT-----		630
HPV50TAG---T-A-GG-----AGT-----		633
HPV60--AG---T-A-AA-----AA-----		621

E2 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likelyACCACCGCCGTCTCCCCACC.....AAACAGTCACAACAAAC	710
HPV19	..TCCG-GT--AGAC----G----AGCCTC.....CAGAG-----	725
HPV25G-GT--AGAC----G----AGGCTC.....CGGAG--G-----	719
HPV20	..TCC--G--AGACAG--G--GA.....	716
HPV21	..TCC--GT--AGAC----GT----AG.....A-----	719
HPV14d	..TCC--GT--AGAC----G--G-AGATTC.....CAGA-----G-	725
HPV5--G---TT-A---A-GT--AGACAGCTC.....ACCACATCA----C-----	728
HPV36G-----TT-A---A-G--AAGCAGCTC.....ACCACATCAG----C-----	725
HPV47G-G--A-T-A-A--T-GC--AGACGCCAA.....TCCATCAAT-----	728
HPV12--T--T--A---A-G--AGATCC.....AGTGAC-----G-	710
HPV8--T---T-A---A-GT--AGACAGCAGCG.....GTCCCCTGCA----C-----	722
HPV24T---AG--TCAAG--A---CAACAGC.....CACAACA-GC-T--AGTG--G--A	709
HPV15	TTTCTT----T---G---T---GA.....G-A---C--C-CG	712
HPV17G-A-GG-GAC---TG----TCCGT.....GTCC-CC-GAA-CAC---CG	713
HPV37CG-ACGG-GAT---TA-----TCCGT--CACCAG--A	707
HPV9CTG-----A---GC--A--GGAG.....G-T-CAGG--T--TC-	723
HPV22T----T--A-----ACAA.....-G---TC---GT	686
HPV23--T--TTGTC-----ACAA.....-G---C-TCC--	689
HPV38T----T---G----GAA.....CGG-CAC--TCC----	698
HPV49--T---AG-A---ACAGCCACAGCCACAGCCACAGGAGCACCTG--TC--TCCA----	761
HPV4T--T--T--T--GA-A-TGAG.....G-ACA--GTT-C-	647
HPV65--C--T--T--GA-TTTGAG.....G-ACA----T-C-	647
HPV48-AAATCC--TT-TGAA.....AGCAGGGT	656
HPV50-GT-TGGG--TG-T.....GACG--GC-	659
HPV60T--T--A--A--A-A-TT--.....-GCCGGG--G--C-	659
5' sj for HPV8 \/		
most-likely	CGACACCAAAGGAAGAAGGTACGGACGAAGACCATCCAGCAGGACAAGGCGAACGAACACC...ACCAGGCAA	780
HPV19	-A-----C-G-----AGA--C---T-----CC-A---CAA-C-CAA...--GC-C--G	795
HPV25	-AG-----G---C-G-----A--G--G--C-----C-A---CA-C-AG--CAAG-GC-C--G	792
HPV20	-A-----G-----G-----T-----T-----A-C-CAA...--GC-C--G	786
HPV21	-A-----G-----G-----T-----CC-----C-CAA...--GCAT--	789
HPV14d	-A-----C-----G-----T-----CC-----C-GAA...--GC---G	795
HPV5	--A---G-----G--G--C-----A-T---A--T--C-A--GCAGCAA---G-	801
HPV36	--A-----A-----G--G--C-----A--C--C-AG-GAAGCAA---G-	798
HPV47	--A-----C-----G-----G-----A---A-----C--C-A--G...CA...--	795
HPV12	---C---GGA-G-A-G-A-----C-----T-----A-----CA-G-A--GCAGCAA---G-	783
HPV8	---A-----C-----G--C--G-----A---A---A-CGCAA--AGAG...CAG---G-	792
HPV24	..A---G--GC-G-AG-----G-----GGAG--A---C-C.....TG-----T---ATGC	765
HPV15	A...--G--CC--C-C--AAC---A-GA--T---C-T.....-A-C-----	764
HPV17	G...--ATC-CC-C-GC-A--A-G--G-A-G-G--T---C-T.....-AGC-----	765
HPV37	ACGG--ACC-CC-C-GC-A--A-A--A-G---T---C-T.....-A-C---G-----	762
HPV9	-.....-C-A---CA---A-G-C--T---CCC--C.....-C-GG-AG...-AA-A--G	774
HPV22	-.....ACCCACC-A---C---A-G---T--T...C-T.....-A-T-----	732
HPV23	-.....AACC-CC-A---C---A-G---T---C-T.....-AGC-----	735
HPV38	A.....-C-C-GC-A---GA--A-G---T---C-T.....T-A-C---T-----	744
HPV49	--GT---GGAA-G-----G---A-GAC--T--T...C-T-CAGC-G-CTC--A...T-----A--	828
HPV4	-.....-GG-CCT-C-...--G-T-CT...C-G.....-A-TTAC-G...-G----G-	688
HPV65	-.....GGGCCCTC--C---CA--TA---CGA--TT--CC-GG-G...-G-----	690
HPV48	-.....GGGCTCTCG...A-C-----GC.....T--G-G.....-G-----	687
HPV50	-.....GGGCCTTCC...A---GTA-----GAGC--A---G-----	694
HPV60	-.....C--TTCTTC...G-C--ATC...T--...T--CCG.....--T-----	690

E2 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

E2 bind for HPV5, 8
-> <-

most-likely	AGACGGTCCAGACACAGATCC...AGGTCAAGGTCACGGTCGCAATCCCGGTC.....	830
HPV19	-A--A--A--GTC--A----..-A--CC----G-----GG--G----T.....	846
HPV25	--G--A--A--GTC--AG---..C---CC---C-----C--G----C--CCGT.....	847
HPV20	--G--A...C--GTC--G--A...-A--C--A---CAA---CAGG--G----G.....	834
HPV21	--G---..C--TCG--G---..-A--C-----G-----GG--G----G.....	837
HPV14d	--G---..---TCG--G---..-A--C-----G-----AGG--G----T.....	843
HPV5	TC-A----C-----C-G---..C---TC---C-----GG--AA---CCAAA.....	859
HPV36	TC-A-----C-----TCT-----CC-A--G-----C--G-----CCACACC.....	862
HPV47	--G--A-----TC-----..C---GC---CA-T--T--A--AC--TTCCA.....	853
HPV12	TC-A---GC--T--C-C---..CA--T-AC-C-----GC---A---CCAAACCAGGGCCCTGGCG	853
HPV8	TC-A---GC-----C-CA--..---TC-C--C-----TC-----GTTAGGG.....	850
HPV24	----A..C--TC--TCG---..C--CA--A-AAG-AAGG--G.....	804
HPV15	-CC---..-G--G-A-.....-ACA-G-ACA-A-ACAAG--.....	800
HPV17	..ACC..C-G--A-.....-ACA-GACATC.....AG-	792
HPV37	..GCC..C-G--A-A-.....-ACA-G-AGA-.....G-C.....	789
HPV9	---AA.GG---AGG---..A..G-AGA-G-AGA-G-AGAAG--.....	813
HPV22	-TCA--..-G--A-A-AGG..C-AGAG--ACA-A-ACAAG--.....	771
HPV23	..A--..-G--A-A-.....-ACA-G-AAA-.....G-	762
HPV38	..-C...-G--A--GAAA..G-ACA--AGA-.....ACC.....	774
HPV49	GAGGTC--GC--GAC-----..---T--AA-CA--A-C-GC.....	870
HPV4	GCC-TA.-TC--AGG--G.....-AAC-G--AA-...-CG-C.....	723
HPV65	..-CT-GTG-TAGGG-G.....-AA-G--GA-...-T--	723
HPV48	..-CT..C--AGG---..CC-AGC-TC---..G--	714
HPV50	..-AA...-TCTGG-AG.....C-----CCAA-.....-G.....	721
HPV60	..ACTA.-C--GG--G.A-...-AC-TCACAAGA--GA.GTC.....	726
most-likely	..ACCTCCACCTCCAGCACCCGGTCCAGGTCCACGTCG.....CGG..	869
HPV19	..CTT--GT-TAA-C-GCGA...---A---AA--CAG.....AA-A..	885
HPV25	TCCGA--G-GG--GC-GT-G----G-----TGAA--TCAGTCGTC.....TAAGCGG--A..	903
HPV20	..-GG--GCGGCA-C-GT-T----T----TCG--TGAATCGCC.....GCGCCGG--..	888
HPV21	..CGGCT-CGA--C-AT-----C--A--CG---CTATTCGCGGTCCCGGTCCTCAATCGTCTGAC-A..	906
HPV14d	..CGGCT-CGA--T-AT-----G-AA--GT-TGA-CG.....G---	885
HPV5	AC--A-TCGG---C---A---C-----CTCACCAAGAC.....TCGGGCCCTTACA..	921
HPV36	CC--TCGGT-TG---C-----TA-----C-----CTCGCCAAGAC.....TGGGGTCCAG--GT	926
HPV47	CC--A-----A--C-TA-A---CA---T-----CTCAACAAGACT.....CGTGTCTCGTCCA--..	918
HPV12	CC-----GTA-----GT--..-CA-----C-----GTCACACAGAT.....TAGGAACCGGA--..	912
HPV8	TTGG-----A--GTAT--A---CA---T-----CTCACCAA.....GGCAGTT--..	906
HPV24	..CGAG-ACGG--C-----G--C-G--GC--CACTCA.....AACT--A..	852
HPV15GA--AG-A--GCGA...--A-----C--AAG.....GG--..	836
HPV17CGA--A--GT--ACC----GGG-GACAA.....	822
HPV37-G-A-CA-GG--A---A-----C--CCG.....GG--..	825
HPV9A--A--A--G-GA..CA-A-----GA--C.....AA--..	846
HPV22-C-A-CA-GG--AAG-AAAA--GA--A.....A--..	804
HPV23-CT--C--GG--AAG-AAAA--GA--A.....A--..	795
HPV38	..-AGG---CAA--G-GA...AG-AAAAG--GA--A.....A--..	810
HPV49	..-GACGGGAAG-G-----..---A----CAAAAAGCC.....AGC--T..	912
HPV4G-G-----C--G...-C-CTGAA--CGA.....	753
HPV65C-G-----CA--G...-C-CCGAA--C--.....	753
HPV48A-----A---GA---G-CCA--T-C--.....	744
HPV50C--A--G--A.CCGA--CAC---C--.....	750
HPV60-T-G---T-C--G...-G-C-AGTG-TGTT.....	756

E2 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likelyTCCCGATCCAGATCCAGATGAAGAGGCAGA.....	899
HPV19AAGGCC----CCA-T---G-G-----TC--GGGTCAC.....	922
HPV25--AA-----A---A-AC-TC-GCCACCAGAGGGAGAGGTC.....	960
HPV20-T-G-A-C---AC---CCG--TC---GGGAGAGTCGCCCTCCGCGCC.....	948
HPV21C-G-A--A-C---T---CCG---GCA-GTGTCCCTCATCACTACCGCCACCACCACCACCACC	975
HPV14d-T-G-A-C---A---CC---TC---CAAAAAGAAGTGT.....	930
HPV5AG-A---GC-----G---GTC-CC-ACCACCTGCAGAA.....	966
HPV36	ATCAA--A---AC-----A-C-CCTCT--AGG.....	963
HPV47--AA-G---CC-----CT-CCA--CC.....	948
HPV12-G---GCA-----G---G--GG-TCGAGGGTCATCC.....	954
HPV8C---G-----GC--CC---AC-GGCTACA.....	942
HPV24-TA-----CC--A--GA-GTCCA-ATC.....	882
HPV15AGA-A-GAA-TC----GG--G-GAA-CAG.....	866
HPV17G-A-TC----GG--G-G-AGC--.....	846
HPV37AAA-A-G-A-CC----GG--G-G-A-C--.....	855
HPV9GGT--A-AGA-A--GA-A-GG---GGAG.....	876
HPV22-----AG--CCGAGCAGC-GG---G-G.....	834
HPV23-----GAG---GAGCA-C-GG-G--G-G.....	825
HPV38-----AG--CCAA--GG-...-G-G.....	837
HPV49-A-----CC-CTTC.....	942
HPV4G--GTAC--CT-C--C-A--.....	774
HPV65G-GCTAC--GTAC--C--G--C-AC--.....	780
HPV48-C-----CT-C--AGC--.....	765
HPV50-C--A.....-C-TAC--.....	765
HPV60-TAC--CG-C--A--TCCAA-GAG.....	783
	5' sj for HPV8 \/	
most-likelyCCCAGAAGAAGGGGAGGACGATCATCTCCACAGACTCCTCCTCCACCTCC.....	950
HPV19CCACCGCCA---TGACCAATCTCCA-G---C---AG-CACT-----A-A-----TTGCGATCAA	991
HPV25	CCCACAACCACCA---TGACC-A-CC-C-A-G---C-T---CAC-----TG-----CAACGG....	1029
HPV20	ACCACCACAACCA---CC---C---C---TG--GGG--AC---CTC-A-----A--TCA.....	1014
HPV21	GCAACCAACTACT---CC---G--TC--G---GGG--A--T-CAC-----AA.....	1040
HPV14d	AGAATCACAACCA---CC---G--A---T---GGG--A--T-CAC-----AAACGG--A.....	993
HPV5	GGAGGTGGAAGGT-ACCC--GC--C--TC-A-G---C-----CTC-----G---A-ACAACGGTCAC	1039
HPV36GGAGGT-----GC--A-GTC---G---C-A-----CTC-----A-----A-ACCAACAAAC	1027
HPV47A---T-----TA--GGG--A-----AGGCAAAGA--GCGA--ACCCTCCACCT	1009
HPV12	ACCGACACCACCA-T-AGC-GC--A--TCCA-----T-CA--A--AGAAAACGG--A.....	1017
HPV8GCCACCT-T--GC-----C--T---GGG--AC--GGCGACGGCGA--A---AAGGTCACCT	1009
HPV24A-TCC--GG-CAACA-GA-G.....-GT-GG-GA...GA-A--C--AGA.....	924
HPV15-G-C--C-G.....C-----CG--A...A-----T-----	902
HPV17-G-CAGC-G--AC--A--C--C-A---CG-----A-GA-----	894
HPV37-G---C-G--AC--A--C--C-A---CG-----A-----GT-----	903
HPV9GAC-G---C-----A-G--C-----G-----A-TA--C--A-----	924
HPV22G--CC---CCT---G--A...--G-AGAA-----	873
HPV23GAA-CCCA-.....A---C-----G-GA...G---A-AA-----	864
HPV38GA-CCC-G.....C-----G-GA...--AGT-----	876
HPV49GGATCC--G--TCC--G---TGT---AC---AGAGATT--AG.....	990
HPV4-GAC--GA-.....G-AA--AGGGC-C-GG--AGGAGAA--C--.....	816
HPV65AA---A.....TC-GGGC--GGGC--GA...GAGA--C--AG.....	819
HPV48-GAC--C--AACC-AGA--...A--TGG-AC...A-GA---A-A.....	807
HPV50TTC--C-----G-G-A-G...AGAA-AC-A-T.....	800
HPV60-AACA---A--T...-----G--G...-GC--CGTA--.....	822

E2 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likelyCGGCAAAGAGGAAGAAGAGGAGGAGGC..	977
HPV19	GAGG.....GAGCAGCAGGGTCG---GC--C...--GG-G--GC-CA--..	1032
HPV25TCACAA--ATCGC--TCC--GGC--GA-CA--..	1062
HPV20CAA---TCGC--CAGCTGC-G-----G--..	1044
HPV21A---C-C--C-GCC-C-----G-C--..	1068
HPV14d---C-G...GC-C-----A-G--..	1014
HPV5	AGCGGGCAGCAGCCGA...AAGTTCAACAACCAGAGGGGCCCGAG--TCG----GTC-C-----GA--..	1107
HPV36	GGTCACGAGTGCGGGCCGAAACCACAGGGTCCAGAGGGGCGCGAG--GGT-----GGCC--G--T--GA--..	1098
HPV47	ACACCTCAAAACGGTACCGGAAGGAAACACAAGGGGCAGAGGGA--GGG---CA-G-G---C--GA--..	1080
HPV12---C-G--GA-----C-G--AGA	1043
HPV8	CCACCAAC.....ACCTTCAAACGGTCACAAA--GG-G---G--C-G--A---A..	1062
HPV24G-----C---GTCTC-ACCTCCTC-..	951
HPV15-CCGCCT-G---GG---GA--A-T..	929
HPV17-CCA-C--G...G---G---GA--..	918
HPV37-CCG-C--G---GG---GA--A-T..	930
HPV9G-C--GC---GG--A-G---T..	948
HPV22-CC-G...C-GG---GA---T..	894
HPV23-CCC-G...C-GG---GA--A-T..	885
HPV38-CCACC--G...G---GA--A-G--A..	900
HPV49-CCA-G---ACCC-C--G--CA---G..	1017
HPV4-CA-----G---A..	840
HPV65A-----G..	840
HPV48-CC-----C-----..	822
HPV50CT-C---..CAC---AAG.....	816
HPV60A-----C-C---T-...C--..	839
most-likely	.AGGGGGGGGAGCGGGAGGAGGTGA...CGATCATCATCCCTC..TCCCCATCCCCCACCCTCC...AA	1039
HPV19	.---TC---C--A-T---G--A---..G-GAA-CG---AGAGAG--A-----AA-A---..	1097
HPV25	.-----CC---C--G-CG-G...A--CG-CG-CA-AGATTG--TGA-----T-.....	1124
HPV20	.C-T-----A-ACAA--AGC-AG.GG--AGGCG--ATCA...--A-C-----A-....	1109
HPV21	.-TT--A-----A-TG-----G-G...A--CGG-----A-C-----G-----..	1127
HPV14d	.C-T-----G--A---..G---C.....A-C-----T-----..	1067
HPV5	.C-T-----A--C-C-AC---..G--AGG-----TC.....T-C-----G--A-.....	1166
HPV36	.G-T-----C-G...C-AC-AG-...---C-----A-C-----G--A-.....	1151
HPV47	.-T-----A-A-CA-C-AC-G...A--AGGAG--AT---AA-C-----TGA-T-----..	1142
HPV12	A-----C--T--G---A-C-AC---..GACCG-----A-C-----A-.....	1100
HPV8	.-----CA-T--G---AC--GA-...-----C.....A-C-----A-.....	1118
HPV24	.----AA--G-AA--G-C--TA--...A-G-----C-----T-C-----AGAACC--	1013
HPV15	.--AA-----CC-ACA-CA---CC...-A--GAAG-----A-G-----GAT--GA--AAGTC	994
HPV17	.-T-----CC-ACA-CAC---CC...-AG--GCGG-----G---GAT-G-GG--ACGATC	983
HPV37	.-A-----CC--A--CAC-A-CC...-A---AGG-----A-G-----GGT-G-GG...TC	989
HPV9	.G-AA-----CC-AC--CC---CC...-AG--CCGT---GT...--GC---A-T--GG...TC	1007
HPV22	.G-A-----CCC-CTC-CC---CC...-C---AGG.....G-G-----GT--A-GA.....	945
HPV23	.G-A-----CC-CTC-CCC-C-CC...A---AG-.....AG---A--AGAGT-T.....	936
HPV38	.G-A-----AC---..A--C-G...G-GC-GGTCA--G.....GAG---AAGAT--T.....	954
HPV49	.-----A-----AA-T--A---C...-CCA-CC-CA--TC...A--AGTAAA-GGGAAAGAAGGCGC-G	1082
HPV4	.--A--A--AG--A-A--CCGAA-TG...G---TG-----T--TG-AGAA.....	888
HPV65	.--A--A--AG--A-A--CC--A-TG...GAG--TG-G.....T--TGGGGAA.....	888
HPV48	...ACAAA--GAAATT-G---CC...GAC--TG-----A-T--TT-GGAA.....	867
HPV50	...TCACAATCA-AATT-G-AGCC...GAC--TG-G.....A-T--TGAAGAA.....	861
HPV60	.C-AC-AA-TC-ACC--CAGA--CCGTGG-G--TG-C.....A-TG-TGAAGAG.....	891

E2 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	ACGGTCACGAGGAGAGTCT.....GCTTCTGGTAGT.....GGCGTCTCTCCTGACGAAGTGGGAACATCA	1100
HPV19	-----A--C---A.....-GG---TC---GCTCCAT-----G-----C-----	1164
HPV25	G--A-----A-----A.....-GG---T---GCTCCAT-----G-----C-----	1191
HPV20	-----G-----A.....-AG---T---GCAACAT---A-----TCT--C-----G--	1176
HPV21	-----A---A.....-AG---T---GCAACGT---A-----C-----AG--T	1194
HPV14d	-----C-----A.....-AG---TC---GCAGCGT---A-----AGT--C-----AG--	1134
HPV5	-----G-G-----.....-AAGCTCC-----.....GT-----GGG--	1227
HPV36	-----A---AGC-C-----T-AGGA-CC-----G-----C-----AG--	1212
HPV47	---AGTCA--C-G-----.....C-AAATACC-----G-----AG--G-----AGCA-	1203
HPV12	---A--C---C-G-----.....AGG---A-C---GCAACGT---G-----GC-----G--T	1167
HPV8	---T---A---G-----.....T-AGGTTGC-----G-----TCT-----G---	1179
HPV24	-GCC---A-C-G-GA-GCGACACACGG---T---GGACAGT---A-----GG--C-----G-AAG	1086
HPV15	GA-A-----G...-----T--C-AC-GG-----A---G---CA--C-----GC---	1052
HPV17	G--A--CA---G...-----T--G-C--GG-----TG-G---GC-----A----	1041
HPV37	G--A--CA---G...-----T---CA-GG-----TG-G---C-----AG---	1047
HPV9	G-----C-----G-A-----C.AGG-----T-----G---T-----CG-	1068
HPV22	.GA---TGTT-AC...GGG.....G-----G-G-----G--A--	993
HPV23GTTAC-...GGG.....G-----TG-A---AGT-----G-G---	978
HPV38CC.....T-G-A--GG-----A-A-G-----A-----GG---	1008
HPV49	C-----A-G-G-GAGAG.....C--GT-TC-G-AGGGGTT---A---G-----A-G-----T--AG-	1149
HPV4GTG--G...AGC.....-A.....CA...CGAC---T-A.....	915
HPV65GTG---...ATC.....-A.....CA...AGAAC---T-A.....	915
HPV48GTG---...-A.....-A.....ACAACGC-T-C.....	894
HPV50GTG---...AGA.....-A.....C-AC---T-C.....	888
HPV60GTG---...AGC.....-A.....CA...AGATCTC-TCCT.....	918
most-likely	GTTTCGATCAGTTAGTACAAGACATACAGGACGACTTGGAAGATTACTGGAAGAAGCTCGCGATCCCCAGTAA	1173
HPV19	---ACA-G-----GG---A-----A-----G---TT-----	1237
HPV25	---ACA-----T-----A-----T-----G---TT-----	1264
HPV20	---TACA-----T-----A-----T-----T-----G-	1249
HPV21	C---A-----A-----T-----C-----T-----	1267
HPV14d	C---A-----T-----A-----A-----G-----C-----T-----	1207
HPV5	C-----T-----AG-----C-----	1300
HPV36	C-----T-----T-----A-----T-----G-----	1285
HPV47	C-----G---A---T---G-----G---T---G---A-G-C-----	1276
HPV12	C---A---T---T---A---G-----G---T---T---C---G---	1240
HPV8	---A---T---G---A---G-----C-----C-----AT--C-----	1252
HPV24	C---AGA-----GG---A---T---A-----C---T---G---T---	1159
HPV15	-----C-G---G-A---T---G-----A-----G-A-G-C-----	1125
HPV17	-----G---G---AC-C-GGT---G-----AC-----T-----A-G-----	1114
HPV37	-----A---G---G-GAC---GT-----AA-----C-----A-G-----	1120
HPV9	-----G---G---G---CAC---GA---C-C-----CT-G---AAA-C---T---	1141
HPV22	C-----A---G---G-CAG---GT---G-----CGCA-----C-C---AAA-C-----	1066
HPV23	C-----G---CACAG---GT---A-----CGCA-C---T---T-C---AAA-C-----	1051
HPV38	---A-A-A-----G---G-CA-AG-GGT---A-----ACGC-GC-----C---C---GCA-C-----	1081
HPV49	---A-A-A-----GG-C---CTT-----G-----G---G---A-----T-----	1222
HPV4-ACA-G-T-TG...TCG-----CTC---AA-C-----A-G---G---TA-G-	973
HPV65-ACA-G-T-TG...TCG-----CA-C---AA-CT-----A-G---A---CA-G-	973
HPV48-ACACG-TT-C...TC-----C-----A-----G---G---T---G	952
HPV50GCGCATG-T-TG...TC-A---A---C---AA-G-----G---A---CC	946
HPV60-A-GCG-TATA...TC-A---C---C-T-AA-G-----G---T---A---C	976

E2 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	TTTTGGTTAGAGGGGAAGCAAACACTAAAATGCTTTCGCAATAGAGCTAAAAAAAAATATACAGGTCTATT	1246
HPV19	---A---G---C-T---G---CGTA-----C-----GC-C-TG---CG---G---T--	1310
HPV25	---A---T---T---G---TCG-A-----C---G---A---GC-T-TG---T---G---	1337
HPV20	---A---G---A---GC-T---T---G---T---G-----G---C---C---G---G---G---A	1322
HPV21	-C--A--C--G-----C-C--T--G-----C---GCTT---CG---GT-G-A	1340
HPV14d	-C--A--C--G-----CC-T---G---CG-----GC---G-T---G---T-A	1280
HPV5	-CA-T--C-A---CG--T---G---AATG-C---C-----TT---C-TG--A--G--	1373
HPV36	--CC-T-----G---T-----T-----C-----G-T-----C-TG--A--G-A	1358
HPV47	--C-T--GC-----C-----T-----C---A--GG--C-----G---G---T--	1349
HPV12	-CA-TTGC-A---GG-----G-----C-----G-C-C-----G---G--	1313
HPV8	-A---C---G---T---T---T-----C-----G-GTT-G---G---A--G--	1325
HPV24	---AC--C-T---GT--T---T---T---T-----C---G--A---GCTT-G---G---A--G-A	1232
HPV15	-C---C-GC-C--T--T--T---A-T-----TT--G--A--G---G---CAG-A-T--G-	1198
HPV17	---C--GC-C--C---T---A---G-----AT-----A---GCG---GGCA--T--G-	1187
HPV37	--G--C--GC-T--T--T--T---A-T-----A---T-----G---GC--GG--AAC--G-	1193
HPV9	-GC--T--GC-T--C--C--C---TGTG--T--G---A---TT-C-G-AACGC---A-A-G---CT--G-	1214
HPV22	--C--C--AC-C--T-C---T---T-----A---T---TT--G---G---C--G-T--AAGC--	1139
HPV23	-A---C--GC-C--C--GT---T---T-----A---T---GTT--G-----GC--G-T--AA--	1124
HPV38	-A---T--AC-T--A--T--C--T--CT-----A---T--C--TT--G-----C--G-T--GGC--	1154
HPV49	-AC-TT-GC---A--CC---T-TTT-----T-ACA-AT-C---A---G---GCGTA-ATT---T--G-	1295
HPV4	-A---T--A--AG--CAC-----TT-TT-G---T--GGA-AT---AAAGTT--CTC-A--TGCT-CAAC--	1046
HPV65	-A---T--A--AG--CAC-----TT-GT-G---T--GGA-AT---GAAAC---TTCCAG--ACT--GGG--	1046
HPV48	-G--AT--C---TC--CA--T-ATT-G---T--GGA-A--C-CTG--CT-C-----G-TA--T---	1025
HPV50	-AA-TA--C---TC--CAG--T-AT--T---T--GGA-GT---GTTCTC-C-----G---A---C-A	1019
HPV60	-GC-AA--A---TCT-----T-C--T---T--GGA-AT--C--TTG...---G---C--TAT--	1046
most-likely	TAAATCTTTTAGCACTACATGGTCATGGTGGGTGGAGATGGCACTGAGCGTCTAGGCAGGTCCAGAATGCTC	1319
HPV19	--GC--A-----G-----C-----A-T-----A-----	1383
HPV25	--GC--A-----T--GG-C---G-----C-----T-----	1410
HPV20	---G---C---GG-C---G-----C-----G-----	1395
HPV21	---GG---C--T--GG-C---G-----C-----T-----	1413
HPV14d	C-GGG-C-----GG-T---G-----C-----	1353
HPV5	--GG--A-----T---C-----CA-----C-----	1446
HPV36	--GG--A-----T--A--T-----CA-----C-----	1431
HPV47	--G--A--C-----TT--C---A-C-----A--T-----	1422
HPV12	---GG-----A-----C-----A-----C-----	1386
HPV8	C---AC-----C--G-----CC--C---A-----	1398
HPV24	---G-A-----AT-T-----A-C--C-----A-----T-----	1305
HPV15	A---AC-A-----C--G---C---A---G---TACAA-T-A---TA-AA-T--AC-C--AC--T--T-A	1271
HPV17	---A--AC-----C---A---ACT-A---CA-AA---T--A--A-----T-A	1260
HPV37	---G-AC-AC--T--C--G-----T--G--CAGCAC--A---TA-AA-T--A-----AC-C---T-A	1266
HPV9	A---A--A---T---G-----A--G-A--CA-TTG--TA-AG-T--A--AG-GC---A-T	1287
HPV22	CC---T--A---T--A--G---C---A---G---GC--ACA--C--TA-AA-C--GC-C--T--G--A--A	1212
HPV23	-T-T-A-G-----A--G-----A-T--G--TC--TCT---TA-AG---GC-TG-A--G---T-A	1197
HPV38	-CGC-T-G-----A-----A-A--A-AT-CATCA-A---T--CA---GC-C--AC-----T	1227
HPV49	A---CA--A---T--C--C-----T---T-----A---AA-AA---T--A--AC-T---T	1368
HPV4	CTT--TCA-G--T---GTT---AAC---T--A...---T--T-AC-TAA-.....CATAGTC-C-----T	1110
HPV65	-CTC-T-A-G-----GTT---AAC---T---...---TGT-A--AAA-.....CACAGTC-C---T-A	1110
HPV48	-TT--GC--C---T--GTT---AAG---C-T---CCTA--TCTGA--G-G--.....GCTG-A-A-G---T-A	1092
HPV50	-G-G-G--G---T--G---AAG---T---CCC-A-ATCAGAG-GATACAGG--TGATG-T-A-T---T	1092
HPV60	---G-A-G--T--AGT--TTAG-----A-ACAT---C-TAC-A--ATC-...TCT--ACAT-A-T--T-A	1116

E2 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	ATTACCTTTAATTCCTATAATCAAAGAAAAGATTTTGTAAAACTGTGAAATTCCTAAAGGAGTTGATTGGT	1392
HPV19	---GT---GTC---T-----C---GC-C---A-G-T--A--A-GG-A-----T--G--CC-A-	1456
HPV25	---G---T---A-C-G---G-----C---A-G-TG-----G--A--G--G-----CC---	1483
HPV20	---G---TA---TC-G-----A-G-G-----A--G--G-----G-----CC---	1468
HPV21	---G---CTTC---T-G-G-----A--G---T---A--G---T---CC---	1486
HPV14d	---G---TTC---T--C--G---G-----A-C-G---T--G-AC--G-----G--CC---	1426
HPV5	---G---TC-----C-----G-G-----A-G--G-G---CG--AC--C-----AA-G	1519
HPV36	---G---TCG---C---G---GG-----A-G-CGTG---G--AC--G-----AAAA-	1504
HPV47	---G---TCC-G-CTC-C---G---GG-----A-G-TG---C---A--A-----C--G---	1495
HPV12	---G---C---AAC---G---G---A-G-G-----A--G--G-----AACTG	1459
HPV8	---CTG---C---AGC-GGC-----G--C---A-G-G-----AC--G--G-----ACA-	1471
HPV24	G-C-GT---CCAGT-T---G--GC---GT-GG---C-CG-CCTA--A-G-----G--T--A---	1378
HPV15	C-GG-A---CTC---A-C-CCG---G-GCTC---A-C---TAA---C-G--ACC---C-----	1344
HPV17	C-AG-A-----CA-A---G--G---G---TTG---A-CC---AAA---GC-A--ACC---T-----	1333
HPV37	C--G-A---C-A---A---CAG---G-GTTG---T-A-----A-----A--ACC-----	1339
HPV9	T-AG---G-CA-A---G-G---C---C--C-A--CA---GG---A-----A--ACCTAC---A-----	1360
HPV22	--AT-A---C--A-AG---GGG---G-GA-G-GCT-GC---CAAA---C---TT---T--A--A---	1285
HPV23	--AG-A---C---TA--C--G---GG--A-A-G-A--C---GAAA---G--A---TT---A-----	1270
HPV38	C-AG-T---T---AG-ATCA-----G--A-G---A-AC-G---A-----A---C---T--A--G---	1300
HPV49	T-A-GT---C---AA-C-GCACT---TC-C-G-A-----T-A---GC-C-----T--G--A---	1441
HPV4	---G-A---G--AG-AC-G-C-----G-C-C-----A---CACAACTT-----CTGTG-ACA-ATA	1183
HPV65	---G-T-----AAGTCC-GG---G---G-CTCA-----CACAACTT---C--A---CTCTG-ACA-ATA	1183
HPV48	G--G-A-----AAGTG--GCC-----C---TG--CT-A--C--A--TC-TA-----AC-AC-ATAA	1165
HPV50	---G-T-----AAATCC-G-A-----GCT-TC---T-A--C-----TGG---A--C---AATAC-ACG-AC-	1165
HPV60	G--GTT-----GATACC-CA---C--G-T-T---A-G---TTA--A-CT--G--A-G---TTG-ACA-ATA	1189
most-likely	CATTTGAAAATTTGATAGTCTATAA	1418
HPV19	-G-----CTC-----C--T---	1482
HPV25	-----TC-----C--T---	1509
HPV20	-G-----TTC-----C--CT---G	1494
HPV21	-G-A---TTCC-----C-----G	1512
HPV14d	-G-----CTC-----C-----	1452
HPV5	-C-A---C--CC-G--C-----T---	1545
HPV36	---A---C--CC---C-----C---	1530
HPV47	---A---T-GTC-----C--T---	1521
HPV12	---A---C--C--A--C--C-----	1485
HPV8	-T-A---T--CC-G--C-----	1497
HPV24	--C-G---GT-----AA--G---	1404
HPV15	-GC-A---T-T--A---GA-T---G-	1370
HPV17	--C-A---C-TC-A---GA-T---G	1359
HPV37	--C-G--TC-T--A---GAAT-G-G-	1365
HPV9	-T-A-----TG-----GA--G---	1386
HPV22	---A---CC-G-----GA-T-----	1311
HPV23	-C-A---C-----GA-T-----	1296
HPV38	---A---C-----GA-T-----G	1326
HPV49	-T-----T--T-----AG--T---	1467
HPV4	-C-AC---CTC---GA-----T-----	1209
HPV65	-C-A---TTCT--AA---CT-----	1209
HPV48	-TC-G---G-C---C---T-----	1191
HPV50	-TA-G---C-T--G---CTC-----	1191
HPV60	-----C---AA-CTC-T-G---	1215

E2 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

SuperC.con	ATGAAGATG????CAGC??gcGAaC?tTTAC?TG?AGCGCAAGAAACaCaAaTgca?TtgA	51
GroupC1.con	ATGGAGACAGCATGCGAACGTTTACATGTAGCGCAAGAAACACAAATGCAGTTGA	55
BPV1	-----	55
BPV2	-----	55
GroupC2.con	ATGAAGATGAGTGCAGCCA??GA?CA?TTACTTGCAGCGCAAGAAAC?CA?ATG??AT??A	51
EEPV	-----GC--T--T-----A--G---CA--GC-	61
DPV	-----AA--A--G-----G--A---AC--TA-	55
SuperD.con	ATGGTGAGCCTCGAAGCCCGTTTCGATGCTGTCCAAGATCAGTTGCTACAAGTTT	55
BPV4	-----	55
SuperE.con	ATGAGTCAGATGGAgA??CTCagc?a?cgcTTAGACT??cTaCaAGAGcAgcTacTgA?tCTaT	57
HPV41	-----GA---CTGG-A--A-----ATA-----A-----CA-----	64
COPV	-----AA-----G-GGC-----TA--G-----G-A-----G--G-	55
CRPV	-----GCT-----C-G-----CCA---G--G-A--T--C-G--C-	55
GroupE1.con	ATGGAAA?CCTCA?CA??CGCTTAGACT??CT?CAAGAGCAGCT??T?A??CTAT	43
HPV1a	-----A-----G--GT-----TA--G-----AA-G-AC----	55
HPV63	-----G-----A--AC-----GG--A-----TC-A-CT----	55
Unclass.con	ATGGAGAGCATAACAGCCGTTTAGCTGCTGTGCAAGAGGAAGTATGTGCATGT	55
MnPV	-----	55
SuperC.con	TTGAg...AAAgA TAGtgataagTTgcAaGATCAtatAct?TatTGG??tgCtGTtAGaA?tGAgAacaca?T	116
	E1 end <-	
GroupC1.con	TTGAG...AAA??TAGTGATAAGTTGCAAGATCATATACTGTA?TGGACTGCTGTTAGAACTGAGAACACACT	122
BPV1	-----AG-----C-----	125
BPV2	-----GC-----T-----	125
	E1 end <-	
GroupC2.con	TTGAg...AAAGATAG?????TT??A?GATCA??A??CT?TTGGGG??C?GT?AG?AG?GA??A????TT	92
EEPV	-----G...-----TCGCCTG--AC-G-----TGC-TG--A-----GG-A--A--A--G--AA-CTG--	131
DPV	-----A...-----CACAGAT--GA-A-----CAT-GA--C-----TC-G--C--G--A--GC-TGGT--	125
	E1 end <-	
SuperD.con	ATGAA...AATGACTCTAATACATTAGAACTGTGTTTACAATACTGGGCACTCATAAGGAGAGAGAATGCACT	125
BPV4	-----	125
	E1 end <-	
SuperE.con	ATGAg...aAggA?AGtaaa??t?T?GaagatCA?ataa?GCa?TGGaatcTact?AGaaaaGAacAaGt?cT	117
HPV41	-----A--T--GTTGACC-A--G-----T--G--TA-----G--A--G--GG--A-T-CAA-	134
COPV	-----C--A-T--CC--AG-C-T-C--C--ATC--G--C--TCAT-G--C-----G-----C--	125
CRPV	-----G--C-CGAG-T-G--GTCC--GC--CA--C--CT--A-----G--C--	125
	E1 end <-	
GroupE1.con	ATGA?...?A?GACAGTAAA??AT?GAAGATCA?AT?A?GCAGTGAATCTA?TTAGACA?GAACAAGT??T	99
HPV1a	-----A...C-G-----TTG--A-----A--T-A-----A-----A-----TC-	125
HPV63	-----G...A-A-----GAT--T-----G--A-T-----C-----G-----GT-	125
	E1 end <-	
Unclass.con	ATGAG...GATGGGGAGGAGACACTGGAGGCCAGCTTAAACATTTGGGGCTTGTGAGGAAAGAGCAAGTCTT	125
MnPV	-----	125
SuperC.con	gcTtTATGCTgCaAG?aaaaAaGGg?TgActgtgcTtGGa?actgc??GT?CCaC?cT?t??GTt?gtcaa	176
GroupC1.con	GCT?TATGCTGCAAGGAAAAAGGGGTGACTGT?CT?GGACACTG?AGAGTACCACACTCTGTAGTTTGTCAA	191
BPV1	---T-----C--A-----C-----	198
BPV2	---C-----G--T-----T-----	198
GroupC2.con	??T?TATGC?GC?AGA??AA?GG?TT?A?????T?GG?T????CCTGTGCC?CC?TG?TCTGT?A?????	132
EEPV	AT-A-----A--G---ACA--G--G--A-AAACAA-T--G-GTGTG-----T--T--T-----T-CTGCA	204
DPV	GC-T-----T--C---CAC--A--C--G--TTTGGC-C--T-TGAAC-----A--A--C-----G-AGTGC	198
SuperD.con	TTATTATTATGCCAGGCAACAAGGTAACAAAGGCTAGGTTTGTACACAGTGCCTCCACAGAGTATCAGAA	198
BPV4	-----	198
SuperE.con	?tt?cAttt?gccagAaaaaA?GG?ataatgaga?T?GGc?tgaggctGTgCC?tC?ct??c?gc?TC?cAg	175
HPV41	C-GGT--G-ACT----C-GG-A--ACACGCA--GG-C---GGCAGA--G-----GG-AA-GA-G-TA--GG-A	207
COPV	AC-TT--AT-----GGC--G--C-----GA-A--A-----C-----TC-A-AGT-T-TG--T--A	198
CRPV	T--A-----CTGT-A-----C-C--G--C-G-CA-C-G---TACAC-C-----C--G--T--TCTTA-C--A--	198
GroupE1.con	?TTCCA?T??GCC?GAAAAAA?GG??TAATG?GA?TTGG??TGCA?G??GT?CC?TC??T?GC??C?TC?CAG	148
HPV1a	T-----T-TC--A-----T--GG-----A--A--AT----G-CA--T--A--TT-A--GT-C--A--	198
HPV63	A-----C-AT--C-----G--AA-----C--C-----CC----A-TT--G--T--CC-T--AG-T--C--	198

E2 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

Unclass .con	GTTACATGCAGCACGCCAGCATGGACATAACAAAATAGGACTGCAGGCCGTGCCCTCTTTTCAGTGACCCAG	198
MnPV	-----	198
SuperC .con	ga?a?AGC?aaGCA?GCaATtgaatGCA?tTgt?t?tGcAggagTTAag?aAaA?t??T??gg?aAtGA?C	233
GroupC1 .con	GA?AGAGC?AAGCAGGC?ATTGAAATGCA?TTGTCTTTGCAGGAGTTAAGCAAACCTGAGTTTGGG?ATGA?C	258
BPV1	--G-----C-----C-----G-----G-----A-	271
BPV2	--A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-	271
GroupC2 .con	????AAGC??GCAAGCAAT????ATGCA?T??T?G?G?A????TTA??G?A?AG?CCATGG??CAA?GA?C	174
EEPV	GAGC---GAA-----ATGC---AT-GA-T-T-G-GGAA---CT-C-C--T-----GC--A--A-	277
DPV	TTAG---TCG-----TGAG---GC-TC-G-G-A-CAGC---AA-G-G--C-----TG--T--G-	271
SuperD .con	CAAAAGGCTAAGGATGCAATCAAGATGTACTTATGTTTGGAAAGCCTGCAGAAATCAGAGTTTGCCAATCAAA	271
BPV4	-----	271
SuperE .con	Ga?aa?GCaAag??aGC?ATaGAaatG??gcT?tA??Taga??gccTaa??gactcacc?TATgc??ctGAgc	231
HPV41	--CC--T--C--ATTC--A-----CA-A-AA-GC---ATCA---AG-C-AGT--C-----GG-C---G	280
COPV	--CC--A--T--CAG--C-----GCA-TCA--T--CA---CA--T-GTTAC-----AAG-----AAA--A-	271
CRPV	--ATGT-----CA--C-----GT--G--CA-T--AA---CTCAGG--C--G--T--AGA-----	271
GroupE1 .con	GA?AA?GCAAA?ACAGCTAT?GAAATG????T??AT?T?????T?A??GACTCAC??TATGG??C?GA??	192
HPV1a	--G--G-----G-----T-----GTGT-AC--T-AGAGTCTT-A-AG-----CT-----CA-A--GG	271
HPV63	--T--A-----A-----A-----ACTC--TT--C-TAGTGGCC-C-GA-----AA-----TT-T--AC	271
Unclass .con	CAGAATGCCAAGAATGCTATTGAAATGCATTTGCTGTTGCAAAGTCTGCAGAGACACCATATGCTAGGGGAAG	271
MnPV	-----	271
SuperC .con	CATGGTct?Tgct?Gaca?AAGCTGGGaccGaTAT??g?Cag??CC?aaA?ggtg?TT?AA?AAAGGCGCCAG	293
GroupC1 .con	CATGGT?TTTGTCT?GA?ACAAGCTGGGACCGATATATGTCAGA?CCTAAACGGTGTCTTAAAGAAAGGCGCCAG	327
BPV1	-----C-----T--C-----A-----	344
BPV2	-----G-----A--T-----G-----	344
GroupC2 .con	CATGGTC?CT????GAC?TAAGCTGGG??G?TATCA?GC??C?CCA??AG????TTTGAAAAAAGGCGCCAG	227
EEPV	-----C--TACA--C-----AGA-A-----G--TG-C---AA--GGTG-----	350
DPV	-----A--GTGT--T-----GAC-C-----A--GC-T---GC--AAAC-----	344
SuperD .con	GATGGTCACTTGTGGACACTAGCATAGAGACATTTAAGGCCCCACCTGAAAACACTTTAAAAAAAAGGGGCCA	344
BPV4	-----	344
SuperE .con	??TGGtCatT?caaGatAC?AgcAgaGAaaggTt?tt?gcaccaCC?gct?a?ACaTTcAAaAag?g?gg??a	291
HPV41	GC-----G-----A--C--C--AG--C--AC--G--TGA---GT--CGG-----T--G--ATTA--GC-	353
COPV	CG--A--C-ATGC-----A-----G--G---GG-T---GA---T--AT-C--C-----AG-T--AA-	344
CRPV	CA--A--G--G--G---C--T-----CGAAAGC--T--GCAAA-G-----AACCCAGC	344
GroupE1 .con	A?TGGTC??T?CAAGA?ACTAGCAGAGA??T?TTTT?GCACC?CCAG?T??AC?TTCAA?AAG?G?GG???	244
HPV1a	-T-----AC-T-----C-----GC-G-----G-----C---C-GGC--C-----G--A-T--CAG	344
HPV63	-G-----TT-A-----T-----AA-C-----A-----A---A-CAT--A-----A--G-A--GCA	344
Unclass .con	CATGGACACTAAGCCAGACCAGCAGGGAAATGTATATGGCAGGTCCATCCGGCACCTTCAAGAAAGACGGCAC	344
MnPV	-----	344
SuperC .con	?gTGGTaGA?GTGGAGT?TGATGG?Aa??Caa??AATA?aA??TGGTA?ActG??T??Ag?a?atTGTAC???	345
GroupC1 .con	GGTGGTAGAGGTGGAGTTTGTATGGAATGCAAGCAATACAACTGGTACTGTCTACAGCAA??TGTAC...	395
BPV1	-----TT-----	414
BPV2	-----AC-----	414
	poly-A signal for DPV	
	-> <-	
GroupC2 .con	A?TGGT?GAAGTGGAGTATGATGGGA?CTC??CTAATAA?ACTTGGTATAC?GCTTGGGAT?CA?TGTAC?TG	289
EEPV	-G-----G-----A---TT-----G-----A-----G-A--G-----G--	423
DPV	-C-----T-----G---CA-----A-----C-----A-T--T-----T--	417
SuperD .con	GCATGTGACTGTCATTTATGATCAGAATGCAATGAATTCAATGGTATACACTTTGTGAAAGAAGTATTAT	417
BPV4	-----	417
SuperE .con	?aca?TTgaggT?a?cTaTGatgatgatcc?ga?AAca??ac?aga?ataca?TgTGG????at?T?taTtat	347
HPV41	GC--G--ACCC-A-TG-T---CA-----C--A---CTT--AGA-GT-GT-T---AAATGGG-T-----	426
COPV	GCAGA---T--C-GA---G---CAG-GAG--A---TTGTC---T--GT-T---CTGG--A-C-----C	417
CRPV	T-TTG-----TTA-----G---CAGA-GG---AC-ATGA-T-C---C-----GGTATAT-TAT-AT-	417
GroupE1 .con	?ACA?TTGAGGT?A?CTATGA??A??A?CC??ATAAT??AC?AG?CA?AC??T?TGG??CAT?T?TATTAT	292
HPV1a	C---C-----T-C-----CA-TA-C--TG-----CAG--A--G--C--AA-T---AAT---G-G-----	417
HPV63	A---A-----A-T-----TG-GG-T--CA-----AGC--C--A--T--TG-A---CGC---A-A-----	417
Unclass .con	CATTGTGGAGGTTATATTTGATGGTGACAAGACTAATATGATGACATATACAAAGTGGGGGAAGATATACTTT	417
MnPV	-----	417

E2 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

SuperC.con	??cgaC?GagGA?G????TGG?AG??tGCgaagg?TGg?GC?GACGgAa?tGGgcTcTacTA?tgcaCCa	399
	mRNA start from P(3080) promoter ->	
GroupC1.con	ATGCGCACAGAGGACGGC...TGGCAGCTTGC?AAGGCTGGGGCTGACGGAACTGGGCTCTACTACTGCACCA	464
BPV1	-----C-----	484
BPV2	-----G-----	484
GroupC2.con	CGC??A?CGGA?GAGGAGGGCTGGGAGAC?GC????GTG?TGCAGACG?A?A?GG??T?T?TAT????CC?	338
EEPV	---GG-A---A-----T---TGTCT---C-----G-C-G--CA-T-AT---TGCG--G	496
DPV	---AA-C---T-----G--GACTG---G-----C-G-C--TC-C-TC---ACTA--A	490
SuperD.con	GTTGATGAAACTGAGACA...TGGCATAAAACCAGTAGCGATTGGATTATGATGGAATATTTTAT...ATTG	484
BPV4	-----	484
SuperE.con	ca?aa?g??gatga?g?a...TGG??aAAagca?ctaGtggtgTtGAtgataaaGG?gTgTatTat...t?g	402
HPV41	ATT-CACCAACA--T-A-...--TAT-----TAGAG---CA-----C-CT--TA-A--C--C...A-T-	493
COPV	--GG-T-AGTT--CACC...--GA-----CA-G-CAAGC-A---C-C----AC-C-CA--C...A	481
CRPV	GGG--C-CT---GG-AG...--GTT--GA-TGAA-----A-G--CT--G--GA-T-----G-G-	484
ROPV	G-T-C---CAC-----G--G--G-----...AGG-	41
GroupE1.con	CAAAA?GG?GA??A??A...TGGAGAAAAG?A?C?AGT?TGT?GATG?T??GG?GTGT??TAT...TTAG	340
HPV1a	----T--G--CG-TGT-...-----T-T-C---G---T---C-GTA--A---AC---...---	484
HPV63	----C--T--TA-CAG-...-----C-G-T---A---A---T-CAT--T---TT---...---	484
Unclass.con	GCTGATCCAAATGGCAAT...TGGAGCAGAACAACCTCCCATACGGACATTAATGGCATAATTTTT...A	481
MnPV	-----	481
SuperC.con	tG????ggtg?t?gacg??TtTAcTaT?g?g?c?T?T?G??a?GA?GCagcCAGATtAG?AcaACaGGGcat..	455
GroupC1.con	TGGCCCGTGCTGGACGCATTTACTATTTC?CGCTTTGGTGA?GAGGCAGCCAGATTTAGTACAACAGGGCAT..	533
BPV1	-----T-----C-----	555
BPV2	-----G-----	555
GroupC2.con	?G...??G?A??G?G?TA?T?TGA??CTTTGAAA?GATGC??CAGAT??AGCA??AC?GGG??...	377
EEPV	G...ATGA-C-GTAA--G--C-T---AAC-----CT-----CCG----GG----GG--G--CAC..	564
DPV	T...TCCG-T-CACG--T--T-A---GCT-----GA----AGC----AC---CT--A---ACT..	558
SuperD.con	ATAATCAGGGGAACAAGATATATTATGTGAACTTTTTCAGGACGATGCAGCATTGTATTCTAATCTGGCATG..	555
BPV4	-----	555
SuperE.con	a?catGa?ggt?acaAaatgTATATGTgacTttgaa?agGAgGcga????T?tagc?a?AcaGGacaa..	462
HPV41	-C--C--GTC-GTT-----C-----AGA-----CAT---A--G--GAAC-T---G-G----CACT..	564
COPV	TG---GGAC-C-GC-GG-----G-----A-CAAA-A---G-G--T--GA--..	552
CRPV	-CTC---A--AA--T-TG-----CTC-ACC--C--G-GACGT-T-GCTGCT-AT----C..	555
ROPV	-TACA--A--AA---T-A-----GACT--T--T-CACGC-T-TCAAGC-A---G-G..	112
	TATA box for HPV1a -> <-	
GroupE1.con	AA?A?GATGG????AAAAA?TA?TATGT????TTT??GA?GAGGCC??T??TA?AGCA?AACAGG?C?A..	386
HPV1a	--C-C-----CTAT-----T--T-----GTTA---GCT--G-----TC-AAG--C---C-----A-A..	555
HPV63	--T-T-----TGTC-----C--C-----TGAC---CAA--A-----AA-CGA--T---A-----T-G..	555
Unclass.con	ATAAGTCTGGGGATAAGGAGTACTATGTGCGGTTCAAAGAGGAAGCAAAGAGGTACTCATTAAACAGGAACT..	552
MnPV	-----	552
SuperC.conT??CTGT?AG?GAT?A?GA?aga?tgTAT??t??g?tcTc?tcc?Cc?C?tCt?A?	492
GroupC1.conTACTCTGTAAGAGATCAGGACAGAGTGTATGCTGGTGTCTCATCCACCTCTTCTGAT	590
BPV1	-----	612
BPV2	-----	612
GroupC2.conTGGACTGTGAGGGATAACGAT??A?TATCA?TCA??T?T??GC?CCC?C?CAC	418
EEPV-GTG-TA----T--ACC-T-GGT--A--C-T---	621
DPVCGT-CT----C---CAT-C-...-G---T-C---	612
SuperD.conGGGCAAGTGCATTTTGAAGCAAAGTTCTTTCT...CCCTCTGTTACCAGTTCGCTT	609
BPV4	-----	609
SuperE.contatg??gttctatat?aaagcaaaagg?Ttacta??cta?tgct?ccagcactacC	510
HPV41GTCACCTAC-GGCTAGGC---GCCCT-G-A-A-GTAC--GAAC--GTA-CTGT----	621
COPV-AGA-----A-CC--CC--CT-CTA--C-C-CCA-C-G---CG--G-A--CT--	609
CRPV-AC--GG-G-T-C---A--TGC-CC-CT-...T--TC--TCA-----T-CC--	609
ROPV-AA--G-----A-----C---AAC--T--GTGT-CTC--T-A-----T-A---	169
GroupE1.conTAT?CTGT??A?TA??GGGTAAGGTT?ACAAATGTTATGTCT????CA?TAGC	429
HPV1a-G-----AA-T--CAG-----T-----...TC--C----	609
HPV63-A----TC-A--TGA-----C-----CCTGT--A-----	612

E2 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

Unclass.conTGGGAAGTACATGATGGACTAGAGACACATTCCCTTCTTATTCTGTCCAGCTCT	609
MnPV	609
SuperC.con	T?TAGAgAtcgCccagacgga?Tc?aagg?g?aT?g?a?gg??ctG?aggagac??G??ggaA?AgaagCCg	548
	\ / 3' sj for BPV1 E3 orf start for BPV1 ->	
GroupC1.con	TTTAGAGATCGCCAGACGGAGT?T????CGCATC?GAAGGACCTGAAGGAGACCTGCAGGAAAAGAAGCCG	657
BPV1	-----C-GGGT-----C-----	685
BPV2	-----T...C-----A-----	682
	E3 orf start for EEPV ->	
GroupC2.con	TCTAGA?A????C????????ATCGAAGGA?T?TGGA?C??CG??GG?????AGAGGC??AGA????CC?	456
EEPV	-----A-CGA-AGAGACTGC-----T-C---G-GA--CC--GGAGCGT-----TCG---GGGT--G	694
DPV	-----G-GAC-.....-----C-G---A-TC--GG--CCGTGAA-----...--CCCA--A	673
SuperD.con	CGTGTGGGAGTACCGGAGGACAACGCGGGACCCAAACCGGGGACCACGCCGAGGACGTAGCAGACCGTCCC	682
BPV4	-----	682
SuperE.con	?ccccac??c?cactgct??ggc??ccaCag????c??cgcc??cg?cccccgccag??aggaccgccc	561
HPV41	GA-AGCTCCTC---GAGGGA-AGAA--C--AAGGTACTACGACCGCA-GGGT-GAGAC-ACGCA--AA--AG-	694
COPV	GGA--GGAA-T-C-C-G-CACT-CG--T-G-GGTC-GGT---TGTT-CCTTA--C---GAA---G--GT-AC	682
CRPV	CAG--G-TGGT--G---CCCT-AAGA--C.....GT-C--GAAGA-G-----A--TGC--TG--	676
ROPV	C---T--GG-C--TC---CTT-GCAA--CCTTGA-AA---ACCG--T-G-----CCTGC--T-T---A-	242
GroupE1.con	TCCCCA????GG?CT?CTGGG?CTCCT?CAG?T?G?????????A?CC?A?CC????G?????CC?	462
HPV1a	-----A-G-G-----G-----TACA-TCCGACTACCCA-C--T-T--GAGAGT-ACACCG--C	679
HPV63	-----CTAC--A--T-----T-----A--ACAC-.....-A--C-G--ACCCAA-GACAAT--A	673
Unclass.con	ACACCGCAGACCGGATTTCCCTAGAGGGGATCCGGTACGCCTTCACGGGAATACCACCACAGGACTGCCCATAC	682
MnPV	-----	682
SuperC.con	A?cCagCC?A?c?tG?Ct??cTt??c??g?tc?c??gcctgCgccc??atcaGa?C?G?C??g?TtG?G?	593
GroupC1.con	AGCCAGCCCAGCCTGTCTCTTCTTTGCTCGGCTCCCCCGCCTGCG??CCCATCAGAGCAGGCCTCGGTTGGGT	728
BPV1	-----GT-----	758
BPV2	-----TA-----	755
GroupC2.con	AC?C??CCGAC?G?GCC?TGC?T?AC?CT?CT?CT?GA?????C?CC?TT????G?CCCGTCAGA?CT?GCGA	503
EEPV	--A-AA-----A-A---C---C-T--C--G--G--C--CAATC-C--A--TGTC-C-----A--G----	767
DPV	--T-GC-----C-C---G---T-C--A--C--C--G--GGCAA-A--G--CACG-T-----G--T----	746
SuperD.con	CCCGATCTCCAGAGACGCCCGGGCCGCGCAGAGGGCGCAGTCGTCTTCGCGATCGCGATCAGGTCACG	755
BPV4	-----	755
SuperE.con	??caa?cgga?cc?a?ggcc??ac????c?g?caagac??gga?cga??tcacgg??cggacg?aggg?acg	610
HPV41	AAACGGG---G--GGTC---CCAG-CCCTAA-CG-----GA---G--TTACGG---CAGATCCTCCCC-AAGGC	767
COPV	GG-GGC-T-GA-GG-G-T-GTCGCGGTTT-CCAG--GTCA--GGACGAGG-A-ACT-----AG-AGG-A-	755
CRPV	CT--AA-A-AA-AGG-C--AAA--CAGC-GTA--CTGGGCA--CGA-GG---A--TCACC-G-GGT--A---	749
ROPV	GC-CCG--C-C-ATCC-CAAACCC-GGTCAA-T-GTT-TCG--GC--GTT--T--TTA-----G--AG-TC	315
GroupE1.con	??CAA?C??C????A??G??A?AC??A?????C?GACA?????GA??TCGC?GG?????C?A?C??C?	490
HPV1a	AG---T-GA-GTCC-TC-ACT-C--CG-ACTCC-AG---GGGGGA--CC---A--TCCGA-AA-GA-AG-A	752
HPV63	CC---A-TG-CAGA-AA-CAG-G--GA-GGGGT-GA----CCACCC--AA----C--CTGTT-GC-AG-GA-G	746
Unclass.con	CGCTTCGGAACAGCAGCAGCAACCAGATATTACTACGAGAGGGAAGAGGAGACTATCCAGACGGCGCAGCCG	755
MnPV	-----	755
SuperC.con	A?????gGTC?c?C??cACC?C?a?a?T????????g????g??C?C?a????cgC??g?C?CC	623
GroupC1.con	ACGGGACGGTCTCTCG?CGCACCCCTAC?ATTTCTCTGCAGGCTCGGGGGCTCT?TTCTCCGCTCT?CCTCC	797
BPV1	-----T-----A-----A-----T-----	831
BPV2	-----C-----C-----C-----G-----	828
GroupC2.con	AAACCGG?GTCGG?CC?TT?ACCGC?G?CTCCCTACAGC?CACCA??TCCCG?GGAGT??CGTGGGCCCC	563
EEPV	-----A-----G--G--C-----A-G-----G-----TCA-----G-----TC-----	840
DPV	-----G-----T--A--A-----C-A-----A-----CAG-----A-----GG-----	819
SuperD.con	ATCACGATCGCTACGAAGGGCCGCACTCCAGTGGACGAGACACGCGGTACCGAGTCCCGGGAGACCCCG	828
BPV4	-----	828
SuperE.con	caga?c??ca?????????ca??c??c????taccgga?????????c????g?????????????	629
HPV41	-CA-CGCAGGACCGCGGCTCG-CTGTTT-T.....	798
COPV	-G--GAATT-CCCCCAGCCG--GC-GT-CTCG-CGT-GTCGCCCGCT-TCCACAACAAGTGGGATCAAAA	828
CRPV	A--GC-GG--AAGCAACGAAAA--GG-CG-CCCG--A-GCGGATCTG-TGCCG-G.....	807
ROPV	----T-CC--GGAGTTGGATTTCG-CC-AG-AAGA-C-A--AGACAAGGAAAACATCCACCGACTTCAACGCC	388
GroupE1.con	G?????????.....TACG?A????G????C????G????????????	499
HPV1a	-AAAACACCTG.....-C-GACG-CCTTA-GGACG-CGAA.....	790
HPV63	-CCC.....-G-CGAA-AAGGT-CAGAA-TCCAGAGATACCACC	789

E2 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

Unclass.con	CGAGACGAGGAGGTACTACCAGGGGCCAACACCGACGCCAGGTCTCTATCTCCCCCATCTACCGTCCCCCG	828
MnPV	-----	828
SuperC.con	???cC?g?????gg??cgg??c???tGG???G?c??caaggcaggaaG?a?ag??acc??aatcg?ccGac?	665
GroupC1.con	ACCCCGGTGCAGGGC?CGGTACCGGTGGACTTGGCA?CAAGGCAGGAAGAAGA?GA????CA?TCGCCGACT	862
BPV1	-----A-----T-----G--G...--G-----	901
BPV2	-----C-----C-----A--AAAT--A-----	901
GroupC2.con	GAT?CC?CCTCC??G??CG?GCC?GGTACCGC?G?????????GT?T??CTACC?G????T??G??C	600
EEPV	---T--C----GA-AGCT--C--A-----T-.....--T-TG----A-GACCA-CA-AT-	901
DPV	---A--A----CC-CTGC--A--C-----A-AACCCCGGTGC--A-CT----C-ACGGT--TT-GA-	892
SuperD.con	GGAGGAAGACGAAGGGGCACCCCGAACGGGAACGATGCCCTGGAACACCGACTCCGCCAACTCCTGACCAA.	900
BPV4	-----	900
SuperE.con	??	629
HPV41	798
COPV	CATCAACTACGAACCACCAGCAGCGCCGGAGGA.....	861
CRPVGACATCAGACCGCTGCTCCAGAGGACG	835
ROPV	AACACCATCTCCGCCACTCCACCGACTCCACCGACTTCTCGCCCGCCTTAGACCACCTACTCCTTCAGAGG	461
GroupE1.con	499
HPV1a	790
HPV63	789
Unclass.con	CCAAGCTACGAAGAGTCGAGGAGGAGGAGGAAAGCTAAGGCCCGCCAAGACGGGCGAGTCAAATACCCCGCGT	901
MnPV	-----	901
SuperC.con	ca?c?gaggaggaacc??G?C?t?gCCa??gcacaccg?cg??atcg?tg?cttccAcctG??aaaggcg?G	720
GroupC1.con	C?ACAGAGGA?GAACC?GTGACT?T?CCAAGGC?CACC?C??AT??GATGG?TTCCACCTG?T?AAGGC?GG	919
BPV1	-C-----A-----A-----C-C-----G---A-CA--...-----A-----T-A-----A--	971
BPV2	-A-----G---T-----G-A-----A---T-TG--GCT----C-----C-G----G--	974
GroupC2.con	?AG?G????????????CCGCCGTCGCC?GA?????GACGTAATC?C?A????A??G?AA????GCG	634
EEPV	C--C-.....G--CTCTACA-----G-AG-GGGTG-CAA-G--CCTGA---	962
DPV	G--G-GAGGAGGATAAC-----A--TCAACAC-----C-CA-CCCC-GCC-A--GAACC---	965
SuperD.con	900
BPV4	900
SuperE.con	??	629
HPV41	798
COPV	861
CRPV	TTGGACGAAGAAGTACGACGGTTGGAAGAACACCTCCCGGGCGGAATAGA.....	885
ROPV	TTGGAAGAAGAATAACGACAGCTCCAAGAGAGTCTGCAAGAGGACTTGGAGGA.....	514
GroupE1.con	499
HPV1a	790
HPV63	789
Unclass.con	CTCCCTACAGGACAAAACCACCGGGGAAACCAGCAGCGACGACGAAGACGAGGGGAGGGGGGCACGAACC	974
MnPV	-----	974
SuperC.con	?tt????t?c?????????.....	724
GroupC1.con	A??TCATGC.....	926
BPV1	-GGG-----	981
BPV2	-CAA-----	984
GroupC2.con	GTT?AGC?T??T??????.....	642
EEPV	---C---A-TC-CTCAAAA.....	981
DPV	---T---C-AT-TGGCTCT.....	984
SuperD.con	900
BPV4	900
SuperE.con	629
HPV41	798
COPV	861
CRPV	885
ROPV	514
GroupE1.con	499
HPV1a	790
HPV63	789

E2 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

Unclass.con	CCGTCCCCAGAGACGACTGCCCCAGAGGCCTAAGAGACCGCGGAGAGCGTGCACCCGAAAGGAGGAGACCCCA	1047
MnPV	-----	1047
SuperC.con	724
GroupC1.con	926
BPV1	981
BPV2	984
GroupC2.con	642
EEPV	981
DPV	984
SuperD.con	900
BPV4	900
SuperE.con	629
HPV41	798
COPV	861
CRPV	885
ROPV	514
GroupE1.con	499
HPV1a	790
HPV63	789
Unclass.con	G TTCAGGAGGGGAGGAGGACGTGGACGGCGTAGGGCC TTGCTG GACGACCTGAAGCTGT	1108
MnPV	-----	1108
SuperC.con	724
GroupC1.con	926
BPV1	981
BPV2	984
GroupC2.con	642
EEPV	981
DPV	984
SuperD.con	900
BPV4	900
SuperE.con ?????????????????????????????????	629
HPV41	798
COPV	861
CRPV	885
ROPV	514
GroupE1.con ?????????????????????????????????	499
HPV1a GATCCAGAAGTCCCAGAGGTGGAGGACG	818
HPV63	789
Unclass.con	ACCAAGAACCACCTGGAGACCCAGTGGAGGACTCGGACTCCCCAGGCAGTCGTCTTACCCCGCCCCGCCAGA	1181
MnPV	-----	1181
SuperC.con	724
GroupC1.con	926
BPV1	981
BPV2	984
GroupC2.con	642
EEPV	981
DPV	984
SuperD.con	900
BPV4	900
SuperE.con	??	629
HPV41 AGAGGAAACGGAGGATCG	816
COPV	861
CRPV	885
ROPV	514
GroupE1.con	????????????????????????????????CT?GAC????GA????????????????????????	506
HPV1a	AAGAGAAGGAGAATCAACGCCCT--AG--ACCCG--	855
HPV63 --CA--GAGGA--AGGAGAATCG GCCAGACCTCTGCCGGTAGTGG	836

E2 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

Unclass.con	CCTATCTCGGTACGACTCTACCCGGTTACAGGTGGACGCGGAGAGCA...GCCCTCCTAGGACACCCAGACCG	1251
MnPV	-----	1251
SuperC.con	724
GroupC1.con	926
BPV1	981
BPV2	984
GroupC2.con	642
EEPV	981
DPV	984
SuperD.con	900
BPV4	900
SuperE.con	???????.???.....	629
HPV41	816
COPV	861
CRPV	885
ROPV	514
GroupE1.con	???????.???.....	506
HPV1a	855
HPV63	AGAACGG...GTG.....	846
Unclass.con	GCCCCA...CTCTCGTGGCAGAGTGCACCTCTGGGAGACCTTCTCCGCAGACTGGAAGCGGACAGCAAGCAC	1321
MnPV	-----	1321
SuperC.con	724
GroupC1.con	926
BPV1	981
BPV2	984
GroupC2.con	642
EEPV	981
DPV	984
SuperD.conGT	902
BPV4--	902
SuperE.con????????????????????	629
HPV41TCTGACTTCACCTCTGGAGAGTTC	839
COPV	861
CRPV	885
ROPV	514
GroupE1.con?C??TC??TTCT?CG?GAGACGT	522
HPV1aT-TG--CC---G--C-----	878
HPV63G-AT--AT---C--G-----	869
Unclass.con	TGGGAGAACCGCCTTCTCGGCCTTCACGCGGACATTGCCGCGACCCTCGGACTGCC.....	1377
MnPV	-----	1377
SuperC.con??????????	724
GroupC1.con	926
BPV1	981
BPV2	984
GroupC2.con?CAGGTGGG	650
EEPVC-----	990
DPVT-----	993
SuperD.con	GGGAGGACGATCTTCAACGCCTAAGAGACAAGCTTCGTCTAGACTTGCTCAGCTTATAGACGCGGCATACGAC	975
BPV4	-----	975
SuperE.con	????????????????????????????????????agacttcga?gactTaTac??gaaGct?ggGat	658
HPV41	TGACGAAGGACATCGA...GTCAGACATAGAGCACTTCGA-AGAAAAGTGCAGG-G-TGCTCC---AGAA-GA	909
COPVC---GG-A---C-G-AA---TAC---	894
CRPVC-G---CGAG---ACA---A-C---	918
ROPV-G---GCA-----TCT--G--C---	547
GroupE1.con	TGGAA????A????A????CGCCTC?AAAGGGA?T???TCAAGACTT?GA?GACTT?T?CAGGA?GCT?GGGAT	573
HPV1a	----GTAT-CAC-CAA-----A-----CA-TCT-----A-C-----C-G-----A--T-----	951
HPV63	----CATC-ACT-GGT-----C-----GG-CAA-----C-A-----A-A-----G--C-----	942

E2 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

Unclass.con	1377
MnPV	1377
SuperC.con	?????T?T?TcTAAATT??GgaactG?tAACCA?GtaAAGTGCTATcgcTT?CGcgtgAAaA??accatA	779
GroupC1.conTTTGCT?TAATTTTCAGG??CTGCTAACCAAGTAAAGTGCTATCGCTTTTCG?GTGAAAAAGAACCATA	989
BPV1-C-----AA-----G-----	1048
BPV2-T-----CT-----T-----	1051
GroupC2.con	C?GCC?TGTCT??TA?TTAGTGGAA??GG?AACCAAG??AAGTGCTAT??TTCGCG??AA?AGAT?????A	701
EEPV	-A--A-----GA--C-----AC--A-----CT-----CGT-----TGC--G----ATTTC-	1063
DPV	-T--C-----TC--A-----CT--G-----TC-----TCC-----GTG--A----GGCAT-	1066
SuperD.con	CCTCCAGTACTCCTGCTACAAGGTGCTGCAAAACACTTTAAATGCTTTAGGCGCAGGGCAACGCAGGCTCATC	1048
BPV4	-----	1048
SuperE.con	Cc?cccgTgaTttgttttaaaaGGggg?cccAATcagcTtaagTGctTaAGgTatagatttAagccaagcat?	728
HPV41	-ACTATC-AG--G-CGCC-----TCCAGTG--AGC--GCG-----C-A--GG--AA--T--A	982
COPV	--C--A--TC--GT--GCT--AT--T--AGTT-A--A--A--A-----A-GTCAT-----A	967
CRPV	--G-----C--G-----G-A--C-----C-CC--AG-----CT	991
ROPV	--G--A-----C-----CAA--C-----C-C--A-----A--CC	620
	5' sj for HPV1a \/	
GroupE1.con	CCACCC?T??T?TGT?T?AA?GGGGG??C?AATCA?CTTAAGTG??T?AGGTA?AG??TTAAAGC?TC?A?T?	625
HPV1a	-----G-GG-C--G-A--A-----TG-C-----G-----TC-C-----C--AC-----A--T-C-C	1024
HPV63	-----A-AA-T--C-G--G-----CC-T-----A-----CT-A-----T--GA-----T--A-A-T	1015
Unclass.con	TGCCTTTTGATCATCAAAGGATCATCAAATCAGGTTAAGTGCTTGCATTAGACTTAAATCCTGGCATCACA	1450
MnPV	-----	1450
SuperC.con	Ga?Acc?cTA?Ag?ACTgcAC?ACCACCTggT??aCaGtG?tGA??acGG??CTGAAAGaCaaGGA?At..	836
GroupC1.con	GACA?CGCTACGAGAAGTGCACCACCACCT??TTCACAGTTGCTGACAACGGTGCTGAAAGACAAGG?CA?..	1055
BPV1	---T-----GG-----A--A..	1119
BPV2	---C-----CC-----T--G..	1122
GroupC2.con	G?GA??A?TATCA?CAC??ACGACCACCTGGTGG?C?GT?GG?GAGC??GGATCTGAAAG?C??GG?GAT..	754
EEPV	-A--AC-C-----G--ATA-----A-T--A--A--GA-----G-AC--A--..	1134
DPV	-G--CA-G-----C--TGC-----G-A--C--G--AG-----A-CA--C--..	1137
SuperD.con	CTCACAAATTTCTGTGCATGAGCACAGCTGGACATGGGTAGCAAAACTTCCCCTTTGAAATCGGGA.....	1116
BPV4	-----	1116
SuperE.con	gcgctg?ctttgactgtat?aGcActACaTggaatTGG??agata?taa?agcacaga?agg?taggt?????	788
HPV41	---G--A-A-AATG-A-C-GG-G-----T-TC-CA--ACG--GTC-G-CG-G-----AC--TGT--GTCG..	1053
COPV	-G-GGTTA-A-TTG-GGCC-----G--G-----A--AC-TCAGGCGGGATGG--CATCTAAGCA-GACCG	1040
CRPV	C-T-ACTA--C-----C--A-----T--GC--GTT--C-CA-CG-----TGC--C--.....	1056
ROPV	--A--TTG-----T--T--C-----G--GT-----A--GC-----TGT--AG--.....	685
GroupE1.con	?A??TGACTTTGA?AG?AT?AG?AC?ACATGGCATTGG??A?ATA??AAA??CAC?GA?AG??TAGGT??T..	675
HPV1a	A-GT-----C--C--A--C--C-----AC-G--GA--AA--C--G--GA-----AG--..	1095
HPV63	C-TC-----A--T--C--T--T-----GT-C--AT--TG--A--T--AG-----CA--..	1086
Unclass.con	GCCTGTTTTCTACATCAGCACCATGGCAGTGGGTTCCCTCAGTAGGAAGTAATAGGATTGGACGG.....	1518
MnPV	-----	1518
SuperC.conGC?caa?TgcTg?TcAcCTT??A?c?cccaagtCA?AG?caag??TTTcTGaA?CatGtGCca?Ta	888
GroupC1.conGCACA?AT??TGATCACCTTTGGATC?CCA?GTCAAAGGCAAGACTTTCTGAAACATGT?CCACTA	1115
BPV1-A-AC-----G--A-----A-----	1185
BPV2-G--CT-----A--G-----C-----	1188
GroupC2.conGCC??GTG?TGT?AC?TTCAAAGAC????CAGAGA??TGT??TG?AGC??GTGCC?TT?	797
EEPV--TGT--C-G--G--A-----AGTTCC-----GGGG-----T--A--GA-----T--G	1200
DPV--ACA--A-C--C--C-----CAAAGT-----TCAA-----C--C--AG-----C--A	1203
SuperD.conCATAGAATGCTGATTGCATTTTCGAACCTCTGAGCAAAGGAAGTCTTTTGGCTTCTGTTTCGATTA	1182
BPV4	-----	1182
	E5 start for HPV41 ->	
SuperE.con	??????G?gcG?aTgcTg?taaa?TTtatagatgaag?acAacG?GA?aagtTtcT?ga?aggGT??cg?T?	841
HPV41-G--CT--TT-TTGTGCT--CTCTA-----AC-A--A-A-----C--CA-ATCT--CAA-A-T	1119
COPV	GGGCAGT-C--G-----T--GCA--T--AG--TCA-----G--GG-C--A-G--C--A--GA-TT-T	1113
CRPV	.GGTAGC-G--C-----TA--G--GCG--CTCT-AG--G--C--T-----TAGC-----CC-AC-C	1128
ROPV	.GGTAGT-G-A-AG-----A--A--C-A-----C-----T--A--G--T-A--GGA--AC--A-A	757
GroupE1.conGC??G?ATG?TGT????TTTAT????G??CAACG?GA????TTT?T?GA?A??GT?G??T?G	709
HPV1a-TA-A--T-A--AAAG-----TGATGAG-CT-----A--GAAG--C-T--G-GA--T-CTT--	1161
HPV63-AC-T--C-G--GCGT-----ATCAACA-AA-----T--CCGA--T-A--T-AG--G-TGG--	1152

E2 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

Unclass.conTCACGCATTCTGGTGATGTGTGAGGACTCAGCGCAGATGGACAGATTCTATGTACTGTTAAGATCCCT	1587
MnPV	-----	1587
SuperC.con	CCtCCTGGaATGaac??t??cGg?tTtACa??Ag??tgGACTTtTgA	926
GroupC1.con	CCTCCTGGAATGAACATTTCCGGCTTTAC?GCCAGCTTGGACTT?T?A	1160
BPV1	-----A-----C-G-	1233
BPV2	-----G-----T-A-	1236
GroupC2.con	CC?CCTGG?ATG???GC?CA?G?A?T?AC?ATGA?TG??GACTTTTGA	831
EEPV	--A----A---CGC--G--G-C-C-T--A----T--CG-----	1248
DPV	--G----T---TCA--A--T-G-G-G--T---C--TT-----	1251
SuperD.con	CCAAAAGGTGTCTAGTCTGTGAAAGGGCTCTTGACGGTTATAG	1227
BPV4	-----	1227
	E5 start for CRPV ->	
SuperE.con	CCtaaactct?tgc??gTgtTTtt?Gg??a?tttgatggggtt?Taa	878
HPV41	-----AACAA-TGGGC-----CGC-CAC-CGCA--AAA-C-G-G-	1164
COPV	-----G---G---GA--A---CGG--AGGG--A---A---A---	1158
CRPV	--ATC-A-AAC--AG-----A--GA-T---T-----C-T--G	1173
ROPV	--C-G-CA-A---AA-----G-T--GA-C--CTT---C--G---	802
GroupE1.con	CC?A?ATC?GT?TCTGT??TTTT?GG????TTT?A?GG?TC?TAA	739
HPV1a	--C-G---A--G-----GT----G--ACAG---A-T--G--T---	1206
HPV63	--T-A---T--T-----TA----A--GGCA---G-C--T--C---	1197
Unclass.con	GCTGGTATGACAGTTGAACAGTGCAGCATGGCGTCTGTCTGA	1629
MnPV	-----	1629

This page intentionally left blank.