



## E4 SuperGroup A Markov Protein Alignment

E4 alignments in Part II begin with the first methionine codon in the E4 orf. However, it is not apparent that this protein exists in the infected cell. For alignments of the E1^E4 fusion protein, which is known to exist, see Doorbar and Myers Part III.

most-likely	MGKLGIGKCV.....LAA	13
HPV54	-QWVF-IWMQNTKCI MWILKRKH.....LSMGNMDSGRVCV--	38
HPV32	LF.....	2
HPV42	LF.....	2
HPV3	FT.....	2
HPV28	FT.....	2
HPV10	-M.....	2
HPV29	FI.....	2
HPV61	FM.....	2
HPV2a	--SP-R-R-TW.....-GL	14
HPV27	--S--R-R-TW.....-DV	14
HPV57	--L--R-R-RS.....GGV	14
HPV26	SV.....	2
HPV30	--IKAH---I.....WEM	13
HPV53	-RAYI-YMTAIKRRIIQT LKTRP.....PNMGVKAHGKCIWEN	37
HPV56	-YMMATKHTTQTLNKRPKNL.....GVKTYGKYIWKM	32
HPV66	KCG-MVT-IIVWNMWCNLYIIMESVGGVKCHQGWITEAYIICMMATKHITQTLNRRPKNMGVQTYGKYIWKP	73
HPV18	-T.....	2
HPV45	-T.....	2
HPV39	FI.....	2
HPV70	FI.....	2
HPV59	-T.....	2
HPV7	---QMT-.....L	8
HPV40	---QIG-.....L	8
HPV16	YY.....	2
HPV35h	LF.....	2
HPV31	LF.....	2
HPV52	LF.....	2
HPV33	LF.....	2
HPV58	LY.....	2
RhPV1	CI.....	2
HPV6b	--APN---Y-.....M--	13
HPV11	--VVPI---Y-.....M--	13
HPV44	TI-GC-MYM-GIKPIIQILKRRP.....KNMGTYNGRYV---	38
HPV55	TI-GC-MYMAGIKPIIPILKKRL.....KNMGTHYNGRSV-V-	38
HPV13	---RYN---Y-.....	13
PCCPV1	-T.....	3
HPV34	YV.....	2

E4 SuperGroup A Markov Protein Alignment

most-likely	LLYVVLHL.YLV.....TTKYPLLKLL.T.....P.YPTTPRPPPPPPQ..PWAPPK.....PRS	58
HPV54	ASFFL---PK...RHCQ---A--.....N...-DQ-I-HHV..-TT-Q-Q.....S-A	83
HPV32	...L--P--APQP...PKQR---D--.NWY...K-PTY---HLH-Q-S-.GVT-TQTAQTEYYTKTP--P	62
HPV42	...L--P--APHP...P-QR---D--.SWYNKCA-QTHC--Q--LTTTT...QTVQTEQH...TTC-SK	59
HPV3	..TIH-T--A.....HER----D-C-.....V--KR--K-R...-R--DRS...KSDSD-	47
HPV28	..TMH-TP--A.....HE----D-C.A.....V---RR-K-R...-R--.....D--	42
HPV10	...H-T--A.....HE----D-C.A.....V---QR--K-R...-R-R.....D	38
HPV29	..TMH-T--A.....HK----D-Y-.....-AR--K-R.WGLRRDRNGND...AGLKQ-	52
HPV61	..NPAP----PRT...PCE-----D.....T.CG--H-----R..A---RH.....P--C	50
HPV2a	-FTIHP--C-APRPAPRT-NH---E--YP.....QSQ-QSQ-QQNQQE-EEQLR---RC.....AP--R	74
HPV27	-FTIH---C-APRPPPT-NH---D--.Y......QSQPQHQQHQE-.EQLR-QTCC.....AP--R	71
HPV57	-FIIHP--C--PRPPPT--H---D--.R......QSQPQ-Q-QQQR...-HSRTP.....--R	66
HPV26	....-N---PA...AA-----S.....Q.-Q--PR--K-T.C---R.....--R	46
HPV51	M.--PA...A-R---Q--.N.....N.-Q-.Q--I-L-P..A--K.....P	37
HPV30	KVFI-PT-.C--PS.....DPT-----S.....NTT---IK----R.....T-.....--P	61
HPV53	KVFI-PT-.CP-PL.....DPT-----N.....-I-----R.....T-.....-HH	82
HPV56	RVFI--T-.C--PV...D-T-----N.....N...-T-----P.R---TKT.....-QY	78
HPV66	RVFT--T-.C--PV...D-T---R--.....N.TT--G-P---L.....-KT.....-Y	119
HPV18	....-CA.VP-.....-R---S--.N.....S.-S--HRI-A-C.....-QR.....-TA	41
HPV45	....-CA.VP-.....-R---R--.D.....S.-N---R--K-H.....-QN.....-T-	41
HPV39	....-T-.CA-PV.....-DR---N--.P.....N.-Q-----I--Q-..-H--K.....Q-	43
HPV70	....-T-.CT-PV.....-Q---S--.Q.....N.-N-....-I--Q-..-H--K.....L-	43
HPV59	....-CA.VP-.....-S-----D--.S.....N.-H-...-QR--K-R..T--KR.....GTV	41
HPV7	--W-HALYVL--L.....SKG---R--.-SDI.PR-PT-P---CTT--TPC-RR---Y.....TTTA	65
HPV40	--W-HTLYVL--LS...RN-D---R--.-.....-D-RPL-PT--T-P..-QR--R.....SAP	58
HPV16	....-C-A.....A-----GS.....T.W-----I-K-S.....-K.....	41
HPV35h	....-N--A.....AQN-----HS.....Y.T-----I-K-A.....-Q.....--	43
HPV31	....F-N--A.....V-----G-QS.....YQQ-----HRI-K-A.....-V.....VCG	45
HPV52	....-R--A.....S.....T.-APK---.....C--V-KT.....HTY	40
HPV33	....-R--A.....Y...R.QTT.ITDHH.....	29
HPV58	....-I-----Q...R---...-T.....T.....	29
RhPV1	...I-T-.C-ALP...TA-N-----A.....D.CN-.STHH---T...P--R.....TC	43
HPV6b	Q--L---AL.....HK--F-N-H.....-HR---L-C-Q--R.....TQC	55
HPV11	Q--L---AL.....YE----N-H.....-HR---L-.C-P--R.....TAC	56
HPV44	VS--L---L.....CKT---G-H-.....-PP-PP--LHR-H-H.C-L--R.....TAW	87
HPV55	VS--L---L.....CKT---G-H-.....-PP-PP--LHR-HLH.C-P--R.....NAW	87
HPV13	QS--L---L.....YK----G-H-.....P.--PHR---.C-A-R.....NVC	58
PcPV1	K--L---L.....CK----G-H-.....Q.--LHR--A-.CHPS-Q.....IVC	48
HPV34	....-L--A.....RV-----D.....C-QAT...AAT.....	28

## E4 SuperGroup A Markov Protein Alignment

most-likely	.RRRLESDESSQSPLS.S.....P.TTPTLCV.SET.TPWTVLTT...GSTVTLT.ATTKDGTTVVVT	113
HPV54	.-----NEL--TAQ.....T.SNH-AP...Q...-A-T--...-TS--I-.TR-----Q----	131
HPV32	.P--.-N-TD-LC-H...Q.....Q.S-CSTTA.-Q.Y---PDRK...--HL-I.TI-S---R-EIR	113
HPV42	.PH-H-N-TD-VD-RHH.-TC....ST.Q--ASPA.-PA.H---LDCV...--EL-VK.TV-S-----E-R	117
HPV3	.-STG-S-SN-S-NSN.-NN.....I.KP-PRKPLN-H.VNHWT--G...PG----R.VH-PS-IE-TL-	106
HPV28	.KNDS-RHSTGS-SSDST.....KP-PRKPLN-Q.VNHWT-QG...PA----H.VH-PS-Q-TL-	99
HPV10	.-NKSD---RR-TDSTS.-SD...KG.KI-PRRPRN-R.VDKWTV-G...PGC---E.VH-PS--Q-TL-	98
HPV29	.GLGHS-S-S--T-SSS.-NR....PR.-P-PRKPVH-R.VDQWTV-G...PG----Q.VK-PT--Q-IL-	112
HPV61	.----I---D-TETESS.....-QHKKT...T-.SG-----S.....-V..TAQ-Q---T--	102
HPV2a	Q-V-RP-A-V--SDS.....I.PG---RER--R.GK-S-T-S...-AS----.-Q-PG-A--TL-	129
HPV27	H-V-RP-A-G--SDS.....I.SG---RER--R.GK-S-T-K...-AS----.-QLPG----TL-	126
HPV57	H-V-HP-A-G--SDS.....G.NS---RGR-K.GR-S-K.....-AS----.-Q-PG-A--TL-	121
HPV26	HTQESDD--VDLTP-SPQ.....LS-Q-PH.-PD.SQ--IQ--...TY--QVE.-I-RE--R--TK	103
HPV51	.-HNS-N-	44
HPV30	.PHGR-NVL-P.---TVQTPPD..SPL.-ES--QT...V..STQ-TQ--...D-ALVEL.HV-TQKS---IK	119
HPV53	.PCGR-NVP-P.---TVLTPPHSPLPQ.-ES--QS-.Q.GTQ-TQ--TPENT-L-E-R.V--P.KS---IR	147
HPV56	.PTDQ-N-PDYGNQN-T.P.....ES--QS-.QH.-HTSATQ-...IP--EVE.VS-T.T--L-IR	132
HPV66	.PTDQ-N-P-QVNQN-T.P.....ES--HT-.Q.QTQ-SV--...P--EVH.VS-H.KA---IK	171
HPV18	.----LH-LDTV-D-R...R.....S.SIVD-S.....THFSVQL.....H-Q.-----NS----	85
HPV45	.----L--LD-VD-Q.....S.--DVS.....TP-CT-R.....-C-QVQ.V--E-KC-----	87
HPV39	.-----LD-V-Q.....LS--E.....I.....H----VQ.---Q---S-----	91
HPV70	.---.LASV--PD.....Q.KQ.-E.....S--L-QV.....K.-A-N---S----	81
HPV59	.-----QD-VDTH.....T.LSLPA.....Q--TV--...Q-S-CIQ....-R---SLA--	89
HPV7	.TH-P--EG-TETC.....S.VQW-DV-.E...NT--LE-E...HARLI-K.---S--V-E-I	116
HPV40	P-H-P--E-TDTC.....LL.WANH.--E.ST--LQ-E...HARL--K.---GT--V-E-L	111
HPV16	.H---S--QDQ--T-.T.....A--LS-C.T-.Q---QS.....SLH--.H----L--I--	92
HPV35h	.-QI.TN-F-GVP-S.....PSEC.DS.V-----E.....LH--.Q--T-VV--Q	93
HPV31	G----L--Q-Q--T-.T.....S-C.EA.....S-V...LS-Q-H.-Q-Q-LS--LQ	99
HPV52	NHH-NDD-QT-.T-.T.....S---TFC.GDN.N----HG...D-SLQ-S.-Q----LHIQLV	94
HPV33	.KQ-.PN-DDL.-T-QT.P.....SPLQS-S.VQ-.P---IEQH.....VLQ--.-Q-SS-LC--L-	80
HPV58	.VH-GQ--DD-IYQTP-TT.....S--QSI...Q-.A---DHEE...EDY--Q--.VH--G--C--LK	85
RhPV1	.GH-Q-ECVG.-TQ.....V.EI..Q.....G---KAG...Q-F-D-H.T--LQ-VP-T--	88
HPV6b	.K---GNEH-E-N--A.T.....CVW--D.....E.....T-SL-I-.TS-----T-Q	106
HPV11	.----G-EHVD.RPLTT.P.....C.VW--SD.....QS....T-SL-I-.TS--E---T-Q	105
HPV44	.T--HVN-P-D.PPQ...T.....ETPSV---A-----Q.....T-SL-V-.TV-----I-I-Q	141
HPV55	.T--HVN-P-D.PPQ...T.....GTPSV-D-A-----Q.....T--L-V-.TV-----IF-Q	141
HPV13	.K---VN-N-DLHV---T.....R-HKA---Q-T----Q.....T--L-I-.TI-----T-Q	115
PcPV1	.K--PIN-F-DPPTV--N.....K.-PL----PRTV.E---K-----I-I-TT--SN---T-V	105
HPV34	.H-TRVCQHNGNIDS.....V-Q-RG.....-LYI.....YSPQQ..THRPSVL..YIM	70

## E4 SuperGroup A Markov Protein Alignment

most-likely	LHLG..1	117
HPV54	---	134
HPV32	-RQ	116
HPV42	-R-	120
HPV3	VC-	109
HPV28	V--	102
HPV10	V--	101
HPV29	V--	115
HPV61	V--	105
HPV2a	-C-	132
HPV27	-C-	129
HPV57	-C-	124
HPV26	-C-	106
HPV30	---	122
HPV53	---	150
HPV56	-R-	135
HPV66	-R-	174
HPV18	-R-	88
HPV45	-R-	90
HPV39	-R-	94
HPV70	---	84
HPV59	-R-	92
HPV7	---	119
HPV40	---	114
HPV16	--P	95
HPV35h	---	96
HPV31	---	102
HPV52	---	97
HPV33	---	83
HPV58	F--SCI	91
RhPV1	IR-	91
HPV6b	-R-	109
HPV11	-R-	108
HPV44	-R-	144
HPV55	-R-	144
HPV13	---	118
PCPV1	V--	108
HPV34	-RQ	73

## E4 SuperGroup B Markov Protein Alignment

most-likely	M.LIRKLCHELLLIIS.....	14
HPV19	K.-----	7
HPV25	K.---T--	7
HPV20	K.-----	7
HPV21	IPVQ-H-EA--K--KKGQCQLRFLMITIKTMLMLTPCGDMFITWMMTTNGIKVQAVSTTQAYIILCKELDDTT	73
HPV14d	-IT-KTMQM-I-CG-TYITRMMTNSGIKQVAGSTTQAYIICK.....EPLETT	48
HPV5	K.-----	7
HPV36	K.-----S.....	7
HPV47	-.T.-MKQM-IC-LCGHLCITWIQMCGIRQVGSIKLAFTT.....YMEHLNTI	48
HPV12	-ETLNTIMYF--MVHECIVKL.....	21
HPV8	K.---T--	7
HPV24	GS-NIIM.....	8
HPV15	-.THGTRW-EK-T-MAHIIW.....	19
HPV37	KSI-YN-K.....	8
HPV22	KGPLKPII.....	8
HPV23	IA-K-D-KQWRC-LMEILKMLCHIYGLIFTIKLMR.....	36
HPV49	-.ICG-R--VRW-MQVHII.....	18
HPV4	-NSGT--K.....	8
HPV65	-MCLYG-IMIDIMLWCTQIGIYY.....	23
HPV60	-CGLIIMK.....	8
most-likely	.....LIRKLCHELLSPAPPPG.HQE.KGTQTPPPRPLPLP...LTP...RPDS...	55
HPV19	.....-----QH--T,---D-E-----P-P-...-----RPQ	46
HPV25	.....-----S,---D-Q-----P-...-----RPQ	44
HPV20	.....-----T,---D-Q-----P-P-...-----	43
HPV21	MFYLLMMQVDIAELDIGKLT-----H-T,---D-Q-----P-P-...-----R..	136
HPV14d	MFCLLMMQLDIVKLDIGKLK-----L-S,---D-Q-----P-P-...-----RPQ	113
HPV5	.....-----RLQ-.R--D-Q-----P-P-QPP-----S..	47
HPV36	.....-P-----LQ-.R--D-Q-----P-P-QPP-----S-S..	47
HPV47	MCYLLMMQRDIVLLENGKLK-----L--HHQ-,---D-Q-----P-P-QPP-----AN..	114
HPV12	.....DNGKLR-----HH--D,-E-----A--P-P-...P-----	67
HPV8	.....-----L-----DH--D,-Q-----P-P-...-----SG.	45
HPV24	.....C--MM-IDTV.NLA.N-.RSGLI-K-C--...-S-...A-HHP..	42
HPV15	.....KELLKFITYS-K-.MQ-GLA.KL-.S-.RCMLM-T-S-L...-LL...ALRR..	61
HPV17	.....ML-GLA.KLD.V-.KCMLM-T-S-L...-LL...ALRR..	29
HPV37	.....VM-,G...LA.KLD.A-.KYMLT-T-S-L...-LL...ALRR..	38
HPV9	.....MQ-GMA.ELA.F-.KCMLT-T-C--...-LL...ALRH..	29
HPV22	.....-N-KQMLNDMV.Q-D.I-.RCMLIKI-C--...-L-...VLRR..	42
HPV23	TLGKRLKDMWIIQELIFMRANLKTIT-N-KMQSALV.L--.C-.KYMLIKI-S--...-LL...VLRR..	96
HPV38	.....N-KMMLNDMV.S-D.Y-.KYMLIKT-C--...PL-...VLRR..	33
HPV49	.....RME-SNSIM-PSLMMLLDM-,LD.NM.KSALTTK-C-L...-LL...A-PHHPR	64
HPV4	.....VKWIMMA..YT.L-T.IREKE..LILHY-A...-ML...K....	37
HPV65	.....IIKMSMKYGI--KVKWIMMA..YT.L-T.IQENV..HTL-C-A...QML...T....	65
HPV50	.....LVIQYTL...NSF...NLMLPL..	15
HPV60	.....IIHF-IQ....IGN.IF-IRMILNNGTG-...EERWTIMDFI-QK..	45

## E4 SuperGroup B Markov Protein Alignment

most-likely	PLENSHN.KPTPKPEG.TDG.RPPAPQGDPKRAKG.....TDPGSPGR.GPGPKPLALPPP.....	108
HPV19	-P-----,-----DG-, -RDDL-AG-DDK----RND.....QG-N-----, -R-RGLFR-TGDH....	102
HPV25	AP--G---,--A-RDG-, -N-, G---GHD-S-PKRAR.....G-Q-----,-----G-SPA-VS.....	96
HPV20	RP-----,-----G---,---DL-VGQGEQ----R-DG.....PGQS-S-----, -R-RGTGLGLGL....	101
HPV21	-P-----,-----E---,---AD--VG-GER---I---.....G-R-----, -R-RGRGSD-D-GPDPG	195
HPV14d	IP-----,-----E---,---AD--VG-GER---GR.....G-R-----, -R-RGLGSDLD.....	167
HPV5	-HQ-----,--K-EE---,---, G---S---R---S---DQG.....PD-G---LG---,---S---TP-G---P....	106
HPV36	-HQ-----,--K--E-S---,---, G---G---R---S---DQGPD.TDPLGP-R-----,---T-Q---G-----....	108
HPV47	-SI-----,--K-NE---,---, DHQ-E---R---,TK.....G-D-D---,---VL--TLP---PPP.P	170
HPV12	-VT-----,-----GGKD-, -D, DHL-E---R---S---DQG.....RD-A-SLT---,A-S---GP-A---PYP...	128
HPV8	--Q-----,--K--D---,---GD, GR--E-DRK-S-R-DQG.....RD-A--LA---,S--LG---P--YP....	103
HPV24	TPQEGPE.,NY-D-.P.LTP--Q-QP.NSHN.-P.....VVTKQPS--,-T-EGSQ-PLT-DADDD	96
HPV15	Q--KGQP.PS--H-NR.RPT.DSFL-PPC-PE.N.....HHHE-K-DA.T.TE-N---Q-----....	112
HPV17	Q--KGPT..RP-ST.P.HP-, -HQQGDSL-PPCPPE.....PHN-HHH-D.T.-G-R---Q-----....	80
HPV37	Q--KGQT.GQP-ST.P.YP-, -RSHGDSL-PP.CP.....PEN-HHH-D.T.EE-H---Q-----....	88
HPV9	Q--TGERPPS--F-.,-.R-, -QQHRDSL-PPCPP.....E--HH-DD.T.NE---LA.....	77
HPV22	Q---.SPPR--H-.N..RH.P-.-T...PH.N.....HHK..--TD.T.AE-H-V-QS-P....	83
HPV23	Q---.TPPT--F-.K...H.L-.-P.C-PH.N.....HH-...TA.DTAE-H---Q-----....	137
HPV38	Q---.T.P---H-.,-.RH.S-SL-P.PCPP.N.....HH-KQHG.D.T.-E-H---Q-----....	77
HPV49	GY--PPT..-A-FTTFS-RH.P-APQ-PP-PS-PPQFPQPQEHLSH-K-V--KE-T-E-T-V-QQ-P....	130
HPV4	LA-LDCG.LCIL--KL.FPP.LLL-LH..TPP.PS.....-LRNN-Y.....-P...AT-K....	82
HPV65	LA-LDYG.LCIL-HKL.FPP.LLS-Q-..TTP.PS.....-LRNNNY.....-QH..P-T.....	110
HPV48	NM-K.L-Y.GQ..LDLKT-LFLP.....LLLA-REIQ.I-LL-AGSGSR.....	40
HPV50	YMA-LD-GLLYL-TKL.FIP.LSL---.GV-.L.....LLT.N---.L-HR....TT.....	58
HPV60	IM-IE-IFSYLIVMHK.HIH.KLGHG-CII-T.-LFL.....LLPA-QNN-PT.TTL--GSN-TS.....	103
most-likely	.PPGRRRSRDL.EK....GP.DPGP..EEKPPQGPPEGPPGPEPQ..PGGDGDDGHPPPP.....PTPPN	161
HPV19	.D-NPEE..RP.PP....LE..GEV..-GH-.PP-VTN---H---.L..PPQ.P-CDQ.....EGAAG	148
HPV25	.DR--G-G-G-.NLSRLSGDQ.--D-.,-----, -P---EVQ-H--P..PVTEPQ--L---.....L--P	154
HPV20	.GLN-.-AGG-.GT....DH--D-.EG-S-SAPLPP--QPP-D.....QVE-----.....P--H	151
HPV21	PI--P.GLNR-.TS....RNT-SD-.-G-C-SSLPP---PP--PTT-PEGQGE-----.....P---	252
HPV14d	.GRN-.L-GG-.GT....DQ.--D-.DKK-C.P-.-SQ--P.....EVE..GH-.....P---	209
HPV5	.G--P---PR-.GP....LQA-RD-.-G-QPPA--EVE-H.....Q-----.....PA-H	156
HPV36	.GL-P---PR-.GS....SG..YQ-.DHDPE.APL--EVE-GGH....-HHPPPPP---TNGHECG-K-QG	166
HPV47	TG--L---TR-.VL....V-.GQ--.PPDL-APPV--EVE-H---.K-R..DH--.....-Q-	220
HPV12	G---P---HR-.GT....-GR-RN-.-GG.V-.-H--TP-L..S---P-H-.-T.....-ENGH	178
HPV8	.G--P---PRQFGP.....-RD-.-DGL-.P-L-EGQV-GH...P---QPQGH-.....-S-	155
HPV24	PR--K-.-KGD-.H.....-A--R..AAA-LKLDLD--Q-G-DQ.P--AT-GV..GET.....-E..G	147
HPV15	.-G-KDK-K.D.....KT..QQG.DQGP-.-GDKKS---GT...SA---.EK.....-P..S	158
HPV17	.-T.K...K.TS....DD..Q--.PHGGDK...S-GE-S....DAS--E.NA-T.....E--QD	123
HPV37	.-K.K...K-.-T...QQG.DQGP-.P-GNKQ---GT...DA--E.NA-T.....E--V	135
HPV9	.-K.D--K-.-EK.EKEK..-K--TT-DK--D-RVE-K..-K-E-S--DEEG.....-P-QT	129
HPV22	.SG-KKGE--K.D.....K-..QQG.....D---A-SS---PP---S.....EN-Q-	129
HPV23	.-G-K.K...K-.-K-..SPG.....D---GAESN-G.....-KPK-....EE-Q-	180
HPV38	.-A-KGK...K-.-PQ.A-KG.....AD---A.-T-.....TPG-....ED-QS	121
HPV49	.T--K-.-D.DP.....L.E---ADGKRA---KK-AVPD-D...DPLPE-PEG-E.....DLSQP	183
HPV4	.L-S--A..L-.-G.....-N..R-N..PTR--PR-LK-REYD....YD..E--.EKE.....NQG-G	125
HPV65	.SLP-.-.A-.VV.....-G.NR-N..LNR--R-PK-RGY.....YD..E--.DKE.....NQG-G	153
HPV48	.-AA-.-.A-.-G.....DR.ASQK..TPT-.S...R--RH-D...YES-D-E.NREN.....LE--T	84
HPV50	.RAN-.K-.-.-A.....VN..QK-.Y..RT.P...NH--RHQ-...YDF-E--.EKE.....N...	96
HPV60	.S-HPH-.-R-.LP.....TE..DR-..HKRE.SLALPRRRVL.....F..DY-..AED.....--S	142

## E4 SuperGroup B Markov Protein Alignment

most-likely	PGEK.....P.PGEGEGAVGGGP.EDGP...PPPPPPN.....GHEPS.QGLLGGVASLLTK	208
HPV19	S-AA.....GGGAA-S-----EG.N-PES...HH---T--.....-D-.------SM-----Q	197
HPV25	N-HNDR.....D-GQ-AAG--AA-AG.D-DTD...CLN----S.....D-E-.------SM-----Q	206
HPV20	N.....GRDSC-----ADK-Q-EGDHH-----Q-.....-G-.-S---NM----LT	201
HPV21	GHDG.....HEE-PL-----D.G.H-.....-A-----E-.-S---N-----T	299
HPV14d	G.....H.N-HE-----AG.G-HP.....-DE-.-S---S-----VT	254
HPV5	N-HSGHEPKVQQPEGPEGRE-HE-----EG.G-EEGH.P-----T-.....-G-.-SS-----V-	218
HPV36	-EGRE.....GVE-P-V-----D.--DHP.....-T-.....-Q-S...T--A--C-----	214
HPV47	GHG-ETQG.....AEGGGDKGEQ-----ES.S--EGD.HSQ--LT-P.....NESD..GS--NT--C--AR	277
HPV12	N---.....E.D.GEK-----SD.-TDH.....-Q-.....DP-QG.L--A-N--C--S-	224
HPV8	GHKGE.....EGD--E-----DG.N-H-.....-VQ-G...S--C-G--L-	202
HPV24	NE-SQ.....P-.....E-H-..PPP-.....E-K-H.....NGDAT.H----T-----GT	196
HPV15	-.....-E-E---.QQ--N..RS-SHD-DP.....DPSRDHE---H---R-QT	205
HPV17	-.....-T-----..QH--S..RG-S-D-DR.....--DRDPE---P---LR-S-	169
HPV37	-.....-T-----E-E---.RHD-N..QG-SHD-GR.....-RD...E---P---LR--Q	180
HPV9	-LPP.....-T-----E-E---.RP--S..PV-V-A-TP.....-RG-E.E---P-L--R-M-	178
HPV22	-.....-G-.-E-E-A-.S.....-G-AQGR.....DPVH..ES--T---R---	166
HPV23	-.....-G-.-E-E---.S.....-A-DQ.....DPDH...S--Q---LH-V-	215
HPV38	-.....-EE-TAE.GG-R...S-ARDQDP.....S-----Q---YR---	162
HPV49	-.-I.....-A-R-PA--E--EG.-VEGH...-----V-GKEGAA-QGGE.SLF-E-L--R--R	237
HPV4	Q-.-.....-AKE-EEEEEEE..-.....RPNW...D-HH...-Q-	154
HPV65	Q.-R.....-AKE-EEE-EEE..-.....RPDW...S-RH...-G-	182
HPV48	-.....H-.....EDEEQR.G.....NWG...-T-HQ...-R-	106
HPV50	I.....-T.....DTESHN.Q.....NW-...T-RQ...-K-	118
HPV60	NK-NY.....-.-.ESRP-PKDA.-.....Y-TKSTD.....RVPW...-PQ...-KR	178
most-likely	WESQFDQLVQNIQEDLEDYWKKLGIPQG.1	236
HPV19	--H--TR--EE-----R-L---	224
HPV25	--H--T---D-----R-L---	233
HPV20	--Q--T---D-----M--S---	228
HPV21	--L-N---E--V-----T--S---	326
HPV14d	--H-N---E-----G--T--S---	281
HPV5	--GH-----S--D-----AT--	245
HPV36	--H--L-----D-----S---	241
HPV47	--N-----G--G--R--T--	304
HPV12	--DL-NL-----ED--G-----ST--	251
HPV8	--D--NL-----G-----T--ST--	229
HPV24	--ES-R--EE-----D--RR-S---	223
HPV15	--A--H--E--LG--K---R--T--	232
HPV17	--N-----ETLVG--Q-----	196
HPV37	-----E--ET-VD--K---T-----	207
HPV9	--HE-----D-TG--H---LR-KT-H	205
HPV22	--QH-----DS-VG--RN--TQ-KT--	193
HPV23	--RH-----DTVV--RN--MQ-KT--	242
HPV38	--R-----DKVV--RG--QT-QT--	189
HPV49	-DQEYK--DD-LD---G--RR-A-L-	264
HPV4	-GADI-K-KDKVCR--DS-KQ---RL	181
HPV65	---DIE--KDKVCR--DN-KL----HP	209
HPV48	-DQDLQR-QDTVTH--D--R-----RH	133
HPV50	--EDLT--QRMVCQ--D--KR----H-S	146
HPV60	--ADI-LFLEAVYQ--Q-FKE----L-SC	207

## E4 SuperGroups C-E Protein Alignment

SuperE.con	M????????????????????????????????R?????ml	4
CRPV	-SHGHCRIPVEKGSKALRKRHSKRTQLLL-FTMMVTE	37
GroupE1.con	MMVSKTTMLTFKKRPIDIQVDILFNMRVKGSQML	36
HPV1a	--	2
HPV63	-----	36
<hr/>		
Unclass.con	RSGGTPSREYHHRTAHTASEQQQDPDITTRGKRRLSRRRTPRDEEVLPGANTDAQVSISPHLPSPAKLRRVEE	73
MnPV	-----	73
<hr/>		
SuperC.con	G??I?mlv?h?pll?lEia???sg??p?d?ketlq??kP?qP?.....l?LL?sapP?avP	36
	E3 start for BPV1 ->	
GroupC1.con	MLVSHPLLILEIAQTE??H?KDLKETLQEKKPSQPS.....LSLLCSAPPPA?P	46
BPV1	-----SGS-P-----V-	51
BPV2	-----F.P-Q-----Y-	50
	E3 start for EEPV ->	
GroupC2.con	G??I????H?L??T?E??SKD?G?TPG?V????PT?PT?PC.....?TLL???PF??P	27
EEPV	YI-QPLV-P-TLE-T-TA---S-A---S-EAREG--Q--E--L----DNP--VA-	55
DPV	-IT-VLIT-I-RPP-L-RP---C----A-KEADP--R--A--F---EAT--TV-	55
SuperD.con	MQHCILILAWGKCILKAKFFLPLLVPVRFVLG	31
BPV4	-----	31
SuperE.con	cl???ap??glLgllq?tp?py?????g?i?t??t????????????????????p	25
HPV41	LLPTAPPGRREPQ	13
COPV	TNPLFPVPPEPPDRNSPVTPPRGVVPV.LP-	34
CRPV	GTTMNTGCGVY-L-GTLMGSLRLKVEWTIE-F-MW-LKE-MCIMWTSQPTRDVLMLMDTMCWFKTCASL.L	109
ROPV	-LALLMRR-C-IGIQKE-IYIMWTLRLMLHAFQAKESMKLYIKAKNFLC-	50
GroupE1.con	CL???AP??GLLGLLQ?TPT??P????????????????R????????L?A?DG?TD?E?PEVP	63
HPV1a	--.PL--Q.-----Y---TQ-YPRVTPPSNRRPSTTPNSQDRG-PRRSKDSRKH-Y-.--L--G-D----	72
HPV63	--LSI--HY-----.----QP-KDNPPKLEKQRRRGRDTRNR-.....-F-S--P--E-G----	97
<hr/>		
Unclass.con	EEEAKAPRRASQIPRVSLQDKTTGGNQRRRRRGERGARTPSPETTAQRPKRPRRACTRKEETPSSGGGGGR	146
MnPV	-----	146
<hr/>		
SuperC.con	SE?A?G?G?v?AR?PT???q?RG?l????PPPRcRARYRwtwhqgrkk???rpt?q?rn?QINTT	80
GroupC1.con	SEQASVGYGTVLARTPTIFLQARGALFSALEPPRCRARYRWTWHQGRKK???RPT?QR?N?	101
BPV1	-----R.SS---P-K-Q	112
BPV2	-----KKIN---Q-R-L	112
GroupC2.con	SELAKTGVGP?TARLPTAHH?PRGV?WAPIPPPR?RARYR????????????????TRRRQINTT	72
EEPV	-----F-----H---P-----A-----WFCYQDHIQRRRRRTLQ-	114
DPV	-----L-----S---A-----C-----RTPGAYLYPTVLDEGRRI-----	122
SuperD.con	VPEDNAGPKPGTTPEDVADRPPDLPETPGAGSRGRSLRDRDHGHDHDLRRGRTPVDETRGYRVPDPREED	104
BPV4	-----	104
SuperE.con	??p????????????p????????????d?k?????r?r????????????????????	31
HPV41	RYYDRRGRDDAETKRGRSRSPQPLSEDEELTDA-PPRRPNAGP-R-LFLEE.....	64
COPV	GKGRHGGLDGGRRGS-EGQEDEEDSDEEAENYPPSRSRPRRG-R.....	80
CRPV	LS-APPSRWSVPLKT-. .SPKRPPTVQCPPLKRRKQGPVHWADEGQGHQGCNEGRQSNENRPPRTKRILL.	179
ROPV	LL-AQPPYGPSSLAT-LTTPRRPPLQYQPAPRTIR-PRSSRY-G-FLVTDGGDDPQELDSTQQDPEDKENI	123
GroupE1.con	E????.....DEEKEN???.????????????.....	70
HPV1a	-VE.....-QRP...LGHPDLSL.....	92
HPV63	-IPPS.....-RPE...PLPVVENGWHSF.....	123
<hr/>		
Unclass.con	GRRRGLAGRPEAVPRTTWRPSGGLGLPRQSSYPARPISVRLYPVTGGRGEQPS	201
MnPV	-----	201
<hr/>		

## E4 SuperGroups C-E Protein Alignment

SuperD.con	EGAPPNGNDALEHRLRQ.....	121
BPV4	-----.....	121
SuperE.con	?????????????????????????????????????	31
HPV41	.....	64
COPV	.....	80
CRPV	.....PGTSDRLLQR.....	189
ROPV	PPTSTPTPSPPTPPTPPTSRPPLDHLLLQ.....	152
GroupE1.con	.....	70
HPV1a	.....	92
HPV63	.....	123
SuperD.con	.....	121
BPV4	.....	121
SuperE.con	.....	31
HPV41	.....	64
COPV	.....	80
CRPV	.....	189
ROPV	.....	152
GroupE1.con	.....	70
HPV1a	.....	92
HPV63	.....	123
SuperD.con	.....LLTKWEDDLQRLRD	135
BPV4	-----	135
SuperE.con	.....l?e?l???l??l??	36
HPV41	.....TEDR-TSL-ES-TK	78
COPV	.....-HNKWDQNINYEPP	94
CRPV	.....TLDEELRR-EEHLP	203
ROPV	.....RL-EEIRQ-QESLQ	166
GroupE1.con	.....LRETLE????RL?R	79
HPV1a	.....-VYTQ--K-	106
HPV63	.....-HQLG--Q-	137
SuperD.con	KL.RLDLLSL	144
BPV4	--.-----	144
SuperE.con	???e?dfed??rkLgi????DTI	49
HPV41	DI.-S-I-HFE---RVLLQQK---	101
COPV	AAP-D-W--FCK--T-PQFLF	115
CRPV	GGI.DG-ASL	212
ROPV	EDL-EE-GNLYLR---RQ	184
GroupE1.con	???.?QD??D??R?LGIHPWSV	91
HPV1a	DI.L--LD-FC-K-----	126
HPV63	EV.N--FE-LY-R-----	154

## E4 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

\* coordinate 3333 in HPV16R

most-likely	ATGATT.....	6
HPV54	---CAATGGGTATTTATTATATGGATGCAGAACACAAAGTGTATTATGTTGGATTTTAAAAA.....	61
HPV32	T--T--.....	6
HPV42	T--T--.....	6
HPV3	T-C-CC.....	6
HPV28	T-C-CC.....	6
HPV10	----G.....	6
HPV29	T-C--C.....	6
HPV61	T-T--G.....	6
HPV2a	---GGGTCACCGGGACGTGGGAGGT.....	25
HPV27	---GGGTCACCTGGGACGTGGGAGGT.....	25
HPV57	---GGGTTACTGGGACGTGGGAGGT.....	25
HPV26	TCTG--.....	6
HPV51	.....	0
HPV30	---GG-ATAAAGGCACATGGGAAG.....	24
HPV53	----GGGCATATATTATATACATGACGGCCATAAAACGTATTATACAAACTTTAAAGACG.....	60
HPV56	---TACATGATGGCCACAAAACATACTACACAGACTTTGAACAAGAGGCCAA.....	52
HPV66	-A-TG-GGTTTGTATGGTAACAAAAATAATTGTATGGAATATGTGGTGTGGAAATTTATATATTATAATGGAGA.....	73
HPV18	.....	0
HPV45	.....	0
HPV39	T-C---.....	6
HPV70	T-C---.....	6
HPV59	.....	0
HPV7	---GGAAAACAAATGA.....	16
HPV40	---GGAAAACAAATAG.....	16
HPV16	TATTA-.....	6
HPV35h	T--T--.....	6
HPV31	T--T--.....	6
HPV52	T--T--.....	6
HPV33	T--T--.....	6
HPV58	T--TA-.....	6
RhPV1	TGC---.....	6
HPV6b	---GGAGCACCAAACATTGGGAAG.....	24
HPV11	---G-AGTACCAATCATGGGAAG.....	24
HPV44	-CT--AAAGGGTTGTATTATGTACATGGTGGGCATAAAACCTATTATACAAATTTGAAAA.....	61
HPV55	-CT--AAAGGGTTGTATTATGTACATGGCGGGCATAAAACCTATTATACCAATTTGAAAA.....	61
HPV13	---GGGAAACGTTACAATGGGAAG.....	24
PCPV1	---CAGCA.....	9
HPV34	TATG--.....	6

## E4 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely .....	6
HPV54 .....	61
HPV32 .....	6
HPV42 .....	6
HPV3 .....	6
HPV28 .....	6
HPV10 .....	6
HPV29 .....	6
HPV61 .....	6
HPV2a .....	25
HPV27 .....	25
HPV57 .....	25
HPV26 .....	6
HPV51 .....	0
HPV30 .....	24
HPV53 .....	60
HPV56 .....	52
HPV66 GTGTGGGTGGTGTAAAGTGTCATCAGGGGTGGATTACAGAGGCATATATTATATGCATGATGGCCACAAAACA	146
HPV18 .....	0
HPV45 .....	0
HPV39 .....	6
HPV70 .....	6
HPV59 .....	0
HPV7 .....	16
HPV40 .....	16
HPV16 .....	6
HPV35h .....	6
HPV31 .....	6
HPV52 .....	6
HPV33 .....	6
HPV58 .....	6
RhPV1 .....	6
HPV6b .....	24
HPV11 .....	24
HPV44 .....	61
HPV55 .....	61
HPV13 .....	24
PCCPV1 .....	9
HPV34 .....	6

## E4 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely .....		6
HPV54 .....	.GGAAGCATCTAAGTATGGGGAATATGGACAGTGGGAGGTGCGTATGGGCAGCA	114
HPV32 .....		6
HPV42 .....		6
HPV3 .....		6
HPV28 .....		6
HPV10 .....		6
HPV29 .....		6
HPV61 .....		6
HPV2a .....	.....GCACGTGGCTGGGACTG	42
HPV27 .....	.....GCACGTGGCTGGACGTG	42
HPV57 .....	.....GCAGGTCGGGGGCGTG	42
HPV26 .....		6
HPV51 .....		0
HPV30 .....	.....TGCATATGGGAAATG	39
HPV53 .....	.....AGGCCACCAAATATGGGTGTAAAGGCACATGGGAAGTGCATATGGGAAAAC	111
HPV56 .....	.....AAAATTTGGGTGTAAAAACATATGGGAAGTACATATGGAAAATG	96
HPV66	TATTACACAGACTTTGAACAGGAGGCCAAAAAATATGGGTGTACAAACATATGGGAAGTACATATGGAAAACCG	219
HPV18 .....		0
HPV45 .....		0
HPV39 .....		6
HPV70 .....		6
HPV59 .....		0
HPV7 .....	.....CTGGACTG	24
HPV40 .....	.....GTGGACTG	24
HPV16 .....		6
HPV35h .....		6
HPV31 .....		6
HPV52 .....		6
HPV33 .....		6
HPV58 .....		6
RhPV1 .....		6
HPV6b .....	.....TATGTTATGGCAGCA	39
HPV11 .....	.....TATGTTATGGCAGCA	39
HPV44 .....	.....GGAGGCCGAAAAATATGGGAACCTTTACAATGGGAGGTATGTATGGCAGCA	114
HPV55 .....	.....AGAGGCTAAAAAATATGGGAACCTATTACAATGGGAGGTCTGTATTGGTAGCA	114
HPV13 .....	.....TATGTATTGGCAGCA	39
PCCV1 .....		9
HPV34 .....		6

## E4 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

	\ / 3' sj in HPV16R (E1/E4 fusion)	
most-likely	.....CTC...CTGCATCTGTATCTAGTA.....ACGAAGAAGTATCCAC	43
HPV54	GCATCATTTTTT-----CCGAAG.....AGGCATGTGC-A-----T-	172
HPV32	.....-----CA-----C-CCACAAC.....CACCG-A-C---G-----T-	55
HPV42	.....-----C-CA-----C-CCACATC.....CACCG---C---GA--C--T-	55
HPV3	.....ACGATT-AT...T--ACC-----C-.....CACG---GA--C--G-	49
HPV28	.....ACCATG-AT...T--ACC-C-----C-.....CACG---A--C--G-	49
HPV10	.....-AT...T--ACC-----C-.....CACG---A-----	43
HPV29	.....ACAATG-AT...T--ACC-----C-.....CAC-----C--G-	49
HPV61	.....AAC-CT...GC--C-----CCCAGGA.....CGCCGTGCG-----	58
HPV2a	TTATTCCACCATA-AT...-C-----G-----C-CCCAGGCCAGCGCTCGGACG-----CC-C-----C-	112
HPV27	TTATTCCACCATA-AT...-C-----G-----C-CCCAGGCCACCGCCTCGGACG-----CC-C-----C-	112
HPV57	TTATTTATCATA-AT...-C-----G-----CCCAGGCCACCTCGGACG---CAC-C-----C-	112
HPV26	.....G--.....A--T-----CCTGCA.....GCAG-A-CC--A-----	52
HPV51	.....A-----CCTG.....CAG---C-CGT-----	34
HPV30	AAAGTATTTATTG--...-C-AC-----G-----CCCT.....CAGATCCA-C-----C-	94
HPV53	AAAGTATTTATTG--...-C-AC-----G--C-----CCTT.....TAGATCCA-C-----T-	166
HPV56	AGAGTATTTATTG--...-C-AC-----G-----CCTG.....TAGAT-CA-C-----C-	151
HPV66	AGAGTATTTACTG--...-C-AC-----G-----CCTG.....TAGAT-CA-C-----C-	274
HPV18	.....A--AC---A-G-GC---CCAG.....TG---CACG-----G-	40
HPV45	.....A--AC---A-G-GC---CCAG.....TG---CACG-----G-	40
HPV39	.....G--.....AC---A-G-GC---CCAG.....TG---G-TCG---C---	49
HPV70	.....G--.....AC---A-G-GC---CCAG.....TG---CAC---C---	49
HPV59	.....A--AC---A-G-GC---CCAG.....TG---GC-----	40
HPV7	TTATTGTGGGTT-A-GCGT-AT--G-TCTC-----CTG.....T---GGC--C---T	79
HPV40	TTATTGTGGGTT-A-ACGT-AT--G-TCTC-----CTATCG.....AGG-AC-C-G-C--C---T	85
HPV16	.....G--.....A-----G-T--C.....G-A-C-----T-	43
HPV35h	.....G--.....A-----T--C.....G-AC---C-----	43
HPV31	.....T--.....A-----T--C.....GT--C--A-----TT	43
HPV52	.....G-----C-----	40
HPV33	.....G--.....A-G--A-----C.....-CC--A-----	40
HPV58	.....G--.....A-----A-C-----G.....-TC--A-----	40
RhPV1	.....A-T.....AC-----G-----CGCTACCC.....ACTG---CA--C--C---	52
HPV6b	CAGTTATATGTT--...-----C-CTA.....CAC-----T	91
HPV11	CAGTTATATGTT--...-----C-CTG.....TACG-----T	91
HPV44	GTATCATATGTT--...-----A-----CTG.....TGC---C-----T	166
HPV55	GTGTCATATGTT--...-----A-----CTG.....TGC---C-----T	166
HPV13	CAGTCATATGTT--...-----CTG.....TAC-----T	91
PCPV1	AAGTTATATGTT--...-----CTG.....TGC-----T	61
HPV34	.....T--TC-----T--CC.....CGTGT-----	40

## E4 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	TGCTGAAACTGCTG...ACC.....CCC...TACCCAACAACACCACCACGGCCCCCACCACC	95
HPV54	-A---GC-----.....AA-----GAC-A---AATT---A	212
HPV32	-T---G-CT-A---...-ATTGGTA.....CAAA--ACCGAC-TAT-----AC-TA-A-----A---	119
HPV42	-A---G-T--A--A...-GTTGG.....TACAA...A-GTGTG--C---A-A-C-ATTG-A-----A	113
HPV3	-C---G-C--CTGT...-G.....-T.....GT-.....CAA--G-----CAA	92
HPV28	-----G-C--TTGT...G-A.....-G.....GTG-----A---GT-G---GAA	95
HPV10	-C---G-C--TGT...G-A.....-A.....GT-----C-A--GT----CAA	89
HPV29	-A---G-C--CTAT...-G.....-T.....-C-----CGCT-G-----CAA	98
HPV61	-----G-A.....A-----G-GGG-----ACA-A-A-----	110
HPV2a	-AT-AG-----TATC--.....-AGTCCC-G--CCAGT-G-AG--T-A--AGAAT-A--A	170
HPV27	-AT-AG-CT-----TAT.....-C-GT-CCAGC-C-AG-AT-A--AG-AT-AG-A	164
HPV57	-CT-AG-T-----CGG.....-G...C-GT--CAGC--AG----A--A--AG-A	164
HPV26	---A-----G.....-AG...-T-A--G...-----CCAGA----GAA	101
HPV51	-A--AC-----T--...-A.....AA...-T-A-----C-A--A--AATC--CTT	83
HPV30	--T-----T--...T-G.....AATACAACA--T-----TATCAAA-----	149
HPV53	--T-----T-A...-G.....AAT.....-T--T--CAT-A-A-----	212
HPV56	--T-----T-A...-G.....AAT.....-CA--A-A--A-----	197
HPV66	--T--G---T-A...-G.....AAT...ACAA---C---GG---CA--A--G--T--	326
HPV18	-A--C-GCT--T-A...-A.....AG-...--AGC---...-C--T-AC-GTATT--G-	89
HPV45	-A--C-G-T--T-A...GA.....AG-...--AAC--G...-T----T-GA--C---AA	89
HPV39	-A-----CT-A--A...C-G.....AAT...-T-A-----G--A--ATT-----	98
HPV70	-A---GCT-A---...CAG.....AA...--AAC---...-C-----AT--G--	98
HPV59	-----G-T--T---...-G.....AA...--T-AT--C...-T--G-AA-G---C--GAA	89
HPV7	--T--CGC---T--...-ATCAGACATCCCGCGG--ACCGACG---C-G--G-----A--TG-A-GA-G--	149
HPV40	--T--G-----G.....-A...G---CCG-C--TG---C-A-A--C--GA-	137
HPV16	-C-----T-AT-AGGC-G.....A-T...-GG-----C--C--G--G--A--AT---AA	98
HPV35h	-----T---ACAC-G.....TA...ACG--T-----GA-A--AT---AA	98
HPV31	-----GG-T--T-ACAA-G.....TA-CAAC-G-----AT-GAATT---AA	101
HPV52	-A-----T--...A.....A---...-TG--C-G-A--T--A-A.....--	83
HPV33	-A-----A.....TA.....-G...-AGA--AC-ATAA-.G---	82
HPV58	-A-----AA.....-G-...-GA---A--A--A-	83
RhPV1	--T----T--T-A...G-G.....GA-...-G-AAC---...T--A-C-AT-A---C--C--	101
HPV6b	-C----T--A--A.....-AT.....-C--G-ACAGA--T-----	131
HPV11	-----C--A--A.....-AT.....-C--G-ACAGA---G--	131
HPV44	----GGC---TCAC--T.....-TCCTCCT---C--C-----CTT--A-AGG--T-A	224
HPV55	----GGC---TCAC--A.....-TCCTCCT---C--C-----CTT--A-AGG--T-A	224
HPV13	----GGC---TCAT--T.....-A.....C--...-T-CA-A-AGG--T--	137
PcPV1	----GGC--A--TCAC--T.....-A.....CA.....-CTT--A-AGG-----	107
HPV34	-C-----T--T-A...GA.....-TGCACA-A-G-----G--G--AC--A-AGGA-G-G	95

## E4 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	GCCACAG.....CCGTGGGCACCACA.GAAG.....CCCCGGTGC..	129
HPV54	C-ACGTA.....---ACAA-T-----A---.....-AATCCC-TGC	248
HPV32	AT----A...GGAGTAACT--GA-C---C-GCACAGACGGAATA...TTATACAAAGACC--A-CCC-A..	183
HPV42	A-GT-CA.....-T-A--A-CAC.C-C-CAGACTGTACAGACGGAACAGCATAACAACGTG--CA-C-AA	176
HPV3	---CAG-.....-----G-GT-C-----.....GA-..	117
HPV28	A--T-G-.....-----G-G--C-----.....117	117
HPV10	---CAG-.....-----G-GT-C--G-.....GA-..	114
HPV29	---C-GT.....-----GC-TGAG--G-.....120	120
HPV61	C----GT.....G-----C----C.C-GACAT.....CCA--T-----..	150
HPV2a	-GAG---GAAGAG-A-CTCCGC---C.C---CGTTGT.....GCTCCG---A-C--CA	224
HPV27	AGA----...GAA-A-CTCCGC-----A-CTTGCTGT.....GCACCG-----C--CA	215
HPV57	-T-C-GC.....-ACACT-CAGGAC.TCC-.....-A--C--CA	200
HPV26	---TAC-...TGC-----AG---A.....-C-A-G..	135
HPV51	A---CT.....G-----G--A-.....CC-..	111
HPV30	T---GC.....-----G--AC-----G--TCCT..	183
HPV53	T---GC.....-----TAC-----T-ATCAT..	246
HPV56	A--T-CA...CGT-----A-CA-.-C-.....-G-A--AT..	234
HPV66	A---TTT-.....-----G--CA-.-C-.....-G---AT..	357
HPV18	A--GTGT.....-----G--A-GA.....-TAC-GC-..	123
HPV45	A--G--T.....-----C--A--C.....---ACA-C-..	123
HPV39	--A--A.....-CCAT-----CA- A--A.....-AA-C-..	129
HPV70	--A--A.....-CCAT-----A- A--A.....-TAA-T..	129
HPV59	----GT.....A-T-----C--CA-ACGT.....GGAACCGT-..	123
HPV7	C--TAC-CCCTGC---C-TCG-----C.A---TAT.....ACAA-GACAGC-..	195
HPV40	---C-C-.....-ACA-CG---C---ACGG.....TCGG---C-CC-..	177
HPV16	---GTC-.....-T-----GA-.-A.....123	123
HPV35h	---TGCT.....-----A.....CC-..	126
HPV31	A--TGC-.....-T-----GT-----GTGT-CG--GG	137
HPV52	T--G---...TGT-----TG--A-.-CA.....-A-ACC-A-..	120
HPV33	A-----A.....-CA-CGG---A-C--C.....A-GACC---..	115
HPV58	.GA-AGT.....A-ACA--GGA--A-.-CGACGACGACT.....CGATTTA--AGAC-C-.A	132
RhPV1	---ACC.....CCA--G--AG---A.....AC---T..	129
HPV6b	CTTGTGT.....-TCAA-----AG-----A-G-A-----..	165
HPV11	C-T----...TGT--CCT-----G-----A-GGC---T..	168
HPV44	T-----C...TGC--A-T-----G-C--G-.....A-TGC---G..	261
HPV55	C-TG--C...TGC--ACCT-----T-C--G-.....AA-GC---G..	261
HPV13	A--G---...TGT--TGCA--G--T-G-----AATGT----..	174
PcPV1	TG-G---...TGT-ATCCAT-G-----ATAGT----..	144
HPV34	-GTGTGC.....--A--G---A.....113	113

## E4 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	.CGACGCCGCCTCGAAAACGACCACGAG.....	156
HPV54	A--C-----A-----G-TA---TCTACAGCACAGACCAGCAA.....	296
HPV32	.-C--C-----G-----TAC---CAGTCTTTGCAGCCACCAACAAAGCACC.....	237
HPV42	A-CT-A-----A-----TACA---CAGTGTGGACAGTCGCCATCACAGCACCTGCAGCAC.....	239
HPV3	..-GA--AAAAG---C-G---T.---ACGGTCTACGGGGAGCAGCAGCAGCAACAGCAGCAACAGCAA	188
HPV28	.GAC---A...A-----AG---CTCGAGACACTCAACTGGGAGCAGCAGCAGCGACAGTACCCC...	182
HPV10	..-GAA-AAAAG---C-G---T.---GCGGTTCGACGGACAGCACCAGCAGCAGCGACAAGGGTCCA....	180
HPV29	.GACA-GAA-...-G-----GCA-GCTTGAAGCAGTCGGGCCCTGGGCCACAGCAGCAGCAGCAGCAGC	189
HPV61	.A-----AT--G---AG---CTCCACAGAGACAGAGAGCAGCAGCCCG.....	204
HPV2a	A--GT-----GGCC--G--C-AG--T-TCATCGTCGGACAGCAGCATCCCCGGCCC.....	281
HPV27	C---GT-----GGCC--G--C-AG--G-TCATCGTCGGACAGCAGCATCTCCGGCCC.....	272
HPV57	T---GT-----A-CC--G--C-AG--G-TCATCGTCGGACAGCAGTGGCAACAGCCC.....	257
HPV26	..-C-ATAC--AG---G---G---CTCAGTGGACCTGACACCACCGTCACCACAGTCACC.....	197
HPV51	.A--A-AA-AG-----T-G.....	135
HPV30	..-CG-A-G---GG-----T--TA--ACCACAGAGCCCGACAGTACAGACACCACCAGACAG.....	245
HPV53	..-CCT--G---GG-----T--CA--ACCACAGAGCCCGACAGTACTGACTCCACCACACAGTCCACT...	314
HPV56	..-CCACAGA--AG-----CA--CTACGGGAATCAGAATTTGACTCCTCCAGAG.....	291
HPV66	..-CCACAGA--AG-----CA--CAAGTGAATCAGAACCCTGACTCCTCCAGA.....	413
HPV18	.A---T--G--GCT-C-----TG--CACTGTGGACTCGC.....	163
HPV45	.A-----G--ACT--G---TA--CAGTGTGGACTC.....	161
HPV39	..-C-----T-----G---T---CAGTGTGCAGTCACAGAGCCC.....	176
HPV70	..-G-----T--T-C--GT-TGG.A-TC.....	155
HPV59	.A---AA-A--G---G---A---CAGTGTGGATACACACAGCAC.....	170
HPV7	.ACG-A-----C-----G---AGGA---ACGGAGACTTGTCCATCAGTGCAG.....	246
HPV40	.A-G-A-----CA---G---G-A--AACGGACACCTGCCATCACCCTACT.....	230
HPV16	..-ACA-A--A--ATCC-G-----A--TCAGAGCCAGACACCGGAAACCCCTGCC.....	177
HPV35h	.A--A-A-AAA--AC-----TT---GGGTACCGAGCTCCCCTACAACC.....	177
HPV31	G----A--T--ACT--G-----A--ACAGAGCCAGAGCACAGAAACACCCACC.....	192
HPV52	.AAC-A--A...AG-----G---CCAGACGTCACAGACTCCAGAAACACCAAGT.....	174
HPV33	.A--A--A...AG-C--CG--CA-CCCCTTACAAAGCTGTT.....	154
HPV58	GA---AA-A--CA-T-CT-C--A-A-TATACAGA.....	166
RhPV1	.G-T-AT-----GC---G---GTG--TCGGTCAGACTCAGGTG.....	171
HPV6b	.AA-----A-G-----G-----GAGTCCAACAGTCCCCTTGCAACG.....	216
HPV11	..-G-----A-G--G---G---T-GACCGTCCACTAACAACACCC.....	216
HPV44	.ACG-----AT-T-----C---GACCCCCACAAACACCAACAACGCCAGA.....	317
HPV55	.ACC-----AT-T-----C---GACCCACCACAAACACCAACAACGCCAGG.....	317
HPV13	.AAG-----T-T-----A---GACCTTCACGTCCCATTGGAAACCCCCAGAACA.....	234
PCPV1	.AAG-----CTAT-----TT---GACCCTCCCACTGTGCTCGAAAACCTCCAAAACA.....	204
HPV34	..-G-ATA-A...C-GTGT---CA--CGAGG.....	141

## E4 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	.....CCGT	160
HPV54	.....CCACACAGCACCTCAGACC----	319
HPV32	.....TGCAGCACTACGGCGTCAAAACGTAC----	268
HPV42	.....TCAAACCCCAGCATCCCCAGCATCCCCAGCGCAT----	277
HPV3	CAGC.....AACAAACATACCCAAACCCCGCCGCAAACCACTGAACGAGCAGTCAACC	244
HPV28	.....CAAACCCCTCCACGCAAACCACTGAACGAGCAAGTCAAC-AC-	226
HPV10	.....AAGATTCCACCCAGAAGGCCGCGGAACGAGCGGGTGGACAA--	223
HPV29	ACCAGCAGCAGCAGCAGCAACAGACCCCGACCCACACCCCTCCACGCAAGCCTGTGCACGAACGGGTGGACC	262
HPV61	.....ACACAACAACAAAAGACAACCACAAGCGG--	235
HPV2a	.....GACTCTACGCGAACGGTCGGAGAGGGGGAA--	313
HPV27	.....GACTCTACGCGAACGGTCGGAGAGGGGGCAA--	304
HPV57	.....GACTCTACGCGGAAGGTCAGAGAAGGGCAG--	289
HPV26	.....ACTGTCAACCACAGCTGCCACACAGCCCGGACAGT-A--	235
HPV51	.....	135
HPV30	.....TCCGCTGCCAGAGAGTCCCACGCAAACCGTGTCAA-AC	283
HPV53	.....ACCACAGCCAGAGATCCTACGCAGAGTGTGTGCGAAGGAA-AC	358
HPV56	.....AGTCCCACGCAAAGTGTGTCAACAACACACA-ACA	325
HPV66	.....GAGTCTACGCACACTGTGTCAACAACAGA-AC	445
HPV18	.....GGAGAAGCAGCATT--	179
HPV45	.....ACAGAGCAGCA--AC	176
HPV39	.....ACTGAGCCCGACGGAGTGT--C-	199
HPV70	.....T-CA	159
HPV59	.....CCTCAGTCTACCAGCGTGT-A--	193
HPV7	.....TGGACGGATGTAGTGGAAAGAAAATA---	274
HPV40	.....GTGGGCAAATCACTCGGAGGAGAGTA---	259
HPV16	.....ACACCACTAAGTTGTTGCACAGAGACT-A--	208
HPV35h	.....CCACCAAGCGAGTGCAGTCACTAGT-----	205
HPV31	.....ACCCCAACAAGTTGTTGCGAGGCGACT----	223
HPV52	.....ACCCCAACAACCTTTTGGCGGGGACAACAAT----	208
HPV33	.....CTGTGCAGACCCCG--T-	172
HPV58	.....CTGCG----	175
RhPV1	.....GAGATCCAGTGCGGG--T-	190
HPV6b	.....CCTTGTGTGTGGCCACATTGGAC----	244
HPV11	.....TGTGTGTGGCCAAACATCAGAT----	241
HPV44	.....AACACCGTCTGTGTGAGAAACAGCGACT----	349
HPV55	.....GACACCGTCAAGTGTCCGACACAGCGACT----	349
HPV13	.....CACAAAGCATTGTGTGTGTGCACAGACTACGACA--C-	271
PCPV1	.....CCTCTAACATGTGTGTGCCACGGACCGTGGAA--T-	241
HPV34	.....GGC--T-	148

## E4 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	GGACAGTGCAAACAACA.....GCCTCAACAGTGACACTAAAA...GCAAAAACAAAAGCGGAAC	218
HPV54	--G-T--AC--G--.....-G-A--T-----GA--C-. . .A--G--C--G-----C--	377
HPV32	----CCC-G-TCGC-A-.....-GG--CATC-----A-. . . . .A--T--C-GC-----	323
HPV42	----CC--G-TTGTGTG.....-GG--GA-C-A--G-G--. . .A-TGT----GC-----	335
HPV3	ATTGGACA-TG--GG-.....C--GGG--C-----CGT...-TCC-C--CCC-TCG--C-T	302
HPV28	----GT-A--GG-C--.....G-G--T-----C-T...-TCC-T--CCGTCG--C--	281
HPV10	-----AC-GG-C-C.....GGTTGT-----G-. . .-TGC-C--CCCCTC--C--	278
HPV29	A-TGGACAGT--GG-.....C--GGG--T----T--C-. . .-TC-----CCCTAC--C--	320
HPV61	-----A-TG--C-GT.....-GA-----G--C--CG--C-. . . . .C-G-A-C-G...-G--	290
HPV2a	--GT--TAC----GC.....-GAG--T-----T--CC...-C-G--CCC--GT--GG-	371
HPV27	--GT--TACG----A.....-GAG--T----A-----C-. . . . .C-GCTCCCC--GT--G--	362
HPV57	--GT--CA--G--G--.....-GAG--T-C--A--C--G-C-. . . . .C-G--CCCC-G--GG-	347
HPV26	---TA-A-----.....A--AC----ACA-G-GG-G...-C-TC--CCGG--A--G--	293
HPV51	.....	135
HPV30	AA--ACA-----GA.....CAGTG-CTTG--GAG--C-T...-TT-C----C-G...AAGT-	341
HPV53	A--ACA-----ACACCAGAAAACA--CCTG--GAG--TCGT...-T--C--CCG...AA-T-	425
HPV56	CAT--C-AC-CAG--.....ATAC-G----AGA-G-G--. . .-T-TC-----C...AC--	380
HPV66	A--TCAGT-----G.....C-----AGA-G-CC-C...-T-TC----C-C...AA-G-	497
HPV18	---CTGT--C-C--TTC.....TCGG-G.CAGC-ACAC--C-G...-C-----A	239
HPV45	---GTGT--CACC--CGTGCA.CAACCCG--CTGT--TCA-G--C-. . .-T--C-----A--A	245
HPV39	---CA-CTT-----C.....CA--C-----A--G--C-G...-C-C-----T--	257
HPV70	-AC-CTCAG--GACGGAGTG.TTCGT-GAC-.TTGT-ACA-G--G...-TGC-----C--	227
HPV59	---TACTGTG-----C.....CAG--GT-C--TTGCA-CC-G...-C--CCGC-----C--	251
HPV7	---C--G--GAG.....CA-G-TCGCC--T-T-G--. . . . .C-----TCA----	332
HPV40	---C--G--GA.....CA-G--CGCC--C--G--. . . . .C--GGGCACA----	317
HPV16	-----TCCA-T-C.....T--C--CATT--C-. . .-TC-C-----G-----TT	260
HPV35h	-----TTG--GAG.....-GG--T--TC-ACAT--G-CT...-C-----GAC---TGT	263
HPV31	-----TC--TGTG.....-GG-T-T--CAG--GC-T...-C--C--C-A--GCT	281
HPV52	-----A-T-CACGGG.....-A--GT--C--CA--G-GT...-C-----G--GTT	266
HPV33	-----A-AG--CAGCAC.....GT-C--CA-----CT...-C-----GCAG---CT	224
HPV58	-----AG-CCACGAGGAG.....GAG-A--AC----ACA-----CT...-T-C-T--G-G----	239
RhPV1	---G--AA--G-CGGT.....CAG--CTTT--GAT--GC-C...A--C--GCT-C-G--GT	248
HPV6b	-----G--C--.....A--T--C-A--A-C-CG...A-C-GC--C-----	302
HPV11	-----A--T-----.....A-A--GT--C--A--T-C...A--GC--C--A----	299
HPV44	-----A-----.....A-A--CT-CC-A--G-T-C...A--GT-----G--G--	407
HPV55	-----A-----.....A-A--T--CC-A--G-T-C...A--GT-----G--G--	407
HPV13	-----A-----.....A-A--GT-A--CA-T-C...A--T-----G--G--	329
PcPV1	-----A-----.....-A-A--A-T-C-ACAA--C--C-GCA-----	299
HPV34	---TT--T-C-T--C.....-AC-GCCCACA--AG...A-TC-TCG-CCCAGT-T-CT	200

## E4 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

	* coordinate 3620 in HPV16R	
most-likely	CACAGTGGTAGTAACACTACGCCTA.....TAA	246
HPV54	ACA---A--G--G-----A-----G	405
HPV32	-CGT----A-A-C-G-----AG.....	351
HPV42	---T---A---C-GG-----G.....	363
HPV3	-GA----ACCC-G--TG-GT----G.....	330
HPV28	-CA----ACCC-G--TG-G-A---G.....	309
HPV10	-CA----ACCC-G--TG-G-A---G.....	306
HPV29	-CA----A-CC-G--TG-G-A---G.....	348
HPV61	A--T---AC---T---G-T-A---G.....	318
HPV2a	---G---AC-C-G--T--GT---G.....	399
HPV27	---G---AC-C-G-----GT---G.....	390
HPV57	-----ACCT-G--G--GT---G.....-G-	375
HPV26	ACG---A--GACC-A---GT-TT---G	321
HPV51	.....	135
HPV30	G--G----TA--A----A--G.....-G	369
HPV53	G-----TA--G---G-A---G.....-G	453
HPV56	---CC---GA--G-----G.....-G	408
HPV66	---T---GA--A-----G.....	525
HPV18	-T-T--A--G-----	267
HPV45	GTGT--A--G-----	273
HPV39	-T---T--G-----	285
HPV70	--GT--T--G--G-----A-----G	255
HPV59	AT-CC-T-C-----	279
HPV7	AGTG---AG--C-TT---A-----	360
HPV40	TGTG---AG--TCTT---A-----	345
HPV16	A--T--AA-----A--C.....-G	288
HPV35h	GGT---T-----CA----A-----G	291
HPV31	GT---T--CC-GCA-----A-----	309
HPV52	GCACA-ACA-C-TGT---G-A-----	294
HPV33	GTGT--A--TC---GT-G-A-----G	252
HPV58	GTGT--A--TC---AGT-T-A----TCGTGCATT---	276
RhPV1	TC-G---AC---G--TA-----G	276
HPV6b	A-----AAC---TCAG-----G	330
HPV11	A--T--CAC---GCAG-----G	327
HPV44	A--A-TA-T---CAG-----G.....-G	435
HPV55	A--A-TT-T---CAG-----G.....-G	435
HPV13	A-----TACT--GCAG---A-----G	357
PCPV1	A-----AAC---GTGG---A-----G	327
HPV34	.....TAC.A--TGT-G---A-----G	222

## E4 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	ATG...TTAATAAGGAAAATGTGA.....	21
HPV19	-A-...-----C---T.....	21
HPV25	-A-...-----C-C---T.....	21
HPV20	-A-...-----C---T.....	21
HPV21	--ACCAG-GCAG--AC-TT-AGA-GCCCTCCTGAAAATCATTTCAAAAAAGGCCAGTGTGAGTTGAGGTTAT	73
HPV14d	---ATAACG----A--C----CA-ATGCTTATACTATGTGGAAAGCACATATATTACCAGGATGATGACGAACA	73
HPV5	-A-...-----C---T.....	21
HPV36	-A-...-----C---CT.....	21
HPV47	---ACAAAG--G-A-C-----CT-ATTTGTATACTATGTGGACATTTGTGTATTACATGGATTGAGATGATGT	73
HPV12	---GAGACTT---AC-CT--TATGTACTTTTTGCTGATGGTGCACGAATGTATAGTAAACT.....	62
HPV8	-AA...-----C-C---T.....	21
HPV24	GG-AGT----AC-TT-TT----C.....	24
HPV15	---...AC-CATG-A-C--G---GAAGGAAAAATTGACTATCATGGCGCATATTATT.....	54
HPV17	.....	0
HPV37	-A-TCTA-T---TAC--TT--AAG.....	24
HPV9	.....	0
HPV22	-A-GGACCTT---AACCT--TAT-.....	24
HPV23	--TGCT----A----G-CC-AAA-CAGTGGAGGTGTATTTTGATGGAGATCCTGAAAATGTTATGCCATATAC	73
HPV38	.....	0
HPV49	---...A--TGTG-C---G---CAAGGTGAGGTGGATTATGCAGGTGCATATT.....	51
HPV4	---AACAGTGGC-CA--GT-AAAG.....	24
HPV65	---ATG-GTC-GTATGGTT--AT-ATGATAGATATAATGCATATGGTGTATACAAATTGGGATTATC.....	66
HPV48	.....	0
HPV50	.....	0
HPV60	---TGTGGTT-G-TA-T---AA-.....	24
most-likely	.....	21
HPV19	.....	21
HPV25	.....	21
HPV20	.....	21
HPV21	TTATGATAACGATAAAGACAATGCTAATGCTTACACCATGTGGAGATATGTTTATTACGTGGATGATGACGAC	146
HPV14d	GTGGCATAAAAGTGC AAGCGGGTCAACCACACAGGCATATATTATATGC.....	123
HPV5	.....	21
HPV36	.....	21
HPV47	GTGGCATAAGACAACAAGTGGGGTCAATCAAACCTGGCATTACTACTAT.....	123
HPV12	.....	62
HPV8	.....	21
HPV24	.....	24
HPV15	.....	54
HPV17	.....	0
HPV37	.....	24
HPV9	.....	0
HPV22	.....	24
HPV23	AGTATGGTCTTATATTTACTATCAAACCTGATG.....	105
HPV38	.....	0
HPV49	.....	51
HPV4	.....	24
HPV65	.....	66
HPV48	.....	0
HPV50	.....	0
HPV60	.....	24

## E4 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	.....	21
HPV19	.....	21
HPV25	.....	21
HPV20	.....	21
HPV21	CAATGGCATAAAAAGTCCAAGCGGTGTCAACCACACAGGCATATATTTTATGCAAGGAACTTTGTAGACACTACT	219
HPV14d	.....AAGGAACCTTTAGAACTACT	144
HPV5	.....	21
HPV36	.....	21
HPV47	.....ATGGAACATTTAAACACTATT	144
HPV12	.....	62
HPV8	.....	21
HPV24	.....	24
HPV15	.....	54
HPV17	.....	0
HPV37	.....	24
HPV9	.....	0
HPV22	.....	24
HPV23	.....AGG	108
HPV38	.....	0
HPV49	.....	51
HPV4	.....	24
HPV65	.....	66
HPV48	.....	0
HPV50	.....	0
HPV60	.....	24
most-likely	.....	21
HPV19	.....	21
HPV25	.....	21
HPV20	.....	21
HPV21	ATGTTTTATTGCTGATGATGCAAGTAGATATAGCAGAAGTGGACATTGGGAAGTTAACGTTAATAAGGAAAC	292
HPV14d	ATGTTTTGTTGCTGATGATGCAACTAGATATAGTAAAAGTGGACATTGGGAAGTTAAAGTTAATAAGGAAAC	217
HPV5	.....	21
HPV36	.....	21
HPV47	ATGTGTTATTGCTGATGATGCAAAGAGATATAGTGCTACTGGAGAATGGGAAGTTAAAGTTAATAAGGAAAC	217
HPV12	.....GGACAATGGGAAGTTAAGTTAATAAGGAAAC	94
HPV8	.....	21
HPV24	.....	24
HPV15	.....TGGAAGGAAGTCTTAAAGTTTATTACAT	82
HPV17	.....	0
HPV37	.....	24
HPV9	.....	0
HPV22	.....	24
HPV23	ACACTTGGGAAAAGGTTGAAGGACATGTGGATTATACAGGAGCTTATTTTTATGAGGGCCAAGTTAAAACTA	181
HPV38	.....	0
HPV49	.....ATAAGGATGGAAGTATCAAACAGTA	76
HPV4	.....	24
HPV65	.....TATATATCAAGATGTCAATGAAATATGGCATAAAGT	103
HPV48	.....	0
HPV50	.....	0
HPV60	.....	24

## E4 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	.....TTGCTCCTGTCCACCAATTCACCCACCCGGCT.....CACCAGGACGACAATCAGACTAAGACACCG	84
HPV19	.....-A-----GC--A--A--C---A--.....-G----AG---CC-A----T	84
HPV25	.....-A-----GC-----C---AG-.....-G----G-----C-A----T	84
HPV20	.....-A-----GC-----C---A--.....-G----G-----C-A--G--T	84
HPV21	TGTGT-----GC-----A-----A-----G-----G-----C-A----T	360
HPV14d	TGTGT--A-----GC-----T-----AG-.....-G----G-----C-A----T	285
HPV5	.....-A-----GC---G--T--A--G-.....-G----G-----G---AC-A----A	84
HPV36	.....-C-----GC-----T--A--G-.....-G----G-----G---AC-A--G--T	84
HPV47	TGTGT--A-----T-GC---A---A--G-.....-G----A-----CC-----T	285
HPV12	TGTGT-----GC---A-----G-.....-G-----G-----G---AG---CC---G--A	159
HPV8	.....-T---GC-----C-----A-----CC-G-----G-----AC-----	84
HPV24	.....GTT-G---...ATG--G---ATAG-TA-A-TA.....A-T-T--C-...--GG-...-G-T--GGA	78
HPV15	ACAGT--AAGT--.....-G-AG--AGGTTT--A.....A-A-T--A...TC-GG-...-G-TGCAT-	138
HPV17	.....-G-TG--AGGTTT--A.....A-A-T--...GT-GG-...--TGCAT-	42
HPV37	.....G--A-G-----GG-.....TTA--A.....A-A-T-----GC-GG-...--TACAT-	69
HPV9	.....-G-AG--AGGTAT--A.....G-A-T--CG...TT-GG-...--TGCAT-	42
HPV22	.....-AAATT--AA--AG--G-T-AA-G-TAT--TA.....-A-----...-T-GG-...-G-TGCAT-	81
HPV23	TTACA--AAATT--AAG-AG--G-A-AG-GCTTT--TA.....TA-----A...TG-GG-...--TACAT-	243
HPV38	.....AATT--AA-ATG--G-T-AA-G-TAT--TG.....TCA----T...T--GG-...--TACAT-	54
HPV49	TTATG--A-CTTC-CTGATG--G-TGTTAG-TAT--GA.....-T-T-----...--AT-...--T-CG-A	138
HPV4	.....G--AAGTG-ATTATG--GG-T.....TATA-----TTA--AC-...-TA-G-GAG--AGAG...	75
HPV65	TAAAGG--AAGTG-ATTATG--GG-T.....TATA-----TTA--AC-...-TA---G--AC...	156
HPV48	.....	0
HPV50	.....	0
HPV60	.....A-AA-A-AT-TC--T--A-A-ATTGGGAATATATTTACT-T---T--T-T-G-A--A-T-G---A-	91

E5 start for HPV5 ->

most-likely	CCACCAAGAACACCATCTTTACCA.....CTGACACCACGTCCAGACCGC.....CCACTGGAGA	139
HPV19	--T-----C-C--C-ACC-----T--G-----TCTCGCCACAG--T-CA----	148
HPV25	--T-----C-C--C-A.....-G-----TCTCGCCACAGG-T-C-----	142
HPV20	--T--C--C-C-GC-ACC-----T-----A-----A-T.....GC-CA--A-	139
HPV21	--T--C--C-C-GC-ACC-----T-----TCTCG.....T---CA--A-	418
HPV14d	--T-----C-C--C-ACCG-----T-----TCTCGCCCGCAGATT-CA--A-	349
HPV5	--C--GC--C-C--C-ACCT--CAACCGCCGT--T-----A--TC.....A---ATC-A-	151
HPV36	--T-----C-T--C-ACC--CAGCCACCGT--T-----A--AG-A--TC.....A---ATC--	151
HPV47	--T-----C-C--C-ACC--CAGCCGCCA-----T-C-----GC-AA.....T--TCAATA-	352
HPV12	--G-----C-C-GC-ACCT--T.....-C---T-----A-----T.....G--ACA-	211
HPV8	--G-----C-C--C-ACCT--G.....-T-----A--AGC...GGT--C--C-A-	145
HPV24	TT-AT--G-A--TG-G--G--C.....-T-----GC---C---A-CC.....GA-T-CCC--G	136
HPV15	TT-ATG--G---T-----G-TC.....TT--T-GC--TTCG--G.....AG-----	193
HPV17	TT-ATG--G---T-----G-TC.....TT--T-GC--TTCG--G.....AG-----	97
HPV37	TT-A---G---T-----G-TC.....TT--T-GC--TTCG--G.....AG-----	124
HPV9	TT-A---G---TTG-G--G--C.....TT--T-GC--TTCG--A.....A-----	97
HPV22	TT-AT--AG-T--TG-G-----C.....TT---GT--T-CG-----AGT-----	135
HPV23	TT-AT--AG-T--TG-----C.....TT--T-GT--T-CG-----AGT-----	297
HPV38	TT-AT--AG---TG-G-----C.....-C-TT---GT--T-CG-----AGT-----	108
HPV49	TT-A---CG-A--TG-G--G-TC.....TT--T-GC---CC--A-CATCCACGGGGCTAC----	202
HPV4	...-TT-TTTT--AT-A---G-T.....TG-TC...AA---T.....TT-GCA--AC	121
HPV65	GTG-AT-CTTT--TC-G---G.....-A--TG-TC...A---T.....TT-GCA--AC	205
HPV48	.....	0
HPV50	.....	0
HPV60	GAC-AG--G-G-GGTGGAC--TA.....TG---TTT-.T-T--C-GAAA.....AT-A---A-	145

## E4 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	ACAGTCACAAC...AAACCAACACCAAAGGCAGAAGGTACGGACGAA...CGCCCACCAGCACCACAAGAACA	206
HPV19	-----AC-G-----AGA--CGAC-TT--G---G---CG-C--CA-	218
HPV25	--G-----G-----G--AC-G-----A--G...G---T-----GG---C--CG-	209
HPV20	-----G-----G-GAC-TT--GT--G--A-GGC----	209
HPV21	-----A-----G-GAC--T--GT--G---CGGC---G	488
HPV14d	-----G-----A-----C-GAC--T--GT--G---CGGC---G	419
HPV5	---C-----G-A---G--A-----G...G---T-----AGT---G-G-	218
HPV36	---C-----G-A-----A---A-----G...G---T-----GG---G-G-	218
HPV47	-----G-A-----C-A--G-----G...GA-AT-A---GA---GCG-	419
HPV12	-----G-G--C---GGA-G-A-G-A-----C...GA-AT-T---GA---GCG-	278
HPV8	---C-----G-A-----AC-----GA--C...G--GT-----GA-----C-G	212
HPV24	-GG---C-G-G...AACTAC--GG-TC---CCGCTAACTCC...A-G--T-A---C-A--CC...A-	194
HPV15	-GG-G--ACCT...CC-T-G--T--GC-CC-GA-TC-CCG-CCAAC...GA-AGCTTCTT---CTCCGTG	260
HPV17	-GG-A-CG-CG...CGT--CC--T---C-C-G...CA...CC--GT...--T-AC-AGCA-GGGG-CTCT-T	158
HPV37	-GG-A--G-CG...GGG-AGC-T--GTCCA---CCGTATCCG-GT...---GCT-GCACGGGG-TTCT-T	188
HPV9	CGG-GG-G-GACCTCC-AGC----CTTTC--...---CGG-GT...---A--A-CAT-GCG-CTCC-T	161
HPV22	...TCGCCT...CCCAG---T--GC-CC-GA-CC-G...C-TCC...-CT--G...A-T-CC...	183
HPV23	...---CG...---TC--A---C-C-G...TTCC--A-GC-T...TA---...---T-CT...TG	341
HPV38	...---CT...CC--G--T--GC-TC--GGC-G.-ACT-CCC...GAG--T...T---CT...C	158
HPV49	-TCC--CA-CG...---G-C--GTTCA-GAC-CCGT--ACGAG-...A-----GC---C	266
HPV4	TGGACTGTGGA...CTGTGC-TTTT---AC-CA-GTTATTTCCTCC...TATTGTT---T-T---T...	183
HPV65	TGGACT-TGGA...CTGTGC-TTTT---ACACA-GTTATTTCCTCCT...TGTTGT---T-A-----	267
HPV48	.....	0
HPV50	.....	0
HPV60	TAGAG--T-TT...TTCT-CTATTTG-TA-TG...ATGCACA-AC-T...ATT-ACAA-CTGGG---T-G--	209
most-likely	ACCAAAACGCAGCAAAGGC.....CCCAGTCCAGGTCCAAG	242
HPV19	---C-----GC--G-AA-GA.....T-AA-G---AA-----	257
HPV25	CAGC--G-C-...--GC--GCC.....AGAGG---A-----	248
HPV20	---C-----GC--G---GACGGT.....CCAGGT-AAAG---A-----	257
HPV21	---C-----T-----GG---G-----	524
HPV14d	---G-----G--G-----GGA--G-----	455
HPV5	T-GC-----GATCAAGG.....TCCCGACA---G---C---TCG-	269
HPV36	C-GC--G--A-----GATCAAGGTCCA.....GACACCGATCCT-TA-G--C-A--GCG-	278
HPV47	C-GC-----C-CAAA.....GG-----A---GA	452
HPV12	CAGG-----GATCAAGG.....TCGCGATA---C---CA--T--C	329
HPV8	CAA--GA-...-G---GATCAAGG.....TCGCGACA---CA-----TCGC	260
HPV24	CAGCC-CAA-...--GCCT.....GTA-TGA-GAAA-A-CC	227
HPV15	T--TCC-GAA...-C--A.....-A-C-C-AC-AA--G-A	293
HPV17	G--CCT-CGT-TCC-CC-GA.....A--AC-CAAC--A-ATCA	197
HPV37	---CCT-CG...TGTCCA.....-A--AAAC--A-ACCA	221
HPV9	G--CC--CGT--CC-CCG.....GAG-----A-ATCA	197
HPV22	...-C---G...TC-TCA.....AA-TCA-C...-ACC-	211
HPV23	T--TCCC-A-...-C--T.....-A-C-----C	371
HPV38	GTGTCCC-CG...-C---A-C---C...AA-CA	188
HPV49	---CC--CTT--GCAC-ACCACAGCCACAGCCACAGGAGCACCTGAACT-TC-----AAA--GGT	338
HPV4	.A-TCCT-CT...CCTTCG.....A-ACTGAGGAACAAC--	215
HPV65	.A-CCC-CT...CCTTCG.....A-TTGAGGAACAAC-A	299
HPV48	.....AAT--GG-AAAA-TG-	16
HPV50	.....	0
HPV60	GTGC-TTATA...--AC-AAATTATTCT.....GCTCCTGTTA--A-C---TCAAAA-C-A	263

## E4 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	TCCCGGTCGC...GGTCCCGGTCAAAAAGCCTCTAGCCCTACCACCACCA.....	288
HPV19	-----G-----GCGGT-TCT-TCGT---A-CGGCGATCAC.....	306
HPV25	-----C-.....CC-GT--CGCTC--G--T-CGAT-G.....	294
HPV20	---A-----GA---GCGGCA-CGGTCT--GGT-TCGGT-TC.....	303
HPV21	---A-----G-----GCGGT-GCGGCT--GAT--CGAT--C.....	570
HPV14d	---A-----GA---GCGGT-TCGGCT--GAT-T-GAT--C.....	501
HPV5	-----AA--CC-A--CAC-C-A--CGGT-----CCA.....	318
HPV36	---A---C-.....ACA-CCC-A--A--C-GT--G-----C.....	324
HPV47	-----A-T--TC--A--CACTCTT-C-----CCACCACCA.....	507
HPV12	-----C---A--CC--A--AGGGC--T-GG-G---TCCGTATCC.....	383
HPV8	-----TC-----GTT-GG---GT-G--T-C-----GTATCCA.....	309
HPV24	AAG---AA-A...-A-G--CG--GG-AG--A-----C--TGA-T---GATGCAGACGA.....	284
HPV15	G--A...GA-...-C-A-AACCG---AA-----A-----CCA.....	339
HPV17	C-A---CGAT...ACA...--CGG-----G-----AG-----.....	240
HPV37	C-A---CGAT...ACA...-AAG-----A-----A-----G.....	264
HPV9	----ACGAT...ACC...AACG-----G-C-----.....	234
HPV22	ATA-.....G...-CCG-----A-----T-----A-T-----CCA.....	249
HPV23	CG-.....-A-A-G-CCG-----A-----AG-----.....	411
HPV38	G-A---CGAT...ACG...-AG-----A-----T-A-----T.....	231
HPV49	A--A--AAAGGAA--A-G--CG-----A-----T-----AG-AG--TCCA.....	390
HPV4	-TA-.....-G--C-CTCCA--A.....G-TA-T--GAAG.....	246
HPV65	CTA-.....-G--C-CTC-A-AC.....-C---TA---G.....	330
HPV48	A-TA.TGGA-...A--.TA-A-TT---AA-AAA-CTAT-T-TG--T-TG.....	60
HPV50	...C-G-T...-A-T-A-TAT-CTTTAAA--CTTT-A---TGATG-CACTGTATATGGCAAATCTGGACAA	65
HPV60	---TCCGACG...AC-A-ACT--C-----GGGCAG-AAC--CA-TT-T.....	309
most-likely	.....CCTCCAGGTGACGTAGATCCAGA..GGCCTG.	318
HPV19	.....GA---AA--C-...GA-.....AAAG..	327
HPV25	.....GG--GC-----CG--C-C.....-T---	318
HPV20	.....GG--TGAA---C...C-CG--G-C...-T--C.	330
HPV21	.....GG---C-A--CCG--CCTATTCCC...-T-CC.	600
HPV14d	.....GG--GCAA---T...CTGAG-G-C...-T--C.	528
HPV5	.....GG---C---C---C-C--ACC...A-A--C.	348
HPV36	.....GG--T-----CC---C-C--GCC...A-A---	354
HPV47	.....CCTACAGG-----T---C-C--A-C...A-A--C.	543
HPV12	.....AGGT-----CC---C-G--ACAC..A-AT-A.	417
HPV8	.....GG-----CT---C-C--ACC...A-G-A-T	340
HPV24	.....CGATCCT-G---C--CAA-A-A--C...-AG...-GAC.	318
HPV15	.....--CGG---CA--...-A-GA--AG...-A-AAA.	366
HPV17	.....--A--C--CAC-...-A-.....-A-AA.	261
HPV37	.....--G--C--CAA-...-A-.....-A-AA.	285
HPV9	.....--AGG-A-AAA-GAC---.....-A-AA.	258
HPV22	.....T-AGG---CAA-AAAG-CGAG---...-A-AAA.	279
HPV23	.....--AGG---CAA-...-A-.....-A-AA.	432
HPV38	.....--CG---CAA-G-A-AG.....-A-AAA.	255
HPV49	.....A-----AAAG...-G--TC-C...-A-GAC.	417
HPV4	.....TTA--GA-CA-G--AGCC.....CTA--C.	270
HPV65	.....AGCTT-CCCA-G...C-.....-C---T.	351
HPV48	.....TTA-T--C--CT...C-.....-AAA-A.	81
HPV50	TGGACTGTTATATTTAAAAACAAAACACTATTCATTCCTCTGT-A-T--C--CT-AAG--GTGC-TTT--G-CT.	137
HPV60	.....T-G--TCA--CT-A-C-C.....C-A--A.	333

## E4 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	..GAAACC.....GAACAA...GATCAAGATCCA.....GAAGAAAGACCA...CCACG	359
HPV19	..CCTC-A.....CC--T...--GGG--GGTC.....--G-GTCAC---...--G-C	368
HPV25	..A-TCT-AGTCGTCT...AAGCGGC--T---C-----A---T...-AG-C	374
HPV20	..-GT---...-T---C...---CG-----GAG-G--GTCG--CTCCG-G-C	377
HPV21	..-GTCT-AATCGTCTGACCAGCCGCA-TACC...---TC-----G.....-G-GC-AGTGTCCCT--TC	662
HPV14d	..-GT---...-T---C-----GACA--A-G-AGTGT.....	570
HPV5	..-GGC---...TT---GCA---GC-----G---G-T--CCAA---C	395
HPV36	..-GGT---...AGCGGG.....T-TC-A---GATC-C--TCC-GA-...G---C	395
HPV47	..-TGCT---...-TT-C-...-G-----G-----CCTCC--TCT---GCA---C	590
HPV12	..-G---...-G-GGT.....-GC---GC...AATCC--GGA-GGG...GGG...	456
HPV8	TC-GCC--...-GT-C-...---GC-----G---CG-G-T-...-AG-C	383
HPV24	..-GCA-.....-GT-CC-...-CA-CC-G--GC...GCT-C--CTCC--TC...AA--T	362
HPV15	..-C-AG.....A-GAC-...---GC-AGGC...GATC--GTCC---T...-A-G-	407
HPV17	..AC-T-A.....-CG-T.....-G-----CCTC-C-GGG--GAC...AAG..	300
HPV37	..-G-AG.....AC--CG.....-C-AGGC...GATC--GTCC---T...-CG-	326
HPV9	..-G-AG.....-GA-G...-GA-G-GAAG.....-GA-G-A---ACTA--G-	302
HPV22	..-C-AG.....A--CC.....-C-AGGC.....-A---GAT-A-G-	320
HPV23	..---AG.....A---CC.....TC-CCAGGC.....-A---GAT-A-G-	473
HPV38	..-G-AA.....CC--G...-CA-CCA-AGG-.....-A-G--GAT-A-G-	299
HPV49	..-TC-A.....-GT-T-...-A-C--GA--CGCAGAC-GGA-GC--G--CCT-A-G-	467
HPV4	..---GGA.....-G-A-C...-G-GAAAT.....CCGACGC---TCCA-----	311
HPV65	..-TGTA.....-GGGG...A--G--GGAAT.....CTCA-CC---TCCA-A---	395
HPV48	..C--T-.....CCT-TT.....-TGA-AG--...-GGTCGG-CT-T...-G--C	119
HPV50	..-CTGA-.....-G.....-CC-GG--T...TCC-C-TC-TA-G...A--A-	176
HPV60	..CT-C-G.....ACGG-G.....G-CAGA--T...C-CA-G--GGAG...T-T-T	371
most-likely	ACCAGAAGCACAACCACAAGGAGGCCACAC.....CCAGGGCGCGACAAGACGATGGTCACCC	419
HPV19	-----TGA-CA-T--T-C---TC-C--T--G.....CCT.....CCTCCAC-ACC--CTTG	422
HPV25	-----G-G-G-GGTC--G--TC-C---ACC.....A---CCA-TGAC--GCCGC-A-----T	437
HPV20	-TT-CC-C---C-----CC-CCA--G--.....G.....C-G-TG-G-----	428
HPV21	--T-CCGC--C-----C-CC-CCA--G--ACCAAC...TACT---CCA-AG-GTC-G-G--G---T--	731
HPV14d	.....T-----C-CC---A.....-G-T--G.....GG	605
HPV5	TG-----GGG-GGTGG---TC-C.....-GC--TC-A-----	443
HPV36	T-T----GGG-GGT-G---C-GAGGT---T.....C-CC-TCCA.....--	440
HPV47	-GT----GGG-GGT-G-G--TC-T---A.....A---TCGC.....GA	635
HPV12	.GTC--G-GT--T---CGAC-CCA---TA.....AGC-----A--TCC--TC-...-CT--	512
HPV8	---TCT--GCG--GGG--G-TC---GGT---GC--TC-ACC---AGG	440
HPV24	CGATCT--AT-C--T-----GT--G-TCAA.....CCT----G-CAACA-G--GT-TA.....GG	422
HPV15	GGG---CAAGA--T-T-C---G-----A...AC-AGC-C--C.....GG	449
HPV17	...C--T-T-C-GGGG-G--GAGC.....-A--C-AG--G-----G...A--G-	344
HPV37	GGG-A-CAAG----T-C---G---GGGAC-.....-A--CA---G-----G...A--G-	380
HPV9	-GACA--GT-C-GAT-C-A-G-TCGA--GAAACCGAAAGGGGAGG-A-.....G-----G...G-AGG	371
HPV22	T--C-----CGAGCAGC--G---A--GCCACC-----	365
HPV23	T--C-G---G-GAGCA-C--G-G-.....-A--GA-ACCCA-A---	518
HPV38	T--C-----AC--G-----A--GACACC-G-----	341
HPV49	T--CA--AAG-C-G-CGTTC---T---G-T.....ATCCACTTCC---G---CCAG-GGG	527
HPV4	T--CCTGAA--CGAGGG-GTAC--C.....TAC-A-.....-C.....GA	353
HPV65	T--CCCGAA--CT-GGGGCTAC---TAC-A-.....-G-----C.....GA	437
HPV48	T---C---T-GGAG-GCCCTC--AGG-G--C-A.....-C-TCTC-G...A-AA-	167
HPV50	-G-CA-CAGGA--GAT-TG-A--C-.GT--A.....AAA.....CCCTAC-G.....GA	223
HPV60	-G-TCT-C---GT-GC-G--TGCT.....TTC-ATTA-----CC--A---A	420

## E4 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	TCCACCACCACCTCCACCTCCAAACCCC.....	447
HPV19	CGAT-A-...GAGGG-G-AG--GGGT-GGGCGC.....	452
HPV25	-----T----TG--A--TCC-AA-GGTCACAAC.....	477
HPV20	A--T-----T-----A--TC--AA.....	456
HPV21	-----T--T-----GG-CACGA.....	764
HPV14d	--AT--T...--A--T-----GGT.....	630
HPV5	-----T--T----TG-A---C--AA-GGTCACAGCGGGCAGGACCGAAAGTTCAACAACCAGAGGGGCC	516
HPV36	---T--T-----A-----A---CAAA-GGTCACGAGTGCGGGCCGAAACC.....ACAGGGTCCAGAGGGG	507
HPV47	--AC--T-----A-----A---GGTCACGGGAAGGAAACA.....CAAGGGGCA	687
HPV12	---A---GAAAACGG--AC---GGG.....	540
HPV8	--AC--T-----AA-----T-----GGTCACAAA.....	474
HPV24	GGAGA---C--AGAG.....GG-AA-GAGGAGTC.....T	453
HPV15	CGACGAT--CGAGAA-----TCT---.....	477
HPV17	---TA-T--CGAGA-T---A-G-T---.....	372
HPV37	---TA-T--CGAGA-----GTT---.....	408
HPV9	---T--T--G-AGA-T--A-T-CC---A.....	399
HPV22	CT-T---...GAGAAT--G-AG--T---.....	390
HPV23	---T---...GAGGAG---A--T---.....	543
HPV38	---T---...GAGGAT---AGTCT---.....	366
HPV49	---GGAG...GA--TGT-A-A-CCT--AGAG.....	555
HPV4	GAAGGA-...AA--AGGGC--GGGT-AGGAG.....	381
HPV65	CAA-GA-...AA--AGGGC--GGG--AGGAG.....	465
HPV48	---A--...--GAGT-GC--CCT--T.....	192
HPV50	CA-CGA-...C-AC-----G-C-T-AA.....	249
HPV60	A-G-G--...A-AAAG...AG--TAT.....	441
most-likely	.....CCG...GCAGGGGAAGGGGAGGGGCGAGTGGGGGAGACGAAGAAGACGATCCC.....	498
HPV19	..AGCAGG-GGG-GC-CA-C---TC---C-----A-----G-G-A-C--TCCAGAGA.....	511
HPV25	CGCGAT--AGGGCAG--A-C--CA-G-----C-C--CA--G-CG-G---C-----CA-AG.....	538
HPV20	.....GGTCGC-ACA-CTGC-----C-----CA--CA---GC-AGGGGAAGGCGATCATC	523
HPV21	..CGGC-ACGAG-AG--CC-TT-----A-----A--G-GA--C-GT...C---T.....	819
HPV14d	.....-AC...AAC--C-C-A---A-----C-----CA-GG-G---G--ATC.....	682
HPV5	GAGGGT-GA...-AG--TC-C-A---A---C-----G-GC-GC---GGAAGGTC.....ATC	580
HPV36	CGCGAGGG-GTA-AG--CC-----T--A--G-----C-G---C--G-----ATC.....	568
HPV47	GAGGGAGG-GGA-ACAA--G--A-C---A-----GAGCAGC---GAGAAGGAGAT...CATT	757
HPV12	.....GA-AAA-AG-AC-GG-A-A-A---G--A-----AG---C--GAC---AT.....	594
HPV8	GGGGAGGA-GGA-AC-----A---A-----A-----GGA-C--TC---T.....	534
HPV24	CAACCT--T...C-----A-----A-AA--TC-TCCTCCTCCTCC---.....	510
HPV15	.....---C-T-----A-A---A-AA--G-G-CC-C--C-A-G---AATCGA...AGTC	538
HPV17	.....-A...A-----A-----...G-CC-C--C---G---AGT.....C	424
HPV37	.....---A-----A-A--A-A---G-G-CCGAG-C-----AAT.....C	463
HPV9	.....---A---C-----A---AG---AA--G-G-CC-CG-CCA-G---AGT.....C	454
HPV22	.....-A...GC.....-A-AG---A---G-C-CCCTC-.....	426
HPV23	.....-C...GC.....-A-A---A---G-G-CCCTC-.....	579
HPV38	.....-A...C-----A-A---AG-A---AC--CA---GC-GG-GC-GG.....	417
HPV49	..ATT--AGCCC--A-A---CCC-CA-----A--A--G--G---TA--AGGTC.....	613
HPV4	..AAA--C...C-C-CAA---AA--A-A--AG-A--AA-AG--G--G--G.....	426
HPV65	..AGA--C...C--CAA---AA--A-A--AG-A--A-AG--G--G--G.....	510
HPV48	.....-GACATC-...-CTAC---A-C-AC-AC-AC-AGA--CG---GA-TCTGGAA.....	243
HPV50	.....-A...TAC-ACTTC-AC---AC-AC-A-AAA---AC-CC-T.....	290
HPV60	.....-T...C-----A-AGTC-CC-C--ACCAA-----C---G.....	477

## E4 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	..CCTCCCCCTCCCCCTCCCCCAAAC.....GGTCACGAGCGGAGT...CAGAGTCTG..	546
HPV19	GT-AC-AT--C--A--AA-A-----.....-----AGAC---...-G---T..	561
HPV25	ATTG--TGAA-----A--T---G-.....-A-----AGA-----G-----..	588
HPV20	AT--A--T--C--A--C--T-A-----.....-----G-----.....	573
HPV21	..-A--T--C--AG-C--T-----.....-----GAA-----.....	867
HPV14d	CT--A--T--C--A-----T-----.....-----CGA-----T..	732
HPV5	CT-----T-----G--A-----.....-----G-----G-----..	624
HPV36	CT-----A-----G--A-----.....-----A--A-C.....-C-----..	612
HPV47	CT-AA--T--C--TGA---T-----.....-AGTCA--CG-----C..	801
HPV12	..-A--A-----A--A-----.....-A--C--A-G---...-TAG--A..	642
HPV8	..-A--T--C--A--C--A-----.....-T--A--G-----T..	576
HPV24	..-A-----AGAA--AAAG--TC-----.....AACGGG--TGC--CA---CG-----..	558
HPV15	CCT--A-GA---GA---GATCCA.....A--GA--T-AC.....G--G---T..	585
HPV17	GCGG---T---GA---GATCG-.....-----T--CGA-CCAG--G---T..	477
HPV37	AAGG---T---A-GA---GGTCC-.....-----G--T-CA.....G--G---T..	510
HPV9	CCGT---GT---G---A-TCC-.....-----G--GT-CCGAG...G--G-A---..	504
HPV22	.....-AGG---G---AAGTCC-.....-A--C--TA-AC.....G-----..	468
HPV23	.....-G---AGATC-A.....-A--CA--T-AC.....	615
HPV38	..T-A--G--GAGA--AAGATCC-.....TC-----CT.....-T..	456
HPV49	AC--A-----A--T--A--AGT---GGGAAAGAAGCGCAGCC---A-G-G--...G---C---TT	680
HPV4	.....A-A-CGA-TT-----GA-----..	444
HPV65	.....A-A-CA--TT-----..	528
HPV48	..-A--GA-A--A-AC--AGA-G--GAGGA.....ACAAA-AGGAA-TT--G---C--C---..	300
HPV50	.....TA-AGA-A-AGAAAGTC-----AA--GA-TT--GAG...C--C---..	336
HPV60	.....TA--GA-GAAGT-GA-CG-----A-AGTGCC-T-----G-----..	516
most-likely	.CTACACGGCGTGGCGTCTCTCCTGACGAAGTGGGAACATCACTTCGATCAGTTAGTAGAAAACATACAGGAC	618
HPV19	..-GG-TC-A-----G-----C-----G---ACA-G-----G---G-A-----A	633
HPV25	.T--GG-TC-A-----G-----C-----G---ACA-----TC-G-----A	660
HPV20	.T--GG-AA-A---A-----TCT--C-----G--G--TACA-----TC-G-----A	645
HPV21	.T--GG-AA-----A-----C-----AG--T---A-----C--G-A-----T-	939
HPV14d	..-GG-A-----A-----AGT--C-----AG-----A-----TC--G-A-----A	804
HPV5	..-AG-TC-----GT-----GGG-----TC-----G-----	696
HPV36	.T--GGA-C-----G-----C-----AG-----T-----TC-----	684
HPV47	..-A-TAC-----G---AG--G-----AGCA-----G--GC-----T---G-	873
HPV12	.GC-GG-AA-----G-----GC-----G---T---A---T-----TC-----G-----	714
HPV8	..-GGTT-----G-----TCT-----G---G---A---T-----GC-----G-----	648
HPV24	.T--GGGACA---A-----GG--C-----G--AAG--AGA-----G---G-A---T---A	630
HPV15	..-C-----G---A---G---CA--C-----GC---G-----C--G-----T--G-	657
HPV17	..-G-CG--G-----TG-G---GC-----A---G-----G-----C--GGT--G-	549
HPV37	..-T-CA--G-----TG-G---C-----AG--G---A---G---G---G-C---GT---	582
HPV9	..-T-CA--GT-----G---T-----CG-G-----G--GC-GG---CAC--GA	576
HPV22	.T-GACG--G-----G-G-----G--A-----A--G---C-G---GT--G-	540
HPV23	.T---G--G-----TG-A--AGT-----G-G-----C-CAG--GT---A	687
HPV38	..-G--G--G---A-A-G-----GG--G-----G-----C--AG-GGT---A	528
HPV49	T--GG-G--GT---A---G---A-G-----T--AG-G-A-A-A-----G--CG---CTT---	753
HPV4	..-AC--T.....-----CA-----G-GCAG--A---CA---GAA---C--GG-CTGTCC-	504
HPV65	..-GC--T.....-----GG-----TCAG--A-A-A---GAA---C--GG-CTGTCC-	588
HPV48	..-AC--A.....-----TCG-----T--AG-TC-AC-A-GC--GCA---C--CGG-TACTC--	360
HPV50	..-GC--A.....-----A-----G-AG-TC--ACA---GCAGCGC-TGG-CTGTC-A	396
HPV60	..-CC--A.....-----G---A--G-----GCAG--A-A---TC--CC---GCGG--T-TC-A	576

## E4 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	GACTTGGAAAGATTACTGGAAGAAGCTCGCGATCCCCCAG.....TAA	660
HPV19	-----G---TT-----.....---	675
HPV25	-----T-----G---TT-----.....---	702
HPV20	-----T-----T-----.....-G-	687
HPV21	-----C-----T-----.....---	981
HPV14d	-----G-----C-----T-----.....---	846
HPV5	-----C-----.....---	738
HPV36	-----T-----.....-G-	726
HPV47	-----G---T---G-----A-G-C-----.....---	915
HPV12	-----G---T---T---C-----.....-G-	756
HPV8	-----C-----C-----AT---C-----.....---	690
HPV24	-----C---T---G---G---T-----.....---	672
HPV15	-----A-----G---A-G-C-----.....---	699
HPV17	-----AC-----T-----A-G-----.....---	591
HPV37	-----AA-----C-----A-G-----.....---	624
HPV9	-----C-C-----CT---G---AAA---C-----T.....---	618
HPV22	-----CGCA-----C-C---AAA---C-----.....---	582
HPV23	-----CGCA-C---T---T-C---AAA---C-----.....---	729
HPV38	-----ACGC-GC-----C---C---GCA---C-----.....---	570
HPV49	-----G-----G---G---A-----T-----.....---	795
HPV4	-----CTC---AA-C-----A-G---G---TA.....-G-	546
HPV65	-----CA-C---AA-CT-----A-G---A---CA.....-G-	630
HPV48	-----C-----A-----G---G---T.....-G	402
HPV50	-----A-C-----AA-G-----G---A---TC...C---	441
HPV60	-----C---C-T-AA-G-----G---T---ATCCTGC---	624



E4 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

SuperE.con	g?agt??acactagaag?a?gtcttatatgga?t??a??aacac?c????at????g??c????????c??	131
COPV	-CC---C-A-TACTAT-CCCACCAC-AGTGCCGC-GG	37
CRPV	-G---GG--TA----G-G-TT-A----G----C-CTG-AGG-A--TATGTGT--TATGT-GA-TTCTCAAC-GA	262
ROPV	-C-C-GTTG-TG-----GGG--G-AT--A-GGATAC-GA-GG-AA-AATAT--ATTAT-TGGACTTTGAGACT	82
GroupE1.con	?????C????C?????A????C????A????A????C????AC?CC?????A????G??G????????????	169
HPV1a	AGTGA-ACCG-CCAGCA-TCGA-GTCC-TCG-CTACA-CGA--T--CAGGAC-GGG-GA-ACCTCGCAGGTCCG	151
HPV63	TCCAC-CAAA-TGCCAG-AAAG-AGAG-CGA-GGGGT-GAG--A--ACCCGA-ATC-CC-G.....	243

---

Unclass.con	AAACCAGCAGCGACGACGAAGACGAGGGGAGAGGGGGGCACGAACCCCGTCCCCAGAGACGACTGCCAGAGGC	370
MnPV	-----	370

---

SuperC.con	.....cTg?CtCTtCtT??c??ggctcCcCCg??tgcggtCCC?TCAGAg	131
GroupC1.con	.....CTGTCTCTTCTTTGCTCGGCTCCCCCGCTGCG??CCCATCAGAG	151
BPV1	-----GT-----	159
BPV2	-----TA-----	156

GroupC2.con	.....?T?AC?CT?CT?CT?GA?????C?CC?TT??G?CCCGTCAGA?	97
EEPV	.....C-T-C-G--G--C--CAATC-C--A--TGTC-C-----A	171
DPV	.....T-C-A--C--C--G--GGCAA-A--G--CACG-T-----G	171

SuperD.con	CATGGGGCAAGTGCATTTTGAAGCAAAGTTCTTTCTCCCTCTGTTACCAGTTCGCTTCGTGTTGGGAGTACCG	99
BPV4	-----	99

SuperE.con	??????c????????????ctg??caca?tg????gg?gtacgga??cag?ag??cag?a??cccag?gt??	166
HPV41	C--TTACC-ACAG-TCCTC--CG--GGAG--A-CC--A-AG--AC	45
COPV	AACCTCCGACCGGAACTCC-C-GT---TCC-CCTC--G--C---TGC-T-TTCCC...TT-CC-----GAAAG	108
CRPV	CGCGGGA-GTTTTGCTGCTAA--GA--TA--ACGT--T--TTCA-AA--TGC-CCT-TCTT...-TTCT--CA	333
ROPV	GATGCTG-ACGCTTTTCAAG-AAAGG-G-G-ATGAA-TT--TAT-AAAGCC-AAAA-TTCTGTGTCTC-C-GT	156

GroupE1.con	????????????????CTGT?CGCA??GACGGC?TACGGACG??GAAG?TCCAGAAGTCCCAGAG?T?	213
HPV1a	ACAAAGACAGCAGAAAAACAC---A-----T-----GC---A-----G-G	222
HPV63	.....-T---AGC-----C-----AA---G-----A-A	297

---

Unclass.con	CTAAGAGACCGCGGAGAGCGTGCACCCGAAAGGAGGAGACCCCGAGTTCAGGAGGGGAGGAGACGTGGACGG	444
MnPV	-----	444

---

SuperC.con	C?gGC?????GGg??CGGg?Cg?Tc??CGCccGc??CCCTACa??t??CC?gca??C?CGgGG?G?tc?gT?	177
GroupC1.con	CAGGCCTCGGTTGGGTACGGGACGGTCTCTCG?CGCACCCCTAC?ATTTTCTGCAGGCTCGGGGGCTCT?TT	222
BPV1	-----T-----A-----A--	233
BPV2	-----C-----C-----C--	230

GroupC2.con	CT?GCGAAAACCGG?GTCGG?CC?TT?ACCGC?G?CTCCCTACAGC?CACCA??TCCCG?GGAGT??CGTG	157
EEPV	--G-----A----G--G--C-----A-G-----G-----TCA-----G-----TC----	245
DPV	--T-----G-----T--A--A-----C-A-----A---CAG-----A---GG----	245

SuperD.con	GAGGACAACGCGGGACCCAAACCGGGACCACGCCGAGGACGTAGCAGACCGTCCCCCGATCTTCCAGAGAC	173
BPV4	-----	173

SuperE.con	?acc??c??c??c?gcc????g??g??c?????gg??ac??????c????g?ac??g??c?????g??a	190
HPV41	T--GAC-G-AGGG-T-GAGAC-AC-CAGAAACGA--AA--GGGGGAGC-GGTC-CC-CA-CC-CTAAGC-AAG-	119
COPV	GG--GT-A-GG-G---TGGAC-GA-GT-GTCGCG-TTCC-CAGAAGGT-AGGA-G--GA-GAAGACTCG-ACG-	182
CRPV	CCAGCT-C-CC-A--GCTGGTCA-TG-CCCTGAA-AC--CG.....TCCCC-A-GAG-CC-CCGACA-TGC-	401
ROPV	T--AG-T-AA-CC--CTACG-CCCAT-GCTCTT--CA--ACCCCTGA-AACGCC--CGCGT-GCCCGCCCTG	230

GroupE1.con	?????????.....	213
HPV1a	GAG.....	225
HPV63	CCACCCTCA.....	306

---

Unclass.con	CGTAGGGGCCTTGCTGGACGACCTGAAGCTGTACCAAGAACCACCTGGAGACCCAGTGGAGGACTCGGACTCCC	518
MnPV	-----	518

## E4 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

SuperC.con	??CC?C??TtCCtCC?CCccGgtgc?GgGCccGGTACCG?tGgacttg?ca?ca?g?c?ggaAgaagaaG???a	235
GroupC1.con	CTCCGCTCT?CCTCCACCCCGGTGCAGGGC?CGGTACCGGTGGACTTGGCA?CAAGGCAGGAAGAAGA?G???A	289
BPV1	-----T-----A-----T-----G-.-.-	304
BPV2	-----G-----C-----C-----A-AAA-	304
GroupC2.con	GGCCCCGAT?CC?CCTCC??G????CG?GCC?GGTACCG?G?????C?????G?A?C??A?????G????	194
EEPV	-----T--C-----GA-AGCT--C--A-----T-GTTTGTG-TACCA-G-C-ATC-GATCCA-CGCC	319
DPV	-----A--A-----CC-CTGC--A--C-----A-AACCCG-GGTGC-T-T-TCT-CCCGAC-GTTT	319
SuperD.con	GCCCCGGGCCCGGCAGCAGAGGGCGCAGTCGTCTTCGCGATCGCGATCACGGTCACGATCACGATCGCCTACGAA	247
BPV4	-----	247
SuperE.con	??????c????g?a????gacc??g?cc?aaagcctcg?c?a?????????g????c?t?t?c????gag?	219
HPV41	CGAGGAG-TTAC-G-CGCA--T-CTCC--G--G---CAACGC-GGACCGCGGC-TCGC-TGT-T-TAGAG--A.	192
COPV	GGAGGAAGCGGA-A-TTACCC--CCAG--GC-GC--CT-GTCGTGGTCGCC-CCGT.....	240
CRPV	GTGCCCG-CGCTCA-AAGAA-A-AG-G--C--A--A--CGT-CACTGGGCAGACGAAGG-CAAGGTCACC--G	475
ROPV	CAGTATC-GCAG-CCCCGC-CA-CATC-GC--C--CG-T-A-GTCGTTATCG-GGCCGG-T-CTCGTTACG-A	304
GroupE1.con	.....GACGA?GAGAAGGAGAATC??C?????.....C?????C?????G????	235
HPV1a	.....-A-----AA-GCCCT.....-TAGGA-ACCCG-ATC	268
HPV63	.....-G-----GG-CAGAG.....-CTCTG-CGGTA-TGG	349
Unclass.con	CAGGCAGTCGTCTTACCCCCGCCCGCCAGACCTATCTCGGTACGACTCTACCCGTTACAGGTGGACGCGGAG	592
MnPV	-----	592
SuperC.con	?ca?tcgcc?GActc?acagA?ga?gaacC?gtgaATCAACACGACGTAA	278
GroupC1.con	?CA?TCGCCCGACTC?ACAGAGGA?GAACC?GTGA	319
BPV1	G--G-----C-----A-----A----	339
BPV2	T--A-----A-----G-----T----	339
GroupC2.con	?????????GGA?????????AC?????CGTCCGAGATCAACACGACGTAA	223
EEPV	GCCGTCGCC---CTCTACAG--GTAA	345
DPV	TGGACGAGG---GGAGGATA--CCGC-----	369
SuperD.con	GGGGCCGCACCTCCAGTGGACGAGACACGCGCTACCGAGTCCCGGAGACCCCGGGAGGAAGACGAAGGGGCA	321
BPV4	-----	321
SuperE.con	?g??c??	221
HPV41	.....	192
COPV	.....	240
CRPV	G-TG-AACGAAGGCCGGCAAAGCAACGAAACAGGCCGCCCGGACGAAGCGGATTCTGCTG.....	537
ROPV	C-GAGGAGATCCAGATCCCCAGGAGTTGGATTTCGACCCAGCAAGATCCAGAAGACAAGGAAAACATCCCACCGA	378
GroupE1.con	?G??C?????????????????.....	237
HPV1a	T-TC-CTT.....	276
HPV63	A-AA-GGGTGCATTTCATTT.....	369
Unclass.con	AGCAGCCCTCCTAG	606
MnPV	-----	606
SuperD.con	CCCCGAACGGGAACGATGCCCTGGAACACCGACTCCGCCAA.....	363
BPV4	-----	363
SuperE.con	??	221
HPV41	.....	192
COPV	.....	240
CRPV	.....CCGGGACATCAGACCGCCTGTCTCA	563
ROPV	CTTCAACGCCAACACCATCTCCGCCGACTCCACCGACTCCACCGACTTCTCGCCCGCCTTTAGACCACCTACTC	452
GroupE1.con	.....	237
HPV1a	.....	276
HPV63	.....	369
SuperD.con	.....	363
BPV4	.....	363

## E4 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

SuperE.con	????	221
HPV41		192
COPV		240
CRPV	GAGG	567
ROPV	CTTC	456
GroupE1.con		237
HPV1a		276
HPV63		369
SuperD.con		363
BPV4		363
SuperE.con		221
HPV41		192
COPV		240
CRPV		567
ROPV		456
GroupE1.con		237
HPV1a		276
HPV63		369
SuperD.con		363
BPV4		363
SuperE.con		221
HPV41		192
COPV		240
CRPV		567
ROPV		456
GroupE1.con		237
HPV1a		276
HPV63		369
SuperD.con		363
BPV4		363
SuperE.con		221
HPV41		192
COPV		240
CRPV		567
ROPV		456
GroupE1.con		237
HPV1a		276
HPV63		369
SuperD.con		363
BPV4		363
SuperE.con		221
HPV41		192
COPV		240
CRPV		567
ROPV		456

## E4 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

GroupE1.con	.....	237
HPV1a	.....	276
HPV63	.....	369
SuperD.con	.....	363
BPV4	.....	363
SuperE.con	.....	221
HPV41	.....	192
COPV	.....	240
CRPV	.....	567
ROPV	.....	456
GroupE1.con	.....	237
HPV1a	.....	276
HPV63	.....	369
SuperD.con	.....CTCCTGACCAAGTGGGAGGACGATCTTCAACGCCTAAGAGACAAGCTT...CGTCTAGAC	420
BPV4	.....	420
SuperE.con	.....?tgcgggagaagtgggaacaacacat?ga???cctcc?aagggac?t?????ag?aagac	268
HPV41	.....AC-GA---TCGTC--ACTTC--TTC-G--GAGT--GACG-A----A-C...G--TC----	249
COPV	.....C-C-ACA-C---G---T---A---CA-CTA-GAA-C-CCA-CAGCGCCGG--G-C---	300
CRPV	.....AC-TT---CG-AGAACT--G--GGT-G--AGAA-A--TCCC--G-GGAATA...G-C-G-	624
ROPV	.....AGAG-TTG----AA-A--T-CG--GCTCCAAGAGAGTCT-CA-GAGGACTTG-AGGA-G	516
GroupE1.con	.....CT?CG?GAGACGTGGAA????A??A??CGCCTC?AAAGGGA??T?...??TCAAGAC	276
HPV1a	.....--G--C-----GTAT-CAC-CAA-----A-----CA-T...CT-----	333
HPV63	.....--C--G-----CATC-ACT-GGT-----C-----GG-C...AA-----	426
SuperD.con	TTGCTCAGCTTATGA	435
BPV4	-----	435
SuperE.con	tt?gaggacttctacAggaagct??gGatcc?ccc?t??tag?tgtA?ACTATCTAG	316
HPV41	A-A---C-----G-A--A--A--GC--G-GTTG-TCCAGC--AA-G-C-----	306
COPV	--GG--A-----G--A-----TAC-----C--AG-TC-T-T-T--G	348
CRPV	--C-C-AG---A--A	639
ROPV	AGTTC--CAACT--T-TCTGAGGCTC-GGATC-G-CAGTG-	557
GroupE1.con	TT?GA?GACTT?T?CAGGA?GCT?GGGATCCACCC?T??TCTGTGTAA	315
HPV1a	--A-C-----C-G-----A--T-----G-GG-----	381
HPV63	--C--A-----A-A-----G---C-----A-AA	465