

L1 SuperGroup A Markov Protein Alignment

The prototypical HPV18 L1 sequence has been called into question by Hofmann et al., *J. Gen. Virol.* 77:465–468, 1996, however the authors of the latter paper have not made their 18L1 sequences available to the gene libraries or to this database.

L2 end for HPV34 <-

<- L2 end for most Supergroup A HPVs

most-likely	MALWRPSDNKVVYLPPP.PVSKVSTDEYVTRTNIYYHAGSSRLLTVGHYPYFSIKKS...NK..KTDPVKVSGY	67
MM7	0
HPV54	-. E T S S A KVQ-T N QSI	65
CP8061	0
CgPV1#	4
HPV32	-SV Q YF S A YT TP R SI L	67
HPV42	-SV Q YF S V Y T RP SI L	67
HPV3	----S---L-----T-----L---D-----Y-----A---P---S---S---M---I-----AF	68
HPV28	----S---L-----T-----L---D-----Y---T-----P---P---S---T---A-----AF	68
HPV10	----S---L-----T-----L---D-----Y---T-----P---P---S---N---V-----AF	68
HPV29	----S---L-----T-----I---D-----Y-----HY---P---S---G---V-----AF	68
HPV77	0
HPV61	----G---G-----T-----I---R---Q---LF---YG-----C---LQLDGLQG---NTI-----	70
HPV72LVX100	0
HPV62	0
CP8304	0
CP6108	0
MM8	0
X06	----G---G-----T-----L---R---Q---L---YG---I-----YTQVNG.A---ANI-----	69
HPV2a	----NES-----T-----I---V-----V---G-----Y-----N---VA-----	67
HPV27	----NES-----T-----I---V-----V---G-----Y---GS---N---RLA-----	68
HPV57	--M---NES-----T-----L---V-----V---G-----Y-----G---N---VS-----	68
HPV26	----T---S-----T---R---N-----G---Y-----L-----P---T---GQ---AEI---A-	67
HPV69	0
HPV51	----TN-S-----A---RI-N-E---I---G---Y-----I---L-----P---P---T---ST---RAAI---AF	67
IS039	0
MM4	0
HPV30	--V---ET-----T-----P---A---K---F-----A---Y---S---AG---S---AF	68
HPV53	--V---S-----T-----IT---A---K---T---F-----Y---P---S---G---A---I---AF	66
HPV56	--T---E-----T-----A---S---K---S---F-----A---Y---VT---D---T---NI---A-	67
HPV66	--M-----T-----T-----A---T---K---S---F-----A---Y---VS---GT---NI---A-	67
HPV18	-----T-----S-AR---N---D---P---S---F-----N---RVPAGG.G---Q---I---A-	68
HPV45	-----ST-----S-AR---D---S---S---F-----N---RVVPGAG---QA---A-	69
HPV39	--M---S---SM-----S-A---N---D---G---Y-----KVGMMG.GR---Q---I---A-	68
HPV68ME180	----S---M-----S-A---N---D---G---Y---T-----KVPM-G.GR---Q---I---A-	68
HPV70	----S---T-----S-A---N---D---G---Y-----KVPVNG.GR---QEI---A-	68
HPV59	----S-----S-A-----S-F-----KVP-GG---G---RQ-----A-	68
HPV7	-. QLNE-Q T ATI Q SL T I EL P G DVS H	66
HPV40	-. QLNE-Q T ATI Q SL A I EL P G DIS H	66
HPV43	0
HPV16	-S---L---EAT---V-----A-----T---A-----P---PN---N---IL---L	68
HPV35h	-S---SNEAT---V.S-----A---YA---QD.S---IA---L	68
HPV31	-S---EAT---V.D---P.K-IV---L	69
HPV52	-SV---EAT---V-----S---S---Y-----NTSSG-G.K-VL---L	71
HPV33	-SV---EAT---V-----S---S---Y-----A-----NPT---A.K-LL---L	69
HPV58	-SV---EAT---V-----S---S---Y-----A---N-----SPN.N---VL---L	69
HPV67	0
RhPV1	-SM-----S-----#-----S---S-----A---YAV---G---N---VS---L	66
HPV6b	-. ST---V---N---A---A---F---S---A---RA---V-----	65
HPV11	-. ST---V---N---A---A---K---F---S---A---Y---V---V-----	65
HPV44	-. E-Q---V---A---IP---A---K---S---A---N---A-RPA---L---F	65
HPV55	-. E-Q---V---A---IT---A---K---V---S---A---N---A-RPA---L---F	65
HPV13	-. L-V---A---IT---A---F---S---A---N---P---Q---V-----	65
PCPV1	-. L-V---A---IT---A---K---F---S---A---N---P---R---G---I-----F	65
HPV34	-. TEA-----V.S-----E-----Y---T---A---YP---DT---GKR-IA---L	67
HPV64	0
HPV73MM9	0

L1 SuperGroup A Markov Protein Alignment

most-likely	QYRVFRVRLPDPNKFGLPDTSLYNPDTQRLVWACVGVGVGRGQPLGVGLSGHPLLKLDDETTENSNIYAGNPGQ	140
MM7	0
HPV54	-----Q-----P-----E-----T-----L-----APK-V- A-A	137
CP8061	0
CgPV1	-----EG-----E-----R-----T-----F-R-----X.....	68
HPV32	-----T-E-N---E---M-----L-----R-----GPR--AG--T	140
HPV42	-----T-E-N---E---M-----L-----I-----R-----APT-G-G--T	140
HPV3	-----ARI---AE-----T-----L-----Y-----AH-DI-K	141
HPV28	-----ARI---AE-----T-----Y-----AH-DI--	141
HPV10	-----ARI---AE-----T-----Y---E-----AH-PI--	141
HPV29	-----ARI---EAE-----T-----Y---N-----AHAEN--	141
HPV77Y---N-----AHADNSP	34
HPV61	-----Q-----A---GT-----E-M---R-I-----T---Y-R-----TT.LLVAESS	142
HPV72LVX100	0
HPV62	0
CP8304	0
CP6108	0
MM8	0
X06	69
HPV2a	----H-K-----AD--D-----L-----V---YY-R-----AH.TPD.TAD	138
HPV27	----H-K-----AD--D-----L-----V---YY-RQ-----AH.TLD.SAE	139
HPV57	----H-K-----AN--D-----L-----I---YY-Q-----H.NPD.AAD	139
HPV26	----H-----PQ-----E-----I-----F-----HLATV-ADT	140
HPV69	0
HPV51	----Q-----PN-----D---G-----L-----F---Y-----R-AN--AQ-	140
IS039	0
MM4	0
HPV30	-----NVF--EQE-----L-I-----V--N--F-----S-T-ANQDTAE	141
HPV53	-----NIF--QE-----L-I-----V--F-R-----S-S-AIQDTAP	139
HPV56	-----NI---QE-----L-----A-----F-R-----S--LANN-VIE	140
HPV66	-----P-F--QE-----L-----A-----F-R-----V--LAGN-VIE	140
HPV18	----Q-----I---E-----A---I-----FY-----S-HAATS-VSE	141
HPV45	----A-----STI---E-----M-I-----I-----FY-----SAHAATAVIT-	142
HPV39	----T-----SI--A---E-----I-----I---Y-RQ-----P.FSSTTNK	140
HPV68ME180	----IS-----S--EST-----I-----Y-R-----PFSSNKPNK	141
HPV70	----S-----P-----I---I-----V---Y-R-----HFSSAVST-	141
HPV59	----K-----NTV-D-NS-----I-----Y-----HVASAVDTK	141
HPV7	-----S---F-SE-----I---YF--DE-V---SV-GTV---	139
HPV40	-----S---F-SE-----V---YF--DE-V---SA-GTG---	139
HPV43	0
HPV16	----IH-----F---F-----I-----ASA--A-A-V	141
HPV35h	----K-----F---F-D-AS-----T-----I-----K-V--S-T	141
HPV31	-----F---F--E-----L-----I-----F-----R--G--T	142
HPV52	----IK-----F---F--E-----T-L-I-----I-----F---T--K--K--I	144
HPV33	-----F---F-----L-I-----I-----F---TG-K-P-Q--A	142
HPV58	-----F---F-----L-I-----V---Y--F---T--R-PAQ--S	142
HPV67	0
RhPV1	-----ANF-D-N-----L-----T-----GPKV--GQ-A	139
HPV6b	----K-V-----A--S--FD-T-----T-L-----V---F--Y--V---G.SG----	137
HPV11	----K-V-----A--S--FD-T-----T-L-----V-----Y--V---GG-G----	138
HPV44	----KMV-----A----I-D-T-----I-L-----I-----V--AS--AG---	138
HPV55	----K-V-----A----I-D-T-----I-L-----I-----V--AS--AS---	138
HPV13	-F---K-V-----A-----IFDSTS-----T-L-----I-----Y--V---AS--A---	138
PCPV1	-F---KIV-----A-----IFDSTS-----I-L-----I-----F--V---AS--V---	138
HPV34	----I-----F--A-F---KE-----A-----I-T--N-FM--E---AAK-I-GNIA	140
HPV64	0
HPV73MM9	0

L1 SuperGroup A Markov Protein Alignment

most-likely	DNRDNVSM DYKQTQLCIVGCKPPIGEHWGKGT PCKNTSVAAGDCPPLELINSVIQDGMVDTGFGAMDFAALQ	213
MM7	0
HPV54	--E-----L--T-----A--NL--TPNTL-----V--Y-----I-----KT--	210
CP8061	0
CgPV1	68
HPV32	--E-----C-----L-----A-----AA-SAQ-. .N-----Q-----A-V-----S---	211
HPV42	--E-----L-----A-----A-TPQ-. .N-----K--F-----V---L--G---	211
HPV3	-S---I-V-N-----T--M-----QNA.SP-----TAP-----Y---GN--	213
HPV28	-S---I-L-N-----T--M-----RQNT.QQ-----TAP-----V--	213
HPV10	-S---I-V-N-----I--T--M-----R-PP.-Q-----T-P-----Y---T---	213
HPV29	-S---IAV-----L--T--M-----V-AR--S-----MTTH-E-----Y---	214
HPV77	-S---I-V-C-----L--T--M--Y-----AR-NTTP-----MT-Y-----Y---T---	107
HPV61	-S---V-----L-----T---A-A-PAPRPT-----FT-TT-----E--Y--I-----	215
HPV72LVX100	0
HPV62	0
CP8304	0
CP6108	0
MM8	0
X06	69
HPV2a	-G-E-I-----F-L-----S---T-NGS-.-----QFT-TT-E---E---L---T--	210
HPV27	-G-E-I-----F-L---S-----S---T-NGS-.-----QFT--T-E---E---L---T--	211
HPV57	-G-EYI-----F-L-----S---T-SGS-. -V-----QFT-TT-E---E---L---T--	211
HPV26	-----V-N-----I--T--L-----I--I---QTQR-----S-I-E---I-----T---	213
HPV69	0
HPV51	-V---T-V-N-----I--A-----I--T---P-PP-----VS-----I-----	213
IS039	0
MM4	0
HPV30	-S---I-V-P-----I--T-A---A---A-RSAPP-Q-----V--P-----I-----KT--	214
HPV53	-S---V-P-----I--A-A---T---A-RS-PPT-----P-E-----LN-K---	212
HPV56	-S---I-V-G-----T-AM---T--AV--S-Q-TT-----A--TP-E---I-----KV--	213
HPV66	-S---I-V-C-----A-AL---T--AV--S-PGNT-----A-V-TP-E-----KL--	213
HPV18	-V---V-----L--A-A---A---A--SRPLSQ-----K-T-LE-----Y---ST--	214
HPV45	-V---V-----L--V-A---A---L--PAQLQP-----K-TI-E---Y---ST--	215
HPV39	-S---V-----I--V-A---A---KA--PNN-ST-----V-TP-E---I---Y---G---	213
HPV68ME180	-S---V-----I--V-A---A--KS--PSN-QP-----V-TP-----I---Y---ST--	214
HPV70	-S---V-----I--V-AM---A--KA--S-Q..Q-----V-TA-E---I---Y---RT--	212
HPV59	-T---V-----I--V-A---T--A--P-T-VQ-----TP-E-----Y---KL--	214
HPV7	-S-E--A-----T---Y--M---NASK-SP---V--KSE--E---A-----S--	212
HPV40	-S-E--A-----ML--T---Y-----NASR-TL---V--KTE-----S--	212
HPV43	0
HPV16	--ECI-----LI-----S--T-VA-NP-----T-----TT--	214
HPV35h	--ECI-----LI--R-----NANQ-K--E---L-T-L-----TT--	214
HPV31	--ECI-----LL--R-----S--S-NAITP-----K-----T--	215
HPV52	--ECL-----L-----N-N-GNP-----Q-----C--NT--	217
HPV33	--ECL-----LL---T-----VA-T-AA.P-N-----TI-E-----C--KT--	214
HPV58	--ECL-----LI---T-----VA-N-NA.--T-----F--I-E-----C--GT--	214
HPV67	0
RhPV1	--EC-----ML---V-----N--TTGA..---A--V-----Y---N--	210
HPV6b	--V--G-----M--A--L-----KQ-T--P-Q-----T-----N--D--	210
HPV11	--V--G-----M--A--L-----Q-S---QN-----T-----N--D--	211
HPV44	--V--A-----L--A--L-----KQ-N-V--KD-----T--E-----N--E--	211
HPV55	--V--A-----L--A--L-----K--N-G--NS-----T--E-----N--E--	211
HPV13	--V--A-----L--A--L-----Q-KQ-TGVN-QP-----S-----N--E--	211
PCPV1	--V--A-----L--A--L-----Q-SGV--QD-----VT-----Q--	211
HPV34	-S-ECM-V-----L-----T---GTQN..--E---K-TT-----I-V-----K--	211
HPV64	0
HPV73MM9	0

L1 SuperGroup A Markov Protein Alignment

most-likely	ANKSDVPLDICQSTCKYPDYLKMAADPYGDSMFFYLRRREQMFARHFFNRAGTVGETVPPDDLYIKGSGGR...A	283
MM7	0
HPV54	TS--E---VAT-I-----EA---L-----V--ML---M--P--N---K-S-....	278
CP8061	0
CgPV1	68
HPV32	TS-AE----MN-IS-----S-EA---N--F-----V--L-----L--P--E-M--A-N-ASGRN	284
HPV42	SS-AE----VN-IT-----S-EA-----F-----V--L-----AI--P--E--T-AANNASGRH	284
HPV3	S-----T-----G--E-----K--L-----L---MA-D---A-----DSQSGGRD	286
HPV28	-----G--E-----K--L-----VA-D-I-ET---Q-NGR...D	284
HPV10	L-----I-----G--E-----L-----SA--DAI--TFIL-SN--G...R	283
HPV29	V-----G-----F-----L-----V--DKI--S--L--NN---...E	284
HPV77	F-----I-----G-----F-----L-----D--DKI-ES--L--S---...E	177
HPV61	E--E---TTI---Q--E---C--C-----Q-VM--AL--SY-L--ANDK...-	285
HPV72LVX100	0
HPV62	0
CP8304	0
CP6108	0
MM8	0
X06	69
HPV2a	S-----TN-----E-----S-----T---LG-KM-D-I--E---STSVP... .	279
HPV27	S-R-----TNV-----E-----S-----T-----KM-D-I--E---STTIS... .	280
HPV57	S-----TNI-----S-----T-----G-SM-DAL--E--V-S-TVQ... .	280
HPV26	-T----I--S-----S--T--N---F-----L-----Y-K--A--DAI-TT-----AESGR...E	284
HPV69	0
HPV51	-T-----S--V-----S--T--N---H---I---YY-KLVG---DI-N-Y-----NGR...D	284
IS039	0
MM4	0
HPV30	ES-----S-----S--A---W-----L---Y---AI--QL-ST-----TNN...D	284
HPV53	ES-----V-----S--A---W-----L-T-----VI--EI-N-----N...D	282
HPV56	ES-AE----V-----S--A---W-----L---Y---K---I-AE-L--N---...E	283
HPV66	ES-AE----V-----S--A---W-----L---Y---N--AI-T--W--GN---...D	283
HPV18	DT-CE-----I-----Q-S-----C-----L---W---M-D---QS-----T-MP...-	284
HPV45	DT-CE-----I-----Q-S-----C-----L---W---VM-D---T-----TSANM.RE	287
HPV39	ET--E-----I-----Q-S--V-----C-----L---W--G-M--DAI-AQ-----TDI...-	283
HPV68ME180	ET--E-----V-----Q-S--V-----C-----L---W--G-M--D-I-TE-----TDI...D	284
HPV70	ET--E-----V-----Q-S--V-----C--K--L---W--G-M--D-I-SE-----TDI...E	282
HPV59	D--E-----I-----Q-S--A-----C---V---W--S--M-DQL-ES-----TDI...-	284
HPV7	-----L-T-IS-----G--E--N-L-F-----V-----T-DS--N---T--SN...-	282
HPV40	-----L-T-IS-----G--E--N-L-F-----V-----T-DS--T---T-TS...T	282
HPV43	0
HPV16	---E---T-I-----I--VSE---L-----V--L-----N-----ST...-	284
HPV35h	-----S-I-----VSE---ML-----V--L-----A-----TT...-	282
HPV31	DT--N-----N-I-----V-E---TL-----V-----S---S--T-----ST...-	285
HPV52	-S---I---S-V-----Q--SE---L-F-----V-----L-DP--G---Q--NSGN.T-	289
HPV33	-----I--G-----TSE---L-F-----V-----L--A-----TT...-	284
HPV58	-----I--N-----SE---L-F-----V-----KL--A-----NT...-	284
HPV67	0
RhPV1	-----I--T-V-----S-----L-----V--L-----M-DS-----SN...V	280
HPV6b	T-----I--GT-----Q-----RL--F--K-----E--P--T-I---N...T	280
HPV11	T-----GTV-----Q-----RL---K-----P-----LV--GNN...S	281
HPV44	P-----TA-----Q-----RL---K-----D-SQ--V--SASKN... .	280
HPV55	P-----TA-----Q-----RL---K-----DI-Q--VF--ATKS... .	280
HPV13	S-----T-----Q-----RL---K-----S---QI-AE--V---NT... .	279
PCPV1	S-----TA-----Q-----RL--S--K-----QI-E--LV--TTS...-	281
HPV34	-----I--SNTI-----G-----W--I-----V--L-----DAI---M---T-NT...-	281
HPV64	0
HPV73MM9	0

L1 SuperGroup A Markov Protein Alignment

most-likely	TPGSSVYSPTPSGSMVTSEAQLFNKPYWLQRAQGHNNGICWGNQLFVTVVDTTRSTNMTLCA.ATTSS..ST.	352
MM7-F-E-----I-IS-.A-QA..NE.	38
HPV54	NLD--I-AA-----Y-I-----Q-----V-L-----L-----TASTQ..DS.	347
CP8061S-----SI--.TK-VE...-	38
CgPV1	68
HPV32	NLA--I-Y-----D-I-----Q-----V-L-----V---TV-TE..D-	353
HPV42	NL--I-Y-----D-I-----Q-----L-----TA-G..D-	353
HPV3	KI--A--C-----T-----R-----A-----V.S-ET..A-	355
HPV28	VI--A-----IS-----R-----A-----V.S-D...A-	353
HPV10	DV--A-----R-----A-----C--VPSEA-PA.T-	354
HPV29	---AI-----I-----Q-----A-V-L-----S---.T-E-QPLT-	355
HPV77	---AI-----I--S---Q--Q--X.....	216
HPV61	A--YI-----S-DS-----F-E-----L-I-T.--SPPV..E.	355
HPV72LVX100-F-E-----V-I-T.--A-V..E.	39
HPV62-F-E-----F-I-T.-S-AA..AE.	38
CP8304-F-EM-----F-I-T.--SAA..AE.	38
CP6108-F-E-----L-I--.SQ-A..TE.	38
MM8R-----F-IS--.NTE..E.	38
X06	69
HPV2a	---H--TS-----S--Q-----R-----M---RV-L-----VS---.TEA-D..TN.	348
HPV27	D---H--TS-----S--Q-----R-----M---RI-L-----VS---.EV-DN.TN.	350
HPV57	---Y--TS-----S--Q-----R-----M---RI-L-----VS---.TV-TE..TN.	349
HPV26	P-T--I--A-----D-----C-----L-ISTLSAA-A..-P	355
HPV69C-----L-ISTVSAQ-AS..A-	40
HPV51	PIE-YI--A-----I--DS-I-----H-----N---I-C-----L-IST..AAVS.P-	354
IS039N---I-C-----L-IST..A-P-VAQ-	40
MM4N---I-C-----L-IST..V-Q-VAQ-	40
HPV30	P-P---VA-----V-----N---IS-.T-QTL...-	353
HPV53	P-P---VA-----I-----N-----N---S-.T-Q-M...-	351
HPV56	P-P---VA-----I-----IST..EQL..-K.	352
HPV66	P-P---VA-----I-----V-----IN-.KSTL..TK.	352
HPV18	S---C---S---I---DS-----HK-----V--H-----P---L-I---.S-Q-PV.PGQ	355
HPV45	---C---S---II---DS-----HK-----H-----L---.S-QNPVP...-	358
HPV39	N---C-S-----DS-----HK-----H---L-----F--ST.SIE--IP..-	354
HPV68ME180	S-S-Y--A-S-----S-DS-----HK-----H---L-----F--ST.T-E-AV.PNI	355
HPV70	R--TH--S-----S-DS-----HK-----H---I-----F--S-.C-ETAIPAV.	353
HPV59	N--YL--S---V---DS-----HK---L---H---L-----LSV--.S---I.PNV	355
HPV7	SIAG-I-YS-----L--DS-I---L-I-K-----F-----L-----Q-PT.P-P	353
HPV40	PIAG-I-YS-----L--DS-I---L-I-K-----F-----L-----Q-PT.P-P	353
HPV43F-----L---.S-DPTVP--.	40
HPV16	NLA--N-F-----D-I-----S---.IST-E.T-	354
HPV35h	-LP-TS-F-----D-I-----S-----SV-S..VS--D...-	352
HPV31	-LAN-T-F-----D-I-----M-----SV--.IAN-D.T-	355
HPV52	-VQ--AFF-----S-----EVKKE...-	358
HPV33	SIQ--AFF-----S-----V-----T.QV--D...-	353
HPV58	VIQ--AFF-----I---S-----T.EV-KE..G-	353
HPV67I-----YS.EGK-E..A-	38
RhPV1	KLA-H-FY-----D-----K-----V-L-----S-A-TV.T-P	351
HPV6b	SV---I-VN---L-S-----K-----SV-T...-	349
HPV11	SVA--I-VH---L-S-----K-----H-----SVSK...A-	350
HPV44	-VPNAI-FN---L-S--T-----F--K-----I---.Q-PP--.	351
HPV55	-VPNAI-FN---L-S--T-----F-----I---.Q-PST..-	351
HPV13	.LSN-I-YN---L-S-----K-----H-----V---LSD..-	349
PCPV1	-VS-TI-FN---L-S-----HK-----T-----V--.S---PSA..-	352
HPV34	S-S-C-FY-----S-D-I-----K--Q-----H---L-----FSV-V.G-Q-TS.T-A	352
HPV64H---L---Y-----FSV-V.G-Q-TS.TNP	40
HPV73MM9H---L-----FSV-V.G-QA-SST-T	41

L1 SuperGroup A Markov Protein Alignment

most-likely	.YKASNFKEYLRHVVEYDLQFIFQLCKITLTAEVMAIHTMNPITILEDWNFGLTPPPSASLEDTYRFVQSQAI	424
MM7	.-T-----T-----V-L-----H--P-I---L-S--EHL-DE---VL---T--D---YL--R--	110
HPV54	.FNN-D-R--I-----T-----D-----G-----I---ATS-----	419
CP8061	.---S-M---G--F-----V-N---I---L-R-DA-L-----WFL---T---G---L-----	110
CgPV1	68
HPV32	.-ST-----A---I-----SV---S-----D--D---V-VA---GT---S-----	425
HPV42	.-T-A-----A---V-----V---S--N--N---E--V-VA---GT---S--Y---E--	425
HPV3	.-D-TK-----G-----V---P-I---L---S-L-----L---T-----LT-S--	427
HPV28	.-D--K-----G-----V---PDI---L---NSL-----L---T-----IS-S--	425
HPV10	.-D-TK-----G-----V---PDI---L---SSL-----L---T-----LS-S--	426
HPV29	.-D-TKI-----G-----V---P-I---L---SAL-----L---T-----T-S--	427
HPV77	216
HPV61	.---TS-R---T--F-----H--P-I---L-N--KAL-D---VV---T-----L--R--	427
HPV72LVX100	.-T---R---T--F-----H--P-I---L-N--KAL-D---VV---T--D---L--R--	111
HPV62	.-T-T--R-F---T--F-----Q--P-I---L-N--KDL-D---VL---T--DE--HYFE-R--	110
CP8304	.---F---T---Q--P-I---L-N--KAL-D---VL---T--D---L--R--	110
CP6108	.-SSTR-----T-----H--P-I-S-L-D--D-L-DE---VI---T--D---LT-R--	110
MM8	.-PT-----VR--P---S-L---DSL-DE---VV---T--D---YL--R--	110
X06	69
HPV2a	.---T-----M-----P-I---N-D-QL---VP-----Q---YL-----	420
HPV27	.---T-----M-----P-I---N-D-QL---VP-----Q---YL-----	422
HPV57	.---Y---M-----P-I---N-DARL---VP-----Q---YL-----	421
HPV26	.F-P-DY-QFI--G--E-----TD-----L--AS-----L--T---A---IKNS-T	427
HPV69	.F-P-DY-QFI--G--E-----TD-----SA--N-----L--T---A---IKNS-T	112
HPV51	.FTP---Q-I--G--E-----T---L--D---Q---L-----A---RNA-T	426
IS039	.FTPT---Q-I--G--E-----T---L--DS---Q---L-----A---KNA-T	112
MM4	.FTPA---Q-I--G--E-----T-I--L--DS---Q---L-----A---KNA-T	112
HPV30	.-NS-QI-Q-V---E--V---S-S--T---L---S-L--G--I--S--AAT---K--Y-K-L--	425
HPV53	.-NSKQI-Q-V--A---E--V---S-S--L---S-L--I--S--VAT---K--Y-K-A--	423
HPV56	.-D-RKINQ-----E--V---S-----L-N--ANL---I--S--VAT---K--Y-R-T--	424
HPV66	.-D-REINQ-----E--V---S-----L-N--N-L-D--I--S--VAT---K--YIK-T--	424
HPV18	.-D-TK--Q-S-----T---D--S--S--SS-----VP--TT--V-----V--	427
HPV45	.-DPTK--Q-S-----T---S--S--SS--N---VP--TT--V-----V-V	430
HPV39	.-DP-K---T-----TV---TD--S-----SS--DN---AVA-----V---YL--A--	426
HPV68ME180	.-DPNK---I-----T---STD--S-----A--D---VA-----V---YL--A--	427
HPV70	.-SPTK---T-----T---D-----A--DN--I-V-----V---YL--A--	425
HPV59	.-TPTS---A---F-----T---S--N--T---DN---V---T---V-----A-V	427
HPV7	.-DN-K-----G--F-----V--N---T---A-DSSL-D---KIG--A--T-----LTNK--	425
HPV40	.-NN-----G--F-----V--N---T---A--D--L-----KIA--A-----LTNK--	425
HPV43	.-DNAK-----I--NP--T---D--L-----VS--A-----LSNK--	112
HPV16	.-NT-----G-----D--T--S--S-----Q---GGT-----T---	426
HPV35h	.-ND-----G-----D--T--S--S-----GT-----Y-T--V	424
HPV31	.F-S-----G--F-----S-DI-T--S--A-----T--G-----T---	427
HPV52	.-NE-----G--F-----D--T--K-DA-----Q-----T-T--	430
HPV33	.-NE---I-----V---V-----T--A--D---Q-----Q-----T---	425
HPV58	.-ND---V-----V-----I-T---DSN---Q-----Q-----T---	425
HPV67	.-NE-----S--N--Q-----D---Q-----GN-Q-----T---	110
RhPV1	.-NNES-----F-----V--NT---S-DAS-----Q---G--Q-----T-A--	423
HPV6b	.-TN-DY---M-----S--S-----SV-----S--NGT-----Y-----	421
HPV11	.-TN-DY---M---F-----S--S-----SV-----S--NGT-----Y-----	422
HPV44	.-TSEQY-Q-M---F---M---S-----L---AG--Q---S--NGT---K--Y-----	423
HPV55	.-NSTEY-Q-M---F---M---S-----L---G--Q---S--NGT---K--Y-----	423
HPV13	.---TEY-Q-M---F-----T-K-----S-----S--NGT-----Y-----	421
PCPV1	.-T--EY-Q-M---F-----S-K-----V--E---S--NGT-----Y-----	424
HPV34	P-AN-----A-----V-----N--TD--T--S--SSS---Q-----GT--E--Y-T---	425
HPV64	P-ANT-----A-----E-V-----TD--T--S--SSS---Q-----GT--E--Y-T---	113
HPV73MM9	.-AN-----A--F---VL---S--T--T--S--S---E-----GT--E--Y-T-H--	113

L1 SuperGroup A Markov Protein Alignment

Start of bipartite NLS region for HPV16 ->

most-likely	TCQKD.APPKEKEDPYAKLKFWEVDLKEKFSADLDQFPLGRKFLQAGVRA...RPTVSV.RKRPASSSSSSSS	492
MM7	----GPSA-AP-K---DG-V-----D-L-T---Y---X.....	151
HPV54	A--NN--A-----S-FN--T----R-S-----L--...--RLRP.V--A-P---KGT	488
CP8061	---NSP--A--K---D-T-----R--LE-----X.....	151
CgPV1	68
HPV32	R--AK.VTAP--K--FSDYS---N-S---S-----L--...--KLTA.V--T---QK--	493
HPV42	R--AK.VTTP--K---SDFW---N-S---T-----L--...--KL--.G--K--TAK-V-	493
HPV3	-----T--Q-----N--D---DR--L--S-----M-L--GT...--SSI--...--S-TTT-RTA	495
HPV28	-----S-TT-----N-----DR--L--S-----M-L--G...--SS---...--TTRG--	493
HPV10	-----T--T--Q-----N--D---DR--L--S-----L--S...--SA---...--T-ATG-T	494
HPV29	-----LA-T--Q-----N--D---DR--TL--S-----I-A-R...--SV-PS...--RTTTTAPT	495
HPV77	216
HPV61	----GA-A-PP--R---S--T--RD--T-----P.....S--S--A-P--TPT-	494
HPV72LVX100	---A--T-PP-----N-S--T---D---T---Y---X.....	151
HPV62	---RG.L-TRP-V---QMT--T---D-L-T-----X.....	150
CP8304	---GA-A-AP-----DMS--T---D-L-T---Y---X.....	151
CP6108	---GT-A-EP-K---D--S--D---RL-T-----X.....	151
MM8	---GA-AA-P-----GMS--D---D---T---Y---X.....	151
X06	69
HPV2a	---P.T---TPT---S-T--D---S-S--M-----R-AM...--A-V-GTTPP	485
HPV27	---P.T---TPT---NMT--D---R-S--M-----R-TT...--T-	480
HPV57	---P.T---TPT---TMT--D---S-S--M-----R-AT...--A-ATAAPT	486
HPV26	---RN...--VP---FQ-F--D-----I-----M---IQR...--KLG...T---L--T--T	494
HPV69	---R...--AQP---FS---D-----I---Y---X.....	152
HPV51	S---.T-QA-P--L--Y--D---R--L---A-----V--QR...K-RPG..L-----A----	493
IS039	S--R..S--QA-Q--L--Y--T---R--L---S-X.....	152
MM4	S-H--.S--QA-Q--L--Y--N---R--L---F-X.....	152
HPV30	---Q--A---L--Y--D-N-QDS-----M-L---T...K-STTT.K--S-P--T-T	493
HPV53	---Q--P--Q--LS-Y---N-QNS-----M-V---T...K-P--S.K--S--TT-T-A	491
HPV56	---RE.Q--T--Q--L--Y--D-N-QDS--T-----M-L-T-S...K-A-ATSK--S-PT-T-TP	493
HPV66	---RE.Q--A--Q--L--Y---N-QDS-----M-L-P-PPRPKAS--A.S--R-APT----	495
HPV18	---A-A-NK---D---N-----L---Y-----V--L-R...K--IGP...--S-P-ATT--	495
HPV45	---TT-P--Q--D---T-----S---Y-----V--L-R...--IGP...--A-T-TA-	498
HPV39	---AP--K---DG---N---R---LE-----R--R...--IGP...--A-T--T--	494
HPV68ME180	---A--P--K---DG--N--N-N---SE-----R...--IGP...--TATTA-T	495
HPV70	A---.TP--K---DD---N-----TE-----V-A-R...--IGP...--AK----	493
HPV59	---TA-PV-Q---D---P---R-----L-A-P...K--IGP...--A-PAPT-TP	495
HPV7	A--R...--K-Y---N-T---SQ-----M--L-T...G-KFKS...--PT----	493
HPV40	A--R...--VR---K-Y--D-N-T-R--SQ-----M-----G-RFKS...--P-----	493
HPV43	A--N...--R---K-YT--DIN-T---Q-T---X.....	152
HPV16	A--H.T--AP---LK-YT--N-----LK...K-KFTL.G--K-TPTT--T	494
HPV35h	---P.SA--P-D--LKNYT-----LK...--NFRL.G--A-PA-T-KK	492
HPV31	---T...--Q-P---FKDYV--N-----Y...--KFKA.G--S-P-A-TTT	495
HPV52	---N.T--G---LKDYM-----LQ...ARPK..L--APRT-	495
HPV33	---T.V-----LG-YT-----LK...AKPK..L--A-PT-TRT-	490
HPV58	---T...--LN-YT--N-----S-LK...AKPR..L--S-PTTRAP-	490
HPV67	---T.S--TA---LK-YS--IN-----Y---X.....	150
RhPV1	---P...--L--YT-----M--...--LRA.P--T--T--T--	491
HPV6b	---P.T-E---P--KN-S---N---SE---Y-----S-Y-G...--SSIRTGV---V-KA-AA	490
HPV11	---P.T-E---Q--KDMS---N---SE---Y-----S-Y-G...--TSARTGI---V-KP-TA	491
HPV44	---P.P-E-A-Q-----S-----R---SE---Y-----T-Q...--SS-R-G---AAT---	492
HPV55	---P.P-E-A-Q-----S-----R---SE---Y-----T-Q...--SS-R-G---AAT---	492
HPV13	---P.T-D--Q---G-S---N---SE---Y-----T-QS...--SPIR-G--A--T-TATP	490
PCPV1	---P.T-D--Q---G-S---N---SE---Y-----T-QT...TSFARAGT--A--T--TP	493
HPV34	---RP.Q---T---G-MT-----E---A-----L-M...--RLQA.S--S-P---TA	493
HPV64	---RP.Q---S---MT-----E---F-X.....	153
HPV73MM9	S--RP.Q---T-----S--D-----E---Y---X.....	153

L1 SuperGroup A Markov Protein Alignment

```

NLS for HPV16
-> <-
<- End bipartite NLS region for HPV16

```

most-likely	SAA...KRKTK...KA1	503
MM7	151
HPV54	AR....--A---...R\$	497
CP8061	151
CgPV1	68
HPV32	-P-...--R--R...K\$	503
HPV42	--....----H...K\$	502
HPV3	A-....--R--...K\$	504
HPV28	A-....--RA-...K\$	502
HPV10	A-....--R--...K\$	503
HPV29	A-....--RS-...K\$	503
HPV77	216
HPV61	-P-.T---R-...Q\$	505
HPV72LVX100	151
HPV62	150
CP8304	151
CP6108	151
MM8	151
X06	69
HPV2a	TS....--RVR...R\$	494
HPV27VGRG....H\$	485
HPV57	A-....--VR...R\$	494
HPV26	KRK....-L-...K\$	503
HPV69	152
HPV51	-SS..A--RV-...K\$	504
IS039	152
MM4	152
HPV30	PS-...--RR....\$.	501
HPV53	PS....SKR-R....K\$	499
HPV56	A-....--RR....\$.	499
HPV66	-P-...--R....\$.	503
HPV18	KP-...--VRVRA..RK\$	507
HPV45	T-SRPA--VRIRS..-K\$	513
HPV39	ATK..H--RVS...K\$	505
HPV68ME180	-KH....-RVS...K\$	505
HPV70	ASK..H--RVS...K\$	504
HPV59	-P-...--V-RRKSSRK\$	508
HPV7	GSVT.P-----...R\$	505
HPV40	KPVT.P-----...R\$	505
HPV43	152
HPV16	-TT..A---R-...L\$	505
HPV35h	-ST...--R-V-...S\$	502
HPV31	P-....-----...K\$	504
HPV52	TK....-K-VK....R\$	503
HPV33	--....----V-...K\$	499
HPV58	T-....----V-...K\$	498
HPV67	150
RhPV1	PR....--R--...R\$	500
HPV6b	PKR...--A---...R\$	500
HPV11	PKR...--T---...K\$	501
HPV44	KQ....--SRK....K\$	500
HPV55	-KP....--SRK....K\$	501
HPV13	TTR...-KA-R....K\$	499
PcPV1	TTR...--V-R....K\$	502
HPV34	PKK...--A-R....I\$	502
HPV64	153
HPV73MM9	153

L1 SuperGroup B Markov Protein Alignment

<- L2 end for HPV12, 15, 17, 9, 49
 <- L2 end for HPV25, 14d, 5
 <- L2 end for HPV4, 65

most-likely	MAVWLPASGKVVLPSTPVARVQSTDEYVQRTNIYYHAYSDRLLTVGHPYFDVYDVD.GSKIEVPKVSNGQHR	72
HPV19	---QA-----N--N-A---L-I-----	72
HPV25	---QA-----N--N-Q---LQI-----	72
HPV20	---QA-----NI--IQ.-T--K-----	72
HPV21	---QA-----N---N.SA--K-----	72
HPV14d	---QA-----NI--Q.SA--K-----	72
HPV5	---HS-N-----I-----F-----N--NIN.-D-L-----	72
HPV36	---HS-N-----I-----F-----N--IT.-N-L-----	72
HPV47	---HS-N-----I-----NT-----N--NNN.-TTL-----	72
HPV12	---QA-H-----I-----NT-----N--NT.-K-L-----	72
HPV8	---QS-T-----I-----NT-----N--NNN.-DTLQ-----	72
HPV24	-S-----K-----I-----F-----N--NN.-TVL-----	72
HPV15	-TL---TT---TP-----E---VF--M-----RS-N.-GS-----Y-	72
HPV17	-TL---TT---TP-----E---F--M-----FY--RST-.LR-----Y-	72
HPV37	-TL---T---TP-----D-E---VF--M-----Y--RSS-.L-----Y-	72
HPV9	-SL-----A-----E---F--I-----Y--RSG-.QR-----Y-	72
HPV22	-TL---T---I---TP-----N---E--D---I-----RSS-.A-----F-	72
HPV23	-TL-----I---TP-----E--D---T-----RSP-.D-----F-	72
HPV38	-TL-----I---TP-----E--D---T-----RSQ-.Q-----Y-	72
HPV49	TSL---T---I---D---N-----R--TADN---L-----Y-	73
HPV4	--SS--STT-----AQ---LE---ITG-SL-F--GTE-----P-K--QEPH-VL-----S-F-	73
HPV65	--S--S-K-----AQ---LE---ITG-SL-F--GTE-----P-K--QDQH-VL-----S-Y-	73
HPV48	--L-SAVP-----A---LR-----E-DV-FYTSTE--I--N---EN...RDT-T---A--Y-	70
HPV50	--H-SST---L-----L-----KE-DV-F--R-E--I---Y-IE-...GD-K---A--Y-	70
HPV60	--L--QTA-QL---K---L---P--LVF-TGT--M-I-----II-SG.SNN-T---C---F-	72
most-likely	VFRLKLPDPNRFALADMSVYNPDKERLVWACRGLLEIGRGQPLGVGSGTGHPLFNKVGDTENPNSYQGT...STD	142
HPV19	-----G---I-----V-----K-...-	142
HPV25	-----I-----V-----KAS...-	142
HPV20	-----G---I-----V-----L-----K-N...-	142
HPV21	-----I-----V-----S--KTQP.N--	144
HPV14d	-----I-----V-----RQQA.N--	144
HPVVS20	-S-----I--S-----N---G-T-K--...TK-	34
HPV5	-----P-----R---Y---K---S-A-ITF...-K-	142
HPV36	-----S-----L-K---S--IKS...-K-	142
HPV47	-----Y---K---S--ITN...-K-	142
HPV12	-----R-----S-----Y--IK---S-N-ATG...-K-	142
HPV8	-----S-----Y---K---S--TT...-	142
HPV24	-----E---G---V-----TS-----N---V--RTQA.S--	144
HPVVS75	-----TS-----N-A---LA-RAQA.F--	36
HPV15	A--VTF-----E-----V-----TS-----K---NSN---N...-	142
HPVVS102	---LH---TA-----R---NSG--D...-	34
HPV17	A--VT---K-----E-----A-----T-----LR---NS---G...-	142
HPV37	A--VR---K-----E-----A-----T-----LR---NSN---G...-R-	142
HPV9	A--IS-----I-----TS-----R---SSN---...TM-	142
HPVVS92	S-----TS-----R---SGN--AV...-Q-	34
HPV22	A--VTF---K---G---TIHD-ERY-----K-----T-----LH---TER-EG...TS-	142
HPV23	A--VTF---K-----TI-D---Y-----A-----LR-A--SSER-EG...TV-	142
HPVVS73	X-LR-S--SAERLEG...TS-	18
HPVVS42	-----F---T-----LR-A--SSER--DT.AA-	35
HPV38	S--VTF---K-----D---Y-----K-----T-----R---SSN--N...-	142
HPV49	A--L-----V--NI--E-----T-----K---A-N-IV...-K-	143
HPV76	S--H-----K---A-N-IV...-K-	34
HPV75	S-----K---S-N-ITM...-K-	34
HPV4	---FN-----I-NGF-DS-H---KL--I---G---I-T---Y--F-----G-KKQ...-D-	143
HPV65	---FY-----I-NGF-DS-H---RL--I---G---I-T---Y--F--S---G-RKQ...-D-	143
HPV48	---C-----K---V-KNL--S-----KLV--V--G-----L--I-----SF-L-EQ...TK-	141
HPV50	---CE---K---I-TTL--S-T---KLV-I-V--G-----SF-L-PQ...EK-	141
HPV60	-M--LF---K--MI-RA-F--ER---RLE-----G--I-TS-----Y-----AA-PLKQNGD-	145

L1 SuperGroup B Markov Protein Alignment

most-likely	DRQNTSFDPKQVQMFIIIGCTPCIGEHWDKAPPCA.DANNQQLCPPIELKNTVIEDGMADIGFGNINFKTLQ	214
HPV19	---V-----L-----A-----L---.EQDIP--S-----I-S-----Y--L---A--	214
HPV25	---V-----L-----A-----L--D.-G-I---S-----I-S-----Y--L---A--	214
HPV20	---V-----L-----A--L---R-L---.DVPNP-S-----A-Q-----Y--L---A--	214
HPV21	---V-----L-----A--L---I---.TD-PPP-S-----I-SA-Q---Y--L---A--	216
HPV14d	---V-----L-----A--M---R-L--V.EDKPPP-S-----Y--L---A--	216
HPVVS20	---I-----L-----A-VN-I..---S-----V--Y-QG-----Y--L---A--	105
HPV5	---D-----I---V-----V---.ENDQ-T-----Y-Q-----M---A--	214
HPV36	---D-----I---V-----I---E.KERQDNR-----T-Y-----L---N--	214
HPV47	---D-----I---V-----E--G.EQ..-T-----Y-Q-----A--	212
HPV12	-----I---V---V---E--L-G.--PAEN-V-----F-----M-----	214
HPV8	-----I---V-----E--I---E-Q..-----M-----	213
HPV24	-----I---A-----EV-ER--.GD--DA-R---K-V-S--Q-----Y--L--R---	216
HPVVS75	-----I---A-----VGER--.G--EN-R---K-V-S--Q-----Y--L--R---	108
HPVVS200	-----M---E-----Y--L---A--	20
HPV15	-----VV--V--L---R-LV-ESER---A-K---L-----F-----N-A-S	215
HPVVS102	-----VV--A--L---V-DS-K---A-K---L--R-----I-----N-V-S	107
HPV17	-----VV--V-----R--V-ENEQ---T---L-----V-----N-V-S	215
HPV37	-----VV--V--M-----V--SEE---T-Q---L-----F-----N-V-S	215
HPV9	-----I--L-----KV-EK---L-----R-----F-----N-E-S	215
HPVVS92	-----V--V--M-----KV-ESE-----S-----F-----N-A-S	107
HPV22	--R-V-----I--L--Y---V-E.--GS-V---L---G-----F-----N--S	214
HPV23	--R-I-----L--Y--T--V-K.--GS-L---L---S-----F-----N--S	214
HPVVS73	--R-I-----V-----L-RY--T--V-K.--GS-L---L---S-----F-----N--S	90
HPVVS42	--M-I-----L--Y--Q--V-K.--G--M---L---S-----F-----N--S	107
HPV38	-----L--Y---V-D.N-GD-T---L---S-----F-----N--S	214
HPV49	---D-----M--Y--A-K--DA--.G--K---L-I-S--Q---I-----N--S	214
HPV76	---D-----A-----A-K--DA-R..GV-K---L--V-----V-----N--S	105
HPV75	---D-----A-----A-K--DA-K..GD-K---L--V-----V-----N--S	105
HPV4	N--DV-L---T-----A-----E--P.SPAP---D-----V-SY-Q---C---AF---A--	215
HPV65	N--DV-L---T-----A-----E---.SPVP-P-D-----V--Y---C---AF---A--	215
HPV48	E---V-M---S-IL-V--A-AT--Y--L-K--N.-L..EN-AA---Q-V---Q---G---AA--PK-M	211
HPVVS207	-----L---E-G---AA--AK-M	20
HPV50	E---L-I---T-LL-V--K-AV--Y--L-E--D.KNSLNN-K---Q-V-SY-Q---G---A--PK--	213
HPV60	N-MDV-M---M-L--V--K-AT-----I-K---.PAPAK-S---K-TQSI-Q---E-C-T---A-I---	216
HPVVS19	-----MQ---C---AC--RAF-	20
HPVVS201	-----L---G---HA--SR--	20
HPVVS202	---A--S---AV--S-FS	20
HPVVS203	M---E-G---AF---A--	20
HPVVS204	M---E-S-T---AM--DN-C	20
HPVVS205	-Q---C---AA---A--	20
HPVVS206	L---E-G---AA-----	20

L1 SuperGroup B Markov Protein Alignment

most-likely	QNRSDVSLDIVNETCKYPDFLKMQNDVYGDSCFFYARREQCYPARHFFVVRGGKVGDAIPD.AQIDEGSMKNNYY	286
HPV19	-----T--D--A.G-----T--	286
HPV25	---A-----T--D--A.G-----AF-	286
HPV20	E--A-----T--D--A.G-----AF-	286
HPV21	-----T--D--A.G-----A--	288
HPV14d	E-----I-----T--D--A.--V---L--V--	288
HPVVS20	-----D-I-----R-----A-----P--D--G.---A--H--E--	177
HPV5	DS-----I---A-----T--D--R.---N-TY--QF-	286
HPV36	ES-----A-----T--D---.R--N-TF--QFF	286
HPV47	HS-----A-----T--D--G.--VGN-N--QF-	284
HPV12	-----A-----T--D---.---D-N---Q--	286
HPV8	-----I-----A-----T--D--A.---D-M---Q--	285
HPV24	-S-----F-----P--D--G.E---A-TY--DF-	288
HPVVS75	E-----I-----F-----A--D--G.---A-TY--DF-	180
HPVVS200	E--P-----F-----N---D--G.E---A-TY--DF-	92
HPV15	VTK-----T-A-----A--F-----Y-----A---L--A-VNQ...DH-F-	284
HPVVS102	VTK-----T-A-----F-----YY---V-----E-VNQ...DK-FV	176
HPV17	F-K-----S-A-----A--F-----Y-----N---V--.GSVN...QDHKF-	284
HPV37	T-K-----I-----T-A-----A--F-----Y-----N-----GTVN...QDHK--	284
HPV9	F-K-----D-----T-A-----A--F-----YY---S---V--G-VNQ...DH-FF	284
HPVVS92	Y-K-----V-----T-A-----A--F-----Y-----N-----G-VQQ...DH---	176
HPV22	F-----I-----T-S-----C-----N-----L-----D-VQQ...DHK--	283
HPV23	F-----L---V-----T-S-----A--C-----Y-----V-----G-VQQ...DHK--	283
HPVVS73	F-K---V---I-----T-S-----F---R---Y---A---L---.TVN...QDHK--	159
HPVVS42	F-----I-----T-S-----C-----R---Y---V---S---G-VQQ...S-K--	176
HPV38	F-----T-S-----FV-----Y-----A-----GTVN...QNH---	283
HPV49	V-----DI-----A--I---A-----N-----NT-VGQ...D---I	283
HPV76	A-K-----NI-----A--I-----N-----A-VGQ...D--FV	174
HPV75	A-K-----NI-----A--I-----N---R---NA-VGQ...D--FM	174
HPV4	ADK-SAP--VIATV--W-----GK-I---L--FG---L-----A-TM---L-E.PFEA...TSD-F	283
HPV65	-DK-SAP--V-ATM--W-----SK-----L---G---L-----A-AM---L-E.PFEV...-TD-W	283
HPV48	-D-AG-P-ELIDSIW-----TK-I---V--FGK-----L-A-A-QM-EP--T.ENGVL.....--	276
HPVVS207	-D-AG-P-ELIDSIW-----TK-I--NEV--FGK-----L-A-A-TM-EPV-N.ETNG.....V-FI	87
HPV50	-D-AG-P---DSISLW--L---TK-----HV---KQ--L---L-THA-PI-EP--N.VSGV...Y-YAV	281
HPV60	EDK-G-P---T--I---L---TK-I---AV--FGK---I-S--Y-----ID--SL-----SG--	279
HPVVS19	-D--G-P---DS-----TK-K---E---FG---L---Y-T-A-TI--S--T.PYQE.....SEF-	87
HPVVS201	EDKAG-P-EL-DTFSIW---R-TS-I---AV--WGK--HMF---LWA-A-TM-----N-AEF	84
HPVVS202	ES-A-AP-ELI-SIS-W---IQ-SK-I---RM--FGK---M---T-CKD-A-----E.NLNDEDVHHRFL	92
HPVVS203	KD-AG---L-DTFSIW-----T--I---I---GK---LFS--LWA-A-TA-----S.PDNK.....-LI	86
HPVVS204	ED-ASFP---I---S-W-----NK-P---HI--FGL---L-S--HGA---M--T--E.NTAG.....E--	86
HPVVS205	-DK-G-P---DSI--W---II--EQEI---RL--FTK---A---Y-A-A-IN--SL--.MKP.....GE--	87
HPVVS206	KD-AG---L-DTFSIW-----T--I---M--FGK---LFG--LWT-A-TP-----TPEN-N.....LI	86

L1 SuperGroup B Markov Protein Alignment

most-likely	IPA...ASGQAQN.T...LGNSMYFPTVSGSLVSSDAQLFNRPFWLQRAQGHNNGILWGNQLFVTVVVDNTRN	351
HPV19	--P...NNS-Q-YTN...--A-----C-F-----	352
HPV25	--P...N-S---YNN...-----C-F-----	352
HPV20	--P...VNN----.N...-----C-F-----	351
HPV21	--P...MND---Y.K...I-----C-F-----	353
HPV14d	--P...MTN-P--.N...I--A-----C-F-----	353
HPVVS20	-Q-...-D-S-.S...-----I-----Q---X	226
HPV5	--G...-D---K-....I-----A--M-I-----	351
HPV36	--G...-D--D-K-....I--A-Y-----A--M-I-----	351
HPV47	--G...-T---S-....I--A-----A--M-----	349
HPV12	--G...-QD-S-K.D...I--A-----A--M-----	351
HPV8	--G...GQD-S-K.D...I--A-----A--M-----	350
HPV24	---...-T--T-K.N...I-----C-A---I-----	353
HPVVS75	--G...---T-K.N...I-----Q---X	229
HPVVS200	--G...---T-.K...I-----Y-----X	141
HPV15	L---...Q-T-Q-.N...-A--T-----T-----R-----M-I--A-----	349
HPVVS102	L---...QGT-Q-K.D...IAS-I-----T-----R---Q---X	225
HPV17	L---...QT-Q-R-....-T-----T-----R-----I---A-----	349
HPV37	L---...K-D-Q-Y.L...-T-----T-----R-----M-I--A-----	349
HPV9	L---...K-D-Q-R-....IA--T-Y-----T-----I---A-----	349
HPVVS92	L---...QNA-Q-H-....-I-Y-----T-----Q---X	225
HPV22	L---...-T.A...-E--T-----T-----K-----N--M---A-----	345
HPV23	L---...DQ...-E--L-----T--S-----K-----N--M---A-----	345
HPVVS73	L---...NP...PA...-E--T---A---T-----K-----X	205
HPVVS42	LAS...-Q...N-.S...-E--T-----T-----K-----X	222
HPV38	L---...KN--G-R-....-T-----T-----M---A-----	348
HPV49	L---...-Q-----S-I-----T-----C-E---I--A-----	348
HPV76	L---...-V-----S-I-V-----T-----X	223
HPV75	L---...-A-----I-V-----T-----X	221
HPV4	-G...QNQ-D-Y...-PHI-VG-P-----ES-----Y--N---T---C-D-----L---H-	348
HPV65	---...QE--D--...-PHI-IG-P-----ES-----Y--N---T---C-D-----L---H-	348
HPV48	-TP...D-.AD--.NRSSH--S-V--T-P---NT--S-----Y--R---T---C---E--I--F---H-	344
HPVVS207	NAK...PGDPNPR.SA..HM-S-V--A-P---NT--S-I---Y--R---T---X	138
HPV50	N-N...QPE-NRRTN...I-SYL--T-P---NT--SS---Y-IR---T--C-C---EV---F-----	347
HPV60	LAP...QTDKP--.N...-GYS---P---VA--N-----Y--H---A---C-----I-I-----	344
HPVVS19	RSP...QDS----.N...VDSHI-VA-P---T-----Y--N---T---X	136
HPVVS201	FLH...PN-AP--.K...-ASFA---P---NT--N---K-Y--RK--T---X	133
HPVVS202	LNP...KPDAPPYSN...-T---MP-----ET-----H---T---X	142
HPVVS203	FQG...DDAVP-K-....A-SFT--SAP---TT--S-----Y--R---T---X	135
HPVVS204	Y-P...TD.G--Q.N...I-SHI--N-----T--ET-I---YF-----T---X	134
HPVVS205	LSPKLGDEQVP-K.D...-SHI-----EN-----Y---KS--T---X	139
HPVVS206	F---...DD-TS-K.D...A-SFT--TSA---NT--S-----Y--R---T---X	135

L1 SuperGroup B Markov Protein Alignment

most-likely	TNFSISVSENGDV....KDITEYDSTKFRFYLRHVEEYEISLILQLCKVPLKAEVLAQINAMNSGILEDWQ	419
HPV19	-----N-DGT-----AK-AD-N-AN-K-----I-----N---E--	420
HPV25	-----IN-DGT-----SK--D-N-Q--T-----L-----I-----N---E--	420
HPV20	-----H--T-----SK-QN--Q--Q-----T-----N---E--	419
HPV21	-----NP--A-----SK-EN-KAES-Q-----L-----T-----AN---E--	421
HPV14d	-----S---TE-----SK-DN-T-Q--Q-----M-----I--T-----N---E--	421
HPV5	-----NQA-AL.....VAD-NADQ--Q-----Q-----SL---E--	419
HPV36	-----I-NN--AL.....ND-TAEQ--Q-----SL---E--	419
HPV47	-----QA--I.....QD-NADN--Q-----V-----SL--E--	417
HPV12	-----I--D-QN-----H--PN--Q-----SL---E--	419
HPV8	-----T---EL.....N--D-K--Q-----I---D-----SL--E--	418
HPV24	-----T---K.....T--N--AN---Q-----I---D-----PSL--E--	421
HPV15	---T---T-DGN.....A-N--N-QNI--F-----QL-I-----I-----T-----	414
HPV17	-----ST-A.....AV--N-QNI-----QL-F-----I-----T-----	414
HPV37	-----STD-----EV--N-QTL-----QL-I-----T-----E--	414
HPV9	---T---ST-AA.....QTE--NANNI-----Q-----V---S-----	414
HPV22	-----A-DGT.....TVN--AK-I--FM-----QL-F-----RI--E---T-----H---N--	409
HPV23	-----TNDSS.....LEK--A--I--FT-----QL-F-----RI-----T-----D---N--	409
HPV38	---T---ST---.....GAQ---ANI-----QL-F-----N---T-----N--	413
HPV49	---T---STDGQ.....TP-----V--F-----I-----EP-----S---N--	413
HPV4	---T---K-DGAN.....NYQ-KASD-KQ---I--F-MEF-F---T--D-M-HL-V--PN--DN--	414
HPV65	---T---KT-AA.....ESYK-KAGD-KQ---I--F-MEF-F---T--T-D-M-HL-V--PN--DN--	414
HPV48	V--T---KNDKTALTENYIDNGYK--NNAD-KQ---T-----E-VF-----N-T-D--HLHV--PR---E--	417
HPV50	I--N---KKDVPNPLDPLNVASSYM--SKDD-NQ-S--T---LEF-F---G-D-DI--HL-V-DPR---N--	420
HPV60	--L---KQDAAI.....DNRYK-KQED--Q---T---VE---R---NPD--HL-V-DKN-----	412
most-likely	LGFVPTPDNPIHDTYRIDS LATRC PDKVPPKEKEDPYKKYTFWNVDLTERLSLDDLQYSLGRKFLFQAGLQQ	492
HPV19	---A---Q-----N-----V---NLH-----S-----A-----	493
HPV25	---A---S-Q-----N-----V---NLH--D-----A-----	493
HPV20	---A-----N-A-----N---R---DLN-----S-----E-----	492
HPV21	---A-----A-----N---R---NMK--D-----	494
HPV14d	---A-----E-A-----N---R---NFN-----	494
HPV5	-----Q-----N-----GLH--D-----	492
HPV36	-----Q-----T-----GLK--D-----	492
HPV47	-----Q---LE-----E-S---V---GLN--D--M-----	490
HPV12	-----E-----N---P---DGLS--T--M-----	492
HPV8	-----T-----S---P---A-FN-----	491
HPV24	---A---LQS---E---P---A---R---AP-----S---E-----V-	494
HPV15	-----AVQ-I-----K--K---A-Q--D---FG-----K-----P---I---R	487
HPV17	-----V--I---N-K--K---A-VE---FA-----N---K-----P---I--S---A	487
HPV37	-----SV--L---N-K--K---A-VE---FA-----K-----P---I--S---S	487
HPV9	-----E-AV--I---K--K---A-E-T---FA--S--K-----P-----T	487
HPV22	-----SV-----LQ-K--K---A-DTQ---FGQ-----MS-K-----P-----S--R	482
HPV23	-----AV-----LA-K--K---A-DTQ---FG--S---M--K-----P-----I-V-R	482
HPV38	-----SV-----T-K--K---A-ET---FGQ-----M--K-----P-----T	486
HPV49	-----LT-Q-----Q-AP-RK---EQ-N--T---K-----R	486
HPV4	-N---P-PSG-E-Q--FLQ-R---TQT-AT-----DLS--V---S--F-SE-S-F---R--Y-S--IN	487
HPV65	-N---P-PSG-E-Q--F-Q-R---TQS-ST-----DLS-G-----F-SE-S-F---R--Y-S--IN	487
HPV48	-A---PAPTG-E-----K-M--K---TA.E-E-DT---A-S--TL-M---F-S--S-F---Y-T--LN	489
HPV50	-AY--PAPSG-G-----LK-D--K---A-DSSA-VV---E-----N--KF-SE---A-----T--LK	493
HPV60	-S---P-PQG-E-A---M-Q--M--TD--NT-R---Q---TI--Q--F-NE-S-F---KRY-Y-Y--LN	485

L1 SuperGroup B Markov Protein Alignment

most-likely	t....RVRg.TKSvSSRVStRGTKRKRK..Nk	517
HPV19	A....T-N-.-TI-----S-----..-\$	517
HPV25	-....T-N-.-T----I----I-----..-\$	517
HPV20	A....T-N-.-T---KL----V-----..Q\$	516
HPV21	-....T-N-.-TL-----I-----..-\$	518
HPV14d	S....T-N-.-T-T-G-IK-I-----..-\$	518
HPV5	-....T-N-.-A--YKG-N-----..-\$	516
HPV36	-....T-S-.-Y-GF-----..Q\$	516
HPV47	-....T-N-.-TTPY-G-I-----..-\$	514
HPV12	-....T-N-T---S-Y-S-I-----..-\$	517
HPV8	-....T-N-.-I--G-V-----..-\$	514
HPV24	K....TSKK.-SN--....K-----..T\$	512
HPV15-P-T.I--.-VK--.K-----..T\$	507
HPV17-P-.-IRT-VK-P.K-I----..S\$	507
HPV37-P-..IVRS-VK--.K-----..S\$	507
HPV9-K-P.I-T.-VKT-.KNA--R...T\$	507
HPV22	ARASA--S..V-RSAT-KTSKTV--RKL.TS\$	510
HPV23	V....-SG...-RPAT-KV-KTV---KV.QL\$	506
HPV38	A....-T-A.V-RPLV-K-SKSV----T..Q\$	510
HPV49AS-V.S--SAA-A----I----..R\$	508
HPV4	GS.LK-K-IISS-HAQTNTK-SA----S.LK\$	516
HPV65	GT.LK-K-T.IN-QAPTSIK-SA----SIKQ\$	516
HPV48	G...K-A...-DYTAAGS---S---R-V..R\$	513
HPV50	R....-...-DYTVAT--.KPN----T..R\$	515
HPV60	G....-K-S.AS-FVTKK-.KTV----T..K\$	508

L1 SuperGroups C-E Protein Alignment

SuperE.con	MTGLQYFLFLAMMALTLISILLAQQPPPHSCLHS	32
HPV41	-----	32
SuperC.con	M.A?WQ?gQ.kLYLPP.TPV?KVLCS?Y?qrk?iF	27
	L2 end for BPV1 <-	
GroupC1.con	M.ALWQQGQ.KLYLPP.TPVSKVLCSETYVQRKSIF	33
BPV1	-----	33
BPV2	-----	33
	L2 end for EEPV <- L2 end for DPV <-	
GroupC2.con	M.AFWQP?Q.?LYLPP.TPVTKVLCSEQYI???D?F	27
EEPV	-----S-.R-----R-RK-V-	33
DPV	-----G-.A-----NVR-I-	33
	L2 end for BPV4 <-	
SuperD.con	M.SFWVPNSAKLYLPPPTPVTFQFLDTDEFVTRTDIF	35
BPV4	-----	35
	L2 end for HPV41 <- <- L2 end for COPV, CRPV	
SuperE.con	PAMCPTLLLTTCIVEVWIMIYILACCAGNVKNA???FQM.AVWLpaqNkFYLpP.QPitkilstdeYV?RTn?F	98
HPV41	-----N-VFI-----G-P-R-----QRT-N-E---R--ST-	104
COPV	-----S--V-----S---I-	34
CRPV	-----ST-----V---P-----T---V-	34
	L2 end for HPV1a <- <- L2 end for HPV63	
GroupE1.con	MYNVFQM.AVWLPAQNKFYLP?.QPIT?ILS?D?YV?RTN?F	34
HPV1a	-----P-----R---T-E--T---L-	40
HPV63	-----T-----K---S-D--S---I-	34
SuperC.con	YH?ETER?LTvGhpyy?v....???g?kTvPKVS?NQyRVF?iqLPDPNQFALPD? ?vhnPSKERLWvAV?GV	84
GroupC1.con	YHAETERLLT?GHPYY?V.....??G?KTVPKVSANQ?RVFKIQLPDPNQFALPDRTVHNPSKERLVW?VIGV	94
BPV1	-----I-----P-----SI-A-----Y-----P----	101
BPV2	-----V-----Q-----TV-D-----F-----A----	101
GroupC2.con	YHGETERMLT?G?????.....??????T?PKVSPNQYRVFR??LPDPNQFALPDKA??PSKERLWVAVVGV	77
EEPV	-----V-HPYYEI...KQSGSGK-I-----IL-----MYD-----	103
DPV	-----S-SILSLE....VTQKHT-V-----VA-----LHN-----	102
SuperD.con	YHTSTDRLLFVGHYPFDL....KKGDTVVVPKVSQSFRVFRFKFPDPNKFSPFTQDIYNPEKQRLVWAVRGI	104
BPV4	-----	104
SuperE.con	yhA?sdRLLtVGHP?yei?????????vPKVSpNqyRvRvrfpdPN?FAFgDK?lfdPekERLWgLRGI	156
HPV41	L--AT-----F-N-TNA..DGKE..V----S--F-A-----N--T--C--S--N-D-----I---	174
COPV	---S-E-----F---.YKEERSEEV-----LLL---N-----S-----L	106
CRPV	-Y-S-----Y-----RDKGTML-----IKL---K-----Q-Y-----C----	103
GroupE1.con	YHATS?RLL?VGHPL?E????..???T.?T?PKVSPN??RVFRVRF?DPNRFAGDK?IF?PETERLWGLRGI	88
HPV1a	-----E---L-----F-ISS...NQ-.V-I-----AF-----A-----A--N-----	109
HPV63	-----D---I-----Y-VTRA..NDN-.M-V-----QY-----P-----D--D-----	105
SuperC.con	QVSRGQPLGGtVtGH??fn?l1lDAENV??KVtaQ?.....TDDRKQtG?DaKQQQiLlLGCTPA?GEYWTt	142
GroupC1.con	QVSRGQPLGGTvtGHPTFNALLDAENVNRKVT?QT.....TDDRKQTGLDAKQQQIILLGCTPAEGEYWTt	159
BPV1	-----T-----	167
BPV2	-----A-----	167
GroupC2.con	QVSRGQPLGG?V?GHSY?NT??DAENVSKKV?AQG.....TDDRKQ?GMD?KQQQ?L?LGCTPAIGEYWT?	132
EEPV	-----S-S---Q--LI-----N-----G--V---I-L-----T	169
DPV	-----E-R---F--FL-----T-----A--T---V-M-----K	168
SuperD.con	EICRGQPLGVGVTGHPSFNKFKDAENLNQNSDQKE.....DDRNVNVCMDPKVQLFIVGCVPCDGEHWDK	169
BPV4	-----	169
SuperE.con	EigRGQPLGigvtGnP?fnkfdDaENP??y?n?ha.....???Dsr?n?afDpKQtQmf??Gc?PA?GEhW??	208
HPV41	-VS-----F-----YNGI-KNN...ITDQGS---LSI-----LLIV-AK--K---Y-DV	245
COPV	-----S---H-T-DRYN-V---NKNLAG-G.....GGT---V-MGL-----MI--K--L---SL	174
CRPV	-VN-----VS-----I-----V---TK-Y-N--.....DQQ-Y-KSM-----V-LLML--V--T---AQ	171

L1 SuperGroups C-E Protein Alignment

GroupE1.con	EIGRGQPLG?GI?G?PLLN?DDAENP??Y?NTHA.....?GD?RQN?AFDAKQTQMFL?GCTPA?GEHW??	140
HPV1a	-----I--T-H---KL-----TN-I-----.....N--S---T-----V-----S---TS	176
HPV63	-----V--S-N---RF-----SR-N-----.....T--N--V-----I-----T---SI	172
SuperC.con	ARPCVTDR?en..G?CPP?ELKkhIEDGDM?IGFGAAnFkelNA?KSDLPLDI?neICLYPDYLKM?E?AAG	206
GroupC1.con	ARPCVTDRLen..GACPPLELKNKHIEDGDMMEIGFGAA?FK??NASKSDLPLDIQNEICLYPDYLKMAEDAAG	228
BPV1	-----.....N--EI-----	239
BPV2	-----.....D--TL-----	239
GroupC2.con	ARPCVTDPR???.GSCPPIELK???.IEDGDMMDIGFGAANFKELNATKSDLPLDIA??ICLYPDYLKMTTEEAAG	197
EEPV	-----ET.....NKP-----KD-----	241
DPV	-----DA.....LSF-----NS-----	240
SuperD.con	AQACEPQGP...GDCPPIELKNTKIQDGEMCDTGFGNMFAALQASKSGAPLDIVDQIVKYPDFLKMGNPDY	239
BPV4	-----	239
SuperE.con	a??C?g?????gdCPpiel?ntvIEDgDM?dIGfGamdf??LQ??ksdvPldiv?s?cKYPDYlkm??e?yG	261
HPV41	-AT-ENPPLTKADDK--AL--KSSY---A--S---L-NLN-ST--RN--A-----D-I-----Q-IE-L--	319
COPV	TRW-T-QVHTA..-Q-----R--T-----V-----KA--HY--G--I---N-A-----AN-P--	246
CRPV	-KQ-AEDPPQQ..T-----V-----CE-----HKT--ASL-E---ELAQ-IS-----QKDQF-	243
GroupE1.con	??RC?G?Q??L..GDCP?????VIEDGDM?DIG?GAMDF??LQ??K?D?PLD?????CKYPDYI?M??E??G	181
HPV1a	.S--P-E-VK..-----RVQMIES-----M---F-----AA--QD-S-V---VVQAT-----R-NH-AY-	247
HPV63	AR--A-T-FQ-..-----PIELVNT-----F---L-----GS--AN-A-A---IAGTV-----K-GQ-VH-	244
SuperC.con	NSMFFFARKEQVYVRHIWtrgG??KEaPpe??yLK??.....?G??tLK?PSv?FgsPSGSLVSTDg	257
GroupC1.con	NSMFFFARKEQVYVRHIWTRGGSEKEAP??DFYLNK?.....?G??TLKIPSVHFGSPSGSLVSTDN	284
BPV1	-----TT-----N.....K-DA-----	301
BPV2	-----SK-----G.....R-EE-----	301
GroupC2.con	NSMFFFARKEQVYVRHIW??GTDKE?PPEAY?LKP?.....?G??KMPsvfF?vPSGSLVSTDG	247
EEPV	-----SRG----M----F---K.....G-DQTQ---IL-G-----	303
RPV	-----P-----	17
DPV	-----TPW----L----Y---P.....EMEL-----AS-----	301
	L3 start for BPV4 ->	
SuperD.con	NSMFFFYAKREQMYVRHLWARAGRVDIPTGESGSPY.....FLPATGRGPLSSVYIGSPSGSLVSSDQ	304
BPV4	-----	304
SuperE.con	dsmFFFaARREqmYarH?f?raG????e??p?s?y??.....????e??n??iaTdnYf?tPSGSLVSSD?	304
HPV41	-H---YV---AL----IMQH--KM.DA-QF-T-L-ID.....SSVEG-KL-SLQR--R--M-----ATEQ	385
COPV	-RC---V---L---IMS-S-TQGLEPVPKDTYATR.....ED..N-G-T---S-----EG	306
CRPV	----Y-----F-S---GDKENVKSRAYIKRT.....QMQGEA-AN-----CI-----S	308
GroupE1.con	NS?FFFARREQMY?RH?FT??G?V??KE?VP?S?Y?.....?A?AE?P??T?AT?NY??PSGS?VSSDV	223
HPV1a	--M-----T--F--RG-S-GD--A--Q-L-L.....T-D--.RT-L--T---VGT---M-----	311
HPV63	--L-----L--V--HA-I-SE--K--T-A-I.....A-K--Q-QN-I--D--FVA---L-----	309
Unclass.con	EP.VPETVPIA.....SREQIEKNNSAYMACPSGSVITSDT	35
FPV1	-----	35
SuperC.con	QlFNRPYwlfRAQGMNNGicWnn?lf?TVGDNTRGtLtItV...p??g?..?pLte.YDtsKFNvyqRHvEE	318
GroupC1.con	QlFNRPYwlfRAQGMNNGIawNnLLFLTVGDNTRGtNL?ISV...A?DG?...?L?E.YD??KFN?YHRHMEE	342
BPV1	-----T-----S--T...P-T...SS---V-----	367
BPV2	-----S-----A--N...A-S...--TG---L-----	367
GroupC2.con	QlFNRPYwlfRAQGMNNGicW?n?lfvTVGDNTRGtTLTITV...P??g?..?PLTE.YDTSKFNvyQRHVEE	308
EEPV	-----L-Q-----TS-S.....F-----	369
RPV	-----SG-K.KS-----	79
DPV	-----IL-----V--N-T-----S-----NNDE.....	367
SuperD.con	QIYNRPFWIQRAGSNNGMWNNElFVTAVDSTRGTNFSISV...HTTDP.EVKPQETYTATKFKHYLRHVEE	373
BPV3	-----	7
BPV4	-----	373
BPV6	-----	7

L1 SuperGroups C-E Protein Alignment

SuperE.con	QlFNRPyWlQrsQG?NNGicW?NqlFvTvvDnTRGT?l?i??...?????.?????.?y????f?ylRHvEE	349
HPV41	-----F-----H----L-H-EA---L--T---NFT-SV...PEGDA.SS.....-NNSK-FEF---T--	449
COPV	-----I-----K----A-G---L-----P-T-NI...GQQDK.PEEGN..-VPSSYRT-----	373
CRPV	-V---A---KA--M---V--D--I-----I-SLVT...KSKEQ.IKKT..HGKTvH-SS-----	375
GroupE1.con	Q?FNR?YWLQR?QGQNNGICWRN?LF?TV?DNTRGT???I??...?N?A?....Y??A?N??RH?EE	263
HPV1a	-L---S-----C-----Q--I--G-----SLS-SM...K-N-S.TT.....-SN-NF-DFL--T--	375
HPV63	-I---P-----S-----E--V--A-----TMN-NV...L-K-T.PET...-DS-DY-EYT--V--	374
Unclass.con	NLFNRSYW.....TNNGILWENENLFVTVLDNSRNVIMKISS...LAEGAQENNATV.YDWKNYYE??RHVEE	96
FPV1	-----.....-----CV-----	98
MnPV	-----YT-----	7
SuperC.con	yKLAFfileLCSVe?t?TvShLQGlMPS?LenWeI?vQPpTSSiLEDtYRyie.SPATKCA?NViP???.E.DPY	381
GroupC1.con	YKLAFILELCSVEITAQT?SHLQGLMPSVL?NWEIGVQPP?SSILEDTYRYIE.SPATKCASNVIP?.KE.DPY	409
BPV1	-----V-----E-----T-----A.--.---	438
BPV2	-----L-----Q-----A-----P.--.---	438
GroupC2.con	yKLAFvfqLCSV?L?PETVS?LQG?MPSILE?W?IN?QPPTSS?LED?YR???.SPATKCADNV?P??PE.DPY	365
EEPV	-----T-S-----H--L-----H-D--M-----I--T--YLE.-----T-MG--.---	441
RPV	-----	88
DPV	F----ILE----E-T----S---S-----N-E--L-----V---I--FID.-----S-SK--.---	439
L3 end for BPV4 <-		
SuperD.con	WeLSlimQLCIVdLtPE?lAhlhnMdprIie?WNLGFIqpPnn.IEDqYRfi?.SlATrCP?Kedta?kE.DPY	439
BPV3	--V--VL-----A---INC-----S-----HA--.-----YLQ.-I-----P---A-AT-.---	78
BPV4	-D-----N---SI-Y---NES---N-----D.--H---T.-----K-T--QV--.---	444
BPV6	---C-----K--T-----L-T-----T-.-----K.---K--G--E--E--.---	78
SuperE.con	yelsfivQLCKVklTpenLayihTMDp?IiedWqL?Vs?pp??leD?YRyi??SlAtKCP??pp?t?t.DPY	408
HPV41	FQ-A--L-----D-----S-----H-A-TS--NSV---H---L.-I-----SKDADD-S-.---	521
COPV	--V-I-----S-----I-----N-LED---S-----T-PL--Q---LGS---A---EQA--EPQ-.---	444
CRPV	---Q-VL-----S-L-S-H-T--DN---S--AQ-SGT---Q---LQ.-I-----PPE--KEN-.---	447
GroupE1.con	??LSFIVQLCKVKLTPENLA?H?MDP?I??WQL?VSQPP?N??ED?YRF??SLA?KCP??PP??T.DPY	312
HPV1a	FD-----YI-T---N-LED---S-----T-PL--Q---LGS---A---EQA--EPQ-.---	448
HPV63	YE-----FL-N---T-IDS---T-----A-AI--K---IE.---T---DNV--PTP-.---	446
Unclass.con	?????I??L??NLSTEVLAYLHGMDPSILDNWNLTlGPPNDGSLADKYRFIE.SLATKCPDNVEVTKP..DPY	157
FPV1	YGISA-VR-CRV	110
MnPV	FELEF-FQ-VKI-----	78
SuperC.con	aglKFWe??LKEKLSLDLDQFPLGRrflaqqgagcstvrkra??tk?sskpa?????????rkkkkk?CFSLNS	440
GroupC1.con	AG?kFW?IDLKEKLSLDLDQFPLGRrflaqqgagcstvrkr????SSKPA.....?KK?K?	456
BPV1	--F--N-----RISQKT-----K-K	495
BPV2	--L--S-----AVATR-----KR--I-A	497
GroupC2.con	??kFWEVNLKE?LSLDLDQFPLGR??L?????????????????????????????????RK????CFSLNS	395
EEPV	AGL-----R-----RF-AQQGLGSTRKRVRVVPKVTEKRIV.....-RRKGN	501
DPV	SAH-----K-----LV-QFDCRLDRLLPQKDHFTYPEKRYKRHRMITGTV--VLLYI-----	513
SuperD.con	akykFWDvdLTERfs?NLNQHSGLGRKFLFQIGRK..ATKRSAKTVTFENTEGKKAP....KRRRKNV	500
BPV3	---T-----M-	95
BPV4	KDL-----K-TT-----	506
BPV6	-----IN-----S-	95
SuperE.con	kd?kFWeVDL?ermseQLDQ?PLGRKFL?Qsg??q??k?????????????????.....krrrra	444
HPV41	--L-----RD--T---T-----F-T-IT-SSSN-R.VSTQSTALTYYRRPT.....-K-K	583
COPV	A-F-----KDK-T---T-----F-TNVLPRSV-VRSTSHVSVKRVKAV.....K-K-K	503
CRPV	-NY-----S-KL-D---Y-----N---LQRIGTKRPAPAPVSIKSS.....K--T	505
GroupE1.con	????FW?VDL?ERMSEQLDQFPLGRKFLYQSG??QR?????..??RK????T???.KRRR?A	348
HPV1a	SQYK--E--T-----MT--TATSS..TTK--TVRVS-SA.....K-	508
HPV63	KDLR--D--S-----LA--SVPKT..VNF--RRSSN-TVA.....R-	507
Unclass.con	KGRIFWNIDLTERLTAD	174
MnPV	-----	95

L1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

The prototypical HPV18 L1 sequence has been called into question by Hofmann et al., *J. Gen. Virol.* **77**:465–468, 1996, however the authors of the latter paper have not made their 18L1 sequences available to the gene libraries or to this database.

```

* coordinate 5639 in HPV16R
  L2 end for HPV34 <-
  \ / 3' sj for HPV16<- L2 end for most A HPVs
most-likely ATGGCTTTGTGGCGGCCTAGTGACAACAAGGTATACCTGCCTCCTCCC...CCTGTGTCTAAGGTGTGTCAGCA      70
MM7          .....                                         .....                                         .....                                         .....      0
CP8061      .....                                         .....                                         .....                                         .....      0
HPV72LVX100 .....                                         .....                                         .....                                         .....      0
HPV62       .....                                         .....                                         .....                                         .....      0
CP8304      .....                                         .....                                         .....                                         .....      0
CP6108      .....                                         .....                                         .....                                         .....      0
MM8         .....                                         .....                                         .....                                         .....      0
HPV69       .....                                         .....                                         .....                                         .....      0
IS039       .....                                         .....                                         .....                                         .....      0
MM4         .....                                         .....                                         .....                                         .....      0
HPV43       .....                                         .....                                         .....                                         .....      0
HPV67       .....                                         .....                                         .....                                         .....      0
HPV64       .....                                         .....                                         .....                                         .....      0
HPV73MM9    .....                                         .....                                         .....                                         .....      0
HPV54       .....-C-A-----A-----A-----A-----A-----A-T-----      64
CgPV1       .....                                         .....                                         .....                                         .....      0
HPV32       ---T-CG-----T-----T-----T-----T-----T-----C-----G-----      70
HPV42       ---T-CG-----T-----T-----A-----T-----T-----C-----G-----      70
HPV3        ---AC-----CT-----CT-----G-----A-----A-----T-----C-----C-----      70
HPV28       ---AC-----CT-----CT-----G-----CA-----T-----T-----C-----A-----C-----      70
HPV10       ---AC-C-----CT-----TT-----G-----CA-----T-----C-----A-----C-----      70
HPV29       --------CT-----CT-----G-----CA-----A-----A-----C-----A-----A-----      70
HPV77       .....                                         .....                                         .....                                         .....      0
HPV61       -----G-----GG-----CA-----T-----A-----A-----T-----      70
X06         -----G-----GG-----CA-----T-----C-----A-----T-----A-----T-----      70
HPV2a       -----A-----A-G-----A-----AA-----A-----T-----A-----GA-----T-----      70
HPV27       -----A-----A-G-----A-----AA-----A-----T-----A-----GA-----T-----      70
HPV57       -----A-----A-----A-G-----AA-----A-----C-----A-----GC-----T-----      70
HPV26       -----TA-----A-----G-----T-----T-----CA-----CG-----CG-----A-----      70
HPV51       -----A-----CA-----A-----G-----G-----TT-----A-----G-----A-----CGAA-----G-----AT-----      70
HPV30       -----GG-----A-----C-----T-----A-----A-----A-----A-----G-----ACCA-----      70
HPV53       -----GG-----G-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----CA-----T-----CA-----      70
HPV56       -----GAC-----A-----T-----G-----T-----A-----AA-----A-----T-----A-----GGCA-----      70
HPV66       -----GA-----T-----G-----A-----AA-----A-----T-----A-----GGCA-----      70
HPV18       -----T-----CC-----T-----T-----A-----T-----T-----G-----A-----GA-----A-----AT-----      70
HPV45       -----GT-----C-----T-----T-----A-----A-----T-----T-----G-----C-----GA-----      70
HPV39       -----A-----T-----G-----T-----G-----TT-----A-----T-----T-----G-----G-----AT-----      70
HPV68ME180 -----A-----CT-----C-----T-----G-----TT-----C-----T-----A-----G-----G-----AT-----      70
HPV70       -----T-----C-----G-----TT-----A-----C-----T-----T-----G-----G-----AT-----      70
HPV59       -----C-----A-----TT-----G-----T-----A-----A-----T-----T-----G-----AG-----      70
HPV7        .....AA-T-----A-----A-----C-----A-----G-----TT-----A-----A-----G-----ACG-----TG-----CAA-----T-----      67
HPV40       .....AA-T-----A-----A-----TC-----A-----TT-----A-----A-----G-----AACG-----TG-----CCA-----T-----      67
HPV16       ---T-----C-----T-----T-----GGC-----CT-----C-----T-----GT-----A-----A-----A-----A-----      70
HPV35h      ---T-----C-----T-----AC-----AGC-----CT-----C-----AGTG-----T-----A-----T-----      70
HPV31       ---T-----C-----C-----GGCT-----CT-----C-----T-----A-----A-----GT-----A-----A-----A-----      70
HPV52       ---T-----CG-----GGC-----CT-----G-----G-----GTA-----C-----C-----A-----A-----      70
HPV33       ---T-----CG-----GGC-----CA-----G-----G-----GTA-----A-----A-----A-----A-----      70
HPV58       ---T-----CG-----GGC-----CT-----G-----GTG-----A-----A-----A-----A-----      70
RhPV1       ---T-----A-----TC-----C-----A-----A-----GT#-----G-----      69
HPV6b       .....C-----G-----CA-----TG-----TAAC-----A-----C-----A-----TG-----      67
HPV11       .....C-----G-----CA-----TG-----AAC-----A-----C-----A-----TG-----      67
HPV44       .....A-----C-----TG-----GCC-----A-----A-----C-----A-----AA-----ACCT-----      67
HPV55       .....A-----C-----TG-----GCC-----A-----A-----C-----A-----AA-----A-----CT-----      67
HPV13       .....AC-----TG-----GCC-----A-----A-----A-----AA-----T-----CT-----      67
PCPV1       .....AC-----TG-----GCC-----A-----A-----A-----AA-----T-----CT-----      67
HPV34       .....A-----C-----GGCA-----C-----GTG-----T-----A-----A-----A-----      64

```

L1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	CGGATGAATATGTGACACGCACCAACATATATTATCATGCAGGCAGTTCTAGACTACTTACTGTAGGACATCC	143
MM7	0
CP8061	0
HPV72LVX100	0
HPV62	0
CP8304	0
CP6108	0
MM8	0
HPV69	0
IS039	0
MM4	0
HPV43	0
HPV67	0
HPV64	0
HPV73MM9	0
HPV54	-----T-----A-G-----C-----A---C-----T--T-GG---T-----	137
CgPV1	0
HPV32	-A-----CA--T-----TAC-T-----CA-----G--TT-GG---T--G-----	143
HPV42	-T-----CA-----TAC-T--C---CA-----G--T-GGT---T--T--C--	143
HPV3	---C--C-----T-----T-----C-CT-G--G--C--G--T-----	143
HPV28	---C--C-----T--T-----T-----C---C-GT-G--G--C--G--T-----	143
HPV10	---C--C-----T--C--T-----C--AC-GT-G-----C-----	143
HPV29	---C--C-----A--T--T-----T-----C-C--G--C-----G--T-----	143
HPV77	0
HPV61	-T--CCGT---CA-----T--T--T--GT-----CC-T--G-----	143
X06	---CCGC---CCAG--T-----C-G--C--T--G-----C--CC-C--TA---A--T--C--C--	143
HPV2a	---TC---C--G--G--T--TG-G---C---GT-----G--T--C---G--T-----	143
HPV27	---TC---C--G--G--G--TG-C---C---GT-----G--C--C---C--C--C--	143
HPV57	---TC---C--G--G--G--TG-T-----GT-G--C---C-G--C--C--A-----C-----	143
HPV26	---A--T-----GG-----T-----G---C---C-TT--T-A--AT-----	143
HPV51	-A--A-----A-C-----GG-----CT-----C-----A-A--AT-----	143
HPV30	-A---C-----A-AG-----T---T-----C--AC-TT-G--G---T-----	143
HPV53	---CC---A-A-----CT---T-----T--A--C---C-CT-G---C--G-----	143
HPV56	---TCC---A-A-----T-GT---T-----AC--T-G--G--C-----	143
HPV66	---AC---A-A--T---GT---T-----T--C---GT-G--G---T--C-----	143
HPV18	-C---T-----T-C--A-G---T-----T---C---T--T-A---T--TA---	143
HPV45	-T---T-----T-T---A-G---T-----CC--T--T-A---CA---	143
HPV39	-T---T-----T-----AGG-----T---T---C-----T--T-A--A-----	143
HPV68ME180	-A---T--C--A-----TGG--T---CT---T--T-CA---GT--T-A---C-----	143
HPV70	-A---T---A---T--AGG-----T---T--A--C---C-CT--T-A--A---G-----	143
HPV59	-T---G---C--C--T---GT--T-TC--C--C-----C---T---A--T-----	143
HPV7	-A---G--C--CA-----GTT-----T--A-C--GT--T-A--CA-----	140
HPV40	-A---G---CA-----GTT-----T--T--G-C--GT--G--A-----	140
HPV16	---TG-----A-----A-CA--C-----G-A--T-----	143
HPV35h	-T-----A---A---C--C-----G---T-AG---G--T--C--	143
HPV31	---A---A-----C-----G---G---A---C-----	143
HPV52	-T---G---T--T---A-G--C-----T-----C--T---A--A-----	143
HPV33	-T-----T--T---A-G--T---T---T---C---T--G---T--C-----	143
HPV58	-T-----T---A-G--T---T---T---C---TT-GG---T--CA---	143
RhPV1	---CT--T---A-G---C---C--T-----C---T--GG---T-----	142
HPV6b	---CT---T--T-----T-----CA-----T--G-A--G-----	140
HPV11	---CG---T-A-----T-----CA-----C--G--G-----	140
HPV44	---CC---C-A-----C---TA-----T--G---G--CA-C--	140
HPV55	---CC---C-A-----GT--C---TA-----T--G---CA-C--	140
HPV13	---CC---T---T-----T-----TA-----G-A--G--A-----	140
PCCV1	---C---T---T--A--A---T-----TA-----G-A--T--TA---	140
HPV34	-T--A--G---A-----A--T-----T-----T--A-AC-CT-G--GG-A-----	137

L1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

E2 bind for HPV52
-> <-

most-likely	ATATTTTCTATAAAAAAACT.....AATAAC...AAAACAGATGTTCTTAAGGTGTCTGGATATCAA	204
MM7	0
CP8061	0
HPV72LVX100	0
HPV62	0
CP8304	0
CP6108	0
MM8	0
HPV69	0
IS039	0
MM4	0
HPV43	0
HPV67	0
HPV64	0
HPV73MM9	0
HPV54	-----AAAG--C-----C.....-----T...--GCA-AG-A-----A--A--A-----	198
CgPV1#-A--A-----G	17
HPV32	----A-A---T-G-G--ACCC.....-G---TC-A---A-----TG-G	204
HPV42	T---AC----T-C---GGCCA.....-G---TC-A-C-C-A-----T-TA-G	204
HPV3	T-----G---CCCC--T--TCT.....-TC---G-TG--A-----C-CC-T---	207
HPV28	T-----C-C--TCCT--T-ATCC.....-C-----G-C-A---C-CC-T---G	207
HPV10	-----C---CCT--GT-AAGT.....-C--T...--GGT-----C-C---A---T---	207
HPV29	-C--A--A--TCCC--T-CTCT.....GG--T...--GGT-----G-----C--T--G	207
HPV77	0
HPV61	C---G-AG-T-GC-GCTTGA-GGGCTGCAGGGC--G...--ACAC-A-C-C-----C-----	213
X06	T---A-A--G--C-GGTC-A-GGTGC...T-C--A...--GG-CA-CA-A---A--A--G--...	207
HPV2a	----AC-----G-G-G.....-T...--GGT-G-C--G-C---A-----G-C---	204
HPV27	----A-----G-GGG-AGC.....-T...--GGT-G-CA-G-----C-C-C---	207
HPV57	----A-----G-GGC.....-T...--GGT-G-CA-G-----C-C-C---	207
HPV26	-----C---CCT-----GGCC-A...--GG-C-AA-----A---CC---G	204
HPV51	C-----C-A--CCT----C..TC.....-C..G...CGTG-T-C-A-----A--A---C--T---	204
HPV30	----A-----TTCT--GG--GGT.....-TC...-----C-----C--T--G	207
HPV53	T---ACC-C--TTCT--T.....GG.....-G---CA-C-----C--T--G	201
HPV56	C---AC--G-G-CT--GGAC.....-C.....-A-CA---C-A--TAG--C-----	204
HPV66	T---AC--G-TTCC--T--GGT.....-CC.....-A-CA-C---A--TAG--C-----G	204
HPV18	-----AGGG-TTCTGC-GG-GGT.....GGC--T...--GCAG--A-----T---C--C---	207
HPV45	-----AGGG-TGT-CCT-A-GGTGCAGGT.....-CAG-C-----A--C-C-----G	210
HPV39	-----AAAG-GGGT-TG-A-GGT.....GG-CG...--GCAG--CA---A-----C-----	207
HPV68ME180	-----AAGG-CCCT-TGT--GGG.....GGCCG...--GCAG--CA-----C-----	207
HPV70	T-----AAGG--CCTGT--A-GGT.....GGCCG...--GCAG--AA-A-----C-----G	207
HPV59	-----AAAG--CCT--GG-GGT.....--GGT...-G-CAG-----C-----	207
HPV7	-----GAAT-G-----GC-----GG...-G-TGT-TCG-G-----A-----C-----	201
HPV40	---C---GAGT-----C-C.....--GGT...-G-C-TTTC-A--G-----T-----C-----	201
HPV16	C-----C---T-----C-AAC.....-T-TTA-----A--A--A---TA---	207
HPV35h	---C-A-G---T-----CAAGATTC...T-----T-CA-A-C-----A-----T-TG---	207
HPV31	----A--C---CCT--T--GAC.....-CCTAAA---T--T--A--A-----A---TA---	210
HPV52	C-----T---C--CAGTAGTGGT--GGTAAA--GTTTAA---C-----CCTG---	216
HPV33	-----T---TC--ACT.....-CGCTAAA--TT-TTG--A-C--A--A--A--C-TG---	210
HPV58	-----C--C---GTC-CAATAA...C---A...--GT-TTA---C---A--A--C-TA--G	210
RhPV1	C--C-A-G--G---G--GGC.....-C---...--GTGTCA--G-C-----T---T-TA---	203
HPV6b	T-----C---CGGG-----C.....-T-T--G-A-----A-----	198
HPV11	----AC---C-----GT.....-C.....-T--A--A-----	198
HPV44	T-----G-C---CG-CC-G-A.....-C.....-G---CT--G-----T--G---T---	198
HPV55	T-----G-C---CG-CC-G-A.....-C.....-G---CT--G-----A--T--A---T---	198
HPV13	T-----C---T--G--CAA.....-C.....-T-T--C---A---T---G	198
PCPV1	C-----C---T--G--GGG.....-C.....-TAT-----C---A-----T---G	198
HPV34	C---A-C-----GG-T--AATGG...G--ACGT...--G-TT-C---A---A--T--TG---	204

L1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	TATAGGGTATTTAGGGTGCGGTTGCCTGATCCTAATAAAATTTGGATTGCCTGATACATCTTTATATAATCCTG	277
MM7	0
CP8061	0
HPV72LVX100	0
HPV62	0
CP8304	0
CP6108	0
MM8	0
HPV69	0
IS039	0
MM4	0
HPV43	0
HPV67	0
HPV64	0
HPV73MM9	0
HPV54	-----G-----AAC-A-----G-----C-----C-TAG-----	271
CgPV1	-----G--CC-T-----C-T--A--C--C-----G-----T-----C--AGGC--CC-G-----A-	90
HPV32	---A-----TA--C-T--A--C-----AC--A-----A--AAC-----	277
HPV42	--C--A-----A--TA--C-C-----G--AC-----A--TAA-----C--A-	277
HPV3	---A--G-----C--C--A-----G-----CC--A--A--G--CGCA-----C--A-	280
HPV28	-----CC-----C--A-----G-----CC-----A--G--CGCA-----C-----	280
HPV10	-----G--C-----C-----G-----C-----CG-CCGCA-----C-----	280
HPV29	--C-----T--CC-T-----T-----C-----G-----T-----C--G-CCGCA-----C-----	280
HPV77	0
HPV61	-----G-----A-A-C-T-----C-----CT-----GGCA-C-G-----	286
X06	207
HPV2a	--C-T-----CAC--AA-----A-----A-----G-----CC-----C--G-TGA--G--G--A-	277
HPV27	--CC-T-----CAC--TAA-C-----A-----C-----CC-----G-TGACC-----G--A-	280
HPV57	--CC-T--G--CCAT--AA-C-----G--C-----G-----TC-----G-CAACC-C-----C-	280
HPV26	--C-----A--ACC-A-----C-----C-----CAG-----	277
HPV51	--C-----A-A--A-A-----C-G-----C-C--G--C--AA-----A-	277
HPV30	-----C-----C--C-----C-----C-----G-----G--A-----CAA-G--T-----	280
HPV53	-----G--A--A--CC-C--A-----G-----CC-T-----AA-A--T-----	274
HPV56	-----A-----A-----C--C-----G-----GC-T--A-----TAA-A-T-----G-	277
HPV66	---A--G-----A-----G-----C-----CC-T-----C-----	277
HPV18	---A-----A--A--C--A-----T--A-----TAG-A-T-----	280
HPV45	-----G--A--AGCT--A--C-----A-----T-TA--A-----	283
HPV39	-----C-C--ACA-----C-----CA-TA-T--A--G--C-----A-	280
HPV68ME180	--C-----G-----A-TTCCC-A-----A-TC-T-----GT-TA-A-----C-----	280
HPV70	-----ATCCC-A-----G-----CC-T--G--C-T--CC-T-----	280
HPV59	--C--A-----TAA--A-----C-----CC-T--A-----ACA-AG-----G-----A	280
HPV7	--C--A--G--A--A--C--C-----AT-A--C--G-----T--T--	274
HPV40	--C-----A--T-----C--G-----G-----T--AT--C--C--C--G-T--T--	274
HPV16	--C-----AA-A-AT--A-----C--C-----G-----T--T-----C--C--A--T-----A-	280
HPV35h	--C--A-----A--AAAA--A--A-----G-----T--A--C-----A--T--G-----	280
HPV31	-----T--T--A--A-----A--C-----T-----T-----T-----	283
HPV52	--C-----AA-TAAA-----G--C-----T--T--A-----T-----C--A-	289
HPV33	-----T-----C--T--A--A-----T-----C--C--C--T-----C-----	283
HPV58	-----C-----T--A-----C-----T--T-----T-----C-----	283
RhPV1	--CC-A--G--C-A--T-----C--C-----G-----CC-T--A--G-TAAC--T--G-C--A	276
HPV6b	--C-----A--GT--A--A-----C-----C-----CT-G--C-T-TCG--CA	271
HPV11	---A--G--A--AGT--A-----A-----C--G--C--A-----T--CC-G-T-G-C--CA	271
HPV44	-----T--A--A--GTA-----A--C-----CC--A-----C-----A-----G-C--CA	271
HPV55	-----T--A--GTA-----A--C-----C--A-----C-----A-----G-C--A	271
HPV13	-T-----AA--TGTA--A-----C-----CCC-----C-----A--T-G-CT-AA	271
PcPV1	-T--A-----AAA-AGTA--A-----C-----CT-----C-----A--T-G-T--A	271
HPV34	--C-----AA-A--T--A-----C-----G--C--A--G-----T-----	277

L1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

E2 bind for HPV56		
-> <-		
most-likely	ACACACAACGCTTGGTGTGGGCCTGTGTAGGTGTGGAGGTAGGTCGTGGACAGCCATTAGGTGTTGGTATTAG	350
MM7	0
CP8061	0
HPV72LVX100	0
HPV62	0
CP8304	0
CP6108	0
MM8	0
HPV69	0
IS039	0
MM4	0
HPV43	0
HPV67	0
HPV64	0
HPV73MM9	0
HPV54	-G-----A-A---A-CAC-----T--A-G-C-----G--C---CC-A--	344
CgPV1	-G--C--A-G-A-A-----CCGT--G--C-----A-G-----TC-G--A---C-C--	163
HPV32	-A-----TA-----G--T-----T-C-----T-----C-----	350
HPV42	-G-----G--A-----G-GC-A--A-----T--G--C-----	350
HPV3	--G-CG--A-GC---C---T--CACT--G--T-----C--C--G-T--T--G---A--CC-C--	353
HPV28	-TG--G--A-AC---C---T--CACT--G--T-----C--C--G-----T--G---C--CC-C--	353
HPV10	--G-CG-G--AC---C---T--ACT--G--T-----C-G---G--GC-C--	353
HPV29	--GG--G---T-----CACT-----A--G--A--TC-C---C--GT-G--	353
HPV77--A-A-----C--G--GT-A--	32
HPV61	-T--TG-G--A-----CAGG--CA-T---T--A-G--G-----G--G-----C---	359
X06	207
HPV2a	-T--C--GA-AC-TC-----G--C--G--A--A---G--C---G---T--G---G--G-GTC	350
HPV27	---T--A-AC-AC-----G--C--G--A--A---G--C--A--G---T-----G--G-GTC	353
HPV57	---C--G--TC--C-----C--C--T---G-----C---TC-G---A--G--ATC	353
HPV26	---G---C-----T---T--A--T--A-A-----CA---CC---	350
HPV51	---G-TA-G-----GT---G--C--T---G--CA-A-----CC-T-----CC---	350
HPV30	--GCAGG-G--GC---A-----G--CC--AA--C---C--A--T-----G---	353
HPV53	--CAGG-G--GC-T--A-----GC-A--A-T--C-----T-----G-A--	347
HPV56	--CAGG--G--A-----A-----T-----C--C-----T-----C--GC-A--	350
HPV66	--CAGG---T---A-----T-----C--A--T--A--T-----C--GT-A--	350
HPV18	-A-----T--A-----CT--A---AA-T--C---T---T-----CC---	353
HPV45	-A-----T---T---A-----A---AA-T-----G---T---A---CC-A--	356
HPV39	-A-----T--A--A---T---G---G--CA-G--C-----G-----	353
HPV68ME180	-T--G--G--A-----T---T--AA-----A-G--G-----CC---	353
HPV70	-----C--A-----A-----AA-T--A-A-C-----G--C---CG---	353
HPV59	--T-T-----C-----T--AA-C---G--C--A--T---G--A--AC-C--	353
HPV7	-A--C-----C-T--A-----T---T---C---A--T-----A--C-----	347
HPV40	-A--G--G---C-T-----A---G-----C--C---C---CC---G---G---	347
HPV16	-T---G--GC---T-----T-----T-----T-----G--C---	353
HPV35h	C-T-C--G--T---T-----AC--A--T--A-----T-----G---A-----	353
HPV31	-A--T-----A--T-----T--T-A-----C--G-----A---	356
HPV52	-A--C---A-G-----AC---CT---AA-T--A-G-----T-----G-----	362
HPV33	-T-----A--A--A---A-----CC-T--AA---A--A--G-----C---C--A--	356
HPV58	-T-----T---C---A-----CC-T--AA---A--G-----G-----CG-A--	356
RhPV1	-----G---C-T-----T---C-----G--G-----C--G--A--G--C-CC-	349
HPV6b	CA-----T--A--A---A--CAC---CC-A---G--CA-G-----G---G-A--	344
HPV11	CT----G--T--A--A---G--CAC---GT-----CA-G--T--A--T---C---G---	344
HPV44	CT--G-----C---A-----CA-C--GC-----A--A-----C-----	344
HPV55	CT--G-----C---A-----CA-T--GT---A--G--A--A--C---CC-G-----	344
HPV13	CT-GT-----A-----AC---T-A---T--A--G--T--A--C-----	344
PCPV1	CT-GT-----T-----A-----T-A---A--G--T-----	344
HPV34	---AGG-G--G---T-----C--C--T---T--A--C-----A--A---C---	350

L1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	TGGTCATCCATTATTTAATAAAATTGGATGATACTGAAAAATTCTAATATATATGCTGCTGATCCTGGTCAGGAT	423
MM7	0
CP8061	0
HPV72LVX100	0
HPV62	0
CP8304	0
CP6108	0
MM8	0
HPV69	0
IS039	0
MM4	0
HPV43	0
HPV67	0
HPV64	0
HPV73MM9	0
HPV54	-----A-----G-ACC--A---T-G...G-A--AGCT--C	414
CgPV1	---C---C--G--C---G-C-----C-----G-----	205
HPV32	---G---T---A---G-----GGGCC--G-----A-GG---AACT---	423
HPV42	---C-----G---G-----G-GCC--C---G--GA-GC-----ACA--C	423
HPV3	---A---TC-T-A---C--GC-A---C-----C---C--GCACA--GG--CATA---A-A---	426
HPV28	---A---TC-C-A---C--GC-A---C-----C---C--GCACA--GG--CAT---A-----	426
HPV10	---A-C--TC--A---G-C-A--G-C-A---C-----GCACA--GGCCAAT-----	426
HPV29	---A-C--TC-G-A---C--C-A---C-----TGACA-----AAA-----	426
HPV77	---A-C--TC-G-A---C--C-A---C-----C--C--C--TGACA-----CAA-A---CT--C	105
HPV61	-----C--GC-G-AC--CGCC-----C-----CA-C-CA...-TACT--T--CAGAGTCCTCT--C	429
X06	207
HPV2a	-----C---AT-AC---G-C-----C-----G-AC-C...ACAC---A...A-A-C-G-T---	417
HPV27	---A-C---AT-A---GGCA-----C-----G-AC-C...ACACT--A...T-A-C-G---	420
HPV57	C--C--C--T-AT-A---C---CA-----AC-C...A--C-C-AC...G-A-C-G-T---	420
HPV26	---A---T--G---G-----C---C--C--T-GGC-A---TAA--G-A-ACACT--C	423
HPV51	-----C-----AT---C--A-----ACGC--GCAAA--GCA--G-ACAA--A---	423
HPV30	---CA---T-----C-----G--C-C---GC-AA-CAG---A-A-CAG-----	426
HPV53	---C---C--G--C---GG-----C-----GC---G---GC-AT-CAG---A---CC-C---C	420
HPV56	---C---G---GGC-----G---C---T--GCAAA-AA-A--GT-ATAG-A---	423
HPV66	-----GGC-----C---GGTC-----T--GCA-G-AA-A--GT-ATAG-A---	423
HPV18	---G-----T-A-----A---C-----G---CC--GCCGCCA-GT--A--GT-TC-G---C	426
HPV45	---C-----T-A-----A---G-G--C--GC-GC-A-A---T-AT-ACG-----	429
HPV39	---A-C-----A---G-CA-----C--ACCAT-T-CAT-AA-C...A-CAA-A---C	423
HPV68ME180	---G-----A---GGC-A-----CCCCT-T-CCT-CAACA-AAA-CC-A---C	426
HPV70	---A---T---A---G-----C---T-T-CCT-----T-AG-ACA---C	426
HPV59	-----A-----C-----C--G--GCAT-----T-GA-ACCA-A---	426
HPV7	-----AC-----GAT--A--GTG---C--GTC-G---GAA-A-TA-----C	420
HPV40	---C-----AC-----GGAT--G--GTG---C--ATC-GCC---GCA-A-G--G--G-----	420
HPV16	---C---T---A-----C--A---G--G-GCT---A--AA--G-A---GT---	426
HPV35h	-----T---A-----A-----T--G-A-CT---ACA---	426
HPV31	-----A-----T---C-----C-----G-----C-G--G---CACT---	429
HPV52	---G---T---A--C--G--T-----CCAG---C-A-----G-A-A---ATA---	435
HPV33	-----T---A--C---T---C-----CCGG---C-AG---C--GAC-A--G--GCT---	429
HPV58	-----T-AT--A-----T---C-----CCAG---C-G---C-C--AC-G--A--GTCT---	429
RhPV1	-----C--GC-G--C---C-A---C--G-----GGCCC--A-GTG--C--GG-GA-AA--AGCA---	422
HPV6b	---A---T--CC-A-----AT---GT-----AGGG...AG--G--G-A-C---A-----	414
HPV11	---G-----GC-A--C---AT---GTA-----AG-GG-GGG---G--G-A-----	417
HPV44	---G-----A-----GTA-----AGC--GT---A--C-G---G-----	417
HPV55	---G-----A--C---GTG---GC--GT---A--CAG---A---C	417
HPV13	-----A-----AT---GTG-----GCA-GT-----CA-----	417
PcPV1	---A---T--G--A--C---T---GTA-----GC--GT-----TAA-C---C-----	417
HPV34	---A---T--TA-G-----C-T--G-----G--GCA-A---AT--G--GAAACATAGCA---	423

L1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	AATAGGGAAAATGTATCTATGGATTATAAACAAACACAGTTATGTATTGTTGGCTGTACACCTCCTATAGGGG	496
MM7	0
CP8061	0
HPV72LVX100	0
HPV62	0
CP8304	0
CP6108	0
MM8	0
HPV69	0
IS039	0
MM4	0
HPV43	0
HPV67	0
HPV64	0
HPV73MM9	0
HPV54	-----TAGC-----C-----T-G-----C-----A-----T-	487
CgPV1	205
HPV32	----A-----G-----C-A-G---T-G-G---T---A---G-C---T---C-	496
HPV42	-----T-----G---T-A-----A---G-C-----	496
HPV3	TCCC---C---CA---G-T---CA---G---G---C-----G-T---C---A---G---	499
HPV28	TCCC-A---C---CA---C-T---A---G---G---G---C-----T---C---C---A---G---	499
HPV10	TCAC---C---A-T---G-T---A---G---C-----A---T---A---G---A---	499
HPV29	TCC---C---CA-TG---G-T---C---G---AC-G---C---C-G---G---C---G---C-	499
HPV77	TCCC---C---CA-T---G-T---C-G---G---AC-G---C---AC-G---G---C---C---G---	178
HPV61	-G-C-T---C---G---G-T---G---G---C---C---CT---A---T---C-A---C---T---	502
X06	207
HPV2a	GGC-----CA-T-----G---C-G-TC---C-G---C-A---C---T---T-	490
HPV27	GGA-----A-T---C-----G---C---C-G-T---C---A---CT---T---T-	493
HPV57	GGG---GT---A---C-----G---C-G-T---T-G-T---C-AG---C-----T-	493
HPV26	--C---C---T---AG-T---A-----A-A---T---G---CT-G---A-	496
HPV51	GT---A---T---CAC---G-T---CA-C---G---T---AA-A---G-T---A---T---	496
HPV30	-G---C---CA-T---G-T---CCA-G---C---A---G---A---G---C---T---G---A-	499
HPV53	-G---T---T---AG---CC-----C---A---G---CG---T---	493
HPV56	-G---C---A---AG-T---GGC-G---G---A---T---CG---G---T---	496
HPV66	-GCC---C---A---G-T---G---C-----G---A---G---AG-AT---	496
HPV18	GT---C---G---G-A---G---G---T-G---G-C---G---T---	499
HPV45	GT---T---G---AG-T---G---C-G---T-A-T---GT---G---T---T-	502
HPV39	-G---T---G---G---G---G---C---A-A---GTT---CG-C---T---	496
HPV68ME180	-G---C---T---AG---C---G---AC---A-A---GTT---G-C---T---	499
HPV70	-G---C---G---G---C---G---A-A---GTT---G---G---A---	499
HPV59	-CAC-T---T---G---G---C---G---T---C-G---A---GT---G-C---T---A-	499
HPV7	-GC-A-----TG-----T-----A-----T---A-	493
HPV40	-G-----G-----G-----GT-G---C---C---A---T---	493
HPV16	----A---TG-A-----C-----A---G---T-AA---T---C-A---A-----	499
HPV35h	--C---TGCA-T-----A---G---T-AA-A---T---GG-----T-	499
HPV31	-----TG-A---A-----AC-G---T-AC---T---C-A---A---T---A-	502
HPV52	-----TG-T-----G---G---T-----C---T-A---A---C-A-----T-	508
HPV33	-----TG-T---C-----T-AC---A---AG---A-C---	502
HPV58	--C---TGCT-----A---T-AA-----A---C-CT---T-	502
RhPV1	--C---TG-C---G---A---C---C---G---C---G-C---GC-A---A---C-AG---C---G-G---T-	495
HPV6b	--C---TT---GG-----A---C---G---A---G-C---C---T-G---C-	487
HPV11	HPV11 --C---TT---GG-----C---C---G---G---G-T---A---GT---T-	490
HPV44	--C---T---GG-C---C-----A-----T-G-----G---C---GT---T-	490
HPV55	--C---T---GG-C---C-----A---T-A---G---C---AT-G---	490
HPV13	-----TT---GG-C---C-----T-A---G---G---T---T-	490
PcPV1	-----TT---G-A---C-----T-G---A---T---G-----T-----	490
HPV34	-G---GTG-A-G---AG-A-----A-----AG---CT-----	496

L1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	AACATTGGGGTAAGGGCACTCCATGTAATACTACTACTGTAACTCCTGGTGACTGTCTCCATTGGAATTAAT	569
MM7	0
CP8061	0
HPV72LVX100	0
HPV62	0
CP8304	0
CP6108	0
MM8	0
HPV69	0
IS039	0
MM4	0
HPV43	0
HPV67	0
HPV64	0
HPV73MM9	0
HPV54	---C---C---A---AC-T---CAC---A---AT-GG-G-----T-----G-	560
CgPV1	205
HPV32	-G-----TG-G-T-CTC-G-ACAAT-A. . . . AA--C-----C-A-T-----CA	563
HPV42	-G-C-----A-T--G-C---CAC-ACAGT-C. . . . AA-----C-A---A-----A	563
HPV3	-G-----C-A-A-A-----GCAG-A-G-G. . . T-A--G----T-----TC-A-GC-T--	569
HPV28	-G-----C-----G-C-----CG-CAA-A---A. . . CAA-AG-A--T--C-----G----GC-T--	569
HPV10	-G-----C-----A-C-G--C-GG-ACC-AC-. . . G-A-AG-C--T--C---CC---GC-T--	569
HPV29	---C-----GTG---GCACG---G-TCCG-G-----T--C--C--CC---G-----	572
HPV77	--T-C-----T--C--T---GCACG---A-ACT--C--A--A-----C-----G-----	251
HPV61	---C---ACA---T--G-T---GC--ACC-CG-GCCCCGG--CAC-----C-----T-C	575
X06	207
HPV2a	-G-C---TC-----T-CA-C-----GGGT--T-. . . G-G-----C-G--CC-CC---T-C	560
HPV27	-G-C---TCC-----A-CA-C-----GGGT-CT-. . . G-G-----C-G--CC-CC-G--T-C	563
HPV57	---C---TCC-----A-C--C-GCGGGT--T-. . . G-GT-----C--CC--C-G--T-C	563
HPV26	-G-C---TT-----AT-----A-A--ACAGAC-CAA-G--G--T--C--C--A-----	569
HPV51	---C-----TT-----A---C--A-AC--AC-----C---A-A---C--C--CC---C-TG-	569
HPV30	-----C--A-----G-C---CG-T--G-GC-CCCTG-A-AA-G--T-----C-----C-TG-	572
HPV53	---C---ACA---T--GG-C---CG-T-C--AC--ACT--AG-G--C-----C--C-----C-T--	566
HPV56	-----AC--A--TG--GTG-----GT-C--ACAA--T--CA-A-G-----C-G--TC-T-C-----	569
HPV66	-----AC-----G-GGTG-----GT---AC-A-GT-A-A-A-G--T-----A--TC-T-C---G-	569
HPV18	---C---C---A-----G-T---AT-GCG-C--T--T-A-AG-C--T--C--C--T--A--C-T-A	572
HPV45	-G-C---CC-----A-TT---AC--G-ACAAT-GCAA-----C-----T-----C-T-A	575
HPV39	-G-C-----A-AGG---C--GC-C-A--A---T--A-G--G-----T-----C--G-	569
HPV68ME180	-G-C---CC--A--T-AAT-T---GC--GC-A--GCAG--C--G-----A-----G-	572
HPV70	-G-C---C-----AGG-C---GT-C---CAA. . . . -AG-C--T---A---A-----G-	566
HPV59	---C---ACA-----G-T-----GC-----GGT--AG-C--T-----C-A-----	572
HPV7	--T-----T--T--A--G--C--G--T---AA-GT-----GT-C-A-----A	566
HPV40	--T-----G--C--G--T--CGG---C-T--G-----GT--A-----A	566
HPV16	---C---C--A--AT-C-----CC-A-GT-G-A---A--A---T---A---A--G-----	572
HPV35h	-----A--A--A--T-----G--ACCAG---AAG-A--A--A-----T---G---C-	572
HPV31	-G-----A--T-G--T---G--AC-A-G--A-T--C-----T-----A-----A	575
HPV52	-----A--C--T-----A--A-T-A-G--A---A---G--T-----CC-AC-GC-C--	581
HPV33	-----A--TGT-G-T---C--A-G-AG-A. . . C--G-CAA--T---A--T--A--C-T--	572
HPV58	-G-----A--TGT-G-C---C-A--A-G-A. . . G--G--AC--T-----C--TT-	572
RhPV1	-G-----A--A--A--A--T--C--CC---GGCG-. . . . G-A-----C--G--C--T--GC-TG-	562
HPV6b	-G-----A--T-AA-AG---C--A--AC---CAGG-----C--G--C--A--C-T--	560
HPV11	-----T--A--A---TCA-A---CT---CAAAA-----C--C--G-----C-T--	563
HPV44	-G-----A---AG-AG-----A-GT--G---T-AGGA--G-----C-----C-----	563
HPV55	-G-----AG-----A-GG-G---A-AGC--A---C---CC-----	563
HPV13	-----AC-----AG-A---C-GG-GTA-A---CAA---A--T--C---T--A-----	563
PCCV1	-----A---A--A---TCAGG-GTA-G---CAAGA--C--T-----G-----	563
HPV34	-----CA---A---GG---CCAA-A-. . . . G--G--A-----GC-T-----A	563

L1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	AAATACTGTTATTTCAGGATGGTGATATGGTTGATACAGGCTTTGGTGCCATGGATTTTACTGCATTGCAGGCT	642
MM7	0
CP8061	0
HPV72LVX100	0
HPV62	0
CP8304	0
CP6108	0
MM8	0
HPV69	0
IS039	0
MM4	0
HPV43	0
HPV67	0
HPV64	0
HPV73MM9	0
HPV54	---T-ATA---A-----A---T---A---G---T-----AAA-CC-A-AA-C	633
CgPV1	205
HPV32	---C-G-----CA---GT---G---A---A---C---G---T---AA--	636
HPV42	---G-T-----G-----G---GT---G---G---AC-A---GG---T---A---AT-C	636
HPV3	T-C-G-ACC---A-A---C-----G-C---T-A-----C---GG-AAC-----T-C	642
HPV28	---C-G-CCC-----G-C-T-----A---C---G---T---A---C	642
HPV10	---C-T-CCC-----G-C-T---A---G-----C---T---A---ATTA	642
HPV29	G-CC-ACA---G-----C-----G---C-G-AC-----C---G---TC---A-T-	645
HPV77	G-CAT---TA-----C-C---G---C-G-A-----C---CC---ATT-	324
HPV61	---CACC---A-----C---G---A---A---G---T---G-----AA	648
X06	207
HPV2a	T---C---AAC---G---C-G-----A---G-C---T-----G-CA-TC---T-A	633
HPV27	T---T---AAC---G---G-----A---G---AT-----CG-CA-TC---T-C	636
HPV57	---CAC---G-A---G-----A-C-G-C-G---GC-----G-C---TC-A---T-C	636
HPV26	TTCC-GCA---G-----C---A---A---T-----C---A---A	642
HPV51	-TCCT---C-----C---A---G---A---T-----CG---CC-A---C	642
HPV30	T---T---CC---A-----C-C---TT-G-----AAA---A---AA	645
HPV53	C---T-ACC---G---A-C---G-C---T-----AT-AA-C---AA---T---AA	639
HPV56	T---ACC---AG---G-C---A-A-C---A---C---T---C---AG-TG---AA	642
HPV66	T---CCCG---AG---C---G---C-C-G---A---A---G---C---AGCT---A---AA	642
HPV18	---C-A---T-GG-A---A---T---A-A---C---G-A---A---A-A	645
HPV45	---C---CA---G---G---T---A---G---A---G---A---A---A	648
HPV39	---C---CCC---G---A---T---A---A---T---C---GG-----AA	642
HPV68ME180	---ACC-----C---A---A---A---T---C---G-A---A---A-AA	645
HPV70	T---CA---G---C---A-A---A---A---C---CG-A---AA	639
HPV59	T---ACCA---G-A---A---C---A-A---G---T---C---AATTG---A	645
HPV7	--G-GAA---G---C-C---G-----G-AT-----C	639
HPV40	--C-GAG-----C-C---G---T---T---G---T-C---C	639
HPV16	--C---A-----T-----T---C---A---A	645
HPV35h	---C---AC-A-A-C-G-C---A-C---A---A---A---A---A---A	645
HPV31	---T-A---A-A---G---A---A---T-----T---A---A-AC	648
HPV52	T---C-G---A-A---G-C---A---A---TG-----A-A-C---A---	654
HPV33	---A---G-----G-C---A---TG-----AAA-----	645
HPV58	T---T---A---G-----C---A---G---ATG-----C---GG-A-----	645
RhPV1	T---CT-A---A---G-C---G-A---C---T---C---A---C-----C	635
HPV6b	T-CC-G---A---C---C-----T---A---G---AT-----A-C	633
HPV11	T-CC-G---A---G---C-----T---A---G-A-AC---A-AA-C	636
HPV44	T-C-G---A---G-----G-C-T-T---A---A---G---A-----C-A	636
HPV55	T-C-G---CG-A-----G-C-T-T---A---A---CG---A---AC-A	636
HPV13	T-G-G---A---C---G---A---A---A---G-G-A---AT--	636
PCCV1	T-C-G---A-----A-----G-ACA---A-AT--	636
HPV34	G---C---CAC---A-----A---GTG-----AG---C---A---A	636

L1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

poly-A signal		
-> <-		
most-likely	AATAAATCTGATGTGCCTTTAGATATTTGTAATCTATTTGTAATATCCTGATTATTTAAAAATGGCTGCAG	715
MM7	0
CP8061	0
HPV72LVX100	0
HPV62	0
CP8304	0
CP6108	0
MM8	0
HPV69	0
IS039	0
MM4	0
HPV43	0
HPV67	0
HPV64	0
HPV73MM9	0
HPV54	TCA--AG--G--A--CC-T--G-AGC--CC--A-----CC-T-----	706
CgPV1	205
HPV32	TCA--G---G---A-----ATG--C--C--A-----C-----T-----	709
HPV42	TCC--G---G--A---G-----GTA--T--A--AC-----C-----T---T-	709
HPV3	----G--A--C---A-----CC-GA-C-CC--C-----GGGT---C--T-	715
HPV28	----G--C---C---C-----CC-G--C-C--C-----GGC---C--G-	715
HPV10	----G---C---A-----CC-----C-----A-----GGG---C--G-	715
HPV29	----G-----CC-T-----CC-G---CG-----C--C--GGC-----T-	718
HPV77	----G---C---CC-T-----CC-G-----C-----C-----GGGC-----C-	397
HPV61	-----A---A--G-----C-CCA---A--C--G-----C-----T-	721
X06	207
HPV2a	----G--A---T---G-----CCAA--CC-----C-G--G-----	706
HPV27	---GG-----T---G-----C-AACG-C-----A---CC-G-----	709
HPV57	--C---A---C--C--G---C---CTAAC--A-----A--C--C-G--G-----	709
HPV26	--CC---A---CA-T-----A--C---C-CA-----C-T---T-----	715
HPV51	--CC---A--C--C---G-----CAC-G---G-----T-----	715
HPV30	TC-----A-----CAC---C-CC-----AG-----	718
HPV53	TC-----A--G-----GTAC---C-CA-----C-----G---AG-----	712
HPV56	TC--GG---G--A---C---GTAC---C-CC-----C-----T-----	715
HPV66	TCA--GG---G---A--G--C---GTAC---CA-----T-----	715
HPV18	-C---G---G--A--A--G-----C-G-----C---T-----	718
HPV45	-CA--G-GC--G--T--A---C---C---C---A-----GC---T---T-	721
HPV39	--CC---AG--G-----C---C---C-----GC---T-----	715
HPV68ME180	-CA---AGC--G-----A---C---AG-C-C-----C---T-----	718
HPV70	--CC---AG--G--A--AC-----CC---CG-G-----GC-G---T---T-	712
HPV59	--C---AG--A--A--A--G-----C-G-----C---T-A---	718
HPV7	-----AGC-----T-A---C-----A-----C--A-----GG-----	712
HPV40	-----AG-----A--G---T-A--C--C-----A-----A-----GGG-----	712
HPV16	--C---AG---A--T--AC-G---C-----C-----A-----A-T---TGT---	718
HPV35h	-----AG-----T--CC-----A--C-GT--C---C-----C-----T-T-T-	718
HPV31	-C---AG-A---T---G--C-----T-----A-----C-T---T---T-	721
HPV52	-G---AG-----CA-T---A---GCAG-G-A---G---A-----GC-----AGC-	727
HPV33	-----AG-----T--A-T-----GGCAG--CA--C-----A-----A--AGT-	718
HPV58	-----AG-----A-T-----CAG--CA--C-----A-----CAGT-	718
RhPV1	--C---A---T---A---C--A--C--CTAGCG-G--C---C---C-----AT---	708
HPV6b	-----A---T---A-T--C--A---GGCA--CA-----A-----C-----	706
HPV11	-----G---T--CC-T-----GG-A--G--C--C-----GC-----	709
HPV44	-----T--A-----A--C-CTG--CA-----C---C-----	709
HPV55	-----T--C-----A--C-CTG--CA--C-----C---C-----T-	709
HPV13	-----AC---C--A--C-CG--C-CA--C-----C---C-----G-	709
PCPV1	-----A---A-----A--C--C-G---A---C---C-----C---C-----	709
HPV34	-----AG-----CA-T-----CC--CA---A-----A-----C--GGC---C---	709

L1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

GRE for HPV39
-> <-

most-likely	ATCCATATGGCGACAGTATGTTTTTTTATTTCACGAAGGGAACAAATGTTTGCTAGACATTTTTTAAATAGGGC	788
MM7	0
CP8061	0
HPV72LVX100	0
HPV62	0
CP8304	0
CP6108	0
MM8	0
HPV69	0
IS039	0
MM4	0
HPV43	0
HPV67	0
HPV64	0
HPV73MM9	0
HPV54	-GG-----G-----T-A-----C--A-GC-----T--G--A-G-A-----	779
CgPV1	205
HPV32	-GG-C-----A-----C-T--GA--C-----T-C-T--C-G-----	782
HPV42	-GG-C-----T-----C-T--A-GC-A-----T-C-T--G-----	782
HPV3	-G-C-----C-----G--A--G--GT-----A-----C--C--A--	788
HPV28	-G-G-----C-----C--G--A-----C-T-C--C-G-----A--	788
HPV10	-G-T-----C--C--C--G-C-----C-----A-----C--C--	788
HPV29	-C-C-----C-----T-C-G-T-----C-----C--G-C-C--C-T--	791
HPV77	-C-G-----T-C--C--TCC-C--TC-----C-----C--C--C-T--	470
HPV61	-A-----A--T-----G--C-----C-C-C--C--C-CCA	794
X06	207
HPV2a	-G-T-----T--TTC-----C--C-CGC-G--T-----CA--C-T-----C--CT--G	779
HPV27	-G-T-----T--TTCC-----C--CGC-G-T--A--G--CA-CC-T-----C-----	782
HPV57	-C-T-----TTC-----C--CCC-G-C--G-----CA--C-G-----C--C--G	782
HPV26	--A-----AA--C-----T-C-T--CC-----T-A--C-----A--A--	788
HPV51	-CA-----TA-TTCC-----C-----C--G--C-----G--C-A--A--AACT	788
HPV30	-CG-C-----TTC-----GG--C--G--T-----GT-A-----G--C-AC-----	791
HPV53	--G-C-----G--TTC-----GG-----T-----GT--A--C-----	785
HPV56	--G-C-----T--TTC-----GG--C--C-----T-A--C-----A-----	788
HPV66	--G-C-----G--TTC-----GG--C--C-----T-----C-----AC-----	788
HPV18	---T-----G--TTCC-----GC--GC-T--G--GC-T-----G-----GG--A--	791
HPV45	---C-----G--TTC-----GCC--CC-T-----C-----A-----GG-----	794
HPV39	--GTG-----G-----C--C-G-----T-----C-----A-----GG--C-T-G	788
HPV68ME180	--GT-----A-----C--G-----T-----GT-A-----G-----GG--A-G	791
HPV70	--GT-----G-----G--G-C-A--GT-----C--G--C--GG--A-G	785
HPV59	--G-T-----A-----G--A-GC-A--GG-T--C-----GG--AT-	791
HPV7	-A-G-----TA-T--T-A-----T-C-TA--A-----T--G--C-----	785
HPV40	-A-G-----AA-T--T-A-----T-C--C-----T--G--C-----	785
HPV16	-A-----CT-A-----T-----T-----A-----	791
HPV35h	-G-----A--T-TGT-A-----T-----G-----T-----A-----	791
HPV31	-G-----T-CAT-A-----T-----TA--G-----AT-	794
HPV52	-G-----T-----T--C--T-C-TA--C-T--G-----T-----C-----	800
HPV33	-G-T-----T--T--T-A--C-T-C-T--C-T-----TA--C-----	791
HPV58	-A-T-----G--T--T--C--T-C-TA--C-T--G--G-----T-----C-----	791
RhPV1	---C-----CT-----CC-G--G-----G-----TC--CC-G--C--A--	781
HPV6b	-C-----T--T--AT-A-----T-C--G-A-----C-----C-----	779
HPV11	-C--T-----T--T--GT-----G--A-----C-----	782
HPV44	-----G-----AT-----C-----A--G-----C-----	782
HPV55	-----G-----AT-----C-----A-----A-----	782
HPV13	---T-----A--AT-A-----C--G--A-----A--G--C--C--	782
PcPV1	---T-----T--AT-A-----C-----T-AA-----A-----	782
HPV34	---C-----TTC-----GG-----A-T-T-----T-----CC-A--C-----	782

L1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

E2 bind for HPV56

-> <-

most-likely	TGGTACTGTTGGTGACACTATACCTGATGACTTATATATATTAAGGTACTAATAATAGT.....GATACT	852
MM7	0
CP8061	0
HPV72LVX100	0
HPV62	0
CP8304	0
CP6108	0
MM8	0
HPV69	0
IS039	0
MM4	0
HPV43	0
HPV67	0
HPV64	0
HPV73MM9	0
HPV54	A----CA-G----GC--G----A-----C----GAAAT-CTCAGG-.....-AC	837
CgPV1	205
HPV32	A--A--CC-----AC--G-T----G--A-G----A---C-T----GG-GC-TCTGGCAGAA--A-	855
HPV42	---CG-AA-----AC--G-----AC-G---CC--G-C-G-----GCATCTGGCAGAC---A-	855
HPV3	---TG-C---A---CG-G---C-CG--G--C-----GAC-G-C-G--CGGCGGTCGG---AA	861
HPV28	---GT--C---G---C--T---AAC-A-G-----CAGGGC--CG-GAG.....G---GTG	855
HPV10	-A--G-----A--G-C--C--A--CACT--CATAT-A--GA-C-ACGG-GGGG-G.....CGAGAC	852
HPV29	---GTA--A--G---AA--C--A--TC--G--CT-A--G---AC--CGGGC-A.....-A---	855
HPV77	G--GA-----A---AA--T--A--ATCT--G--CC-C-----G-G--GCGGGC--.....-G---	534
HPV61	G--GTCA-G----GG-AC-G----CTCT-AT---C---G--G-G--G-C-AG.....-CGG-C	858
X06	207
HPV2a	----AGA-G-----C--C--G----G---C-----A---CTCAGT-CCA.....---	840
HPV27	----AGA-G-----A--C--A---G--G--C-----A---C--C--TCTCG.....GAC	843
HPV57	---GT-GA-G----G-CC-C--G---GC---G-C--GA--T---CCGTCCAG.....--C	843
HPV26	G--GG-----G--TG-----CACCACCT--G-----G--G-ATCAG-CAG.....G--GC-C	855
HPV51	--TAGG-----G--AGAC--T--A-C--T-AT-----G---G-GG---G-CCG.....T--CC--	855
HPV30	A--G--A-----ACAAT---AGCACA-----A-----A---C--G.....--C-C	855
HPV53	A--CGT-A-----GGAA-----A-----G---G---GGC--G.....--CC-G	849
HPV56	---AA-----G--A--A-----CA--G-----T-A--G---GC--GG--A.....-AC-C	852
HPV66	A---A-----G--AG-C--T--ACA--T--G--TGG--G---GGC--GGC--G.....-CC--	852
HPV18	A-----A-G-----G-G--C-ATC-----C--AGG--TGCC.....-C-T-A	855
HPV45	A--GT-A-G-----AG-----ACG--C-----C---GCGC--A-ATG...CGT--A--C	864
HPV39	---TG--G-----G-C--T---CCC-A--G-----G--C--AG--TAC-----CA-AC	852
HPV68ME180	G--C-TG--A--G-----AC-----A--G-----G--C--G-C-TAC-----C-G-	855
HPV70	---C-TG--G--C---A-----TCA--G-----C--GG--TAC-----GCG-	849
HPV59	-----A-G---TCAAC-T---ATCAC-----G-C-TAC-----CC-AC	855
HPV7	A--A--AC---A---G-G-T--AA---T-----A-C---T-ATC---C-C.....-C-T--	849
HPV40	A-----AC-----T-G-G-C--AAC-----A-C-----ATC-GG-C-G.....AC-C--	849
HPV16	---C--TG--A--G-----A-A-G---A--C--T-----C-----CT--GGGTC--C.....-CA-A-	855
HPV35h	---A-----A---A--AG-----CA--C-----G-----C--C-GGC.....--A	849
HPV31	A--C--G-----AT-GG-C--AC-----CT-CGG-TCA-CA.....-C---	858
HPV52	C----CT-A-----C--G-G--A-G---T-----AC---GT---CTC-G-CAAT...ACT-CC---	870
HPV33	-----AT-A--A--GG--G-T--C-----C-G--C-----T-AGGA-C--C.....-CCT--	855
HPV58	---A-AAC---C--GG--G-C--G-----C-T-----GT-CGG---C.....-CAGT-	855
RhPV1	---C--AA-G-----G-G-C-----G-----C-G-GGA-GC-A.....-TC-AG	845
HPV6b	---CGAG--G--G--AC--G-G-----ACAC-TATA---G---G-GGA--C-C.....ACGT--	843
HPV11	C-----G--G--AC--G-G-----C-G-TGG-A---GGG-----C--A.....TCAT--	846
HPV44	---A--A-----GGACG-TT-CC-G--TC-GGT-----A--G--G--A-A.....---	843
HPV55	G--A--G-----A--GGAC--T--AC-G--T--GGT-T-----G--C--A.....--A	843
HPV13	A--CT-----ACAA--C--A-CA--A-----G--G--G---CA.....	837
PCPV1	A--G-----GCAA-----A--A-----TGG-----G---CCTCAC-A.....-C---	846
HPV34	A-----A--C--TG---T--A-----ATG---G---AGGC---C.....-CAT-G	846

L1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

E2 bind for HPV52, 35h, 16, 33, 58, RHPV, 30, 56, 32, 42 ->
poly-A signal for HPV11, 13, PCPV1, 32, 42, 7 -> <-

most-likely	CTTGCTAGTTCTGTATATTTTCTACTCTCTAGTGGCTCTATGGTAACCTCTGATGCCCAATTATTTAATAAGC	925
MM7	0
CP8061	0
HPV72LVX100	0
HPV62	0
CP8304	0
CP6108	0
MM8	0
HPV69	0
IS039	0
MM4	0
HPV43	0
HPV67	0
HPV64	0
HPV73MM9	0
HPV54	---AC---A-T---GC-G-A-----A---ATA---A-----	910
CgPV1	205
HPV32	T-A---AG-A-T---A---A---C---T---C-----A---A-----A-	928
HPV42	T-A-G---AG-A-T---A---C---T---A-----A---A---C---A-	928
HPV3	A---G---G---G---C-G---C---G---C---A---AA-G---GC---C---	934
HPV28	A---G---G---G---AG---A---A---A---A---CT---G---GC-T---C---	928
HPV10	G---G---G---G---AGC---C---A---C---G---C---G---G---T---G---	925
HPV29	-C---GC---G---CA---CAG---C---A---G---C---G---G---T---A---	928
HPV77	-CC-GC---G---A---CAGC---C---A---C---G---G---G---A---A---C---T	607
HPV61	-C---G---A---A-T---CC---G-----GT-----T-----	931
X06	207
HPV2a	-CA-GC---CA---T---AC-T-C-----GT-----ACAA---G---G-----	913
HPV27	-CC-GC---CA---G---ACCT-C-----GT-----ACAG---G-----	916
HPV57	-CC-G---A---T---ACCT-C---C-----T-----ACAG---G---C---	916
HPV26	-C-A-ATC---A-T---C-G---A-----T---T---G---A---C-----	928
HPV51	A-A-AA---A-A---C-C-G-----C---G---A---A---T-T---A-T-----	928
HPV30	-CGC-A---C---A---G---G-----G-----G---T---G---G-----A-	928
HPV53	-CCC---C-----G---G---A-----G---A---T---A---G---T---G-----	922
HPV56	-C-C-G-----G---G---G---G---A-T-G---G---A---G-----A-	925
HPV66	-C-C-C-----G---G---G---G---A-T---G---G---A---G-----A-	925
HPV18	-C---GC---C-G---G---C---CT---A-----T---T---CT---G---G-----A-	928
HPV45	-C---GC---G---G---CC---T---C-----TA-T---T---T-T-----	937
HPV39	-CC-G-----C-GC---CT---C---C---T---C-----T---G-----	925
HPV68ME180	-C-AG---A-----GCC---CT-G-----T---A---CT---G---C-----	928
HPV70	-C---G---C-CA-----CC---T-C---A-----CT-T---T---G---G-----	922
HPV59	-CA-GC---A-T---CC---T-C---A---G---G---T---T---T---A-----A-	928
HPV7	A---AG-CAG-A-T---A-T-C---A---A---C---A---T---T---GA-T-----A-	922
HPV40	A---AG-CAG-A-T---ACT-C---A---A---A---CT---T---T---GA---C---	922
HPV16	T-A-C---AAAT-----A-----T---T-----A---C---A-	928
HPV35h	T-GC---A---AGT-----C---A---A-----A-	922
HPV31	T-A---ACAG-AC---C-----A---C---C---T---T---A---A---A-T-----A-	931
HPV52	G-ACAA---CAG---CT-T-----T-----A---AT-----A-	943
HPV33	A---CAA---CAG---CT-T---C-----A---A---T---T---C---AT-T---G-----	928
HPV58	A-CCAA---AG---C---T---A-----A---T---A---AT-A-----	928
RhPV1	---C---CCAC---G-T---AC---C---A-----A---G---A-----C---	918
HPV6b	G-A-GG---AG-A---G---AAC---C---G---C-----T---GT-----G---A---G-----	916
HPV11	G-A-----AG-A-T---G-A-A---A-----AT---GT-T---A---G---T-----A-	919
HPV44	G---C---A-G---A---C---AA---A---C---T---C---T---T-T---AA-----	916
HPV55	G---C---A-G-CA---C---AA---A---C---G---C---T---T-T---AA-----	916
HPV13	---T---A-AG-A-T---C-A-AA-----C---C---T---GT-T---G---G---G---A-	910
PCPV1	G---T---A---A-T---AA-----C---C---T---GT-T---A---T---G---G---A-	919
HPV34	-CAT-C---G---G-T---A-----G-----T---A---A---A-T-----	919

L1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

<- E2 bind for HPV52, 35h, 16, 33, 58, RhPV, 30, 56, 32, 42

most-likely	CATATTGGTTACAACGGGCCAGGGACATAATAATGGTATTTGTTGGGGTAATCAGTTGTTTGTACTGTGTG	998
MM7-C-----TT---G---A-----A-----	56
CP8061-A---T---C---C-----C-----C-T---A-A-----	56
HPV72LVX100-T-----C-C-----TT---G--C-T---G-A-----	56
HPV62-A---T-----TT---G-AC-----G--	56
CP8304-A-----TT---G-AA-----A-G--	56
CP6108-A---T-----TT---G-----G--	56
MM8-G-G--T---C-----A-C---TT---A-----C-G--G--	56
HPV69-A-----C---C-----C-C-A-----TG--	56
IS039-A-----C---C---AA-----C-T--A---TG--	56
MM4-A-----C---C---AA-----C-T--A---TG--	56
HPV43-C-----TT-G-----A-G--	56
HPV67-C-----A-C-----AA-A-----	56
HPV64-A-----C---A-----CA-----AC---C-A-----	56
HPV73MM9-A---T-----CA-----A-A--T-A-----	56
HPV54	---C-----T-A-C-----C-----G---T-A-A-----	983
CgPV1	205
HPV32	-----G-A--A-A-C-C-----A-----AG---C-A-----	1001
HPV42	-----AA-A-A---C-----A-----A---C-A--T-A---G--	1001
HPV3	-----C-G-GG--T-T-----C-----A-----CC-C-A-----G---G--	1007
HPV28	-----C-G-GG--T-T-----C-----C-----CC-C-A-----A---A--	1001
HPV10	-----C-G-GG-----G-C-C-----A-C---C-A-----G--	998
HPV29	-T-C---C---G-A-----C-C-----A-C---CC---G-A--T-A---G--	1001
HPV77	-T-C---C---G-AA--T-A-C-A---C---.....	647
HPV61	-----C-G---T-----C-C-C-----TT---G-A-----A-C-----	1004
X06	207
HPV2a	-T-C---C---GGA-----A-G-C-C-----G-C---C---AG-G-C---C-G---G--	986
HPV27	-C-C---C---GGA-----G-C---C---G-A-C---C-G---G--	989
HPV57	-T-C---C-G-GGA-----C---C-G-C---C---G-A-C-CC-A--A-G--	989
HPV26	---C-----GGA---T-A---T-----C-----C---A-----CTG--	1001
HPV51	-T-----C-C-C-T-G---T-C-----C---C---AAC-----C-T--A---CTG--	1001
HPV30	-T-C---G---C-A-----C-----C---C---G-A-----	1001
HPV53	-----C-G---T-----C-C---AAC-----A---A-----	995
HPV56	-T-----G---T---A-C-----C---C-----A-A-----A--	998
HPV66	-T-----G---T-A---C-----C-A-C-----G-A-----	998
HPV18	-----TAA--A---T---C---G---C---CA-----A-A-----G--	1001
HPV45	-----TAA-----C---C-----CA-----A-----	1010
HPV39	-T-----C---TAA-----C-C-C-----A---CA-----A-A--C-----	998
HPV68ME180	-C-----C-G-CAA--A-----C-C-----CA-----A-A--C-----	1001
HPV70	-C-----G-TAA-----C-----C-----CA---C-----A-----G--	995
HPV59	-----C-G-CAA--T---TTTA-C-----A---CAC---A---T-A-A-----	1001
HPV7	-T-TG--A---AA-----T---C---C---TT-C-----A---A-----	995
HPV40	--TG--A---AA-----C---C---C-A---TT-C-----A-----A-----	995
HPV16	-T-----G---A-A---C-C-----C-----C-AC-A-----	1001
HPV35h	-----G---T-A-A-C-----A---C-A-----A--	995
HPV31	-----A-G---T-T-----C-----C-----A-----G--	1004
HPV52	-G-C-----T-G---C-C-----C-A-----C-----C-A-----	1016
HPV33	-----C-----T-A-A-T-----C-----G-A-----G--	1001
HPV58	-T-----C---G-T-A-A-T---C---C---C---C-----A-----C-G--	1001
RhPV1	---C-----GAAA-----C---C---C---C-----C-C-AG---CC-----A--	991
HPV6b	-----C---AAA-----C-----C-----AC-----G--	989
HPV11	-----C-T---AA--T-----C-----C---A-C---C-----G--	992
HPV44	-T-T-----G---AA--G---C-C-----A-----A-----	989
HPV55	-T-T-----G---A---G---C-C-----G-----A-----	989
HPV13	-T-----AA-----C-----A-----C---C-----A--	983
PCPV1	-T-----TAA--T-----C---C-A-----C---ACT-----	992
HPV34	-T-----G---AA-----A-C---C---C---CA-----AC---T-A-----	992

L1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	AGATACTACCCGAGTACTAATATGACTTTTTGTGCT...GCTACAACATCTGCT.....ACTACA...TAT	1059
MM7	-----C-----T---A---CA---...--G-T---CAG---.....-A-GA-...--C	117
CP8061	G--C--AT-A--T-----A-----T-CA-C-----...A-C-A---TGT--AG.....T-----	117
HPV72LVX100	-----T-----G-A---A---A---...--C---G-G--CT--GTA...T-AGA-...--	120
HPV62	G-----A-A-----T-T---A---A---A-C...--CT-C--TG---A.....G-AGA-...--C	117
CP8304	G-----A-A-C--C---T-T---A-----CA-A...-----T-TG-----.....G-AGA-...--C	117
CP6108	-----C-----T-----C--CC-T--CA-----...--T-CCAG-----C.....-AGA-...--C	117
MM8	G-----C-----C--C---T-T---A--A-----...-----C-ACA-C-AA.....T-AGA-...--	117
HPV69	-----C-----C--CC-C---A--A--A---GTAT--G--CA-----ATCT...G-C--T...-T-	123
IS039	T--C-----A-A-----T-A--CA--A-CA--...--G-T--TC-AT-AGTTGCACAG---...-TC	123
MM4	T--C-----TA-A---C---T-A--CA--A-CA--...--GTT--TCAAT--GTTGCACAA---...-T-	123
HPV43	-----C--T--T-----A--CT---G--A---C...T---TGACC--A--GTGCCG-G-----	123
HPV67	---C---A--T---C--C-----A-A-T---...-AGGG--A---A-AG.....G-----...--C	117
HPV64	-T-----A-A---A--CT-TT--G-----TA...-GC---CA---CA-AAGTACA-A-C--CCA---	126
HPV73MM9	-----TA-A--C-----T-TT--G-A---TA...-G---CAGG--AG-AGCTCT-----ACG---	126
HPV54	-----C-----T-----CC-A--A--G-----...A-AG--T-CA-GCAG.....GA--GC...-T-	1044
CgPV1	205
HPV32	G-----T-----C-----G-G-----...A--GT---A---AA.....GAC-----C	1062
HPV42	T-----T-----C-----G---C...A--G-----G.....GA-----...--	1062
HPV3	G---C--A--T-----A--G---T...T---TGA-A-CT-G.....G-----...--	1068
HPV28	G-----A-----A--C---G--G---T...T---TGAC---T-A.....G---G...--C	1062
HPV10	---C--G--T-----C-----TGC--G---T...C--T-TGAGG-CT-CCCTGCC-----G...--	1065
HPV29	G--C--C--A-----C--C-----T-G--G-----...A-C---GAG---CAACCGTTG--C--T...--	1068
HPV77	647
HPV61	G---C-----T-A--CA---A---...-----T-CC-CC--GTA...T--GA-...--	1068
X06	207
HPV2a	G--C--C--A--T--C-----G-AT--C-G-----C...A--GAGG-G---A.....AT...--	1047
HPV27	G--C--C--A--G-----C--G-CT--C-G-----A...--GAGGTG---A-AAT.....AT...--	1053
HPV57	G--C--C--G-----C--A---G-CT---G-----C...A--GT---CA-A-AA.....AT...--	1050
HPV26	T-----C-----CC-T--CA--A--ATTAT--G--G-----A.....T-C--TCCA-T-	1068
HPV51	T-----A-A---A--T-A--A--A-CA--...--C--TG-TG-G-T-TCC...C-A---...-T-	1065
HPV30	G--C--C--TA-G-AC--A--C-----A-A-C---A...A-C---CA-A-GTTA.....T-C---...--	1062
HPV53	G---C---A-G-A---A--C-----C---CC--A...A-C---CAG---ATG.....T-----...--	1056
HPV56	-----TA-A-----C-----A--A--A---...-----GA-CAGTTA.....G--A...--	1059
HPV66	G-----A-A-C--C--C-----A--AA---A...-----A--GCA-ATTA.....A...--	1059
HPV18	-----C--T-C-----C---T-A--AA---A...T---CAG---C--GTACCTGGGCA...--	1068
HPV45	G--C-----T-----T-A--A--A---C...T---CA-AA-C--GTGCCA-G---...--	1077
HPV39	G--C-----T-----C--CT-T--A--A-C-A-C...T---T-GAG---T-CATACCTT-----...--	1065
HPV68ME180	G---C--T-----C---T-T---G-C-A...A---TGA--A---GTACCA-A--TT...--	1068
HPV70	G--C-----A--T-----T-T-A--G-C---C...TGC--CGA-A-G--CATACCTG--GT...--	1062
HPV59	-----T-----C--C---C-TT--G-G-----...T---T--T---T--ATT...C---ATGTA--C	1068
HPV7	-----T--T--C--A---T-A--A--A-----...-----CA--GC-CACA...C-A---CCA---	1062
HPV40	---C--C--T--T--C-----T-A--C--A-----...--C---CAG--CC-CACACCA--CC--...--	1062
HPV16	T-----A-----A-----T-A--A-----...--C-T-T-TA--T-AGAA...-----...--	1065
HPV35h	T---A---T---A-----T--G-G--T---...--GTGT-T---AG-GAC...-G-----...--	1059
HPV31	-----C--A--T---C---T--G-----...--A--TTG--AACAG-GAT...-----...-T-	1068
HPV52	G---C--T--T--C---C-----A-----...--AGGT-A-AAG-AA.....GC-----...--	1077
HPV33	-----C--T-----A--CA-A...CAAGT---TAG--AC.....G-----...--	1062
HPV58	T---C--T--T--C-----A--A--CA--...--AAGT---TAAG-AA.....GG-----...--	1062
RhPV1	T--C--C--TA-G--C--A--C---AC-G---A...T-C--TG-C--CA-AGTT...-----CCA---	1058
HPV6b	-----C--A-----C--C---A--A---A...T-CGT---TA-AT-.....T-C---...--C	1050
HPV11	-----C--A-----A-----AC-A---A...T--GTGT-TAAAT--.....G-----...--C	1053
HPV44	-----T-----A--C-----AA-A-----...--C--T---CAGT-CCCTCCGT-----...--	1056
HPV55	-----A--T---A--C---AA-A-----...-----TCAGT--CCATCT--A---...--	1056
HPV13	T-----A-----C-----G-G---A...--C--T---AT--CTTTCAGAC---...--	1050
PCCV1	-----A--A---A--C---G-----...T-C-----GT-GCCTTCTG-C---...--C	1059
HPV34	-----TA-A--C--A--CT-TT-AG-----TA...-G---CA---CA-AAGTACA--G--CCA---	1062

L1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	AAAACACTAATTTTAAAGGAATATATAAGACATGTGGAGGAATATGATTTACAGTTTATTTTCAATTGTGTA	1132
MM7	-C-G-CT----C-----CC-CC-C--CACC-----C-----G---A--G---C-T--C-	190
CP8061	---G-CT--G---C-T-----T-G-----GA--A---T-----G--A-----A-----C-A--G	190
HPV72LVX100	-C-G--T-----CGT--G---C-TC-C--CACT-----T-----G-----A-----C-----	193
HPV62	--CGG---C---G-----T-T-GC--CAC-----T-----G--A-----A-----C--	190
CP8304	--GG-CT---C-----T-C-GC-C--ACA-----G-----C-----A-----	190
CP6108	-GTT---ACGC-----T-----CACT-----CC-----A--C--C-A---	190
MM8	---C---C-----CC-----G-----A--C--G-----	190
HPV69	---C-AT-AG--A---C-G-T-----G---GT-----A-----A-----	196
IS039	-CTC-A--A--C-----C-G-----T--G--C-G--A-----A--A-----	196
MM4	-CTC-AG-A--C-----C---T--G---G---A-----A--G--A-----A-----	196
HPV43	G-C-A-G-A--G-----CT--GC-G-----A-----C--G-----A-----A--C-	196
HPV67	---A-GAA--C-----CC-T-----A-----G-----A---GC---C-	190
HPV64	GC--AC-----CC---G---CA--A--G---CC-CG---G-G---G--A--C-	199
HPV73MM9	GCC-ACT-----T-----CA--A--G-T-----G--C---G--A---	199
HPV54	--T-A-T--G-C---G--G---T-----A-----G--A---	1117
CgPV1	205
HPV32	--GT-----C-----C--C-C---CA-----A-----A-----C-	1135
HPV42	-C-G--G-----T-----CT--A-----G-G--A---A-----	1135
HPV3	G-TG-----A---A--G--T-----C-G-----A--C--G---C-	1141
HPV28	G-TG--G---A-----CT--G--C-G---G--C---G-----A--C--G-----	1135
HPV10	G-CG-C--C--A---A---T-G--G--C-GA-----G---C-----G-----	1138
HPV29	G-TG---C--GA---A---T-G---G-----G-----C--G-----	1141
HPV77	647
HPV61	--G-C--A-GC---G-----T-GC-C--ACA---G-T---G--A-----G--A---	1141
X06	207
HPV2a	--GG---C-----C-C--G--A-----G---C--C--C---C-	1120
HPV27	--G---G-----CC-C--G--A---G-----G---C---C---C---C-	1126
HPV57	---G-CT-C---A-----CC-T--G--A-----G-----C---C---C---C-	1123
HPV26	---C-AT--G---A--AC--T-----GC--A-----A---A---A---G-----	1141
HPV51	-CTC-A-G--C-----C-----T--G---G--A--G---A--G--A-----A---	1138
HPV30	--TT-A-GCC-AA---AC-G--G-----A-----A-----G-G---C-----	1135
HPV53	--TT-A-AGC-AA---AC-G--G-T-----CA-----A---A--G-G---C-A---	1129
HPV56	G-TG-ACGA--AA---TC-G--CC-T-----A---A--G-----A--C-	1132
HPV66	G-TG-CCG-G-AA-C--TC---CC-TC-C-----AC-----G-G---C-T---	1132
HPV18	G-TG---C--A---C-G---GC-----T-----G-----G-----	1141
HPV45	G-CC-----G---C-G---GT-----G-----G---C-	1150
HPV39	G-TC--T---G-----CC--G--C-----G-----A---A---C-----	1138
HPV68ME180	G-TC--A--A-----T--G---T-----G--A---A---G-----	1141
HPV70	-GCC---A--G-----CT--G-----A---A-----	1135
HPV59	-C-C---C-G---A-----GCC-----T-----G-----A-----C-----	1141
HPV7	G-C-A--G--G---A-----T--C-T---G--A--G-T-----G--A--G	1135
HPV40	--T-AC-G---C-----T-GC-T---G---G-T---G-----G--A--G	1135
HPV16	---A---C-----G--CC--C---G-----C---C-	1138
HPV35h	---A-GAC-----T---G---GT--A-----G--A---	1132
HPV31	---G--G-----A--G--T-----GT-----T-----A---A---G--A--C-	1141
HPV52	---A-GAA-----CC-TC-T---GC-----T-----A-----C-	1150
HPV33	---A-GAA-----A-----T--A-----C-----G-----C-A--C-	1135
HPV58	---A-GA-----G--C-T---T--A-----C-----G-----GC-T--C-	1135
RhPV1	--T-A-GAG-G-----A--G--CC-GC-----G-T---G--A---A---GC---C-	1131
HPV6b	--CC-A-T--G---A--A--G--C--GC-T-----A--G-----A-----A---	1123
HPV11	-CT-A-T-AG--A-----C--GC-C-----G-T-----	1126
HPV44	-CT-G-GAAC-A-A---C---C--GC-----T---G-T---C---A---G-----A---	1129
HPV55	--T-G---AG-A-A--AC---C--GC---T---G-T---C-----G-----A---	1129
HPV13	--GG-C--AG-A-A--AC-G--C--GC-----A--A--T-----A-----C-	1123
PcPV1	-C-G--T-AG-A-A--AC---C--GC-----A---T-----G--A-----A--C-	1132
HPV34	GC--AC-G-----CC-C-----CA--A--G---CC-G---G-G---G--A--C-	1135

L1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	AAATTACATTAAGTGCAGAGGTTATGGCATATATACATACTATGAATCCTACTATATTGGAGGACTGGAATTT	1205
MM7	----ACATC-T--CC-T--AA-----CC-----G-----GAACA-T-----T--G-----	263
CP8061	TT----AT-----A--T--AA-----C--CT-----CGC--G--G---AT--C-----	263
HPV72LVX100	----CAC-----C-T--AA-----C--CT-G--C-A-----AAGG-CT-----T-----	266
HPV62	----ACAG-----CC-C--AA-----C--CC-G---A-----CAAGGACC-T-----T-----C--	263
CP8304	----ACAG-----AC---AA-----C--CT-----A-----CAAGG-AC-G-----T--T-----	263
CP6108	-G--ACACC---GC-T--A-A---T-C--T---CGA-----GAC--AT-G--A--T--A---C--	263
MM8	-GG-CCGTC-G--C-----C---T-C--T-----GACT-CT---A--T--G-----	263
HPV69	-----TC-T--CA-T--T--A---C---C---A---T--G---T---AA-T-----	269
IS039	-----TC---AA-T-----A---T--CC-G--C--C--G--T---A--C-A--C-G-----	269
MM4	----C--T-----A-T--AA-----T--CC-G--C--C--G--T---A--T--A--AC-G-----	269
HPV43	T--A--GC---ACC-----A-----T-----G---C--AT--A-----	269
HPV67	---AT-CC-T-----A-T-----CA--C---C--C-----AGA-----A-----C-A--	263
HPV64	-----T-----A--T--A--A-----T-----G-T--G-----A--AC-G-----	272
HPV73MM9	-----GT-----A-T-----A--A-----T-----T-----A--G-----	272
HPV54	CC--A--CC-T--A---T-----C---T--GGA-----C---TC-A-----C--	1190
CgPV1	205
HPV32	-----T--T-----T-----C--C--C-----GAC--C-A--C--T-----G--	1208
HPV42	---A-----TT--A---T-----C-A-----AC---A---G---G--	1208
HPV3	--G-----C-T--AA-----C--T---C--A---CAG---T-G-----T---C--	1214
HPV28	--G-A--C--G--CC-T--TA-----T-----C---CAA--G-T-----C--	1208
HPV10	--GG-A---G--CC-G--TA-----C---T-G--C--C---AG--G-T-----T---C--	1211
HPV29	--G-----G--AC-T--AA-----T--CC-T-----CAG-G-CT--C-T--A-----	1214
HPV77	647
HPV61	---ACAT---CC-T--AA---C--CC---A---AAGG-CT-G---T-----C--	1214
X06	207
HPV2a	-G--A--CC-T--C-T--AA-----C-----A--G---CCAGT-G--A---T---C--	1193
HPV27	---A--CC-C--C--T--A-A---C--C---A---G---CCAGT-G-----C--	1199
HPV57	---A--C--C--CC-C---A-A-----C-----AC---G--G--GCGGT-GC-A-----C--	1196
HPV26	---A--C-T--AA---T-----T--C---TTA---G-CT-C-----T-----	1214
HPV51	-----T-----A-----A---T--T---C--A--G-----C--TC-T--AC-G-----	1211
HPV30	----T--C-GT-----AAC-----C--T-----CT-C--T--C-T---G-----A--	1208
HPV53	---AT-CC-GT---T-----C--T-----T---CT--C---A-----A--	1202
HPV56	-----T--GT-----T-----A-----G---ACC--C-----A--	1205
HPV66	---A--C-----A-----T-G--A---AA---T---A--C--T---A--	1205
HPV18	CT----T-----T-----T-C---T---G-----AGC-G---T--A---T---C--	1214
HPV45	CT----T-----T-----C---G-----AG--G---A--AA-T-----	1223
HPV39	CTG-C-----AA-T--T---T-T---T--C-----T-CT-----CA-T-----	1211
HPV68ME180	CT--A-----GT-CA-T--T--A---T-C-----G---T---T--T-----	1214
HPV70	CT--C-----T--C-----C--C--C-----G-A--T---CA-T---A--	1208
HPV59	---A-----A-----A---T--C--T---A-----A-C---T-----T-----	1214
HPV7	TT-----A-----A-----G---G--T--T-CT---A--T--T-----	1208
HPV40	T-----C---A-----A-----T--G-A--G-----GT-G-----T---C--	1208
HPV16	---A--C-----C---A---C---T-----T-C---T-----	1211
HPV35h	---A--C---A---T---A-----T---G-----C--GT-C--T--A---T-----	1205
HPV31	---A-----T-----CA-A--A---T--C-G-----G---T---A--T-----	1214
HPV52	-----A--T--T---A---C--T---AG--G--G-C---T--A---C-A--	1223
HPV33	--G---C-----A---A-----T--G-----AGA--T--A--A--T--C-A--	1208
HPV58	-----C-----A-A--A-----G--T-C-A--T-----C-A--	1208
RhPV1	-GG-A--CC-G-ACA-T--A--A---C--C---C-GC--G--G-C-GC---C-----C--	1204
HPV6b	GC-----GT---T--A--A---C---T--C--A-----CT--G-T---A-----C--	1196
HPV11	GC-----T-----A--C-----C--A-----T--G-T-----C--	1199
HPV44	GT-----C-----G--G-----A-----C--C-T-----G--GG--T--A--AC-G---C--	1202
HPV55	GT----C-----T---A---C---T-----C-----GG--T---AC-G---C--	1202
HPV13	CT---A-----T-----T-----A--TC-A--A-----C--	1196
PcPV1	GT---A-----T--A--A-----T-----AG-T--A--A--A---C--	1205
HPV34	---C-AT-----A---T--A--A-----T-----G-T--G-----AC-G-----	1208

L1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	TGGTTTAAACACCACCTCCTTCTGCTAGTTT	TAGAGGATACATATAGATTTGTAAAAATCTCAGGCTATTACATGT	1278
MM7	---CG-GTT-----CA-C---CC-T--T-----C---C-C-A-C-GC-G--C-GT-----C--C		336
CP8061	-T-G--CTT-----A-----C-T-GT-----C--CC-C---T--C-G-----C--A--C---		336
HPV72LVX100	---G-GGTG--T-----A-C-----T---C-----G--T--C-G---GT--C-----C---		339
HPV62	---GG-TTT---T--C-----CA-----T--G-----CAC-A-T-CG-G---G-----C---		336
CP8304	---G-GTTG-----CA-C-----T--C-----C-C---T--C-G---G---C-----C---		336
CP6108	---G-C-TT--C-----C-CA-----G--T-----C--C-C---C-T-CC---G--C-----C---		336
MM8	---G-TGTG--C-----C-CA-A-----T-----C-----G-ACT-GC-G---GC--C-----T--C		336
HPV69	---CC-T--CTG-----A-----G--A--G-----G--A-T---AA-TCA---C-----C---		342
IS039	---A-----TTG-----A-----G-----G-C---C-C---G---AA-GCA--A-CCT-T---		342
MM4	---A-----CTTG--C--C--A-----G-----G-C---C-----AA-GCA--A-CAT-C---		342
HPV43	---G-GT-C-----G-C-----TC--G--A-----T--C-C---T-GTCTAACA---C---G-----		342
HPV67	---CC-T-----A-G-A---C---C-----T-CC--G-----C---		336
HPV64	---C-T-----G--A--G--C-----A--A-----A---CT--A--C-----C---		345
HPV73MM9	---C-T--C-----A--G--A-G--C-----A-----A---C--A--T-----GT--C		345
HPV54	---A--C--C--AG--A--AAG-----G---C-----G-----C-G--A---C--G-----		1263
CgPV1		205
HPV32	---G--G-T---G--C---G--C---A---GT-----GC-G-----C--ACG-----		1281
HPV42	---G-TG-----A---A-GA-C---A---GT---G-A---C---AG-A---CGC---		1281
HPV3	---G-----CTTG--A--G--CA---C--G---C--C-----T--CT--CTCT--C---C--C		1287
HPV28	---G--G--TTT---A--A--CA---C--G---C--G---G--CA--TCT--CTCT--C---C---		1281
HPV10	---G-----TTTG--A--G--CA---C--G---C-----T-GTCC--TCA--C---T---		1284
HPV29	---A--G--TTG--A---CA---C--G--A--C--G---G-----C--CTCT--C--A--T---		1287
HPV77		647
HPV61	---G-GGT-----A--C--A-C-----A--C-----G--T-GC-G--CAGA-----		1287
X06		207
HPV2a	C--G--C-C--T--G--G---C---C---C-----A-T-GC-G--C-----C---		1266
HPV27	C--G--C-C--C--G--G---C---GC---C--T-----A-T-GC-G--C-----G---		1272
HPV57	---G-CC-C---C--G--C--C--CC-GC---C--C--G-A-T-GC---C--A--G--A-----		1269
HPV26	---AC---CTT---CA-----G--A--G-C---G---A-T---AACTCT---C--C---		1287
HPV51	---A-----TT-----G-----G-----G-----G---T-G-AA-GCA---C--GC---		1284
HPV30	---A--GT---C--AG--G-CA-A--C-----C-A--C---A--T---AGC-TT---A--C---		1281
HPV53	A-----GT-G--T---GT-G-CA---C-----C-A--C---A--G---AG-GCA---A--C---		1275
HPV56	---G---T-C--G--AGTGG-CA-C--CC---A---A-----A---T-G-AGCACA---A-----		1278
HPV66	---C---T-C---AGT-G-AA---C-----A-----G-A-A-T---AGCACA-----		1278
HPV18	---G-TC-C--C--C--AA--A-----G-T-----C-T-----C---GTT-----C---		1287
HPV45	---G-CC-T---A--A--A-A---G-T-----C-T---GC---AGTT--G---C---		1296
HPV39	---C-G--G-T--T--A--A---C---G-TA--C--T--C---ACC--C-G---GCA--C-----		1284
HPV68ME180	---G-TG-C--T--A--A---C-T-TA-----CC-C-A-C-GC---AGCA--A-----		1287
HPV70	A--AG-T--C--T--A--A---A--C--G-T---C--G---G-A-T--C---AGCA---AG---		1281
HPV59	---G-T-----A-----TT--C-----CC-T---TC---GCT--G-A-T---		1287
HPV7	-AAAA-TGGT--T--AG-G---A-CC-G--A-----T---G---C-T-CCAA-A-A--C--AG---		1281
HPV40	-AAAA-TG-T--T--AG-C---ATCC-----G--CC-T-CCAACA-----G-C---		1281
HPV16	---C--CA---T--C--AGGA-GC-CAC---A---T---G-----C--C---A--G-T---		1284
HPV35h	---CC-T-----G-----G--CC-----C---C-C-A---C--A---G-A--T---		1278
HPV31	---A--G--CA-----C--A-G-TC---G-----C---G---C-CC--A---C-----C---		1287
HPV52	---CC-T--C-----A--G---ATC---G---C---C-----C-CT---ACT---A--T---		1296
HPV33	-----T---A-----C-----C---G---T-CC-----G---		1281
HPV58	-----T---G---C---C---C-----T-CC--C-----T--C		1281
RhPV1	-----GCAG--T---G---GCTCC--GC---C--C---G---G-CG--GCC--C--C--C---		1277
HPV6b	---G---T-G--T--C--AAA--G--CA---A---C---G-A--GC-G--A---C---C---		1269
HPV11	---G---T-G--T--A--AAA--G--CAC-G-----T-----A---C-G--A---C-----C---		1272
HPV44	---G--GT-G--G--C--AAA--G--CC-----C-A---C---A--GC-G--C-----C---		1275
HPV55	---G--GT-G---C--AAA--G--CC---A--C-A--C---A--GC-G--A---C-----C---		1275
HPV13	---GC--T-T--C-----AA--GA-CA---A--C-----A---C-----C--A--G---		1269
PcPV1	---A--T-T--C-----CAA--GA-CA---A--C-----A---TC-G-----A-----		1278
HPV34	---C-T-----G---A-G-C---A--A-----A---T-CT--A---C-----		1281

L1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	CAAAAGGAT...GCACCTCCAAAGGAAAAGGAGGATCCATATGCTAAATTTAAATTTGGGATGTTGATTTAA	1348
MM7	-----G-CCTT-CG-C--TGCCCCT--AA-----T---A-GGCC--GT-----G-----	409
CP8061	--G--AA-CAGTC-T-----TGCA-----AA---C-C-----AG-TC--C-----G--G-----	409
HPV72LVX100	-----C...-CA-C--TCCTCCT--A--A-----C--ATCC-----AC--G-----	409
HPV62	----G--GG...CTG--A-CCGTCCC---T---C-G-----GC--A-G-C-----AC---G---C-T-	406
CP8304	-----G-GCT--TG-C--TGC-CCC--A-----C-T-----CG-CA-GTC-----ACA-----CC-T-	409
CP6108	-----GCACT--TG-C--G-ACCT--AA-----A--G--ATCC-----G--C-T-	409
MM8	-----GGGCC--CG-CG-C--CCT-----A-----T-----GGCA-GTCC-----A-----	409
HPV69	---CGC---...-C--G--C--CCC-----T-AG-----A-----C-----C-T-	412
IS039	---CG--C...AGC-----C--CT--AC---C--T-TG--A---A--G-----ACC--G--CC-T-	412
MM4	---C-----C...AGT-----C---CT--AC-A--C--T-TG--A---A-----A---A--CC-T-	412
HPV43	----AA---...-T-C-----CG-----C-----AAA--G-A--C-----A-AA--C-T-	412
HPV67	----AACAA...T-C-----CA-C-----A-----TCT-AAA--G-AC-GT-----AA-CA-----	406
HPV64	--GCGTCCG...CA-----T-----TCT-----A-G-C-----G--A--CC-T-	415
HPV73MM9	---CGTCC...CA-----T--A--CA-----C-----C--GC-ATCC-----A--C-T-	415
HPV54	-----A--AAT--C--G-----T--CAG-----T-----AC-----CC-T-	1336
CgPV1	205
HPV32	---GCTA-G...-T-A-AG--CCT-----AA-----T-T-T--G-C-A-TC-----A--AA-----T	1351
HPV42	--GGCTA-G...-T-A-AA-GCCA-----AA-----T--T-AG-C--TGG-----G--AA-----T	1351
HPV3	--G--A---...-C-CT--G--C-A--C--C--C--C--C-A--C-----A--C-T-	1357
HPV28	-----...-TT-C--C-CTACC-----A--C--T--C-----C-A--C-----A--G--C-T-	1351
HPV10	--G--A---...A---C--C-CC--G--C-----C---A--C---C-----C--A--C-T-	1354
HPV29	-----A---...TTGG-C--T-CA-----C-----G--A--GC-A--T--C-----A-----	1357
HPV77	647
HPV61	--G---G-GCT--TG-C--GCC-CCC-----GC---C--G--ATCC-----AC-----C	1360
X06	207
HPV2a	----ACC...A-----T--ACCCCTACC-----C-----CTCCC-G-CC-----G--C-C-	1336
HPV27	--G--ACC...A-G--C--T--ACCCCTACA-----C-----C--CA-G-CC--C-----G--CC--C	1342
HPV57	--G---CCC...A---C--T--ACCCCTACT-----C-----A--CCA-G-C--C-----G--C-C-	1339
HPV26	--GCGTA-C...-C-----TGT-CC-----A-----T-T-CAA-----A-----	1357
HPV51	-----C...A-C-----C--CT--CCA-----T-TG--C--A-----	1354
HPV30	-----...CAG---TGCT---A-----C--CTA-----A--G-----A-C--C	1351
HPV53	-----...CAG--C--TCCT-----C---C--CTAT-----A-----G--CA---GC	1345
HPV56	--CG---A...CAG--A--CA---AC--C--TA-----A-----A-C--C	1348
HPV66	--G-G---A...CAG--C--TGCA-----C-----CCTG-----A--G-----A--A---C	1348
HPV18	-----...-TG-A--GGCT---TA-----C---A--G--A--G-----A--G-----	1357
HPV45	-----...A-TA-A--TCCA-----C-----A-----A--G-----AC-----CC--	1366
HPV39	-----...-T--AG--CCT-----A-A-----ACGGTC-A--G-----A-----C-----	1354
HPV68ME180	----A--C...-C--G--CCTACT--AA-----C-----A-GGC--A--C-----A---AA-----	1357
HPV70	-----...-T--A--CCT-----AA-----C-----ACG-T--A-----A-----	1351
HPV59	-----C...A-CG-A--GCCA-TT--AC---C--T-----AC---C-A--G-----CC---A--C-T-	1357
HPV7	--GCGT---...-C-----A-----AAA---A-----A--AA-----	1351
HPV40	--GCGC---...-G--C--C---T-CG-----AAA---A-----CA-----	1351
HPV16	----AC---...A-----GCACCT--A--A-----CCT-AAA---AC-CT-----A--AA-----	1354
HPV35h	----ACCC...AGTG-A---ACCT--A--T-----TAAAA--T-A--CT-----G-----	1348
HPV31	----AAC...-C--C-A---CCC-----A-----T-AAAG-T-A-GT-----G--A-----	1357
HPV52	----AA-C...A---A--T--A-G-----A-----T-TAAAGG-C-A--TG-----G--G-----	1366
HPV33	----AACAA...-T-----A--C--C-TA-G-----A--C-----A--G-----	1351
HPV58	----AACAA...-----C--T--A-----A-----TAAA-----A--CT-----G--A-C-----	1351
RhPV1	----ACC...-----C--C--A-----A--C--G-TG---G-A--CC-----G--G-----	1347
HPV6b	-----CCC...A-T--GA-----CCA-----C--AAG--CC--GT-----G--A-----	1339
HPV11	--G--ACCC...A-----GA--A---AC-----C--AAGG-TA-G-GT-----G--A-C-----	1342
HPV44	-----CCA...C-C--GA-----C---C---C---C---A-----A--GT-----G--G--C-T-	1345
HPV55	-----CC...C-C--GA-----C---C---C---C---A-----A--GT-----G--A--C-C-	1345
HPV13	-----CC...A---GAT--A---AC-----G---GGGTC--GT-----G--A--C-T-	1339
PcPV1	----ACC...A-T--GAT-----G--AC-----T-----AGGTC-C-GT-----A--A--C-T-	1348
HPV34	--GCGTCCG...CA-----T-----CA-----C-----G--A-G-C-----G--A--CC-T-	1351

L1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	AGGAAAAGTTTTCTACTGATTTAGATCAGTTTCCTTTGGGACGCAAGTTTTTATTGCAGGCAGGGGTTTCGTGC	1421
MM7	----C--AC-A--C--A-----G-----A-----.....	452
CP8061	----GCG-----ACTA--A--G-----CC-----.....	452
HPV72LVX100	----C--A-----C-----C--G-----A---C-T-----.....	452
HPV62	----C-----G-----G-----G-----C---TT-----.....	449
CP8304	----C-----G-----G-----A-----C-----.....	452
CP6108	----CGT--G--C-----C-T-----CC-T-----.....	452
MM8	----C-----G-----A-----.....	452
HPV69	-A-----T-----A--CC-T-----.....	455
IS039	----CGC-----TTG-----CT-----.....	455
MM4	----CGC-----TTG-----G-----T-----.....	455
HPV43	CA-----G-AC-AC-TACC-----C--A--CGC.....	455
HPV67	-----A-----G-A-----A---CC-T-----.....	449
HPV64	-A-----G-A--A-----T-----.....	458
HPV73MM9	-----G-A--A-----A--CC-T-----.....	458
HPV54	----CGA----AT--CC-T--C-----C---T-----C-A----T--CC-A----	1409
CgPV1	205
HPV32	CT-----G-----A-----TA-G-----C---A--T--T-A-----	1424
HPV42	CT-----A-----A--TA-A-----C-----C---T-G-----	1424
HPV3	----TCGT----CCTG---C-TTCG----C--CC-T--CA-G--A---C-CA----CTC--T--AG--A-	1430
HPV28	----TCGC-----CT---C--TCG--A--C---C-----A-G--A-----A-----TTG--T--AG--	1424
HPV10	----T-G-----CCTG--CC-GTC-----CC-----A--A-----GC-----CTG--T--A---T-	1427
HPV29	----T-GA---A-CCTG-----GTCA-----CC-----T--A-----A--ATC--T-CG--CCG	1430
HPV77	647
HPV61	GA--C-----C-----G-----G-----C-----C--TCCC--C..	1431
X06	207
HPV2a	GT---GT---C-TG---C-G--C--A-----C-----T-----GC-----CGG---C-ATG..	1407
HPV27	G-----GT-----TG---C-G--C--A-----T-----C-----CGG---ACGACG..	1413
HPV57	GT---GT---C-TG---C-G--C--A--C--CC-----CGG---CCACC..	1410
HPV26	-A-----A-----T-----G-----A-----AC-A--G--T-----A-G--A-----C-CA-A-AACG	1430
HPV51	----CGA----TTA-----C--A--G-A---T-----G-----TT--C--A-AACG	1427
HPV30	----C-GT-----G---CC-T--C--A--C--AC---CA-A-----A---ACTT-----A-	1424
HPV53	--AA-C-GT-----G-----G-----C-T--CA-G-----A-----TT-----C---A-	1418
HPV56	----C-GT-----A--CC-G-----A---AC---TA-A--A-----A---ACTG--CAC-A-GT-	1421
HPV66	----C-GC-----G-A--CC-G-----TA-A--A-----A---ACT--C-A-AC-	1421
HPV18	-----TTA--C-----A-A--CC-T-----T--A-----GG-T-----T--AT-G---CG	1430
HPV45	-----A---CT-C---G---A-A--CC-T--T--A-----G-T---T--T-A---CG	1439
HPV39	G-----AG-TTG--AC-T---A--C-----T--A-----G-----CA---C--CAG	1427
HPV68ME180	-----AG-T---AC-G--C-----A-----A--C-T--A-----T--C--CCG	1430
HPV70	-----AG--A--AC-----G-----A-----C-A---T-----C---CAG	1424
HPV59	-----G-----G-A--C-T-----T--A-----ATT--A-C-A-AC-	1430
HPV7	CA----A---AT--C-G-----A---A--A---T-----C-TA-----CC-A--CA-	1424
HPV40	CA---GA-----T-CC-A-----A---A--A---T---CC-TA-----T--T--A-----	1424
HPV16	-----G-A--CC-----A-----A-----C-A--A-----AT-GAAG--	1427
HPV35h	-----G-A--C-----A---G---C--T--A---G--A--A---AC-AAAG--	1421
HPV31	-A-----G-A-----AC---T---A-----A-----ATA-A-G--	1430
HPV52	-A-----G-A-----A--TA-G-----G--A-----C-A-AG..	1437
HPV33	-----A---AG-A-----A-----TC--AAA..	1422
HPV58	-----G-A--C-----A-----A--AT---CC--AAA..	1422
RhPV1	-----G-A-----C--A---C--A--C---A---GC---A--T--CA-G-----	1420
HPV6b	-A-----G--A--G-----A-----G--A--AAGT--ATA-A-G-G	1412
HPV11	-A-----A-G--A-----CC-T---T-----AAGT--ATA--A-G	1415
HPV44	GA-----G---G--G---A-A--CC-T--TA-A--A-----A--AA-G--T--G-AG--	1418
HPV55	GA-----G--G-----A-A--CC-T--TA-G--A-----AA-G--T--G-AG--	1418
HPV13	-----G--AC-----A--CC-T--CA-A-----A--AA---C---AGT-	1412
PcPV1	-A-----G--GC-----A-A--GC-T--TA-A-----A--AA---C---AAA-	1421
HPV34	-A----A-----G-A--A-----G-C--A--TA-A-----A--ACT--TA-G-----	1424

L1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely A.....CGGCCTACTGTTAGTGCA...CGAAAAACGCCCTGCTCCTTCC.ACCTCTTCTTCTTCTACTAC	1481
MM7	452
CP8061	452
HPV72LVX100	452
HPV62	449
CP8304	452
CP6108	452
MM8	452
HPV69	455
IS039	455
MM4	455
HPV43	455
HPV67	449
HPV64	458
HPV73MM9	458
HPV54	1469
CgPV1	205
HPV32	1484
HPV42	1484
HPV3	1490
HPV28	1484
HPV10	1487
HPV29	1488
HPV77	647
HPV61	1487
X06	207
HPV2a	1460
HPV27	1458
HPV57	1461
HPV26	1487
HPV51	1484
HPV30	1484
HPV53	1478
HPV56	1482
HPV66	1493
HPV18	1490
HPV45	1499
HPV39	1487
HPV68ME180	1490
HPV70	1484
HPV59	1490
HPV7	1484
HPV40	1484
HPV16	1487
HPV35h	1481
HPV31	1490
HPV52	1488
HPV33	1475
HPV58	1473
RhPV1	1480
HPV6b	1475
HPV11	1478
HPV44	1481
HPV55	1481
HPV13	1473
PcPV1	1484
HPV34	1484

L1 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

* coordinate 7156 in HPV16R

most-likely AAAACGTAAAAAACTAAA.....AAATAA	1506
MM7	452
CP8061	452
HPV72LVX100	452
HPV62	449
CP8304	452
CP6108	452
MM8	452
HPV69	455
IS039	455
MM4	455
HPV43	455
HPV67	449
HPV64	458
HPV73MM9	458
HPV54	C.....--G--GCT-----..-GG--	1494
CgPV1	205
HPV32	TGC.....A----C-G-----ACGT.....	1512
HPV42	T.....-----G----AC-C.....-G	1509
HPV3	-.....---A-G--GCGC--C---.....-G	1515
HPV28	-.....---A--CGCG-C---.....-G-G	1509
HPV10	-.....---A-A---G-----G.....	1512
HPV29-G-A--CGCT-G---.....-G--	1512
HPV77	647
HPV61	TGCT.....ACA----C----GCG----..C-G--G	1518
X06	207
HPV2a	T.....---A--CGGGTA-GG.....CGT--G	1485
HPV27	1458
HPV57-C----GGTC-GG.....CG--G	1485
HPV26	CAA.....A-----CTT---.....	1512
HPV51	TTCA.....GCC-----CGTGT---..-G--	1515
HPV30	-GC.....C----C--GCGGCGGTG.....	1506
HPV53	CT.....CC-A-CGC---.CGC.....-G	1500
HPV56-----GGCGGT-G.....	1500
HPV66	T.....-----CGAT-G.....	1512
HPV18	TGC.....C--G--GTGCGTGTACGTGCC....AGG--G--	1524
HPV45	-TCTAGGCCTGCC-----GT-CGT-TACGTAGT....AAG-----	1542
HPV39	TAAA.....CAC-----CGTGTGTCT.....	1518
HPV68ME180	GCA.....C-----CGTGTGTC-.....-G--	1518
HPV70	TAAA.....CAC----G--CGTGTGTCC.....-G--	1515
HPV59	-.....-----GTT--GCG-CGCAAGTCTTCCAGA-----G	1527
HPV7	-GTCAC..CCCC-----G----A---.....CG--G-	1518
HPV40	-GTCAC..CCCC-----A--G.....CG--G-	1518
HPV16	-ACT.....GCT----C-----CG---G.....CTG--	1518
HPV35h	TAC.....T-----G---GTA---.....-GT--	1509
HPV31	1515
HPV52-GAAG---GGT---.....-GG--	1512
HPV33	-.....-C----GGT---.....	1500
HPV58-C----GGT---.....	1497
RhPV1	C.....-C---CGC--C---.....CGC--	1505
HPV6b	-CG.....T--G--CGCC-----..-GG--	1503
HPV11	-CG.....A-----CC-----..-G--	1506
HPV44	-.....-GTCT-GG-AG.....-G--G	1503
HPV55	-CC.....C----GTCT-GG-AG.....-G--G	1506
HPV13-C-----G----AG.....G-----	1500
PCPV1	-CG.....T---GGTT---CGG.....-G	1509
HPV34	GAA.....A-----GC---CG-.....-TT--	1509

L1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

L2 end for HPV25, 14d, 5, 47 <-
 L2 end for most B HPVs <-

most-likely	ATGGCAGTGTGGCTACCAGCTACTGTAAGGTATACCTTCCACCATCAACACCAGTTGCCAGGGTACAAAAGCA	73
HPV19	-----A---A-G-----G-----T-----	73
HPV25	-----T---A-G-----G-----A-G-----T---T-----	73
HPV20	-----T---A-G-----G-----G-----T-----C-----T-	73
HPV21	-----T---A-G-----G-----T-----G-T-----C-----	73
HPV14d	-----T---A-G-----G-----T-----T-----C-----T-	73
HPV5	-----ACT-G---A-----A---T-----G---G-G---A-C-----	73
HPV36	-----ATT-G---A-----A---T-----G---G---G-----G-----	73
HPV47	-----ACT-G---AC-----A-----T-----G-----T-----	73
HPV12	-----T-----A-G-G-CCA-----C-T-A-----G-----G-----	73
HPV8	-----A-T-G---C-----T-T-G-T-T-----G-----G-----	73
HPV24	---T-G---T-G---C-G-----TT-G-----T---G-AA-T-----	73
HPV15	---A-T-----GA-G-G---A---TT-G---A-C---T-A-AC-T-----	73
HPV17	---A-T-----G---A-G-C---A---T-G-T---A-C---A-C-A-----	73
HPV37	---A-TT-----G---G-G---A---T-G-T---A-C---A-C---G-----	73
HPV9	---T-T-----T---A-G-----TT-G---G-----G-G-A-T-----	73
HPV22	---A-CC-C---T---A-T-G---A---TT-G-T-TA-GC---G-A---C-A-----A--	73
HPV23	---A-CC-C---T---T---A---TT-A-T-TA-GC---T---A---C-A-G-G-T-	73
HPV38	---A-C-T---T---T-AT-----AA---T-G---A-C-T---GC-C-T-----	73
HPV49	---CCT-GC-A---T---T-A---T-A---T-A---T---T---G-A-----A--	73
HPV4	---T-GAGT---T-T-TA-A-G---A-C---T-A-T---G-TCA---T-G-A---A---TTGGAA-	73
HPV65	---GAGT---T-T-T-A-AG---A-G---A-T-CG-TCA---T-G-A---A---TTGGAA-	73
HPV48	---TC---TCTG---TCC---C---T---A-T-TAGTG---A-TC-T---GTTGC---	73
HPV50	---TCAT---TCCT---A-CT---A---T-----AGT-T-T---A---TTT-----	73
HPV60	---TC-T---T-G-AGA-AG---AC-AT-G-T-----AGC-AG-T---TC-T---TC-T-	73
most-likely	CGGATGAATATGTGCAAAGAACAAATATCTATTATCATGCAAATAGTGACCGACTATTAAGTGTAGGACATCC	146
HPV19	-----T-----G-----C-----TT-----C---C-C---T-T-C--	146
HPV25	-----T---C-----CT-----C-----T-T-C--	146
HPV20	-----G-T-C-A-C---C---T-C---T-C---C---T-T--	146
HPV21	-----A-----C-----C-----T---CT-----T-T--	146
HPV14d	---C-----G-T-C-----T-C---A-T-----T-T--	146
HPV5	---C-----CA-T-----C-----TT---A-T-G-----T---	146
HPV36	-----A-A---G---T-----TTC-C---A---C-G---C-----	146
HPV47	-----CA-A---G-T-----C-----C---T---A-----	146
HPV12	-----CA-T---G-T-C---C---C---C---A---C-C-----	146
HPV8	-----CA-T---T-C---C---C---C---A---GC-C-----	146
HPV24	-----CA-A-G---C---TC-----TT-----C-----C--	146
HPV15	---C-----G-G---T---G-A-T---C---TG-----T-G---A---G---	146
HPV17	-----G---G-----T-T---C---T-TG---T-T-CC-----G---C--	146
HPV37	-----T---G-----G-A-TC-----C-TG-C-T-T-CC-----C--	146
HPV9	---C-----G-----G-T-T-----T-T-----TT-GC---A-G-T---	146
HPV22	---C-G---G-G---TG-C---C---T-TA-----TT-----	146
HPV23	-----G-----TG-C---C---C---T-T-C---C---C--	146
HPV38	-----G-C---G-C---C---C---C-T-C---A---C---	146
HPV49	-----CA-T-G-G---G-C---C---T---T-G-----	146
HPV4	---T-C---A-CACTG---TC-C-G---TC-C-TGG-CA-AA-G-T-----C---	146
HPV65	---T-C---A-CACTG---TC-C-T---TC-C-TGGA-CA-AA-G-T-----C---	146
HPV48	---T-----C-----GA---GG-G-A---T-T-A---GC-C---AA---T---TA-T-TA---	146
HPV50	---C-----A-GA---TG-G-T-C-T---CGC---G-TT-C-T---G---C--	146
HPV60	-----A-GCC-----T-AGT-T---A-GGA-C---A-A-GC---T-----C--	146

L1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	ATATTTTAATGTTTAAGATATTGAT...GGTGATAAAATAGAAAGTTCCTAAAGTTTCTGGAAATCAATACAGA	216
HPV19	-----TA--G---CA...--ATCA--T----A---A-----A-----C---G	216
HPV25	-----G--CA-CG-CC-A...--CTC---T-GC--A---A-----G--A-----C-----	216
HPV20	-----A-A--T--C--CC-A...--CAC---G---A---C-----G-----GC-----	216
HPV21	-----C--T--CG-CA...A---C---G---A---A-----A-----G-----C---G	216
HPV14d	-----C--A--A--T--CG-GC-A...A---C---G---A---A---A-----A-----C-T--G	216
HPV5	T-----C-----A--CA-----A...-----GC-T--G-----G---A-----C-----	216
HPV36	---C--C-----C-----AC-...--A-C---T-----C-----G-----T--C---C---G	216
HPV47	-----C-----A--CA--A-A...--AAC--C-T---G-----A---A--A--T---GC-T--G	216
HPV12	-----C-----T---ACAC-...--A-A--T-G-G-----G--A-----C-----	216
HPV8	-----C-----CA-C-A-A...--C-C-T--C-G---C-----A--G-----C---G	216
HPV24	-----C-----CA-C-A...--CACAGT-T---G--C---G-----A-----C-----	216
HPV15	C--C--G---AG-TC-G--A...--A-G--GC-----G-----T---	216
HPV17	--T--A-G---AAG-TC--C...--ATTA-G-----C-----G--T---	216
HPV37	---A-G---AAG-TC--G...--CTTA--C--G-----A-----	216
HPV9	---A-G---CCGCTCAGGC--C...--AC-A-GG--T---C-----G---T---G--TC-G	216
HPV22	T--C---G---AG-TCATCA...--A-CA-----G--C-----G---TT--G	216
HPV23	---G---AG-TCACCG...--AG-----T--A--A--G---A--G---T---G	216
HPV38	---G---CAG-TCACAG...--C-A---T-----G--G--A-----T--G	216
HPV49	---G---GAG---CA-CAGACAA-TC---TTT--A--A--G---A--T---TC--	219
HPV4	T-----CCA--GA---G-AC-GGAACC-C-C--G--TT-----G---A--G---TT---	219
HPV65	T-----CCA--GA---G-GC-GGATCAAC-C--GG-TTT-----G---G--T---	219
HPV48	T-----G---G--A-C...A-A--C-CT--AC--A-----CT---C--	210
HPV50	---A-G--A-AG-----GAG-T--CA-----A--A-C-----	210
HPV60	T-----G--A--AT---C-G--G...TCAA---T--TACT--A-----TG-AG-----G-TT---	216
most-likely	GTTTTTAGATTAAAATTACCAGATCCTAATAGATTTCATTAGCAGATATGTCTGTATATAATCCAGATAAAG	289
HPV19	-----C-----C-----C-C-----C-T--T-----A--G-----T-----	289
HPV25	-----G-----C--C-T---TC-T---C---A--T--C---T--C---	289
HPV20	--G---G---C-----C--C-----C-T-----G---C-----	289
HPV21	--A--C---C-C---G-----C-----C-T-----C-----C--G-	289
HPV14d	---C--C---G--G---C---C-----T--C-----T-----	289
HPV5	--A--C-CC-----C-----C-T-----T--C--C--T--C---	289
HPV36	---C--C--G-----T-----T--C---A--T---C-----	289
HPV47	--G---C-C-----G-----TC---G--C-----C--C--T--C---	289
HPV12	--A--C-CC-C---G-----A--C-----T--T--C-----T---GG-	289
HPV8	--C---C-C---G-----A---G---C-G-----C-----C-----	289
HPV24	---GC-T-----C-----T-----C-----G--G-	289
HPV15	-CA---GG-T-CT--T-----C-----C-----A---	289
HPV17	--CC--C---G-C-C-----AG---C--G-----A--T--C---T--A--G-	289
HPV37	-C-----GG-T-GG--G-----A---A---T-----A-----A--G-	289
HPV9	--CC-----A-T-GC---T---A---G---T-----A--T-----T---G-	289
HPV22	-C-----G---C---T-----C-A---T--G-G-----A-AA-CC--G---C--A-GGT	289
HPV23	--CC-----G-T-C---T---C---AG---C---A--A-C---G---T---T	289
HPV38	TCA---C-GG---CC--T---C---AG---T--G---C-----T--G-----T	289
HPV49	--CC-----CT-----C--C-----C---T-----AA-A-----C---A--G-	292
HPV4	--G-----C--T--G---C--A--C-----T--ATT---ATGGCT-T--G--T--T--C-T-	292
HPV65	---C-----CT-T-----G-----GATT---ATGG-T-C---G--T--T--CC-T-	292
HPV48	--A-----GT---C-T-----C-AG---TC---TT---AAAA-T-----T-----G-	283
HPV50	---C-T-GTG-----C-AG---TC---ATT---CTA-AT-G---CT---C--	283
HPV60	---A-GC--C--CT---T-----A--C-A-----A-GAT---C-GAG---C-T---C---A--G--	289

L1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

```

most-likely AAAGGTTGGTTTGGGCCTGCAGAGGCATAGAAATAGGTAGAGGACAACCATTAGGTGTAGGAACTACAGGTCA 362
HPV19      -----A--G---G-----A--T-----G-----C-----T-G-GT---A-- 362
HPV25      ----C-----T--T-----AC-T--G---T-----G---G-GTG----- 362
HPV20      ---A---C---G---T---T-----G-----C--T---G-GT----- 362
HPV21      ---A--A-----T-----A---G---C--G--G---G-GT----- 362
HPV14d     ---AC-----A-----T-----C-----T-----T-G-GT---A-- 362
HPVVS20    -----A--T-----CA---C-GC-GT----- 38
HPV5       --C-T-----T-----T-----G--C--G-----C-G-G---T----- 362
HPV36      --C-----G--AG--T--G--C-T-----G-----T--C-G---G--A-- 362
HPV47      --C-C---G-----G--TC-----T--A--G--T---T-----T--C-G---T--- 362
HPV12      -----C-----AT-G-----A---G--T--G--T---C--T---G---T--A-- 362
HPV8       -----A---T-----T-----CA---G-----T--G-GC--C--C-- 362
HPV24      ---A---A---GT-----AG-----T--G--A-GT--A-- 362
HPVVS75    -----G-----G-----C--T--T--C-GT--A-- 38
HPV15      -----TGT---C-T-----A--T--T---T---C-- 362
HPVVS102   -----A---T-TC-AT--G-----T--AG---C-- 38
HPV17      ---A--A-----A--TGC---C-T--G---AC-----G-----C-----A-- 362
HPV37      -----G-----TGCG---T-G--G---CC---G-----C-T--A---G----- 362
HPV9       --C-TC-A-----T---T--T-----C-----T---G--T---AT----- 362
HPVVS92    -----TCA--G---G---G-----AT----- 38
HPV22      -T--A--A--A---T--T-A---GT-----A-----G--C-----T--C----- 362
HPV23      -C-----G-----GC--AC-T---C--CC-C-C---T---G--C--C-G---A-- 362
HPVVS42    -----G--G-----T--G---C----- 38
HPV38      -T---C---G-----A---C-T-----CC-----G-----A--T-----A-- 362
HPV49      ---A--A--A-----T-----T-----T--C-T-C--G--T-----T--T--A---A-- 365
HPV76      -----TCA-----C-----A-----GT----- 38
HPV75      -----TC---G--G---C--G--G---TT-----C-- 38
HPV4       --C-CC-A--A---AAACTG--G--A-----A-----GG--GC-T--A---T----- 365
HPV65      --C-TC-T-----AGACT-----A-----G--TGGT--CC-T--GA-T-----C-- 365
HPV48      --C-T--A-----AAACTTGT--TT-G---G---C---GGGT--TC-T--C---T----- 356
HPV50      --C-T-----AAACTAGT---T-----G-C--G---TGGG--T-----T--T---T----- 356
HPV60      -G--A--A--C---AGA-TGGA---C-T---T-----TGGG--T-----AA-T-----T-T--C-- 362

```

L1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

poly-A for HPV8
-> <-

most-likely	TCCATTATTTAATAAAGTTAGAGATACAGAAAATCCTAATAAATATAAAGCAAAA.....TCTAAAGAT	426
HPV19	-----G-----C-----AG-G-----G--C-----CTC-----G-GC-CT.....-CT---	426
HPV25	C-----G-----C--G--G-C--C-----A---TCT-----T-GT.....-C----	426
HPV20	-----C--G-T--C-----C-----TC-----GG--T.....A-CT---	426
HPV21	C--T-----G-G--C-----G-TC--C--A-TC--CCA...AAT--CT---	432
HPV14d	-----G--G-T-----C--CTC--C-GGCA-C--GCT...AAC--C-CT---	432
HPVVS20	C--TC-G-----C--G--A-AT-----GGC--C-C-----GG-C.....A-----	102
HPV5	C--T-AT--C-----A-A-----CAG---GC--C-T-A--TTT.....-----	426
HPV36	C--C-----GT-G-A--C--T---CAG---TC-----T-AA-TCT.....-----	426
HPV47	C---AT-----G--A-A-----CAG---TCC---TCA---C.....A-----	426
HPV12	---C-AT---C---A--A--C--G---CT-A---C---GCCA--GGC.....AG--G---	426
HPV8	---C-AT-----G-A--C--T---CAGC---TC--C-CCA--C.....-C----	426
HPV24	-----C-----G-AT--C-----C---GTATC---GGA--C--GCA...TCG--C-C----	432
HPVVS75	---C-G---C-----AT--G-C-----CTTAGCT--C-GG--C-GGCC...TTT---CT---	108
HPV15	---T---C--C---A-A-----G---AAC-G---T---C---GC--C.....-CT---	426
HPVVS102	---C---C-----AA--G-GGC---C---AT-CG.....CG---	102
HPV17	---C--G-----GT-A---C--T---AAC-G--GC---C---GTGG.....-CT---	426
HPV37	C--T-----T-A--G--C--T--G---AA--G---T--CC---GGGG.....-ACGG---	426
HPV9	C-----G-----C-----CT--GC--T--C--GC-C.....A-A-TG---	426
HPVVS92	---T-----C--G---T---CT-AGG--C---C---GTT.....-C-G---	102
HPV22	-----T-ACAT-----T-----C--G--CGCC-G-A-GG.....A-ATC---	426
HPV23	C--GC-----GC-CC-T--G-----T---G--G--CG-C-G-A-GGT.....A--GT---	426
HPVVS73	%%---C-----T-----T--GCAG--CG-CTG-A-GG.....A-A-GT---	52
HPVVS42	-----C--T-AC-T--G-----T-C-GCG--CG-C-G-G-G-TAC.....TG--GC----	105
HPV38	---TC-----A-----T-----CT-C-G---T---C--AAC-C.....-CT---	426
HPV49	---G-----C-----C-A-----T-----G-----C---T--T--CT.....-----	429
HPV76	---CC-----G-AG---G-----G-----T---T--T--C.....-----G---	102
HPV75	---T--G--C-----A-AG---T-----T-A---T---T-A--TG.....-----	102
HPV4	---T---A-----GT--G---C-----GGC--C--AAGC--.....--AG-T---	429
HPV65	---T---A-----GT--G---T-----GG---C-GGAA-C.....--AG-T--C	429
HPV48	---T---C-A---GA-AG-G--C-----GCTTT---TT--G-G--CA.....AA-A--G---	423
HPV50	---C--G-----G--G---C-----GCTTT---CTT--GTCC-CA.....AGAA-----	423
HPV60	-----TA-G-----GCCGC---CCTTT---GCAGAATAATGG-G-T--C	435

L1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	GATAGACAAAATACATCATTGATCCTAAACAAGTACAAATGTTTATTATAGGCTGTACACCTTGTATAGGTG	499
HPV19	----G-----GT-----C-----GC-----G-T--C-----G-	499
HPV25	--C-G-----GT-----C-C-----C---G-----G-T--A-----G-	499
HPV20	-----GT--T---C-----C-----A-----G-C--A---T---A-	499
HPV21	-----GT-----C-----C-----A-----G-----CT---A-	505
HPV14d	--C-----GTG-----G---C-G-----A-----G-----C--G--G-	505
HPVVS20	-----C-TT-----T---G-----A--T-----A---T---	175
HPV5	--C---GG-----T-----GA-C-----G---A--C-----C---A-	499
HPV36	-----GG-----C-----A-T-----CG-G--A--C-----	499
HPV47	--C-----G-C--C--T-----A---G-----G-G---C--T--A---T--C-	499
HPV12	-----G--C-----A-C-----AG-G-----G-G--A-	499
HPV8	--C-----T--C-----G--A-----C---G-G--T--C---C--C--T---	499
HPV24	-----C-----A-T-----T--G---C--C---A-	505
HPVVS75	----G---C---C-----A-----A---T--G---C---T--A-	181
HPV15	--C--G-----T---C--A--G--G--T-----G-AG-----GTT--A---T---C-	499
HPVVS102	--C-----A-----T-----G-AG--A--G-T-----T-G--A-	175
HPV17	-----C--G-----C-----G--G-----G-T-----T--A-	499
HPV37	-----C-----A-----G-----G-GG-T--A--GTG--A--C--G---	499
HPV9	--C--G---C---T---C--C---G-----C-----A---TT--A--CT---A-	499
HPVVS92	--C-----T-----G-----G-C--T---GTG--G---G---	175
HPV22	----AG---GTT--T-----G--T-----C--T--A---T--G---T-----	499
HPV23	--C---AG---TC-----G-----G-----A--T--T--C---G--CT---	499
HPVVS73	----GAGG---T-----G---G-----G-G-----C--C--C---T---GA	125
HPVVS42	--C---ATG---T---T-----G--G-----C--A---T--C---G---T-----	178
HPV38	--C-----C--T-----G--G-----A-----C--T---C---A-	499
HPV49	-----GG---T-----C-----G-----C-----T-----G---	502
HPV76	----G--GG-C--C-----G--T-----T---CG---G--C-----	175
HPV75	----G--GG-C--C--G---C---G--T-----T-----G-----G-	175
HPV4	A-----GG--GTC--T--A--C--A-----AC---G-----T--C--T---GCA-----	502
HPV65	A-C-----GG--GTT--T--A-----A-----GAC-----C---T--C--T---GC---T--G-	502
HPV48	--G-----GTT--CA-G-----G--GAGT--G--AC-A--AG-T--T---G-T--AGCC-CT--A-	496
HPV50	--A-----CTTG--TA-A-----AC---GT-A--G---G-----C-A---AGC-G-T---	496
HPV60	A-----ATGG--GTT--A-G-----A-----A-G---T-----G---A---A---AGCC-CT---	508

L1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

```

most-likely AACATTGGGATAAAGCTAAACCTTGTGAA...GATGAAAATAATCAACAAGGATTATGTCCTCCAATAGAATT 569
HPV19      ----C-----ATT---A---CT...-GC--G---T--CT--G---CC-----T-----G-- 569
HPV25      -----ATT-----T...-GC---T-----G-C---C----- 569
HPV20      -----C-GG---TT---A---C...-C--CGT--CCAA-C-C---T-C---C----- 569
HPV21      -----TC--A---C---T...AC---C---CCA-CT-C---CG--C---G--T--- 575
HPV14d     -----GG--CTTG--A---T...-A--T--ACCA-CC-CT--T-CT--C-----T----- 575
HPVVS20    -----G--CCTG-A---TT...A---T...-T-----TAGT--C--A----- 242
HPV5       -G-----GTT--A---C...-AA-TG--C-G---ACT--CC-T-----T--T---C- 569
HPV36      -----C--G---T-----...A-G--GCGCC-GG-CA-CA--C---C--A---T----- 569
HPV47      ---C---G---G--AG-G---GG...-AC-G...-ACT--TC-T-----T--T--- 563
HPV12      ---C---G---CTT---C--C-GG...-C-CCAGC-G--A-T--TG-T--C---C---G-- 569
HPV8       -G-----A---C--TT--A---C--GAG--CC-.....G-----TC-G--C--A--C--T---C- 566
HPV24      -----AGT---G-GAGG---CT...-G--T-----G-TGCT--TAG-----A--T--TA-G-- 575
HPVVS75    -G-----GT--G-G---G---C...-GA-CC-----G--A-T--TCG--C--C--T--TA--- 251
HPV15      ---C-----G---CTTGT-----TCA--GAG-----GGCG--AA-----TT-G---C- 572
HPVVS102  -----CCTGTC-----CTCA--A-----C--GGCT--AA--C-----T---C- 248
HPV17      -----C-GG---CCTGTA-----AAT--AC---C-----AC--CC-G---A--T-G--- 572
HPV37      -----ACC-GT-----C-TCA--G-----GAC--CAG-----A--C-T----- 572
HPV9       ---C-----C--GTG---AAG---CT-----T--C-----T----- 572
HPVVS92    -----C-----GGT-----TCA--A-C-----C-----A--C---G-- 248
HPV22      --T-----C---CCTGT-----...-C-GGC-G--GGT-----C----- 569
HPV23      --T-----C---CCTGTC---A...-C-GG-GC---T--G--G-----TT----- 569
HPVVS73    GGT-----C---CC-GTA---A...-C-GGA-G---TT---CC-T--C-----T----- 195
HPVVS42    --T-----C---GCCTGTA---A...-C-GG--C---ATG--C-----TC-T---C- 248
HPV38      --T-C-----ACCTGTA---T...A--C-GGGG-C--GAC--CC-----C----- 569
HPV49      -GT-C-----CGCT-----TGCA---CT...GGT--G--TAA---C-----T----- 569
HPV76      -G--C-----GC---C--G--C---TGCT--CAG-...GGGGT---CAA-----A--TT-G---C- 242
HPV75      -G--C-----GCT--C---C---CGCT--CA-...GG-G-C--TAA-----A--TT----- 242
HPV4       -----G-----CCC...AGCCCTGC-CCG---G--GAT--C--A-----GC- 572
HPV65      -----G--G-G-----C...AG-CCTGT-CC---C---GAT-----T-----GC- 572
HPV48      --T-C-----TT-----A--CA-T...-TTG...G--A-C--GGCTGCA--A-----TC--C- 560
HPV50      --T-----TT--AG-----C...A-AA-C-GCTTAA-TA-T--CAAG-----C--C- 566
HPV60      ---C-----TT-----TCCT-C-CC-...GC-A-----CC---C---TA--- 575

```

L1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	AAAAAATACAGTTATTGAAGATGGTGATATGGCTGATATAGGATTTGAAATATAAAATTTTAAAAACATTACAA	642
HPV19	--TT--CT-----A--C-----A-----T--C-A--C--T-----GG-C-----	642
HPV25	--TT--T-T--C-----G-----A--C--T--C-A--T--T-----G-----G	642
HPV20	-----CA--AC-----C-----A-----A--C--CC-----G-----	642
HPV21	--TT--T--CA--AC-----C-----A-----A-----C--C-----C--G-C-----	648
HPV14d	-----G-----C-----A-----C-A-----T-----GG-----	648
HPVVS20	-GTT--C--TAC--AC-G-G--A-----A--C--C-----G-T-----G	315
HPV5	-----C--TA--AC-----A--C-----T--G--C--G-----GG--C-T---	642
HPV36	G---C--TTA--A-----C--C-----A-----T-----T--C--C---ATC-G---	642
HPV47	-----C--TAC--C-G-----C--C-----A--C--T--T-----C--C--T---C--GG-C---	636
HPV12	--G--C--TT-C-----C-----A-----T--T-----C--C--G-----G---	642
HPV8	-----G--C-----A-----T--T-----T-----G--C-----G--T---	639
HPV24	-GT---T---A--C-----A-----T--T-A--G--T-----G---C-----	648
HPVVS75	GGT---T---C--CC-----A-----A-----T--T-A-----CC-----CCGT--C-----G	324
HPVVS200	-----G--G--C-----G-----A--C-----A--T--C--T-----G--T-----G	60
HPV15	T-----C--C-----TT-----T-----T--C--T---AAC--GG-C---TC-	645
HPVVS102	G-G--C-----A--A-----A-----AT-----C-----C-----CAAC--GGTT---TC-	321
HPV17	-----C--T---C-----C-----T--C-----C-----C--T---AAC---GTGC--TTC-	645
HPV37	-----C-----G-----G--C--TT-----G--C-----T--CAA---GGTTC--CTCT	645
HPV9	--G--C-----A---G---G--C--TT-----T-----C--CAA---GGA--C--GTCC	645
HPVVS92	-----T---A-----A-----TT-----C-----T---AAC---G--C---TCT	321
HPV22	-----GGT---A--G---A-----TT-----AA-----C--TC-	642
HPV23	-----C-GT---A-----G--C--TTC--C--T--C---T---C---AA-----TCC	642
HPVVS73	-----C-GT---A-----C-----TT-----C-----T---CAAC-----AGT	268
HPVVS42	--G---GT--C--A-----A-----TT-----C---T--C--T---AA--G--C--GTC-	321
HPV38	G-----GT--A-----C--A--C--TT-----C-----CAAC-----TC--TCC	642
HPV49	--TC---T-----AC-----AT-----T-----T---C---AA--G-----TCT	642
HPV76	GGT-----T--A--A-----A-----TG-----T-----AA-----CC--GTC-	315
HPV75	-GT-----T-----G-----G-----TG-----T-----T--C-----AA-----C--GTC-	315
HPV4	TGT---T--TAC---C-----A-----TG---C--T-----GGC--T--C-----G--T--G--G	645
HPV65	TGTG--C---TA-----G---G---TG-----T--T-----GC--T--T-----G--T--G--G	645
HPV48	-GTT-----T-----C--G-----GA-----C---GGC--GCT-----CCT--AG--GATG	633
HPVVS207	-----C-A--G---G--G---G-----TGC--GCT-----GCT--AGC--TATG	60
HPV50	-GT---C--GTTA---C--G-----GA-----T---GC---C---CCT--A--C-----	639
HPV60	--C--C--GT--TA--A---C--G--C---A---TG---C---C-----GC-----TT--C--G---	648
HPVVS19	-----GC--G-----C---TG-----C---GC--TGC-----C--GGG---T--G	60
HPVVS201	-----C-A--G-----G-----GC--GCT-----GCCGT-----	60
HPVVS202	-----G---CG-----AG-----GC--G--G-----GC--T--CTCT	60
HPVVS203	--G--G-----A---GC--C---C-----GCCT--T-----G--CC---G	60
HPVVS204	--G--G--C---G--AG---C---T---TG---G-----G--T--ATC--TG	60
HPVVS205	---C-----G---TG---T--C-----GCAGCC-----G-----	60
HPVVS206	C--G-----A---GA---T--G---TG---G-----G-----	60

L1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	GAAAATAGATCAGATGTTAGTTTAGATATAGTTAATGAAATTTGCAAATATCCAGATTTTTTAAAAATGCCAA	715
HPV19	C---C-----T-----C-----A-----C--T-----C-----G---A--	715
HPV25	C---C--G-T-C-A--C-G-----C---CC--T-----C--C-T-----A--	715
HPV20	----C--G--A---G---T-----G-CC--T-----C-----AG-	715
HPV21	C-----G--T-----C-----CG--T--G-----C--C-----A--	721
HPV14d	-----T---A---G-----C---C-G-----A--	721
HPVVS20	C-----C--G---T--AG-----A-----T--C-----CG---A--	388
HPV5	--T-G-----C-----C--C--C-----C-----G-----G---A--	715
HPV36	--G-G--G-----A---G-----CC-----T--C--C-----AG-	715
HPV47	C-C-G--G--T-----C-T--C--T--A-----C-----G--C--G-----C-C-----A--	709
HPV12	C---C-----T-----C--CC-T--C-----G-----C-----G-----A--	715
HPV8	C-G--C-----T---A--C-C--C---A---G--A-----T-----G-----AG-	712
HPV24	C--G-----C--A---G---T--A-----CC--T-----C-----A--	721
HPVVS75	----C-----T---A-----G-----CC--T-----C-----G---AG-	397
HPVVS200	-----GC-T-----C-T---T--C-----CC-----G--G---A--	133
HPV15	-TT-C--AG-----G--C-G-----G-----C-----CT--G---	718
HPVVS102	-TT-C--AG-----C-G-----C--T--G-----CT--G--C-	394
HPV17	TTT---A-----A-----CA-----T-----GC--G---	718
HPV37	ACT---A-----A-----A-----C--T-----C---G-T-	718
HPV9	TTT---AG--T---A--C-----T--G---CC-----C--C--C---G---	718
HPVVS92	T-T--C-AG-----G-G-----C-----C-----CC--G-T-	394
HPV22	TTT-----T---A--C---C--T--A-----C--T-----T---C-T-C---T---	715
HPV23	TTT-----C-T--A---GG-----C-----G-CT--T---	715
HPVVS73	TTT---AG-----G-G--C--T-----T-----T-----CT--T-C-	341
HPVVS42	TTC-----T---A-----A-----C---T-C-	394
HPV38	TTT-----T---A---G---T-----CC-----C-----C-T-CC--T-T-	715
HPV49	-TT--C---T---C---G---A---C-----G---T-----G--G---	715
HPV76	-C-----AG-----C-----A-T---T--G-----C-----G-C-	388
HPV75	-C-----A-----C---G-----A-C---T--G-----C--CC-T---G-C-	388
HPV4	-CTG---A---TAG--C-CC---G---G-CA--GCCAC-G---T---GG-----GGG-	718
HPV65	C-GG---A---TAGC-C-CCA--G---G---GC-AC---G-----GG-----AGT-	718
HPV48	C-GG--C-TG-T-GC--CCC-C---GT--A-AG--TCT---A-T-T--GG-----G--A-C-	706
HPVVS207	C--G---G-T-G---ACC-C-G--AT--A-AG--AGT---A-T-T--GG-----C-----A---	133
HPV50	C-GG-C--G--GG--CCC-----GG--TC--CA--TT--GG--T--C-A-----A-T-	712
HPV60	---G---A---G---CC-C-----TACC-----T-----T-----AC-----A---	721
HPVVS19	C--G---G---G---CC-----AG--AGT-C---G-----C---G---A---	133
HPVVS201	---G---A-G---G---GCCA----AT---GG-CACTT--A-T-T--GG--T--C-----CGC--A-C-	133
HPVVS202	---GCC-GG-T---CACC-----AT--A-C---TCT---A-T---GG--T-----A-TC---T-T-	133
HPVVS203	A--G--C-TG-T-G-----T---G--AC-T-CA-T-T--GG-----C-----A-T-	133
HPVVS204	--GG-C--G--TTCAT--CC-----C--TA-A---G-CC-C--G-GG--T-----C-----AAT-	133
HPVVS205	C--G---A---G---CC-----T---G-CAGT--A--T---GG-----A--A-T-----GAGC	133
HPVVS206	A-GG-C---G-C-GA--C--C-----T---AG-CACTT--A---TT-GG--T--C-----A-T-	133

L1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	ATGATGTTTATGGAGATGCCTGTTTTTTTTTTGCTAGACGAGAGCAATGTTATGCCAGACATTTTTTTGTTAG	788
HPV19	-----G-----T---T---C-----A--A--G-----T-----C-	788
HPV25	-----G-----G---T---C-----A--AC-G--G--A-----	788
HPV20	-----T-----T---C-----A--C-G--G--A-----T---C---AC-	788
HPV21	-----G-----T-A---C---A--AC-CA-----C--C-----	794
HPV14d	-----A-----T---C-----A--AC-CA-G--A-----C-----	794
HPVVS20	-----A---C-----A---C---G-----G-C-----GC-	461
HPV5	-C---A-----C---G---C-----A---C-TA-G-----C-----	788
HPV36	-----A---C-----A---C-CA-----CC-	788
HPV47	-----G---T---C---A---C-TA-----	782
HPV12	-C---A-----T---C-----A---C-TA-----G-----C---G--	788
HPV8	-----G---T-----C---A--AC--A-G--A--G--C---T-----G--	785
HPV24	-----T-T-----C---C-C-T-----A-----AC-	794
HPVVS75	-----A-A---C---T-T---C---C---C-C-G-----A-----C-	470
HPVVS200	-----CT-----C-----C-TA-----C-----A--	206
HPV15	-----G---C---T-----A---A-G-C---T---AC---C--	791
HPVVS102	-----A---T---CT-T-----C---A-GA---A-G---T---A--A---	467
HPV17	-----T-----A---C---C-C-----G-C---T-G---A---G--	791
HPV37	-----G---A---C---GA---A-----A---A--	791
HPV9	-----A---C---A---A---A-----G---A--A-----	791
HPVVS92	-----G-----T-----C-----A-----A-----	467
HPV22	-----C---C---CT-A---C---G---AC-TA-G-----AC---CAA---AC-	788
HPV23	-----A-----G---CC-A-----C-----G---C-A-----C-	788
HPVVS73	-----CT-T---C---C---C-CA---G-----A-G---A---AC-	414
HPVVS42	-----T---CT-----G---C---A-----T---A---AC-	467
HPV38	-----T---T---C---C---TGC---G-----C-----A-----C-	788
HPV49	---CA-A---G---T---C---C-A-----T---A-----G---C---C-----	788
HPV76	---CA-A---CT-----A-----G-----T-----	461
HPV75	---CA-A---G---CT-----A---C---G---G---A-----T---C-----	461
HPV4	-A---A-C-----AG--TG---C---GA---A---A---CTA-----C---C--	791
HPV65	-A---C-----AG--TA---C---A---G---G---A---G-TA-----G---C-----	791
HPV48	-A---A-----CT-TGTC---C-----G---A---G---A-----TC-T---C---CA--	779
HPVVS207	-G---A-----A---AAGTA---C---GA-A---C-----TC-C---A---CC--	206
HPV50	-A---C-----G---CCATGTG---C-A---A-AG-A-----TA-----G---ACCCA	785
HPV60	-A---A-C-----AGTA---C---G---A---T---A---AT---T---G---A-----A--	794
HPVVS19	-A---CAAG---T---AA---C---C---G-C-T-----G-TG---A---G---A---ACC--	206
HPVVS201	G---A-A-----TGTG-----GG-GA-AG---A---TATG-T-----A-GG-CA--	206
HPVVS202	-G---A-----C---AGAATG---C---GA-A---T---GATG---A---CACA---TG--A	206
HPVVS203	---A-A---T---CAGTATC-----A---G---A-A---A---GCTA-T-AGT-----C---G-GG-CCC-	206
HPVVS204	-A---CC-----CATATA---C---G-TT-----G-TA---T-----CA-GG---C-C-	206
HPVVS205	-A---AA-A-----CAGA-TA---C---A---A---T---GC-----G---A---C-C-C-	206
HPVVS206	---A---C---AGTATG---C---GA-A---T---GCTC-T---G-----C---GGACA--	206

L1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

		E2 bind for HPV65		
		->	<-	
most-likely	AGGAGGTAAAAATAGGTGATGCTATTCCAGAT...GCACAAATTGAT.....AATAATAAATATTAC			846
HPV19	T-----C--G-C-----AC-----CA...-G-----C---GAGGGAAGCATG--A---C---C---			858
HPV25	---G--C---CG-----C-A-----C-...-G-----GAAGGAAGCATG--A---GC--T---			858
HPV20	T--G--C---C---A---A---A---T-CA...-G-----GAAGGTAGCATG--G---GC--TC---			858
HPV21	---G--C---C---A---AC--A---C-CA...-G-----GAGGGTAGTATG--G---GC-----			864
HPV14d	---G-----G-C---A---AC--A---CA...-----G-----GAGGGTAGCCTA--G---GTT-----			864
HPVVS20	T--T--C---CCT-----A--A--T-G-...-C-----GCAGGGTCACAT--A--G-----			531
HPV5	---G--A---CT-----AC-----CG-...-----CAATGGTACATAC--A--C-G-T---			858
HPV36	T-----CG-----C-AC--C--T-C...--CAG-----AATGGGACTTTT--G---C-G-T--T-			858
HPV47	---G--A---C-----AC--A---GA...-----GG---GCAATGGTAATATG--A--C---T---			852
HPV12	-----C-----AC-----T--C-...-----GATGGCAATATG--A--C-G-----			858
HPV8	---G-----G-C-----AC--A--T-C-...--T-----GATGGCATGATG--A--C-----			855
HPV24	-----CC--G---AC--A--T-G-...-AG-----GCAGGGACCTAC--A--G-C-T----			864
HPVVS75	T--G-----GGCG--G---AC-----T-G-...-G-----C---GCAGGTACATAT--A--G-T-T---			540
HPVVS200	---T--C--CG---G---AC-----T-G-...-A-----A--CGCAGGCACATAT--A--G-T-T---			276
HPV15	-----GC-G-----C-----T---GCA--TGTC-A-C-A.....G--C---T-T---T			852
HPVVS102	G-----GT-G-----T---GAA--TGTC-A-C-A.....G---A--C-T-GTG			528
HPV17	G-----TG-----G-----GGTT--TGT--A-C-G.....G--C-C---T---T			852
HPV37	---G--A--TG-----C-----GGCA--TGTT--A-C-G.....G--CC-C-----			852
HPV9	-----TC-G-T---C---G---T---GGT---GT--ACC-G.....G--C---T-TC-TT			852
HPVVS92	G-----C--TG-T-C-----A--C--T---GGA--GT--CAAC-G.....G--C-C--C---T			528
HPV22	T--T---CTTG-T-----A-----GAT---GTTCAAC-A.....G--C-----			849
HPV23	---C---GT-G---A---A--A--T---GGT---GTTCAAC-G.....G--C-C-----T			849
HPVVS73	C-----GGC-G-G-----TTA--A-----GCTA--GTT--A-C-G.....G--CC-----			475
HPVVS42	---C---GTTG-T--A--T---A---CGGT---GTCCAGC-G.....G---C-----T			528
HPV38	---T---GC-G-G---C---G---GGTA--TGTC--ACC-A.....C---T---T			849
HPV49	---T---TG---G---G---A---CA--ACT--TGT--GG-C-G.....G---C--T--CATA			849
HPV76	-----TG---A-----T---GCT---GTGGG-C-G.....G--C---C-T-GTG			522
HPV75	G---C--TG---C---CGA---TA--GCT---GTGGG-C-G.....G--C---T-T-ATG			522
HPV4	--C---C-CC--G--A-----C-A-----A...C-TTTTGAA-C.....-CCTCAG-T---TT			849
HPV65	--C---AGC---G--A---AC-A---A...C-TTTCGAG-T.....-A-C-G-T--C-GG			849
HPV48	--CT--CC---G--G--GC---A---ACA...-A-A-TGGA-TA.....-----T			828
HPVVS207	--CT---CT--G--A--AC-AG-A--TA--...-AGACT-A--GA.....GTA--T-T-ATA			261
HPV50	T-C---ACC---T--G--AC---A--TA--...-TCTC-GGA-T.....T-----T-TGCAGTA			843
HPV60	-----G-T-GAT--A--AG-T-G-----.....TC-GG-----			837
HPVVS19	--C---C-C-----T-----ACG...C--T-TCAG--A.....TC-G---T---			261
HPVVS201	--CT--A-CT--G--C--C-----.....GC-G-G-TT			252
HPVVS202	--AT---GCTG-G--A-----A...AATTT--A-A--GATGAGGATGTTC--C---GG-T--TA			276
HPVVS203	C-C---A-CGGCT--A-----C-----TC...C-TG-T-ACA-A.....-TCTAATA			258
HPVVS204	G-----A-----G--A--A-----A...AATAC-GCA-GC.....G-----T			258
HPVVS205	T-C---A-TT-AT-----T--T-A-----...--ATG--AACCA.....GGAG-----T			261
HPVVS206	--C-----CTCCC--C-----A-----TAC...C--G--A-ATA.....-C-TAATA			258

L1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	ATACCTGCA.....GAAAATGGTCAAGCTCAAAAT...AAT.....TTAGGTAATTCTATGT	895
HPV19	-----C-T.....A-C---A---GCAA---T--ACT---.....-----A---G-C-----	910
HPV25	-----AC-T.....A-C-G-A---G-----T--AAT---.....C-----C--A-----	910
HPV20	--T--AC-T.....-TG---AA---G--A--G--C...-C.....C-----A-----	907
HPV21	--T--AC---.....ATG---A---A---GT-C...-G.....A-T-----C--C-----	913
HPV14d	--T--AC---.....ATG-CAAA---C-A-----C.....A-T--C---G-C-----	913
HPVVS20	---AG---.....-CTTCA-AC---T-A-----...-G.....-G-G-----	580
HPV5	--T--A-GG.....-CTG---C-----G...-C.....A---A---C-----	907
HPV36	--T---GG.....-CTG-C--C---A-----G...CC.....A---A---G-C-----	907
HPV47	--T---GT.....-CT-CG---G---G-GC...-C.....A-----G-C-----	901
HPV12	--T---G-A.....-CTC-G-A---T-----G...G--.....A-----G-G-----	907
HPV8	--T---GT.....-G-C-A-A---T-A-----G...G--.....A-----G-----	904
HPV24	--T--A---.....-CC-CA---GA-A---A...---.....A-T--C--C--A-----	913
HPVVS75	-----G.....-CGTCA---GA-A---G...---.....A-----C--G-----	589
HPVVS200	--T--A-G.....-C-TCA---GA-A-----A.....A-----C--C-----	325
HPV15	T---A---.....C--TCAACC---CAA-----...-C.....---CA---CT-	901
HPVVS102	T-----.....C--GGCAC---GCAA---G...G--.....A---C--G-----A-	577
HPV17	T---A--T.....C--C---C---CAA--GCGC...-C.....-G-----C-CT-	901
HPV37	T-----C.....A--TCA-AC--GCAG--GT--...CTG.....---C-----CC-	901
HPV9	T-G--A---.....A--G--A---CAA---CGA...-CA.....A---C-----C-CC-	901
HPVVS92	T-----.....C-----CA--GCAA---C-C...CC.....-G--A-----A-	577
HPV22	T-G-----.....-CTTCA.....-G-C---GC-.....---AA--C--C-CT-	889
HPV23	T-----.....-CC-A.....-C-----C...-C.....AA--C--AC-T-	889
HPVVS73	T---A---.....A-TCCA.....-CTGCC---CA.....-G-AA--C---CA-	515
HPVVS42	T--G--T---.....-CTC-A.....A-T---...GC.....-G-AA-----CC-	568
HPV38	T-----.....A-----A--G-G---CGC...-C.....---G--C---C--	898
HPV49	T-----.....-C--G-CAA--G--C-----...C.....C-T--C-GC--C--C-	898
HPV76	T-G-----.....-CTGT---A--G--C-----C...-C.....-G---GC---T-	571
HPV75	T-----.....-CCGC---G--G-----C...-C.....-G--C--C---T-	571
HPV4	--TGG---T.....C---CCAA---A---GT-C...-C.....---ACC-CA---T-	898
HPV65	--T---T.....C--G-A---G-A---G---...-C.....-----CCACA---A-	898
HPV48	---A--C-T.....--TTC...GCC-A-----C...-CAGATCTTCTCAT-----ATC---G---	886
HPVVS207	-ATG-AAA.....CC-GGA-A--C-AA--CC-GG...-GCGCT.....CATA-G---TC--AG-A-	316
HPV50	-AC--AAT.....C--CCA-AG--AA--GT-GAACC---.....A-T--TCC-ACT-A-	895
HPV60	T--G-AC---.....C---C--A-A--C-----...-C.....C-T--GG--A--GT-	886
HPVVS19	-G-T--C---.....C-GG--A-C--G---G---...G-G-A-TC-CAC--T-	310
HPVVS201	T-T-TGCAT.....CCC-----GC-C-----...-G.....---CCTCA-T-GCT-	301
HPVVS202	T--AA-C-T.....A-GCC--ACGC-C-A-C-T--TCA--C.....-----A--CAG--CT-	328
HPVVS203	T-T-AG-GT.....-TG---CAGTGC-A-----G...-C.....GCT--GTC--T--CT-	307
HPVVS204	TAT--C-T.....ACTG---...GGT----GC-A...---A----TCACA---T-	304
HPVVS205	C-CT--C-TAAGTTGGGA--TG-GCAAGT-C-C--G--A...G-C.....---ATCGCA---T-	319
HPVVS206	T-T--A--T.....-TG---CACTAG-----G...G--.....GC---GTC--TC-CT-	307

L1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

E2 bind for HPV4, 65, 14d, 15, 17, 49

-> <-

most-likely	ATTTTCCAACGTAGTAGGGCTCTTTAGTATCTAGTGATGCTCAATATTTAATAGGCCATTTGGTTACAACG	968
HPV19	---C-----A-----C-----G-----C-----G--G--	983
HPV25	---C---A-C-----A-G---C-----C-----G--	983
HPV20	---C-----C-----A-G-G-----G-----C-G--G--	980
HPV21	---C-----C-----A-G-G-----C-----G---C-----C---G--	986
HPV14d	---C-----C-----A-G---C-----C-G-C---A-----G--	986
HPVVS20	---C---A-C-----A---T-A-----C-C---C---G--	653
HPV5	---C-----A-----C-----G---C---C---C---A	980
HPV36	---AC-----A-G-G-----G---C---C---C---G--	980
HPV47	---C-----C-----AC---C-----C-G---C---C---A	974
HPV12	---C-----A-----A---T-----G-G-----C-C---C-T---A	980
HPV8	---C---C---C-----AC-T-T---A-----G---C---T-C---G--G--	977
HPV24	---C---A-C-----A-G-----A-----G--	986
HPVVS75	---C---A-A-----A-G-G-----G-----C-C---C---C---G--	662
HPVVS200	---C---A-----A-----G-----GC-G-----C-AC---C-C---G--	398
HPV15	-C---C-A-----T-----GA-ATC-----GC-G-----A-G-----AG-A-	974
HPVVS102	-----T-C---A---TC-----C-A-----GCA-	650
HPV17	-----A---T-----A-ATC-----C-GC-T-----A---C-----GTA-	974
HPV37	-----C-----A-----A-ATC-----GC-C---C---T-----GCA-	974
HPV9	-C-A---T-A-A-----G-A---A---TCA-----G-----C-C---A-	974
HPVVS92	---A-----G---C-T---A-ATC-----G-----A-----G--	650
HPV22	-C-----C-----T-----A-CTC-----C---C---C---T-----GA-G--	962
HPV23	-----T---C---A---G---A---TC---T---C-T-----A-----A---	962
HPVVS73	-C-----G---C-----C---GA-ATC-----A-----C-----A---	588
HPVVS42	---C-----A---T-----GA---TC-----GC-----C-A-C-----A-G--	641
HPV38	-----A-----A---C---G---GA-GTC-----G-----A-----A---	971
HPV49	---C---T---C---C-----G-----C-----G-GC---C---A-T-----A-	971
HPV76	-CG-G---T---C-----T---G---C-CA---A-----C-----C-----	644
HPV75	--G---C---G---C---T---G---G---C-CA-----C-----C-G---	644
HPV4	--G-AGGG---CCC-----C---AT-C-G-G---C-A-G-A-----A-CA-	971
HPV65	--A-AGGC---CC-----A-----T---A---GT-C-G---C-A-G-A-----A-CA-	971
HPV48	---A---ACCA---A---C---GAATA---C---T---G-----T-A---C-TAG---	959
HPVVS207	-C---G---ACC-----CC-TAATA-C-----T-A---A-----C-A-T-A-----G---	389
HPV50	---A-T---ACCA---A-----AATA-A---CAG-T-A-G-----A---A---A-T-GCA-	968
HPV60	-C---C---T---ACCA---T---G---CT-----AA---C-T-----A-T-A---C-T---CA-	959
HPVVS19	--G-AG-C---CC-----T-----ACTAGC-----GC-G---C---A-T-A---C-C---AA	383
HPVVS201	-----ACC-----T---C-TAATA-C-----AA-----G-----A---G-A-----G-G-AA	374
HPVVS202	-C-----T-TGCCA---T---A---TAG-----AA-----C---A-----C---T---	401
HPVVS203	-----AGTG-CCC-----G---A---AC-A-----T---G-----A-----AG-A-	380
HPVVS204	---CAAT-----A---AC---TCA-AA---GA-----A---TT-----	377
HPVVS205	-----T---A-----T---G---T---AAA---G-----C---A---A---G---GAA	392
HPVVS206	-C---A-TT-A-C-----A---C-TAATA---C---T-A-----A---T-AC---C-T-G---	380

L1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	AGCACAAAGGTCATAATAATGGCATTGTGTTGGGGTAATCAGATGTTTGTACAGTAGTAGACAACACACGAAAC	1041
HPV19	C-----C-----A--C--TT-----C-A-----C-----G--T---	1056
HPV25	-----C-----T--A--C--TT-----C-A-----C--T--G-----C---	1056
HPV20	C----G--C--C--C-----C--C--TTC----AC-A-----T-----T--T--T-----T	1053
HPV21	T-----C-----A-----TT-----AT-A-----T-----T--T---	1059
HPV14d	C-----C--C-----T-----TT-----T-A-----T--T--G-----T---	1059
HPVVS20	-----C--A--C--C--G--	677
HPV5	---C-----CCTG---C-----A-----A-C-----G--T-----A---T	1053
HPV36	-----CTG---C-----A-----G-----T	1053
HPV47	G--T--G-----CTG---C-----A-----C-----T-----A---T	1047
HPV12	-----G-----CCTG---C-----C-----T-----T-----	1053
HPV8	T--C--G-----CTC---C-----A-----C--T--G-----G-----	1050
HPV24	T-----A-----C-----AT---CA---G-----T---CA-G---	1059
HPVVS75	G--G--G--G--A--C--C--A--	686
HPVVS200	C-----G--C--C--C--C--G-	422
HPV15	--T-----G--C-----ACT-----A---T--T-C---T-----A-G--T	1047
HPVVS102	-----G--A-----C--G--	674
HPV17	-----A--C-----T---TA-----G-----A-----G--T---CT-----TA-G---	1047
HPV37	--T-----C--C-----TA-----A-----A-C---T-CT--T--T---G---	1047
HPV9	-----C--C-----TA-----A-----G--C---T---T---	1047
HPVVS92	T--T-----A--A--C--C--T--	674
HPV22	C--G--G--C-----T---TG---AAC--C--A-----A-----CT--T--T--C--T---	1035
HPV23	T--T-----C-----C-----TA---AAC--C-----G--T---C---T--T---T--T	1035
HPVVS73	T-----T--	612
HPVVS42	T--T-----G-----A--	665
HPV38	-----C--C-----T---TA-----C-----A-----C-CT--T--T--C-----T	1044
HPV49	-----G-----C--C-----A-----C---AG-----C--T---A-A---G-CT--T--T--CA---T	1044
HPV76	-----G-----C--T--	668
HPV75	-----C--C-	661
HPV4	--T--G---ACA-----A-----A-----T-----TC-T---T---T-AT--T	1044
HPV65	--T--G---ACA-----A--A--C---A-----AT-A---G---C--T--T---T--T-AT--T	1044
HPV48	--C--G--AACA-----A---G--C---A-----TT-T--T--T--T-AT--T	1032
HPVVS207	G--T-----AACG--C--C-----	413
HPV50	--T--G---ACG--C---T--T-----G--G--A-----T--T--T---CA-----	1041
HPV60	--C-----GCA-----T-----C--AT-A--CA---TA-----T--T--T-----T	1032
HPVVS19	T--T-----ACC-----C--A--	407
HPVVS201	--T--G--CACC--C-----G--	398
HPVVS202	-----G--CACC-----C-----	425
HPVVS203	--T-----ACC--C--C--TG-	404
HPVVS204	T----G--CACA--C--C--AG-	401
HPVVS205	-T--T--G--CACA--C--C--G-	416
HPVVS206	T-----CACA--C-----G-	404

L1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

		E2 bind for HPV15		
		->	<-	
most-likely	ACAAATTTTAGTATTCTGTAACTGATGATGCTGATGTA.....AATGAAATTAAGAAT			1099
HPV19	--T-----A--A-----T-A---GAA-A----T.....GC-A----GC---T-			1114
HPV25	--T-----C--C--A--AA-C---T-A---GAA-A----T.....TCCA----C-CT--T-			1114
HPV20	-----C--A--A---C---T-A---AA-CA-----T.....TC-A----C--A-T-			1111
HPV21	----C-----A--A---C---GA---A--C--G.....TC-A----G--A-T-			1117
HPV14d	-----A--A---G-T-A---AA-CA---G---.....TCCA----G-CA-T-			1117
HPV5	--T---C-----AT---A-C-G-C--GA-CAC---.....-A--TG--GC---C-			1111
HPV36	--T--C-----AA-AT---ACA-A---GG-CAC---.....-G--C--C--T--T-			1111
HPV47	-----C--C--C-----T-CT--C-G-CA-GG--CA--.....-G--T--AC-G--T-			1105
HPV12	--C-----C-----A--A--T-C-G---A--CAAA.....C-C--C---CC-A-T-			1111
HPV8	--C-----A---T-C---AA---GG--AC-T.....-GA-C--C-C---C-			1108
HPV24	--C-----AAG---AT-C---AA---GCA-A---.....-CA--T---C--G-			1117
HPV15	-----C---AG-----CCT-----G-AA.....-CC--A--T----			1096
HPV17	-----TC---AGC--GTC---A--A-C--GG.....-CTG--C----			1096
HPV37	----C---TC---AG---GTC---CA---GC.....-G---C----			1096
HPV9	--C-----CC---AG---GTC---A--G-CA---.....C--CAG-----			1096
HPV22	--T-----TC---AG---GGCA-G---C-GCA-C.....-CAGTTA-T-			1081
HPV23	----C-----CAG-----CC-A---CAGCAG.....-T-AG--A-G-			1081
HPV38	----C---CA--CAG---ATCC---AA-C-GG.....-GTGC-C-----			1093
HPV49	--C-----C---AG---A-G---G---GCCAG.....AC-CC--C-----			1093
HPV4	----C-----CA-----G-GT-A---G---A---.....-C-A-T-TC-G-			1096
HPV65	--T-----C-----A--A--A--A-CA.....-TCCT-TA---			1096
HPV48	GTG-----C---AG-----G-A---A-AA---CAT--ACTGAAAACACTACATAG--A-TGG-T-CA---			1105
HPV50	-TT--C---A---AG-----G-AA---TCAA-CC-T-GGATCCTTTAAATGTAGCAAGTTC-T-TATG-			1114
HPV60	--T-----ATC-----A---T-C-AAC-A-----C-A-T.....G--A-C-GAT-TA---			1090
most-likely	ATAATGCTGAAAATTTAGAGAATATTTAAGACATGTAGAAGAATATGAAATTTTCATTTATTTTACAATTATG			1172
HPV19	----T--C---C---A-----C-----A--T--A-----			1187
HPV25	----T--C---C-----G-----GT-A---A--A-----C-T--			1187
HPV20	--G--T--C-G-----CA-----C-----A-----GC-C--			1184
HPV21	----A--C--G-GC---CA-----C--T-----C---T--A-----			1190
HPV14d	---CCT--C-G-----CA-----G--TC-A-----C---			1190
HPV5	-----A--TC-----CA-----A--T--A---C---C-C--			1184
HPV36	-C-C---A--GC-----CA---G--C--G--G-----A--A---GC---			1184
HPV47	-----A--C--T-----G--CA-----G--G-----TG-A--A-----G--			1178
HPV12	--G--T--C-----G-----G-----TC-----			1184
HPV8	---AT-AAACC-G--C-----C-G-----CC-C--A-----G--			1181
HPV24	--G---A-T-----G-----CAG-----G-----C---AC-G--GC---			1190
HPV15	----T-AC---TA-C-----T-----G-----C-GT-A--TA-----G---G--			1169
HPV17	----T--C---TA-C-----G-----G--C-GC-A--T-----			1169
HPV37	----T--C---C-C-C-----CC-----T-----CC-GC---A-----C-T--			1169
HPV9	-----CA-T--TA-----T-----C-G-----A--C---G--G--			1169
HPV22	--G---A-----A-C-----T-A-GC-C-----CC--T-A--C-----G--GC---			1154
HPV23	--G---CACT--A-----G-T-AC-----T-----CC--C---T---AC---G--G--			1154
HPV38	--G--T--C---TA-----T--G-----CC--T-G-----A--G---G--			1166
HPV49	--G-CAG-ACC--GG-----T-----G-----A---A-----G--			1166
HPV4	---A--AGTG-T---A-C-G--CC-C-----A---G--G-T-----GGA---A--T---C-T--			1169
HPV65	---A--A-GTG-T---A-C-G-----CA-T--G--G-T-----GGA-----T--GC-T--			1169
HPV48	----AA--C-G-T---A-C-----C-TC-----AC-----AGAG--GG---T--G-----			1178
HPV50	-CTCAAAG--TG-T---ATC-G--CAGCC-T---ACT-----T-AGA-----A--T--G-----			1187
HPV60	----ACAG--G-T-----C-G-----C-C---ACT-----G-AGAG--A---C-GAG-C-C--			1163

L1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	TAAAGTACCTTTAAAAGCAGAAGTTTTAGCTCAAATTAATGCAATGAATTCTAATATTTTAGAAGATTGGCAA	1245
HPV19	----A-----G-----C-G-A-----C-----C-A-G-----A-----	1260
HPV25	C-----G-G-G-----A-A-G-----G-----C-C-----A-----	1260
HPV20	-----T-----C-----T-----T-----A-----A-----G-G-----G	1257
HPV21	-----T-----C-----C-----G-A-----A-----G-----G	1263
HPV14d	----A-----C-----T-----C-----G-----G-----	1263
HPV5	---G-T-----G---C-G-A-G-A-G-C-----C---TCGT-A-G-G-----G	1257
HPV36	---G-T---C-G-G-----A-G---G-A---T-----TC-T-A-G-----G	1257
HPV47	C-----T-----A-----C-----GTC-C-----G-A-----G	1251
HPV12	-----T-----G-----G-----A-G-A-----C---TC-T-GC-G-G---C-----	1257
HPV8	---GA---AC---G-T-T-----A-----C---C-----ATCAC-AC-T-G-A-----	1254
HPV24	---A-C-----T-G---A-G-C---T---C-ATC-C-A-G-----G-----G	1263
HPV15	---A-----T-G-A---A-A-----T-----AGG-----C-----	1242
HPV17	---A-----T-----A-----C-AGGA---C-G---C---G	1242
HPV37	-----T-----G-T-G---A---G-A-----GG---A-G---G-----	1242
HPV9	-----G---GT---T---A---T-C-G-A-----C-AGG-----G-----	1242
HPV22	--G-A---A---G-----G-A---A-----C---CA-GGC-----A-----	1227
HPV23	C-GGA-----G-C-G-C---A-A-----C-----AG-----GA-----G	1227
HPV38	---G-T-----T-T---GC-GA-A-G-----T-----GGA---A---A-----	1239
HPV49	---G-----G---C-G---CC-G-A---C---T-----TC---A-G---A-----	1239
HPV4	-----T---C---CT---T---A-G---TT-A---T-----C-----G---TA-----G	1242
HPV65	C-C---T---C-T-C---C---T-CA-G---CT-A---T-----C-----C---CA-----	1242
HPV48	C-----GAAC-G-CT---T---C-G-A---TT-AC-C-TT-----C-C-GA---A---G-----	1251
HPV50	-----GGA-GG-T-T---TA-A-----TC-----T---G-CC-C-GA---G---A-----	1260
HPV60	-----G---G---TC---T---C-----TT-A---T---G-CAAA-----G-----	1236
most-likely	TTAGGATTTGTTCCTACACCAGACAATCCTATTCATGATACATATAGATATATTGAATCTAAAGCTACAAGAT	1318
HPV19	-----T---C---G---G---C---T-----G---C---T-----A---T---TT---T---	1333
HPV25	-----C---G---G---T---G---T---C-C-C---T---TT---C---C-T---	1333
HPV20	-----C---G---G---T---C---C-----C-----A-T---GC-----T---	1330
HPV21	-----G-C-----C-----C---GC---T---	1336
HPV14d	-----A---G-----C-----G---GC---G---T---G---	1336
HPV5	-----C---T---T---T---A---G---C---C---C-----C---TTG-----C-G---	1330
HPV36	-----T---A---T---T---C---A---C---C---C-----T---ATT---C---TC-C---	1330
HPV47	-----G---T---C---G-----C-A---TTG---C---T---G---	1324
HPV12	-----C---C---G---A---T---T---C-----C---C-----C---CTG---T---G---	1330
HPV8	C-G-----A---C---T---T-C---A-----C---C---C-----T---CTT---C---C-T---	1327
HPV24	-----G---G-----C---AAG---C---C-----A---AG-TTG---A---CCT---	1336
HPV15	C---G-----CG-G-A-A---TT-----C---G---A---T---A---	1315
HPV17	-----G-----T---C---AG-G---T---G---C---A---T---C---A---	1315
HPV37	-----A---T---T---T-AG-A---CCTT---G---C---A---T---A---G---C---AG---	1315
HPV9	-----G-----A---T---T---A---G---G-----TC-C-----T---A---C---A---	1315
HPV22	C---C---A-----T---G-C-----T---G---T-AC-----A---	1300
HPV23	-----G-----T---G-AG-----C---C-----T-G-CT---A---G---C---A---	1300
HPV38	-----C---A---C-----T---G-A-C-----C-T---C---AAC-----A---T---A---	1312
HPV49	---G-----C---T---T---A---C-----G---C---AC---AC-G---A---C---	1312
HPV4	---AAT-----AC---TCC-TC-GGA---G-G---CA-----T-T-GC-----G-----	1315
HPV65	---AAT-----G---CC-T---TCCTCAGGA---G-G---CA-----T---AC---C-G---G---	1315
HPV48	---CT-----AC---G-TCCA-CGGGC---G-A---T---C---G---CA---C-TG---T---A---	1324
HPV50	---CT-A-----AC---G-TCC---G-GG---AGGC---T---C---CT-AA---G-T---A---	1333
HPV60	C-TTC-----A---C-----CCAC-AGG---G-A---G-T---C-----AATG---C-G---A---TG-	1309

L1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	GTCCTGATAAAAAATCCTCCAAAAGAAAAAGAAGATCCTTATAAAAAATTATACATTTTGGAAATGTAGATTTAAC	1391
HPV19	-C-----C-----T--G-----T-----C-TACAC-----T-	1406
HPV25	---A-----T--G-----T-----TACAC-----G-----	1406
HPV20	-----G-----C--GG--CTA-AC-----T--CC--T-	1403
HPV21	-----C-----CG-----ATG-A-----G-----	1409
HPV14d	-----T-----G-----C-T-AC-----	1409
HPV5	---A---G-----G-----G---C-----GGGC-TACAT---G-----	1403
HPV36	-----CC--C--T--G-----G---C--C--GGGG-TA-AG--C--G---G---C-T--	1403
HPV47	-----A--GTC-----G--G-TT--C--C--C--GG--TA-AC-----G---C---A-G--	1397
HPV12	-C-----GCCG--C-----G-TGGC-TA-GT-----C-----A-G--	1403
HPV8	-----G--C--T--G---GCCT---A---GC---G-T--AC--C-----G--CC-T--	1400
HPV24	---A-----GTAG-----GCC-----GCC-----G-----T-	1409
HPV15	-----GCTGTA-AA---G--C-----C--A-T-GG---G-----	1388
HPV17	-----GC-GT-GTAGAG-----C---T-GC---G-----A--C-T--	1388
HPV37	-----GC-GT-GT-GA-----G-----C-T-GC---A-----	1388
HPV9	-C--A---GCTGT-GAG--T-C-----C-T-GCC--A--CT-----A--G--C---	1388
HPV22	-----GCTGTA---GAC-C-C---G-----C-T-GGTC-A---T-----CA-GT-	1373
HPV23	---A---GC-GTA---GAC-CGC-----G-----T-GG--G---T-----T---A-G--	1373
HPV38	---A---GC-GTG---GA--C-----C-T-GGTC-A-----G--CA-G--	1385
HPV49	-C-----C---C-A---G-TCC---GGA-----A---G-GC-G---AC-----C-----	1385
HPV4	-C---ACAC-G-CC---G---CT-----A-----G---TGT-T---GT---T-----G	1388
HPV65	---AC-C-GTC---CAGT-CT---G---C-----G---TAT-----GG-----	1388
HPV48	-C---AC-GCT...GAA---G---G-CAC-----A--C---GC---C-GT--C---C-T---A-G--	1394
HPV50	-----CA---G-CAG-AGCGCC---GT--T--C-----G-A---T-----CA-CC-T--	1406
HPV60	---AACAG-TGT---AAT-CT---GG---C-----C-G-----CAA-----GCA	1382
most-likely	AGAAAGATTATCTTTAGATTTAGATCAATATCTTTAGGAAGAAAATTTTATTTCAAGCTGGTTTACAACAA	1464
HPV19	---C-CC-C-----G--C-T--CC-C--G-----G-----G-----G	1479
HPV25	---C-CC-T-----AC-G--C-T--G-----G-----G--G--	1479
HPV20	-----C---A--G-----C-C---C-----A-----	1476
HPV21	---C-G--G--C---C-----C-T-----A---G--G--G	1482
HPV14d	---G---C-----CC-----C-T--G-----G--A---G--G--	1482
HPV5	T-----G--A-----C-----C-----C-----G-----	1476
HPV36	T---C-G--G--AC-----G-----C-----T---G--C-----C--C---G--G	1476
HPV47	--GC-CC-T--CC-G-----A---T---G--C---C--G---A---G--G	1470
HPV12	T--G---C-T-----CC-G---G---C---GC-C--G--C---C--G---CC-C-----	1476
HPV8	---C--C-T--CC-G---G-----A---C--G--G--C--G-----A---G---G	1473
HPV24	T--C-C-----G--AC-G-----C---C---G--CC-G-----G--C-TGT---	1482
HPV15	---AG-----G-----C---G-----A-----A---G---GT	1461
HPV17	T--G-A-----A-----G--C-CC---C-----A-T---GT-A---G--GGC-	1461
HPV37	T---A-----A--G-----C-----G--G---CA-C---GT-G--A--G---AGT	1461
HPV9	T-----G--G--C-T-----C-----T-----C-T-----G---AC-	1461
HPV22	T---AG---A--G-----G--C-AC-G--TC-T-----T---G-----GT	1446
HPV23	---A--G--C---CC-----C-C---CC-T--G---C--G---AT--AG-G--G-GT	1446
HPV38	T---A--G---C-----G-----C---G-GC-C-----C-----A-----AC-	1458
HPV49	---A-C-G---G---G-----G-----G-----GC-----GG	1458
HPV4	T-----T--CAGT--A--GAGC---T--C---C--GCGG-----A---AG-----ATTA-T	1461
HPV65	-----T--CAGT--AC-TAGC---T--C---G--CGC-----A---AG-----ATTA-T	1461
HPV48	---GC-C--C--G-CT---AG--G-T--C--G--TC-----A---A---GTT-A-T	1467
HPV50	---AG--T--G-CT--AC-T---G---G-CC---C-----G-----GA---A---TT-A-G	1479
HPV60	---C-T--T---AAC--A---TCC--G-T---C-T---A--G--A---A---GTA---C---TTA-C	1455

L1 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

E2 bind for HPV19, 25, 14d, 5, 47, 12, 8

	->	<-	
most-likely	ACA.....ACCGTAAGCGGT...ACAAAAACAGCTTCTTCAAGAGTATCCACCAGAGGTACAA		1519
HPV19	G-----A-----TATA-----C-G-C---G-----A--T-		1534
HPV25	-----A-----T---C--CC--A---T--T--G--A-T--		1534
HPV20	G-G-----A-----T-TA-----AGT---T--T--G--CGTC-		1531
HPV21	--G-----T-A-----G---CT-----G-----T-----A-TT-		1537
HPV14d	T-G-----T-A-----T---GA-T--G-G---T--AG---TT-		1537
HPV5	--G-----T-A-----G---TG---AT-A--GG--T-AT---A---		1531
HPV36	--G-----T---TG---ATC---GG-T-----A--C-		1531
HPV47	--G-----A-----A--C--AC--G-GG---T-----A---		1525
HPV12	--G-----T-A---ACA-----T--T-AAGC-AT---AGT---TA--G--G--C-		1534
HPV8	--G-----AT---T-TATA-----G-GC---GT--G--C---		1525
HPV24-AAC-TCT.....-A-----AT-----AG--G--C-		1522
HPV15CG-CCC--AAC---TT---T-C...--GT--A---T-T...A-----T-		1507
HPV17-GGCCC--A.....-T-TTCGGA-C---GT--A--GC---AG---TT-		1507
HPV37-GACCT--A.....-TTGTTCG-T-G---GT--A--G--T...A-----		1507
HPV9CGAAA-C-TCC---TT-----GTT-A-AC---T...A-AA-G-T-		1507
HPV22	G--AGGGCC...AGTGCC-GG--C--T.....GTG---CGTT--G--A-GC-GAA-A-GT-T-A-AC-GT--		1510
HPV23	GT-.....CGGTCCG-T.....-C---CGGC--G-AA-TC--AA-GTG---A-AC-GTC-		1498
HPV38	G-----CGAAC-C-T-C...GTC---CGGC-G-TAGT---AA---TT---A-TC-GT--		1513
HPV49G-TTCT--A-TG...T-T---T-CT--G--G-T---CT---AC-G---TT-		1510
HPV4	GGTTCTCTAAAACGTAAA-GAA---TA.....-GTTCTT-TCA-G-ACA--CTAATA---AAC-TTC-G-C-		1528
HPV65	GG-ACACT.....TAAA-GAAA-C-TAC...-TT--TT-TCAAG--C---CTAGTATT-AAC-TTC-G-C-		1525
HPV48	GGTAA.....ACGA-CT--A.....-G-CTATA-AG--G--G--TCTAGT-----TC-----		1522
HPV50	-G-----GA--T--A.....-TG-TTACA--GT-G-T-C---T---A-CCA-AC-		1528
HPV60	GG-----CGAAA-C-GTC...G-T-GT-GTTT-GTAA-G-AGAA--A...A-AC-GTG-		1507
most-likely	AACGAAAACGAAAA.....AAATAA		1539
HPV19	--A---G--T---T---		1554
HPV25	--A-----T-----T--G		1554
HPV20	-----C-----C----		1551
HPV21	-----C-----T--G		1557
HPV14d	-----C--G.....T--G		1557
HPV5	----C----T-----T-G-		1551
HPV36	-G--C--G-----C-G--		1551
HPV47	-G--C-----T-G-		1545
HPV12	--A-----C-----C---		1554
HPV8	-----G-----T--G		1545
HPV24	-----C.....CG--		1539
HPV15	----C----T.....C--G-		1524
HPV17	----C----T.....TC--G-		1524
HPV37	-G--T----G.....TCG-G-		1524
HPV9	-GA---GG---.....CC---		1524
HPV22	-----GGAA.-CTTA..CCTCT---		1533
HPV23	--A-G---AA-GTGCA...ATTG---		1521
HPV38	----C---A-G-CC.....C-G--		1533
HPV49	-----G.....G--G-		1527
HPV4	-----GTCTCT...G-----		1551
HPV65	-----GTCTATTAAAC-G--G		1551
HPV48	-G--T-GGA--GT.....G--G		1542
HPV50	-GA-----T-CC.....G----		1548
HPV60	----T---A---CT.....		1527

L1 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

SuperE.con		ATGACAGGCCTTCA	14
HPV41		-----	14
SuperE.con	GTATTTATTTTGTAGCGATGATGGCACTCACATTGTCTATCTACTAGCACAAACAGCCACCACCCACTCGTGC		87
HPV41	-----		87
SuperE.con	CTGCACAGCCAGCGATGTGCCCTACATTGTTGTTGACTTGTATAGTGGAAGTATGGATTATGATATACATCC		160
HPV41	-----		160
Unclass.con		ATGTCATATATAGGGGCTATAATGGGACGGACTATTATCTACA	43
MnPV		-----	43
SuperC.con		ATGGCGTT?TGGCA?C??gG?CA	18
GroupC1.con		ATGGCGTTGTGGCAACAAGGCCA	23
BPV1		-----	23
BPV2		-----	23
		L2 end for EEPV <-	
GroupC2.con		ATGGCGTTCTGGCAGCCT?GTCA	22
EEPV		-----A----	23
DPV		-----G----	23
SuperD.con		ATGTCCTTCTGGGTCCAAATTC	23
BPV4		-----	23
SuperE.con	TAGCCTGTTGCGCAGGAAACGTAAAAACGCAA??????T?TTTTTCAGATGGC?GT?TGGcTtcCtgc?Ca		222
HPV41	-----ACGTGTT-A-----C--G-----A-GC-C		233
COPV		-----G--T-----A--	23
CRPV		-----A--G-----GT--A-G--	23
		L2 end for HPV1a <-	
		\ 3' sj for HPV1a	
GroupE1.con		ATGTATAATGTTTTTCAGATGGCTGT?TGG?T?CC?GC?CA	36
HPV1a		-----C--T-A--A--G--	41
HPV63		-----T--C--T--T--C--	23
Unclass.con	CCCGTCATTGTCCAGACGCAGGCGTAACAGCAGGCATATCTATTTTTCAGATGGCGTACTGGCTGCCTAATAA		116
MnPV	-----		116
SuperC.con	a...aaGCT?TA?CT?CCTCCa...AC?CCTGT?A??AAGGTgCtTGC??tGA??cTat?T??aaagaaa?		69
		L2 end <-	
GroupC1.con	?...AAGCTGTATCTCCCTCCA...ACCCCTGTAAGCAAGGTGCT?TGCAGTGAACCTATGTGCAAAGAAAA		88
BPV1	G...-----T-----		90
BPV2	A...-----A-----		90
		L2 end for DPV <-	
GroupC2.con	A...?GCTATACCTGCCTCC?...ACACCTGTGACAAAGGT?CT?TGCTC?GAGCA?TA?ATTA?????G		74
EEPV	...AG-----C...-----G--G-----T-----A--T-----GGCGTAA-		90
DPV	...GC-----A...-----T--T-----A-----G--C-----ACGTACG-		90
SuperD.con	TGCAAAGCTGTACTTGCCACCGCCCTACACCTGTACACAAATTTCTGACACGGATGAGTTTGTACACGCACT		96
BPV4	-----		96
		L2 end <-	
SuperE.con	gAATAagTTtTAccTtCC?cC?ca????CC?atcac?aagat?ct?agCac?GAtGAaTAtGT?ac?cG?ACc		281
HPV41	A----GA-----T-A--C--T--A...--T--ACAACG--CAT-G-A---A--G-----C--G-GA--C---		303
COPV	-----A-----A--A...CAG--C-G---C---G-CT-A-----G-----CT-CA-A--A		93
CRPV	-----G--G--T...CAG--TG---A-----A-CT-----G-----C--T--T--G--A		93
		<- L2 end for HPV63	
GroupE1.con	GAATAAGTT?TA?CTTCCT?CCCA?...CC?ATCAC?A??AT?CT??CA??GATGA?TATGT??C??G?ACC		86
HPV1a	-----C--T-----C---G...--C-----T-GA--C--GTC--CT-----A-----AA-CA-A---		111
HPV63	-----T--C-----A---A...--G---C-AG--T--AAG--GC-----T-----GT-TC-C---		93
Unclass.con	CCAGAAGTTGTACTGCCCCCG...GCCCCGGTGCAGCGCATACGTCTACAGATGAATTTACTACACGAACA		186
MnPV	-----		186
SuperC.con	??caTaTtTtTATCAtG??GAaAcgGAgCGC?TGcT?Act?taGG?catccatataTa?caagtgactata....		129

L1 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

Unclass.con	.ACGGACAATAGACAAAATGTAGGCCTTGATCCGAAGCAGACTCAGATGTTTATTGTGCGTTGTGTACCTGCA	579
MnPV	-----	579
SuperC.con	??aGG?GA?TA?TGGACaAcaGC?cGtCCaTgTtActGat.....aGac?AGAaa?TGGc?CcTG?CctC	465
GroupC1.con	GAAGGGGAATA?TGGAC?ACAGCCCCTCCATGTGTTACTGAT.....?G?CTAGAAAATGG?GC?TG?CCTC	477
BPV1	-----T-----A-----.....C-T-----C--C-----	547
BPV2	-----C-----C-----.....A-A-----T--G--T----	547
GroupC2.con	AT?GGTGAGTA?TGGACAA??GCT?G?CC?TG?GT?AC?GA?.....AG?CCAGA??CTGG?TC?TG?CC?C	390
EEPV	--T-----T-----CT---A-G--C--T--A--T.....-G-----GA---C--C--C--C-	553
DPV	--A-----C-----G--TCAG--C-T-A--T--A--G--C.....-A-----TG---G--A--T--T-	550
SuperD.con	GATGGAGAGCATTGGGATAAGGCACAAGCTTGTGAACCACAA.....GGACCAGGGGATTGCCAC	547
BPV4	-----	547
SuperE.con	acaGGtGAacACTGG?c??t?gctagacg?TGtgcAgg??a??????c?a????aac?tg?gA?TgTCC?c	677
HPV41	-AG-----GT-----GACG-T--GC-ACA---A-AACCCTCCACTGACCAAAGC-GA--ACA-A-----TG	787
COPV	TT-----T-TT-AA-----T-G--CA---AC-G.....GT-CACACTGCA--AC-A-----A-	568
CRPV	-----A-----G--TCAG--A-AG-AG-----AGG-T.....-C-CCAC---AGACC--A-----C-	559
GroupE1.con	?C?GG?GAACACTGG?CAA?????G?CG?TG??CAGG??A.....CA??T??A?CTTGG?GA?TG?CC??	418
HPV1a	T-A--T-----A---GT...A-T--T--CC---GGA.....-AG-GA-A-----G--C--C--CA	571
HPV63	A-T--G-----T---TAGCTC-A--C--TG-----AAC-.....-GT-TC-G-----A--T--T--TC	562
Unclass.con	CAGGGTGAGCACTGGAGTAGAGCACTTACCTGCAGCAATCAG.....GTGGTTAAGAAGGGTGA CTGTCCAC	646
MnPV	-----	646
SuperC.con	CTaT?GAAtTAAaaaacAaaca?ATAGAAgATGGaGatATGATGGAAAT?GGgTTTGGtGC?GCTaAcTT?AA	533
GroupC1.con	CT?T?GAATTAAA?AACAA?CACATAGAAGATGG?GA?ATGATGGAAAT?GGGTTTGGTGC?GC??ACTT?AA	539
BPV1	--C-T-----A-----G-----G--T-----T-----A--CA---C--	620
BPV2	--T-A-----G-----A-----A--C-----A-----T--TG---T--	620
GroupC2.con	CTAT?GAA?TAAAA??A????TATAGA?GATGG?GATATGATGGA?AT?GG?TTTGG?GC?GC?AA?TT?AA	444
EEPV	---A---C-----AAC-AAAC-----A---T-----T--T--C-----T--A--T--T--C--	626
DPV	---T---T-----TTA-GCTT-----G---A-----C--A--A-----G--T--G--C--T--	623
SuperD.con	CTATTGAGCTCAAAAACACAAAATACAGGATGGTGAATGTGTGATACAGGGTTTGGTAATATGAATTTTGC	620
BPV4	-----	620
SuperE.con	c?aTagAacT?at?aacaCagt?ATaGAaGATGg?GAcATG?ttGA?ATaGG?tTtGG?gc?atGgAtttT??	738
HPV41	-TC---G--T-AGTC-T--TAC--T--G---CA-----AG---C-----CC-G--AAACT--A-----TC	860
COPV	-A-----G-GA-----ACA-----A--T---G-A--T---G-----T--A-----AA	641
CRPV	-C--T-----AG-G-----T--T-----G-----TG---A-----C-----G--A-----CCA-AA	632
GroupE1.con	??T??AA?T??T??A??C?GT?AT?GA?GATGGTGA?ATG?T?GA?AT?GGT?T?GG?GCTATGGA?TTTG?	465
HPV1a	GGG-GC--A-GA-AG-GT-T--C--A--A-----C--A-G--T--T--T--T--G-----T---C	644
HPV63	CTA-AG--T-AG-TA-CA-A--T--T--G-----T--T-T--C--A--C-A--T-----C---G	635
Unclass.con	CTATTACAGCGGATGTCTGGGATGATTGAGGATGGTGACATGGGGACATAGGTTATGGCAACTTAGACTTCCG	719
MnPV	-----	719
SuperC.con	Aga?tTaAATGCcA??AA?TCAGATCTAcCTcTtGAcATT??aAAtga?ATcTG?tTGTAtCC?GA?TAc?T?	594
GroupC1.con	A??A?T?AATGC?AGTAAATCAGATCTACCTCTTGACATTCAAATGA?AT?TGC?TGTA?CCAGACTACCTC	603
BPV1	-GA-A-T-----A-----G-----G--C---T---C-----	693
BPV2	-AC-C-A-----C-----A--A--C---T-----	693
GroupC2.con	AGAGTTAAATGCCACAAAGTCAGATCT?CCT?T?GA?ATTGC?AA????AT?TGTTTGTATCCTGATTA?TTA	506
EEPV	-----C---T-A--T-----A--AGAT--T-----T---	699
DPV	-----A--C-G--C---C--CTCC--C-----C---	696
SuperD.con	AGCTTTGCAAGCCAGCAAATCAGGAGCCCTTTGGATATTGTAGACCAAATAGTAAAATACCCTGATTTTCTT	693
BPV4	-----	693
SuperE.con	t?CttTgCag??aaacaaatCaGatGtCC?tT?GAtaTtGta?a?tCtatctGCAAaTATCCaGAcTAtcT?	803
HPV41	-A-AC-----AG-----C---CC--A--A-----GG-T-----T-----C--G	933
COPV	GG-----CATT-T--G---GA-----AA-T--C--A---A-T---GCA-----C--C	714
CRPV	AA-A-----GCC-GTTT-----G---CC-T--GT-A-C-C-G--A--A--G-----A	705

L1 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

GroupE1.con	T?CTTT?CA??A?ACAA??C?GATG??CCTTT?GAT?TTG?????C????TGCAAATATCC?GATTATAT?	513
HPV1a	-G----A--GCA-G---GT-T----TC-----A--G---TTCAAG-AACA-----T-----C	717
HPV63	-T----G--AGC-A---AG-A---CT-----G---A---CAGGCA-TGTC-----A-----T	708
Unclass.con	AGTGTTCAGGAAAACAAGTCAGAGGTTCCCTCGAGGTAGTTGACTCTATCTGTAAAGTACCCCGATTATTTA	792
MnPV	-----	792
SuperC.con	AA?ATG?CTGA?GA?GC?GCtGGcAA?AG?ATGTT?TTtTTTGcAaGgAAaGAACaAGT?TATGT?aGaCacA	657
GroupC1.con	AAAAATGGCTGA?GA?GCTGCTGG?AA?AG?ATGTTCTT?TTTGCAAG?AAAGAACA?GTGTATGT?AG?CA?A	665
BPV1	-----G--C-----T--T--C-----T-----G-----G-----T--A--C-	766
BPV2	-----A--T-----A--C--T-----C-----A-----A-----A-----G--T-	766
GroupC2.con	AAGATGACTGA?GA?GCGGC?GGCAA?AG?ATGTTTTTTTTTGC??GGAA?GAACAAGTTTATGT??G?CACA	568
EEPv	-----A--A-----T-----C--T-----TC----A-----TC-C----	772
DPV	-----G--G-----A-----T--C-----CA----G-----AA-A----	769
SuperD.con	AAAAATGGGTAATGACCCGTATGGAAATTCTATGTTCTTCTATGCTAAAAGAGAACAGATGTATGTCAGGCATT	766
BPV4	-----	766
SuperE.con	aaAATG??a?A?GAac??taTGG?gAttctatgTtTtTtTtGc?cG?aGaGAgcaaaTGTATgc?AGgCaT?	865
HPV41	C----AT-G-A---TA-----A--CCAC-----C-A--TG--GC-T--AGCTC-----T-----A	1006
COPV	-----GC-A-T--G-CT---A---AGATGT-----TAA-A-----C-----C--A--A	787
CRPV	-----CA-A-A--T-AG-T--G-----C---A---TA-A-----G-----T--A--T	778
GroupE1.con	A?AATG??CA?GAAG??ATGG?AA?TCT?TGTTTTT?TTTGC?CG??G?GA?CAAATGTAT??AGGCA??	564
HPV1a	-G----AAC--T---CCT----C--C---A-----T-----A--TC-C--G-----ACC----CT	790
HPV63	-A----GGA--G---TAC----T--T--C-----C-----T--CA-A--A-----TTA----TG	781
Unclass.con	GGAATGTCCAAGGAAACCCACGGCAACTCATGCTTCTTCTATGCTAGGCAGGCGAGATTATACAGCAGGCACT	865
MnPV	-----	865
SuperC.con	TcTGGaCccgggGGGG??CtGAcAAAGAAg?cCct?cc.....?a?G?	693
GroupC1.con	T?TGGAC??G?GGGGCTC?GA?AAAGAAGC?CC?A??.....A?AGA	697
BPV1	-C----CA-A-----G--G-----C--T--CC.....-C---	809
BPV2	-A----TC-G-----T--A-----A--C--GT.....-A---	809
GroupC2.con	T?TGG?C?C??GGGTAC?GACAAAGAA?T?CC?CC?.....GAGGC	600
EEPv	-C---T-G-GTG-----C-----A-G--T--A.....	815
DPV	-T--A-C-CGT-----T-----C-C--A--C.....	812
	L3 start for BPV4 ->	
SuperD.con	TATGGGCTAGAGCAGGAGAGTAGGAGATGATATTCTACAGGAGAGTCTGGTAGCCCATATTTCTACCAGC	839
BPV4	-----	839
SuperE.con	T?tT?ac?cg?gc?GG?a?ggt?ggtgaaaA?gag????????????????????????????????c??a	893
HPV41	-AA-GCAA-AC--G--C-A-A-G-A--CTG-GC-ATTT.....CCCAC'TCT-TGT-	1058
COPV	-TA-GT-CA-AT-T--C-CACAA---TT-G-ACCAGTCCCAAAGATACCTATGCAACAAGAGAAGACAATA-	860
CRPV	-C--C-GCA-G--A--AGG--ACAAG----T-T-AAGAGCAGGGCCTACATAAAACGCACACAGATG-AGGG	851
GroupE1.con	T?TTTAC?C??G??GG??GT??GTGA?AA?GAG??A.....?????C???	587
HPV1a	-T----T-GC-GG--TTCG--GG----T--G--GC.....GTCC-ACA	836
HPV63	-A-----A-AT-CT--AATT--TA---A--A--AA.....GTCCCTA-CAG	830
Unclass.con	TCTTTAACCGTGCAGGTGTT?A??T?????????G?????????C????????????????????	889
FPV1	G-ACC-. . .GTACCAGA-ACAGTTCCTCAT-GCT.TCTAGGGAACA	41
MnPV	-----C-GGG-GAGACTGTGCC-GAGTCATTATA-AAGAAGGGCAAG.....	927
SuperC.con	cT??TatcTgAAg??aa??gaGggga?gaaaccct?.....AAAAT?CC?AGTgT?cttTtTggaagtCCC	748
	poly-A for BPV1	
	-> <-	
GroupC1.con	?TT?TA??T?AA?AAT??TA?AGG?GA?G??AC?CT?.....AAAATACC?AGTGTGCA?TTTGG?AGTCCC	746
BPV1	T--T--TT-A--G---AA--A--G--T-CC--C--T.....C-----T-----T-----	876
BPV2	C--C--CC-C--A---GG--G--T--A-AA--T--A.....T-----C-----C-----	876
GroupC2.con	?TA?T?TCTGAAGCCA??GGG?G?G??AA??????.....AAAATGCCaAGTgTtTtTtTtgcAgt?CCa	649
EEPv	A--C-T-----AA--T-G-GACC--ACACAG.....T--A--C-----G--G----	882
RPV	-----C-----CC----A--C	24
DPV	C--T-A-----CC--G-A-ATGG--CTC.....C-----AGT---	876

L1 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

SuperD.con	CACTGGACGAGGACCCCTG.....CCCTCCTCAGTATATATTGGAAGCCCC	885
BPV4	-----	885
SuperE.con	?a?ag?a?t?cta??aag?g???aa?????????..??gc?ac?ga?aatTatttc?t?CaCC?	928
HPV41	C-T--ACTCCT--GTAG---GT-AGA--TTAAATTCCTTG...CAGCGC--T--T-GG-----A-G-----C	1128
COPV	C-T--GA-CAA---ATT-C.....-TC-C-...-----T	891
CRPV	AGAG-CA-A-G-C-ACATT.....-A--T--C-----C-G-A-C-----T	897
GroupE1.con	????????T??C??AG??G??AACC??AA?ACT...?T?GC?ACA??AATTAT?T?G??C?CC?	618
HPV1a	AAGCCTGTA-TTAA-AGC--AT-CTG----AAG--CA---.T-A--A---ACA-----G-A-GCA-A--A	906
HPV63	TGCATATAT-GCTG-TAA--CC-AGC----CCA--AT---.A-T--T---GAT-----T-T-TAG-T--C	900
Unclass.con	?????????????????..????????????????????????????????C?TAC??G??CCG	897
FPV1	GATTGAAAAGAACAATAGT.....G-C---ATG-CCTGC---	78
MnPVGATGGACAGGCACAGAGCACACTGGCACTAGCTA-A---TCA-GGACT---	978
SuperC.con	AGTGG?ag?tTaGT?TCtAC?GATggtCAa?T?TTtAaTaGgCctTAtTGGcTatT?ag?GctCAGGGcATGA	813
GroupC1.con	AGTGG?TC??T?GT?TC?ACTGATAATCAAAT?TTTAA?GGCC?TA?TGGCTATTC?G?GC?CAGGGCATGA	805
BPV1	----C--AC-A--C--A-----T-----TC---C--C-----C-T--C-----	949
BPV2	----A--CT-G--G--C-----A-----CA---T--T-----A-G--T-----	949
GroupC2.con	AGTGGgAGttTaGtTCTACaGATGG?CagcT?TtCAATaGcCtTAtTGGcTatTtaGaGctCAGGGcATGA	720
EEPv	----C-----A--AT-G--T-----C-----G---C-T--A-----	955
RPV	-----CC-T-----G---T---T-----	97
DPV	-----A-----C---A-----C-G--A-----A--C-G-----A----	949
SuperD.con	AGTGGATCTCTGGTATCCAGTGATCAGCAGATTTATAATAGGCCCTTTTGGATACAAAGGGCACAAAGGCAGTA	958
BPV4	-----	958
SuperE.con	AGtGGcTcT?TgGT?tCtactGatg??CAa?TgTTTAaCaGgcC?TatTGGcT?CagcgaTctCAaGgCcgA	994
HPV41	--C---CC---AG-----GCAG--GC-----C-T-----G---A-----C--G---T-	1201
COPV	-----C---T---G---G-GA--C-----T--C---A-C---C--G--G--A--	964
CRPV	----A--T---C---GC---TCA--GG-T-----C-TG-A-----C---AA-G-----AT--	970
GroupE1.con	AGTGG?TCT?T?GT?TC?TCTGATGT?CAA?T?TTTAATAG??C?TA?TGG?T?CA?CG?T?TCAAGG?CAGA	673
HPV1a	----C--A-G--T--A-----C--T-G-----AT-T--C---C-T--G--A-G-----C---	979
HPV63	----A--T--A--G--C-----G--A-T-----GC-C--T---T-A--A--T-C-----A----	973
Unclass.con	TC?GG?TC??T??C??TGAT?C??CT?TT?AAC?G??CATACTGG?????????????????A	928
FPV1	--T--C--CG-TA-CA-GAG---A-GAAT--T--T--A-GT-----ACG-	133
MnPV	--A--G--AC-AG-GT-ATC---G-TGTA--G--C--C--TC-----CTTGAGAGGGCACAAAGGACAA-	1051
SuperC.con	AcAATGG?aTatg?TGGaataa??a?t?ttt?t?AcAGt?GGgGAcAaAcAcacG?GG?AccAcacT?.....	869
GroupC1.con	ACAATGG?ATTGCATGGAATAATTTATT?TTTTTAAC?GT?GGGGA?AA?ACACG?GG?ACTAA?CTT.....	864
BPV1	-----A-----G-----A--G---C-T---T--T-----T-----	1017
BPV2	-----G-----A-----T--A---T--C---G--A---C-----	1017
GroupC2.con	AtAATGGtaTATGcTGG??taat??ct?tttgt?ACaGtGG?GACAACaCaag?GG?AcCACAcTg.....	778
EEPv	-----C-----CT---CAA--G---T--T---T-----T-----A--A-----T-A.....	1023
RPV	-----T-----G-----TC-T--T-----	147
DPV	-C-----G-----AA---ACC--A---G---G--A-----G--C-G-----	1017
SuperD.con	ATAATGGCATGTGCTGGAACAATGAGCTTTTGTACAGCTGTTGATAGTACTAGAGGCACTAACTTT.....	1026
BPV4	-----	1026
SuperE.con	AcAATGG?aTttg?TGG?gcAAtcAg?t?TTTgTaAcagT?Gt?GAtAatACcaGaGGaAC?a??tTa.....	1052
HPV41	-----C--ACTG---CA---CG--GCC-----T-G--T--C-----G-----T-AC--T.....	1269
COPV	-T---G---GCA---G-----C-G---T-----A--G--C--C--AC-----TCCC-----	1032
CRPV	-----AG---C---GA-----AA-T---G--T--G--A-----C---G--T--A-TA-----	1038
GroupE1.con	A?AATGG?AT?TG?TGGAGAAA??AGTTATTT?T?AC?GT?G??GATAATACCAGAGGAAC?A??T?.....	724
HPV1a	-T---C--T--C-----CC-----A-T--A--T-GA-----A-GTT-A.....	1047
HPV63	-C---T--C--T-----TG-----G-A--T--A-CT-----C-CGA-G.....	1041
Unclass.con	ACAATGGCAT??TGTGGAA??A??A?TT?TTCGTGAC?GTGCTGGA?AA?A??G?????C??T?T?.....	972
FPV1	-----AT-----CG-AA-C--A-----A-----T--T-GCA-GAATGT-AT-A-G.....	201
MnPV	-----TC-----TA-TG-T-G-----C-----C--C-CTC-TGGGAC-CA-T-C.....	1119
SuperC.conAccAttActGTacCtAcagatGgaaaccatt?ac?gag?????..TATGAtAc?agcAAA	920

L1 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

GroupC1.conA??AT?AGTGTAGC??CAGATGGAA?C?CA?T??CAGAG.....TATGATA????AAA	903
BPV1-CC--A-----CT-----C--C-AA-----.....GCTCA---	1071
BPV2-GT--T-----TG-----A-G--T-GT-----.....CTGGC---	1071
GroupC2.conACCATtACgGT?CctA????tGg??agcc?ttcaC?ga??????...TATGAcAC?AGcAAa	821
EEPv-----G----CATCC--GTCC--AC----T--A.....G-----	1077
RPV-----T--A--A-GTGG--AA--AAG-C-C-CCTCACTGAA.....A-----G	207
DPV-----C----C---ACAA--ATG---T--G--G--G.....T--T--T---	1071
SuperD.conAGTATATCAGTACACACTACTGACCCAGAGTTAAACCACAAGAACTTATACAGCCACTAAG	1089
BPV4	1089
	E2 bind for HPV41	
	-> <-	
SuperE.conactaT?a?tat?????acaA?Ga?a???ct?aa????????.....tat?a?a?tgca?at	1083
HPV41--C--C-G-G-TCCTG-GGGG--TGCTT--TC-.....A-C-A-T-TA-G	1317
COPV-----A-AC--AGGGC-AC-A--C-AGC-AG--GAAGGAAAT.....GTTCC-T--TCA	1089
CRPV-G-C-TGTC-CAAAATC---G--GCAAATCA-GAAGACCCAT.....GGAA-A-CA-T-C--	1095
GroupE1.con??TAT?A?T?T????AACAA?GCAA??CT?????.....TAT???A?GC??AT	749
HPV1aTC---C-G-A-GAAA-----T---GTA--ACA.....TCC-AT--TA--	1095
HPV63AA---A-A-G-TCTT-----A---CCC--GAGACT.....GAT-GC--AG--	1092
Unclass.con??AT?AGCA?????C??A?G?TG??A?GA????????????TA??C????AAA?	992
FPV1AAA--A----GCTTAG-TG-A-G--CTC-G--GAATAATGCCACAGTC--TGA-TGGAA---T	264
MnPVTCC--C----TGCTA-AC-G-A--AAA-T--T.....CAC-GCCTC---C	1167
SuperC.con	TTtAAtgTaTatCA?AGaCatgTgGaaGaaTaTAAGCTtGC?TTtaTatT?gAgCT?TGCTCtGTggag?TtA	988
GroupC1.con	TT?AA??TATACCATAG?CATATGGAAGAATATAAGCTAGC?TTTATATT?GAGCT?TGCTCTGT?GA?AT?A	966
BPV1	--C--TG-----A-----C-----A-----A-----G--A--C-	1144
BPV2	--T--CC-----G-----A-----G-----G-----T--G--T-	1144
GroupC2.con	TTTAATGTtTaTCAaAGaCaTGT?GaaGaaTaTAAGCTTGC?TTtgTatTtcAgCTtTGCTC?GT???CT?A	886
EEPv	-----T-----G-----T-----C-----T--CACT--A-	1150
RPV	-----G-----C--A-----G-----T-----	264
DPV	-----A-----G--G--T-----A--CA-TC-CG-A--A--A--GGAG--T-	1144
	L3 end for BPV4 <-	
SuperD.con	TTTAAGCACTA??T?AGACATGT?GAAGAATGGGA??TGTC?TTA?TT?TGCA?CT?TG?AT?GT??A?CTAA	1146
BPV3	--TT-A-----A-----AG--C--G--C--A--G--T--A--GG-C---	64
BPV4	-----CC-C-----G-----TT---T---A--A--G--T--C--T--CA-T---	1162
SuperE.con	Ttta?tga?TatctaaG?CAtgT?GAgGaaTaTgA?cT??cctTtaT?gT?CAGCT?TGtAAgGTaaAgcTaa	1146
HPV41	---TT---G-T-T---G-CACC-----G-T-C-G--TG-----TC-A-----G-----G-C-T-	1390
COPV	-AC-GAACC--C--C--A-----T--A-----AG-AAG-A-A--T--G-----G--C--A--T-----GT	1162
CRPV	---TC-TCC-----G-----G-----G-----A--GCAA--G-GC-C-----A-----C--T---	1168
GroupE1.con	T?TAATGA?T?T???G?CAT???GA?GAAT?TGA??T?TC?TTTATAGTTCAGCTTTGTAA?GTAAA??TAA	802
HPV1a	-T-----T-T-CTAA-A---ACT--A---T---TC-T--T-----A-----GT---	1168
HPV63	-A-----G-A-ACTC-C---GTG--G---A---GT-A--C-----G-----AC---	1165
Unclass.con	TAC?A??A?T?F???G?CATGT?GA?GA?T?TG??T?????AT??T???CT????A??T?AACCTTT	1027
FPV1	---T-CG-G-G-GTCA-G-----A--G--G-A--GCA-ATCTGCA--AG-AAGG--TTGC-GAG-T	330
MnPV	---A-GC-A-A-ACTC-A-----T--A--A--T--AGC-TGAATTT--TT-CCAA--GGTT-AGA-C-----	1240
SuperC.con	ct?C??AaACtgT?TCacaTCT?CA?GGa?taATGCCtCt?T?CTggAAaAcTGGGAaAtT??cgTGCA?CC	1049
GroupC1.con	C?GC?CAAAC??TGTCACATCTGCAAGGACT?ATGCCCTCTGTGCT??AAAA?TGGGAAAT?GG?GTGCA?CC	1028
BPV1	-A--T-----TG-----T-----TG---T-----A--T-----G--	1217
BPV2	-T--A-----AC-----G-----AC-----C-----C--G-----A--	1217
GroupC2.con	?TCC?GA?AC?GTCTC??TCTCCAGGG?T?AATGCC?TC?ATCCTGGAA?ACTGGGA?ATTAAC?TGCA?CC	944
EEPv	G---A--A--C-----ACA-----G-T-----T--G-----C-----T-----A-----G--	1223
DPV	C---T--G--T-----TAG-----C-C-----A-----A-----A-----C-----A--	1217
SuperD.con	C?CCAGA??C??TAGCT?AC?T??A????ATGgATccacG?ATtaTAGAgA?CTGGAAcTtAGGcTtAtCA	1204
BPV3	-A-----GG-TT-----C--A-TA--TTGC-----T--A-----G-----A-----	137
BPV4	-T-----AT-AA-----T--C--GC-CAAT-----A--GA-A-C-----A-A-----T-----	1235
BPV6	-----T--AT-----C-----G--A--C-----	42

L1 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

SuperE.con	C?CCTGAAaAAtcTagCatacaT?CatAc?ATGgAtCCaac?ATtaT?GA?gatTGGCA?tTa?ctGT?tCtcc	1210
HPV41	-C-----G---T-G--T-----A--C--A-----T-C-----T--A--C-----T---G---CA--T-	1463
COPV	-C-----ATA--T-----T-----T-AT-----T--G-----CC--AA---CA-----	1235
CRPV	-A--C-----C---T-----C-A---GC---C-C-----A--C--A--TA-----A--GT-A--G--AG-	1241
GroupE1.con	C?CC?GAAAAT?TAGC?T??T?CATA??ATGGA?CC?A??ATT?T?GA??T?TGGCA??TA?C?GT?TCTCA	850
HPV1a	-T--C-----C---C-ACA-T---CA-----C--T-AT---T--A--GGAT-----AC--T--T--A-----	1241
HPV63	-A--T-----T---A-TTT-G---AT-----T--A-CA---A--C--TTCC-----GT--A--A--T-----	1238
Unclass.con	CTACTGAGGTGCTAGCATACCTGCATGGGATGGACCATCTACTGATAACTGGAACCTGACTCTGGGACC	1100
MnPV	-----	1313
SuperC.con	TCctaC?TcTC?atTttTaGAgGAtAc?Tat?GcTat...aTaGagTcTcCTGCaActAaaTGTGCA??tAAT	1113
	TATA box for BPV1	
	-> <-	
GroupC1.con	TCCT?C?TC?TC?AT?TTAGA?GA?AC?TAT?G?TA?...ATAGAGTCTCCTGCAACTAAATGTGCAAG?AAT	1086
BPV1	----A-C--A--G--A-----G--C--C---C-C--T...-----C---	1287
BPV2	----G-T--T--T--T-----A--T--T---A-G--C...-----T---	1287
GroupC2.con	TCC?AC?TCCTC??T??T?GAGGATA??TA??G?T?T...?T?GA?TC?CCTGC?AC?AA?TGTGCAGATAAT	994
EEPV	---T--G-----GA-TC-T-----CT--CA-A-A...C-T--A--A-----T--T--A-----	1293
DPV	---A--A-----TG-GT-A-----TC--TC-C-T...A-A--T--C-----A--A--G-----	1287
SuperD.con	gcCaCCgAaTaAT??ataGAgGAtCA?TACAGaTtt...aTtaagTCatTaGC?ACTAgATGCCc??tAAa	1267
BPV3	TG-----...-----A-----AC...C-AC-----A-T--A-----CC-----	204
BPV4	-----G--ATA...-----C--C-----...CC-----T-----AAA--G	1302
BPV6	---C--A-C-----...-----A-----G-----G---...-----T-----C---A-----TGG---	109
SuperE.con	aCc?cc?act??t?ctcTaGA?Gacca?TATAgGtac??at??a?TCc?TtGCaaC?AAaTgTCC??ctaa?	1265
HPV41	---T--C-A--TC-GTA--G--G--T--T-----...--ACTG--A-----T-----CT---G	1533
COPV	T--A...T--GG-A--T---T--ACA-----...--AA-C--TC---T--T--G--C--TA---T	1302
CRPV	T-AG--C-G-GGAA-G-----A-----G--C--A---...C-GC-G--A-----C-----AC-CCCA	1311
GroupE1.con	ACC?CCT?C?AAT?CT?TAGA?GA??A?TATAG?TTT????????TC?TT?GCA?CAAAATGTCC?GA??A?	897
HPV1a	---A---A-C---C--C---A--TC-A---G---TTAGGGTCT--C--G--G-----A--AC-G	1314
HPV63	---T---G-A---G--A---G--CA-G---A---...ATTGAA--A--A--A-----T--TA-C	1308
Unclass.con	CCCCAATGATGGTAGCCTTGCTGATAAGTACAGATTT...ATAGAATCCCTTGCTACAAAATGCCCTGACAAT	1170
MnPV	-----	1383
SuperC.con	GTaa?tCct??gca??GAaGAc...CctTatgC?Gg??ttAAGTTTGG?a??Ta?A??TaAAAGaAag?	1166
GroupC1.con	GT?AT?CC?...?C?AAAGAAGAC...CCTTATGCAGGG?TTAAGTTTGGGA?CATAGA??T?AAAGAAAAGC	1143
BPV1	--A--T--T...G-A-----...-----T-----A-----TC-T-----	1354
BPV2	--T--A--A...C-C-----...-----C-----G-----CT-A-----	1354
GroupC2.con	GTA?C?CC?A????CCTGA?GA?...CC?TA??CTG?T??AAGTTTGGGAGGT?AA??TAAAAGA?A??T	1041
EEPV	---A-C--T-TGGGA-----A--T...--C--TG--G-TTA-----G--TC-----A-GG-	1363
DPV	---T-T--C-GCAAG-----G--C...--A--CT--C-CAT-----A--CT-----G-AA-	1357
SuperD.con	gaaGA?aCT??g?aAaaGaaGAC...CC?TATgcaaA?ta?AaaTtTGGGAtGTggACCTaAcAGAAaggT	1329
BPV3	----TG--GCT-C--CT--G---...--T-----G--C-C--T-----T-----C-A-	274
BPV4	AC--C--CAG-TT-----...--C--AA-G-CCTA--G-----C-----A--	1372
BPV6	--G--A--TGcAG-----...--A-----T--A--T-----TA-----	179
SuperE.con	g??cCtcc??a?ac??acacTGat...CctTataaagA?tttaa?TtTGGGAaGTaGatC?A??GA?ag?a	1321
HPV41	-ATG-AGATG-T--CTC-----C...--A--C-----TC---G-----G--T-----ACGG--TC-T-	1603
COPV	ATA-----AA-A--TA--GT-----...--T-GC--C---A-----T-AA--T-AA-	1372
CRPV	--AA-----CA-AGAAA-----C...--A-----A-C-A--G-----T-GTCT--G-AGC	1381
	TATA box for HPV1a	
	-> <-	
GroupE1.con	G?GCC?CC?????C?C?ACTGAT...CCTTA?A??A?T????TT?TGGGA?GT?GA?CTCA??GA??G?A	938
HPV1a	-C---T--TGAGC-C-AG-----...-----T-GTC-A-ATAAA--C-----A--C--T---CA--AA-G-	1384
HPV63	-T---C--ACCCA-T-CT-----...-----C-AAG-T-TACGT--T-----T--A--C---GT--GC-A-	1378
Unclass.con	GTGGAAGTCACTAAGCCTGAT...CCCTACAAAGGACGGATATCTGGAACATTGACCTGACTGAAAGAC	1237
MnPV	-----	1450
SuperC.con	TgTCTtTgGA?tTaGA?CAaTTCCctTgGgA?Ga?gatT??TagcgcagcAagGggcaggatg?...?????	1224

L1 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

GroupC1.con	T?TCTTTGGACTTAGA?CAATTTCCCTTGGGAAGAAGATT?TTAGC?CAGCAAGGGGCAGGATGT.....	1204
BPV1	-T-----T-----T-----A-----	1419
BPV2	-G-----C-----C-----T-----	1419
GroupC2.con	T?TCT?T?GAT?T?GA?CA?TTTCC??T?GG?CG?C??T?CT??G??A??G?????C...?????	1072
EEPV	-G---C-T---C-T--T--A-----TC-G--A--G-GTT-T--TGC-CAGC-AG-ATTAGGGTG-.....	1428
DPV	-A---T-A---T-G--C--G-----CT-A--T--C-TCG-C--ACA-TTTG-CT-TCGCTTAGA-...AGGCT	1427
SuperD.con	TT?ctataAatttgaAccag?a?TcCtTgGGTaGaAA?TTtTTgTTtCAaATAGGtAaaAaAggt...?????	1390
BPV3	--T---G---AG-T---T-T-----A-----G--C--A-----A--G---A-C...AGAGG	344
BPV4	--A-C-C---CC-----C-C---C-----A-----C--G-----G---C-----	1437
BPV6	--CT-C---T--G-----...ATG-A-----C-C--T-----G-----	241
SuperE.con	TgtC?GA?CAgtTaGacCAat?TCCacT?GGcaG?AAaTtTtTatatCAaAgtggt?Tg?caca?.....	1378
HPV41	--A-A--G--A--G-----GAC---C--T-----G--G-----G-T-----C---A-CA-T--G.....	1668
COPV	--A-T--A-----AC-----G--TC-C-----TC--G-CAAA-G--TT--GT.....	1437
CRPV	-A--T--T---C---T--G-A-----T-----A--G--CC--A-----CC--CA-AGA.....	1446
GroupE1.con	TGTC?GA?CA??T?GA?CAATTTCC??TAGG??G?AAATTT?T?TATCAAAAGTGG??T??CACA?.....	985
HPV1a	---C--A--AT-A--C-----AC---AA-G-----C-A-----CA-GA---A.....	1449
HPV63	---G--G--GC-T--T-----TT---CC-C-----T-G-----TC-TG---G.....	1443
Unclass.con	TGACAGCTGATCTGGACCAATTCTCACTTGGACGGAAAGTTCTCTACCAGCACGCGCAATTTCA.....	1302
MnPV	-----	1515
SuperC.con	????????????aactgtgagaa?g?g?cct??t????????aaa?ggaaaatttccagtaag?????????	1261
GroupC1.conTCAACTGTGAGAAA?GA????TT.....?????A?AA?TTCCAGTAAG.....	1235
BPV1-AC--AGAA--.....AGCCAA-A--C-----	1464
BPV2-GA--GCTG--.....GCAACC-G--A-----	1464
GroupC2.con	?????CT??AAA?????????C??CCCT?A??????A?AAA?GG????T?????????????????	1090
EEPV	.AGTA--AG---GAGGGTTGCAC-TGT---A-GGTCACCG-A---A--ATTG-T.....	1482
DPV	TTTAC--CA---AGACCACTTCA-GTA---G-AAAGCGGT-T---C--CACA-GAGGATAACGGGGACGGTG	1500
E2 bind for BPV4		
-> <-		
SuperD.con	?A?CAAACGgtCTGCACCGAAAaCGGTCAC?TTTGAAgT??a??g?agcAAAAgGCGCCA.....	1444
BPV3	A-T-----G-----T-----AGC-GCC-C-----	408
BPV4	.-C-----C-----A-----A...-CTGAAG-T-----	1497
BPV6	.-G-----C-----C-----T--C.....A-T-----A-----	298
E2 bind for COPV		
-> <-		
SuperE.con	.c?t?ct?cta?aAaa?c?g????????c????g?a?t??a?ac???c???ct????????????...?c?	1402
HPV41	.TCAT-AT-A-AT--GCGG-TG.....T-CACGCAGTC-ACTGCC-TTA-TA-CTACAGGCGGCT...A-T	1731
COPV	.-C-AGAT--GT---GTACGTTCTACCT-GCACGTTTC-GTC-A--GAAAAG--GTG.....	1494
CRPV	.AT-GG-A-A-A--G-C-T-CACCTGCAC-TGTTA-T-T-GTG-A-TCAT-T.....	1497
GroupE1.con	.CGT?CTG?T?C?A??C????...A?????G?AAA????????TAC??C????...GCC	1007
HPV1a	.-A---C-A-T-GTT-CACC.....-CAAAGC-C---ACAGTGCCTGTATC--GT-A.....	1506
HPV63	.-T---T-C-A-AAA-TGTG.....-ATTTCA-A---CGTAGATCCTCCAA---TA-TGTG.....	1503
Unclass.con	.AACCGTAAACGGTCCCTTCTGCTTCCAGAAACGGCGGGAACCTCCTCCTTCCACC.....	1362
MnPV	-----	1575
SuperC.con	cctgcaaa?a?a?????a?aa?aa?aa?aaa?tAaTCCTAA	1289
poly-A for BPV1 ->		
GroupC1.con	CCTGCAAAA???.???AAAA?AAA??TAA	1254
BPV1	-----AA---AAA---	1488
BPV2	-----AGA.....AAA---TC---GCT---	1494
GroupC2.con	???????G?????????A?A?G?????G?????A?TCCTAA	1102
EEPVAG-AAA.....-G-A-AAAGG-GAATT-A	1506
DPV	AGAAAAGT-CTTCTGTAC-T-T-CTTTA-TTTAA-T-----	1542
SuperD.conAAGCGTAGGCGgAAaAATGt?TAG	1467
BPV3	-----T--G-----C---	432
BPV4	-----G---	1521
BPV6	-----CA--A	322

L1 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

SuperE.con	aa?cg??g?cg?...?????????cgggctTaa	1418
HPV41	--G--CC-C--G.....AA-----	1752
COPVAAACGCAAA--CAAA---	1512
CRPVAAACGCAAGAGA--TA-----	1518
GroupE1.con	AA?CG?AGGCG?.....??GGC?T??	1020
HPV1a	--G--C-----T.....AA---T-AG	1527
HPV63	--A--G-----A.....CG---C-GA	1524
Unclass.conAAGCGGAGAAAAAATAG	1380
MnPV-----	1593

This page intentionally left blank.