



## L2 SuperGroup A Markov Protein Alignment

The L2 orf of HPV2a contains a methionine 57 amino acids upstream of the methionine used here as the L2 cds start.

most-likely	MV.AHRAR..R.....R.KRASATQLYQTCKAAGTCPPDVIPKVEGTTLADQILKWGSLGVFFGGLGI	59
HPV54	-A.KA--P-.....-S---S-----I---R--M-----	59
HPV32	-P.P--S-.....-S-----I--R-W-----T-----	59
HPV42	-P.PQ-S-.....-S-----K--Q-----	59
HPV3	-----R-----R-Q-----YL-----	59
HPV28	-----R-----R-Q-G--IYL-----	59
HPV10	--.Q-----R---S-----R-Q-----YL-----	59
HPV29	-----E-K--V-----R-Q-----YL-----	59
HPV61	-A...LK.....-D-R--QS-----V---D---R---A-----	56
HPV2a	-S..I--K.....-P-D-R--Q-----I--R--QN---K-----	58
HPV27	-P...-K.....-P-D-R--Q-----I--RL-QN---K-----	57
HPV57	-S..P--K.....-P-D-R--Q-----I--R--QD---R-----	58
HPV26	--.V--P-.....-D--K-----I--S---K-Q-SG--I-L-----	59
HPV51	--.T-----V---S-----VN-----K-Q-SG--I-L-----	59
HPV30	-----Q---S---N-I-H---K-Q---FT--N--	59
HPV53	-----QS---E--N-I-HK-W--K-Q---FT-----	59
HPV56	--.---T-.....-K--LS---E--VN-I-QK-W--K-Q---FTY-----	59
HPV66	--.---T-.....-K--LS---E--N--QK-W--R-Q---FTY-----	59
HPV18	--.S---A.....-V-D--K--QS-----V-----K-Q-S---I-L-----	59
HPV45	--.S---A.....-D-R--QS-----N-----K-Q-S---I-L-----	59
HPV39	--.S---A.....-D-R--QS-----VD-----K-Q-T---I-L-----	59
HPV68ME180	--.S---A.....-E--K--QS-----N-----KL-Q-T---I-L-----	59
HPV70	--.SS--S.....-DI-K--QS-----VN-----RF-Q-A---I-L-----	59
HPV59	--.S---A.....-D--K--Q---S--N-----K-Q-T---I-L-----	59
HPV7	--.SS-P-.....-VN---Q--V-----M-----	59
HPV40	--.SS-P-.....-VH---Q--V-----M-----	59
HPV16	-R.HK-SA..K.....-T-----K--Q-----I-----K-I---QY--M-----	60
HPV35h	-R.HK-ST..K.....-V-----R-----N-V-----Y--MA-----	60
HPV31	-R.SK-ST..K.....-T-----S-----I-H--I---RY--M-----	60
HPV52	-R.YR-ST..H.....-S-----I---L--Y-----	59
HPV33	-R.HK-ST.....-T-----S-I-----Y-----	59
HPV58	-R.HK-ST.....-S-----I---RY-----	59
RhPV1	-KH--LS-..-KRAAPRPPGG-Q-----V-----Y--M--Y-----	71
HPV6b	-A.HS-----LT-----HN-I-----	59
HPV11	-K..P-----T-----H--I-----	58
HPV44	-A.HS-----S-I-----HN-I-----	59
HPV55	-A.HS-----S-I-----HN-I-----	59
HPV13	-A.HS-----S-----QN---K-----	59
PCPV1	-A.HS-P-.....-S-----I-A--QN---K-----	59
HPV34	-R.RK-DTHI.....-K--QS-----I-----N-----Y--I-----	61

## L2 SuperGroup A Markov Protein Alignment

most-likely	GTGSGTGGRTGYVPLGTRP.PTV.....VDVG..PA.RPPVVVEP.....VGPSDPSIVSLVEESSIINSGA	117
HPV54	-----I---S-T.....LEP-P.-V.--AGA--T.....-A-----VVDV--	117
HPV32	---A-S-----I-----V-.....AEP-...-I-----DT.....I--T---VI--L---AV-D-SI	118
HPV42	---A-----VI.....AEP-...-V---IA-DT.....-----L-----V-DA-I	118
HPV3	-----A-IS---G-.....-SV-...-K---I-.....-----N-L-D-----S	118
HPV28	-----S---G-.....-SV-...-----I-.....-----N-L-D-----S	118
HPV10	-----IS---G-.....-SV-...-----I-.....-----N-L-D-----S	118
HPV29	-----V---G-.....-SI-.T-----I-.....-----T-L---V-----	118
HPV61	-----I-----I-..VS----ID-.....-AA-----T-----V-EA--	115
HPV2a	-----I-V-S--T-.....-I-..TP---II-.....-A-E---T---D---A--	117
HPV27	-----I-V---T---I-..V-PK---I-.....-A-E---T---D---A--	116
HPV57	-----I-V---T-.....L-P-----I-.....-A-E---N---D---A-S	117
HPV26	---T-S-----I---GGGR-S-.....-I-..T---III-.....-TE---T-----Q---	118
HPV51	---S-----I---GGGR-G-.....-IA-...-IIIDL...WHHTE---N---D---Q-S	118
HPV30	---A-S---A-----T-.....-AS-...-I---S.....-T---T-----V-V-A--	117
HPV53	---S-----I-----S-.....-T-...-I---S.....-T---T-----V-E---	117
HPV56	---T-S---A-----S-..S-I.....-T-...-I---S.....-T---T-----V-E---	117
HPV66	---S---A-----S-..S-I.....-T-...-I---S.....-T---T-----V-E---	117
HPV18	-----I---G-S.N-.....-T-----I-.....-T---T-I-D---VVT---	117
HPV45	---S-----G-S.N-.....-T-----I-.....-T---T---D---VVA---	117
HPV39	---T-----I---G-..N-.....-S-.....-I-.....-E---Q---D---V-T---T	117
HPV68ME180	-----I---GK-..N-.....-S-.....-I-.....-TE---Q---D---V-T---T	117
HPV70	---T-----I---G-..S-.....-T-...-I---S.....-TE---Q---D---VVS---T	117
HPV59	-----I---G-T.N-I.....-S-...K---I-.....-T---T---D---V-T---	117
HPV7	-S---S---A---S-GS.RAIPPKSLAP--...I-.....-DT.....-A-T-----I-----Q---	122
HPV40	-S-----A---S-GS.RA-PPKSLVP--...V-.....-DT.....-A-----I-----Q---	122
HPV16	-----I-----A.....T-TLA-..V---LT-D-.....-----T-F-DA--	119
HPV35h	-S-----S-----T-..A.....ATNI-..I---T--SIPLDTI--L-S-----T-F-E---	123
HPV31	-S-----S-----S-...SEASI-..I---SID-.....-L-----G-VDV--	119
HPV52	---A-S---A-----S-...SITTS.TI-...T---...I-LE-----MI--TTF-E---	118
HPV33	---S-----I---D-..A.....AIPLQ-..I---T-DT.....-L-S---I---T-F-EA--	118
HPV58	-----ST-..SE.....AIPLQ-..I---T-DT.....-L-S---I---F-DA--	118
RhPV1	-S-A-----S---S-..ASI.....PEPL-...TI-.....-----L---RL-EA-V	128
HPV6b	-----Q-SAK-SI.....TSGP-..M-.....-A-----I---A---A--	118
HPV11	---A-S---A---I---SS-K-AI.....TGGP-..A-...L---...A-----I---A---A--	117
HPV44	-----I---QST-R-DI.....PS-P-..T-...IL-DT.....-A-G-----A-----	118
HPV55	-----I---QST-R-EI.....PSGP-..TT-...IL-DT.....-A-G-----A-----	118
HPV13	-----V-ST-R-AI.....STGP-..T-...I-DT.....-T-----A-----V	118
PCPV1	-----VQ-A-R-AI.....PFGP-..T-...II-DT.....-S-----D-T---A--	118
HPV34	-S-----P-TTPSRP.....-EIPLQ-T-...ITS.....-A---S-----F-EA-V	121

## L2 SuperGroup A Markov Protein Alignment

```

most-likely P..VPTF..TGTGGFEITSSST...TTPAVLDITPTSGSVQVSSSTFTFNPLFTDPSVIEQPQTGVEVSGHILV 183
HPV54      -.T--I..PSQ-----AT--D...A---I--V-S-TTPIR--I-SHD--IY-E--LL.D-PPP-QMD-RV-- 182
HPV32      -...-D...-SH---N---ASGPSS-----S-PTNTIR-A---SH--VYS--FTL.R-SLP--GN-RL-T 186
HPV42      T...-DI...-SH---N--T-TGGPAS---I---S-PTNTIR-TT--S----YI--FTL.--PLPA--N-RL-I 186
HPV3       T..I---...-D---VI--A...-----A-DN-V---N-S--A--E--LL-V--N-.-----I 183
HPV28      T...-...S-----V--A...-----ATDN-VI--SN---A--E--LL-V--N-.-----I 183
HPV10      T..I---...S--S--V--A...-----A-EN-VI---N---A--E--LV-V--S-.-----I 183
HPV29      T..I---...-S-----A...-----AGDN-VIT--N-N----E--LL-I-----.-T--RV-- 183
HPV61      T...-...S-S---NV-----...-----SG-----S-I-----E--I--P--A..DLA--VIS 180
HPV2a      S..H---...-----V-T-TV...-D-----SGT-----SS-L---Y-E-AIV-A-----V-- 182
HPV27      S..H---...-----V-T-TV...-D-----SGT-----SS-L---Y-E-AIV-A-----V-- 181
HPV57      S..H---...-----V-T-TV...-D-----SGNG-----SS-V-----AI--A--A...-T--V-- 182
HPV26      -.I---...S-GN---L-T--A...-----SA-T-H-T--NIQ---YIE-PID.I--A--.-A---FT 182
HPV51      -.I---...-D-----...-----SA-T-H---NIE---YIE-PS--A--S-.-DIY-L 183
HPV30      S..F-N...-A--V-----...-----T--H---H---S-VE-P--V----- 182
HPV53      S..F-N...-A--V-----...-----T--H---Y---T-V--P--V-----.-N--I 182
HPV56      G..I-N...-S-----...-----ST-H---HI---I--P--A-----.-N--I 182
HPV66      G...-N...-S-----V-----...-----ST-H---I---YI--P--A-----.-N--I 182
HPV18      -.R---...-S--D--AG-...-----S-T--SI-T-N---A-S---I--V-----.-A-NVF- 182
HPV45      -.-----S-----G-...-----VD--SI--S---A-S---I--V-----.-N-F- 182
HPV39      -.-----S-----...-----S-----IT--SY---A---L-V-----.-T--N-F- 182
HPV68ME180 -.-----S-----...-----S-----S---A-A--TI--V-----.-NVF- 182
HPV70      -.I---...-S-----A...-----A-----I-T-SY--A-A---L-V-----.-N-F- 182
HPV59      -.A---...-S---ST---...-----S...-I--SS-I--A-----V-----.-I--N--I 181
HPV7       -.S-VI..PTE---S---G...DV--I--S.STNT-H-T--HH--I-----V.--IPP--A--R-I- 186
HPV40      -.SL-I..PTE---SV---G...DV--I--VS.STNT-H-TA--HH--V-----V.--IPP--AG-RLI- 186
HPV16      -TS--SIP.PDVS--S--T-TD...-----I--N...NT-.TTV--HN--T-----L.--P-PA-TG--FTL 183
HPV35h     -.V-PRVPP-T--T--T-TD...-----I--V.....-IS-HD--T-----L.H-P-PA-T---FVL 182
HPV31      -.A-IPHPT-S--D-ATTAD...-----I--V.....-VS-HE--T-----L.--P-PA-T---L-L 178
HPV52      -.A-SI..PSAT--DV-T-AN...N---IINV-SIGE-SVQ-VS-HL--T--E--I...-PAPA-A---V-F 183
HPV33      -.A-SI..PTPS--DV-T-AD...-----IINVSSVGE-SIQTIS-HL--T--E--L.H-PAPA-A---FIF 183
HPV58      -.A-SI..PTPS--D--T-AD...-----I-INVSSIGE-SIQTIS-HL--S--E--L.R-PAPA-A---LIF 183
RhPV1     -.A---...PTH-----ST-EV...S-----VSSGGSD-H--V-S---T--E--L.R-PPP--A--RLVI 193
HPV6b     -.EIVP..PAH---T---E...-----I--VSV--H...TTTTSI-R--V--E---T...-PP--AN---I 180
HPV11     -.EVVP..PTQ---T---ES...-----I--VSV-NH...TTTTSV-Q-----E-----.-PP--A-----I 179
HPV44     -.ELVP..PSHA-----T-ES...-----I--VSV-THTT...TSV-K--S-A---V.-S-PA--AG---I 181
HPV55     -.ELVP..PSH-----T-ES...-----I--VSV-THTT...TSV-R--S-A---V.-S-PA--AG---I 181
HPV13     -.D-LP..PVH-----T-QS...A---I--VSV-TQNT.T-TSI-R--V-SE--IT...-S-PSI-SGA-VFI 182
PCPV1     S..DFVP..PIRE---ST-E...-----I--VSV-THNT.T-TSI-K--A-AE--IV...-S-PS--A---V-T 182
HPV34     -.G--SIVPSSS--NV-T-VD...S---II-VATI-DTT--VS--N--T-----L.--PPPL-A--RL-F 188

```

## L2 SuperGroup A Markov Protein Alignment

most-likely	ST..PTSGTHSYEEIPMDTFAVS.GTGTEPISSTPIPGVRRVARPRL..YSRALQQVKVTDPAFLTSPSRLVT	251
HPV54	--.S-LQSSTA-N-----IIM.QDHIGTTT-----RPPARP-LG-. .-----P-Q-----QQ--S-I-	250
HPV32	-H...IAP-----V--.TDSNTVT-----P-PTM-LG-. .-T-VT--RP-ATTT-----E-----	254
HPV42	--...ITP-----V--.TDT-NTFT-----P-SS--LG-. .-----T--RP--TS-----A-----	254
HPV3	--.-----G-----E---SP.-----V---S-I-G---. .-K-VT-----R-RS-M-	251
HPV28	--.A-----E---SP.---N-----V---S-I-G---. .-AK-VT-----SR-TS---	251
HPV10	--...A--G-----S-.-----V---S-I-G---. .-----NT----S-----SR--S-L-	251
HPV29	G-.-----V-G-----T-.---L-----V---S--G---. .-GK--T--R-S-----Q--SF--	251
HPV61	--...A-S--F-----H---T-.EG...-G---L--I--L-----NL--K-N--I--AN-T-MSD-AS-I-	247
HPV2a	--.A--S-G-----Q---T-G-S-----L-----G---. .-----N--Q-R-----AR-AD---	251
HPV27	--.A--S-G-----Q---T-G-S-Q-----L-----G---. .-----N--Q-R-----ER-AD---	250
HPV57	--.A--S-GF-----Q---T-G-D-G-----V-----G---. .-----N--R-R-----IDR-AD---	251
HPV26	T-.S-A-----EV--STN---L-----IQ--SA---. .-K-Y-----N-IGN--TF--	251
HPV51	.V..HY---G-----EV--SNVS-----T---S-I-A---. .-KSYT-----N-D-ISK--TF--	251
HPV30	--...V-----Q---H-----L--I-A---. .-Q--F-----T---K-ET-I-	250
HPV53	--...V-----Q---Q---N-----L--I-A---. .-KK-F-----HK-ET-IN	250
HPV56	--...I-----Q---H--S-----F--I-A---. .-RK-F-----DN-AT--S	250
HPV66	--...I-----Q---IH---N-----F--L-A---. .-----F--R-----DR-TT-IS	250
HPV18	G-.-----G---LQ---S-.---E-----L-T---G---. .-----Y---S-AN-E---R--S-I-	250
HPV45	G-.-----S-G---LQ---S-.S-----L-T---RG---. .-----N--R-STSQ---H--S---	250
HPV39	--...G-----EV--TH.-----T--IS---G---. .-----H--R-SNFD-V-H--SF--	250
HPV68ME180	--...G-----QV--TH.-----S---G---. .-----H--R-SNFD-V-H--SF--	250
HPV70	T-.-----G---QV--SH.-----V---S---G---. .-----YH--R-NNFD-V-R--SF--	250
HPV59	--...A-G-----Q---TE---L-----N-T---G---. .-----N--R-SNAD---R--TF--	249
HPV7	-H..SSIT-GAA-----V-H.SD...-L---V---SARPKVG-. .-K-----EIV--T-MST-Q--I-	251
HPV40	-H..S-IT-SAA---L---V-H.SD...-L---V---TSGRP-LG-. .-K-----EIV-----ST-Q--I-	251
HPV16	-S..S-IS--N-----I--.TNPNTVT-----S-P--LG-. .-----TT-----V---V-T-TK-I-	251
HPV35h	-S..SSIS--N-----I--.TDSNNITN-----S-PTT-LG-. .-KGT-----V---M--AK-I-	250
HPV31	-S..SSIS--N-----I--.TNNENIT-----P-LG-. .-K-T-----I--T--SA-KQ-I-	246
HPV52	-S...IS--T-----VT-.TDSSTVT-----S-PTT-LG-. .-----T-----V---MS--QK---	251
HPV33	-S...VS-Q---N-----V--.TDSNVT-----S-P--LG-. .-----NT-----V-----HK-I-	251
HPV58	-S...VS-----N-----VI-.TDSGNVT-----S-P--LG-. .-----NT-----V-----H-----	251
RhPV1	-A..SSVS-----VIT.-DHNNTT-----S-AP-LG-. .-G--T---R-V---I-T-A---	261
HPV6b	-A...VTS-PI---L---V--.SSDSG-T---V--TAPRP-VG-. .-----H--Q-----ST-Q--I-	248
HPV11	-A...ITSQHV-D--L---V--.SSDSG-T---L-RAFPRP-VG-. .-----Q-----ST-Q-----	247
HPV44	--...SSISS-PV---L---I--.SSDSN-A-----ASGARP-IG-. .-K--H--Q-----S--Q--I-	249
HPV55	--...S-ISS-PV---L---I--.SSDSN-A-----ASGARP-IG-. .-K--H--Q-----S--Q--I-	249
HPV13	-P..S-ISP--T-D--L---I--.SSDSN-A---V-ATVARP-LG-. .-----H--Q-----S--Q--I-	250
PCPV1	--YTS-ISS--V-D--L---I--.SSDSN-A---V-TPVARP-LG-. .-K-----Q--N---S--Q--I-	252
HPV34	-N..D-VT-----N--L---V-T.TDNNSIV-----RHPP--LG-. .-G--I---V---V-T-T---	256

## L2 SuperGroup A Markov Protein Alignment

most-likely	YDNPAYEG..EDTTLTFEHP..SIHN.APDPDFLDIVALHRPALTS.RRGTVRFSRLGQRATMRTRSGKQIGA	318
HPV54	----V---N.P-V--H--Q-. .T---.----A-M--F-----T.---V--Y--V-D---LH----L-LKP	318
HPV32	-----P.AEG--E----- .T--E.---S--M--I-----V-SA.-Q---V--I---SLQ----AR--S	322
HPV42	-----L.TED--V----- .---T.-----M-----M-S-.KQ-S--V--I---LS-Q--R-TRF-S	322
HPV3	F---VF-P. .--E-II--R-Y.-PSQ.V--S-----LR----- .-----Y--V--KLS-----GL--	319
HPV28	F---F-P. .G-E-II--R-Y.PPSQ.V-----M--IR----- .-----TKLS-H-----G---	319
HPV10	F---VF-P. .--E-II--R-Y.-PSR.V-----R----- .-----KFS-----G---	319
HPV29	F---V-DP. .--E-II--R-. .-PGTRV-----M--K----- .-----V--KFS-----TN---	319
HPV61	----IFD. . .PEE-II----- .--YT.P-----S----- .Q-----L-----RR---	313
HPV2a	F---V-D. . .PEE-II-Q-- . .DL-E.P----- .-----R--L-----	317
HPV27	F---V-D. . .PEE-II-Q-- . .DF-E.P----- .Q-----R--L-----	316
HPV57	F---V-D. . .PEE-II-Q-- . .GL-E.P-----S-----T-Q-----R--L-----	318
HPV26	F-----P. .I-E--YASS. .-TV. .-----I----- .K---Y---K--K-----	317
HPV51	FN--F-P. .I--SI---E. .DAV. .-----IT----- .-----K-----	317
HPV30	V---VF-D. .A-----S. . .-GV. .-----F-T.---G-----TK-----	315
HPV53	V---IFQN. .A-----S. . .-GV. .-----F-T.---G-----TK-----	315
HPV56	A---LF-- . .T--S-A-S-. .-GV. .-----MN-----F-T.---G-----RK--IQ--R-T---	315
HPV66	A---VF-- . .A-----S. . .-GV. .-----M-----F-T.--TG-----KK--Q--R-T---	315
HPV18	----F-P. .V-----D. . .RSD. .V--S--M--IR----- .-----F--T---	315
HPV45	F-----P. .L---S-- . .TSN. .V--S--M--IR-----S. .-----F-----G	315
HPV39	F---F-P. .V-----Y. .A. .ADI. .-----R----- .K-----KK--V--R-T---	315
HPV68ME180	F---F-P. .V-----Y. . .ADI. .-----R----- .-----V-KK--F--R-T---	315
HPV70	F---F-P. .G--S----- . .ADT. .-----R----- .-----KK--F--R-T---	315
HPV59	----DP. .I-----D. . .-SE. .V---M--R----- .S-----F-----	314
HPV7	---VFDN. .IED--H--Q-. .----- .---A-M--IT----- .---V---V--G--Y--R-TR--G	318
HPV40	---VF-N. .V-D-Q-Q-. .---D.---A-M--IT----- .---VI---V--G--Y--R-TR--G	318
HPV16	----IDV-N--Y-SSNDN--NI. .----- .TGI-Y--I-NKQ-L-----S---	322
HPV35h	-----LNP---Q--E. .D-SL. .-----M--I----- .K--I-Y--V-NKR--H---A---	319
HPV31	-E-----TVNAEES-Y-S.N. .TS--I-----I----- .N---Y---NKQ-L-----AT---	315
HPV52	-N--VF--VDT-E-II-DRS. .QLLP. .-----I----- .NK--L-----	320
HPV33	----F-SFDPED--Q-Q-S. .D-SP. .-----I-----I-- .-H-----V--K--LK-----	320
HPV58	----F--FNPED--Q-Q-S. .D-SP. .----- .Y--V--K--L-----	320
RhPV1	-----V.D-A--Q-S-S. .D--Q.P----- .K-----LT-----R---	329
HPV6b	----V-----VSVQ-S-D. .----- .EA-M--IR-----IA- .---L--Y--I--GS-H---H---	315
HPV11	----V-----VS-Q-T-E. .----- .EA-M--IR-----I-- .---L-----I--GS-Y---QH---	314
HPV44	F----- .--V--H-A-N. .T--E.P--DA-M--IR-----IQ- .---R-----I--GS-Y---H--G	316
HPV55	F----- .--VS-E-A-N. .T--Q.P--DA-M--IR-----IQ- .---R-----I--GS-Y---H--G	316
HPV13	F--T----- .IS-Q-A-N. .T--E.P--EA-M--IR-----I-- .---L-----I--GS-Y---H--G	317
PCPV1	F----- .--IS-Q-Q-N. .T---.P--DA-M--R-----I-- .---I-----I--GS-Y---H--G	319
HPV34	----F--L.Q---E-Q-S. .DL-- .---S-----K-----A.-KTGI-V-----F---R--G	324

## L2 SuperGroup A Markov Protein Alignment

L1 cds start for HPV27 ->

most-likely	RVHYYHDISPI.AP.A.....EEIELQPL...VASA.....SNDN.DGLYDIYADPD.DPD..	362
HPV54	---FFQ-L---.HVP.....-----H---.I.--NNT.....SIN-GLYSDI--V---T-.FA-..	368
HPV32	---FF---L---TR-.S.....-A-----..GS-STAVS.....TTAS-AI-.-F-V-V---.I-PSH	377
HPV42	---FF--L---.THSS.....-T-----..S--SVS.....AA--I-.-F---V-TS.-VNV	373
HPV3	-----Q-L---.G-.T.....-D--ME---.I-P.....-ASAY-S---V---V-.A-IG	366
HPV28	-----Q-L---.G-.T.....-D--ME---.L-P.....E-AAG-SI--VF--VE.-A-IA	366
HPV10	-----Q-L---.---.I.....-D--ME---.L-P.....AS-...TI--F--V-.G-VA	363
HPV29	-----L---.L-.T.....-D---E---.LPP.....DPTAEES-----V-.EA-MA	366
HPV61	---F-----P..S.....DAV-----.-P-S.....-PS...IT-----E..VL..	353
HPV2a	---F-----G..T.....-L-ME---.LPP.....-T--T-M---V---S-.VLQPL	363
HPV27	---F-----V.V..P.....D-L-ME---.LPP.....TVGS-V---V-----VLQPL	362
HPV57	---F-----V..P.....-L-ME---.L.PP.....TSE...P-----ES-.FLQPL	360
HPV26	T-----QSF-E.....H-----..HT-T.....HSS..AP-F-----TVPSI	365
HPV51	-----R-.-.-.....D-L-M---.L-.P.....-N...YS-----L-.EA..	357
HPV30	-----Y-V---.H.T.....-M---.L.-.....N-SF.-----NL-.EA..	358
HPV53	-----Y-V---.TQ.T.....-M---.L.-T.....D-TF.-----NI-.EA..	358
HPV56	-----Y---.Q-.-.....-M---.L.-.....N-SF.-----NI-.EA..	358
HPV66	-----Y---.Q-.-.....D--M---.L.-T.....D-SF.-----NI-.EA..	358
HPV18	---F-----.-SP.....-Y-----..-.....TE--.-.F-----DM.--A..	358
HPV45	---F-----.-A.T.....-.....I.....T--..SD-F-V---FP.P-AS..	358
HPV39	Q-----S-.-.-.....-S-----..HAE.....PS-AS-A-F----V-.NNTYL	362
HPV68ME180	Q-----G-.-.-.....DS-----..PE.....QS-PM-T-----PDT.-NTTV	362
HPV70	Q-----V-N-.TA.T.....-D-M---.LT-E.....-T-.....-A-I-NAML	360
HPV59	---F-----.PH.-.....-D-----..-S.....QAAT.-DI-----IT-.EA..	357
HPV7	---FFK-----.-S.S.....-----H---.---P.....N-S...D-F-V---I-.I-EN	362
HPV40	---FFR-----.GA.-.....DD---H---.---PHTLETPHTLETPDIT..-A-F-V---M-.TI..	375
HPV16	K---Y-L-T-.D-.-.....-----TI...TP-TYTTTS...HAASPTSI-.N-----DF..IT..	375
HPV35h	-----Q-L-S-.T.....-D-----Q.H-P-SLPHT.....TVSTSL-.-MF----PI-TEE..	371
HPV31	-----Y---S-.N-.G.....-S-M---.G---TT.....T-TL-.....T-.FTV..	363
HPV52	-----Q-.-EV...Q-D-----..LPQSVS.....PYTI-.-V---SL..QQ..	369
HPV33	-I---Q-L---.V..LDHT.VPN-QY----HDTST-S.....YSI-.-V---DV-.NV..	373
HPV58	K---Q-L---.Q-.VQEQVQQQQF---S-NTS-.P.....YSI-.-DA-.TI..	373
RhPV1	K--F---L---.---.---.---S-----..S.-Q.....G...E-----V-.GQ..	367
HPV6b	-I--FY-----.-QA-.....-----MH---.---AQ.....DTF----ESF.E-G..	356
HPV11	-I--FQ---V.TQA-.....-----H---.---A.....E-..TF---E-F--I..	355
HPV44	-I-F-Q---S-A.-.....-----H---.---T.....QDS...-F---E--P-VT..	360
HPV55	-I-F-Q---S-A.-.....-----H---.---T.....HDT...S-F---E--P-FT..	360
HPV13	---FFK-----S-A.-.....-----H---.---A.....QDH...S-F---E-.-G..	360
PcPV1	---F-T---S-A.-.....-L-M---.---A.....QD-..S-F-V-V---T-.G..	362
HPV34	---F---L---.P..T.....-N-----..LP--SATV.....TDANGI-.-VLL-NN..V-..	373

## L2 SuperGroup A Markov Protein Alignment

L1 cds start for HPV34 -> -> L1 cds start for HPV18

```

most-likely .PTPSS...HSVTTSSG.....STPSL.LSSSASTKYGNNTIPLSTPWDVP...VYSGPDIVLPTAPTWP 420
HPV54 .TGGF-S..ST-SH--V.....Q-ALQ..TT-IPSQ-----V--TASS...YTPY-TSFR-SSGH.T- 423
HPV32 .AL-PL...R-P-HV-TV.....-LT...LG-VPAQTA---V---L-TNIN...---LSP-ES-PFIS 432
HPV42 NT-S-IP.M-GFA-PRL.....-T-FPTLP-M--HSA-----F-F-AT-H...---LSVVDH...-D 431
HPV3 .F-SGG...R-D-L-R-R.....A-V-P...-TL-----V---FVS-V...LQP----L--ASAQ...- 424
HPV28 .F-GR...R-A-S-R-Y.....T-V-P...-TLT-----V---FVS-V--H...LHP----IT-ASTQ...- 424
HPV10 .F-EGY...R-T-Q-R-Y.....N-T-P...-TL-----V---FVS-V--T...LHT-----SAQ...- 421
HPV29 .F-GGG...RGA--YG-R.....I---V.F--TL--R---V---FVS-V...LHT----I--SSAQ...- 424
HPV61 .DL-AQ...-TQP-LTV.....QG---SAA-----VH-V-V--A-GL-T...-T---VDFAH--APV- 411
HPV2a LDDELPA...APRSSL-LA....DTAV...AT---LR-S--V---SGI---...-T---EP-NV-GMG- 422
HPV27 .DDYYP...APRGLAN.....T-V...A-----LR-S--A---GGV---...-T---EP-VV-GLG- 418
HPV57 DSDVPA...APRG-L-LA....DTAV...A-T---LR-A--V---GGV---...-T---DPSVG-GMG- 419
HPV26 .H--RMS..Y-P--LPVP.....RYA-N.VF--IN-STT-V-V---SFEL...---S--YT--SSP--- 425
HPV51 .E-GFI...QPTH-TPMSSLSRQL---...-M-SS-A-V---F--TYS...IHT---V---S--V-- 421
HPV30 .-VS-H...L-IA-P-R.....L-TNTVPL-F-SQTT-V---GKY---...I-----G--- 416
HPV53 .-VS-R...F-IA-P-R.....L-TNTVPL-F-GSTS-V---FG-S---...I---V---G-P--- 416
HPV56 .-GL--...Q--A-P-AHL...PIK---...TL-FASNTT-V-A--GNV-ET...F-----G-S--- 417
HPV66 .-ISFR...Q-GA-P-AQL...PIK---...TL-FASNTA-V-A--GNV-ET...F-----G-S--- 417
HPV18 .VPVP...R-T-SFAF.....FKY-P..TI-SASS-S-V-V--TSS-----...-T---T--STTSV-- 415
HPV45 .T--T.HK-F-YP.....KY--TMP-T-ASS-S-V-V--TSA-----...I-T---I--SHTPM-- 416
HPV39 .D-AFNNTRD-G--YNTG.....L-V..A-----A-----F--S-NM...-NT---A--STTPQL- 423
HPV68ME180 LD-AFH...NATF--RSH....I-V---A-T---T-A-----IG-A-NT...-NT---V---ATSPQL- 422
HPV70 .H-T-H...TGS-GPRSH....L-F--I..P-TV---S-----FT-S--I...-TT-----EP-VV-SPNL- 419
HPV59 .-STA...NTAF-IPKS.....-FQ--S-TR---STFS-V-V--A-A-----...-NT-----NTNIVE- 417
HPV7 ILYSTI...DNN-PT.....-Y---YPGN--RIA--S---A-IP-TF...LT-----F-SV-AGT- 418
HPV40 .DDAAY...AT...F.....SLH...PAD...-RIS--S---A-VS-TL...LT-----F-SI-AGT- 424
HPV16 .D...-TTPVP...V...T-LSGYIPA-----FGGAYNI...LV-----PINITDQAPS 426
HPV35h .IIF-A...S-NN-L.....YTT...-NT.AYVPS-----SGY-I...ITA-----FNSNTI.TN 422
HPV31 .D--AT...-N-SP-TA.....VQ-T...-AVSAYVPT---V---GF-I...IF---VPIEH---QVF 419
HPV52 .-...F...-LPS-L.....STH...NNT.F-VPI-SG-DFVYQPTMS...IE-----P--SL--HT- 419
HPV33 .H--MQ...-Y.....FAT...-RTS-VS---N-GF-T...-M-----PS-LF--SS- 420
HPV58 .HD..F...Q-PLH.....HT...FAT...-RTS-VS---N-GF-T-LVSLEP---ASSVTSMS- 425
RhPV1 .EDAAA...VAN-PL.....N...N--GIASPW---V---AGA--T...LQ---VS-DAPVAES- 419
HPV6b .IN-TQ...-P--NI-DT.....YLT-T..PNTVTQPW---V---L-N-LF...LQ---TF---MGT- 414
HPV11 .-D-VQ...---Q-.....YLT-T..PNTL-QSW---V---I-S-WF...Q---TF---SMGT- 410
HPV44 .EE-V...L-FS--.....-FQ.R--VSA-PW---V---L-A-MF...QP---IF---S--T- 415
HPV55 .EE-VP...L-FS--.....-FQ.R--VSA-PW---V---L-G-MF...QP---IF---S--T- 415
HPV13 .-VAVN...T-GSL--A.....-FA.Q--LS-APW---V---L-G-IF...IQP---TF---VT- 418
PCPV1 .-VAVQ...NMSYP.....ST-FVR--MFT--W---V---L-SNIF...AQP---IF-A--GVP- 418
HPV34 .I-EVE...TPTG-N.....-Q-V.FA-EI--TTA-----NAGL-TH...P...-A--VPETAETI 426

```



## L2 SuperGroup A Markov Protein Alignment

```

-> L1 cds start for HPV56
      -> L1 cds start for HPV3, 10, 16, 52, 58
L1 cds start for HPV57 and 2a ->
      L1 cds start for HPV30 ->
      L1 cds start for HPV 32, 42, 53, 6b, 11,
      13, PCPV1, 39, 68, 51, 26, 31, 35h, 33 ->
      -> L1 cds start for HPV40

most-likely FV.PVSPADPTHSVYIDGGDF.YLHPSYFF..LRKRRKRVYFFADGFVAAG1      468
HPV54      --.-AR-IF-QTPIAVN----.-----TY..V-----F---L---Y---.$      470
HPV32      TR.----SF..D--MVL-W--.I-----.M..W-----P-----VR---.$      476
HPV42      ST.-T-VMPQGNF-MVS-W--.I-----.-.W-R---P-----VR---.$      477
HPV3       --.-L--V-T--Y-----.-W-VTF-LPR-R-----S--L---T---L.$      473
HPV28      --.-LV---T--Y-----.-W-VTL-VPR-R---LS--L---T---L.$      473
HPV10      Y-.-L---T--Y-----.-W-VTFHFSRHR-----S-----TL-L.$      470
HPV29      --.-A---T--Y-----.YF-W-VTFPVSRKR---LS--L-----L.$      473
HPV61      A-.-YV--THP--I--Q-S--.-L-A-V-.FP-----S-S-----W$      459
HPV2a      LI.--A-SL-.S---F---.Y-M---VL..WP-----H-----.$      468
HPV27      LI.--A-SL-.S---F---.Y-L---IL..WP-----N-----.$      464
HPV57      L-.-I--I-.S---V---.Y--L---VL..WP-----H-----Y---.$      465
HPV26      SL.-PP-TTNLPAIVVH-DN.Y--W-YI-L..IH-----M---S-----Y.$      472
HPV51      Y-.-HTSI-TK--IV-L---.Y--W-YTHL..-----I---T---I---H.$      468
HPV30      YA.-QA-F-T--D-V-H-ST-.A-W-V-FL..R-R---H---L---G---.$      463
HPV53      YA.-Q--F-T--D-V-Q-ST-.A-W-V-FL..K-R---I---L---G---.$      463
HPV56      --.-Q--Y-V--D---Q-SS-.A-W-V-F-.R-R---I-----D---.$      464
HPV66      --.-Q--S-V--D---Q-AT-.A-W-V-F-.K-R---I-----D---.$      464
HPV18      I-S-TA--ST.QYIG-H-TH.Y--W-L---.IP-K-----.$      462
HPV45      ST.SPTN-ST-TYIG-H-TQ.Y--W-W--Y..FP-K---I-----.$      463
HPV39      L-.-SG-I-T-YAIT-Q-SN.Y--L-LL--.FL-K---I---S--Y--V.$      470
HPV68ME180 LT.-ST-I-T-YAIT-Y-TN.Y--L-LLF-.L-K---L-----I---L.$      469
HPV70      --.-PTSI-T-VAIA-Q-SN.Y--L-LL-Y..FL-K---I---T-----V.$      466
HPV59      TY.STT-FTTIIV--IN-E-TN.YF-W-I---.PRK-----T--SM-F.$      464
HPV7       YL.----SI-AI--L-R-T-.Y--N-A---.-----ILAY$.....$      456
HPV40      YL.----SI-AI--L-H-T-.Y---A-L..-----..IL-HQY--T.$      467
HPV16      LI.-IV-GS-QYTIIA-A---.-----M..-----L---S-VSL--.$      473
HPV35h     T-.LPV-TG-IY-IIA-----.-----L..KR---I-----VS--V.$      469
HPV31      PF.-LA-TT-QV-IFV-----.-----M..KR-----S---T-VS---.$      466
HPV52      --.-IA-TA-ST-IIIV--T--.I-----FL..--R---F---T-VR---.$      466
HPV33      --.-I--FF-FDTIVV--A-.V-----FI..--R---F---T-VR---.$      467
HPV58      -I.-I--LT-FNTIIV--A-.M-----FI..--R---F-----VR---.$      472
RhPV1     VH.-GV-LR-SAHIIILY----.-----LG..I-RK--MHN--S-VY---.$      466
HPV6b     -S.--T--L--GP-F-T-SG-.-----AW--.A-----I-L--S-.----.$      459
HPV11     -S.--T--L--GP-F-T-S-.-----TW--.A-R---I-L--T-.----.$      455
HPV44     YS.--T--L--GP-F-S-AA-.--Y-TW--.A-----SL-----.$      460
HPV55     YS.--T--L--GP-F-S-AT-.--Y-AW--.A-----SL-----.$      460
HPV13     YN.--T--L--GP-F-TASG-.--Y-TW--.T-----SL--T-.----.$      463
PCPV1     YN.--I-SL-ITPIF-S-SQ-.-----L-L..A-----SL-----.$      463
HPV34     -T.-TV-VQ-SGPI--Y-S-.I-----L-V..IPRK---LS-----..TY$      472

```

## L2 SuperGroup B Markov Protein Alignment

most-likely	M.ARARRVKRDSVTNIIYRTCKQAGTCPPDVINKVEQTTIADKILK.YGSAGVFFGGLGIGTGRGTGGATGYVP	71
HPV19	-.-----T---A-----Q-----S--K-----	71
HPV25	-.-----A-----L---N-----Q-----S--K---T-----	71
HPV20	-.---K-----A-----S-----Q-----S--K---T-----	71
HPV21	-.---K-----A-----S-----Q-----S--K---T-----	71
HPV14d	-.-----A-----S-----Q-----S--K---T-----	71
HPV5	-.---KT-----H--Q-----V--N---.-----S-----	71
HPV36	-.---K-----H--Q-----V-----V--N---.-----S-----	71
HPV47	-.-----H--Q-----S--V-----V--N---.-----	71
HPV12	-.---K-----H--Q-----L-----V--N---.---G-----V--R---	71
HPV8	-.-----H--Q-----V-----V--N---.-----V---T---	71
HPV24	-.V--K-T---A-----S-----N---.-----S-----T-----	71
HPV15	-.-----A--D--G-----L-----A-----S-----	71
HPV17	-.--S--I--A--D--G-----S-----S-----F---	71
HPV37	-.-----T--A--D--G-----G-----S-----	71
HPV9	-.V--K-T--A--D--G--A-----H-----Q-----S-----	71
HPV22	-.-----T--A--D--KG--AS-----N-L-----V-----S--K---P---I---	71
HPV23	-.V--Q-T--A--D--KG--AS-----L-----N-L-----V-----K-----	71
HPV38	-.V---T--A--D--G--ASN-----S-----A-----S-----	71
HPV49	-.V---T-----N-----V-----Q---.F--T-----S-----	71
HPV4	-.QSLS-R-----P-L-AK-QLS-N-L--K---AD-L--RL-RWL--V.IYL-----S--S---N-	71
HPV65	-.QAS--T---IP-L-AK-QLS-N-L--K---AD-L--RL-RWL--V.IYL-----S--SS--N-	71
HPV48	-.SL.--R--A-P-DL-K--L-G-D-I--K--F-NS---WL--IF-L.-Y--N---S-K-S--SF--R-	70
HPV50	-.L...R--A-P-DL--S-L-G-D-I--Q--F-CN---WL--IF-GL.-Y--N---TF--R-	69
HPV60	-.Y--VK-----E-L-KQ-QLGAD---R---G--L--RL-QIF--I.LYL-N---K-S---T-	72
most-likely	LGEKPGVRVGGTPTVVRP...SVVPETIG.....PADIIPID.TVNPVEPTASSIVPLTDSSG.P	126
HPV19	-----A--I-----L--D-----S---V-.L-----T-----EA--.S	125
HPV25	-----I-----I-----L--D-----S---V-.L-----S-----E---.	125
HPV20	-----S-----I-----AL--D-----S---V-.L-----ST-----E-T--.	126
HPV21	-----A---NA---I-----AL--D-----S---V-.L-----T-----T--.	126
HPV14d	-----A---A--II-----AL--D-----S---V-.LD-----T-----T--.	126
HPV5	-----L-----V--L-----V-----V---E-T-.A	126
HPV36	-S---I-----L--A-----V--L---.ID-----V---E-T--.	126
HPV47	-----L--A-----V--L---.IA-----L---E---.A	126
HPV12	-P---I-----L--SV-----L---.ID-----V---E--A.T	126
HPV8	-S---I--N-----L--AV-----M--L---.ID---SV--V---E---.A	126
HPV24	---T---S-----AL--V-----LL-V-.IA--D-AS-----E---.V	126
HPV15	-----I-----G-T--L-----V-----T-ID-A-P---TI---A.V	126
HPV17	-----A--I-----G-I--L-----V-----T-ID-A-P---TI---A.V	126
HPV37	-----A--I-----G-I--L-----V-----T-ID-A-P---TI---A.V	126
HPV9	-----I-----G-I--I-----T-L--L-.R-ID--P--TG--T..V	125
HPV22	--Q-----A-----G-I--I-----TEL--V-.S-T-ID-A-P---T-----AGA	127
HPV23	-.R-----A--I--I-----TEL--V-.SIA-ID-E-P---S---GAAA	125
HPV38	--Q-----A-----G-I--V-----TEL-----S-T-ID--P---S-----A.V	126
HPV49	I---AI-----S-----GIL--A-----ID-N---V---TG..	125
HPV4	I-A.-.S--TPSG-L---.T-PV-SL-----SE-----AID-.T-.V---E-LTI.-	121
HPV65	--A.-.S--TPSG--I---.T-PV-GL-----SE---V-.V---.GS.-V---E-LTV.-	121
HPV48	--SAGSG-PATDLP-T---.N--I-P-----QS-V---PGASSIV-L.VEGG-DISFIA.-	125
HPV50	F-APGSG-PTQELPIA---.N--IDPL-----P-V-V-PSAASIV-L.VEGA-DVGFAA.-	124
HPV60	--TAR.-PASTPG--IK-TRPF--PLDP--SGIPSPVGGRL-V---DA..SASSII-LQEVLPET-IIV-.G	141

## L2 SuperGroup B Markov Protein Alignment

most-likely	DL.....LPGEV..ETIAEIHVPVPTDPPTI.DTPVVTG..RGSS.....AVLEVAPEPTPPTRVR	177
HPV19	--.....-----V--T-SI-S-.....T--S..S-A.....-----V--S---	175
HPV25	--.....-----G-VV-S-.....T--S..-A.....-----S---	175
HPV20	--.....-----G-SR-.....TS-T..S.....-----A---	176
HPV21	--.....-----G--R--P...-A-T-ST..N-----S---	176
HPV14d	--.....-----V--G-SR-.....T-ST..G-----I-----S---	176
HPV5	--.....-----EG-SV.....S..T-----I-----	176
HPV36	--.....-----AEG-SV.....S..T-----I-----	176
HPV47	--.....-----I-EG.....S-----T..T-----V-----	176
HPV12	--.....-----N--SEG.....S-----S.....I-----D-I-----	176
HPV8	--.....-----EG.....S-----S..K-----I-----	176
HPV24	--.....-----I.....V--I-..V--F.....S..K-----I-----	176
HPV15	--.....--L.....NVD-.....G...D-----I---DPS.--V-T-	175
HPV17	--.....--T-L.....NLD-.....SG...D-----DPS.--V-T-	176
HPV37	--.....--N-I.....V-----NLD-.....G...D-----DPS.--V-T-	176
HPV9	--.....--I..-S-----V-NAVV-----E-R.....I---DPS.--M-T-	176
HPV22	--.....--V-----V---I-NVEL---L-SGD...RH.....I---TDAN.--F-RT	175
HPV23	--.....F-S-A.....V--T-V..IG-...I-AG...RD.....I---VDTN.--FS	172
HPV38	--.....--V--G-I--IE-.....SG-...NTN.....I---DPH.--AT	176
HPV49	--.....--TI.....VN-A-..I-RV.--S-----S.....S-----T-	175
HPV4	-VTVDSGDTR-IG.--TLQPAQ-DISTSH..PISDV--..AS-HPTIISGEDNAI---D-S-IE.--KRI	187
HPV65	EVT...IDS---.GGGGL.--SEI-VV-SS-PISDV--..TS-HPTIISGEDNAI---D-S-TE.--KRI	184
HPV48	-A.....G--IG..GEDI-.LFTFR--A-..VGG-SG-PTTI-T.....EES-T-IIDAL-SATT	176
HPV50	-A.....G-AAG..G-DI-.LYTI-N.S-T.-VGA-GG-PTVT-N.....EEF---VID.AQPIAP	174
HPV60	-S.....G--LGAS-IDIVSE-R-.-VVGV.--QPTVYT..SIDN.....T-AT.LDIT.-A-P.P	190
most-likely	VSRTQYHNPSFQI.ITEST...PAQGES...SLADHVLVTSGSGQTIGG.....SIT.EEIEL.QE.....	230
HPV19	-T-----L-----T-----I-----S.....GS.DL-----	228
HPV25	--G-----V-----I-----TAS.DL-----	228
HPV20	-----TL-----IV-----A-----MTP.-L---.D....	229
HPV21	-T-----V-----TT-----I---T-----TP.-L---.D....	229
HPV14d	-T-----V-----TT-----NI-----ATP.-L---.D....	229
HPV5	-----R-----DI---E.....	229
HPV36	I-----I-----R-A.....D---.D-----	229
HPV47	IA-----L-----I-----R---.D---.D---.T....	229
HPV12	-A-----A-----T.....I-----S.....D---.DI---.D....	229
HPV8	-----D---.T-----I-----S.....D---.DV-----	229
HPV24	-----A-H-----S-----S-EII-A-A--SV-V.....-N---.D....	227
HPV15	-----LS-----A-----I-FE-----N-----RSAALDAA.--SFEMQ	234
HPV17	-----V-----LS-----AM-----FE-F---N-----RN.AA-DTA--SFEMQ	235
HPV37	-----LA-----A-----I-FE-T---N-----RN.AT--TA--SFEMQ	235
HPV9	-A-----A---S-----MS-----II-FE-----LV--PRESYTASS.-N-----	235
HPV22	-T-----A-E---S-----LI-----TPS---F-FE---VQV-D.....A.N.-S---.DT....	227
HPV23	-T---D-----S-----IT-A.....F-FE---HV-A.....V.----.DT....	224
HPV38	-----N--A---S-VI...TS-----SE-----Q-----TR-A-----P....	230
HPV49	I-----L-----SL-----A-T---V-----P-----VTP.V-----	228
HPV4	ALA-RGASATPHVSVISG...TEF-Q-...D.LN-F-NATFS-DS-Y.....T...-P-.EP....	238
HPV65	ALG-RGATSTPH-SVISG...TEF-Q-...D.LN-F-NATFS-DS-Y.....T...-P-.E....	235
HPV48	PKQLF-DSYTQT-LQ-QVN...FLNNA...ISDTN-F-DPLFA-E--D.....N.....F..E-I....	226
HPV50	Y.PK-LLYD-TIA.A-FE-QIN-FINPD...INNVN--DPSFA-D-V-D.....YFY.-P-.ERL....	230
HPV60	-.KKIILD-IS.S.GS-GA...A-ITF-DISAADLN-F-DPQGA-DR-SF.....G.....GP....	242

## L2 SuperGroup B Markov Protein Alignment

most-likely	.FPSRYSFEIEEPTPPRRSSTPLQRAQQALR.RRRA.LYNRRLVQQVAVEDPLFLSQPSRLVRFQFDNPAF.E	299
HPV19	.--T-----Q---I--LRT-F--.-GG.-T-----D--I--T-----S-----.-	297
HPV25	.--T-----D-----Q-----IRT---.-GG.-T-----P-----V-.-	297
HPV20	.-----T---M--L-NVF-.-GG.-T-----P-DN---T-----V-.-	298
HPV21	.-----T---I--I-NII-.-GGG-T-----N--N---V-R---Q-----.-	299
HPV14d	.L-----T-----I-T-I-.-GG.-T-----S--N---TR----Q-----.-	298
HPV5	.I---T-----P-N-SVG-.-GFS-T-----Q-DN---T--K---A---V-.-	299
HPV36	.L---T--N-----ATRA-G-.-GVS-T-----P--N---T-----A-E---.-	299
HPV47	.----T-----K-----TVAS-V-.-GFS-T-----DN-----KM--S-----.-	299
HPV12	.I-----D-----Q-----T-TTG-.-GVS-T-----Q-DN---IDK--K---S---V-.-	299
HPV8	.-----D-----Q---IE-P-VVG-.-GIS-T---I-----K--K---S---V-.-	299
HPV24	.LSN-----T-----T--F-.Q-S.-T---L---P-----T--K---A-E---.-	295
HPV15	TW-----Q-G---.-V---V-S-SSL---.-TE---T---GR---Q---T-.-	304
HPV17	SW-----L--G---.-T--V--VES-SSL---.-TE---T---R---Q-----.-	305
HPV37	SW-----G---.-V---V-S-SSL---.-TE---T---R-Q-Q-----.-	305
HPV9	.-----D-G---.-T--V--V-S-SSL---.-TE---T---R---Q-----.-	304
HPV22	.-----D-----V---IE-IS-EF-TL---.-TE--Q-R---IRS-----V-.D	297
HPV23	.Y-----A---T---IE-IS-EF-NL---.-TE--Q-KN---TT-K-----V-.D	294
HPV38	.LL-----T-----R-QFSSL---.-TE--G-T---FTS--K-----V-.D	300
HPV49	.L---T-----S-.KT---RDVLRN-IG.-A-D-----IPTRN-AL-T---AIV-G-E---.D	298
HPV4	.LNPFQE---S-.KT---RDVLRN-IG.-A-D-----IPTRN-AL-T---AIV-G-E---.D	303
HPV65	.LNTIQQ---T-.KT---RETIGR-E.-A-D-----I-TRN-AM-G---AIV-G-E---.D	300
HPV48	...PLQNLNFSF...-E---VKPGRGLRT.PAQR.S-S-F.ME-YPIQA-E---Q-E-E---.D	288
HPV50	...DIQT-D-L...-TE---T-LGNRFVS.-A-D--S-F.-A-QPISE-D---Q-EYR---.D	293
HPV60	.INQPAQ-----.-T--GEGF-RVTT.-A-E---F---QPTQNID--GR--A-Q-E-E---FN	308
most-likely	EEVTQIFERDLEAFEEPPDRDFLDVVRLLGRPQYSETPAGYVVRVSRGRRATIRTRSGAQIGSQVHFYRDLSTI	372
HPV19	-----Q--DN-R---N-----QT-----S--I-----Q-R-----S-	370
HPV25	D-----Q--ND-Q-----IRS-----Q-R-----S-	370
HPV20	-----Q--DT-N-----QS-----A-Q-R-----S-	371
HPV21	-----Q-IDT-N-----IKT-----K-G-----T-----S-	372
HPV14d	-----Q-I-D-N-----Q-----L-----Q-R-----S-	371
HPV5	---N--N--DV-----RE-----T-----T-----S-	372
HPV36	---N--H-VD-----Q-----T-----T-----S-	372
HPV47	---N--Q-VNS-----IKQ-----T---I---T-G-----S-	372
HPV12	-DI-N--Q--T-----IKK-S---T-----T-G-----S-	372
HPV8	---N--Q-VDMV-----RQ-----T-----T-G-----S-	372
HPV24	---V-Q--AG-V--N---IAE---RF--RE---L-----A-T--A---K---S-	368
HPV15	---T---V-----Q-----T-----Q-----V-A-----S-	377
HPV17	---L---I--V-----Q-----T---Q--L-----S-----V-A-----V--	378
HPV37	-----V-----Q---I---TVA--QA-L-----V-A-----S-	378
HPV9	D-----STV-----Q---Q--S-L-T---Q-----V-A-----S-	377
HPV22	-----VA-V-----IE-----ILT--AE-R---Q--SLS---RV-AR---FT-I---	370
HPV23	-----VAEV-----ID-----LLT-STE-RI-L---Q--S-Q---TRV--R---T----	367
HPV38	-Q-----Q-IAD-----Q---K---TLT-SAE-----G-----T-----S-	373
HPV49	-----VA-V-----IAK-S--L---Q-----N--S-----TV-A---T-----	371
HPV4	ADI--T-----QVAAA--A--A-I--TI--RF---D--QI-----G--K---V--QA---Y----	376
HPV65	ADI--V-----QVAAA--A--A-I--I---RF-Q-DT-QI-I---G--K---L---QA---Y----	373
HPV48	PDISIQ-Q--VNSL-AA-NPA-A-IAY-S--HM-A-SE-L-----I-S--VLQ---LT--PK--Y-M---A-	361
HPV50	PD-SLY-----GLRAA-LQE-A---Y---RV-S-SE-TI-----T--ALT---LSV-P---M---D-	366
HPV60	D---MQ--Q--QEVAAA--Q--A--RE---ARF---S--TI-----TKG-MK---LT--QK---F-I-D-	381

## L2 SuperGroup B Markov Protein Alignment

most-likely	NTEDPIELQLLQHGSDATIVQGPVESTFVDINIDEN.....PLSE.....DI.....DANSDDL	422
HPV19	DS-----S---NT---IN-----.....-A-.....-YSI.....T---E--	422
HPV25	-----LT-----V-V-----.....-A-.....-FSI.....S-H----	422
HPV20	D-----V-----.....E-.....S-Y----	420
HPV21	-----E-----I---V-----.....-F-.....S-H----	422
HPV14d	-----V-----.....-F-.....S-H----	421
HPV5	-----H-----I-MD-S-----.....S-.....E-Y-H--	422
HPV36	-----S-----I-V-VS-----.....SV.....E-F----	422
HPV47	-----I-MD-A-----.....T-.....-S-N--	422
HPV12	DS-----T-----MD-A-D.....S-.....E-H----	422
HPV8	-----S-----NVD-S-----.....S-.....Q-F----	422
HPV24	---A---D-----H-T---I-T-E-----.....-A-QMELI-TYP.....E-H-F-A	426
HPV15	DS.EAL-M---E---S---A-M-S-I-----PDSLHVGLQDSTEAD.....-Y--A--	436
HPV17	DS.-AL-M---E---T-----S-----PGPLNVGIQES--AD.....T-EE.....-F--A--	439
HPV37	DS.-AL-M---E---T-----S-----PGPLNIGQESTMAD.....-T.....-F--A--	437
HPV9	---E---M---E---S-----SI--V-----PDGLEVGRQET-SV-.....-V.....-F--E--	437
HPV22	-A-E---E---E---SSV--E-F---IL-V---NI.....-E-L.....-TNIETS-VYD-A--	427
HPV23	---E---E---E---SVIEE-LQ--VI-M-L-DVEA.....IQDTI.....-TAD.....-Y--A--	422
HPV38	---E-L-M---E---S-----L--V-VT-V.....-EGV.....LTETSMDPDTF--E--	430
HPV49	DA-ES---S---E-----S---L-VQ-L.....-QVI.....EVDPE...PTFH----	425
HPV4	D-A-A---ST-----EQS--DAMI--SLI-PF..-M.....-DP.....TFTEEQQ	421
HPV65	D-A-A---ST-----EQS--DAMI--S---PF..-T.....-DP.....TYTEEQQ	418
HPV48	S-.EA---TFADSGHVVH---DDFLSV-AL-DP..A.....I.A.....-NYTE--	405
HPV50	PP--S---HT-NVTPQTS---DDILAT-TF-DP..A.....S-F.....TQFNE-V	411
HPV60	PAAET-Q-RT--ES-H-FSA-DNIT--YINLT..-T.....TNE.....GLIP-NI	426
most-likely	LLDEAVDFSGSQLVVG.N.RRSTTSYTVPRFETTRSGSYVQDTKGY..VAYPESRDT.TEIIYPT.PD.LP	489
HPV19	----Q-----G-----ST---Q-----T-----D-S-SKD---M---	490
HPV25	----N-----G-----ST---V---A---T-IQ---S---D---SKD---M---	490
HPV20	----N-----G-----ST---H---S-----D---VSKD---N---	488
HPV21	----N-----G-----S-----D---S-D-----	490
HPV14d	----N-----S-----A-----D---ISMD-----E---	489
HPV5	----T-----I---N-----N---T-----NN.A-----I-	489
HPV36	----I-----S-----NN.A-----I-	489
HPV47	----T-----I---S-----D---ID-----E---	489
HPV12	----I---S-----Q---H-N.A-----I-	489
HPV8	----T-----I---NN.E-----	489
HPV24	----TD-----I---SP-NS-----LQ---K.I-L---S.-T.--	493
HPV15	--EDNI-----H-F-T---T-----SP-NTGF-I--VH--N.....L-Q.S.-T-	504
HPV17	--ED--D-----F--P-----V-----P-DTGF-IH-Q--T.....L-H.-T-	507
HPV37	--ED-----F-TS---N-I-I---P-DTGF-I-IQ--N.....-QV-L-Q.-E.T-	505
HPV9	---G-----T---NTL-----P-DT-F-I-IQ--T..-S---Q--D-F-H.-T-	504
HPV22	---NG---R---I-PSD--LP-I--Q--SP-ETIV-I--IE-NT..-V--KYEER.PT--L---S.G-	495
HPV23	---N-I-E-NN---F-TSD--SSA-SI---SP-ETIV---IE-NQ..-I--GPTER.PT--F-L.-S.A-	490
HPV38	---D-I-----TP-----I---Q-PQNPTI-Y--IQ--H..-S-----ER.PA-----I-	498
HPV49	---QN-----Y-S.G-RS-TF---S-P--DTF---LE--A..-S---R-NY.P-----Q---	492
HPV4	---PLT---Q-H--LTS.S-RG--F-I-TIPPGLGLRI--D-VGSDLF.-S---VI.PAGGL--E-F.V-	490
HPV65	---PLT---N-H--LTS.S-RGS-FSI-TIPPGLGLRI--D-VGSDLF.-S---T-VI.PAGGL--E-F.T-	487
HPV48	---PLL-N-NN-HIT-QGVDEEGETVAL-IPSI-N-SKTF-T-IAEN..GLFANDT..SLLTPAS.TI.V-	471
HPV50	-T-DVEHN-TE-H--IPATDEENDTA.INIINL.-NIPLT-GMNS-DI..STTSLSDYNI.LDASLIV.KSNVS	478
HPV60	-E--FT-N-NNA--IFAT.IDEGE-MIM-TIPPVALKLFIPEIAASVLN-VH-S-EW..-IL-PNV.--EI	494

## L2 SuperGroup B Markov Protein Alignment

```

                L1 cds start for HPV types 19
                -> 14d, 5, 47, 12, 8, and 9
most-likely VVVIHThDT.SG.DFYLHPSL.RRRKRKR.KYLG1 519
HPV19      --I---Y---.-----RK-F-----.$ 520
HPV25      --I---Y---.-----TT--R-----.$ 520
HPV20      --I---Y---.-----TK-L-----.$ 518
HPV21      --I---F---.-----S-KF--R-----.$ 520
HPV14d     --I---Y---.-----HK-L-----.$ 519
HPV5       --I--P--S.T-.-.-----H-----.$ 518
HPV36      -----N.T-.-.-----W-----.$ 518
HPV47      -----N.-.-.-----.$ 518
HPV12      -----N.-.-.-----.$ 518
HPV8       --I-----N.-.-F-----.$ 518
HPV24      A-----E-S.-.-.-----LQ--R-----.$ 523
HPV15      T---NFEEA.G-.Y-----KT-----.$ 533
HPV17      T---KFAEA.G-.R-LFT-$.....$ 524
HPV37      T---RFGEA.GT.-Y-----K-KK-----.$ 534
HPV9       T---IN--.-.-Y-----Q-K-----.$ 533
HPV22      AIIQSPTHS.-F.-Y-----K-----.$ 524
HPV23      A-----L-K.-F.-Y-----K-KR-----.$ 519
HPV38      T---VA-S.-.-.-----W-R-----.$ 527
HPV49      T-I---A--.-.-.-----T--.$ 521
HPV4       LEPALLS-IF-T.--VYR---Y-K----LEMF.$ 521
HPV65      LEPPFFSEFY-S.--VYR---Y-K----SDIF.$ 518
HPV48      AINWFPLFD.-YS--A-D-FFIP-K--RL.DI-.$ 502
HPV50      EQPLFVL-Y.-.-YD---G-.LPKR-RI.D-F.$ 506
HPV60      IQPAMAV-V.YD.-----H-L-----LDFF.$ 525

```

## L2 SuperGroups C-E Protein Alignment

SuperC.con		Ms????kRV.....	5
GroupC1.con		MS..ARKRV.....	7
BPV1		---.-----	7
BPV2		---.-----	7
GroupC2.con		M?P?..?RV.....	4
EEPV		-A...R--.....	6
DPV		-P-L..K--.....	7
SuperD.con		MV..RAARR.....	7
BPV4		---.-----	7
SuperE.con		M?...?rrr?.....	4
HPV41		-L..A-Q-V.....	7
COPV		-A..LI-K.....	6
CRPV		-V..A-S-K.....	7
ROPV		-V..L-T-K.....	7
GroupE1.con		M?...R?R?.....	3
HPV1a		-Y..-L-R.....	6
HPV63		-L..-V-K.....	6
Unclass.con		MS..RRRKRHTRV....	11
MnPV		---.-----	11
SuperC.con	...KRAAnvYDLyRTCKqa?gtCPpdvipKVEG?TiADKilk?.G????Ylgglgigt?S?g?va?G?sP???		58
GroupC1.con	...KRA??YDLyRTCKQA.GTCPPDVI?KVEGDTIADKILK?.GGLAIYLGGLGIGTWSTGRVAAGGSPRY?		69
BPV1	...--SA-----R-----F-----T		74
BPV2	...--NV-----P-----L-----V		74
GroupC2.con	...KRAN?YDLyRTCK????CP????KVEGKT?ADK????GSMGVY?????GSG?P??GGY?PL..		42
EEPV	...--V-----QA.GT--PDVIP-----I---ILQY.-----LGGLGIGT---K-GT---I--..		71
DPV	...--P-----RWK...-LMSFL-----V---YCSM.-----WRLALH...-R-TQ---V--..		69
SuperD.con	...KRASEDDLYRGCRMV.QDCPIDIKNKYEHNLTADRIKLV.VSSFLYFQQLGISSGKGTGGSTGYTPLGG		74
BPV4	...-----		74
	E5 end for HPV41 <-	E5 end for CRPV <-	
SuperE.con	...rRAAPqdiYpaCKis?ntCPpDiqnk?EqtT?ADkILqY.GSlGvf?GGLGIgtg?GsGGr?gytPlg?		65
HPV41	...K--N-EQL-KT--ATGGD---VIKRY---P--S--K-.--V--F-----R-G--TV.....		68
COPV	...-----V-.---A--L--M--N-L---K-.--A--L-----S--K-V--T--I---G		73
CRPV	...-----T--A.GN--A----F-NK-I-----F-----SSAG-----L-----S.		73
ROPV	...-----I--Y-NK-V-----YF-----T-----G--V--G		74
GroupE1.con	...?RAAP?DIYP?CK??N?CPPDIQNKIE?TT?ADKILQY.GSLG?FLGGLGIGT??G?GGR?GYTPLG.		56
HPV1a	...K---K---S--IS.-T---H--I-----V-----AR-S---I-----.		72
HPV63	...R---Q---A--VA.-N-----Q--V-----I-----GK-G--Y-----.		72
Unclass.con	...PRDSATHIYQTCKQA.GTCPPDVVNKVEGTTTADKILQY.GGAAVFLGGLGIGTGRSGGATGYVPVG.		77
MnPV	...-----		77
SuperC.con	??R?gGSttSL?S?gsra?ta??r?fagGIPL?.....TLEtiGA?RPGiyEdt?????.....vLP?AP		101
GroupC1.con	PLRT?GST?SLAS?GSRA??A????S??GIPLD.....TLET?GALRPG?YEDT.....VLPEAP		111
BPV1	---A---S---I---VT-GTRP-IGA-----L-----V-----		130
BPV2	---S---T---V---GA-TGTR-SIT-----I-----A-----		130
GroupC2.con	..RGGGS?TSLSS?????????PFAGGIPLE.....TLE??GAFRPGI?E??P?LEG.....?LPDAP		81
EEPV	..-----T-----K-----GI-----V-DAG-A-----I-----		120
DPV	..-----S-----RSGSSTSI.S.R-----TV-----I-EVA-T-----V-----		128
SuperD.con	RGGGGVTSGKANVV.RPTVIVDALGPTG.VPID.....PAVP...DSSIVPLESSGGSTTLDPGAEIE		136
BPV4	-----		136
SuperE.con	???gg?rVggr?t??Rptip?etvGp?di?Pid.....?dp??vp??e??a?????t?????t??		96
HPV41	..L-AGA---S-SSGAI--R--L--E.....SGG-SLAEEIPLLPM-PRVPRPTDPFRPSVLEEP		128
COPV	TE.S-VG--T-V-TI.---V-ISS--SP-FI-V.....AV--LGPA-IPP-RFPIAVEDPF.....LPPPR		134
CRPV	..G--G--IAAAPV...-P-TT-S---L--V-EV.....ADPGGPTL-SLH-LP-ETPYVSS.....NV-GD		132
ROPV	..SS-G--V-GSAV...-P--TD----LEVI-EA.....VDPAGLSI--LE-YP-EIPTTSG.....NVIGE		133

## L2 SuperGroups C-E Protein Alignment

GroupE1.con	.??G?VRV??R?TPV.RPT?PVETVGP??I?PID.....?DP...?GP?VI?L???.??D?P??....TV?	89
HPV1a	.EG-G---AT-P---.---I-----SE-F-----VV---...T--A--P-QDL.GR-F-IP.....--Q	129
HPV63	.DS-A---GG-S---.---V-----RD-L-----SL---...L-S--E-E.....-I-AT.....--E	125
Unclass.con	.ETPGISVVGARVPP..RPNVPLETVGPDQLFPVD.....AIRPTDPSVIDVASVPTPTDTSINVP..EVE	137
MnPV	.....	137
SuperC.con	A?VTP?AVP?D?G1?gL?ig??ss?Etlit?LePEGP?Di.AVLEL?P??hdqw??s????????.....	141
GroupC1.con	AIVTPDAVPAD?G?D?LSIGTDSSTETLITLLEPEGPED?.AVLELQPLD??WQVSNVHQ?SA.....	167
BPV1	-----S-L-A-----I-----RPT-----S-----	194
BPV2	-----T-I-G-----V-----HAN-----G-----	194
GroupC2.con	AVVTPEAVPVD?GLSGLD??RE??QE????FL?PEGPDDI.AVLE?RPTEHDQ?HL?STST.....	128
EEPV	-----E-----IS--LS--QILS--H-----V-----A--L-----	180
DPV	-----Q-----VA--VT--SLIT--Q-----L-----T--I-----	188
SuperD.con	IIAEVHPPPVYEGPEVTIGDIEEP.....PILEVVPETHPTSRRV.....STTSK	181
BPV4	.....	181
SuperE.con	??aep??pi??pi??s????????????????sa?l????????????????v?Rtq	111
HPV41	FIIR-PER-NILHEQRFPTDAAPFDNGNTEITTIPTSQYDV-GGGVDIQIIELPVNDPGPSV.....-T---	195
COPV	FPTAVEEDV-ELQ--PGPS-EIPLAGPKITTDAQ.....P-I-EVIPETRPPKV.....IT-H-	188
CRPV	GA---LPAGHGGSQ-SDVT-GTSGT.....-S--H	162
ROPV	GG-Q-PPSSGGGSA-LDVI-EESGV.....TS--H	163
GroupE1.con	V?AE..?HPISD?P?I?A??T?E.....?SA?L?????????RT.....?R?Q	109
HPV1a	-I---I-----I-N-V-SS-N.....GE--I-DVLRGNATI--.....VS-T-	172
HPV63	-V---V-----T-Q-P-PT-D.....SS--V-HIPQESPA--.....IT-S-	168
Unclass.con	VIAE..IHPVPPDGP.SNTPTTTINTS.....GSGDAAILEVAPEPSPAVRTR.....WRASKTT	189
MnPV	.....	189
SuperC.con	???PL?lq?s?????.AETSGLENiFVGGsGlg?tgG.....EnIELTlFgsPr.....	178
GroupC1.con	YHAPLQLQSSI.....AETSGLENiFVGG?GLGDTGG.....ENIELT?FGSPR.....	209
BPV1	-----S-----Y-----	238
BPV2	-----A-----F-----	238
GroupC2.con	HPNPLF??P?QQ??II.AETSG?EN?FVGG?G?GS??G.....E?IELTLF??P?.....	162
EEPV	-----QG-V--AR--.-----A--V--S-I--NA.....-D-----AE-R.....	229
DPV	-----HA-I--SS--.-----S--I--G-V--TT.....-E-----GQ-K.....	237
SuperD.con	HDNPAFTAYVASAQLP.GETSASDNVYILHGFNGDFVQADPEG.DTIFEEIPLLEFGVPMPPS.....	244
BPV4	.....	244
SuperE.con	ynNP?Fev??tsni??ge?s?sd??v??s??g??vG???.elIplv?l??g??s?t????????	143
HPV41	----T---EV.-TDIS.--T-ST-NII-GAE---TS--DNA.....----LDISR-DTID-TILAPGEE	258
COPV	-S--A---SI---SGA.--S-A--HVL-EGF--HSI.....-H---QD-APSRP-FSETI...ED	246
CRPV	I--V--APM-GDQDVSDVHVFAHSESSITINQTEENT-G.....--EM-P-RHPPR-EGDFR....	220
ROPV	F---T--APN-N--SVPDIVDPQEDI-ISYTDAPPEP.....E--PC.IRGETL-YKRTYH	222
GroupE1.con	YNNP?F?????I???.GEAS?SD??F????????VG.....??IPLV????G?????????..?	129
HPV1a	---S-TVASTSN-SA.---T--IV-VSNGSGDRV--.....ED---ELNL-LETDTSSVV...Q	230
HPV63	---L-RITASAD-AS.---A--NI-IDVDTPGQI--.....QE---NFDM-PISTEGEL.....	224
Unclass.con	FHNPAFHFSSTGSTV.GEATGMDNIVVYSGSGGRTIGG.....DSIELMPF.TSSDTLDLSIVEETS	250
MnPV	.....	250
SuperC.con	.....TSTP??pi?rsRGI?N..Wfs?rYYTQvP?EDPd?????????.....?FeNplyd?????????	211
GroupC1.con	.....TSTPR?????RGILN..WFSKRYTQ?PTEDP?VFSSQ.....TF?NPLY?.....	244
BPV1	.....-SIASKS-----V-----E-----A---E.....	283
BPV2	.....-NLPQTA-----I-----D-----S---D.....	283
L3 start for DPV ->		
GroupC2.con	.....TSTPE?PI?R?RGIFN..WF?R?YYTQVPVEDPDEIAAAGSY.....VFEN??YDSKA?K??Q	208
EEPV	.....-V--K-S-----S-R-----PV-----F-PA-	285
DPV	.....-G--N-G-----N-T-----AL-----Y-HE-	293
SuperD.con	.....TSTPTSSFRSVLNKFRRLYNRKLQVQVKITNRNTFLKQPSQFVQW..EFDNPAYVDD..SLSL	304
BPV4	.....	304



## L2 SuperGroups C-E Protein Alignment

SuperE.con	ETaFs . . . . tSTP?????eRp?????ynrR?YqQVqVtdP?.F??rp?slV????tfdNPaf?????vs1	184
HPV41	----V . . . .----ERVPIQ--LPIRPYG . . . -Q---R---E.-LDSAAV-- . . . .SLE--V-D . . .ADIT-	316
COPV	-----S---KQGSRS---KS . . . Y---R-----V.-IS-R-----D . . .ES-D-	304
CRPV	--S- . . . .----IPDRSAL-SINVAS . . . -R-----EN-A.-LN--RE--QFEN-----VDD.EQL--	283
ROPV	-----VDD.DQST-	234
GroupE1.con	ET?F? . . . .?STP?????RP?R . . . FYNRR?YEQV?V??P?.F??P?S?V . . . TF?NPafe?????VS?	162
HPV1a	--A-S . . . .S---IAERPSF--S . . . ----L---Q-QD-R.-VEQ-Q-M . . . .--D----PELDE--I	291
HPV63	--E-T . . . .T---RTTQVQE--T . . . ----Y---P-TA-E.-ITR-A-L . . . .--E----RS . . . --L	282
Unclass.con	FGGR . . . .TSTPRTKPLPSR . . . .LPSRRYIEYRESSLGE . . LWSPPRAMGP . . TYINPAFE . . . AEDSI	305
MnPV	-----	305
SuperC.con	????????? . . . ??????????le?????PSGRvG?S?yrP?.s?gTrsGvrVGP??H?RyS?STIhe?.	243
GroupC1.con	. . . . .?EPAVLKGPSGRVGLSQVY?PD.???TR?G??VGPQLHVRYSLSTI?ED.	283
BPV1	. . . . .A-----K-- . TLT--S-TE-----H--.	331
BPV2	. . . . .P-----R-- . FIE--G-GQ-----T--.	331
L3 end for DPV <-		
GroupC2.con	QP?????QD . . . ??????DA?RLL?G . . . .PSGR?GWSRI?RPT.S?GTRSGVRVGPLYHLR?SFSTI??P.	252
EEPV	--DITL . . . .EASVTGR--A---A . . . .----I-----T---.L-----S-----HS .	348
DPV	--WLSRP-- . . .APEFDQ--V---Q . . . .----V-----I---.I-----Q-----DE .	357
SuperD.con	IFQQDLDEVSAAPDADFQDIVKLSRPVF . TTKEGLVRVSRGQRG . TIKTRSQLQIGGHVHYTDLSPiRPL.	374
BPV4	-----	374
SuperE.con	iFeqDld??laapdpdfrDvv?LsrP?y?r?p?GrvRvSRG?r??ti?TRsG??iGp??HFyydiSsi??a.	239
HPV41	T--D--QQA-RS . -T-L---RR---Y-Q-RTT . L-----Q-RG--S---VQV-SAA--FQ--P-GQ .	386
COPV	---R-VAEIT---HA--T-ITK-TK-A-H-G-S-H-----H-A.N-K---LT---QS-----V---DP .	375
CRPV	L-----TVV-T---A-Q---R---SFTQSR-----RTL . -MQ---KAF--AK---EL . . . .	352
ROPV	L-D---NV-----Q-T---K---S-T-TAS-----TTG . --R---LQ--RK-----PS . .	304
GroupE1.con	IF??DL?????P??FRD?VYLS?PT?SR?P?GR?R?SRG???? . TI?TR?G??IGA??HF??D?SSI???	200
HPV1a	--QR--DALAQ-T-VPE---V---K--F--E-G--L-V---KSS . --R--L-TA--RT--FY-L--APE .	362
HPV63	--EQ--EDILNA-DQD---I---R--Y--A-D--M-L---RRA . --S--S-VT--QS--YM-I---SSN .	353
Unclass.con	LFPECSMQAA . . . NPDTGITRLGHLFGT . EQGGRVIRIGRLGQKT . SLHTRSGMAIGPKAYFYKDISSISVVP	373
MnPV	-----	373
SuperC.con	. . . . .?????ipvde??qg??t??Ee??gf?eielDddles?a??ppl??pigsgvrr?lip?q?f?a	284
GroupC1.con	. . . . .VEAIP??VDE?TQGLAF?PLHEE??FEEIELDD??E?H?LLP?????P?GSGVRR?LIP?Q?FSA	329
BPV1	. . . . .----YT---N-----V-----QAG-----FS-T-R---QNTSST-V-----S---T-E---	398
BPV2	. . . . .----IA--D-----I-----PGD-----LG-E-A--KSYTA . -I-----A--G-G---	397
GroupC2.con	. . . . .ETIELIP???D??EVLTVGPE??G?D??D?DL?SI?SD?PLL?????????????????R?	281
EEPV	. . . . .-----TVLE-DT-----RDT-F . . . .-V--D--A--S---PERHHLAFGARRSHIPIVA-P	411
DPV	. . . . .-----STV . -EE-----SAE-P-AEYS-I--Q--G--E--GTGIYPLVGGGQIFLCMH-A	423
SuperD.con	. . . . .EDIEMTSFGEVSGESVIMQPLGESTFIDTGARSNDLNEGVIIEYSESALEDAMEEDFSQVRLEISTSA	441
BPV4	. . . . .-----	441
SuperE.con	. . . . .?siElq?lge?s?e?tv?????????????e?????????????????????e??lld?e?v	258
HPV41	. . IEPIDA---DV---Q-G-G-IVRGDPTPSIEQDIGLTALGDN . IENELQEIDLTLTADGE-DQEGRDQL-	455
COPV	. . . . .E-F---A--NV-SAEQTGEAVISSGTGDFEIIISLEDSILE . . . . .SYND-D . . -IDVFED	428
CRPV	. . . . .EGP-PDI-IPe-EQE-SFTDATSKDTQQA-VYADGSTLE . . . . .	392
ROPV	. . . . .E-----PIA-SAN-D--SGLPDLDIINADETAFTA . . . . .D---EP-S-	349
GroupE1.con	. . . . .D?IEL??LGE?S?? . TV??S?L?????I??E?????????????????????YS?E?LLD?E?V	222
HPV1a	. . . . .-S---LP---H-QT . --IS-N-GDTAF-QG-TAEDDLEVISLETPQL . . . . .--E-E---TN-S-	421
HPV63	. . . . .-G---QT---A-GE . --VQ-S-AASDP-EA-HSFIIEPAPSIDSYDIVSLQSET . --D-H---MY-P-	418
Unclass.con	E . . . . .ESIELSTYTSAAPLGEDAGIIVEDSMEGSFDNITLS . . . . .SWSHGSMGLLEDDASY	427
MnPV	-----	427
SuperC.con	t?ptgvvtygspd?ysaspv?y?d?????l?id?pT?????iIid?h????????? . . . . .?	314
GroupC1.con	TRPTGVVTYGSPD?Y?ASPV??PDSTSPSLVIDD?TTP . IIIIDGHTVDLYS? . . . . .?	376
BPV1	-----T-S---TD-----T---.-----S . . . . .	451
BPV2	-----M-P---G . -----N-----	449

## L2 SuperGroups C-E Protein Alignment

GroupC2.con	?V?????????????????YV?DNGGQ?S??TPTVVI?G?I??S?EYFR.....	303
EEPV	G-QTGTVIDTRQMAENSV...-S-----E-QQ-----N-N-NV-M-----	459
DPV	P-GWSSGTYINHEGQSRDDGE--I-----NI-----D-S-AL-L-----	473
SuperD.con	RSRTSIVTVQEGIPPGSVKLFINDAAATVDTGYLPGKPDYEDPFTPIEPAVPPDIILNFEDDTA.....	505
BPV4	-----	505
	L1 cds start for HPV41 ->	
SuperE.con	g??lql?i???r??p?i????????p??g????????p????tp??p????l?i????s???	275
HPV41	FSTGNDEVVDIMTI-IRAGGDDRPSVFI FSDDGTH....IVY-TSTTA-TPLV-AQPSDVPY-VVDLY-GSM	523
COPV	VARDLHLLVGE-RQQP-QVQRYIKPFSFVNEGVIHPGESDFWLPV--DST-AIVIDI-DSSA.....	494
CRPV	..TDSADENLTLVFSDRGRGQGS HV-IP-KSTIGGPVNI GSKYITLNPGETTSFEADVISPVFIFEGNADG	463
ROPV	-EG--V-SST-RA-R-	366
GroupE1.con	G??LQL?I????G????D????RPP?G?????..?Y?P??S?G?P?INP????PL?II?L?NSTG.	250
HPV1a	-EN---T-TNSE-EVSIL-LTQSRV---F-TEDTSLH...V-Y-NS-K-T-I---EESFT--V--A-N----	490
HPV63	--S---Q-SDVR-RPTVI-IPFRPR---L-PINAGVD...I-S-TA-V-S-T---TDLDI--I--H-D----	487
Unclass.con	DFHGLHWGT.RRSSKQISMFRRSWYPETAVYVQE.GGSVMDPEASAELVPSRDSAR..PHVIYRGYNGT..	494
MnPV	-----	494
SuperC.con	?YyLHPSLL?...rkr?KRkhaF?	331
	L1 cds start for BPV1 and 2 ->	
GroupC1.con	NY?LHPSLL...RKRKRKHA	393
BPV1	--T-----	469
BPV2	--S-----	467
GroupC2.con	HYYLHPSLL?...??RKR??F?	316
EEPV	-----G.....--KRL-G	477
DPV	-----...RRK--NPI-I	493
SuperD.con	TFFLHPSLL...KKHKHNKHWFL	525
BPV4	-----	525
	L1 cds start for CRPV ->	
SuperE.con	dy?lhpsL?...rKrrkr??f?DG?VA????	293
HPV41	--DI---L...R--K--KRVY-S--R--SRPK	554
COPV	--Y----I.....-K--KHFF-	513
CRPV	T-Y-EEP-.....-K-RKSIFLLA--S--VYAE	492
	L1 cds start for HPV1a ->	
GroupE1.con	D??LHPSL...RKRKR???	261
HPV1a	-FE-----RAYV	507
HPV63	-YD-----LVHI	504
Unclass.con	DYYLHPSLS...RRRRNSRHIYFSDGVLAA	521
MnPV	-----	521

## L2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

\* coordinate 4237 in HPV16R

most-likely	ATGGTA...CCCCACCGTGCTAGA.....AGA.....CGC...AA	29
HPV54	----CT...AAAGCAA-A--CCC-.....C-C.....-G.....	29
HPV32	---CC-....-A----AAG-C-C.....-.....-.....	29
HPV42	---CC-....-A--A--GT-CC-C.....-.....-A.....	29
HPV3	----G...G-A--T----A--G.....C-T.....-.....	29
HPV28	----G...G-A--T----A--G.....C-T.....-.....	29
HPV10	----G...G-A--A----A--G.....C-T.....-.....	29
HPV29	----G...G-A--T----A--G.....C-T.....-.....	29
HPV61	---CT.....CT--A.....C-T.....-.....	20
HPV2a	---TCT.....ATA----C-AG.....C-T.....-A.....	26
HPV27	---CCT.....-C-AG.....C-T.....-G.....	23
HPV57	---TC-.....CA----A-AG.....C-T.....-G.....	26
HPV26	-----G-TGT-----CCCT.....C--.....-.....	29
HPV51	----G...G-TACA----AC-G.....C-T.....-G.....	29
HPV30	----C...G-----G-AC-C.....-.....-A.....	29
HPV53	----T...G-----G-AC-C.....-.....-T.....	29
HPV56	----T...G-----C-C.....C--.....-.....	29
HPV66	----T...G-----C-C.....C--.....-.....	29
HPV18	-----T-----CGC.....C--.....-.....	29
HPV45	-----T-----AGC.....C-T.....-.....	29
HPV39	----T...T-----GCC.....-G.....-T.....	29
HPV68ME180	-----T-A-----GCC.....-G.....-.....	29
HPV70	----T...T-TAG-----GTCC.....-G.....-T.....	29
HPV59	----T...T---T-----GCT.....C-T.....-T.....	29
HPV7	----G...T--AG-A-GC-CC-T.....-G.....-T.....	29
HPV40	----G...T--AG-A-GC-CC-T.....-G.....-.....	29
HPV16	---CG-...-A-A-A--T--GC-.....-A-.....-ACA--	32
HPV35h	---CG-...-A-A-AA-GT---C-.....-A-.....-TGTT--	32
HPV31	---CGG...T--A-A--CT---C-.....-A-.....-ACT--	32
HPV52	---AG-...TA-AGA--GT---C-.....C-G.....-A-.....	29
HPV33	---AG-...-A-A-A--AT---C-.....-G.....-.....	29
HPV58	---AG-...-A-A-A--GT---C-.....-G.....-.....	29
RhPV1	---AAGCATG-A---TTGT-GC-G.....C-CAAGCGAGCAGCCCCGCGCCACCTGGTGGGCGG-AA...--	65
HPV6b	---C-...-ATAGTA-G--CC--.....C--.....-.....	29
HPV11	---AA-.....-CTA-G--AC-C.....-.....-T.....	26
HPV44	---C-...-A-AGTA-G--AC-T.....-.....-T.....	29
HPV55	---C-...-A-AG-A-G--AC-T.....-.....-T.....	29
HPV13	---C-...-ATAGTA-G--C-C.....-.....-.....	29
PCCPV1	---C-...-ATAGTA-GC--C-C.....-.....-.....	29
HPV34	---CGT...-G-A-G---AC-C-CATATA---.....-T.....	35

## L2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

TATA box for HPV16  
-> <-

most-likely	GCGTGCATCTGCAACACAACCTATATCAAACATGCAAGGCCGAGGCACATGTCCCCTGATGTTATTCCTAAGG	103
HPV54	A-----T-----T-----T-T-----C--TT-A---A-----	103
HPV32	A--G-----T---GT-----T-----T-T--G---C--A--C-----A-----A	103
HPV42	---G--C-----C-----T-----G--T-----T---G-----T--A-----C--A-	103
HPV3	-----C---C---G--T--AG--C-----C-----C--A-	103
HPV28	-----C--C---G--T--AGG--C-----C-----A--A-	103
HPV10	-----C--C---G--T--AGG--C-----T-----C---A-----C--A-	103
HPV29	-----C--C---G--G--T--A---C---A-TT-----C-----A--A-	103
HPV61	-----TG-C--C---GT---T--ACAAT-----G---A---	94
HPV2a	---C--C--CC-C---G-C--C---GT--C---CAG---T--C--C---A--CA---C--A-GA-	100
HPV27	A--C--C--CC-C--CG-C--C---GT-----CAG---T--C--C---A--CA---A-G-C	97
HPV57	---C--C--CC-C--TG-CT-G---GG-----CAG--T--A--G--C-----A-C--A---G--	100
HPV26	A--A---A--T---G-CT---CA-----T-----T--T--G--C--T-----AA	103
HPV51	---A-----T-----T---TCT-----A--T--T--T-----T-----G-GAA---	103
HPV30	A--G--C-----T--T--G--G-----G---CAG--T-----AT-----AAC--AA	103
HPV53	---G---A---G--G-----T--ACAAT--T-----TGAG-----AAC--AA	103
HPV56	A--C-----A-----T--TTGT--T--T-----AGAG-----G--AA--AA	103
HPV66	A--C-----C-----T---A-----ATTAT--T--T-----TGAG-----AA-----	103
HPV18	A--G--T--G--T--TG-CT---A-----T--ACAAT--T--T-----A-----G-----	103
HPV45	---G--C-----TG-CT---AG-----T---CAAT--C--T--G--C-----AAC--A-	103
HPV39	-----TG-C-----AG--C--T--ACAAT--G--T--C---A--A--C--G--GA---A-	103
HPV68ME180	-----TG--T---A-----ACAAT-----T-----AAA-----	103
HPV70	-----G-CA---A---C---CAAT-----G-----G--AA-----	103
HPV59	A---C--A-----G-CT---A---T---CAG---T---C--TT-----AA---A-	103
HPV7	---G--G--C-----GT-----A-----C---A--A---G--AA-----	103
HPV40	---G--G--A--T--T--GT-----G--G---C---A---G--A-----	103
HPV16	A-----G--T--C---T---A-----ACAG---T---A---CA---A-----	106
HPV35h	A-----GT--T---A--T---A--T---A--A---A-----	106
HPV31	A---G---T---T---T-----T--A--A---T--T---AT--A--C---A---AA	106
HPV52	A---T-----G-----A---T-T---C--C---C-----A-	103
HPV33	-----C-----A-----C--C--A--C-----A-	103
HPV58	-----T-----T--C-----T-----C--C--A-----A--C--A-	103
RhPV1	-----C--G--G--G--C---C---G-----C-----C-----	139
HPV6b	-----G--A--T---G-----T--ACT--A--T--A---C---A---A-----	103
HPV11	A---G--A--C-----T---A-T--T-----A---A-----A-	100
HPV44	A-----T--C--T-----T---T-----C---T---A-----	103
HPV55	A---C--A--T--C--T-----C--T---T-----C---AT---A-----A-	103
HPV13	A--C--T--A--T-----T--T---TT--T--A-----T-----A--A---	103
PcPV1	A-----G-----T-----GT-----C---A--TT--T--T-----T-----A---G--A---	103
HPV34	A-----A--C-----T---CA-----T---CAAAGT-----CA--A---A---	109

## L2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

poly-A signal  
-> <-

```

most-likely TTGAAGGCACCACTTTTGCAGATCAAATATTACAATGGGGCAGTTTAGGTGTATTTTGGGGGTCTAGGTATT 177
HPV54      -A-G-T-A-A-A-----CC-G-----A-G-C-G-----CT-G-A-A 177
HPV32      -----TCG--G-GG-----A-----CACT---G-----C-T-C--A 177
HPV42      -----A-----A-G-----A---T-----T-----C-G-----GT-G-A-- 177
HPV3       ---G-----G-C---GT-T-G-----T-C-G---T-A-G-----G-C--- 177
HPV28      -G-G---T--C-G-----GT-T-G-G-----G-GC-G--A-T-A--G-----G-G--- 177
HPV10      -A-G-----C-G-----GC-T-G-G---T-CC-T-----A-G---C-----C--- 177
HPV29      ---G-----AC-G-C--CAGG---G-----C-----C-A--G-T-GT-----C 177
HPV61      -G-----GGAT--CC---T--C-GC-T--A-G---CT-----G-G-T-C-----AT-G----A 168
HPV2a      -G---CAG-A-----A-----A---CC-TA-G-----G-----G-----A 174
HPV27      -A---CAA-A---C-G-----A-----A-G-----CC---G-C-C---C---T---A 171
HPV57      -G---CAGGA---A-A-T---AGG--C-CA-----CC-G-G-C---C-T-C-C---A 174
HPV26      -----TT-T-CC---T--A-G-----A-TG---G-AA-----A-T---T---A 177
HPV51      -----T-T-A-G-C---A-----G---A-TG-G-G---A-----G-T-C----- 177
HPV30      -----CA--A-----G-----A-G-----T-----GTT-AC-----TAA-T-----A 177
HPV53      -----CA-AA--C-GG-T--A-----G-----T-----TT-AC-----A-C-T----- 177
HPV56      -A-GCAA-AA--A-GG-T--A-----G-----A-----TT-AC-A-----A-C-T-C--- 177
HPV66      -G-GCAA-AA--A-GG-T---AGG-T-----A-----TT-AC-A-----G-T-C--- 177
HPV18      -G-G-----G-A-----A-----G-----TCA-CC-T--A-----G-T-A-T-C--A 177
HPV45      -G-----A-C-A-T--A---T---G---TCT-CC-T-GA-----G-T-C-T-C--- 177
HPV39      ---G-T-T-T-AC---T-CA---T---G---ACT-----A-----G-T-GT---C--A 177
HPV68ME180 -----AC-----CA-C---G---AC-----A-T---G-T-C---C--- 177
HPV70      -G-G-T---AC-G-T---AGGT-T-----CT-----A-T---G-T--T-G--A-C 177
HPV59      -----T-A-----A-T---A-----G-G---AC---CC---AA-----A-T-A----- 177
HPV7       -G-GCAA-A--CG-----T---A-----CA-G-A-G-----C---T-C--A 177
HPV40      -G-GCAA-A--CG-----T---A-----G-CA-G-A-----C-G-T-C--A 177
HPV16      -----AA--A---T-----AT-A--A-G-----T-GT---A--- 180
HPV35h     ---G-T-AT--G---T-----T---A---AT---CA-G-C---G-----GT---A--- 180
HPV31      -A---CAT-T-CA-----C-----AGG-AT--T--A-G---T-----T-GT-G----- 180
HPV52      -G-----A--A-----C-T--A---AT---CC---G-G-----A--T-G---A 177
HPV33      -G-----A-GT-CA-A-----TC-TA---AT-----G-T-----T--T----- 177
HPV58      -----T--A-A-----G-AT--T-C---G-G-----A--T---C--- 177
RhPV1     -G-----A--CG-A-----T---A-G-AT---CA-G---A---AC-----T-G--C--- 213
HPV6b     -G-GCA-A--CA-----A-----A---A---G-G-G-----A-GT-G---A 177
HPV11     ---CAT-T--A-----A-----A---C---G-T-----T-GT----- 174
HPV44     -G---CAT-A---A-----G-----A-G-----G-G-T-----A-G-G--- 177
HPV55     ---CAT-A---A---T-----A-G-----G---T-----A-A-G-A--- 177
HPV13     ---CAA-A---C-----A-----A-G-----A-----G-T-C--- 177
PCPV1     -A---CAA-AT--C-----A-----A-G---A-----A-G-----G-T----- 177
HPV34     ---G---AT---A-T-C-----A---AT--T-CA-T-G-----T-G----- 183

```

## L2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

	E2 binding site ->in HPV45<-	degenerate E2 binding site in HPV2a, HPV27 ->	
most-likely	GGTACTGGCTCTGGCACTGGGGTCTGACAGGGTATGTTCTTTAGGTACTAGGCCT...CCTACTGTT.....		243
HPV54	-----TAG-----A-----C-----A-A--AC-T--A...C-A--C...T-----ACC.....		240
HPV32	-----C--TG----GT-A--T--G--C-----G---A---A--AC-A--G...--GT-----.....		243
HPV42	--C-----TG-A--T--G--T--G--C--G--C-----G--C-G--A--A-----...--GTAA-----.....		243
HPV3	-----A--C--A-----G--C-----CG--AA-TA---AC-----...GG-----.....		243
HPV28	-----C--A-----G--A-----C--G--A-----C-TA-C--AC-----...GGG-----.....		243
HPV10	--A-----G-----T-----C--G-----A-CA---AC-A---...GGC-----.....		243
HPV29	-----G-----A-----C-----T-----C---G-C--C---C---A...GGC-----.....		243
HPV61	--C--C-----T-----T-----G--A-T--C--CC-----A.....		234
HPV2a	--C--C--AGC----A---G---T---CA---G---T-GC-A--C...A-C---A.....		240
HPV27	--C-----AG-----G---A---C-----A---G-----C-----G...A-C---G.....		237
HPV57	-----AAGC-----A--C-----C--CA-A--AG-G--C--C--A--A...A-A---C.....		240
HPV26	-----A--AA--GT---T--G---T--A--CA---CC---AGGGG-TGG-AGA--CT-----.....		246
HPV51	-----G--AT---G-----T--A---A-C-----GG-G--GG-CGC--AGGC--G.....		246
HPV30	--C-----TG-A--T-----G--G-T--T-----G-----AC-----...A-A--A-----.....		243
HPV53	--C-----G-----A---A-----G-----...T-C-----.....		243
HPV56	-----A--AA--GT-----G---C-----A--G--GT-----...T-C--AA-A.....		243
HPV66	-----G-----GT-G--T-----GG-G--C-----C-----CT-----...T---A-A.....		243
HPV18	-----AG--T--A-----CA---A--G---GGGC-TT-C...AA--A--G.....		243
HPV45	-----C--AG--TT---A--C-----G--C-----A--C-----GGGC--T---...AA-----.....		243
HPV39	--C--A--TA---T-----A--C-----A--A-A--CC-G--GGG-----...AA-----.....		243
HPV68ME180	-----G--A--A--C-----T---CA-----GG--AA---...AA-----.....		243
HPV70	-----G--TA---T-----C--C-----CA-----G--GGG-----...AG--A-----.....		243
HPV59	-----A-----T--C--T--CA-A-----CA-A-----GGGGC-TA-A...AAC---A-A.....		243
HPV7	--T-A-----T-A--C--C--G-T--C---G---GTC--AG-TT-C...-G-G-AA-ACCTCC		248
HPV40	--T-C-----A-----CA-GG-T--C---G---GTC--AG-TT-C...-GGG---CCCTCC		248
HPV16	--A--A--G--G--T--A--C--A--C--T---A---A--G--A--A-----...C--A-C-----.....		246
HPV35h	--T---A-----A--T--AA-AT-T--A-----AC-G---A-CA---...--A--G-C-----.....		246
HPV31	--GT-C-----T-----C--T--A---C---C-TA---AC-T---...T---A--A.....		246
HPV52	-----A--TG-A--T---T--A--GG---C---G--A--GTCC---C-T---...--C---AG-----.....		243
HPV33	--C--A-----TT-A--T--AA-G--T--C---A--A-T-----GAC--A...--A-C-----.....		243
HPV58	-----A--G--G--T--A--T--CA-G--T--A---G--CC-T---G--CC--A...--GT---AG-----.....		243
RhPV1	--CT---TG-----G--C--AA-A-GC--C--C--G--CC---T-AC-T--C...G-AT-CA-----.....		279
HPV6b	--C--G--T--C-----T--C-----C---CAA---TCTG-AAAA--T--A-----.....		246
HPV11	-----A--GG---T-G---C-----G-----A-A--C--G--A-GCTCT--CAAG--G--A-----.....		243
HPV44	-----A-----A--C--A--A-----A-A-----CAAT-C-CC--GCGT--GACA-----.....		246
HPV55	-----A-----A--T---A---A---A-----GCAAT--CC--ACGT--GAGA-----.....		246
HPV13	--C--A-----T-----C--A--G--T--C---A--AG---AT-C-CC--ACGC--G-CA-A.....		246
PCPV1	--C--A--G---T---C--A--A--T--A-----G--CAG---GCC--ACGC--G-CA-A.....		246
HPV34	---GC--G--A--A--C-----A---G--A---CCC--A-CTA--CCAT--GACCA.....		252

## L2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

degenerate E2 binding site in HPV2a, HPV27 <-	E2 binding site ->in HPV3 <-	
most-likely	.....GTTGATGTTACT.....CCTGCA...CGGCCACCTGTTGTTGTTGAACCT.....	285
HPV54	.....C---ACCAGG-CCT...---T...-T--CG-A-GG-C---A---A-A.....	285
HPV32	.....-CA--GCCGGGC.....-----ATA--T--T--A--G-----CA-----	288
HPV42	.....-C---ACCAGGA.....-----GTA--C-----AA-A-C-----CA-C.....	288
HPV3	.....-----G-GTT...-----...AAA--T----G--AA----G-----	288
HPV28	.....-----G-GTC...-----T...A---T-----G-AA-----	288
HPV10	.....-G-----G-GTT...-----C...A---T-----A---G-----	288
HPV29	.....-G-----G-ATT...---A-G...-----T-----G--A---G-----	288
HPV61	.....-G--A--GGC.....-TGTC--C--C-----A--A---T--A.....	279
HPV2a	.....-CA--GG-.....-AA-GCCCA---G-----A-CA-----	285
HPV27	.....-A--GG-.....GTG---CCCAA-----A-----	282
HPV57	.....-AGGA.....-TG--GCCAA-----A-AA-A-----	285
HPV26	.....-G--A-CGGC.....-A-C...-T-G--CA--A--A-----	288
HPV51	.....-G--A--G-----...A-----A--A-AA-----	287
HPV30	.....-G--C-CAT-C.....-T...A-----A-----T-----	285
HPV53	.....-A--C.....-T...-C--A-----A--T-G.....	285
HPV56	.....-A--.....-G--G...-A-----A-----G--T-C.....	285
HPV66	.....-C-----A-----A-----G--G--GT-A.....	285
HPV18	.....-G-----GG-.....-A--...-T--C--A--G--A-----	285
HPV45	.....-G-----GGC.....-CA-T...A-----G-----A-----	285
HPV39	.....-A-----GT-----T-----A--A-----	285
HPV68ME180	.....-A-----T-G-----T-----G--A-----	285
HPV70	.....-A-----C.....-T--T-----G--A-A-----	285
HPV59	.....-A-----AT-G.....-T...AAA-----A--A--A-----	285
HPV7	TAAATCATTAGCTCCA-----AT--T...A---G-----G--G--TA-----	300
HPV40	TAAATCTTTGGTACC---C---GT--T...A-----G-----G--TA-----	300
HPV16	.....ACA--ACACT-GCT...---T...A-A--C--T-AACA--A--T-----	291
HPV35h	.....-CCACAAAC-T-.....-AT-...-A--C-----AAC--G--AG-ATACCATTAG	298
HPV31	.....TC--G-CA-G-ATA...-ATT...A-A-----A--AGCA---C-----	291
HPV52	.....AG-AT-ACC--GTCC...A-CATT...-T--C-----AAC--A-----C.....	288
HPV33	.....-CAATCCCCTTGCAG...-AT-...-T--T--G--AC--A--CA-----	288
HPV58	.....-C-ATACC-TTACAG...-CAT-...-T--C--A--ACC-----TA-----	288
RhPV1	.....CCC--GCCGTTG.....-A.....-A-----A--AACAA---G-----	318
HPV6b	.....AC-AG--GGC--.....ATG--T...-T--T-----G--G--G--G-----	288
HPV11	.....AC--GG-GGC-A.....G-A---T--G--A--GC---G--G-----	285
HPV44	.....CCCTC---AC-----A-C-----A-----A-AC-----TA-----	288
HPV55	.....CCCTC--GCC--.....A-CA--...A-----A-AC-----TA-A.....	288
HPV13	.....TCAAC--GGC-----A-----T--T--A-----TA-----	288
PCPV1	.....CCCTT--GGC-----A-----T--T--A--A-----TA-A.....	288
HPV34	.....-AA--C--TTGCAA--A-C...A-A--T-----A--AC-T-----	297

## L2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

```

most-likely .....GTGGGC.CCTTCTGATCCTTCTATTGTTACTTTGGTAGAGGAATCTAGTATTATTAATTCTGGTGCACC 353
HPV54 .....--A-CA.--C-----C-----C-----GT---A-----G--G-GG--GT---G----- 353
HPV32 .....A-T-G.--A----C--A--G-AA--T-C--AT-G--A--G--GCAG-----G-----A-CAT--- 356
HPV42 .....-----G.--A-----T-C--AT---A--G--ATCAG-----G--G-A--AAT-A- 356
HPV3 .....-----G.--A--G--C--C--C-----ACC-AT-G--A--C--C-----C--GT-CA- 356
HPV28 .....--A-A.--A-----C--C--C-----A-AC--AT-G-----C--C-----C-----G--T-CA- 356
HPV10 .....--A---G--A-----C-----A-A---T-G---C--C--C-----A--GT-CA- 356
HPV29 .....-----,-----CC--T---A---C---G-A-----G-----TA- 356
HPV61 .....-----T.G--G-C-----C-----A---CC-T-----C--CG-C---G-GG---G--TA- 347
HPV2a .....-----G.G-C-----A--C-----C-----G-----C-----C--C---CG-A--A--GT- 353
HPV27 .....-----G.G-C--A--G--C-----A--C-----C-----C--C--C--A---G-A--C--TT- 350
HPV57 .....-----G.G-G-----A--A-----A-----A-----G-----T-----C--C-----G---GT-CT- 353
HPV26 .....-----T.--A-A--A-----A-----G-----AC-A---A--C-- 356
HPV51 .....A---CAC-A-A---A-----A--A-A-----T---C-----C-G---GT-T-- 356
HPV30 .....-----T.--A-G--C-----C-----AC---T---G---G-GG---G---A--T- 353
HPV53 .....--A---CA---C---A-----A-----T--A---C---G---G-G---A--TT- 353
HPV56 .....--A-G.--A-A-C-----C-----A--A--T---G--C---G---AG-A-----GG 353
HPV66 .....--T-G.--A-A-----AC-----A-----G-----C--A--G--TGG 353
HPV18 .....-----CA-A--C--A-----A--AA-----C--C---G-GG---CA--A----- 353
HPV45 .....--A-G.--A-----A-----G-----T--C---G--G---GCC-----T-- 353
HPV39 .....--T-T-----G--A-----GCAA-----G-----C--A--G---A-CC---AA--- 353
HPV68ME180 .....--T---A-A--A--C--C-----GCAA-----G--A--T--C--G---CA---CA--- 353
HPV70 .....--A-A.--A-A-A-----CAG-----G--G---TCC-----A--- 353
HPV59 .....--T-A.--A-A-----A-----A---A--A--T---T-----G---A-CA---A--C-- 353
HPV7 .....--C-C--CA-----A--C---AT---AA-T---AG-----C-G---G--T-- 368
HPV40 .....--T-CA.--C--C-----G--C---AT---AA-T---AG-----C-G--A---C-- 368
HPV16 .....-----A---T---A--G--A---A---T---G--G----- 359
HPV35h ACACAA-T--.--TA--T-----A--GT-A--A-----A---T---G-G-----C-- 371
HPV31 .....--A-T.--C-TG--C--C-----A--A-G-C-T--T--A-----G-A---G--GT-----C-- 359
HPV52 .....A-T--T.--C-TA--A--A-----A---T--A--A---A---A-A-CAT-----G-G---C--- 356
HPV33 .....--T-A.--TA--CT-G---A--GT-A--AA---A---A-A--T---AG-GG-A----- 356
HPV58 .....-----G-----TG--T-----AT---AA-----T---AG-CG-C----- 356
RhPV1 .....-----C-----C--C---GT-A---C-G--A--G--C--AC-A--AG-GG-A---TT-- 386
HPV6b .....-----C-----G-----A-----GT---AA-T--A---GGCA--C---CG-A--G--G-- 356
HPV11 .....--T-C-----C-----C-----GT-C--AA-T-----G---GC-----G----- 353
HPV44 .....--T-CA.--GGG--C--G--C---AT-C---T--A---GC-----A---G--G--C-- 356
HPV55 .....--T-CA.--GG--C--C-----T-----T--A---GC-----A---A--A--T-- 356
HPV13 .....--T-G.--A-A-C-----AT-----AGC-----A--T--- 356
PCPV1 .....--T---AG---CT-G-----AT-C--A---A--T--A-C-----A-CA--GT- 356
HPV34 .....--A-G.G-C-----T-----A--T-A--A--G---G--A--T---G-AG-----TG-- 365

```



## L2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

```

                                E2 binding site
                                ->in HPV57<-
                                E2 binding site
                                in HPV27, HPV57, HPV2a
                                ->          <-
                                E2 binding site
                                ->   in HPV51   <-
most-likely T.....GTACCTACATTT.....ACTGGTACTGGTGGGTTTGA AATTACATCATCTGCAACT.....A   406
HPV54      A.....ACC----CA-----C-ATCACAG-----AG-CA----AGTGA-----G   406
HPV32      A.....-G-----CGAC.....-GTC-CA-----A-T-----G--C-----G-GGCCCGTCCT   418
HPV42      A.....------GATA-----TC-CA--A--T--A-T-----TA-----A-TGG-GGGCCTGCCT   418
HPV3       C.....A---G--C-----A--A--C---G---TT--T--A--C--A.....   409
HPV28      C.....-T--A--T-----T-----C-----GG-G--T--T--A--C--A.....   409
HPV10      C.....A-----T-----A--C-----G-----C-----C--A.....   409
HPV29      C.....A---C--C-----ATCC-----G--A-----C--A.....   409
HPV61      A.....-C-----T-C--GT-C--G--C--CA-TG-C--G--G--T--T-----   400
HPV2a      A.....CAT--C--C-----C-----G-G--A-C--CA-CGT-----   406
HPV27      C.....CAT--C--C--C-----A-----C--GG-----A-T--CA-CGT-----   403
HPV57      -.....CAT--A--C-----C-----GG---CA-C--AA-GGTG.....   406
HPV26      -.....A-----G---GGCAA--C-----C---CA---CT-TG-A.....   409
HPV51      -.....A-----C-----C-A--C-----T-----T-C--A.....   409
HPV30      A.....T-C---AT-----A--C---CA--C---GG---G--T--CT-T--C.....   406
HPV53      G.....T-C---AT-----A-----CA--A-----G-A-----C--CT-----   406
HPV56      G.....A-T---AT-----GT---G--A-----C--AT---A.....   406
HPV66      -.....-T--C-AT-----GT-A--G--A-----G-----C--T-C--A.....   406
HPV18      -.....AGG---G-----C--GTC-----T--A-----TG-G-GT--A.....   406
HPV45      G.....-T--C-----C--A--CTC-----G--T---GT-----   406
HPV39      A.....-----A-----A--C--CTC--A-----T--T--T-T-----   406
HPV68ME180 G.....-----A-----A--C--TC-----T--T-T-C.....   406
HPV70      C.....A-C---T-----A--C--ATC-----T-----C.....   406
HPV59      -.....-CC--A-----A-----TCA--A-----AT-TA-C--AGT--A.....   406
HPV7       -.....TCG--AGT-A--.....C-CACAGAG-----TC--A-----A-GT--A.....G   421
HPV40      G.....TCC-T--TA--.....C-AACAGAG-----TC-G-A--G--C--C-GT--A.....G   421
HPV16      AACATCT-----T-CA--CC...CC-A-A-GTATCA--A--AGT-----TA-T--AA-TGA-----   421
HPV35h     -.....-TGT---CCAAGGTCC-ACC--AACA--T--AC---A--CA---A--GA-----   430
HPV31      -.....-CT---T-CCACACCCTC--ACA--ATC-----C--G-TA--A---GAC.....   418
HPV52      -.....-CT--AT-TA--.....C-ATCAG-AACA-----TG---A-----A.....   409
HPV33      A.....-CC--AT-TA--.....C--ACAC-ATCA--T-----TG---TA-----GA.....   409
HPV58      A.....-CC--AT--A--.....C-CAC-C-ATC--T-----T-----CA-C-----GA.....   409
RhPV1     A.....-CC--C----C.....C-CAC-CA--G-----GCA-----A-GT-----   439
HPV6b     -.....-A-AT-GTGCC.....C--CACAC-----AC-----C---A---A.....   409
HPV11     -.....-AGGTGGT-CCC.....C--ACACAG-----C--ACT--A-----A-T-G.....   406
HPV44     G.....-A-TTGGTCCC.....C--TCCCA--CA--A-----C--TA-----A-T-----   409
HPV55     G.....-A-TTGGTCCC.....C-GTCCCA-----C-----G-----TA---A-A-T-C.....   409
HPV13     -.....-AC---TTGCC.....C-C-T-CA--G--T-----C--CA---CA-T-A.....G   409
PCPV1     -.....-ACTT-GTGCC.....C--AT-CG--AG--A-----A-GCA-C---A-----   409
HPV34     A.....-GT-----C-CCATAGTGC--TC--G-TC--A---A-TG-A---A-----TGGAC.....   424

```

## L2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

degenerate E2 binding site  
in HPV56, 66, 26, 68, 45

->                    <-

```

most-likely CTACACCTGCTGTATTAGATATTACACCTACCCTGACACTGTACATGTTACTACTACTACATTTAAAAATCCT 480
HPV54      -----C-----A-----G-C--CT-C--T--CAC-C--A-TAGG--GT---TA--AT-CCA-G-T----- 480
HPV32      -----G--C---T-T---C---CA-T---A--AGG---G-AT-----G-CCC-C-----A 492
HPV42      -A-G-----A-----CT-C--C---A-T---A--G---C--A--A-----C-CC----- 492
HPV3       -----C-----G---G---A---GGTG---G--G---C-AT---GC-----A 483
HPV28      -----C-----G--G--C--C--C--G-----A---GGTCA---G--G-T-C-AC---CC--C--- 483
HPV10      -C--C--A---G--G--C--C---G---G---G-A---GGT-A---G--G---A-AC---C----- 483
HPV29      -----C--G---G---A---C---G-TGG---A---GTCA-----GC--A-AC---T----- 483
HPV61      -C--C--G---G--G--C---T--AT-GGG--GGT---G--G---GC-GC--C-GT---TT----- 474
HPV2a      -AGAC--C--C--C--G---C--C--CT-AGG-AC--G---G--G--C-GC-GC-G--GC---CTT--C--A 480
HPV27      -AGAC--C---C--G---C--C--CT-AGG-AC--G---G--G--C-GC-GC-G--GC---TTG--C--A 477
HPV57      --GAC---A--CC-G--C--C--T---T-GGG-A-TGGG--G--G---GC-GC-G--GC---GTG----- 480
HPV26      -A-----G--G--C--C--C--CT-TG---GT-----A--A-G--C-ATA-AC-----A 483
HPV51      -A--C-----G--G--C--C--C--AT-TG---GT-----T--G---ACA--G----- 483
HPV30      -A-----C-----C-----G-T---C-----G--G---CCAT---CC-----C 480
HPV53      -C-----A-----A---C---T--AC-T-----G-T-----A--CT---C 480
HPV56      -----C--G--G-----A---T--AGT-----C-G--G---CCATA-A-CC---G 480
HPV66      -C-----G--G-----C--AT--AGT-----A-G--G-----TA-A-C---C--A 480
HPV18      -----G--T--G---C---T-GT--AC-T---GTC-A--T-C--A--C-AT---CC----- 480
HPV45      -C-----A---G--G--C--C-----GTG---T---TTC-A--T-GT-A---GT---C----- 480
HPV39      ---G---G---G-----CT--T---GGT-----AA-A--CT-----GT-A--CT--C--- 480
HPV68ME180 -----G---C---C---T-GT---GGT---G--A--A-GC-G---GT---CT--C--- 480
HPV70      -A-----C---G--TT---GGT---T--AA---G---C---GT-A--CC----- 480
HPV59      -A-----A---T--G---A--C--A--T--TCT...T--AA---G--GCT---GT---T----- 477
HPV7       A-GTC---AA-T-----AT-T...T-T--A-T-A-----AT---C---CACC-T--C--C 492
HPV40      A-GTG---CA-T-----G-GT-G...T---AA-T--C-G---G--AG-C--C---CA-C-C----- 492
HPV16      -C-----A-----AT.....A-T---T...AC---GT-----CA---T---C 483
HPV35h     -C-----A-T-----G-G---.....T-C-TA-G---CA-G-T----- 480
HPV31      -A-----AA-T-----G-A---.....G-GT--GC---CA-G----- 468
HPV52      A--T---AA--A-TA--G-A---T---TAGG---AT-ATCTGTACAAT-AGT-T---CA-TT----- 483
HPV33      -----AA-TA-TA--G--T--T--GTTGGG--GT-ATCTAT-CAA---T-T---CA-TT-----C 483
HPV58      -----AA--C-TA--G--T-CT---TTGGA--AT-ATCTATACAA---GT-T---CA-TT-----C 483
RhPV1      GC-----C-----CC-G---G-GT-TAGCGGTGGCTCTGA---G--C---G-GTG--CT-C---C--- 513
HPV6b      ---C-----AA---G--G-AT--GT---T-G-C---.....AC-----G--T---G----- 474
HPV11      -----A-T-----G-GT-TGT---A-C---.....AC---C---G-GTG---C-----C 471
HPV44      -C-----A--A-----G-GT-TGTC---AC-T---ACC.....T---A-G-GT-----C--- 477
HPV55      -C-----A--CA-----G-GT-TGT---A--AC-T---ACC.....T---A-G-GT-----G---C--- 477
HPV13      -C--T--A--AA---G---G-GT-TGT---A--AC-A-ACACT...ACGT-C--A-G--T---G----- 480
PCPV1      ---T--A--CA-T-----G-AT-TGTA--A--AC---ACACT...ACCT---A-G--T----- 480
HPV34      G-----A-TA---G-GG--A---TA-G-----AC---A--AT--GT--G-----C---A 498

```

## L2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

```

most-likely GCATTTACTGAACCTTCTGTTATTGAGCATCCCCAACAGGTGTAGAGGTTTCTGGTCATATATTTATTCTAC 554
HPV54 AT--A---A--G--A--AT-AT-A...G-C----CCC-TCCA---C-AA-GGA----G-G-T--AG-A----- 551
HPV32 -T--AC-G---T---T-AC-T-A...-GG--TTCTTTGCCA-----G-AA----AGAC-C--A-CA--CCA 563
HPV42 TT--A--T---T---T-ACAT-G...-G--G-C-TTGCCA-C-----AA--G-GCC----A--A----- 563
HPV3 --T-----A-----CC-GT-G---GT---T--G-AT---...-----A--G--C---C-----AGC--- 554
HPV28 --C-----C---GT-GT-A---GT-----AT---...--A--G--G--A--C--TC--G--AG--- 554
HPV10 -----C--A--G--G--CC--G--A--AGT---A--G--GT---...-----G--A--C---C---AAGC-- 554
HPV29 TT---C--C--G----AC-CT-G--AAT---A-----T--A...--AAC-----A-G-G-CC-GG-GGGC-- 554
HPV61 TT---C-----G-----A-----A-C---T--GG---G...--CC--G-C--C---G-CA--TCCAG--- 545
HPV2a CT--AC-----G--AG--A--G-G---GC-----G...--A--A---C---G--C--G--AG--- 551
HPV27 CT--AC-----CG-AA--G-G---GC---T-----G...-----A-----C---G--C--G--AG--- 548
HPV57 CTC--C-----C---G--A-----GC-----GG-T--G...-----A--A--G---G--GC--G--AGC-- 551
HPV26 TT--A--T-----CC--A-AGA-...ATA--A--GG-C--G...--A-CA--A-----C-A-A-- 551
HPV51 TT--A--T-----C-ATCC-----GC---A---T-T--A...--A--G--A--A-...-----C-AG--- 553
HPV30 T-C---GT-----CC-A-----GT---A-----T--G...-----A--C--C-----GG--AGC-- 551
HPV53 A----GTA--C---C-----GTC-----T---...--A---GA-----G--AAG--- 551
HPV56 TT-----T---T--CC-----GCC--A-----C...-----CA---T--A---AGC--- 551
HPV66 CT--A--T---T---C--A--A-----GC---A-----T--A...-----A-----A---T--G---AGC-- 551
HPV18 -----T---T--G--CA-----AGT--A---T--G...-----GG-A--A--G---G--GG--- 551
HPV45 -----T---T--C---A-----GTG-----G...-----A--A--A-----G--GG--- 551
HPV39 --C-----G--T-----CT-A-----GT-----...--AACC--G--A-----G-CAG--- 551
HPV68ME180 -----G-A--C--CA--A---A--AGTG--T-----...--A--C-----A--G--G---G-AAG--- 551
HPV70 -----G---T--A--GT-A-----GT---A-----...-----G--A--CA-----G--A--- 551
HPV59 -----A--C-----C-----GT-----...--AA-----A-----A--AG--- 548
HPV7 AT-----T---G---G-G...-G--TATTC--CC-----C-AG---G---CA--G-G--GCA 563
HPV40 -TC-----T--C--G---G-G...-G--ATCC--CC--G---CCGG---GCC-CA--AG-G--GCA 563
HPV16 A-T--C-----C--A-----AT-G...-G--T-C---CC--C---AAC-GGA--G---T-TACAC---AT 554
HPV35h A-T--C-----T--A-----T-A...-C--A-CC--GCC--C---AAC--A-----T-TG-AC---AT 551
HPV31 A-T-----T--A-----AT-G...-G--T-CT--CC--C---AACA--A-----T--C-AC---AT 539
HPV52 A---C-----A---A-A-A...-G---CGG--CC--C---A-CA-----G---GT-----G 554
HPV33 A-----A-----A---AC-A...-C--T-C-G-GCC--C---A-CC-----A---T-TA-AT---T 554
HPV58 T-C-----G--A--C--AC-C...-GC--T-CTG--CC--C---CC-----A---T--A-AT---CT 554
RhPV1 A-C-----G--A-----GC-G...-GA---CGC-CCCC-----CG-----A-GCC-GG-A--C--G 584
HPV6b -TC-----A-----A-CA...-A-----C-CCC--G---C-AA---A-----A-----G 545
HPV11 CTG-----A-----G-----A--A...-G-----C--CC--G---CCAG-----C---C---A---G 542
HPV44 AGC---G--C--A-----G-A...-GT-G--GC-T-C--T--A-C-GG--C--C---C---C----- 548
HPV55 AGC---G-A--C--A-----G-A...-GT---GC---CC--T--A-C-GG--A--C---C---C----- 548
HPV13 -TT---T-A-----A---CA...-AT-T---C-TTC-A-T--AAG-GG--CA--CG-G---A--GC 551
PCPV1 --C---G-A-----A--G...-GT-A---C-CTCA--T--A-CAAG---A--CG-TC---CA----- 551
HPV34 A-T-----C--A--C--GT-G...-A--T-CTC--CCCT-----CC-----CAGAC-T--AT---A-A 569

```

## L2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

degenerate E2 binding site  
->in HPV2a<-

```

most-likely A.....CCCACTTCTGGTACACATAGTTATGAAGAAATACCTATGGAAACATTTGCTGTTTCT...GGTACTG      619
HPV54       C.....T-T---TGCAAT-GTCC-C-GC---A-T-----C--T---ATAA--ATG...CAGGACC      616
HPV32       C.....-A--AATA-CCC-T---TCG-----G-----T-----C--T---TG--A--C...ACAGA-A      628
HPV42       T.....-T--CATCACAC-C--CTCA-----A-----C--G---T---A---...ACAGA-A      628
HPV3        C.....-----A-----G-----T-----C-----TCGC-A...-----G-      619
HPV28       C.....-----GG-----G-----TCGC-A...-----      619
HPV10       -.....-T--AG---C--C--G-A---G-----C-----C--G---TC--G...-----      619
HPV29       -.....-C--G--GTC--CG-G-----C-----C--G---CACC-----A---      619
HPV61       C.....-T--CG---GT-C--C---T---G---C--A--C-C--C---ACC---...AGGG-.      609
HPV2a       -.....G---C--A--GT-T---G-C---G-----A---C-G--G---CACG--GGGG--C-GC-      619
HPV27       -.....G-----A--GT-T--CG-C---G--G---A--C-G--C---ACG--AGGT--A-G--      616
HPV57       T.....G---A--A--GT-C--CG-C-TC--G---A---C-G--C---GACC--GGT--GGA--      619
HPV26       G.....T---AG---C-----T---A-----GT-----TC--A--AAT--A--A-      619
HPV51       -.....-T--.-----T---G-G-----GTG---ATCCAA-GTCA-----      619
HPV30       T.....-A-----GT-----C-----GCA...-----A-      616
HPV53       C.....-A--A---GGTT-----G-----C-----CAG...-----A-      616
HPV56       -.....-A-----T-----C-----C-----CAC...---T--      616
HPV66       T.....-T--A---A-T-----C---G-----C-----A-ACAC...-----      616
HPV18       C.....-T--A---A---G-G---G-----T-AC-----TC-----G-      616
HPV45       -.....-A--A--G--C-GC---G-A---G-----T-AC-----ATC-----GT-A-      616
HPV39       C.....-T--A--A-----G-C---G-----GTG---CACACA...---C--A-      616
HPV68ME180 C.....-A--G--A-----G-A-----C-GGT---AACACA...---C-----      616
HPV70       T.....-A--A---A---G-A-----T---C-GGTT---CTCACA...---A--A-      616
HPV59       C.....-T--C-----G---G-C-----T--A---C---G---ACGGAA...-----      613
HPV7        T.....T--T--AT-AC---TGG-GCAGC-----C-----T---CA...A--GA-.      627
HPV40       T.....T---AT-AC---TAG-GC-GC--G-----T---C--G---T---CCA...A--GA-.      627
HPV16       -.....T---AT-A-----A-----T-----T---AT---AGC...ACA-ACC      619
HPV35h      -.....T-TT--AT-A-----A-----C-----T--T---AT---C...ACAGACA      616
HPV31       -.....T-AT--AT-A-C-----A---G-----T-----AT-----AC--A-A      604
HPV52       T.....-A---AT-A-----C-CC-----C-----T-----T-ACC---...AC-GACA      619
HPV33       C.....-T--GT-A-C-----A-----A-C---A---T--C---T-----C...ACAGACA      619
HPV58       T.....-T--GT-A-C-----A-C-----A---T--C---T-A-----AC-GACA      619
RhPV1       -.....T--T--GTCA-C--G-----C--C-----C-----C-----TAA-AA---AGACC      649
HPV6b       -.....-----GTAACGT---CCC-ATA-G---T---T-A-T--T---TG--A--A...TC--G--      610
HPV11       C.....-A--AATAACAT-C--ACA-GTA---C--T--AC-A-C--T---T---A--C...TC--G--      607
HPV44       C.....T-AT--ATATCGT-C--CCC-GTA-----T---T-----ATA--A---TCCT---      613
HPV55       C.....T-A--CATATCGT-C--CCC-GTA--G-----AT-A--T-----ATA--A---TC-T-A-      613
HPV13       -.....T-T---AT-TCCC-T---TC-ACA---C--T---T-A-T---AT--A---TCCT-A-      616
PCPV1       -TATACAT-T---AT-TCCT-T--CTC-GTA---C--T--AT---T--T---AT---A---TCAT-A-      622
HPV34       T.....GAT---GTAAC---T---TC-----A-T-----C-T-C-----TA---A-A...ACAGA-A      634

```

## L2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	GTACTGAACCTATTAGTAGTACACCTATTCTGGTGTTCGTCGTCTGGCAGGCCCTGGCTTA.....TATAGT	687
HPV54	A--TA-GCA-A-CA-C---C-----A--AA-GCCG-C-GCA-GCC--C--TTA--T---.....---TCC	684
HPV32	CA-G-A-TA--G---CC-----C-----ACC---C-C-ACTATGC--T---T---.....---CC	696
HPV42	CA---A-CA-AT---C-----T--C-----CCC---GTCGTCT---C---TG--G---.....---TC-	696
HPV3	-A-----C-----C---G-A-----AA--A-AA-T-----T--CC--C---.....---C	687
HPV28	-C-A-----C-----C---G-A-----AA--A-GA-C--T--A--CC-TC---.....---GCC	687
HPV10	-C--G-----C--A--C-----C--G-G-----CA--A-AA-A-----AC-----.....---C	687
HPV29	-GTTA--G-----C--C--T--CG-C-----CA-CA-GG-T-----T--CC--C-C.....---G-C	687
HPV61	.....---GGA-----C--GC-G-----CA-C-----C--T---C-G--CC--C-GAATTTA--C---	675
HPV2a	---A--G-----C-----C---CC-C-----C--G--GA-AG-T--C--A--CC--C-G.....---C---	687
HPV27	--CAA--G--C--A-----C---CC-----C--G---A-GG-T-----G--CC---G.....---C---	684
HPV57	--AGGA--G--C--A-----C---G-C--A--C--G--CA-GG-T--T--G--CC--C-T.....---C---	687
HPV26	--ATTA-----C-----A--A-AA--AG--T---CT---C-T--G.....---C---	687
HPV51	-----C--C-----C---A--G---A---CA-A--T-CT--CC---G.....---C---	687
HPV30	-C-----C-----GT--A--A--A--A--T--C---A-A--G.....---CAA	684
HPV53	-C-A-----C-----T-----C--A-G--A--A--T--C---AC-T---.....---AA	684
HPV56	---A-----C-----T-----A--CT--A-G---A--T---CT---A-A---.....---A	684
HPV66	-C-AC-----C-----A---T--A--A--C--T--T-CT--CA-G-----.....---C---	684
HPV18	--GGAG---C-----C--AT-G---AC---G--G---G--A---T--CC--C-T.....---C---	684
HPV45	---G---C-----C--CC-C---AC---G--G--GG-ACGG--T--CC--C-G.....---C---	684
HPV39	---C-----C--C-----CA---AA-CA---G-----A--AC-T---.....---C---	684
HPV68ME180	---A-----C-----A---G---A---G-----G--AC-T---.....---C---	684
HPV70	-C--A-----C-----T---G-----A---G-----AC-T---.....---C---	684
HPV59	--TTG---C---C---C---C--A---AACA--A-----G---T--A---A-A--G.....---C---	681
HPV7	.....---AC-GTCC-----G-G-----GTCAGCG-G-C-TAAAGT--GC-----C---	687
HPV40	.....---AT-GTCC-----CG-----ACGTC-G-A-G-C-CA-GTTG--AC-G.....---C---	687
HPV16	C--ACAC-GTA-C-----C---C--A--A--GTC---C-CAG-----C--TA--A-----.....---C---	687
HPV35h	-C-A-A-TATA-C--A--C--G-----A--GTC---C-C-AC-A--C--TA--A-----.....---C---	684
HPV31	A-GAAA-CATA-CA-----C---C-----A--G--G--C---CT---C-TTTA--G---.....---C---	672
HPV52	-C-GCAGTGTA-CA-----C-----A--GTC---C-C-AC-A--C--T---T---.....---C---	687
HPV33	---G-A-TGTA-CATCA--C--G--C-----A--GTC---C-C-G-----C--T---T---.....---C---	687
HPV58	--GGCA-TGTC-CGTC--C-----C-----A--GTC---C-C-G-----C--T---T---.....---C---	687
RhPV1	AC-ACT-TAAC-CA-CC--C-----C-----TCA---GCC-CT---C-A-T---TC-----G-A	717
HPV6b	A--GC-GT---CATCC-----C---G-----AC-GCA-C--G-C-TC-TGTG--C-----.....---C---	678
HPV11	A--G--G-----CATCC-----T---C-----C---C-TT--C--G-C-TC-GGTG--T--G.....---C---	675
HPV44	A--G-A-T---GCATC--C--T--C-----A-CATC-G--GCA-G-C-GC-TAT---C-----.....---C---	681
HPV55	A--G-A-T---GCATC--C--T--C-----A-CATC-G--GCA-GAC--C-TAT---C-----.....---C---	681
HPV13	A--G-A-T---GCATCA--C--C--G---A-CAAC-GT-GCA-GTC--C-T-TA--C-T.....---C---	684
PCPV1	A--G-A-T---GCATCC-----T---G-G---ACACC-GTGGCA-GTC--C-A-T---C-T.....---C---	690
HPV34	AC-A-AGTAT-G-----G--C-----A--GAGG-AC-C--CT---C--TTA--GC-T.....---G-A	702

## L2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

```

most-likely  AGGGCTATTCAACAGGTTAAGGTTACTGATCCTGCCTTTTTTAACAACCTCCTCCAACATTTGTAACATTTGATAA      761
HPV54        C-T--GT-A--G--A--GCCT--ACAG--C-----C-----CA-CAG---T-C-GTC--A-----A---C--      758
HPV32        ----TC-C-----ACG-CCA--G--AC-A-AA-A-----T---CGAGCGT--G-----C-A---C--      770
HPV42        --A--A-CG-----ACG-CCA-----ACCAG---A-----T-----G--CGG--G--T--T-A---C--      770
HPV3         -AA---G-CAC-----A--A-----A-----C--G--CCG---GCT-G--AA-G-----C--      761
HPV28        -AA---G-CAC-----A--A-----C--GT-TCG---CA-CT---G--T--T-----C--      761
HPV10        -----ACAC-----C---GT-C-----A--C-GT--CG---T-CT-C--GT-----C--      761
HPV29        -A---CC-AAC-----G---GT-----G-----G--TCAG---T-TT-G-----C-----      761
HPV61        -A-----AC-----AA-----G--A-C---A-A--A-GT-TGA---AG-CT-C--AA-T---A---C--      749
HPV2a        --A--C-A--G--A--GC-A--C-GG-----G--C-TG---GG---G-TGATC-A-----C--      761
HPV27        -----A-A--G---GC-A--C-GG-----G--C-GGA--GG---G-TGAT--G-----C--      758
HPV57        -----A--G-----GCG---CCGG--C-----C--A-TGACCG---G-GGAT--G--G-----C--      761
HPV26        -A---CTA-----A-----A-----CAA---A-TGGT-A---CT-C-----T--C-----      761
HPV51        -A-T-CTACAC-----A-----AA-----A--A-T-GT-AG--AT-C-----T-----A---      761
HPV30        ----CT---G-----A-----C---CA-A--CC-T--C-AA---GA-----AA-T--TG-G-----      758
HPV53        -AA--CT-----C--A-----A--C-TCAC-AA---GA---T-AA-T-ATG-----      758
HPV56        -AA--AT---G-----A-----C---A--A--C-TGAT-GA---G-----A--T-TGC-----      758
HPV66        ----T---G-----G--C---C--A--A-----GGAC-AC--CA-----AA--T-TGC-----      758
HPV18        ----CTAC---A--GTCA--GG--A-C---AG--C-T---CG---AT-CT-T-AA-T---A---C--      758
HPV45        -----A-----CCGT--GT-CACCT-ACAG-----CA--CT--T-G--G--T-----      758
HPV39        --A--ACA--G-----CGT---G-A--TT--A---G---TCAC---T--T-----      758
HPV68ME180  ----ACA-----CGT---G-A--TT--A---G---TCAC---T--T-----      758
HPV70        ----CTA---T-----CGT---A-A--TT--A---G---CCGC---T--T-T-----C--      758
HPV59        -----A-----A--CG---GT--A-CG--AC---A--CG---AT-C-----T---A-----      755
HPV7         -AA---T-G--G--A--AG-AA-AGTA-----AA-A--A-GT-C--C---A-CGT--AA-T--T-A---C--      761
HPV40        -A---CT-G--G-----GG-AA--GTG--C-----C--C-GT-T--C---AGCGT--AA-T---A---C--      761
HPV16        C-CA-A-CA-----A--GTA--C-----G---C---CA-T-A-C--A-T---A-----      761
HPV35h       -AA-G--CC--G-----GT--C-----C--A-G--TT---G--A-C--A-T---A-----      758
HPV31        -A-----CA---A--A--A---T-----AA-G--C-T-GTG---AAA-CAGC-AA-T---A---A--      746
HPV52        C-T--C-CA-----AGTC--C-----A-GT--T-A--A-AG-A--A-----A-A-C--      761
HPV33        C-CAA--CC-----GT--C-----T-G---AT-A-C--A-----A-----      761
HPV58        C-CAAC-CC---A-----GT--C-----T-----AT-G-C-----A-----      761
RhPV1        C-T---CC--G--A--GCG--GGTG-----A--A---C--C---G-GCG-C-G--G---A---C--      791
HPV6b        C-T--AT-G--C-----GC-----A--C-----A--C-TT-C-----A-CGC--AA-T---A-----      752
HPV11        C-T--CT-A--G-----AC-----G--C--C--G---GT-C--G--A-AGCG--G-----T-A---C--      749
HPV44        -A---T-G--C-----AC---A--G-----C---GT-CT---C-AGCGCC-AA-----      755
HPV55        -A---T-A--C-----AC---A--G-----C--C---GT-CT---C-A-CGCC--A-----      755
HPV13        ----CT-A--T--A--AC-----C-----T-GT-G--C-A-CGCC--A---C-----      758
PCPV1        -AA--GT-G--G--A--GC-----A-----C-----T--T-G--A-A-CGCC--A---T-----      764
HPV34        C-T----A-----GTA--C-----G-----G--A--CGT--G-----A-----      776

```

## L2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	TCCTGCATATGAAGGT.....GCTGATGAAACTTTAAAATTGAACATCCT.....TCTATTCATAAT...G	820
HPV54	-----T-----G---AAC...C-A----TT--CC--C-C-----G--G--C.....A-A--A-----...-	820
HPV32	C-----G---CCT...-----G-GT--G--GG-----C.....A-C-----G-G...-	832
HPV42	---A--C-----ACTT...A-G--G--T--A--GT-----A.....-C-----C-...-	832
HPV3	-----TG-T---GCCA.....AA-----G--A--T-----G---GTA...C---CCCTCAC-G...-	823
HPV28	-----T---GCCG.....GG-----A-T-T-----GC--ATA...CC--CCCTCAC-A...-	823
HPV10	-----TG-T---CCG.....AG-----AA-C-T---C---G---GT.....A--C-C-C-C-CG.G-	823
HPV29	-----TG-----TCC.....AG-----A-T-TT-----G-G-----.....-CCCGGC-C-CGT-	823
HPV61	----AT--T---T.....C---G-----A-T-T-----.....AG--AT---CA...C	805
HPV2a	----TG-----C.....C-A--G-----A--T---C-G-----A.....GACT-G---G-G...C	817
HPV27	C----TG-----C.....C-A--G--G--CA--T---C-G-----A.....GACT---G-G...C	814
HPV57	C----TC-----C.....C-C--G-----A--T---C-G-----A.....GGCT-G---G-G...C	817
HPV26	-----CC.....ATA-----AC-T-C--A--CTTCCAG-.....AG--C-GTA.....-	817
HPV51	-----T-T---GCC.....AT---CAC-T-CA---CT---GG-A---.....GA-GC-GT-.....-	817
HPV30	---A-TC-T---G-A.....-----CAC-----CC---TC.....A.....GGG-GTG.....-	811
HPV53	---CAT--T-C--AA.....-----CAC--G---CC---TC.....A.....AGG-GTG.....-	811
HPV56	---ACTT-T-----.....A---CAC-T---GCT---TCT...-G.....GGG-GTG.....-	811
HPV66	---TT-T-----.....CAC--G--G-CC---TCT...-C.....GGG-GTG.....-	811
HPV18	C--G--C-T---GCC.....TG--CACT--A---C-----T.....CG--G-G-----	811
HPV45	---A--T---GCCC.....CTG--CACC--AC--TCC---G.....A-C-G-A-----	811
HPV39	-----T-T---GCC.....T---ACT--A---C--A---...G.....G--GACATA.....-	811
HPV68ME180	-----T-T---GCC.....T---ACT--AC-T-C--A---...G--GACATA.....-	811
HPV70	---A--T-T---GCC.....G---AC-T-C---C-----...G--GACACA.....-	811
HPV59	C-----T---TCCA.....AT---ACT--A---CT---C...-C.....ATCAG-G.....-	808
HPV7	-----T-T---CAAC.....AT--A--T--AC--C-T-----G-----C...-	820
HPV40	---A-TG-T---GAAC.....TG-----T--A--GC-G-----G--G--A.....-C--A--G-C...-	820
HPV16	-----ATAGAT-TG--A-T--A--T-T---TCTAG-AA-GATAATAG---A---TA...-	832
HPV35h	-----CCTTAACC---AC--C--C---G--GAG.....GA---AGCTTA...-	823
HPV31	C-----C-----AC-GTAAAT-----A---T-----T-C---TCCA-A-A.....-GCA-A---TA...-	811
HPV52	-----TT-T---G--CGTTGATA-A-----A---TT---T-G-T-A.....CAAC--TTACC...-	826
HPV33	-----T---A-CTTTGACC---A--C--A---C---C---AG-.....GA--ATCACC...-	826
HPV58	---A---T-----CTTTAACC---G--C--A--GC-G---C---AG-.....GAC--ATCGCC...-	826
RhPV1	C-----G---GTG...-AC---CC--CC-GC---TCC--CT---.....GAC---CC-G...C	853
HPV6b	C---T-----G.....AG---TT-G-G--C---AGT--GA-.....A--C---...-	811
HPV11	C---TC-----A.....AA---T--G---C---ACC--GAG.....C--C---...-	808
HPV44	-----G.....AG---TT-----C-C---C---CAA.....A---A--G-A...C	814
HPV55	-----G.....AA---TT-G---GG-G---C---CAA.....A---A--C-G...C	814
HPV13	C--A-----.....AA---AT--G---GC-G---C---CAA.....A-C-----G-A...C	817
PCPV1	C-----T-----.....AA---AT--G---C-G---C-G---CAA.....A---A---C...C	823
HPV34	-----C-T---G--CCTG...CAA--ACC--A--G---C-G--CAG-.....GACT-G-----...-	838

## L2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

```

most-likely CTCCTGATCCTGATTTTATGGATATTGTTGCTTTACATAGGCCTGCCTTAACATCT...CGAAGGGGTACTGTA 891
HPV54 -A-----C-CC-----C--AT-----A--A--AC-T--A--...--T-----GGT---- 891
HPV32 -----T-----A---A-----CC-T---TGC--T-TG--...A-GCA---C-----C 903
HPV42 -A-----C-----C-----A---A--G---C-T---ATG---T---C...AA-CA-----G---- 903
HPV3 TG-----CT---C--CC-T--C---T-ACG---G--C-----T-----T---...--T-----G 894
HPV28 TG-----C-A-----C-CA-ACG---G-----C-----T-----T---...--C-----G 894
HPV10 TG--G--C-----CC-T--C---GCG-C-G---C-C---A-----...--C----- 894
HPV29 TG-----C-----AAGC-G-----C--A-----...--C-----C--G--G 894
HPV61 -----C--G--C---T-A-----GT-C---C-----C--GC-C-----C...--CCA---A----- 876
HPV2a -A--G-----T---C--A--G--G--G---C-T--C---C-C--G--C...A-----C 888
HPV27 -A--G-----CT---C---G---G---G---C-T-----C-T--G--C...A--CAA--C--A--C 885
HPV57 -A--G--C--A--C--CC---C--A--GT-AC-G--CC-C-----C-C-----CACG--GCA-----C 891
HPV26 -A---C--C-----T---C--A---A--G---C-T--G---C-T-----...--C-AA----- 888
HPV51 -A-----C-----A--A-AC-G--CC-C-----C-T-----...--T--A--C--A--- 888
HPV30 -A-----C---T-A-----G-----C--A-----T---A-A...--T-----GG--G 882
HPV53 -A-----T-A--C---G-----C--A-----T---A-A...--T--A--GG--G 882
HPV56 -----C-----A---A--A---A-----A--T--TA-A...--T-----GG--G 882
HPV66 -----A-----A-----A-----A--T--TA-A...--T--AACAGG--G 882
HPV18 T-----T-A-----A-CCG-C-----T-----C...A-GC-T--G---T 882
HPV45 T-----T-C-----A--CG--G-----A--A--T-C---...A--C-T--C---T 882
HPV39 ---A---G---C---C---CG-----C-----C--G...--T-AA--A--A--- 882
HPV68ME180 -----G---C---C---CG-----T-----T--C...--A--C--A--- 882
HPV70 -----A-----C---C---CG-----C-----T-----C--A...--C-C--A--A--- 882
HPV59 T--A--C--G--C-----A--CG--G-----A-----C...A--C-CA-C----- 879
HPV7 -A--A-----CC-----CA--A-----G--C---...A-GC-T--GTG-- 891
HPV40 ---G--C---CG-----C--CA--A-C--G--C-----A-----G---...--GC-----GTCA-- 891
HPV16 ---A-----C---T-----A-----A--A-----C---...A-GC-TAC-GGCA-T 903
HPV35h ---G-----C---C---A--A-----AC-----...A-G-AA--C---A-T 894
HPV31 -C-----C--C---C-A-----A--A-----C-T--C--A...--T---AAC---T 882
HPV52 -A--G-----T-A--C---A--A---G-----A-----C---...--A-----T 897
HPV33 -----C--C-A-----A---A-----TA-T-----...--T--ACA-----G 897
HPV58 -----C-A-----A-----C--A-----A-----C---...--C----- 897
RhPV1 -G--A-----C--CC-T--C---G--A--G--C---C---G--C--A...--T-A--C--C--G 924
HPV6b -A-----GAG-C-----C--AA--CG--G--C--A-----A-TG-G--C...--C-T--CCT--G 882
HPV11 -A-----GAA-CA-----A--AGAC-----A--A--TA---G--C...A--C-----CT--G 879
HPV44 ---A---GA--CG-----A-ACGA--G--C--A--G--TA--CAG--C...A-GC-T--CG--G 885
HPV55 ---A---GA--CG-----A-ACGA--G--C--A--A--TA--CA---...--GC-T--CG--G 885
HPV13 -C-----GAG-CA-----A-AAGAC-----A--A-----A...--GC-T--CT--T 888
PCPV1 -----GAC-C-----AAGA-----G--TA---G---...A-GC-T---T---T 894
HPV34 -----CT-----T-A-----AAAG-----T-----TG--...A--AAAC-GGCA-- 909

```



## L2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

```

most-likely CGTTTTAGTAGGCTTGGTCAAAGGGCCACCATGCACACACGTAGTGGTAAACAAATGGTGCTCGGGTACATTA 965
HPV54      ----A-----G-G--CG-C-----AT-A-----CCTG---C--AAAC---T--G---T 965
HPV32      ---G-C---C-TA---G---C---TT--T---A-----GGCT-GT---GT--A-----T 977
HPV42      ---G-----AA---A-----CTGT-T-----G-----C-C--G-CC-GTT---GT-A--T---C-T 977
HPV3       ---AC-----G-A--C---AATTA-G---G---T--C-----C--GGGTC-----A--G----- 968
HPV28      ----C---C-C-C---AC--AACTT-G-----T--C-----C--GGGT--A--A--A----- 968
HPV10      ----C--CC-C--G-----A-TT-G---G-----C-----C--GGGT---A--C----- 968
HPV29      --C--C---C-CG-----G-A-TTT-G---G---T--C-----C-C-A-C--A---CA---T--C-- 968
HPV61      --G-----C-C-----C-T-----T--GT--C-----GG-GC-----C-----C-T 950
HPV2a      ----C-----T-G--A-GC-----T--AC-C-G--C-----G--A---G--C-T 962
HPV27      ----C-----AT-G--A-GC-----AC-T-G--C-----G-----G-----G--C-T 959
HPV57      --C--C---C--T-G--A-GCC-----GC-T-G--G-----G---A-----C-T 965
HPV26      --C-A-----T-G-----A-----T--A-A-----A-----A--ACA----- 962
HPV51      --C-----T-A-----A-----G--T-----C-----T----- 962
HPV30      -----AC--A-----A--G--A-A---C-----A-----T----- 956
HPV53      -----CAC--A-----T--G--CA-A---C-----A-----T----- 956
HPV56      -----CAG--A---T--T--A--A-----A--C-C-----A---C--T--G--- 956
HPV66      -----A--CA--A---T-----A-----G---CG---A-----T--G--- 956
HPV18      --C-----AT-A-----C---A--T---TTT--C--C--C---C-----A-----A--T--C-T 956
HPV45      A-A-----AT-G-----A-----TTT-----A--G-G-A-----T 956
HPV39      A-G-----CA--A---T---GTT--C--GC---C-C-----A--G-AA----- 956
HPV68ME180 --C-----C--AG-A--CA--A---A--T---TTT---CC-G---C-----G--A-A--G--C-- 956
HPV70      --C-----A--A-----A---TTT--C--GC-G---C-----G--A-A--T----- 956
HPV59      A-G-----A--A---C---A---TTT--C-----G--C--T-----T 953
HPV7       -----G-G---C-T-GA---T-T---C---CC-GT---G--T---C-T 965
HPV40      --C---C---G-G---C---G-----T-----GC-A--G-CC-GC---G-G---T---C-T 965
HPV16      A-G-AC---AA---A-T-AACAA--AC-A-GT--T-----A--TCT--A---AA----- 977
HPV35h     A-A-A---AG-A---A-T-AACGT--T---T---A---A---GCT--A--G--A----- 968
HPV31      A-A-A---A--A---A-T-AACAA--TT--G---T-----GCTACT-----AA---G--- 956
HPV52      A-G---C-----A-T-A-----C-A-GT-----A-----G--A----- 971
HPV33      -----AG-A-----AA---AC-TA-A--T--C-----A---A-AA----- 971
HPV58      ---A-----G---G---A---T--AC-T-GT--T--C---A--G---A--G---AAA----- 971
RhPV1     --C---CC-AT-A--C--GC---A--AC-AAC--G--C-----G-GT---G--CAA--G---T 998
HPV6b     --G-AC---C-CA---A---C--GGT-T-----T--C--C--A--G--C--A--G--C--CA-T--- 956
HPV11     -----C-CA---G---C---GGT-----T-----C-----AC---T--A---C--CA----- 953
HPV44     --G-----AA---A---C-A-GGT-T---T-----C---T-----GCA--A---T 959
HPV55     --G-----AA-A--A---C---GGT-T---T-----T-----GCA--A---T 959
HPV13     A-G-----AA-----G---GGT-T---T-T--T--A--C--C--G--T--A---GAA---C---T 962
PCPV1     A-G-----AA-----GC-A-GGT-----T-T---C---C---T-----GA-----T 968
HPV34     --G-----A--A--A---C-T---T---TTT--TA-A---C---GT--A---G-A-----T 983

```

## L2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

```

most-likely TTATCATGATATTAGTCCTATT...GCTCCT...GCA.....GAAGAAATTGAATTGC 1012
HPV54      --T---G--CT-A--C-----...---A-GTCC-T.....--G----A----A- 1015
HPV32      --TC-----C--A--CACTAGG--A...T-----G-CT--A----- 1027
HPV42      --T-----CC---C-----...A-A-ACTCTT-----ACT-----A- 1027
HPV3       -----A---T-A--C--C--A...-G-----A-G.....-G--C---A--G 1015
HPV28      -----G--CC-A--C-----A...-GC--C...A-G.....-C-----A--G 1015
HPV10      C----G--CC---C----A...--C--A...ATC.....-G--C-----A--G 1015
HPV29      -----CC-G---C--A...CT---C...A-C.....-G--C--A--G--G 1015
HPV61      ---C-----C-----C---...C-A.....T-G.....-T-CTG-G--G--A 994
HPV2a      C-----C-----C---A...-G.....A-T.....-G--GT-G--GA--G 1006
HPV27      C-----C--C--G-C...-TC.....C-T.....-T--T-G--GA--G 1003
HPV57      C-----C--C--G-C...-A-AG...C-C.....-G--T-G--GA--G 1009
HPV26      -----A...CAGT--TTT--TGAA.....CAC----- 1018
HPV51      -----AGA---...--A-A...--T.....-T--C---A--- 1009
HPV30      ---T---G-G-----...--A-AC...A-T.....-G-----A--- 1003
HPV53      ---T---G-G-----...A-A-AG...A-T.....-G-----A--- 1003
HPV56      ---T---A-----...--A-AG...--T.....-G-----A--- 1003
HPV66      ---T---A-----...--A-AG...--T.....-T-----A--- 1003
HPV18      -----A-----...--A--TCCC--.....-T-T---C--- 1006
HPV45      ---C-----A--C--C---...--G--...A--.....-G----- 1003
HPV39      ---C-----C-----AG-----...--T.....-AGC-----A 1003
HPV68ME180 -----G---GGC---...--T.....-CAGC-----C-A 1003
HPV70      -----G---AAC---...A-G-A...A--.....-C---GA--- 1003
HPV59      -----A--C-----A...C-A-A...--T.....-T----- 1000
HPV7       --T-A-A-----A...--T-A...T-T.....-T----- 1012
HPV40      --T-AGG--C-----...-G-G-A...--T.....-T--T----- 1012
HPV16      ---T---T-A--A-----...-A-----...A---A 1024
HPV35h     ---G--T-A--AG---...A-----T--A---A 1009
HPV31      ---T-----AG---...AA-----GG.....T---AGT---A--- 1006
HPV52      -----C...CAG---...TGAAGT.....TCAG---C--A----- 1027
HPV33      -----G--T-A-----...-TG---...TT-GACCACACC...GTGCCAAAT---C--TA-----A 1036
HPV58      C--C--A--CT-A----C--A...CAG---...-TCCAGGAACAGGTACAACAGCAGC--C--T-----A 1039
RhPV1     C-----CC-C---C---...C---...AGC--C--G--- 1045
HPV6b     --T-T-----TCA-----...--A-AGGCT---...A---A--- 1006
HPV11     --T---G--C---TCA--AG--ACACAAG-----G-----A--C--- 1003
HPV44     C-----A--C---TC-----ATCT--G-----A--C--- 1009
HPV55     C-----A--C---ATC-----ATCT--G-----A--C--- 1009
HPV13     C-T-A-G-----TC-----ATCT--AG-----A---A 1012
PCPV1     ---ACA--C---TC-----ATCT--AG-----G--C---A--- 1018
HPV34     -----T-A---A--A...C.....A-G.....-A-T-----C--- 1027

```

## L2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	AGCCTTTA.....GTGGCCTCTGCA.....TAT	1035
HPV54	-C-----.....A-A...-----AACAAATAC.....AAGCATTAC	1050
HPV32	-A-----G.....-CTC-TC--C--CAGCTGTATCTA.....CTACTGCTTCA-CC	1074
HPV42	-----.....TCT--T--T--GTATCT.....GCAGCC-CC	1062
HPV3	-A--C--G.....A-T--TC-----C-	1038
HPV28	-----G.....C-T--TC----T.....G-A	1038
HPV10	-A-----.....C-T--TC-A--T.....GCC	1038
HPV29	-A--AC-G.....C-CC--C-----G--	1038
HPV61	-----G.....--C-G--CT-G.....-CC	1017
HPV2a	---AC-G.....T-C--C-A--T.....-C-	1029
HPV27	---A--G.....T-AC--C-A--T.....-C-	1026
HPV57	---GC-G.....T-A...C-CC-C.....ACG	1029
HPV26	-----.....CATA-A--A-C.....C--	1041
HPV51	-----.....C-T...--AC-T.....-C-	1029
HPV30	---A-----.....T-----A--	1023
HPV53	---A-----.....T-----A--	1023
HPV56	---A-----.....T-----A--	1023
HPV66	---A-----.....T-----A--	1023
HPV18	-----.....--A...----C.....ACG	1026
HPV45	-----.....A-TAGTG--A--.....A--	1026
HPV39	---CC--.....--TCA-G--AG.....CCC	1026
HPV68ME180	-A-----G.....--T--C-A-AG.....C-G	1026
HPV70	-A-----.....C-TA-----A--C-	1026
HPV59	-A--C-T.....--T...--T-C.....C-G	1020
HPV7	-C--C--.....-----AC-T.....A--	1035
HPV40	-C--C--.....-----G---CCACATACACTGGAGACACCACATACACTAGAGACACCACTG	1074
HPV16	-AA--A--.....ACAC-T--A--TATACTACCACTTCA.....CATGCAGCCTCACCTAC-	1077
HPV35h	-A--C--CAA.....CAT--AC-A--CT-TTTACCACATAC.....CACTGTTTCAACA	1059
HPV31	-A-----.....-G--G-----ACTAC.....TACT-C-	1038
HPV52	-A-----TTACCACAGTCT---...--CC-T.....-C	1059
HPV33	-----CATGA...TACTTCTA-A--GT-T.....---	1068
HPV58	-AT-----AATAC...TTCT--T...--C-C.....---	1068
RhPV1	---CC-G.....TCA...--CAG.....	1062
HPV6b	-C--C-T.....--G-----C-G	1026
HPV11	-C--C--.....G-----	1020
HPV44	-C--CC-T.....-----A-----C-G	1032
HPV55	-C--C-T.....-----A-----C-C	1032
HPV13	-C--CC-T.....-----TG-----C-G	1035
PCPV1	----C-T.....-----TG---G.....C-G	1041
HPV34	-----.....C--C-T-----TCTGCTACTGT.....AACAGATGCTA--	1071

## L2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	ACTGATAAT...GATGGTCTATATGATATTTATGCAGATGCTGAT...GATGCTGA.....	1085
HPV54	-A--G-CT-TACTCA-A-A-----G-A-----T--CA-A---.TT-----CACTGGTGGTTTTCCCTC	1121
HPV32	G-AAT-----C-G-T---G-----TT--CC---C...ATAC--CCCTCACACGCGTTACCGCC	1142
HPV42	-A-AT-----GT---T-----TT--A--AG-...TAA-TGTTACAAATACCCTTC	1130
HPV3	G-CTCAGCCTAT--CTC---G-----G-G-----TG--C...CATAGGTTTTACATCTGG	1109
HPV28	-AC-C-GC-GGG---TC-A-T-----G-G-T---G--C-TG--G...C-----CATAGCTTTTACTGGTAG	1109
HPV10	T---C.....AC-A-T---C---T---T---T---G---TGTTGCTTTTACAGAGGG	1100
HPV29	C-CAC-GC-GAG--GTC---G-----A-----T---TG--C...G---CATGGCTTTTACAGCGG	1109
HPV61	C--AG-.....ATAAC-----A-----T--CC---G...-TGTTG--TCTTCTGCACAACATAC	1079
HPV2a	-----CACAA--ATGT-----G-----T---T-G---...TCCT-C-GCCATTGCTTGATGAGTT	1100
HPV27	---TAGGATCA---T-T-----G-----T--C-----TCCTGC-GCCATTGGACGATTACTA	1097
HPV57	T-G--G.....CCC-----C--A-----C--GT-G...T-CT--CAACCCTTAGATTCCGATG	1090
HPV26	T-ATC-.....CACC-T-G-T-----A-----CC-----ACA-T-CCTAGCATAACATACGCCGCG	1106
HPV51	-A-A--.....TA-AGT-----C-----T--TTA---...A---AACAGGTTTTATACAGCC	1091
HPV30	-A-TCATT-.....C-----A-CCT-----AG-CGCCAGTGTCTACCT	1091
HPV53	-A-ACATT-.....C-----A-CATA---...AG-CACCTGTGTCTCTCGTTT	1091
HPV56	-A-TCATT-.....C-----A-ATA---...AA-CACCTGGTTTGTCTAGCCA	1091
HPV66	-A-TCATT-.....C-----A-AT---...AG-CACCCATTTTCTTCGTC	1091
HPV18	GAG--C.....A--ACT-G-T-----A-----ACATG...CC--CAGTGCCTGTACCATCGCG	1091
HPV45	GA-AG-.....-AC--G-T---G-A-----CTTCCCA...CC-C---CGTCCACTACACCTAGCAC	1088
HPV39	T-----GC-TCA---CAT---T-----A-----T---TG--C...A--AACACATATTTAGATACTGCATT	1097
HPV68ME180	T---CCC-ATG---AC-T-----A-----CCA-A-AC...CAA-ACTACAGTATTTGGATACTGC	1097
HPV70	--A--.....T-----A-----A---ATA---AA--CAATGTTACATACTACTTC	1091
HPV59	G--C--C.....A-A-----A-----AT-ACA...AA-CACCTACTAGTACTGCCAA	1088
HPV7	-ACAG-.....-AC--T-T---G-----ATA---...AT---TGAAAATATATATATTC	1097
HPV40	GACAC--C...---CC--G-T---G-G-----CATG---AC-ATA--TGATGATGCAGCATAT..	1140
HPV16	T--AT-----A---AT-----ACTT...AT-A-A--TACTTCTACAACCCCGGT	1145
HPV35h	T-ATTA-----A-G-T-----TCC-ATA---AC--AG--AGATATTATATTTTCAGC	1127
HPV31	---TTA-----CT-----C-----CA-----TT-A---TGGATACACCTGCACACA	1106
HPV52	---AT-----T-G-----G-G-----T--TTG...C-GCAACCCACGTTT.....	1116
HPV33	-G-AT-----T-G-----G-----T--C-A--TG...AA--TACACACCCCAATG....	1131
HPV58	-G-AT-----A-T-----T--C-A--C...A--ATACATGATTTTCAGAGT..	1134
RhPV1	...GA.....-AG--G---C--A-----TA--C...GGCAA--GGACGCTGCAGCTGTGGC	1121
HPV6b	GA---.....AC--T-----T--AT--TT...AC---GCATTAACCCCTACCCAACA	1085
HPV11	GAAA--.....-ACACG-T-----T--AC-ATT...CC--ATCCCTGACCCCTGTCCAACA	1082
HPV44	GA-AG-.....-C--G-T-----AC-----CCCT---T-ACAGAAGAACCCTGTTTCATT	1097
HPV55	GA-AC-.....A-C--G-T-----AC---C...C---CTTTACAGAAGAACCCTGT	1091
HPV13	GA-C-C.....AG---T-G-T-----AC---C...C---CCCTGTGGCTGTAAACAC	1097
PCPV1	GA---C.....AG---AT---T---G-----T--CC--ACC...CC--G-CCTGTAGCAGTACAAAATAT	1106
HPV34	GGCAT-----G-----G-A-TGTT---AA-A---...TA-A-ATTACTGAAGTGGAAACACC	1139

**L2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment**

most-likely	.....CTTCTACTGTTTC..	1098
HPV54	TTCTACTGTTTC.....ACATAGTTCTGTACAAACAGCCCTACAAA--A-AT--A-AC-..	1175
HPV32	CCTACGGTCCCC.....ACACACGGTCAACTGTTCTTTAACTAGTCT-GG--G---C-..	1199
HPV42	CTCTATACCTATGCATGGTTTTGCTACCCCCCGTTTGTCCACTACATCTTTCCCTACATTAC---GCA-G---..	1202
HPV3	AGGTCGTAGTGACACT.....CTGTCTAGAGGCCGTGTACAGTGTCCCCCTGT-C--C---C-G---..	1172
HPV28	AAGTCGCAGCGCCACG.....TCATCTCGGGGATACACTACGGTGTCCCCACTGT-----C--AC-AA-..	1172
HPV10	ATATCGTAGTACCACA.....CAGTCCAGGGGATATAAATACCCTTCCCTTTGT-----AC-----..	1163
HPV29	TGGTCGCGGCCACC.....ACTTACGGGGTTCGCATTACTCCATCTGTATTTT-C--C--AC-G---..	1172
HPV61	ACAACCACA.....CTTACAGTACAGGGCCCTTCCCTCTCTG--G-AT---CA---..	1130
HPV2a	ACCCGCCGCCCTCGC.....GGTTCCTCTCTCTGGCTGACACTGCTGTGTCTG-CA-CT-C-CA--..	1163
HPV27	CCCAGCCCCTCG.....CGGTCCTGGCTAATACCACGGTATCTG-C--CT---CA---..	1151
HPV57	TCCCCGCGGCCCTCGA.....GGTACCCTTTCCCTGGCAGACACTGCAGTGTCTG-A--C--C-C----..	1154
HPV26	CATGTATATTTCCCTAC.....AACATTACCAGTTCGAAGATATGCCTCCAATGTGTT---CT--A--AA..	1172
HPV51	CACACACACCACACCTATG...TCACACTCCTCTTTGTCTAGGCAGTTGCCCTCCTTAT---AT--A-G---..	1160
HPV30	ATCCATGTCTAC.....ACCGTCCCGTTGCCTACCAACACTGTTC---TGT-CT--AG..	1145
HPV53	TTCTATTGTCTAC.....ACCTTCTAGGTTGCCTACCAACACTGTTC---TGT--T--AG..	1145
HPV56	GTCAGTTGCTACA.....CCTTCTGCACACTTACCTATAAAGCCTTCCA-A-TGT--T--G-..	1148
HPV66	GTCTGGTGCTACA.....CCTTCTGCACAATTACCTATTAACCTTCTA-A-TAT-CT--G-..	1148
HPV18	TTCTACTACC.....TCCTTTGCATTTTTTAAATATTCGCCCA--ATAT--TC-G-..	1142
HPV45	TATACACAAATCA.....TTTACATATCCAAGTATTCCTTGACCATGC-----C-G-..	1145
HPV39	TAATAATACAAGGGATTCG...GGCACTACATATAACACAGGCTCACTACCTTCTGTGG-----T-A-CA---..	1166
HPV68ME180	ATTCCATAATGCTACATT.....TACCTCCCGTTCCTATATCTGTTCCCTTCATTAG-G-----A-CA---..	1163
HPV70	TCATACAGTTCTACA.....GGACCTAGTCCCCTTTTCATTTCTCTATAC-----A-G---..	1154
HPV59	CACTGCATTTACAAT.....TCCTAAATCTTCTTTTCAAAGTTTGTCAATAA-ACGGT-G-CA---..	1148
HPV7	TACTATAGACAA.....TAATACACCAACTTCTACCTATTCCCTTGTA-C-AGG-AA---..	1151
HPV40	.....GCTACATTCTCATTACA-C--G-C-A----..	1169
HPV16	.....ACCATCTGTACCCTCTA-A--TTATCAGG..	1175
HPV35h	ATCT.....TCTAACAATACTTTATATACTA-A---ACAC-G-..	1166
HPV31	TAATGTTTC.....CCCTTCTACTGCTGTACAGTCCACAT--G--GTGTC-G-..	1154
HPV52	.....CACTTAC---C--AC-----..	1136
HPV33	.....CAACACTCATAACAG-A-GTT--CAA-..	1157
HPV58	.....CCTCTGCACTCACATA-G--CTT--CCA-..	1163
RhPV1	.....TAACACCCCATTAACAG-AA-AG-A--GG-AT	1154
HPV6b	CCCTGTTACAAA.....TATATCAGATACATATTTAACTTCCACAC--AA---A---A-..	1139
HPV11	TTCTGTT.....ACACAGTCTTATCTTACCTCCACAC--AA---CC-----..	1127
HPV44	GTCTTTT.....TCTACCTCCACACCCTTTTCAGCGGT-----GTGTCAG-..	1142
HPV55	TCCATTGTCT.....TTTTCCACCTCCACGCCCTTTTCAGCGGT-----GTGTCAG-..	1142
HPV13	CTCTGGGTCATT.....GTCTTCTGCCTCCACACCATTTGCACAAT-----TTGTC---..	1151
PCPV1	GTCGTAT.....CCCTCCTCCACATCGTTTGTACGGT-C---TGT--A-..	1151
HPV34	TACTGG.....TACAAACACACAAAGTGTTTTGTG-AAG-GAGA-----..	1181

## L2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	TACTAAATCTGGTAATACTACTGTTTCCTTTTGCTACTGCTTGTGATATGCCT.....GTAC	1154
HPV54	AT--C-G-A-----C--C--A-----CC-AA--G-CT-A-CG.....C-A-.....A---	1226
HPV32	-G-AC--A---CA-----A-----C---C--T-CTTAC--ACAA---TAA-.....---	1254
HPV42	---AC-T---CC-----C--CA-A-----T-GTT-C--GCCAC-G---A-.....--G.	1257
HPV3	C--A--G-A---C---GTC--CA---C---TGT--C--GTG---G-----T---	1228
HPV28	---C--G-A---C---GTC--CA---C---TGT--C--GTG---G---AC.....T---	1228
HPV10	C-----G-A---A---GTA--AA---C---TGT--C--GT---G-AA-.....T---	1219
HPV29	---G-GG-A---C---GTC---A---A--C-TGT-GC-AGT---G-----T---	1228
HPV61	---C--GGTACAC---GTC-----AC-G--C--A-GGCT---C-----GA	1186
HPV2a	---ACT-CGG--GTCC-----C---AT-A-G--G-AT---G-----GT	1219
HPV27	---ACTGCCGA--GTCC-----A-CC---C-CT-GGG--G-GT---G-----GT	1207
HPV57	---GTTGCCG--GGCC--C-----CC-GT-AGG--G-GTG---G-----GT	1210
HPV26	---TCCA--ACC---GT-----G---AT-C--CT-A-T---AC-A---T	1228
HPV51	-T-ATCT-A--CA---GT---A---A---T-A---A-A-TC-G-T---A-T-	1216
HPV30	--G-C--A--ACC---GT---A-A---G-G--AATA---G---G-T---A-TT	1201
HPV53	--GG--GTA-CTC---GT---AA-A--C---G---AT---G---G-T--C.....A-CT	1201
HPV56	--G---CA-CAC---GTA---CC-----A-G--A--TG--G--A-CA--A.....T-TT	1204
HPV66	--G---CA-A-C---GT---CC-----G-GA-A--T---G--A-CA--A.....T-TT	1204
HPV18	CT--TCC-A-A---GTA--G--C---AA-CT-CT---G--G-----T	1198
HPV45	AT-CTCT-ACA-----GT---A--A--A--AA-AT---A--G--G-A---A--T	1201
HPV39	-----A--CC-----A--A-----AG--CT-A--GA-----A	1222
HPV68ME180	-----C--A--C---C---A---A---G-----GA-C-C-----A	1219
HPV70	---A---A-A-----A--CA---A---A-----T---G--C--A---A	1210
HPV59	--GC-CC-T-TCA---GTA-----G-----C--G---G-T---A	1204
HPV7	---ACGCATA-CA---AT--A-A--C---C--AAT-CC---CATTC.....T--A	1207
HPV40	---CGTATATC---C--AT-CA-A---C---C--G-T--C---C-CATTA.....T--A	1225
HPV16	-TA--TTC---CA-----A-AA-----G-GG--A-ACA---T---T--G	1231
HPV35h	ATA-GTTC--A-C-----A-A--A--AAG--G--GC-A-----T---A--A	1222
HPV31	CTA-GT-C--ACA-----C---G--AC-AAG--A-G--T---C--T--C.....A--T	1210
HPV52	---CC-TAA-AA--C--TTC---A---A--AA--G--G-AT---CT-TGTATATCAACCCACTATGTCCA-TG	1210
HPV33	A--ACGTA-CA-C---GTGT--A-A---AAA---A-GA-T---CT---TA	1213
HPV58	C--ACGTA-CA-----GTGT-CA-A--A--AAA---GA-T--C-CT---CTTGT.....GTCAT-GG	1228
RhPV1	-G-A-GCC-CT-G--C--C--A--G--AC-CAG-G-A-GGGCG--CG--A-G.....C-G-	1210
HPV6b	ACAACCG-GG-----C--C--A-----A--GT-ACT-C--AA---CC--TT-.....T---	1195
HPV11	ACAATCG-GG-----C--A--C--A--GT-A-TCC--A---CTG-TT-.....-G-	1183
HPV44	C---CCC--GG--C-----C---C--T-ATTAC--GC---C--TT-.....TT-	1198
HPV55	C---CCC--GG--C-----C---C--T-ATTAC--G---C--TT-.....TT-	1198
HPV13	CG-CCC--GG-----C---T-ACTAC-AG-----ATT-.....A---	1207
PCPV1	C-----G-GG-----C-----AT-ATTAC-AA--A-C--ATT-.....C--	1207
HPV34	C---C-A--CA-----C--A-----AAA-G--G--TG---CA-A.....CCT.	1236

## L2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	ATTCTGGTCCTGATATAGTATTTCCTACTGCTCCTACTGCATGGCCCTTTGTT...CCTGTGGCTCCTGCTGTT	1225
HPV54	-.C--ATA--CACATCCT-TAGG--CT-AT-AGG-CAC...ACC--A-----...-C-CACG---ATAT--	1293
HPV32	.....-C-----CC-TTC-CC---GAGT----GC-CTTATTAGTACACG-...-----AT-A---T--T--	1320
HPV42	.....-C-----T--TCTG--GTGGACCAC--A.....-GA-AG-ACC...--AAC-T--GTAATGCC-	1317
HPV3	-AC----G-----TT--C-G---G-AT-AG--CAG...-----G-----...-CT--T-----T--AC	1296
HPV28	-CC----G-----TA--ACG---G-GT--A-GCAG...-----G-----G...-CT--T-----AC	1296
HPV10	--A---G-----T---C-A-----T-AG-ACAG...-----A-A---G...-CC--T-A-----AC	1287
HPV29	-CA-G--C-----TA-TC-G--CT-CT--G-ACAA...-----T-----...-A--A--C--A-AC	1296
HPV61	CA-----C-----G-T-AT---G-ACA-----G-GC-TGTA--AGC---A...-ATAT-TA-----CACC	1257
HPV2a	-CA-C-----C--T-A-CCA--C-A--T---GGCATGG-A--TC-GA--...-----AT-CT-A	1290
HPV27	--A---G-----T-A-CCA--CGT--T---GG-TTGG-----C-CA--...-----AT-GT-G	1278
HPV57	--A-C-----T-ACCCGT--GTA-GC---GG-ATGG-A--GC-G-G...-----ATA--A--CA-A	1281
HPV26	--AG---GT-A--C--TTACACG--C--AT--T-CC-GA-----A-CAT-G...-CCCCC-A--CA-CAC-	1299
HPV51	--A-A--G-----G-G-----G-C--AT-----A-T-----T-A-----...-CCACA--T-CAT--AC	1287
HPV30	---G--C--C-----G-----G-----CA-----A-CC...-CA--C--ATT--AC	1272
HPV53	---A---C--G---G---G--C--A-GA--CC--A-----T-A--CA...-CAAT----TT--A-	1272
HPV56	---A-----C---G---G---A-GC--C-G-A-G-----...-CA-T-----TA--A-	1275
HPV66	---A-----T--A-----A-GC--C-G-A-T-----C--A...-CA-T-----T--A-	1275
HPV18	-CA-G-----TAC--A--AT--A--A-CT--T-----A---ATCA--CAC---C----CTC-	1272
HPV45	--A---C--G--C--TA---G--AT-CCA-A--C--ATG-----TAG-ACA...T--CCTA-CAA---TCC	1272
HPV39	--A-----T-CT--A--A-G-A--A--C-ACAG-T--A-G-G...-TCT-GA--AATA-AC	1293
HPV68ME180	--A-----G-T-G--A--AG-AA-GT--C-ACAG-T--T--AACA...-CTCTA-A--AAT--A-	1290
HPV70	CCA----C-----C-----T--A-----AT-CC-CAAT-T-----C...-CCTA-AT--ATA-A-	1281
HPV59	--A-A--A--C-----T--A---A-A--AA--T--TTGAA--AC-TA...T--ACTA-A--CTT-ACC	1275
HPV7	CA-----C-----G-----T--T---G-A-GTACA--A-A-T-G...-----T-A--T--A-A	1278
HPV40	CA-----C-----G-----T--AT---G-A-GTACA--A-A-T-G...-----T-A--T--A-A	1296
HPV16	TA--A-----CCCA--AA--TAA--GACCAA--TCCTT-A-AA...-A-A-T---A-GGTC-	1302
HPV35h	CAG-A--G--A--C--T-----AACT--AA-A--T...ACTAA-AC--A...-TACC--TA--CA-A-G-	1290
HPV31	T-----G-----G--CCTA-AGAGCA--A-----ACAGGTTT-CCAT--...-T---C---A-AACG	1281
HPV52	-G--A-----C--TCC--A---T-GTTA--C--ACATACT--T-----...-A-A-C--A-A-C-	1281
HPV33	TG----C-----CCT-CC--TTATT--C--AT-TA-C--A-----...-A-TT-G--TT-T--	1284
HPV58	-AC-----A--C--T-C--C-T--GTAA-AT---TGT-TA-T--A--A...-A-AT---ACTAAC-	1299
RhPV1	-G--C--C--C--CG-GTCCC-GGA-G-AC-AGTGG--A--C--TG-GCAC...-GA-TG--CTAAGG	1281
HPV6b	-A-----C-----ACT-----A---TG-G-ACA-----AG...-AA-----T-A	1266
HPV11	-G-----G-----C---ACT-----AT---TG-G-ACA-----AG...-AA-----T-A	1254
HPV44	-GC-----C---A-C-----AT-C---A--ACT---A-AG...-CA-----T-A	1269
HPV55	-GC-----C---A-----AT-C---A--ACT---A-AG...-CA-----T-A	1269
HPV13	-GC-----C---AC---C--A-----A-----A-T-AC---T-A-AA...-TA-G-----T-A	1278
PCPV1	-GC-A--C-----A-----CG-C--C--GG--T-CCA--G-A-AAC...-TATA--GT--T-A	1278
HPV34	.....-C-----T-CT--A---GTAC--A--G-A-A-ACCATT--ACC...-AACT-TA---TACAG	1302

## L2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

-> L1 start in HPV16R

```

most-likely CCTACACATTCTGTTTTTATACATGGTGCTGATTTT...TATTTATAGCCTAGTTATTATTTT.....TTACG 1290
HPV54      --ACA-ACAC-CA--GC-G-TA-----GG-----...--CC-GC-T-----AC--A-.....G--- 1358
HPV32      .....G-C-----A-GG--TTA--ATGG-----...ATA--GC-T--C-----...A-G.....-GG-- 1376
HPV42      -AGGGTA-C-T---AA-GG--TCA--ATGG-----...ATA--GC-T-----...-----GG-- 1379
HPV3       A-A--T----A---C-AC---G---C-GG-----...-----G---GTCACC-TC---TTGCCCCG--- 1367
HPV28      A-A--C---A---G-AC---G---C-GG-----...-----G---GT-ACCCTG---GTACCCCG--- 1367
HPV10      A-C--C---A---G-AC---G---C-GG-----C...---C-T-G---GT-ACC-T-CACTTCTCCCG--A 1358
HPV29      A-G-----A---G-AC--TG---A-GG-----...TAT-T--G-G---GT-ACC-T-CC-GTGTCCCG-AA 1367
HPV61      -A-C-----A-A-A---T--G--CT-----...-----G-T---GC---GTG-----T-T-C 1322
HPV2a      --A...TCG-----G-AC---TT--G-GA-----...TAT-----GAT---A-----GTC--G.....-GG-C 1352
HPV27      --A...TCC-----AC---TT--G-GG-----...TAT-----CT---A-----ATCC-G.....-GG-C 1340
HPV57      --A...TCC-----G-AC---GT---G-G-----...TAC--C--GCT---A-----GT-C-G.....-GG-C 1343
HPV26      AACTT--C-G-AA-AG--G-G-----G-A-A---...TAT-----G---CTA-AT-----A.....A-C-A 1364
HPV51      A-C-AG-----A--G-----TA---GG-----...TAC---G-G---CTA-ACAC-----A.....C--- 1352
HPV30      A-----GA--GG-----AT--ACA---...GC---G---GTA--C-T---A.....AGG-- 1337
HPV53      A-C--C---GA---AG-----G---CT-CACA---...GCG---G---GT---T---G.....AA--- 1337
HPV56      GT--C---GA---A-A-----G--AT-CTCC---...GCA---G---GTG---T-----AG--- 1340
HPV66      GT-----GA--A-A-----G--A--ACA---...GCAC--G---GTA---T-----AA--- 1340
HPV18      A-A...--G-A-A--GG-----A-AC---...TAT---G-G---ATTA-----A-T-C 1334
HPV45      A-C--CACC-A-A-AGG---T-----CA-AC-A...TAT-----G---AT-G-----A.....-T-C 1337
HPV39      A-A---T--G-AA-AACC--T--G---T-CA---...TAT---G-T---ATTA-TG-----C-T 1358
HPV68ME180 A-A--CT--G-CA-AAC---T---CA-CA---...TAT-----TA--ATTA-TG-TC-----TT 1355
HPV70      A-C---GT-G-AA-AGCC--T--G---CT-CA---...TAT-----T---TTA-TA---A.....-T-T 1346
HPV59      A-C-T---G---A-AA---G-A--CA-AA---...TAT-T---G---TA-----C 1340
HPV7       ---G-CATA-----AC-G--T-GC---A-----...TAT---GA-T---GCA--C---C.....A 1340
HPV40      ---G-CATA-----AC-A--T--C---A-A---...TAT---GC-T---GCA--C---A.....A 1358
HPV16      --ACA-T--A-AA--A--GCTG---CA-G---C---...-----C-T-----CA-G..... 1367
HPV35h     ---T-T-----A-A--GC-G---G-G---C---...-----C-C-----A.....AA 1355
HPV31      --ACA-GTG---A---G-TG---G-G-----...-----GC-C-----A-G.....AA 1346
HPV52      --AT-TACA---A--A--G-TG---A-A-----...AT---C-T-----T---A.....C--- 1346
HPV33      ---TTTG-CA-CA--G--G--G-C-----C---...GT---C-T-----T-A----- 1349
HPV58      ---TTTA--A-CA-AA--G-GG-----...ATG--GC-C---C---T-A-----G-- 1364
RhPV1     ---T-TGCACA-A-A--C-GT-C--G-GA--C---...-----GC-C---C---CCTCGG-.....A-T-- 1346
HPV6b     ---GGCC-----C--TACA---T--GA---...-----GC-T---GCA-GG-----GC--- 1331
HPV11     ---GGCC-----TACA---T---C-C...-----GC-T---CA-GG--C-----GC--- 1319
HPV44     ---GG-C-----AG-----CA---...-----T---CA-GG-----GC--- 1334
HPV55     ---GG-C-----AG-----ACA---...-----T---GCA-GG-----GC--- 1334
HPV13     ---GG-C-----TAC--C-T--GA---...-----T---CA-GG-----AC--- 1343
PCPV1     ---T-AC-C--A-----TAG---GT--C-A---...-----C-T---TCC-TA--C-----GC--- 1343
HPV34     ---T-TGG-C--A-A-A---T---GT-C-----...ATA--GC-T---C-TG---G-C.....A-T-C 1367

```



## L2 SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

\ / 3' sj in HPV16R \* coordinate 3850 in HPV16R

```

most-likely TAAACGCCGTAAACGTGTTTC...CCTATTTTTTTGCAGATGGCTTTGTGGCGGCC...TAG      1345
HPV54      C-----T-C...A-----C-----A-----...      1413
HPV32      --G-----C--A...A-----T-CG-----...      1431
HPV42      --GG-----C--A...A-----T-CG-----...      1434
HPV3       -CGT-----CT...A-----C-----AC-----CT-...      1422
HPV28      -CGT-----C-CT...A-----C-----AC-----CT-...      1422
HPV10      -CGT-----CT...A-----AC-C-----CT-...      1413
HPV29      ACGT-----C--T...A-----C-----CT-...      1422
HPV61      -----T-----A...C-----T-----TGG-GA      1380
HPV2a      -----A-----C...A-----C-----...-A      1407
HPV27      -----A-----CA...A-----C-----...-A      1395
HPV57      -----A-----G...A-----C-----A-----...-A      1398
HPV26      -----A-G...-T-----T-----TA-...      1419
HPV51      C-----A-A...A-----A-----A-----CA-...-A      1407
HPV30      --GG--T-----A-----C-----GG-----...      1392
HPV53      --GG--T-----A-----C-----GG-----...      1392
HPV56      --GG-----A-----GAC-----...      1395
HPV66      --GG-----A-----GA-----...      1395
HPV18      ---GAAA-----...      1389
HPV45      ---AAA-----A-----...      1392
HPV39      A---AAA-----A-----T-----A-----T-...      1413
HPV68ME180 A---AAA-----CC---T-----A-----CT-...      1410
HPV70      A---GAAA-----A-----A-----T-...      1401
HPV59      -CGTAAA-----A-----C-A-----TT-...      1395
HPV7       A-----A--G--CA-ATTAG-A---AG.....      1371
HPV40      A-----A--G--C.....A-A-A--C--CAG-A-----AA-T....-A      1404
HPV16      A-----A-----T-A...A-----T-----T-C-T---T-...      1422
HPV35h     ACG---T-----A-C...A-----T-C-----T-...-A      1410
HPV31      ACGT--A-----AT...A-----A-----T-C-----...      1401
HPV52      -CGCA-G-----T---...A-----A-----T-CG-----...      1401
HPV33      -CGCA-G-----T---...A-----A-----T-CG-----...      1404
HPV58      -CGCA-A-----T---...A-----A-----T-CG-----...      1419
RhPV1     C-GGAAA-----CA-G...A-A---C--T-----T-A-----...      1401
HPV6b     -----A-----TA-----T-----...      1380
HPV11     C-G-----A-----TA-----A-----...      1368
HPV44     C-----T-----TG-----...      1383
HPV55     C-----T-----TG-----...      1383
HPV13     C-----T-----TG-----A-----...      1392
PCPV1     C-----T-----T-----TG-----...      1392
HPV34     ACGCAAA-----T-GT...A-----A--TAC-GA      1419

```

## L2 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

```

most-likely ATG...GCGCGTGCTAGAAGAATCAAGCGAGACTCTGTTACTAATATATACAGAACCTGCAAACAAGCAGGCAC 71
HPV19      ---...-----C--C--GC-T-CT-----T---C---C-----T-- 71
HPV25      ---...-----C--C--GC-GG-T-----CC--C----- 71
HPV20      ---...-----C---AGC--G-----G-----C-----C-----T-- 71
HPV21      ---...-----AGC--G-----C-----T----- 71
HPV14d     ---...-----GC--G-----T-----C-----C--T-----G----- 71
HPV5       ---...-----A-A--CGG-----A--C--T--CA-----G----- 71
HPV36      ---...-----A--GG-----A--AC-----CAG----- 71
HPV47      ---...-----GG---A--T-----A--AC-----TCAG-----G----- 71
HPV12      ---...-----AGC-GG-----C-----TCA----- 71
HPV8       ---...-----C-GG-----A-----C--AC-C--T--TCA-----G---T-- 71
HPV24      ---...-T-----A---CA--A---T---C-----T-----A---G--G--G--- 71
HPV15      ---...-C---AC-C---G-A--A--T-CA---A--G-C--T---GGGG-----T-- 71
HPV17      ---...-T--CT-A---C-C--A---T-C---A--G-C--C---GGGT---G--G--T--T-- 71
HPV37      ---...-T--C--AC-TC-T-C---A--T-CG---A--G-C--T---GGGT---G--G--C--- 71
HPV9       ---...-TT---A-A-C-T-CT--A--T-C---AG-----GG-----GCT--T--T-- 71
HPV22      ---...-A--GC---CA-----CG--A--A--G-C--T--T-A-GG---T--GGCCT-T--G-- 71
HPV23      ---...-TA--G--GCA---CT-----CG-----G-----A-GG---T---GCCT-T--G-- 71
HPV38      ---...-TT--A--AC-T---C---A--T-CA-----G-----GGG---GGCTT-TAAT-- 71
HPV49      ---...-T-----C-C---CA-----T---A--A--C--T-----G---A-A 71
HPV4       ---...CAAA-CTTG--T---GG--AA---T--A---C--A---C-T--TGC--AA--TC--TGT-T---A 71
HPV65      ---...CAAGCCT-AC-C---CA--AA---AA-AC-A--CC-C--TGC--AA--TC--TT-T-T---A 71
HPV48      ---...T-CTTA...C-T---GA--AA---CAAG-CC---G--C-T--T-A---A---TTG---GG--GGA 68
HPV50      ---...CTT--C.....--CG---A--G-CAAGCCC---GG-CT---T--T-A---TT---GG--GGA 65
HPV60      ---TAT--TA-A-TA-AGC-TG-T--AA-----GAA--CT---T-A-CAA--TC--TT-GT-CTGA 74

```

poly-A signal

-> <-

poly-A signal

-> <-

```

most-likely TTGCCCCCTGATGTTATTAATAAAGTGAACAACAACAATGCTGATAAAAATTTGAAA...TATGGCAGTG 142
HPV19      C--T--T-----A--C-----A-----T-----A---C---C---C...----- 142
HPV25      ---T--T-----AC-A-----A-T--T-----A---C-----AC----- 142
HPV20      ---T--T-----A-----AGC---T-----C-G...-----T--- 142
HPV21      A--T-----T---AGC---T-----A--C-G...-----T--- 142
HPV14d     G--T--T-----C-----T---AGC---T-----C-G...-----T--- 142
HPV5       -----G-----C--T---A...----- 142
HPV36      A-----G-G-----G-----C--T----- 142
HPV47      -----T-G--C---G-----T--G-----G-----C--T----- 142
HPV12      -----C-C-----G-----G-----C--T----- 142
HPV8       A-----T--G-----G-----C--T---A...----- 142
HPV24      A--T--A-----GT--C-----T-AC-T---...-----A--- 142
HPV15      C-----C-----T---A-----...-----A--- 142
HPV17      -----G--T---A--A-----A---...-----T--T 142
HPV37      -----C---A-----A--C-----G...-----TG--- 142
HPV9       A--T--A--A---A-----G--C---T-----C...-----A--- 142
HPV22      ---T-----AT--C-----A--G...----- 142
HPV23      ---T-----AC-A-----AT--C-----AC-T---...----- 142
HPV38      -----T-----A--C-----T-----A--A---G---A---...-----T--- 142
HPV49      C--T--T--G---G-----T-----CC---A--A---...-T---CA 142
HPV4       -----TA-----A-AA-----A---GCTGAT--TC-----CGTT-GC---G-TGG-TG--A--- 145
HPV65      C--T-TT--C---A-AA-----A---GCTGAT--CC-----CGTT-GC-C-G-TGG-TG--A--- 145
HPV48      C--ATT-----AA-----T-T---A-TT-T--T---A---TGGT-A--A---ATA-T--A---T 142
HPV50      ---ATA-----CAA-----T-T---GGC-AC-----C--A---TGGT-A-----ATA-T--AG--T 139
HPV60      C-----T-----ACGA-----A--GG--C--C---A---CG-T-A--AC--ATA-T--A---A 148

```

## L2 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

E2 binding site  
in HPV12, HPV8  
->                    <-

```

most-likely CTGGTGTATTTTTTGGTGGTCTGGGCATAAGTACAGGCAGAGGTACTGGGGGTGCTACAGGCTATGTGCCTTTG 216
HPV19      -----C--C-----G--T-----T---AG--C--A--A--A--T--T--C----- 216
HPV25      -----G-----C--G--T-----C--T--A--A--C--A--AA--A-----G-----A----- 216
HPV20      -----T-----G--AT--A-----C--T--A--A-----A--A--AA--C-----T----- 216
HPV21      -----T-----C--G--G-----C--T--A--A-----A--C--A--C-----T----- 216
HPV14d     -----T-----G--T-----C--T--A--A-----A--A--A--C----- 216
HPV5       -----C-----C--T--T--T-----C---A-----G--C-----AC--T 216
HPV36      -----C-----C--T---TG--T--G---C-----C--G--C-----AC--T 216
HPV47      -----C-----A--C--T---G--A-----C---G-----T--G--C-----AC--T 216
HPV12      G-----C-----A--C--C--T--TG---C--TC--C-----A---TC--T--A--CAGA---C--A 216
HPV8       -----A--C--T--T--G---C---C--T---A-----T---T--G--CAC---A--A 216
HPV24      -----C-----C---T--T-----C---G---A--CA--C-----A-----A--- 216
HPV15      ---C-----G---A--TG-----C--T--T--A--T-----T---T----- 216
HPV17      -----T-----G-----T--C---TC--T--C--G--T--G--A---T---T--C----- 216
HPV37      -----T-----G--T--G--T--C--C---A--A--T-----A---C----- 216
HPV9       -----G---C--G--CT---A-----C--T--C---T---C--T-----T--A--A 216
HPV22      T-----G-----T--T-----T--AG---C--T---C-----A--T-----A 216
HPV23      T-----G-----A--T--A--TG---T--AG---C--T---C--G--G--C--C--A--- 216
HPV38      ---C---G-----G---T--T--C--T---TC--T---A--C----- 216
HPV49      -----G-----T---A---G-----C--T---CAG---T-----A---A--A 216
HPV4       TA...A---ACC--A--A--CT---T--TG---T--G-----G-----GT--A--T--G---AAT--AA--T 216
HPV65      TC...A---AC--A--A--T---A--TG--G--G--A---C--G--A--GT--T--T--T---AAT--AC-- 216
HPV48      TG...A---A---AAA--T---A---G--AT--T--A--A---GT-----AT--ATTT--A---AGA--A--A 213
HPV50      TA...A---AC---CAA--T---A--TG--A---A---A-----A---TTT-----AGA---T 210
HPV60      TC...T---ACC--G--GAA--T---T--G--G---T--A---AT--G-----ACA---C--T 219

```

E2 binding site  
in HPV14d, HPV20, HPV21  
->                    <-

degenerate E2 binding site  
in HPV25, HPV5, HPV36, HPV47  
->                    <-

```

most-likely GGAGAAGGTCTCGAGTACGTGTTGGAGGTACTCCCACAGTTGTAAGACCT.....GCGGTGGTTCC 278
HPV19      --G--G-----A...-----T-----G--A--G--GA--C--G---.....T--T----- 275
HPV25      -----G...A-----T--A--C-----G--A--T-----.....T--TT--A--C-- 275
HPV20      -----C--ATCG--G-----T-----A--T-----CA--C-----TT-----C-- 278
HPV21      -----C---C-----CAA--G---T--G--CA--T-----.....AT---C-- 278
HPV14d     ----G--C--A--C-----T--G--G--A--A--A--C-----.....TC---C-- 278
HPV5       --G-----T--C---C---A--C---G-----G---.....T--CT----- 278
HPV36      A--T-----TA--C---C-----C---G-----G---.....T--AT--A--- 278
HPV47      --G-----T--C---G---A--C--A--G-----G---.....T--TC--T--- 278
HPV12      CCT---G--C--TA--C-----G-----G-----G---.....T--AC--T--- 278
HPV8       A--T--G--G---TA--C-----AA-----G---C--G--C.....T--AC--T--- 278
HPV24      --T-----A-----T---G--CA---A-----C--TC--G---.....CC--T--G-- 278
HPV15      -----C---T--G--C--A---C--C--T--CA---TC--C---.....G---CACA-- 278
HPV17      --T-----G---G---C--A--T--CG--C---TA--A--TC--C---.....G---CA--A-- 278
HPV37      --G---C---G---G--C--A---CG--A---CA---TC--C---.....G---CA--A-- 278
HPV9       --G---G--A---C---A--T--C--C---TA--A--TC--C---.....G---A--A-- 278
HPV22      --TC-----G---G--C--CC-----G--CC--C--C.....G---CA--A-- 278
HPV23      .....C--A-----A--G--C-----T-----G--CC--C---.....A--CA--A-- 272
HPV38      --GC---A-----G--A--G--T--CG--C-----G--CC--C--C.....G---A--A-- 278
HPV49      --T-----C--A--C--A-----G--C-----A--GT---TC--T--A.....GTA--AC--C-- 278
HPV4       ----CT...--A...AGTA--A--CAC--CC--G--GGT--TT--A---G---.....A--A---CC--GT 272
HPV65      ---CC...---AGCA--A--AAC--CC--G--GGA--T---A-----A.....A--A---CC--GT 272
HPV48      ---TCC--CAGGAA--T--G--A--ACCA--CCACAGACTTAC---GACT-----.....AAT--T--GAT 275
HPV50      --G--CCCC--GGGTCT--G--A--GCCAACTCAGGAA--TAC--TA--C--C-----A.....AAT--T---AT 272
HPV60      --TACT...G--AA---G--CA--CGTCTACAC--GGA-----A---A---CACACGACCGTTTT---TCC--TT 290

```

## L2 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	TGAAACAATTGGT.....CCAGCTGATATAATACCTATTGAC.	315
HPV19	A--C--C-----A.....---T-A--C-----G-G---	312
HPV25	A--C--T-----A.....---T---C-----G-----	312
HPV20	A--C--C--C--C.....---CT-C-----T-----G-G---	315
HPV21	---C--C-----C.....---GT-----T--T--G-G---	315
HPV14d	A--C--C-----T-A-----T-----G-G---	315
HPV5	-----C--G.....---C-T-----TT-G--C-----T.	315
HPV36	---G-----G.....---TC-----TT-G--C-----T.	315
HPV47	---G-----A.....---T-----TT---C-----	315
HPV12	---T-TG-G---.....---A-----T-----A--A---	315
HPV8	A--G--GG-A---.....---TATG--C---C-G--A--C---	315
HPV24	---GT---A.....---T---CT--T-----G---T.	315
HPV15	---CTT-----.....---G--G-----A-----T.	315
HPV17	---CTC-----C.....---G--G-----T.	315
HPV37	---TTG-----G.....---A--G-----	315
HPV9	---T-----C.....---A-----C---T---T-A---	315
HPV22	---T-----A.....---A---AT-----AG-----	315
HPV23	---T-----A.....---A---AT-----AG-----	309
HPV38	---GT-----A.....---A-C--AC-G-----	315
HPV49	---GG-T-----.....---G--G---C--T-----T.	315
HPV4	G---GTT-G--A.....---CT-A--A---C--A--A--T.	309
HPV65	A--GGTC-G--G.....---TAG--A--C--C--G-A--T.	309
HPV48	A--C-T--A---.....---TCAAAG---G---C---TC	313
HPV50	A--TC--T-A--G.....---GCC---TG---AG-A--TC	310
HPV60	A--TC---A---TCTGGAATTCATCGCAACCTGTAGGAGGTTCGGTTA--T-TG--C--T--GA-GCC...	360

### degenerate E2 binding

-> site in HPV65 <-

most-likely	..ACAGTAAATCCAATTGACCCACAGCATCTTCTATTGTCCACTAACAGACTCTACAGGT...GCTGACCTT	384
HPV19	..--CC-G-----G-A--G-----TA-C--C-----T-----GG--T-----...T-----G	381
HPV25	..--TC-T-----G-G--A-----T-C--G-----C-----G---T-----...C-----	381
HPV20	..--CT-----GG-G--G--TT-TA-C-----T-----T-----A--C-----A...C-A--T---	384
HPV21	..--CT-----G-G--G-----A-T--C-----T-----C-----C...C-A--T--G	384
HPV14d	..--CT--G-----G-G--G--T--GA-C-----T-----C--G--T--C-----A...C-A-----	384
HPV5	..-----T--C--CG-G--A--T-----A--CG-G---T-----T--G--C-----C...--TT-A	384
HPV36	..--A-TG---TG-G--G--T-----G--CG-G--T--T--T--A--C--T--A...C---TT-A	384
HPV47	..--A-CGCA--TG-C--G--T--T--T--A--T-A-----T-----G--GT-T---...TT-A	384
HPV12	..--TA-CG---TG-G--G---T--T--C--GG-A--T--T--T--A--CT---CA...A---T--A	384
HPV8	..--TA-TG-C--TG-A--G--TT---TC--C--G--G-----C--T--A--T---A...C---A	384
HPV24	..--A--GCC--TG-----AG--T-G--A---A--T--T--T--T--A--AT-----...TA-----	384
HPV15	..-----C-CA-----G-----C--AG-----A--A---T--AGC-GC-C...-T-----	384
HPV17	..-----C-C-----G-----C--AG-----TA--A--C-----AGC-GT-C...-T-----A	384
HPV37	..-----C-C-----G-----C--CAG-----A--A--T-----AG--GT-C...-T-----	384
HPV9	..-----C-GA-----C--CAG-----A--GGC--T--AGC--T...-T-----	381
HPV22	..T-----CA-----TG-----C--A--C--A--GA--T-----AG--GT-CAGGT-----	387
HPV23	..T--A--GCA-----GA-----C--A--A--A--T--T-----AG--GGC-CAGCT-----	381
HPV38	..T---C-CA-----T-----C---A---GT--T---T---AG--GT-C...-T-----	384
HPV49	..--T--C-----T--A--AT-----A---G--G-----C--T--A--AGG...C---TT-G	381
HPV4	..G--A--G-C---...A-A---...G---G---T--GAG--TCTG--CATC...C-A--TG-C	369
HPV65	..GTT---C--T...GG--GT...-----G--G--T--TT--GAG--T-TA---T...C-A--AG-C	369
HPV48	CTGG--CGTCAT-T--A-T---TCTT...GT-GAGGGA-GG--TGAT-T-TCT-T--TT-CA...C-A--TGCA	381
HPV50	CCT-T-C-GC-T---A-TT--ATT...GTAGAAGGC-C---TGATGTT-GA-T-G---C...C-A--TG-C	378
HPV60	..-GT-CTTCCT-T---ATA---TTG...CAGGAGG-CC-G---GAG--CAC-AT--T--TAGGC-G---AGC	429

## L2 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	.....TTACCTGGTGAAGTG.....GAAACTATTGCAGAAATACATCCTGTACCTACAGATCC	437
HPV19	.....-A-----.....-C-----GG-G--C---AC----GTATA--	434
HPV25	.....-G-----G-----.....-G--A--C-----GG--GTT-TA--	434
HPV20	.....-----A-----.....A-GC--CT--AGG--	437
HPV21	.....-----A-----.....-GT--G--CAGG--	437
HPV14d	.....-G-----C--G-----.....GG-G-----GC--GT-TAGG--	437
HPV5	.....C-T--A-----A.....-A---T---C-----GAG-GG--	437
HPV36	.....C-T--A-----G-----.....-A--A--T---T-----TG--GA--GC--	437
HPV47	.....C-T--C-----T.....-A--C-----A-T--GA--G..	435
HPV12	.....C-T--A--A---T.....-G--A--A--T--G--TA-----TT-AGAG-GC..	435
HPV8	.....C-T--A--G---T.....-G--A---T---T---C-----GA--GC..	435
HPV24	.....-----A-A.....-A--A-----G-----A-----GT	434
HPV15	.....-----T-----.....-G--A-----A-----AA	434
HPV17	.....-CAC---T-----.....C-----G-----AA	437
HPV37	.....-AA---A-A.....-A-----G-G-----G--A-----CAA	437
HPV9	.....-----A-A.....-T-A---T--G---C--A-----AGTG--CAA	434
HPV22	.....-----T.....-G---C---A-T---CAA	440
HPV23	.....-C--CA-----CA.....GG-----AC---GT---C..	432
HPV38	.....-----A--G--T.....-G-T-----GC---T---C--	437
HPV49	.....C-----GAC-A-T.....-G-----G-GA-C---CC--A...--AT	431
HPV4	ACAGTAGATAGTGGAGATA-AA-A-G-A-A.....-GGGAG-C-A-TCTT...-G---C--AAGT---AT	434
HPV65	ACC.....ATAGATAGC--G--G-----G-GGAGG--GTCTT...-TCTGAG-T---GT	425
HPV48	.....GGT--A---AT--GA.....GTGAGGA-ATT---...-TATTACCTT--G-----	431
HPV50	.....GG-----CA-C--GT.....-G---GA-ATT---T--T--A--A--A...A--..	426
HPV60	.....GGT----ATTG-GTCAAGT---T-GA-AT--TTTC-G-A--AAG--A...--GT	485
most-likely	TCCAACTATT...GATACTCCTGTTGTTACAACAAGC.....AGAGGTTCCAGT.....	483
HPV19	CT----A.....C--A--GACC----TTCA.....T--G-T-----	477
HPV25	CT-C---.....C--C--G--GACA----TTCT.....-G---C.....	477
HPV20	A-----.....A--A--ACAT-T--T-C.....-T---T-----	480
HPV21	---C-----C--G-A--CAC---T-GT-CA.....AT---T-----	480
HPV14d	---T---.....C-----CACAA--T-GT-CA.....G---C-----	480
HPV5	AT--GTG.....C-----A-----C--T-----C-----	480
HPV36	AT--GT.....C-----G-----C-----CG-----	480
HPV47	..-G--A--C...-CT-C---A--C--C---CG.....C-----	480
HPV12	..-T--G-----T-A-----G-----C-----	480
HPV8	..-C--C-----T-A-----G--G--G-----A--G--A-----	480
HPV24	G--C--AT--.....A--A--G-----A--C--T-----	480
HPV15	-GT-GA-----.....GG-G-T.....C-G-A-----C.....	480
HPV17	-TT-GA-----C-----T--GG-G.....-G-A-----	483
HPV37	-TTGGA-----A-----GG-G.....C-G-A-----C.....	483
HPV9	-G-TGTAG-A.....A-----A--GA-G-TAG..A-----C--GTC.....	483
HPV22	-GTGGAAC-----C--A---T-A---T-TGGGGA.....CGTCAC.....	480
HPV23	.AT-GGA---.....A--A---AG-TGG-G---.....CGTGAC.....	471
HPV38	-AT-GAA-----C-----G-GTGG-G---.....C-CAA-A--A-----	483
HPV49	---T-GAG-----C--AT-----C-----C-----	477
HPV4	-T---ATCACAT--CC--ATATCA-A-GTC--TG-T.....GCTA-CAG-CACCCTACAATCATATCTGGCG	502
HPV65	-GTC---TCCTCA--CC--AT-TCA-A-GTC--TG-T.....-C-A--AG-CACCCTACAATAATATCTGGCG	493
HPV48	AG-----GTAGG--G-----GTGG-G-TCCACT-CTAT---T-CA.....	480
HPV50	.T-C--A-CA...---GT-GG--C---GGTGGT-GCCCCACTGTTACC--T-AC.....	477
HPV60	GGTCGG-G-----AACCAACAGT-TAT-C-----T-----	525

## L2 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	.....GCTGTTTTAGAAAGTTGCTCCAGAACCTACACCTCTACACGTGTCAGAGTTACACGAACA	543
HPV19	.....-----C-----GTT-----AT-----A-----T--C---	537
HPV25	.....--A-----G-----A-----G--C--C--G--AT-G--C-----GTG-C---	537
HPV20	.....--A--C---G--A--A-----A-----AG-T-----C-GC--C--C	540
HPV21	.....-----A--A-----G-----G-----C-----T-T-----T-----A--CA-----	540
HPV14d	.....--A-A-----A--A--G-----T--G--CT-----T--G--C--G---	540
HPV5	.....-----G-----C-----G--TT-----A-----G-----G--T--C---	540
HPV36	.....-----G-----G-----G--T-----A-----G--T--A-CT---T---	540
HPV47	.....-----C--G-----G-----GT--C-----T--A--G--TA-----	540
HPV12	.....--AA-A--G-----A-----C-----A-----T-----GG---C---	540
HPV8	.....--CA-----G--G-----T--G--A--C-----C-----T-----T---	540
HPV24	.....--CA-----A-----T--G-----T--A--G-----TC-T--C-GCA-----	540
HPV15	.....--A-----GATCCAG-...-----GT---AACA-----GT-T--C---	537
HPV17	.....-----G-----GATCCTAG-...--C--GT-A-AACA--G--GT-T-----	540
HPV37	.....-----G-----GATCCTAG-...--C--GTG--AACA-----T-CA-----	540
HPV9	.....--CA-----G--G--GACCC-AGC-...-----TG--AAC-C-T--G-----T	540
HPV22	.....--CA---G--G--GA--GAT-CTAA-...--C---TTTA-GCG--CG---C--G---	537
HPV23	.....--CA-----G--G--TAGATACTAA-...-----A--A--GT---T--A--A-----	528
HPV38	.....--A-A--G---G--GACCCT-A-...--A--C--TA-A-CT-CT---GCA---T	540
HPV49	.....--A--G--G-----CT-T-----C-----A--C--T--CAC---A--T-CA-----	537
HPV4	AGGATAACGCCATT--A--G-----T--GT-C--TAT-GAA-...-----C--AAACGG-T--CATTGGC---T	573
HPV65	AAGATAACGCCATT--A--CC---T--T-----AC-GAG-...--C---CAAACG--T--C-TT-G---T	564
HPV48	.....--AA-AAAGT--GACA--AT-AT-GA-...G--TTAC--A---C--C-AC-C-CAA-CAG	537
HPV50	.....--AA-AA--T-----A--GTTAT-GA-...G-A-AAC--AT--CACCTA-...-C--AG	531
HPV60	.....-A-AA-AC--TT-C-A-ATT---CAT-----AG-----CA...CC--G...A--A-	580
most-likely	CAATATCATAATCCATCTTTTCAAATA.....ATAACTGAATCTACA.....CCTACATAAGGTGAAT	601
HPV19	-----T--C-----.....T-----T-----A---C-G-----A	595
HPV25	-----A---GG-T.....-C-----G-TC-----A	595
HPV20	--G-----C---A-----.....A-----A---TG-G---A	598
HPV21	-----G-----.....A--T-----TAC---C---A	598
HPV14d	-----C--C-----G-----T--C---C-C-----CAC---A	598
HPV5	--G---C-----.....G-----T-----AG-C---G---	598
HPV36	-----C---T--C-----T.....T--A---A-----G--C--G---A	598
HPV47	-----C-----G---.....C-C-----A-----G-GC-G--C--GA	598
HPV12	--G--C-----TG-----T.....A--G--C-----G-TC-----A	598
HPV8	-----C--C--T-----C.....T--C-----C-----A--A	598
HPV24	----C-----G--A---T--T.....T--A-----A-GTC-----GA	598
HPV15	-----C---A-----T.....T-----G-----TTG-CT--C---	595
HPV17	--G---C--C---A---G-----T-----TT--CT--A---	598
HPV37	-----T-----.....TT-GC--A---	598
HPV9	----C-----G-----T.....TT---G-----TG-C-----	598
HPV22	-----TG---G---T.....TT-A--G-----ATT-AT-----	595
HPV23	-----G-----.....TT-A---C-----TCAC----GG	586
HPV38	-----A-----TG---C-----TT-----GTA-TC.....C-CT--A--G-	598
HPV49	--G--C-----C-----.....T-----CT-T-TG--A---	595
HPV4	AGGGGAGCCTCAG--A--CCA--TG--AG...TG-C-TATCTGGC---.....A-CGA--TC---C-G-	634
HPV65	AGGGGCGCA-CAT--A--ACCA--T---AG...TG---TATC-GGC--G.....A-CGA--TC---C-G-	625
HPV48	TTG-T-T-G--T-T-A-ACA---CTATCTTGCA---AC-GGTA-AC.....ATTT-T-AA-A-TG	601
HPV50	---TATTAT--GAC---AC-AT-GC-.....GC---TTTGAA---CAGATTAATC---T-----ATCC-GA	599
HPV60	T-----T-G-CC-T--AAG---GG-TCTG.AAGGTG---C-G-A-T.....A-ATTT-C--A-AT-A	643

## L2 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	CTTCTCTAGCAGATCATGTTTTTGTACTTTCAGGTTCTGGAGGACAAACAATAGGTGGT.....	660
HPV19	GC--CT-G--T-----A--C-G--C-----T---A--.....	654
HPV25	G--A--G--T-----CA---G-----T-----G-----T---C.....	654
HPV20	GC--AT---G-----A-AG-A--G--A--T-----G--C--G---T--G--G.....	657
HPV21	G---T-----A-A--A--A--A---GA---G-----T---G--C.....	657
HPV14d	G--AT-----CA--A-A--G-----C--T-----G-----T--T--A--C.....	657
HPV5	-G-----T-----C---G--G--A--G-----G--G--CG-----G---.....	657
HPV36	GC----T-----CA---A--G--A---G--C--G-----G-----G--C.....	657
HPV47	G-----T--T--C---A---G--C--C---G---T-----GG-----C---.....	657
HPV12	-A---T-G-----C--CA-CC-G--C--A--T--C--A---T---T---A--.....	657
HPV8	G-----C--CA---A--G---T---C-----C--G--T-----A--.....	657
HPV24	G--AT-GT---CG-AA-AA---CG-C--T---G-A--T-----T--G---C-T.....	657
HPV15	--G-A-----C--A---TT-GA---AG-----T---AT---C---TCTCGCAGTGTGCT	669
HPV17	-AG--A-G--G-----A--GTTCGA---T---T-----AC---A---.....	657
HPV37	--G--T---T--C-----A---TT-GA--CA-----AT-----.....	657
HPV9	---CT-----A--A-A---TT-GA--A---G--C--GCT-G-----CCTAGGGAA...TCA	669
HPV22	--A-A-CCT-T--C-----TT-GA--C--G-----TGT-CAGG---G-A--.....	654
HPV23	-A--C--T--T-----A---GTT-GA-----T--GCACG---A-CG.....	645
HPV38	-----T-----C--G--A--GT--GA--G---T--C--GCAG---A---.....	657
HPV49	--G-AT--A-T-----G-----AGT-----T--T--C-----A.....	654
HPV4	-A---GAT...CTGA---A---G-A-G-CACA-T-TC--CG-TT-C--T---TA.....	690
HPV65	---AGAC...CTAA---G-----A-G-CACA-T-TCT--G-TT-T--T--ATA-.....	681
HPV48	--AT-AGT-ATAC-A---G---AGA-C--TTA-T--C---G-G---T--G-AC.....	660
HPV50	-A-AAA--.AT-T-A---A--A---GACC-CA-C-T--C---G-C--TG---AC.....	657
HPV60	G-G--GC--ATTTAA---A---GA-C-TCAGGGA-C---G-T-G---A--TT.....	702
most-likely	.....GCTACAAC...GAAGAAATAGAATTA...CAAGAA.....TTTCTACTAG	701
HPV19	.....T--GGC-G-...-TTT-----C-T.....-C-	695
HPV25	.....A--G-C-G-...-CCT--T--C-...-G.....-C--C-	695
HPV20	.....ATG---C-...-CTT---GC-T...-G--T.....-C--AT-A--	698
HPV21	.....AG---C-...-CTC-----C-C...-G--C.....-T-	698
HPV14d	.....-C-...-CTT-----C-T...-G.....-A--AT---	698
HPV5	.....-A--T-...-CAT---T--G--G-G-...-A-----G---	698
HPV36	.....-A--TT---T-----T--C-T...-G-----C-----G---	698
HPV47	.....-A--T--A...-C----T--C-T...ACT--G.....-A-GC--	698
HPV12	.....-AC-T--A...-CATT--T-----G---...A-A--C-G---	698
HPV8	.....-AC-T--A...-T-TC-----C-G...-----G---	698
HPV24	.....T-----A-T-----C-G...-G--T.....-AT-A-A---	692
HPV15	TTGGAT--AG--CAG...--AGTT-T--A-G...--AC-...-GG---G---	716
HPV17	.....T-C-GG-A...-C--CC--T--TAC...GC-C-GGAGAGCTTTGAAATGCAATCC-GG---GC--	719
HPV37	.....T--CG--A...-C--ACT-----AC-GCT-----AGTTTTGAA...ATGCAAAGT-GG--G-G---	719
HPV9	TACACA--AT-TT-...-A-C-----G---	716
HPV22	.....-A-...-AGC--T---G...G-TACT.....-T---	692
HPV23	.....-TA...-G---T-----G-TAC-...-A---T-C--	683
HPV38	.....A-C-G--AGCA-----T--G--G...-GCCT.....-GTTAT---	701
HPV49	.....-T---C-A...-TT-----C-----GC--	695
HPV4	.....A-A.....-TCC---...G--CCG.....-GAACC-CTT	725
HPV65	.....A-A.....-TCCT---...G---G.....-GAA---T	716
HPV48	.....AAC.....-TTT...G---GA.....TACCC	681
HPV50	.....TACTTTTA-...-G---CCT--G...G--CGT.....AGA--T	695
HPV60	.....-GA.....-G---GGCCCT.....A--AA-CAGCC	737

## L2 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	ATATACATTTGAAATAGAAGAACCAACACCTCCACGAAGAACTAGTACACCAATTCAAAGAATAAAACATGCAT	775
HPV19	T---T-T-----G-----T-----CCA--G-----T-----C-T-G-AC-----	769
HPV25	C---T-----T-----C-----A-CA-G-----TC-----G--T-GGAC-----	769
HPV20	G---T-----G-----C-----TA-----C-----T-G-----C-TC--A--TG-	772
HPV21	---T-----T-G--G-----TA-----C-----TC--A--ATTA	772
HPV14d	---T-----C-----C--TA-----C-----T-A-----G--C-GACA--TA	772
HPV5	G-----T-----T-----CC-C-GC---T--T-G-C-C-C-ATC--TC--T-G	772
HPV36	-----T-----AT-----T--A--TA--C-T-GC--C-----TT-A--GGCC-C-CG-GC---G	772
HPV47	-----C-----C-----A-G--C-----T-A---CTG--GCCTC---G	772
HPV12	---CT-C-----G-----C--C--C-GCA--GC--C--T--C---G--G-C-C--ACCA-TG	772
HPV8	G---T-----G--T--T---T---A-----GCA--G--C-----T--G-G---CCTC--GTA-TTG	772
HPV24	---T-T-----AC-----A--A-GC-T-GC---C-----T-A---GCT-C---A---	766
HPV15	---C-GT-----C---GGT---A---.---T---C--T--TG-----GC-GT---AT-CC	787
HPV17	---GC-----T-----GGC-----T...---A---T--G---C-TGC-GT-G-AT--C	790
HPV37	G---GT-----GG-----T...---T---C-----G-A-----GC-GT---AT--C	790
HPV9	---GT-----T--GG-----T...C-G-----TG-C-----GC-GT---AT--	787
HPV22	---GT-----C--T-G--G---C---T--T--GT-----G-----C-GT--G-A--	766
HPV23	---T-C-----T--G--G-T---A-----C-----T-C---G-----GT--G-A--	757
HPV38	---GT-----T--G--G---A--G-----C--C--CT-A-----GC--G--ACAG-	775
HPV49	---T-----G---T---A--A--C-CT-----C---C-A-GC-AC--C-C---A--TG	769
HPV4	TC-AGA--C-----AGC--T.....---A-----CG-G-CGTTT---T-G---A	790
HPV65	CC-GCA-----ACC--T.....---A-----C-----CG-G-G-CT--TGG--G---T-	781
HPV48	T-GC-G-A--T---TTC--.TTTT.....---G...C-GGAA-----TG--A--CCTGGG-GGGG-TT-C	745
HPV50	TC-A--C-----C---TTT---G-----T...---CTGAA--C--G--C-CC---TT-GGT--TAGGTTTG	760
HPV60	TGC-CA-----T.....---C-T--C-----TGGGG-GG--T-TC--G--TTA	802
most-likely	TAAGA...CGAAGAAGAGCA...TTATATAATAGACGATTAGTACAACAAGTACCTGTAGAAGATCCTTTATTT	843
HPV19	-T-G...---GG--G...---ACA-----G--T-----G-----T-----CA---C	837
HPV25	---.---T--G--G...---ACA-----G--G---G-----C-----	837
HPV20	-C--G...---T--G--GC...C-TAC--C---A-----T-----G-----CA---A-----	840
HPV21	---G...A---GG-T-GCGGC-CACA-----G--T--G--T-----G--TAA---GA-----G---	843
HPV14d	---.---A-G--GG-T-GG...C-TACA-----G--C-----C-----TT-----A-C--C-----	840
HPV5	GCC-T...A-G--GG-TTCTCT--GAC-----T-----G--G---AA--G--CA---A--G---	843
HPV36	GT---.---G--G-T-TTCT--AC-----TC-----G--G-----A-----G---	843
HPV47	---G...---C-GG-CTTCTCA--ACA-----A---G-----G-----CA-----	843
HPV12	GCC-...---T--G---TGCCC--ACA-----A-GC-----G-AA--T--TA-----	843
HPV8	GT---.---T--G--TATTCT--ACA-----C-GA---G--G--GG---T--G-----G---	843
HPV24	-T...A--CA---T--...C-TACA---GA--C-GT-----G---T-----C-----G---	831
HPV15	-TTCTAGT-TT---G--T...---C-----GC-GACTG-----G-----AC---C-----C	858
HPV17	---TC-AGCTT-----T...---C-----GACTG-----TG-A--GAC-----AC-T---	861
HPV37	-CTCTAGTTT---C-G---...G-----GA---AC-G---G---G-A--CACG-----C	861
HPV9	--TCTAGT-TGC-T---T...C-----C---TC-TAC-G-----GG---GAC-----A-----	858
HPV22	-T---ACTTT-----C...---C--C---A---AC-G---G--C-AA--AG---C--C--G---	837
HPV23	-C--GAAC-T-C-T-----...C-G---C--G--C---AC-G---G--T-AA--A--A-C-----	828
HPV38	-TTC-TCATT-C-C-----...A-GC--ACTG-G-----GGG---CACT--C-----	846
HPV49	--G--AATTT-----T...C-----G--C-TACT-----AA--CC-G-----A---C	840
HPV4	--G--...A--GC-C-G-AT...---A-G...---T--G--A---ACTAGGA-C--AGCT--A	855
HPV65	-GGA...A--GCGC--AT...C-T---C---A---...G--G--GA--G-CACTAG-A---AGC-A-G	846
HPV48	G--C...C--GCTCA-AG...CT--C-G---TTT...A-GG---GTAC--AA-CC---C---GGA---	810
HPV50	-TTCT...A-GGC---AT...C-G--C-G-C---TTT...---TGC--GCAG--AA--TCT--G--AGAT---	825
HPV60	C--C...---GGC---G-A...---TTT...---G--G---CAG--AAC-C--A--AT-GAC--C	867



L2 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	TTAACTCAACCTTCTAGATTAGTACGATTTCAATTTGATAATCCTGCATTT...GAAGAAGAAGTTACACAAAT	914
HPV19	-----G-----A--G-----TTCT-----G-----...-----A-----	908
HPV25	--GT---G--A--AC-GC-----G---G---C---A-T---...--G-C-----	908
HPV20	--G--A-----G--C--G---G-----C--G-TT---...--G-----T-----	911
HPV21	G--T-CAGG-----G-AG-----C-----...-----G-----	914
HPV14d	----AAG--A-----C---G-A-----G-----A-----...--G-G---A-----	911
HPV5	C-----A---AG---T--T---GC-----TT---...--G-----G--TA-T--	914
HPV36	-----C---C---G--G--T---GCT---A-----...-----A-T--	914
HPV47	---G-----AGA-G--A---CTC-----C---A--T---...-----G---CA-T--	914
HPV12	A--GA-A-----AG-----C---TC-----C---T---...--G-G--TA-A--A-T--	914
HPV8	---T-AA-----C-A-----A-G--CAGT-----T---...--G-G--C--TA-T--	914
HPV24	-----A---A--G--TA---GC-----G---A--T---...--G---A-----GG-	902
HPV15	--GGGA-G---C--AC-C--G--G-A-----C---AA-----...-----A-----C	929
HPV17	---G-AGG---AC-C--G--C-A-----G--C-----C---...--G-----GC-	932
HPV37	--G-G-AG---C--ACA-----AG---G---C-----...-----A--T-----	932
HPV9	---G-AGG---C-T---T-A---G-----A-----...--T--G--C-----	929
HPV22	A-TCGATCC--G--C--GC-T--GA-----A-T--C...--T--G-----	908
HPV23	-----ACT--A---A-C-T--A-----TG---...--T---G--C-----	899
HPV38	--C--ATC---C-A--G--G--T--C-----C-----T---...--T--C---A---G--	917
HPV49	---CAA--G--C--AC-T---T--C---GCC-----TG---...-----	911
HPV4	C-G--A--G---CC-CGC-A--GT---GG-----A---C--C---...--T-CT--CA-C--T---C	926
HPV65	C--GGA--G---CC-CGC-A--GTT---GG-----A---C--C---...--C-CT--CA-C--T--G-	917
HPV48	C-T-G---G---C---G-G-AG---G-G-----A---C--C---...--TCC--TA--GTAT-CA	881
HPV50	--G-G-----CC-CC-T--T-AG---G--A-AGA---C--C---...--CCC--T--G-GC-T-TA	896
HPV60	--GGA-GT---CC-CGCT---A---G-----A---C--C---TTTA-T--T--G--G--TATGCA	941
most-likely	ATTTGAACAAGATTTAGAAGCTTTTGAAGAACCTCCAGATAGAGATTTTTAGATGTTGAAAAATTAGGTAGGC	988
HPV19	-----TAA---CGG--G--A--TA---G-----G---GC---CT-----	982
HPV25	T---G--G---A-T-A---C-G-G---T--C--G-----A--CGCTC-----A---	982
HPV20	-----CA---A-T--G--C---C---C-----G---C-G-GT---C---	985
HPV21	-----G-----A-T--TA---CA-T---A-----C-----A--A--C-C-T-----	988
HPV14d	-----A-T---A-T---A---A-T--G-----C-----C---GGC-G-----	985
HPV5	-----A-T---C-G--T-TC-----C-----C-T---AGGG---G--AC-T-	988
HPV36	-----T--G---T-----A---G---C-T---CC--CGG--G---C-T-	988
HPV47	T-----G---G-TA-CAGC-----C--G---C-T--A--A--C---G--CC-T-	988
HPV12	T-----G--C---A-A---G--G--A--T---G---CC-T--A--A--GC--A--C-A-	988
HPV8	-----G---G--CATGG-C--G--G-----C-T---CGGC-GC---GC-C-	988
HPV24	-----CC-T-C--G---T--G---TA-C-----A---C-G--C-G--A---	976
HPV15	T-----AG---G-T---A-----G-----GC-A--C-----A-TTCGCC---A---	1003
HPV17	G-----AG---A-T---AG-G--G-----T-----C-G-----TGCGCC---A---	1006
HPV37	-----GAGG-----G--G-A-----C-G---G---ATTTCGC-----A-	1006
HPV9	-----AG---C--AGTA--G---G--G-----GC-A-----AC--CGCC-TA-----	1003
HPV22	-----AG---G---CT--AG-A-----A---C--G-----A---G-C-T--A---	982
HPV23	-----AG---G-T-CT-AAG-G--G-----G--C-----A-A--C-G---A--A-	973
HPV38	-----G--G--CA---C--AC-----G-----A--C-----C-G---G---G-TT-----	991
HPV49	-----AGG--CG---C---G-A-----C-----C-----A-A-C-----A-CC-C-	985
HPV4	-----G-GG-----CAGG---C--C--G-----GCT--C--GC--CA-A-TC-CTA---GC-T-	1000
HPV65	-----G-GG--C--G--CAGG---C--C--G-----GCT-----GCT--A-A-TC-G-A---GC-T-	991
HPV48	G--CC-G-GT---G--A-TAGCC-A--G-CTG-G--A--CC--C---GCT--CA--CTT-T--A---	955
HPV50	C-----G-GG---G---GCC-CAGG-C-G-G---TTGCAG--A--GCT---A-TTT-T---C---	970
HPV60	G-----G-----GC---AGG-G-CT-C-G-G---CCAG-----GC-----CAGGG-----AC-AG	1015

## L2 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	CTCAATATTCTGAAACACCAGCAGGTTATGTTAGAGTAAGCAGACTAGGTAAACGAGCAACCATTTCGAACTCGT	1062
HPV19	-A-----A-----T-T----CA-C-----T--TC-C-----CC--A-GCG-----C-----C	1056
HPV25	-A-----T--G--T--C-----AC-G--C--TC-C--T--C--A--CGT-----C-----A	1056
HPV20	-----C--A----T--T-----GC-G--C--C-TGC---C-----AGG--T--CA-----	1059
HPV21	-----C--A----C--T-----C--G-----T--TC-T--T-----G--T-----T-----	1062
HPV14d	-C-----A-----T-----G--C-CC----T--TC-T--T--GC--A-GCGG--T--A--C-----	1059
HPV5	-A-----AC-----T-----G--A-----GT-G--G-CT---C--T---C-----C	1062
HPV36	-C-----AC---T--T---G-----G--G--T--T--T-----CT--T-----C--G--G	1062
HPV47	-----AC-----A-----G-----A-CT---GC-----C-----C	1062
HPV12	-----C--AC-----T--T--A-----G--C--T--G---C-CG--G-GT-----C--A---	1062
HPV8	-A----C---ACT-----T--C-----C-----T-----GT---C-C---T-GC-----C--A---	1062
HPV24	--AG--T-----GC-AG-----GT-----T-G---CGTA-----T---A---AA-G	1050
HPV15	--ACT-----CA-----GC-T---T---T---G---G--C--A--A---CA-A	1077
HPV17	--AC-----TCAG-----T-AC---C--T-----G-A---C-G-----T---C	1080
HPV37	--ACTGT-G-----CA--CG--T-A-----T---ACGT--T--T---C--T-----	1080
HPV9	--TT---A-A-----TCAG--A-----C-G--T--T-----CCG-A-----A-C--C--A---	1077
HPV22	--AT-CTAA-A---TG--A---CCG---C-T--C-----GT---GC---T---T-GC-GA-C--A--C	1056
HPV23	-ATT--TAA-A---T-CA-T-A---CCG-A-----T---T--GT---C--A-G--TT-----A--A--C	1047
HPV38	-AAC--TAA---GT-TG--AG--A-----G--TC-TT-G--A-G--G-G---G--C---A--C	1065
HPV49	---TT--C-----CAG--A-----C--G-----C-CT-----TA-G--TT-T---A---A---	1059
HPV4	-AAGG-T---A--G---GAT--T---C-AA-----T-----G--T--ACGC---GC--A--AAA---A-A	1074
HPV65	-AAG--T---C-G---GACA-T--GC-AA---A-T-----T--GCGC---G---T---AA---A-A	1065
HPV48	-G--CATG---CT---T---A---A-TA--C-----C-----A-T--ATCT---GTAT-A-A---CA-G	1029
HPV50	-AAG-GTA--CAGC--CT---A---ACAA-A-----T--T-----CCA---G--TT-AAC---A---	1044
HPV60	---GG-T--A-----T-T---AACAA-AC---C-----T---A-C-AA--G---A--GAA---A--A	1089
most-likely	AGTGGAGCACAAATAGGGTCTCAAGTACATTTTATAGAGATTTAAGTACTATTAATACAGAAGATCCTATAGA	1136
HPV19	TC-----G-----T--A-----T-----C-----C-----AG-CT-G	1130
HPV25	TC--G--T-----C--A---T-----C-----C--G--A---T-----T--	1130
HPV20	TC-----G--C-----C--C---G---G-----T--	1133
HPV21	TCA--A-----T--T---G--C-----C--G--CC-T--C--C---C---G--C---T--	1136
HPV14d	TC-----T-----T-----T-----C-----G--A--C-----T--	1133
HPV5	TC--T---G-----G-----C-----C-----C-T--CT-----T-----T--	1136
HPV36	TC--T-----A--G--G--C-----G--C--C---T-C-----T-----	1136
HPV47	TC--T-----T---G---C-----T---A---T--G---A---	1136
HPV12	TCC---T-----A--A--G--T-----C-----T---G--T-----C---T--	1136
HPV8	TC--T-----T---G--G-----C--G-----T-A--C-----	1136
HPV24	GCA--A-----AG-A-----A---C---T-----T---C-----T--	1124
HPV15	---T-----G-T--TG-----C-----G-----A--G--T-T...--AG-AT---	1148
HPV17	-----G---AG---G-----G-T--C--C--CG--T--...--G-CT---	1151
HPV37	-----GG-G--G--G-----AG--T-T...--G-CC---	1151
HPV9	----T-----GG-G--CG-A--G--T---C--C--G--C---C--C---C-----A-----	1151
HPV22	--C--C---GTG---TG--AG--G---C-T--C---A-T--C-----G-----G--C--T--	1130
HPV23	----A---GTG-T--T--A-GT---C--C---C-----C-----A-----	1121
HPV38	----TA-----A--A-----C-----G-----A-----A--CT---	1139
HPV49	-----TAC-G---G-----G-----C---C-T--C--A--CG--G---G--GT-----	1133
HPV4	----T-TG---T---CAGGCG--T-----TAC--CC-----A--AG---T-CT---G---T--	1148
HPV65	----TTG---T---TCAGGCT--G-----TAT--C--G---A--AG-C--T-CT---G-A--T--	1139
HPV48	----TT-ACT---CC--A-----A---TG---GTC-G-A--ATCA---...--AG-----	1100
HPV50	----TCTTTCTG-G--AC---G---C-----TG---GA---ACC-C---G---T-----	1118
HPV60	-----CT-ACT--T---TCAGA---T--C-----TTT---A-T---GA---CCAG-T-C---AA-C---C	1163

## L2 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	ACTACAATTATTAGGTCAGCATTCTGGTGATGCTACTATAGTTCAAGGTCCTGTAGAAAGCACATTTGTAGATA	1210
HPV19	G-----G-----C--T-A-----AA-AC-----A--A---	1204
HPV25	G---G-G-----G-----A-----C-TCAC-----T--C-----G	1204
HPV20	--G-G-G-G-----C-----A---T--C-----A-----T---T---	1207
HPV21	--T-----G--G-----C-----A--T--C--G-----A--T-----A-T---	1210
HPV14d	G--T-----G-----G-----T--C-----A--T-----C-----	1207
HPV5	-T-----C--A---A-----C--C--A---T-----A-----	1210
HPV36	-T-G--G--G--G--G--A---G--G-----G-----C---G-----A---CG	1210
HPV47	-----GC-T---G-----A-----T-----A-----	1210
HPV12	G-----C--A---A-----A--C---G---CA---T---T-----	1210
HPV8	---C---C-----A-----G--T---A-----A--G-----G-----T-----A--G	1210
HPV24	GT-GG-TC-T---G-----G-----A-----T--GA-----A-----	1198
HPV15	-A-G-----C---AG-A---A-----AG--C--T---G-C---A-G---TT---A-----	1222
HPV17	-A-G--G---G--GG-A-----CA---C-----G-----TT-C-----C---	1225
HPV37	-A-G-----AG-A---A-----A-----A-----TT---T---T-----	1225
HPV9	-A-G-----G--GG-A--C--A---CAG--C---A---A--T---TT--A---T--G	1225
HPV22	-T-G-----G-----C--CAGCT--G---A---AA--AT-T-----A-AT-G---G	1204
HPV23	-T-G-----CG-----A---AT-AG-TA--G-G-AA---C-GC-----TG-AA---	1195
HPV38	-A-G--G---G--G---A-----T-A--T--A-----T--A--G---G	1213
HPV49	GT--TC-C-----GG-A-----T--C---C--A-----T-----T	1207
HPV4	-T--TCTACT-----A---A--A--ACAA-GC--T--G-T-C-ATGA-----GC--AA---C	1222
HPV65	G--TCTAC-C-T-----A--A--ACAA-GC--T--AG-T-CAATGA---G---GT--C---C	1213
HPV48	-T-G---ACC--T-CAG-TTC-GGACA--T-CAC--A-----G-T-A-TTCT--TC-GTT--TGC-T---G	1174
HPV50	GT-G--TAC---AACGTTACAC-ACAAACAAG--A--T--AG-T-A-ATAT---C--CA--TACAT-T---G	1192
HPV60	---AG-AC-----CG--TC--CCAC--TT-T--GC--AG-TAA-AT-ACT---T---A-A-TA--T	1237
most-likely	TTAATATTGATGAAAAT.....CCTTTAGCTGAAGATATT.....	1245
HPV19	-----A-----TA-AGT.....	1242
HPV25	---G-A-----A-----T--AGT.....	1242
HPV20	-C---G-A-----C.....AC-TT-A...--A--C.....	1239
HPV21	---CG-----C.....C-TT-----T-----	1245
HPV14d	-A---G-A-----AC-TT---G--T-----	1242
HPV5	-GG-----TC-----A--T---AGC-----	1245
HPV36	-A---G-GTC-----GT---AG-G-G.....	1245
HPV47	-GG-C---C-----C.....T---ACA--A.....	1245
HPV12	-GG-C---A-CG--G-----GT---AG-----	1245
HPV8	--G---TC-----T---AG-----	1245
HPV24	C-----A--G-----C--A--GGAGTTGGAA	1242
HPV15	-A-----GCC-GATTCAATTACATGTGGGCTACAGGACAGTA--GA---A--T--C-----	1287
HPV17	-----CCAGGGCCTTTGAATGTAGGCATCCAAGAATCA--AC-G---CAC--AGAA.....	1293
HPV37	-A-----CCAGGTCCTTTAAATATAGGGCAACAAGAGTCTA--A-G--A--T--C-CA.....	1290
HPV9	-----CC-GATGGTTTGGAGGTGGGAAGACAGGAAACC---CT-T-----G-G.....	1290
HPV22	-C-----CA-C-TA.....GA-AG-TTG---CAAACATAGCA	1248
HPV23	-G--CT-A---TGT-GAGGC.....TATT-AGGATA--AT---C-GCA.....	1242
HPV38	-A---G-GAC---GGT-----GA-G--TTCT--CAGAACTTCT	1257
HPV49	-A---G--C-G--CTG.....CA--TAAT---AG-AGACCCA...	1248
HPV4	C-TT-----TG.....CGATC--	1242
HPV65	CCTT-----C-----GATC--	1233
HPV48	A-CCA.....C-----ATA.....A.....	1197
HPV50	A-CC-----C-----T-C--TT-----	1212
HPV60	-A-C-----C-----A-AAAT-AA.....	1257

## L2 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	.....GATGCTAATTCTGATGATTTACTATTAGATGAAGCTATAGAAGATTTTAGTGGGTCTCA	1304
HPV19	.....ATTAC-----C--A--A-----G--T-----ACAG-----C-----A--	1304
HPV25	.....ATTTC---AC-C-----T--G-----AT-----T--C--	1304
HPV20	.....AG--AT-----T-----AT-----C-----C-----	1298
HPV21	.....AG--AC----A-----TC-----G--A-AT-----T--C--	1304
HPV14d	.....AG--AC-----C--G--T-----AT-----C-----C-----	1301
HPV5	.....--A--AT---AC-----T-----A-GG-G-----C-----	1304
HPV36	.....--A--CTT-----T-GC-G-----G-G-G-----A--	1304
HPV47	.....-----TCA--A-----T--G---GA--G-G-G-----C--	1304
HPV12	.....--G--C-----CC--T--C-T-----G-G-G-----C-----A--	1304
HPV8	.....C-G--ATT--A-----C-G-----A--G-----G-----C--	1304
HPV24	ATTGATACTTATCCT--A--C---ATT---GCTT-G-----A-C--C-----T--A--	1316
HPV15	.....--TAC-----C--C-T-T---A--TAA-----T-----	1346
HPV17	.....GAA--TTC-----CA----GT--C-G--A--T--G---T--C-----	1355
HPV37	.....--TT-----CA---T-G---G--T--G-----C--CTCA--A-----	1349
HPV9	.....--TT-----A--C---G---G--G-G-----C-----	1349
HPV22	GA...AACATCTGTA--CTA-G-----C-----GT-----CA-C-G-G-G--G--C-----A--A--	1319
HPV23	.....GAT--TA---C---CA--C-TT---G--CA-T--A--T---A---A-AAT-----	1304
HPV38	AT...GGATCCAGATAC-TT-----A--G-----T--C-G---T-----C--C--C--A-----	1328
HPV49	.....GAACCTAC-TTCC-C-----G--C-G---GCAA-AT-----TC--C--C--	1313
HPV4	.....AC-TT--CAGAA--AC-ACAG--T-----CC-CT--C-----CA--A--	1301
HPV65	.....ACATAC-CAGAA--GC-ACAG--TC---CCCCT--C---G-----CAAC--	1292
HPV48	.....A--TA--CAGAA-----T-----CCTTTAC-T---A-C---A-AAT--A--	1253
HPV50	.....ACACAGTT-AA--A--G--T--AC--C--T-T-GA-C-TA-----CA-A-----	1271
HPV60	.....-GCCTA-TAC---CA--A---GAG-----TT--C---A-C---A-AATG-A--	1316
most-likely	GTTAGTTATTGGTAAT...CGAAGAAGTACAACCTTCATATACTGTTCTCCTAGATTTGAAACTACTAGAAACTTT	1375
HPV19	-----AG-----GGG...--CC-TTC---TT-CA-----A-----CCA-----A--GTC-GGA-	1375
HPV25	---G---G-G---GG-...--GC-CTCC--TT--A-T--C---G---C-TG-----AC-CTC-G-A-	1375
HPV20	-----G-A--GGGA...A-GC-TTC---T--A---C-----CAC-----TC--GC-	1369
HPV21	A----GG---AGGC...--CC-CTCC--TT---T-----AC-T-----TC-GG--	1375
HPV14d	A-----G-G-----...--C-CTCA--T-----C--C--C-T-----A--C--TC-GGG-	1372
HPV5	-C-G---A-----...--G--C---AC--T--C-----G-----A-----GG--	1375
HPV36	A-----A-----...A-----C-----T--C-----C-----G-G-GG--	1375
HPV47	A----A----A---...--G-----A-----C-----G-----G--G--	1375
HPV12	A-----A--C...A--C-C--C---A---C---G--CC-T-----A--G-GC-G--	1375
HPV8	AC-G--A--A-----...A-----T-----A-----A--A--G-GGC-	1375
HPV24	-----A--C---...A-----TCC--T--A-----T-CC-A-----T---	1387
HPV15	T--G--GT---C---ACA--GC-C--C--T--AA-----A--A-----T-AC-----G	1420
HPV17	-C-G--AT---C---CCT--CC-C--C---A--TGTA---C--CC-G-----AC---GG-C--G	1429
HPV37	--G--T---A--CCTCA--CC-C-----A---TATC--AA-A-----C-A--G---G	1423
HPV9	-C---CG---C-CA...--CC-C-----A-A---TA--A--G--AC-C-----C-A--GG-C--A	1420
HPV22	A--G--A--A---CC-TCAGAT---TCACTTC-A--TAT-----ACA-----T-CC---G-A--CA	1393
HPV23	A----GT---C--C-TCTGAT---TC-T-GT--G---T--A-A--AC-G---T-CC---G-A--AA	1378
HPV38	-----G-A--A-C-CCA--C---TCC--T--G---ATC-----A-----C-G---C-CA---C--A	1402
HPV49	-----TA---G...G-C--GC--T-T-CA---T-----A--CC-C--CTCT---C-C---TC-GA-A	1384
HPV4	C--G--GC--AC--G...A-C--C--GGG--A---T---A-A---C-A-ACC-C--GGATT-GG-CT-A	1372
HPV65	C--G---T-AAC--GC...A-T--C--GG-T-----TC-G-A-C--C-CTA--CCTC--GG-TT-GGCTTGA	1363
HPV48	TA-TACAG-ACAAGGGTTGATGAGGAAGG-GAAA--GT-G--C---A-TTCC-TC--T-----ATTC-T-CA	1327
HPV50	T-----ACCAGC...ACT--T-A-G--AA-G-C-C-GCAA-AAATAT-A-T--TT--AG-A-T--T-C-	1341
HPV60	-C-GA-AT---CA-CA...AT-GATGAAGG-GAA---TATG-TCA-G--C-C-A--CCTC-AGG-GT-GC-TTAA	1387

## L2 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	CTTTTTATGTACAAGATATACAAGGTTAT.TAT.....GTAGCATATCCTGAATCTAGAGATACT...ACAGA	1439
HPV19	-A-A---AC-----C-CTA---C---.-----T-----GA---AG---AGT-AG--	1442
HPV25	-A-A---ACC-----T--G--A--C.-----GT-C-----GGA-----AGT-AG--	1442
HPV20	---AC-----C-A-G--G---.-----GA-----GT-AGT-AG--	1436
HPV21	---A---C--G--G--C-CCA-G--C---.-----C-----GA-C---C---AGT-AG--	1442
HPV14d	-A-A---C---G---C-A-----T-----GGA---G---C-T-AGC-TG--	1439
HPV5	-A-AC---AC-----C-C-A-G--A---.-----T-----A--G--AC-TA---A...G---	1439
HPV36	---A-----C--G--C-GTA---A---.-----T-----C--A-----C-CA---A...G---	1439
HPV47	-C-A-----T-----C-C-G-T-----T-T-C--A--G--AC-G--C---.TT--	1439
HPV12	---A-----G-----C-----G-T-----CA---A---.G---	1439
HPV8	---A-----G-----C-CTA-----G-T-----AG-C-CA---A...GAG--	1439
HPV24	---A-----G---T-G--G--A---.-----C-----C---AA...T---	1451
HPV15	GG-----CA-----G-G--T--G---A.....C---G--G--CC-T-----C--	1484
HPV17	GC-----CA---T--C-CT--G--A--C.ACA.....A--G--AC-T--C--C...T--	1493
HPV37	GA-----A-----T-----C.A.....C-----G--AC-T--C--A...C--	1487
HPV9	G-----A-T--G-----C--C.ACA.....GT-C---C--G---C-A--C...C--	1484
HPV22	T-G-G---CA-----C---G-G---A..ACA.....T-T-----A---A-GA---A-GG...C--AC	1457
HPV23	T-G-A---T-----G---A---.C-G.....ATT-----GGC-C-C---A-GG...C--AC	1442
HPV38	-CA-A---TAT--G-----G--G---C.....TT-----C--AGC---A-GA...C-C-C	1466
HPV49	-C-----T-GG-----GC.....GT-----CGA--GA--TA...C---	1448
HPV4	GAA-----G-T---G--GGTTC-G---TATT...T--TT-C---A-----TA-TA...C-T-C	1439
HPV65	GAA-----TG-T---G--GGCTCCG--TATT...T--T-T--C--A--A---T--TA...C-T-C	1430
HPV48	AAAC--T--TAC--C--TGC--AAA.....GTCTG-T-G-AA-TGA--C-----GTCT	1385
HPV50	---AC-G--GG--T--AT-CAGGT-AC--A-C.....ACTA--TAT-A--T-A--ATAT-TTA...GAT-C	1406
HPV60	AG--A-T-A-T-C---A--GCT-CAAGC.GTGTTAAAT--G-TTC---TCT--GAGTGG.....TAT	1454
most-likely	TATAATTTATCCTACA...CCTGATATACCTGTTGTAATTA...TACACACATATGATACT...AGTGGT.GAC	1503
HPV19	-----C-TG...-----CT-G---G-T-----T-----C--C...-----T	1506
HPV25	C--T---C---TG...-----CC-C--G--G--C---.-----C--C...-----T	1506
HPV20	C--T-----AT...--A--T---A--G--C---.-----T-----C--A...-----A--T	1500
HPV21	-----C---A---.---A--T-G--A-----C...-----T-----A...C---.T	1506
HPV14d	---T-----C...--A--GT-G-----C---.-----T-----A...-----T	1503
HPV5	A--C-----T-----A--C---.-----C-TC---C-G---CA--G---.	1503
HPV36	A-----A---GG-A...-----TC---C-A...CA---.	1503
HPV47	---T---C---.-----AT-----A-TG-C...-T---CC---C-A...TC--A---	1503
HPV12	A--C-----A---.---A-----G--G---.-----T---C-----A...-----.	1503
HPV8	A-----C-----C-T--G--G---A...-C-----C-----AC...-----.	1503
HPV24	AC-T-----CT--...--CACAT-----CA--TG-C...-----T--G-A---G...-----G---	1515
HPV15	A-----A-TA--ACA...T---C-CG--AAC---G---.---A-TTTG-A--GG-A...G---A---	1548
HPV17	A-----CT---ACAT...-----C---AAC---G-A...-TA-ATTGCA--AG-A...G-A--CA--T	1558
HPV37	AG-T--C-TG--ACA...-----A-C---AAC---G---.---TAGATTTGGA--GG-A...G--ACA---	1551
HPV9	-----T---ACAT...-----C-CC--CACA--G-A...-C---TCA-----A...TCA--A--T	1548
HPV22	---T--A-TA-----CTCGGGG---C-A---C...A-TCAC-TACAC--T-C...TCCTT---	1521
HPV23	-----A-T---CTT...--AG-GCC---C---G-C...-----TG--C-AG...TC-TT---T	1506
HPV38	C--T-----C-----T---ACA---G---.-----TGTTC---T-C...TC--A--T	1530
HPV49	A--T-----CA...-C---T-G--AAC-----A...-T--T--TGCA---C...TC--G---	1512
HPV4	-GG-GG--TA--A--TGAG--ATT-G-T--C-A-A-CCAG...CTTTGTT--C---TATTT--ACG.--T	1509
HPV65	GGG-GGC-TA---TGAG---TT--CC--GT-A-AGCC-C...C-TTTTTT-CA--GTT-TAC---TC---	1500
HPV48	-T---CCCCAG-A-GC...A--AT-G-----C-A-T-A-TGGT-C-CTTT--T-----G...TACTCA---	1452
HPV50	ATCCT-GATAGTA-A...T-AA--G-TT---AACAGCCCC...TTTTGTT-TA--TA...TCA...-T	1467
HPV60	-T-G---CC-AA-GTT...--A--GA-AT-A--CAGCC-G...CTATGG--GTA---GT...TA--A---	1518

## L2 SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

```

most-likely TTTTATTACATCCTAGTCTT...CAAAGGCGCAAACGAAAACGA...AAATATTTGTAA      1557
HPV19      -----C-----C--C---CGCA-GC-ATT-----T...-----A---      1563
HPV25      -----G-----C-----GACTAC-----G--C---A-...-----A---      1563
HPV20      -----A-----A-----ACTA---ATTA---A---A-G...-----      1557
HPV21      -----C-----G-----AGCAG--AATTT--GA---G-A-G...-----      1563
HPV14d     -----CC-G-----CACACA---A-T---A-----...-----      1560
HPV5       -----C-----...-C-----T---A-...-----G-      1557
HPV36      -----...-G-T-----T---A-...-----G-      1557
HPV47      -----C-----...AG-----T-G--T---A-...-----G-      1557
HPV12      -----C--G...-GG-----G--T---A-...-----G-      1557
HPV8       --C-TC-----C---...-GC--A-----T---A-...-----G-      1557
HPV24      -----T-ATTG-----G---C-----...-----G-      1572
HPV15      -A-----A--CT-A...A---CA--T-----C...-----      1602
HPV17      -----C-----...-----      1575
HPV37      -A-----CT-A...A---A-AAA--GA-----C...-----A---      1605
HPV9       -A-----C-A-----C...-AAA-----C---C...-----A---      1602
HPV22      -A-----CT-G...-G---AAA-----C---C...-----A---      1575
HPV23      -A--C-----C--CT-A...AG--A-AAA-GG--C-----C...-----A---      1560
HPV38      -----C--T-A...-G-T---ACGG--C---C...-----A---      1584
HPV49      --C-----A--C---...-GC-----A-----T-----C...-CT-----A-G-      1566
HPV4       --GTA-AT-G-----T-A...T-TC-CAAG-----G-----TTAG--ATG--T---      1566
HPV65      --GTA-AT-G-----T-G...T-TC-CAAG-----TCAG-TATA--T---      1557
HPV48      ---GC---G---CTT-T--ATT-C-C-TAAG-----CGCTT...G-TATCC-T---      1509
HPV50      -A-G-----AG-----...-TTCCAAAA-G-A--CGCAT...G-T-----T---      1521
HPV60      -----CA---CTTAGGC-A-----GTTGG-T-T---T---      1578

```

## L2 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

SuperC.con	ATGa?t?????????aa??GaGT?.....	11
GroupC1.con	ATGAGT.....GCACGAAAAAG?GT?.....	19
BPV1	-----A--A.....	21
BPV2	-----G--G.....	21
GroupC2.con	ATG?C?CC????.....??GCG?GT?.....	11
EEPV	---G--T.....CG---A--A.....	18
DPV	---C-A--ATTA.....AA--T--G.....	21
SuperD.con	ATGGTT.....CGTGCAGCAAGACGA.....	21
BPV4	-----.....	21
SuperE.con	ATGgtt.....??ac??cg?aga???	13
HPV41	---C---GCTAGG-AA--GGTT.....	21
COPV	---CA.....TTGATCA-G-A.....	18
CRPV	-----GC--GGTCAC--AAA.....	21
ROPV	----G.....CT--GCACGC-CAAG.....	21
GroupE1.con	ATGT??.....?G??TACGTA?A.....	12
HPV1a	---AT.....C--CC-----G-.....	18
HPV63	---TA.....A-AG-----A-.....	18
Unclass.con	ATGTCT.....AGAAGGAGAAAGCGACATACAGAGTC.....	33
MnPV	-----.....	33
SuperC.con	.....AA?CGTGCaAaTg?cTATGACCTgTAcAGCaTGCAAGca?gcg??ggcaccTgTCCaC	66
GroupC1.con	.....AAACGTGC?A?TG?CTATGACCTGTACAGGAC?TGCAAGCAAGCG...GGCAC?TGTCAC	72
BPV1	.....-C-G--C-----A-----A-----	79
BPV2	.....-A-A--T-----T-----C-----	79
GroupC2.con	.....AAGCGTGCAAAT??TATGA?CT?TA??G?AC?TGCAAG?G?????????TG?CC?C	47
EEPV	.....-GTC-----C--G--TC-C--A-----CA-GCA...GGCACC--T--T-	76
DPV	.....-CCA-----T--C--CA-G--G-----AG-TGGAAG.....-C--A-	76
SuperD.con	.....AAACGTGCGTCTGAGGATGATTTGTACAGAGGGTGCAGAATGGGG...CAAGACTGCCCTA	79
BPV4	.....-----.....	79
SuperE.con	.....?gacGcGcTgctCCacAaGAtaTtTAtcctgCaTGcAAa?tatC???aaCa?tTgCC?c	66
HPV41	.....AA-----AA---TG--C--AC--G---AAGA-----GC-A-GGGGGG-GA---T--A-	82
COPV	.....A-----A--C--T-----A--C-----T--T---G-G--C...---C-----CG	76
CRPV	.....C-CA-G-----A-----C-----AA-----A-TG-T...GG--A-----AG	79
ROPV	.....C-CA-A-----C-----A-----T...---CA--T--C-	79
TATA box for HPV1a		
-> <-		
GroupE1.con	.....??ACG?GCTGC?CC??AAGATAT?TA?CC??C?TG?AA??T??CA...AACAA??TGCCC?C	51
HPV1a	.....AA---C-----C--CA-----A--C--CT-A--C--AA-AT--...---CC-----A-	76
HPV63	.....CG---A-----T--AC-----T--T--TG-T--T--GG-TG--...---AT-----C-	76
Unclass.con	.....CCTCGTGA CTGCGCCACTCACATATATCAAACATGTAAGCAGGCA...GGCACATGTCCGC	91
MnPV	.....-----.....	91
SuperC.con	c?gatgtgaTaCctAAGGT?GAaGga?A?ActaTaGCaGa?AA?attTtgaattt...GGa?Gt?T?G?a?T	125
GroupC1.con	CAGATGTGATAC??AAGGTAGAAGG?GA?ACTATAGCAGA?AA?ATTTT?AAATT?...GG?GG?CTTGCAAT	132
BPV1	-----GA-----A--T-----T--A-----G-----T...--G--T-----	149
BPV2	-----CT-----T--C-----C--G-----A-----A...--A--G-----	149
GroupC2.con	?G?????T?C??AAGGTGGA?GG?AA?AC??T?GC?GA?AA??T?????...GG?AG?ATGGG?GT	83
EEPV	C-GATGTGA-A-CT-----A--G--G--GA-A--A--C--GATA-TGCAGTAT...--A--C-----C--	146
DPV	T-ATGTCAT-C-TG-----G--A--A--TG-T--T--T--ATAC-GCAGTATG...--C--T-----T--	146
SuperD.con	TTGACATCAAAAACAAATATGAACACAACACATTAGCTGACAGAATTTTGAAGTGG...GTCAGCTCTTTCTT	149
BPV4	-----.....	149

## L2 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

		E5 end for HPV41 <-	
	poly-A signal for HPV41	poly-A signal for HPV41	
	-> <-	-> <-	
SuperE.con	CtGA?ATtc??Aataaa?ttGA?cAaA?aCa?ttGcTgAtAaaATttTacA?TAT...GG?AGTcttGGagT		127
HPV41	-C--TG--ATT--ACGCTA---G---CT---CC-----GT--A---A-G---...--G---G-A--G--		152
COPV	----T---TTG-----A-G--G---AT--GC---A-----CC-CA-A---...--T---GC---T--		146
CRPV	----C--A-AG-----T---AA-C-A---A---A-----C-G--G---...--C--C-----T--		149
ROPV	-A--C---ATT-----TA---AA-T-A---G-G---C-G-----G---...--A-----		149
	poly-A signal		
	-> <-		
GroupE1.con	CTGA?AT?CAAATAAAATGA?CA?ACAACA?TTGCTGA?AA?AT?TT?CAATAT...GG?AGT?TGGGA?T		109
HPV1a	----C--T-----G--T-----A-----T--A--A--G-----...--C---C-----G-		146
HPV63	----T--A-----A--A-----G-----C--G--T--A-----...--G---T-----A-		146
Unclass.con	CTGATGTAGTTAATAAAGTTGAAGGCACAACCACAGCTGATAAGATTCTTCAATAT...GGCGGGCGGCTGT		161
MnPV	-----		161
SuperC.con	tTA?Tt?gGggg?ctAgg?attggaaca?GgtcT??agga?agtg?gc?G?aGG????t??CC?a?g?????		172
GroupC1.con	?TA?TT?GG?GG?CTAGG?AT?GGAACATGGTCTAC?GGAAG?GT?GCTGCAGG?GGATCACC?AGGTA??A		190
BPV1	C--C--A--A--G-----A--A-----T-----G--T-----T-----A-----CAC-		222
BPV2	T--T--G--G--C-----T--T-----A-----A--G-----A-----T-----TGT-		222
GroupC2.con	?TA?T??G?????A????T?????GG??TGG????CCA????AGG?GG?TAT?TTCC??T?.....		110
EEPV	T--T--TAG--CGCCT--GGCAT--GGAACA--TTC---AAAG---GGAAC---A--C---A---AC--C.....		213
DPV	A--C--GGC--GCTGGC--TTGCA-.....--GAG---CCGC---ACCCA---T--G---G---TT--G.....		207
		putative enhancer for BPV4	
		-> <-	
SuperD.con	GTACTTTGGACAATTAGGTATAAGCAGTGGTAAAGGTACAGGGGGTCCACAGGCTACACACCATTGGGTGGC		222
BPV4	-----		222
		E5 end for CRPV <-	
SuperE.con	tTtctT?GGaGgT?TgGgAATtggtAc?GgcagaGgT?c?GGtGGc?ga?ttggttatactcc?tt?gg????		187
HPV41	-----T--C---C---C---C---A--AC-T---GGC-----AC-G-G.....		204
COPV	---T--G--G---C-A---ATCA--A---A---GGTA--G--GC-CACA-----C-T---T--G--AGGA		219
CRPV	-----T-----AC-T---CA---GT-C-G---T-T--G--TC--C-A--G--C--C--A--ATCT...		219
ROPV	G-A---T--G---T-----A-----T--A--CT--GT-G-----A--GG-----GT---C--G--AGGC		222
GroupE1.con	?TT??TGGGAGGTTTGGG?AT?TGG?AC?G?CA??G??G??G??G??G??TGGTTATAC?CC?CT?GG?...		156
HPV1a	T--TT-----C---A--A--C--GA--CTCT--A--AA--AAT-----T--C--C--T...		216
HPV63	A--CC-----T-----T--T--G--AG--TGGG--T--CC--GTA-----A--T--A--G...		216
Unclass.con	ATTCCCTCGGTGGCCTTGGTATTGGTACAGGTAGGGGAAGTGGTGGTGAACAGGGTATGTACCGGTCCGC...		231
MnPV	-----		231
SuperC.con	?????aGa??ag?tGGgTcCaCtaCatc?CTt?Ca??cataggatocagggctg?tacagc?a?t?cc????		224
GroupC1.con	CC??T??GAAC??C?GG?TCCAC??CA??CT?GCATC??TAGGATCCAG?GCTG??CAGC?????C??C		234
BPV1	--AC--CC---AG-A--G---AT--TCG--T---AA-----A---TAA---AGGGAC--CGC-		295
BPV2	--CT-AA---CT-T--A---TA--AGC--G---TG-----G---GTG---CACTGG--ACT-		295
GroupC2.con	.....AG?GG?GG?GG?TC??C?AC?TC?CT?TC?AGC????????????????????????????...A		133
EEPV	.....--A--T--G--C--TA-C--T--A--A--A---.....		247
DPV	.....--G--A--T--G--CT-T--A--T--T---AGGGGAAGTGGGTCTCTACATCTATTCT...		271
SuperD.con	AGAGGAGGAGGTGGAGTAACCTCTGGGAAAGGAGCAAATGTTGTT...AGACCCACTGTTATTGTGGATGCAT		292
BPV4	-----		292
SuperE.con	??ga?ggtGtgggGtgggaGttgg?gca?g?g?aca?ca???.aGaCctaC?aTacCtataga?actg		242
HPV41	.....CT---G-CT-G--C-----G-G.....C-C--GT-C---T-C-GT-GTG-AA		253
COPV	ACA--A...A---A---T--A--CA--A-G-TC--A--ATA.....TG-C--A---AGC-G--		286
CRPV	.....--A--G---GAC-T--CATA--GCA-CCC--GT.....C-C---A-A-C---AT---		280
ROPV	TCATCA--C--AC---A-T--G---CT-TGCT-TA.....AC-T--C---C---C---		283
GroupE1.con	...GA??GTGGTG?GGT??GAGTTG?T??G??G??AC?CC?GTA...AG?CC?ACA?TACCTGTGGA?AC?G		202
HPV1a	...--GG-----G---TA-----C--ACTC--TCCA--T--A-----G--T---A-----A--A-		283
HPV63	...--CA-----C---GC-----G--GGCA--AAGT--A--T-----A--A--G-----G--T-		283



L2 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

Unclass.con	...GAGACACCTGGTATTTCCGTGGGTGCAAGACCAGTTCCT.....CGACCTAATGTGCCCTTAGAAACTG	295
MnPV	.....	295
SuperC.con	gc????ttgctg?GGgATtCC?tTaGa?.....ACccTaGAAactaTtGGgGcTtTtCgtCC	274
GroupC1.con	?CAG?A?????C?GG?AT?CC??T?GAC.....ACCCT?GAAACT?TTGGGGC??T?CGTCC	273
BPV1	C---T-TAGGTG-G--C--T--TT-A-----T-----C-----CT-G-----	353
BPV2	GG--C-GCATCA-A--A--C--CC-T-----A-----A-----TC-T-----	353
GroupC2.con	??CC?TTTGCTGG?GGGAT?CC?TT?GAA.....AC??T?GAA??T?GG?GC?TT?CG?CC	172
EEPV	AA--T-----G-----A--C--A-----CT-A--GGGA-A--G--A--C--G--	305
DPV	GG--C-----A-----T--T--G-----GC-G--ACAG-G--T--T--T--C--	329
SuperD.con	TAGGTCTACTGGG...GTTCTATTGAT.....CCTGCAGTCCCA.....GATAG	335
BPV4	-----	335
SuperE.con	TaGG?cCtcg?GataT?tT?Cct?taGat.....gc?g????gctgta??tcCt?taGt?cc	285
HPV41	-T--T--C--G----T--G--AA-T--A.....T-A-GGGGGC--TC-CTGG-AGAG-AAAT	311
COPV	-G--GT--CT--CT-TA-T--G-----A-TAGACC--C--GGG--GC--CAT	344
CRPV	---C---TA-----AG-G---GAG-TA.....T-ATCCT-GG-GTCC-A--C---GT-	338
ROPV	---T---TTA--AG-AA-C---GA--CG.....TT-ACCC--A-GTCT-T-AA-C--T--	341
GroupE1.con	TAGG?CC?AG?GA?AT?TT?CC?ATAGAT.....????T?GATCCT??AGG?CC	236
HPV1a	---C--C--T--A--T--C--C-----GTTG-A-----AC---C--	332
HPV63	---A--A--G--T--A--A--T-----TCAT-G-----TT--G--	332
Unclass.con	TTGGTCCCCAGACCTGTTTCTGTGGAT.....GCCATTAGGCCTACTGATCC	344
MnPV	-----	344
SuperC.con	tGGc?tat?tGA?GAc?ct?????????????????.....gTgCTaCC?GAgGCcCct	306
GroupC1.con	?GG?G??TATGA?GACACT.....GTGCT?CCAGAGGCCCT	304
BPV1	A--G-TG-----G-----A-----	390
BPV2	T--A-CA-----A-----C-----	390
GroupC2.con	TGGCAT??T?GA?GA?G??G??CC??C??T?GAAGG?.....?T?CT?CCTGA?GC?CC?	206
EEPV	-----AG-G--A--T-CA-GG--TG-TT-A----C.....A-T--T----C--A--A	360
DPV	-----CA-A--G--G--TT-CT--GA-AC-G----T.....G-C--A----T--T--T	384
SuperD.con	TAGTATTGTGCCATTATTGGAAAGCAGTGGGGCAGCACCACATTAGATGCAACTCCTGGAGCTGAAATTGAA	408
BPV4	-----	408
SuperE.con	acct?t?g??c??cttgcagaa??a??a??a??a?ctatcac????????????????t?acag?g?at	320
HPV41	----C-GCTT-CCA-G---CCCGTGTGCCA-GGC---CAGATCCCTTTTCGGCCGTCAGTGC-GGA--A-CC-	384
COPV	---CCCA-AAAGAT--C-TAT-GC-GT-GAGGATC--T-T--T.....CTACCTC--CCAGC-	402
CRPV	--TACAT-AA-TG-C-----AC-CC-TATGT-T-A-G--A.....AATG-T---G-G--	396
ROPV	C-T-GAA-AATAT-C---T---AT-CC-ACA-C-AG-GG--T.....AATG-C-T--GTG-A	399
GroupE1.con	??C?GT?ATT??CTA?AA?????.....????GA??T?CCA??CA.....AC?GTG?A?	261
HPV1a	TG-T--T---CCC---C--GATTTA...GGTAGA--CT-C---ATAC--.....--T---C-G	387
HPV63	CT-A--C---GAA---G-----TA-T--GCCA-----A---G-A	375
Unclass.con	TTCGGTGATTGATGTCGCCAGTGTGCTACTCCCAGTACCTCTATTAATGTACCC.....GAGGTGGAG	411
MnPV	-----	411
SuperC.con	GCa?TtGTcActCctGA?GcTGTaCctG?gGat??GGgcTa??TGgccTg??taTag?cA?gGA?t???cc?	362
GroupC1.con	GC?AT?GTCAC?CCTGATGCTGT?CCTGC?GA??CAGGG?T?GATG?CCT?TC?ATAGG?AC?GACTC?TCCA	362
BPV1	--A--A-----T-----T-----A--TT-----C--T-----C---G--C-----T--A-----G----	463
BPV2	--T--T-----C-----A-----G--CA-----A-A-----G--T--T-----C--T-----T-----	463
GroupC2.con	GcAGT?GT?ACTCC?GAGGC?GT?CC?GTGGAT?AGGG??T?AGTGG??T?GAT?T??C?AGGGAA?T?A??C	258
EEPV	-----T--C-----T-----A--G--A-----G---GT-A-----GC-A--A--TT-C-----T-A-GC-	433
DPV	-----G--G-----A-----T--A--T-----C---CC-G-----CT-G--G--GG-A-----G-C-CA-	457
SuperD.con	ATCATTCAGAGGTGCACCCACCACCTGTATATGAAGGCCCTGAAGTTACTATAGGGGACATAGAAGAGCCC.	480
BPV4	-----	480

## L2 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

SuperE.con	gt?gttgcaga?cc?c??g?acatccaattg?tg??a??ccaa??ctag?cgcaacatctgct?aa?ca???g	374
HPV41	T-TA--AT-AGG--T-CT-A--GC----ACAT-TTGCATGAGCAG-GTTT-C-T---GAC---GC-C--TTT-	457
COPV	T-CCCAA-T-CAGTAGAA-A-G--GT-----AGCTGCAG--T-TT-C--G-C-CT-----AAATCC--CTC-	475
CRPV	-GC-CA-----G-C-TTCC-GC-GGTCA--GG-GA-GC-AG-TTTC--A--TC-----G-AC-T-CGGCA	469
ROPV	-GA-G---CC-G--C-CACCCAG-T--GGG-GC-GC-GCG---TC--G-A--T--TCAGC-AGG--AGTGGA-	472
GroupE1.con	GT??T?GC?GAA.....?T?CA?CC?AT?TCTGA?A??CCA?A?AT??GCA?CT?C?AC??ATGAA....	301
HPV1a	--TA-T--A---.....A-T--C--T--T-----C-TA---A-C--TGTT--T--T-A--AA-----....	450
HPV63	--AG-G--T---.....G-G--T--C--A-----T-CT---C-A--ACCG--C--A-T--TG-----....	438
Unclass.con	GTCATTGCTGAG.....ATCCACCCTGTACTCTCCTGACGGTCCC...TCCAACACACCAACAACCACAATTA	475
MnPV	-----	475
SuperC.con	?gGAaaccTcaTcActtTt?Ta?AgCctGAgGGtCC?GAtGA?aTa...GCaGT?cT?GAgcTg??CCc??	420
GroupC1.con	C?GA?AC?CT?AT?AC??T?TAGAGCCTGAGGGTCC?GA?GAC?T?...GC?GT??T?GAGCTGCAACC?CT	414
BPV1	-G--G--C--C--T--TC-GC-----C--G--A-A...--G--TC-T-----C--	533
BPV2	-T--A--T--A--C--AT-AT-----T--A--G-G...--A--CT-G-----T--	533
GroupC2.con	A?GAA??T?TCA??TTT?T?CA?CC?GA?GG?CC?GATGATAT?...GCAGT?CT?GA??T?AGGCC?AC	305
EEPV	-G---CAAA-TC---GC---C-C--C--T--G--T--G-----T...--A--T--GG-A-----A--	503
DPV	-A---AGCC-CA---CT---T-G--A--A--A--G--A-----A...--G--G--AC-T-----C--	527
SuperD.con	.....CCAATATTAGAAGTAGTGCCTGA	503
BPV4	-----	503
SuperE.con	??ctgc??ta?t?gatgt??tac?ag?	391
HPV41	ACAATGGCAACACAGAAATCACAACCATTCCTAGCCAATATGATGTAG--GGGG-GGG-T--ACA-T-AGAT	530
COPV	CTGGCCCTAAGATTACCACTGATGCTCAG.....C---AA--T-G--A--CA--C--A	530
CRPV	CA.....	471
ROPV	TC.....	474
GroupE1.con	.....?????TC?GC??T?T??AT?T??AC?AG?	314
HPV1a	.....GGAGAA--T--CA-AT-AG--G-GTT--G--G	482
HPV63	.....TCTAGT--A--TG-TC-TC--A-TCC--A--A	470
Unclass.con	ACACATCA.....GGCTCAGGGGATGCAGCCATATTAGAGGTAGCTCCTGA	521
MnPV	-----	521
SuperC.con	aGAcCaTg??att??CAagTga?c??t?Ctgtt??t????????????.....	446
GroupC1.con	?GACC?T?CAA?TTGGCAAGT?AGCAATGCTGTTCATCAG??CTCTGCA.....	456
BPV1	G---G-C---C-----A-----TC-----	582
BPV2	A---A-G--A-----T-----GG-----	582
GroupC2.con	AGA?CATGATCA??CACA??TG?T?TC?AC??AC?.....	329
EEPV	---A-----GG---TT--C-G--T--AAGC--A.....	540
DPV	---G-----AA---CC--A-T--C--CTCA--G.....	564
SuperD.con	AACACATCCTACATCTCGTGTAGA.....AGCACACAAGTAAA	543
BPV4	-----	543
SuperE.con	?a?t???c??c??g?????????????????????????????????????.....?t?accaGaacaCAa	409
HPV41	A-T-GAACTCC-TA-TGTGAATGACCCCGTCCCTCGGTT.....G-T---C-C-----	585
COPV	G-C-AGGC-TC-TAAAGTA.....A-C--T--GCAT--G	564
CRPV	.....G-GT-----C	486
ROPV	.....ACA-G-----C	489
GroupE1.con	?A?T?C??C??ACG?AC?.....?T??CA?G??C?CAA	331
HPV1a	G-A-G-AA-CAT---C--T.....G-TT--A-AA-A---	516
HPV63	A-G-C-TG-TGC---T--A.....A-CA--C-TT-C---	504
Unclass.con	ACCATCCCCAGCCGTGACTCGG.....TGGAGAGCTAGCAAGACAACC	567
MnPV	-----	567
SuperC.con	?ACC????cCctcTG??C?g?aa?Ctt?c????????????????????.....GCAGAAACaTcTgGtt?aGaaA	485
GroupC1.con	TACCACGCCCTCTGCAGCTGCA?TC?TCCATT.....GCAGAAACATCTGG??TAGAAA	507
BPV1	-----A--G-----TT-----	637
BPV2	-----G--C-----AC-----	637

## L2 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

GroupC2.con	CACCCAAA?CC??TGTTTCA?G??CCT?T?CAGCAG????G?ATTAT?..GCAGAAAC?TC?GG??C?GA?A	379
EEPV	-----T--AC-----G-GT--G-A-----GCAC-A-----T...-----A--T--TG-A--A-	610
DPV	-----C--TT-----T-CA--A-T-----AGCA-C-----A...-----C--A--GT-T--G-	634
SuperD.con	CATGACAACCCAGCTTTCACAGCATAACGTTGCAAGTGACAAATTACCA...GGAGAAACCTCAGCTTCAGACA	613
BPV4	-----	613
SuperE.con	tacAatAAcCct?caTt?gaggt??caattac?tctaatat??gtgc????Gg?gaagcttca?catctgaca	469
HPV41	----C--T--AA-G--T----GGAGG-G...-C-C-GACAT-AGT...-A---A-C---T--A-G----	652
COPV	----G-----G---T----GT-C-----T-----CTCTG---A...-G--GT---TG-T-----C	634
CRPV	ATT-----GT---C---CTC---G--CGG-G--CAGGA--TCTCG-AT-TGCA-GT-TTTG--C--T	559
ROPV	-TT-----CA-C--T--A-CCC-C-A---AAA-----TA---TCCCT-ACATT-TAGACC-CCAACCAG	562
GroupE1.con	TACAATAA?CC?T??TTCA??T??CA?CTA??C??A?ATA??C?..GG?GAAGC?TCA?CATC?GATA	376
HPV1a	-----C--C-CT---CTG-TG--T---CAT-TA-T---AGTG-T...-A-----A--A--A-----	586
HPV63	-----T--T-TA---GGA-CA--G---GTG-AG-C---GCAT-A...-T-----T--G---T----	574
Unclass.con	TTCCATAATCCTGCCTTTCACAGCTTCTCCTCTACTGTTCAACTGTA...GGCGAGGCCACAGGTATGGACA	637
MnPV	-----	637
SuperC.con	A?aTtTTTGT?GG?GG?g??GG?tTaGg??Acag?aGGA.....	515
GroupC1.con	ATATTTTGTAGGAGG?C?GG?TTAGGGGATACAGG?GGA.....	543
BPV1	-----CT-G--T-----A-----	678
BPV2	-----GG-T--G-----C-----	678
GroupC2.con	AC?T?TTTGTGGGTGG??G?GG??T?GG?AGCA??C?GG?.....	406
EEPV	--G-T-----AA-T--CA-T--A---ATG-A--A.....	651
DPV	--A-A-----TG-G--AG-G--T---CCA-T--G.....	675
SuperD.con	ATGTTTACATTTTGCATGGTTTCAATGGTGTATTCGTGGGGCAAGCTGATCCTGAAGGG...GATACAATATT	683
BPV4	-----	683
SuperE.con	atgt?attggt??a??tgatac?ggtggccaa??agt?GGt?????????.....	501
HPV41	-CA-T----AGG-GC--A-GC-----AC-TCC--A--GACAATGCT.....	702
COPV	---GC-G--GGA-GG-TT-T-T-----CTC-A-T---	675
CRPV	C--AA-G-AG-AT-AC-ATC-ACCAAACAG--AACACG--CGGA.....	603
ROPV	-A-AC--A--ATTAGCT-C--A-A--C--C-GA-CCT---	603
GroupE1.con	?T?T?TTT?T?????G?T?C????G?????T?GT?GG?.....	391
HPV1a	T-G-A---G-TAGCAAT-G-T-AGGT-ACAGGG-G--G--C.....	627
HPV63	A-A-T---A-AGATGTA-A-A-GCCG-GTCAAA-A--A--A.....	615
Unclass.con	ATATTGTGTTTACAGCGGTAGTGGGGGAGGACGATAGGTGGG.....	681
MnPV	-----	681
SuperC.con	.GAg?AcATtGAaCT?ACA?tgTtGggt?cCCA?gg.....	546
GroupC1.con	.GA?AACAT?GA?CT?ACAT??TT?GG?TCCCCACG?.....	570
BPV1	..-A----T--A--G---AC--C--G-----A.....	714
BPV2	..-G----A--G--C---TT--T--T-----C.....	714
GroupC2.con	.GAGGA?ATTGAACT?ACACTGTTTG?T?A?CCAA?G.....	436
EEPV	..----C-----G-----C-G-A---G.....	687
DPV	..----G-----C-----G-C-G---A.....	711
SuperD.con	TGAAGAGATTCTCTGGAAGAATTTGGGGTTCCTGACATGCCACCAAGC.....	732
BPV4	-----	732
SuperE.con	.gA?c??ATaccatTggtagat???ctcggcc?t??aac?gacacagata??att????????????a?	546
HPV41	..-A-TG-----T---C-----A-ATCC-GG--GGACAT--TT-----ACA-TAC--GCCCTGGCGAGG-G	774
COPV	..-A-AC--T-----CA---CC-TGCA-C-A--AGGCCTT-ATT-T-T--G-CC--A.....GAAG-T	738
CRPV	..-G-TA---GAGA---CCCC-CAGA-A-CC--C-CGC-GT--GGG---TTC-GG.....	660
ROPV	..-G-TC---GA-----CC--GC...A--A-GGGAGAG--ATTG---T-C-AG-GAACCTATCATA	667
GroupE1.con	.?A?GA?AT?CC??T?GT??A?TT??A??T?GG?C?T??A?C?????A??T????TT???.??? ..???	416
HPV1a	.G-G--T--C--CT-G--AG-A--AA-CT-A--C-T-GA-A-AGACAC-TC-TCTG--GTA.....CAA	690
HPV63	.C-A--A--A--AC-A--TA-T--TG-TA-G--A-C-AT-T-TACTGA-GG-GAGC--.....	672
Unclass.con	.GACAGCATAGACTTATGCCCTTT...ACTAGCAGTGATACCCTAGATTTAAGTATTGTGGAGGAGACCTCC	750
MnPV	-----	750

## L2 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

SuperC.con	.....ACaAG?AC?CC??g?gcc?ta?taaa?gt?c?CGgGGCATtTTcA	581
GroupC1.con	.....ACAAG?AC?CCCCG?A??T??C??A??CACG?GGCAT?TT?A	598
BPV1	.....C--G----C-GTA-TG-CTCT-AAT----T----T--A-	760
BPV2	.....T--C----T-ACC-GC-TCAA-CTG---G---C--G-	760
GroupC2.con	.....AC?AG?AC?CCTGAGG??CCTATTAA?CG??TCGGGGCATTTTCA	473
EEPV	.....-A--T--A-----TG-----A--TTC-----	733
DPV	.....-T--C--T-----GC-----C--GGG-----	757
SuperD.con	.....ACTAGCACACCTACAAGCTCATTcAGAAGTGTTTTAAATAAATTC	778
BPV4	.....	778
SuperE.con	GAAActgc?TTta?c.....AccAGcACaCCaa?acctg????a??a?cgga?aGgcctacaagt?	595
HPV41	--G----C---GTG.....-T--TGA--G--TGCCAT-CA---GC-ATTAC-T-T-A	835
COPV	-----T---G.....-G---T--T-A--AA-GCTCTAG-T-T-A-----A--.	798
CRPV	----AT-C--C-G.....-A-----TC---ATAG-TCTG--TTGC-AT--T--ACG	721
GroupE1.con	GAAAC?G??TT??C?.....A??AG?ACACCAA??C??A??A?????AGGCC??CA?G?	446
HPV1a	----A-CA--TT-C.....-GC--C-----TTG-TGA-AG-CCCTCTTT-----CT--A-A.	750
HPV63	----T-AG--CA-A.....-CT--T-----GAA-CAC-CA-GTACAGGAA-----TA--C-T.	732
Unclass.con	TTTGAGGTAGG.....ACCAGCACACCACGAACCAAGCCCTCCCTTCTCGG.....	798
MnPV	.....	798
SuperC.con	Ac.....TGGTT?AgcA?a?gaTACTAcACACAggTaCC??gGAAGAcCC?GAcG?g?TT?C??Ct??a??	632
GroupC1.con	AC.....TGGTT?AG?AAA?G?TACTACACACA??T?CCCAC?GAAGA?CCTGA?GT?TTTTCATC?CA?..	650
BPV1	--.....C--T--C-G-----GG-G-----G-----T-----A--G-----C--A..	825
BPV2	--.....T--C--A-A-----AA-A-----A-----C-----T--A-----A--G..	825
GroupC2.con	A?.....TGGTT?A?CAG??TACTA?ACACAGGTACCTGT?GAAGACCCAGACGAGATTGCTGCTGCAGG	531
EEPV	-T.....-T-G--GCGC-----T-----C-----	800
DPV	-C.....-C-A--AACA-----C-----G-----	824
SuperD.con	AGCGAAGGCTGTACAATAGAAAGTTAGTTcAGCAAGTCAAAATCACAACAGAAACACTTTTTGAAGCAACC	851
BPV4	.....	851
SuperE.con	???????t?ctataatag?cGa??aTATcAgCAaGTgCaAGTtac?gacCCTg??...TTt?T??a?aggcC	646
HPV41	GGCCCTATGG.....A--CAG-----G-----C-----AA...--T-AG-C--CG-	896
COPV	.....-A-----G--AG-----A-----T-----TG...--A-TCA--A--	860
CRPV	TAGCTAGC.....A--AG-----G--A-----AGAAA-----CT...--CC-GA-C----	779
GroupE1.con	.....TTCTATAATAG?CG??TATGAACA?GTGC?AGT??G??CCT??...TT?T??G??GCC	484
HPV1a	.....-G--TCTA-----G--A--ACAA-AC--AGG...--CG-TGAGCA---	812
HPV63	.....-A--CTAT-----A--C--TACT-CA--GAA...--TA-CACAAG---	794
Unclass.con	.....TTGCCTTCCCGAGGTATATGAATATAGAGAAAGCAGTCTTGGTGAG.....TTATGTCACC	857
MnPV	.....	857
SuperC.con	???????.....??Tg??AA?cCatT?TA?Gat????????????????????	648
GroupC1.con	.....ACATTT?CAAACCCA?TGTATGA?.....	671
BPV1	.....-G-----C-----A.....	849
BPV2	.....-T-----T-----T.....	849
GroupC2.con	CTCGTAT.....GTCTTTGAGAAT?C??TATACGATTCAAAGGC?T?CAAAC?TG?GCAG	579
EEPV	.....-C-TG-----G-T-----C--C----	855
DPV	.....-G-AT-----C-A-----A--A----	879
SuperD.con	GTCCCAATTTGTGCAGTGG.....GAATTGACAACCCcTGCCTATGTTGATGAC.....TCTTTGTCATTA	912
BPV4	.....	912
SuperE.con	??g?gtcacT?GTc?????????aCtTtTGA?AATCCaGc?TtTga?g?gat??ga??a?gttactcT?	691
HPV41	TGCAGT--T-----T---A-G-----TG-----T-CA--C.....A-----C	948
COPV	ACG-----T-----G-----T--C-----C-----T.....ATCT--GAC--G	912
CRPV	CAG-GA--G--GCAATTCGAAAAC--A-----C-----T--T---TG-AT---...GC-AC-A-GC--C	849
ROPV	-----C--C--C-TA-AT---...TC-GTCA-----T	703
GroupE1.con	????TC?T?GT?.....ACTTTTGA?AATCC?GCATTTGA????????????GT?TCT?T?	516
HPV1a	ACAG--AA-G--C.....-T-----A-----GCCAGAGCTTGATGAG--G--A-T	873
HPV63	TGCT--CT-A--T.....-G-----T-----AAGGAGT.....-T--T-G	846

L2 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

Unclass.con	TAGGAGGGCTATGGGTCCC.....ACGTATATAAATCCTGCCTTTGAA.....GCTGAGGATAGTATC	915
MnPV	-----	915
SuperC.con	??c?tg	651
GroupC1.con	.....?C?G	673
BPV1	.....G-A	853
BPV2	.....C-T	853
GroupC2.con	CAGCCG????T??C?C?A??CAGGAT.....G?A?CT??T?????C??GA?GC?G?AG??T?CT??	611
EEPV	-----GACA-TA-T-T-...-----A-G--TCTG-CACTGGG-GG--C--T-CA--AT-G--GG	919
DPV	-----TGGT-AT-G-G-CCA-----C-C--GAGT-TGACTTC-AA--T-A-TG--GC-A--TC	946
SuperD.con	ATCTTTCAGCAAGATTTAGATGAAGTGTGCTGCTCCTGATGCTGATTTTCAGGATATTGTTAAGCTAAGCA	985
BPV4	-----	985
SuperE.con	at?TTtgAacaaGAtcTaga?gatgta?ttgct?c?ccagatcc?ga?tTtagaGA?gT?gTt?atcT?agcA	753
HPV41	-CG-----GG-T-----GC-GC-G-C-C-ACG-AGT...--CA-A--CC-GC-G--C--GCG-CGC--C--T-	1018
COPV	--A-----AG----G-T-CA--AA--AC----AG-A--TC--G-A--C-----C--TA-CACAA-G--C-CA-	985
CRPV	C-T-----G-----CACC---G---AA-T-----T-CG--CCAG--T--T--GCG-T-A--T-	922
ROPV	T-G-----T-G--C--T--TA---CC---G-A---C--CC-A--C-CT--C--G--CA-A--GTC--	776
GroupE1.con	AT?TT?AA??AGA?TTAGA?G?T?TT??A??C?CC?G?C??GA?TTTAGAGA??T?GTTTAT?T?AGCA	562
HPV1a	--C--CC--AG--C-----T-C-C--GCTC-GA-A--A-TG-CT--A-----TG-A-----C-G----	946
HPV63	--T--TG--CA--T-----A-A-A--TTAA-TG-T--T-AT-AG--T-----CA-T-----T-A----	919
Unclass.con	CTTTTCTGAATGTAGCATGCAGGCCGCT.....AATCCAGATTACACAGGCATTACCAGCTTGGTC	979
MnPV	-----	979
SuperC.con	a??a????????????CCc??GGccGtG?GGg??gAG?c?a?Tt?atag?Cct???.?c??Ttgg	686
GroupC1.con	A?CC?GC?GTGCT?AA?GG?CC?AGTGG?CGTGT?GG?CT?AG?CA?GT?TATA??CCTGA?..??T?T??	720
BPV1	-A--A--T-----T--G--A--T-----A-----T--A--C--T--G--T-----AA-----T...ACAC--AC	923
BPV2	-G--T--A-----A--A--T--C-----C-----G--G--A--C--A--G--G--G--C...TTTA--GA	923
GroupC2.con	??GGA.....CCCTCGGG??G??T?GGGTGGAG??G?AT?A??G?CC?AC?..??T?G?	644
EEPV	CG-----CA-GA-T-----TC-T--C-CAC-A--C--T...AGTC-T--	974
DPV	AA-----TC-TG-G-----CA-A--T-TTA-G--T--C...TCAA-A--	1001
SuperD.con	GACCAGTATTC...ACAACAAAAGAAGGCTTAGTCAGGGTGGAGCAGATTAGGCCAAAGAGGA...ACTATTAA	1052
BPV4	-----	1052
SuperE.con	g?Cctac?Ta?ac??gagccccagctGGccg?gT?cG?gTcAGccGcCT?GG??a?agtgc??ActATacg	810
HPV41	-A---TAT--CCAGA-GCG-A-TA-----C-T--T--T--T-----G--GC-AC--CGGGGT-----TC	1088
COPV	AG---G-A--TCACA---G---T-----AT--C--T-----TA-G--T--AC-T--A--T...-A---AA	1055
CRPV	-G---GT-TC--TCA-T--AG-----TA-G--T--C-----G--GAGG-CGCTA...--A--G-A	992
ROPV	-A--CT-T--T--AA--A-GG-CT-A--T--A--GA-A-----A-A--T--TACT-C--GC...-----C--	846
GroupE1.con	??CC?ACAT????CG?G??CC?G??GG?CG??T??G??T?AGCCGCCT?GG????AG??C?...ACTAT??G	600
HPV1a	AG--C----TTTCG--G-AA--A-GG--A--GT-AA-GG-T-----T--CAAA--TT-A...-----TC-	1016
HPV63	GA--A----ACAGT--T-CC--T-AT--C--CA-GC-CC-A-----G--ACGC--AG-C...-----AA-	989
Unclass.con	ATCTCTTTGGTACT...GAGCAGGGTGGCCGTGTCCTGATTTGGTCTGCTGGGACAAAAGACA...TCCCTGCA	1046
MnPV	-----	1046
SuperC.con	aACACGtagtGGggtac?GGTgGGcCC?c?g??tCAtgTc?GgtacTC?TTcAGcACTATccatgaa??T...	747
GroupC1.con	AACACG??G?GGG??AGGTGGG?CCACAGCT?CATGTCAGGTACTC?TT?AG?ACTAT??GAAAGAT...	774
BPV1	-----TA-C--ACAG-----A-----A-----A--G--T-----ACAT-----...	993
BPV2	-----GG-T--GGTC-----C-----G-----C--A--C-----CACA-----...	993
GroupC2.con	?ACACGT??GG?GT??GGGT?GG?CCT?T?TATCA??T?CG??T?TC?TTCAGCACTAT??AT??CCT...	690
EEPV	A-----AGT--C--GA---A--C---C-T-----TT-A--ATCC--T-----CC--AGT---...	1044
DPV	C-----TCA--G--AC---G--G---T-G-----CC-G--TCAG--G-----TG--GAG---...	1071
SuperD.con	AACACGCAGTGGCTTGCAAATAGGTGGCCATGTGCATTATTATACAGATTTGAGTCCAATTAGACCATTA...	1122
BPV4	-----	1122

## L2 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

SuperE.con	?ACacGeagtGGt?tt?caaTaGGccCcc?aac?CacTTtTactatGataTtag?tc?AT?gcccc?gca...	871
HPV41	C--G---TC---G--CAGG-----T--GCTG-T--T---T-C-G--C-----TC-A--C-G--AG--T...	1158
COPV	A--TA-A-----C--A-----G--A-A--GC--T-----C--G-C--CAGC--T-A---T---...	1125
CRPV	A-----AAGG-CT-T--G--TGCC-AA-----C-----GC--TCAAGC--A.....	1056
ROPV	C-----C-GCA-----GC-AG-----T-----CTCA--G--AC-AT-T.....	913
GroupE1.con	TAC??G????GG????C?AT?GG?GC??A?C?CACTTT????GAT?T?AG?TCTAT??C??CA?A...	637
HPV1a	---AC-CCTG--CACAG-A--T--C--CAG-A-C-----TCTAT---T-A--T---TG-TC--G-A...	1086
HPV63	---CA-AAGT--TGTTA-T--A--T--TCA-T-A-----ATATG---A-T--C-----CT-CT--A-T...	1059
Unclass.con	CACACGCAGCGGTATGGCAATAGGCCCTAAGGCATACTTTTATAAGGACATTTCTAGCATTTCTGTTGTCCCA	1119
MnPV	-----	1119
SuperC.con	.....G????A??a??ac??atacCa?ttgatg??ga????Aaggg??gG?atTta???	778
GroupC1.con	.....GT?GAAGC?AT?CC????CAGTTGATGAA?A?ACACA?GG?CT?GCATT??T?C	813
BPV1	.....-A-----A--C--CTACA-----A-T---G--A--T---CG-A-	1048
BPV2	.....-G-----C--A--TATAG-----G-C-----A--G--A---TA-T-	1048
GroupC2.con	.....GA?ACAATAGA??T?AT?CC?A????TT??GATGA????GAGGT??T?AC?G	722
EEPV	.....-G-----GC-A--A--C-CAGTAC--GAG-----TACT----GC-T--A-	1099
DPV	.....-A-----AT-G--T--T-GCACTG--...-----AGAG-----TT-G--T-	1123
SuperD.con	.....GAAGACATTGAAATGACTTCCTTTGGGGAGGTGTCTGGAGAAAGTGTAAATTATGC	1177
BPV4	-----	1177
SuperE.con	.....gaaggtattgagctacaac?ct?gg?ga?g??tc?g?tgaggaaacagt?gt?g	916
HPV41	.....ATT-AGCCAATTGATGC--TTGAACATA--T-TACTG-G---C--T-C-GT-AG-	1213
COPV	.....-TC-T-----G--GG-A--T--CA-T-TA--CAG--CT--CA-ACA-GA-	1180
CRPV	.....-CCC----C-G-C-TC--CATCCC-AA--A-AAC-----TCAT-CA	1111
ROPV	.....-A---A-----C-CA-T-CA--ATCTG-AAA---A--C-----TAGT-	968
GroupE1.con	.....GA????ATTGA?TTA????C??T?GGTGA??T??T????...AC?GT??T??	661
HPV1a	.....-CTCA-----A---TTGC-TT-A----GCA-AG-CAAACA...-A--CA-TA	1138
HPV63	.....-TGGC-----G---CAAA-AC-G----AGC-TC-GGCGAG...-T--GG-GC	1111
Unclass.con	GAG.....GAGAGTATAGAACTCAGCACCTATACCTCAGCTGCCCTTTGGGTGAGGATGCAG	1177
MnPV	-----	1177
SuperC.con	?t?TaC?TGA?ga??agcaGgtttTGatgaaataga?ttaGATg?t??t??tgAaagt??ag?aa?g??ccc	832
GroupC1.con	C?TT?CATGAAGA?C?AG??G??TTTGA?GA?AT?GA??TAGATGATTT??GTGA????CA????TGCT?CC	861
BPV1	-C--G-----G-A--CA-GT-----G--G--A--AT-----TA----GACA--TAGAC---A--	1121
BPV2	-T--A-----A-C--GG-AC-----A--A--T--GC-----AG---AGAG--CGCCT---C--	1121
GroupC2.con	G?GT?CTGAG??G????GG??TGAT????????GAT?T?GAT?T??A?AGTATAG?AAG?GA???	759
EEPV	-T--T-----AGA-ACACT--TTT-----G--G--T--GG-C-----C---T--CAG	1160
DPV	-A--A-----TCG-CTGAA--ACC---GCAGAATATTCA--A-T---C-TC-A-----G---C--TGA	1196
SuperD.con	AGCCATTAGGTGAAAGCACATTCATTGATACAGGTGCAAGTGCAGACAATTTAAATGAAGCGTCATAGAGTA	1250
BPV4	-----	1250
SuperE.con	ga?ct?ct?t??ctgaag?caca??t??ga?g?aga??at??t?gatga??cagc??tg????????	955
HPV41	-GA--AT-G-GAGA-G--A-C-TACGCCTTCTATT--GCA-GACA-A-GACTAA-C--TT---GGGACAACAT	1286
COPV	A-G-AGTAA-CT-CTCT-G---GGAGACTTT-A-ATTAT-AGCC-T-A--CAGTATTT---AA.....	1245
CRPV	C-GA-G-CACAT--A--A---CAACAG--A-C---AGTG-ATGCA---GTT--A-CC---AA.....	1176
ROPV	-GCTGC--GACCTA--CAT--TCAA-GCA--T-A-ACTGC--TTACT--G-CT.....	1021
GroupE1.con	????????T?G?TG??C?G????TAT??AAG??GA????CA????TGA??AG?A????????	683
HPV1a	GTTCCAAC-T-A-G--ACA-A-CATT---AC---GT--GACAG--GAGGA---CTT--A-GTTATCTCTTTAGA	1211
HPV63	AAAGTTCTC-T-C--CAT-G-ATCC---TG---CA--ACATT--TTCAT---ACC--C-CCATCTATAGATAG	1184
Unclass.con	GTATAATAGTGGAGGACTCTATGGAGGTTCTTTTGACAATATCACCCCTCAGT.....	1230
MnPV	-----	1230
SuperC.con	tc?gttatta?ctgca?g?cctat?ggTa?T??tGta?gaaG?gggctcatc?acctca?gtgttcaGtgCa	893
GroupC1.con	??AG??????CT?C????CCT?TTGGTAGTGG?GT?CG?AG??CTCATTCCA??TCA?G??T?AGTGCA	906
BPV1	TC--AACACCT--T-TACA---G-----T--A--A--AAGC-----AC---G-AA--T-----	1194
BPV2	CA--TCATATA--G-A...--A-----A--T--T--GGCG-----GG---A-GC--C-----	1191

L2 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

GroupC2.con	?CC??T?TA?????G?????C??T?CTTT?G??G??G??G?????T?C?????TG????G??C?	781
EEPV	T--AT-AC--CCTGAGC-GCATCA-CT-G---T-GA-CAA-GC-GTCTCACA-T-CAATTG--GCAC-AC-A	1233
DPV	G--CC-TT--GGGACAG-CATCAT-TA-C---G-TG-GCG-AG-ACAAATAT-C-TGTGCA--CACA-GG-C	1269
SuperD.con	CTCTGAGAGTGTCTTTAGAGGATGCTATGGAGGAGGATTTTAGTCAAGTGCCTTTGGAAATAAGCACTTCTGCA	1323
BPV4	-----	1323
SuperE.con	??at???ga?gaaga??t?ttaga?g????gaa??tgtg	978
HPV41	TGAAAATGAATTGCAGGAAATAGATTTATTAAGTGCAGGAT-GT-----AGACCAG--G-GCAGA--CCTGCA-	1359
COPV	.....TCCTACA--GAT--G--T.....--ATA-ACGTGTTTGAG-AT	1284
CRPV	.....	1176
ROPV	.....-CC-T--G--T-AGCCA---TC----	1048
GroupE1.con	????????????T????????????????????...TATTCAAG?GAA?A??T?TTAGA?A??A?GAA??TGT?	710
HPV1a	AACACCACAAT-A.....-----A---G-GC-T-----C-CAA-C---AG---G	1263
HPV63	TTATGATATTG-TTCACTTCAGTCTGAGACT...-----T---C-TT-G-----T-TGT-T---CC---A	1254
Unclass.con	.....TCTTGAGTCATGGATCCATGGACGGGCTTCTTGAGGATGATGCTAGTTAT	1281
MnPV	-----	1281
SuperC.con	aca??gcctacaggtg?aGt?AcctAt?gctc?C?tgac?cttA?actgct?g?ccagttg??tac???ga??	948
GroupC1.con	ACACGGCC?ACAGGTGT?GTAACCTATGGCTCACCTGACA??TAC?CTGCTAGCCAGTT?????CCTGA?T	967
BPV1	-----T-----T-----CT---T-----ACTGAC-----T-	1267
BPV2	-----C-----G-----TG---C-----GGC...---C-	1261
GroupC2.con	??GT?????????CAG?GA??A?A??TCA??G??G??AAA????G?T????????TACGTG??G	806
EEPV	GGT--TCAAACCTGGTA---T--TTG-T-CACG---GATG-CTG---ACTCT-T-.....-----TCG-	1297
DPV	CCA--GGGTTGGTCCT--G--CAT-C-TTAA---TGAA-GAC---GTAGG-A-GATGGTGAG-----ATA-	1342
SuperD.con	AGAAGTAGAACTAGTATAGTCACTGTTCAGAAGGAATACCACCAGGATCAGTCAAACCTGTTTATAAATGATG	1396
BPV4	-----	1396
SuperE.con	gg?g?aa?tttgcaact??aattg?tgacgt?aga?gtg?gcc??c?atc?tag?t??a?g??a?ag????c	1026
HPV41	TTG-T-TT--CCACTGGCAATGA--AG-TG--TGATAT-AT-A-TATACCTA--CG-GC-G-CGGGGATGACA	1432
COPV	-TA-CT-GAGATTTG-ATTT-T-A-T--GA-AA---A-GCA--AAC-G---CA--T-CA-C-TT-C-TAAAG-	1357
CRPV	.....-C-GACAC-TCGGC-GA--AAA--T-G-C-CT--TCTTTT-AGA-AG--GCAGGG-TC-GG-TTCA-	1243
ROPV	--C-A-GGCC---G--GGTG---AG-TC-ACT---C-G-CA--ACGG---C	1100
GroupE1.con	GG??????TTGCAA?T???AT??C?AC?????GGT?G????CT?T?T?GAT?T?C????AG?????	739
HPV1a	--CGAAAAT-----C-TACT--TA-TA--TCAGAG--GA-GTTT--A-AC-A--T-AA-ACAA--CAGAG	1336
HPV63	--TCTCTCC-----T-ACAA--AT-AG--GTCAGA--CG-CCAA--G-TA-T---A-TC-CTTT--ACCCC	1327
Unclass.con	GATTTTCACGGCCACCTGGTGTGGGGAACA...CGCCGTAGCTCTAAGCAAATAAGCATGCCATTCCGCCGGT	1351
MnPV	-----	1351
SuperC.con	?cA?t?A?????cta??ta?cgat????c?ACT?a??a??a?????atcATtatTg????cc????A??	981
GroupC1.con	C?AC?TC?CCTAG?CTAGTTATCGATGACA??AC?AC?ACACCA...AT?AT?AT?ATTGATGG?CACACAGT	1025
BPV1	-T--C--T-----T-----CT--T--T-----...-C--T--A-----G-----	1337
BPV2	-G--A--C-----C-----AC--A--A-----...-A--C--T-----C-----	1331
GroupC2.con	ACAATGGAGGACA????TC??A????ACGCC?ACTGT?GT?AT??ATGG???ATT??T?TGTC??TGGAATA	855
EEPV	-----GGAG--AC-GCAG-----C-----G--A--CA---CAAC---AA-G---CA-----	1370
DPV	-----A...-GA-CATC-----T-----A--T--TG---ATCA---GC-T---TT-----	1412
SuperD.con	CTGCAGCAACAGTTGACACTGGTTATCTGCCAGGAAAGCCAGATTATGAGGACCCCTTTCACCCCAATAGAGCC	1469
BPV4	-----	1469
SuperE.con	?????cCt?tttttggt??t?agat??tggt?ttcat????????tgt?tat??t?caa???ctact????g?	1066
HPV41	GGCCTT-AG-A--AT-TT-AGC---GA---CAC-.....CACAT---C---CC-A-T-GCA-A--AGCCAC	1499
COPV	CTTTTT--T--G--AA-GAGGG--TACACATAA---CCCAGGATC--AG-CAGA-TTTTGGCTGC--CCT-T	1430
CRPV	ATGTA---A--CCA--CAAGTCCACAAT---GGG--C-GTAAATAT--GGG-CAGCAA-TACTA---CTGAA	1316
GroupE1.con	?CAGGCC?CC?TT?GG?CT?A?AT?CT?G??T?AT.....?T?TAT??CCAA?T?CT??T??GG	776
HPV1a	T-----A--T--T--CA--GA-G--A--A-CT-GC-----G-A---TAC----A-T--TC-AAA--	1400
HPV63	G-----T--A--A--TC--AT-A--G--G-TG-TG-----A-C---AGT----C-G--AG-GTT--	1391
Unclass.con	CGTGGTATCCTGAAACTGCTGTGTACGTGCAGGAG...GGTGGGTCTGTAATGGATCCTGAGGCTTCTGCAGA	1421
MnPV	-----	1421
SuperC.con	t??Ta?G?????????.....???	985

## L2 SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

GroupC1.con	?GAT?TGTA?AGC???. . . . . ???	1035
BPV1	T---T---C---AGT. . . . .	1353
BPV2	G---C---T---. . . . . AAT	1347
GroupC2.con	TTTTAGG. . . . .	862
EEPV	----- . . . . .	1377
DPV	----- . . . . .	1419
SuperD.con	TGCTGTCCCGCTGATATAATACTCAATTTTGAAGATGACTGCA. . . . .	1515
BPV4	----- . . . . .	1515
SuperE.con	?aC?cca??at?actcct??gaa??gatgt?cctTt?tt?tt?t?g?tt??a?a?t??aacag?g???	1109
HPV41	C--C---CTCG-GC--G-ACAGCCCAGC-----G--C-ACA--G--G-T-AC--GT-T-G-GG--GTAT-. . .	1569
COPV	A--G--TGAC-GC--A--GCAAT-GTGAT--ACAT--GGACTCCTCT-CA. . . . .	1482
CRPV	CC-TGG-GAA-CT--AAGCTTT--GCA-----AAT--CACC-G--T-CATA--TG-GGG-AACG--ATGGC	1389
GroupE1.con	??C?CC?A?AT?AATCCT??GA?????A??CC?TT?TTATTATA??T?T??A?AA?TCAACAGGG. . .	817
HPV1a	GA-T--A-TA--T-----GAA--ATCATTT-CA--T--GG-----GC-C-TA-C--C----- . .	1470
HPV63	AT-A--T-CT--A-----ACT--TCTTGAC-TT--A-AA-----CA-T-AG-T--T----- . .	1461
Unclass.con	GCTGGTTCACAGTAGGGACAGTGCTCGT. . . . .CCCCATGTCATATATAGGGGCTATAATGGGACG. . . . .	1482
MnPV	----- . . . . .	1482
SuperC.con	?A?TAc?actTGCA?CCc??c?Tg?T???? . . . . .aggaaaaga??AAACGgAAaCatg??T?a??T	1028
GroupC1.con	AACTA?A?CTTGATCCCTCCTTGTG. . . . .AGGAAA?GAAAAAACGGAACATGCCTAA	1089
BPV1	-----C-C----- . . . . .C-----	1410
BPV2	-----T-G----- . . . . .A-----	1404
GroupC2.con	CATTACTA??TGACCC?AG?CT?CTA???. . . . .????????CGCAAACG?AA?C??TATT??T	900
EEPV	-----TT-----T-C--T---GGT. . . . .A--A-GTC----CGGT-	1432
DPV	-----CC-----A--T--G-----AGACGCAAG-----C--C-CAA---TATC-	1480
SuperD.con	ACCTTTTTTCTACATCCAGTCTTTTG. . . . .AAAAAGCATAAACATAACAAACATTGGTTTCTTT	1576
BPV4	----- . . . . .	1576
SuperE.con	gaTTatgAt?TacAtccaagtcT???? . . . . .???g?AAacgtcg?aaa?ga??tcat?TtT?atTTt	1157
HPV41	-----A-----T--C--GTTG. . . . .CGCA-G-----AAA--C-CAAA-G-G--AT----	1633
COPV	-----CT--C-G-----T-AATA. . . . .AAA--C--C-CAAA--T---TT---	1540
CRPV	AC---CT--C--G-GGA-CC--A. . . . .C-A--GAAAA-ACGCAA-TC-ATCT---T-C--G	1447
GroupE1.con	GATT?TGA?TTACATCC?AGT?T? . . . . .?G?AA?CGTCG?AAA??AG?T?AT?T?T?A	855
HPV1a	---T---G-----T--C-T. . . . .A-A-G-----T--AG--C-T--G-A-A-	1524
HPV63	---A---T-----A--T-G. . . . .C-T-A-----C---TT--T-C--A-T-G-	1515
Unclass.con	GACTATTATCTACACCCGTCATTGTCC. . . . .AGACGCAGGCGTAACAGCAGGCATATCTATTTTT	1543
MnPV	----- . . . . .	1543
SuperC.con	?A	1029
GroupC2.con	?A	901
EEPV	A-	1434
DPV	G-	1482
SuperD.con	AA	1578
BPV4	--	1578
SuperE.con	cAGATGGC?GTGTGGCT??C??C??AATA?	1179
HPV41	-----C-----TC-AGGC-CA----G	1665
COPV	A-	1542
CRPV	-----A-----GT-TACG-AG----A	1479
Unclass.con	CAGATGGCGTACTGGCTGCCTAA	1566
MnPV	-----	1566