



LCR SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

	coordinate 7158 in HPV16R	
most-likely	T.AT...TGTGT...GTG.TG.TTGTGT..AT.TGT.....AT.GT	28
HPV54	C.-G.....-A.....-A.....-T.G.-A.....G-GT-	29
HPV32	.....-T.....TCC.....-G-T-	26
HPV42	.....A--A.....-A.....-AA--T...-GA.....-C.A-	26
HPV3	CC-C...A-T.....-TT...-A...-G...A.....-C.C-	28
HPV28	C.-C.....AC.....-T.....-A...-G...T.....GC.C-	26
HPV10	.....C.....-CA.....-T.....G...-AA.....	21
HPV29	C.CC...CA--TG...TT...-C--A...-G.....G-AA	34
HPV61	-GA.....-T.....-C.....-A-CT.G...TGT.....GC--	33
HPV2a	.....C-C...TCA-...-C-CA-C...-TC.....C.-C-	25
HPV27	-A...AC-CAAA...C-G...-AG-C-T...C...G.-A	31
HPV57	-GA.....TC.....-C.....-CC-C...-TC.....C.-T-	27
HPV26	-TC...C-CA.....-T.....-G.....-A	26
HPV51	-G...A--A...GTT-T...-A-CTTG...-C.....-CAC-	32
HPV30	-TG...-T.....-C.....-A...-G...T...CC.T-	26
HPV53	.....-C.....-C.....G.-A	25
HPV56	-G.....GT--...T...-T...-A.-C.....G.-T-	31
HPV66	-TG...-T...GT--T...-A.....	30
HPV18	.....G.....-A...A-A...-A-ACATCTATTG...TTGTGTTTGT--	47
HPV45	.....-AGCACATA-A...-A...T.....	31
HPV39	-GC...A...-A...T-CCT--...-A...G...G.-A	31
HPV68ME180	.....-A...-T...T.....	25
HPV70	-G...A--A-G...TT-A...C...-A...G-AC-	33
HPV59	-G.....T.....TA...-T...G...A...G--	27
HPV7	-TG...-A.....-G...GA-ACTCCCTTG...CACTCCCTT--	45
HPV40	G.TA...-GC.....-CA.-A...-C-GGGGAATACACCC.TTGCACTCCCGT--	52
HPV16	G.TA...T--A...-A...-AA-TAG...GT...G.-T-	31
HPV35h	-G-GTAAA---ATG.CAT--A.-A.C...-G.-A...G-GT-	40
HPV31	-GG...A...-A...T-AA-A.C.A...-G-C...C-	32
HPV52	.....CCA...T-C...-G.-A...C-	26
HPV33	C.-C...T--GT...AAT--...-A...T.G...TTTGTTCGTCTATGTACTTTGTGTTG-T-	60
HPV58	.....-G-AC--ACACT...-T...-TA	29
HPV6b	.....A...A...-AC--T...-A...-A	29
HPV11	.....A--GT...CA...-T...T...-A	33
HPV44	.....G...A...TT-TT...-T...-G...G--	30
HPV55	.....G...A...TT-TT...-T...-G...A-	30
HPV13	-G...-T...T-A...A.....	28
HPV34	-T-A...A--A.....-T...-G.-A-	29
most-likely	...GT.T..GTGTTTGT...TGTT.TA.TGTA.T.....	50
HPV54	.....-A..CC--G-C...-G.....	53
HPV32	.....AAC---G...-GG-G...-C...GGGGAATACACCC.TTGCACTCCCGT--	48
HPV42	.....A...-A...-A...-T-G...-A	45
HPV3	.....A...-T.....	49
HPV28	.....-C.C--G..G.-CAG.-GTATGGGC...GTCCCT	61
HPV10	.....CA...-A...-G.....	39
HPV29	.....A.A--G...-A-G...-T--T...-A	56
HPV61	.....-A-G-GC...-C.....	56
HPV2a	.....C-AC...-CA--T.....	44
HPV27	.....C-C-A...-AA--T.CC-C...-A	51
HPV57	.....C-AC--T...-A...-C.....	48
HPV26	.....G...-A-GT...-AG.....	47
HPV51	.....A-GCC...-A.-G.-A...-A	53
HPV30	.....A--A...-G.C...-A...-A	46
HPV53	.....A-G--A.T-A-G...-C-A-T.....	49
HPV56	.....-ATA-A-GG...-T.-GTGTATGTGCTTTATTTTATACTTTGTATGTATGTTG	94
HPV66	.....C...AC-G...-T.....	52
HPV18	.....CC.....-GT.....	69
HPV45	.....A...-G...-G.....	54
HPV39	.....-T...-CC...-GT.....	53
HPV68ME180	T.G--...-A-G...-G--G...-A-G...-A	50
HPV70	.....ACA-A...-T...-A-GT.....	57
HPV59	.....C...A...-A-GT-T...-T.....	48
HPV7	.....AC...C-GGA...-A	65
HPV40	.....G--AC--TGG..AA-G...-A	76
HPV16	.....A-A...-G.-A-G...-A	52
HPV35h	.....A...-C...-A-A...-A-TA...-A	62
HPV31	.....-A...-C...-G.C--AT-G.-A...-A	58
HPV52	.....C.A--A...-G-G.-A-G.-CAAACACAGGT...TAAAAGGTAA	69
HPV33	.....-G.-T-TT.....	82
HPV58	.....AC...A...-T...-T.....	52
HPV6b	.....A...AC-GT...-A	51
HPV11	.....-A...A.G--G...-A-G...-A	54
HPV44	.....CA...A...-A...-GT...-A...-A	52
HPV55	.....CA-A...-A-G-T...-TA...-A	52
HPV13	.....CAC...AC-G...-G.....	52
HPV34	.....-A...-G...-G.-A...-A	50

## LCR SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	.GT..TTGT.....G.....TGTA.TGT.TATG.TGTGTGTATA.TGTA...TGTGTATGTATG..TG.T.	97
HPV54	..A.....T.....A..A..T.A.G.G..G...AA...T.G...C	98
HPV32	..A.....T.....A..G...T.C..G.G..C...A...A..A..	90
HPV42	..A.C.....TA..AA.AC.AC..T.T.A..GT..G...C.CC...T..	93
HPV3	..A.C.....G..AA..G...ACT..C.G..CTA...T...C...T.A.	97
HPV28	GA..A.....T.G..AC.A.A..A...G...T...CA...A	109
HPV10	..G.....T.GC.....AA..G...T...C...A...A.G...A	84
HPV29	.ACC.A-A-G...T.TT.....C-G-A..C...C-A...A...ACT-C.AA	111
HPV61	..GCC...GC..AT.TG...C..T..A..G..CC..G.T...AC...T...C..	110
HPV2a	.A-T.....T.....C.G..AA...T.A..TGT...C..T...AT..	89
HPV27	..C.AC.....CT...T..CA..A..A..T...G.T...T...C..T...T..	95
HPV57	.A..A.....T.....CAG...G.C...T...G...T...G...T...	92
HPV26	..G...T...T.TA.....G...ACAAC...A...AAG.CG...T...	97
HPV51	..A...T...TT.....C-A-G...T-T..G-G...G...TGT-G.TCC...	106
HPV30	..A...T...TT.....GA-G-A..T.T-G-T..A...T-C...AC...	97
HPV53	.A...A...T.....AC..G-A...T...TGTC...AC...	101
HPV56	T...G...GTAAT.TT.....G..A..A...T...G-G..A.TC..AT...AC...	153
HPV66	.T..G...A...T.TTT..A...T...A..AT...G..CTA...AC...	108
HPV18	..A...C...AT.....G...A...A...TGT...TG...A...T.A.	116
HPV45	..A...A...TT.....G..A..A..TAC...TT...T...T.GC..GC...	104
HPV39	..A..G...A...TATG...AG-A-G-G...A...T-T-G-T..AA..A	104
HPV68ME180	..C.A...T...TT...G.TGG..A.G...CA...G...A...A...	100
HPV70	..A..CT...T.CAC.AC..T..ACA..T...T-G...TG...A..CT..C.CAC...A	115
HPV59	..A...CC...T.TT...G...A-A...C...T...T...C..C...A.	98
HPV7	..A...G...TT...T...A-G...T...T...G...A..A.	115
HPV40	..A...T...T...T...T...T...T.G...CC...A	125
HPV16	..C...A...T.TGC..T...AA-A..A.A..T...G...T...G..A..A	106
HPV35h	..G...G...GT..CC...T...G...ACA..GCG...AA..G...AA..A..T	116
HPV31	..G...T...TT...G...A..A...T...T...CG...	108
HPV52	CCA...T...T.T...A.G..AA...T.T...G.G...C...T..CA...T	121
HPV33	..G..A-G...T.TTACAA...T...T...A..T..C..G...T...T...	137
HPV58	..G...C...T...T...T...T...T...TG...A..G..T...C	102
HPV6b	.A..G...A...G...G...C...A...A..T...A	93
HPV11	.T.C...A...TT.TGT..A.A.G...A...T...G...A...A.G.A...T	110
HPV44	..G...T...T...A..A..T..A..G...A..G...A..G...	98
HPV55	.A..G...T.TA..T...A..A..T..A..C...A..G...	100
HPV13	..T.G...A...CT...A.G...A..T..A..G...C...CT...TAAA..A.	105
HPV34	..A...TA.....G..A..G...T...A...A.G.A...	97

most-likely	ATGTATGTGTG...TGT.....ATG.....TG.TATG.T.AATA	125
HPV54	C-A-T-A--TG...-A.....C.....C...T...T..	124
HPV32	..AT...TCA..T.....TG...	118
HPV42	G-T-T...-AC...-CC.....T...-TTC--	119
HPV3	T-A-G.....-C--	121
HPV28	---GGT-A-AAC.TG.....T-TGTATGTTTGCC...TGTGTGTGCC--G--C-G-G	164
HPV10	---AATG.....T...T-G	111
HPV29	C-A-G-A---G.....-A..AA...	137
HPV61	---GT...AT...G-ACCCTGTACTGACCCTGTCCCTG--GT-C	164
HPV2a	-CA-G-A-ACA.....G...T	114
HPV27	G---TGT--T.....C...T-C	121
HPV57	C---A-TA.....T...AC-C-	117
HPV26	---A-TAT..A.....C...G.T..	125
HPV51	---A-TA.....T...TA-T	137
HPV30	---AATGAC.....T...	128
HPV53	---AA.....T-C...A...-T...	132
HPV56	--A---AA.....T-T...G...C...	184
HPV66	---AA.....T-TGT...G...	140
HPV18	C-A---T---T...G...GC--T.A....	145
HPV45	---AA---CC.....T...GC...G	133
HPV39	-A---A-ACAGT-TC.....-GAT..GC-C-	138
HPV68ME180	---T-CAG-T..A...T-TATAA.....TCTG-T..T...T...	140
HPV70	C---A--T...--CCTGGTACATATT...G...-ATG-G	156
HPV59	---G---A-T...T-T...-CA...	126
HPV7	---T...A...-	139
HPV40	C---G-A--AT...T...C.TG--	152
HPV16	---AA-CAC---T-T..A--G	135
HPV35h	G--C-A...-T...GG--TT-T	144
HPV31	G-ACT--A-AT..A...AG...T..	135
HPV52	---CT-G-T---TG.CA...T...TG--T..GTCAG	155
HPV33	---T---AC..A...TC...T.A...CC-T	129
HPV6b	---G-A---T...A..G...C...	119
HPV11	---TGT-A--T..A...T-TGTGT...TTAG--G--AT--	150
HPV44	C---A..-GAA...-C...-G...TG--	126
HPV55	---CA.....G...TG--T...	129
HPV13	---G...T...C...	131
HPV34	--TAT--A-TG...T...-G-G--G.T--T	128

LCR SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

		Poly-A in HPV16R		
		->	<-	
most-likely	AA.TATGTAT.TCTGTT...TGTATGT...TTGTTA...CATAA.AATAAG.TGTGTG.TA.....			172
HPV54	T-.-T-.-G-A-.-TCC-.-A-.-T-.-T-.-A-.-AC-T-.-G-.-			168
HPV32	.C.C-C.C-.-T-A-.-T-TCA-.-A-CC-C-.-T-.-T-.-ACA-.-C-.-			158
HPV42	G-.-CCG-AT-.-G-.-.-.-C-.-.-GC-.-.-TGTT-.-CC-G-.-CA-.-G-.-			160
HPV3	.-C-G-.-CA.CA-AG-.-T-.-A-.-T-.-T-.-TT-.-TAA-.-			163
HPV28	TG-.-GG-CG-.-C-.-C-.-A-G-C-.-.-.-A-G-T-.-GGT-.-A-.-			208
HPV10	.-G.C-.-.-G-.-.-.-A-.-.-.-.-T-.-CAC-.-			149
HPV29	.-G-.-.-CA.CA-AG-.-T-.-A-.-TA-.-.-.-T-.-T-C-G-.-			182
HPV61	TG-.-GG.A-G-G-.-ACAC-.-G-.-.-C-.-T-.-.-AC-.-TC-.-			211
HPV2a	CC.CC-.-CCCG-A-.-AA-.-AA-C-.-.-G-.-TC-.-.-GT-.-T-.-G-.-			153
HPV27	TG-.-AC-.-G-A-.-G-A-.-.-.-CCC-.-C-CCCG-.-TATG-.-A.C-.-TC-.-			171
HPV57	TG-.-CG-.-CACA-.-CT-.-G-.-A-.-CC-CC-.-TG-.-A.C-.-TC-.-			170
HPV26	TG-.-G-.-T-.-C-.-.-.-CATAC-.-.-.-T-T-.-A-.-A-.-			171
HPV51	.-C-.-G-G-.-G-.-.-G-.-G-.-T-.-G-.-.-G-.-C-GCA-.-T-.-A-.-GACATGTAC			193
HPV30	.-.-.-A-.-GAG-C-.-AC.T-T-C-G-.-G-.-.-.-C-.-.-G-.-			178
HPV53	.-.-.-A-.-GAG-.-AC.T-T-C-G-.-G-.-G-.-.-.-C-.-.-C-C-G-GGTGTCCCT			192
HPV56	.-.C-.-A-.-GAG-C-.-T-.-C-.-G-.-G-.-G-.-.-.-C-.-.-TC-.-			233
HPV66	.-.C-.-C-.-GGT-AC-.-T-.-C-.-G-.-G-.-G-.-.-.-C-.-.-C-G-.-			189
HPV18	.-A-.-T-.-G-.-G-T-.-C-.-G-.-T-.-A-.-GG-.-TTGCG.CCCT-.-A-.-AAC-.-			197
HPV45	.G-.-G-.-C-.-G-ACA-.-AAT-.-.-G-.-.-.-T-.-.-A-.-C-.-			174
HPV39	CCC-G-.-AC-AA-A-.-G-.-A-T-.-.-T-.-.-T-.-G-.-C-.-CAAC-.-			186
HPV68ME180	.-G-.-.-G-.-A-.-TA.C-T-G-.-G-.-.-C-C-.-C-TGTG-.-C-.-A-A-.-TCC-.-			193
HPV70	T-.-.-T-.-GCG-.-C-AT.G-.-.-.-T-.-GA-G.T-.-GT-.-A-.-			203
HPV59	.-G-.-C-.-GA-A-.-TC.A-.-G-.-G-.-.-C-C-.-C-ATG-.-G-.-AC-.-G-.-			177
HPV7	TG-.-.-G-.-G-T.G-.-.-T-.-.-AA-.-.-.-TA-.-T-.-G-.-			180
HPV40	T-.-CC-ACG-.-G-.-G-.-.-G-.-.-T-A-.-TA-.-GC-.-TA-.-G-.-			197
HPV16	CT-.-G-.-A-.-A-.-.-G-C-.-A-.-CA-.-.-.-A.CT-A-.-GTTTCAACA			185
HPV35h	TG-.-.-.-GT-.-.-.-.-A-.-.-C-GTACG-.-AT-.-AGT-A-.-.-GTTTATAAT			204
HPV31	TG-.-G-.-G-A-.-C-.-A-G-A-.-.-.-T-.-.-A-A.CC-.-			178
HPV52	TT.CC-.-G-A-.-.-T-G-.-.-A-.-.-T-.-.-A-.-AC-.-GTATTACT			204
HPV33	.G-.-CA-.-T-.-C-.-.-G-A-.-A-.-.-.-C-TT-.-.-			210
HPV58	.G-.-CA-.-T-.-C-.-.-T-.-C-.-A-.-A-.-.-.-C-TT-.-.-TTGTA-.-			179
HPV6b	.-.C-A-.-TA.C-.-C-.-.-GT-.-CACC-.-C-.-G-C-.-T-.-GTG.GC-GTT-.-CAC-.-CG-.-			167
HPV11	TT-.-G-.-G-A-.-G-.-A-.-.-.-T-.-G-.-TGC-.-.-A-.-CAA-.-			192
HPV44	C-.-.-A-.-AACT-AA-C-.-.-G-.-C-.-C-.-C-.-CCC.C-.-G-.-AA-.-T-G-.-			176
HPV55	.-.C-.-A-.-.-.-G-C-.-C-.-C-.-CCC.C-.-G-.-AA-.-T-G-.-			172
HPV13	.-.C-.-A-.-.-.-G-G-C-.-C-.-C-.-CCC.T-.-G-.-AA-.-G-.-			175
HPV34	.G-.-.-GCA-.-A-.-G-.-.-GT-G-AC-.-A-.-G-.-TGT-.-GTA-.-A-.-			168
most-likely	.....T.TGTGT.....TGTGTA..TGTTG			189
HPV54	.....GT-C.....ACCCT.A-AG.			183
HPV32	.....ACC-A.....AATC...G-.-			172
HPV42	.....GCCA-.-T.....CC-AAC...A-T-.-			181
HPV3	.....C-.-G.....TCC-G-.-AG.			176
HPV28	.....T.....ATG.....CA-.-AA.....-G-			230
HPV10	.....A-T.....A-A.....T-.-			164
HPV29	.....A-AA.....GAA-.-AAG-			197
HPV61	.....TG-.-G.....G-.-C.....C-G-			231
HPV2a	.....C-.-.....AAC-.-GTAC-			168
HPV27	.....-.-G.....TC-			187
HPV57	.....-.-GTCC-			189
HPV26	.....A-.-.-C-.-CA-			184
HPV51	GGGTGTATGTGGGTATTACATTATCCCCGTAGGTCAAGGG-.-G-.-.-TC-G-.-.-GC-			249
HPV30	.....-.-CCC.....TAG-CA-.-TAG-			199
HPV53	AGGCAGTTGGGTG.....GCATGTTAGGTGGCGTCCTGT-.-A-A-.-ACCA-.-C-C-			242
HPV56	.....T-.-AT-.-G-CT-T-.-			250
HPV66	.....-.-A-CCTTGGGCAG-.-G-.-CAG-			214
HPV18	.....A.C-.-A-T.....T-.-G-			216
HPV45	.....A-.-A-.-.-GG-.-			193
HPV39	.....-TCA-ACATAATCTA-A-.-CC-.-C-ACCC			214
HPV68ME180	.....-.-T.....ACA-.-TCA-AGGA			213
HPV70	.....TGT-.-T-.-AATA-.-AGTA-.-			224
HPV59	.....TCCC-.-T-A-.-T-.-CT-.-			196
HPV7	.....-.-G-.-AA-.-G-AC-			197
HPV40	.....G-.-A-G-.-GCAG-.-			215
HPV16	.....CCTACTAA-.-.-G.....-TA-			208
HPV35h	TA.....ACACTGTATTG-.-.-A-.-GACTAT...G-G-			234
HPV31	.....TG-.-G.....			198
HPV52	AAAC.....TATTATAGTAGTC-.-A-.-.-A-.-TA.TG-.-			241
HPV33	.....T-.-AAACT...AT-.-			226
HPV58	.....AACTAT-.-.-A-.-T-.-G-G-			201
HPV6b	.....TT-.-GT-.-.-CACG...C-CC.			185
HPV11	.....-A-.-C-.-C-.-A			209
HPV44	.....A-.-.-T-.-CTA-.-			193
HPV55	.....A-.-A-.-G-.-TA-.-			189
HPV13	.....TG-.-.-.-CTC-.-G-.-G-.-			194
HPV34	.....-.-A-.-.-.-T-.-TA-.-			183

LCR SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	TAC...TATGT.....TTACTATA.....TA.....ATTGTAC..TACATGATTTTTGT	229
HPV54	--A...CT-T.....G-GTG--G.....-T.....G---C.T...-G-.GC--AGTA	220
HPV32	CCG...-G.....A-A-G-C.....C-T.....T-AA-T--G..C-AGCACA-GCA--	213
HPV42	C-A..ACC-A.....-C---T-T.....-A-T--T...-A---CAA-A---	220
HPV3	--A..GA-A-G.....-A-T-C-G.....GG.....TCA-C.G...-C---CG--	214
HPV28	-TA...-A.....-AT-ATA.....-AC---GT..C---AG---ATA	270
HPV10	--A...-T---G---CAGGGGACCGA--T-GG-C.....TTCC---GAG..-AG-A-GG--GT-	206
HPV29	..-G---GAGGGGACCGA--T-GG-C.....-AA-GC...G..C-G-GCAG--	245
HPV61	C---CC---GA.....G-A-G-G-G.....-T.....T---TG..C-GC..C--A--T-	273
HPV2a	-T...G---GC--AG.....-T.....T.C-C---CC---CGCC---	204
HPV27	--A...C---CCT-G-G.....GTGCACGGGTT-C-C---CCT---TG-CC-T-	233
HPV57	C---C---A..-T-G-C-CCCCGCTGCA-G.....G---C---TGGCA---	235
HPV26	C---G---ACA-G-C.....-T.....T..C-AC---T..-TG-CA-T-	220
HPV51	-C...CTAT.....GCC---CC.....C-T.....TT---C-GCAC-A.CAG---A-A-	292
HPV30	--G...C-AA.....GGTGG.....CGT.....CCC-A---C...-C-CCC-----G	241
HPV53	C---CC---A-TA-TA.....-T---G-ACTG..TT-C-CGACT-	282
HPV56	-TG...-A.....-T-G-G.....C-G-----TA..-TG-A---	287
HPV66	-TA..GGTG--GTT.....CC---G-T.....-A.....TG..-A--T..-A-AGG--G-T-	261
HPV18	..-GG---G-TGCT-G.....-TGG..GCT--A-A-TGT.CCTG-AT--CAA--	261
HPV45	C---CCT---GA.....G-A-A---CT.....GTG..-TG-.G-A--GC-	237
HPV39	--AG..G-G---CC.....-A---A..TTT...-CA--GT-	255
HPV68ME180	CTG..CA-CA.....-C---C.....GC.CCT-C.CC-AAG--	254
HPV70	--T..GG-G--CA-T-G.....-G.....G---C---CCTG--C-AAG--	264
HPV59	-C...-TAT.....AC--AT.....-TAC...AC---CC---T--CA-AG--	238
HPV7	-T...-T---TAA-AG.....-T.....C-A-.T...-A-C.TCAC--A-	234
HPV40	-CA...-G-C.....G-CT-G-T.....C.....G-G-TG--C-TG-AC-----	254
HPV16	-CA...-A---TA-AC.....T-----C.T...-CC-G---T-	246
HPV35h	C---CC---A.....GACT--C.....-AC-G...-C-C-A-A---	274
HPV31	-C...-A.....A---ACC.....-T.....T-G-AAC-T...-AT-AC-AT-	237
HPV52	C--CCAC--A.....G-AC--.....C-G--C.T...C...-A-C-AT-	280
HPV33	--G-A.....G-TA-G.....TGGG---C---T---G-AAG-A	267
HPV58	--T..C---A.....G-AGG-GCTGT..CCC---A---CC---CCTGCC--C	248
HPV6b	-TA...C-CAC.....A-AGTA.....T-CA-C-AA-T--A---T-	227
HPV11	C---CCA---G---AG.....-T.....G-G-T-TG..C-GC-CCG-----	248
HPV44	-TTG.G---A.....A-A---A.....-A.....C-A-----G.CC-G--A--	235
HPV55	-CT...GG---A--A---CA...AC--A---G.CC--G--GT-	231
HPV13	-T...-A---CT.....AAC-T...-G---CAACCAT-	230
HPV34	-T...C-AA.....AA-----TG...GT...GAG-.GG---TA	219

most-likely	..GTATAAAATAT.....	240
HPV54	..-CC-TT-C-C.....	230
HPV32	..T-T--CTGCCAAATATATGTACTGCCAAATGGTATTG.....	250
HPV42	..-CTGCC--C-GTTTTATGGCAGGTATGTTCTGCCAACGTACA.....	262
HPV3	..TCTC----GGCCGCTTTGCAGGTGTGCACACACAACAATTAGTCATACTGATC.....	268
HPV28	..T-T-TT---T-CTGTAATTGCTGATCCTGTGAGTAAGAAAGGTGGT.....	316
HPV10	..C--GGTC-GGA.....	217
HPV29	..-GC-C-CC-C.....	256
HPV61	..-GC-GCT-CCCCATT.....	289
HPV2a	..-G--GCCCC.....	215
HPV27	..-G--GCCCC.....	244
HPV57	..A-G--GCCCCCTGG.....	249
HPV26	..-T-T-CCC-GAGGTAATGGGAGGAACCTTAGGTGGTGTCCCTTATAATTATTATA.....	277
HPV51	..T-G-GCT--T.....	303
HPV30	..T-G-TGC-C-CCACTGTGCAGTTAC.....	266
HPV53	ACC---CC-C---.....	295
HPV56	..-C---C-T.....	297
HPV66	..---GC-C.....	272
HPV18	..---C.....	270
HPV45	..T-G---CCC---ATTCTTTCTGTAT.....	262
HPV39	..---GCGT.T.....	265
HPV68ME180	..-G-T-C-.G-AC.....	266
HPV70	..-TGTCCC-G-TTTACATATAATAGGAGTGTGATTACCAACATTTT.....	310
HPV59	..-G-TTGT-CCTTCATTTTGTCTGA.....	264
HPV7	..-T-----G-CTGCTCTGCACACTGCAACCGTTTTCGGTCCGCGG.....	278
HPV40	..-C---TCC.....	265
HPV16	..-T-T-T.....	257
HPV35h	T-----T-C.....	285
HPV31	..T-----C---TGTTCCTACTTGTTCCTACTTGTTCCTGCTCCTCCCAATAGTCATGTACTTATTTCTGCC.....	308
HPV52	..-C--CTCC-GCCCTACCCTGTGTCCCTGCCCTACCCTGTG.....	321
HPV33	..-TGT-TTG-CGCCCTACCCTGCATTGCAATGTACCTACCTTTATT.....	314
HPV58	..C---T-TGC--ACCTATGTAATAGTATTTG.....	278
HPV6b	..-T-----C.....	238
HPV11	..-TGCTTC.....	259
HPV44	..T-T---C.....	245
HPV55	..T-----C-C.....	242
HPV13	..T-G---CT-T.....	241
HPV34	..A-GCC-C-G.....	230

LCR SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

		-> YY-1 binding sites	
most-likely	.....A.TTACAT.....TTATAC	253	
HPV54	.....T.-T--C.....C--TG	241	
HPV32	.....CTAAGTAGCAAAATGTTTTTACATAC.-A---ACACGCCCTT--GC--	299	
HPV42	.....CTCCCTAATTCCCTTTACATAACACACACGCCT.-G--C.....AGGC-T	306	
HPV3	.....TATATCCTGCGACCTGCCTTTGTCCACGCATAGTTTTGGCTGTG.-ATT--.....C-T-T-	323	
HPV28	.....TCCAGGTCAAGCGACCGATATCCGATATCCAAAATGG.CCG-C-.....A-GC-G	364	
HPV10	.....G.ACCG--.....CGG	229	
HPV29	.....T.AATT-C.....-C--T	269	
HPV61	.....TCTGTG.-C-T-.....G-G-T-	307	
HPV2a	.....-G--T--GCAA.CCGT--TCGG	237	
HPV27	.....-G--T--GCGA.CCGT--TCGG	266	
HPV57	.....TAG--ACG-CCG.....T--TCGG	268	
HPV26	.....TTACACAAGTTTACCTTTTATATGTATTTCACTAAACTTTTGTAGTG.--T--.....-T---	336	
HPV51	.....-G--T-C.....--GT	316	
HPV30	.....TTTTTATATTTAT-.-T-CC.....ACC-C-G	294	
HPV53	.....-AGT-AG.....C---G	311	
HPV56	.....-T-C.....CATA--	309	
HPV66	.....-G-A--C.....AC-C-A	285	
HPV18	.....G.C---C.....C----	281	
HPV45	.....TTCAAGTTATAAAC.-G--A.....C--C--	289	
HPV39	.....C.----T.....	278	
HPV68ME180	.....ATG.-A-T--.....A---T	281	
HPV70	.....CTACATAATTTTATGCCCTACCCCTAAGGTGTGTG.-AC--.....--G-G	358	
HPV59	.....ATGTCCAGTTTGTGCAT.-G--CA.....--T	293	
HPV7	.....TTGGCAACTCATTACATTTGTCCAGCATGTTTTT.-A---G.....T---A-A	326	
HPV40	.....C.CATTT-.....G--CTG	278	
HPV16	.....-C--T--TT.....TG-AGCG-	274	
HPV35h	.....-CT-C.....C-CC-T	298	
HPV31	.....TATAATTTAGGTGTCCAGCCATAGTAAAAGTTGTACACCCGGTCCGTTTT.-G-A.....C--A-G	370	
HPV52	.....TCCTACTTTGTGTACACTACTAATAGCCTT.-ACTC-.....CC--TT	364	
HPV33	.....TCCTATATTTGTAGTACCTACATGTTTGTATTTGCT.-C--TT.....TGAC--	367	
HPV58	.....TATGATATGTATTTTATAGT.-TT-A.....CAG---	310	
HPV6b	.....T.A--T-.....---T	251	
HPV11	.....-T--TATAT.ATAT-G-A	281	
HPV44	.....-C-TCC.....A--T-GG	260	
HPV55	.....TTT-.....AA-C-T	254	
HPV13	.....C-----	253	
HPV34	.....GTC-C---T.....-G-T-	245	

	YY-1 binding sites	<-	TGT.TATCC	E2 binding site ->	
most-likely	.TGC.....GTCCATTTTA.....			ACCATT	280
HPV54	..-T.....-G.....-A-..A--			T-----	266
HPV32	AA--.....A-GTT--AG-A...AG--..-GG-.-			-TAGC-	328
HPV42	G-----ACAA-GG--GGCAAAG-----G-.-			-TATC-	338
HPV3	TATA.....-TT-----TG.CTG.-			-T---	350
HPV28	G--TG.....T---GG-.G.....-C--TAAT.....-A			-----A	392
HPV10	..-A-AAGATGGCCGCTT---GG-.G.....-C.ACA--			-----A	268
HPV29	..-AT.....-A---CC.....-C.G-CAT.....G--G-C			-----G	295
HPV61	GG-T.....AG-----G.....-GC-G.....-G-			-----G	335
HPV2a	T-----G-G--C.....G--CGG-.-			G--G--	264
HPV27	T-----G-G--C.....G--CGG-.-			G--G--	293
HPV57	T-----G-G--C.....G--CGG-.-			G-TGC-	295
HPV26	..-TT.....T-AT---C.....-A--C.T.....-T-TA-			-----	362
HPV51	..A-----T-----G.....-TA.C-G-TGC.....AG-----			-----	346
HPV30	TA-T.....T-----TG.CA-T-G.-GC-----			T-----	327
HPV53	..-T.....A-----GT-.-GG.-GCCTTTT.....GGTACCCT			-----	351
HPV56	A-A-----GT.....T.-T-----			G-----	338
HPV66	..A-----G.....-C--G-A-----			G-----	311
HPV18	..A-----TC.C-AC.A-----			T-----	311
HPV45	..A-----C.T-A.A-----			T-----	318
HPV39	..-T.....G-----G.....-G.CGA--GA.....AGT-GG-C			-----	308
HPV68ME180	..A-T.....-T-A-----AC.C-A.GTGGCCATT.....TTGTAAGG-			-----	321
HPV70	..-TT.....A-A-----A-----T-ATAGTGGGTTACCTGTATACAGCAACGG-			-----	409
HPV59	..G-----TC.C-T-A.A-----			T-----	324
HPV7	T--T.....TAG-T-A--..AAC.--AT.....-AATCC			-----	355
HPV40	..C-----A--GC--C.....G--CGC.GGTTGGCA.....CACACATA---			-----	317
HPV16	CA--.....-G-----G.....-AG.CT--A.....--GAA			-----	302
HPV35h	..-TT.....-GTG-A.G.....CC-.T.....TA-----			-----	323
HPV31	C-A-----GA.....T-T..ATG-A.....G-----			G-----	399
HPV52	..-T.....A-----G.....-AC-----			-----	390
HPV33	TA-T.....-A--G.....-ACAA-T---.....T-----			-----	397
HPV58	..-T.....C-----CT--C-.....T-----			-----	336
HPV6b	T---..AA--G---C.....G--GC-----TTAGCA			-----	279
HPV11	..-AT.....AC-T-AC--.....-C-----C-CCC			-----	308
HPV44	G-----AA-G---C.....G--G-.T.....			-----	285
HPV55	A-T.....C-----G.....G--G.C-A--GTTTTCGGTT.....GTTACTCATC---CAC			-----	303
HPV13	..-T.....C-----A-----A-G.C-A--GATTT.....CGGTTG-T---			-----	290
HPV34	A-T.....G-----A-A.-T-.T.....-AAG--			-----	272

LCR SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

E2 binding site <-		
most-likely	TTGCC TTGCA...ACCGATTCGGTTCG	305
HPV54	--ATA-AA-CGAA--T-----TGTGGCACTAAAAGTGTGTTTAAAGCACTTTGTATCGTACATC	338
HPV32	-----ATTT-----TT-----C-CT	350
HPV42	C-----A-TT-----C-----C-TT	360
HPV3	C-C--G--C-.GT-T--C-.-CT-CATTGC	380
HPV28	-A-T-.A-A--G-.T-C-A-.C-.-AAACCTGCCCTGTCTCGCAAGTTTTTGGCTGTGATACATCTTT	460
HPV10	-A-T-.A--TG-.T-T-A-.C-.-GACCTGCCCTGTACAGCCATTTTTTGGCTAAGATTGTATAGTT	336
HPV29	-.CA-.C-.C-.--A-T--G-CA.-AATTTTTTGGCTTCCACTGTTTATTTTACTGCTGTAT	352
HPV61	--CGG--CT-CC-.G--TT--T-----CGACCGTTTTCGGTCCGCCCTTTTTGGTTGTGGCACTATGCC	404
HPV2a	G.C-.AAC-C-.G-TTAA--C-.-TAATTTGCTCTCATCTAAAGTGTATCTGTGCCAGCAGCATGAGT	330
HPV27	G.C-.A--C-.G-TTAA--C-.-TAATTTGCTCACATCTAAAGTGTAGCTGTGCCAGCAACAATGAGT	359
HPV57	G.C-.A--C-.G-TTAA--C-.-TAATTTGCTTAATGCTTTAATCCTTTCACTTTTTTACTGTGCCAAC	361
HPV26	-.T-.CC-----T-----C-TTCCTTATTTAGTTTTTATCCAACCTTTCATGCTGTATCCTGCAG	428
HPV51	---A.G-----CGTGTACTTTAGTATATTTGCCAAGTTTTAAACCACAACCTGCCAG	414
HPV30	---A--T-----T-CTGGCATGTATGAGTGTTTTTTATATGTACATGCCAAAAGTACA	396
HPV53	---G-----TGCATATCTTGTAAATACCACAAGCATATTCAGCAGAAGTGTAA	420
HPV56	---TACA-----A-----ATGGCCTAGTGCCATTTTAAACTAAAAGGAATTCGGTTGCAT	408
HPV66	---ATGCA-----A-----CTAGCCTTTTGGCTTATTTAAACCCAAAACGACTTTTCAGCAA	381
HPV18	---T.G-----C-TTGGCTTATGTGTTTCTGTGGTTTTCTGCACAATACAGTACGCTGG	380
HPV45	---T.G-----CTGTGGCTTATATGTGACCTTTTAAACATAATACCTAAACCTGGC	387
HPV39	G--GG-----G-ATT-.T--AAACTAGTGGAAACCACCTTCTCAGCAAAAACATGCTTTACCTT	374
HPV68ME180	---T.G-----T-----C-GTGGTGTATTTCTTCTATACAGTATAAAAACATATGTTTCA	389
HPV70	---T.G--A-----T-----ATTGGCTTTGTACCATCAGTTACCCTTATAAACCTTTTGTATC	477
HPV59	---T.G-----T-----A-CTTGGTTAACCTTACCTTTTGAACAATTAATCTGTTTAAACA	393
HPV7	---CAA--T-C-.C--AA-C--T-CAGTCTCGGTTGGCAAGTCCACATGTTTGTGAGCATATTTGCAT	424
HPV40	-.T.CA--A-.TTTT-A-T-CA--TTACACATGTTAGGTCAACATGCCCTGCCAAAAT	376
HPV16	---CGG-----TG-TT--G-CACAAAATGTGTTTTTTTAAATAGTTCTATGTCAGCAACTATGGTTTAA	371
HPV35h	A.C-.T-----TGTGGCAAGCTTTATATGTTTTTTTACAAAACATTCTACCTC	390
HPV31	---AAA--CC-TA-----T-----ATTGTTTAAACATGCTAGTACAACATATGCTGATGCAGTAGTCT	469
HPV52	---AAA--CCT-----A-----GTCTTGGCACAACCTTTGGTTGTCTTGGCACAGTAACAACATTTT	459
HPV33	---T.A--CT.A-----A-TTGGCATACATACCCTATGACATTTGGCAGAACAGTTAATCCTTT	467
HPV58	---TGCA--T-----TGGCACAACCGTGTTTTTTTTAAACTACAATTTAAACAATACAG	406
HPV6b	---ACA--T-C-.A-----A-AACGTGTTTCCCTTAACTTATATATTTTGTGCCAGGTACACA	346
HPV11	A.CT-----T-----CCTTACATACACTACCTCAATTTGTTATACAGTGTTTTGTGAC	374
HPV44	---G.G-----T-----TTACTCATTACCACATCTCTGTACCAATTTGTTATAGCAAGCA	353
HPV55	A-C-----T-----TAGCAAGCAAAAATTTTAACTTATCTATAGTTGCCAAAACCTTTA	368
HPV13	G-TT-.C--G-----AGCACGCTGTTTATATAATCTTACCTACCCTGCCAAAATTTAT	356
HPV34	A-T-----G-----C-----CTATACTATAACATGTTTTGGTCTGTTTGTGCTGTTTTAGCACA	339
most-likely		305
HPV54	TAATCTTTTGGGCGCCGCCACATCCTGCCCTGGTAG	384
HPV32	TTTTTGGCCAGC	350
HPV42		360
HPV3		380
HPV28	CTATAGTTT	469
HPV10	TCTATAGTTTA	347
HPV29		352
HPV61	ACTGTACACATACCACAT	422
HPV2a	TTGGATTTTGG	341
HPV27	TTGGATTTTGG	371
HPV57	TAAAAATGATTTTGGCT	376
HPV26	GAACAGTTAATCCTTTGGCAGACA	452
HPV51	TTGTTTTTGGCATAAACCATCATTTTTTTATGAC	456
HPV30	TTACAGCAAAAACATTAATC	415
HPV53	TCCTTTGGCATA	432
HPV56	GGCCTAGTGCCATTTTAAACCAAAAGGCCCTTTTCA	458
HPV66	AACAGTTAATCC	393
HPV18	CACTATTGCAAACTTTAATCTTTTGGGCAGTCT	422
HPV45	ACATTTACAACCCCTACATAGTT	410
HPV39	AGGTTACCCTGCA	388
HPV68ME180	GCAAAAACATGTTTACCTTGGTT	413
HPV70	AGCAAAAACATGTCCTGTAACCTAAG	503
HPV59	TCAGCAAAAACAGTTAATCCCCATCTTG	421
HPV7	TGCATGTTTCAAATTGCTAGGT	446
HPV40		376
HPV16	ACTTGTACGTTTTCCTGCTTGGCATGCGTGCCAAATC	416
HPV35h	AGCAGAACACTTAATCCTTGTG	412
HPV31	GCGGTTTTTGGTTTCTGTAATACTAGTTTTTGGCAACATTTCTGGC	533
HPV52	TTATATAAGTTTTCAGCAAACTGCTTAATCC	492
HPV33	TCTTTCTGCACTGTGTTGTCTGTACTTGTGTCATTGGCATA	527
HPV58	TTAATCCTT	415
HPV6b	TTGCCCTGCC	356
HPV11	TAATCCCATATGTTGTG	393
HPV44	AATATTTAATCATCTCTGCCA	374
HPV55	CTATGTT	375
HPV13	CCACCGCTTG	366
HPV34	AAGGTTAATGTGTTTTGGCTTCCCTGCAGGCAACTTGGATTGTACTCAAGCACTTAGGATTAACATGCTTCTCT	412

LCR SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	.....TGC	308
HPV54	ACATCTGCACACCCACACATTATAACTGTGAGAACAACTTTCATTTCATTGTGTAAAAACACGCCCTT---	457
HPV32	.....-C-	353
HPV42	.....-C-	363
HPV3	.....AAATTTAA-	388
HPV28	.....ATTTTCATTGCTGTATCATTTCTTCTGGCACGTCAAAATGTCTCCATTGCAAAA-TA	525
HPV10	.....GTTTTATTGCTGTATCATGCTTTCTGGCACGGCAAAGTGTCTCCATTGCAAAATTTAA-	404
HPV29	.....CATTTCTTGGCAAGTTTGCACATATACATTGCAAAA-T-	392
HPV61	.....CCTGTTTAAACAACTTTATGTGTGGCACCTGGGTGTGTTTACAGGTTGCTAACACACACA-T	486
HPV2a	.....TTGTTTAAATGCTTTTTCTTTTCAGTTTTTCTTTGTTTGTGCCAGGCCGAGAGG--	399
HPV27	.....TTGTTTAAATGCTTTTTCTTTTGTGTTTTCTTTCTGTGTGCCAGGCCGAGAGG--T	430
HPV57	.....TTTTGATTGTTTTGTGTGTCATTAATGACAGTTTTTCTTTTCCAGTGGCAGACCCGG--T	437
HPV26	.....ACACATCCTGCCTCCTACGCTTGGCTTGGCATTTTGGCCTATAAGTGGCGCCCTGTATTAGTCACA-AT	523
HPV51	TACATCCGCCCGCCACGCTTGTACTTGGCGCGCTTACCAGCGCTAGTCATACAACTTATTAGTCATT--T	529
HPV30	.....CACTGGCATGGTGGCGTTTCTGTCACTTTATGTTTTTTTTTGGCAACGTAAGACGCCCTCGCCTTATT	481
HPV53	.....GTGCCGTTTCTGTGTTTTAATGTTTTTGTGTTTTTATACACTATGCCCTTACCTATTAGTCA-	491
HPV56	ATCCTTTGGCATAATTGCCGTTTTCTGTGTTTTATACTTGAATTATGTACAGTACCGCACCCCTGTATTACTGA-	531
HPV66	.....TTTGGCATATTGCCGTTTTCTGTGTATGATTTCAGGTATGTACACTGCCTTACCC--T	451
HPV18	TTTTTGAACAATTTGGCGCCCTCTTTGGCGCATATAAGGCGCACCTGGTATTAGTCATTTTCTGTCCAGG---	495
HPV45	.....TAACCTACTGGCGCCCTTCTTGGCGTACATGTGGCACACCTGGTATTAGTCATTTTCTGTCCAGG--T	480
HPV39	.....TAGTTGGCACTGGTAACAGTTTTACTGGCGCGCTTATTACTCATCATCTGTCCAGG---	449
HPV68ME180	.....TACCACATAGTTGGCACCGGTAACAGTATGTACTGGCGCACCTTACTTAGTCATCATCTGTCCAGG---	484
HPV70	TTCACCTACATACTTGGCACTACTAACAGTTTTAGTGGCACACCTACACTTAGTCATCATCTGTCCAGG---	576
HPV59	TTCCCTCCTACCGCTAGACTACTAACCACTTACAAACGCCAAATAGTTAGTCATCATCTGTCCAGG---	494
HPV7	.....CAAAGTCCCTGCCAAAATGCCGCAATATGACTATTAGGGTGAGGTTGCCACACCTTTAAT-A-	514
HPV40	.....GTAGTATTAGGGTGAGGTTTGGCACACCTTTGAT---	413
HPV16	CTGACCTGCCTGTGTTGCCAACCACTTCCATTGTTTTTTTACACTGCATATGTGCACTACTGAAATCACTA--T	489
HPV35h	.....TTCCTGATATATATTGTTGCCAACCTTATATATTGGCTTTTGGCAATCTTTAAACTTGATTCACT--	480
HPV31	ACACCTTGGCAACATATAATCCAGTCCAACCTTGGCAATATACTATGAATCATGTTTGTTTAAATAACAAC--T	606
HPV52	GTTTCTGTGAGTCCACTGGTCTACACTTGTGTTGCCGCTTAAACTGACTTCTTGTGACTCACAGGTCC---	565
HPV33	GCAGAACAGTTAATCCTTTTCTTCTGTGACTGTGTTTGTCTGTACTTGTGTCATTGACTCATATATACA---	600
HPV58	.....TCCCTTCTGCCTGTGTTTGGCTTATCTTGCATATGTGACTCATATATACA---	470
HPV6b	.....AAGTTGCTTGGCAAGTGCATCATATCTTCCAAACACACACCTGGCGCCAGGG---	412
HPV11	.....CCAAGGTACATATTGCCCTGCCAAGTATCTTGGCAACAAACACACCTGGCCAGGGCGCGGTAT---	458
HPV44	.....GAACTTTATTATGTTACTAAGTACACACCTGGCGCACAGCTAGGGCGGGTTTGGCAACTACACAA-A-	442
HPV55	.....ACTAAGTACACACCTGGCGCACAGCTAGGGCGGGTTTGGCAACTACACAA-A-	428
HPV13	.....CCAAAATCACCCACACCTGGCGTTGCTAGGGCGGGTTATATATATTTACTAAAT	423
HPV34	GCTTATGTTTCATCTACGCAAGGTATACACGTTTAAAGGCGCACCTGGCAGTTACTCATGTGTCTGCAATT	485
most-likely	AG.TACTAC.....ATTGCTTGC.CAAC.TAT.ATTTT.ACTA...CAT.TAT.....TAAAAA.TGCTT	358
HPV54	-T.-C-A-----A-...TT-TA--T-----T-----A-----A-----A-----A	502
HPV32	TT.-GT-C.....-GTTA--A.-T--G-...-G.TTATG.T--A-.....-T-----T-----	402
HPV42	TT.-TT-T.....TA--TA--AGT---A---G-.T...-T--G-A.....-A-----A-----	412
HPV3	---C-T---.....GG--A...T-----A-G-----T--CA.....C-T--T.-A--G	434
HPV28	-C.-G--C.....TGG--A...A-----A-G-----T--CA.....C-T--T.-A--A	573
HPV10	---C-T---.....GG--A...A-----A-G-----T--CA.....C-T--T.-A--G	450
HPV29	GC.-G--T.....TGG--A...A-----A-G-----T--CA.....C-T--T.-A--G	440
HPV61	.T.-GGA-----A---CCAT-T-TC-.T--G-.ATG.TTG-GC-A.....T-CTG-----	539
HPV2a	.-G-AC.....-C--A-G.-TGA.-...-C-----G-G-T.....GGC--AT--	443
HPV27	.-G-A.....-C--A-G.-TGA.-...-GG-.T.....C-G-G.....GGC--A-A--	472
HPV57	G.-GCG.....GCA-A-T.-T-A--G.-A-CT-C...C-G-G.....GGCGG.G-A--	485
HPV26	-T.-TAA-----A-A--A.-AT-AGC-C.T-----CT-----A.....A-----G	576
HPV51	-C.-TTA--A.....-T-G-.AC--G.T--CCGC-CTA..T-A.-A.....TT-----	582
HPV30	--CA--TAT...GTA-----GC-----TC-G...AC.....T...-G-----G	533
HPV53	-CT-----G.....TAG-----GC-----CTG.....ACC.....T.-G-----	540
HPV56	--G-----G.....GA-----GC-----TCTG.....AC.....T.-G-----G	579
HPV66	-T-----CACCT..GT--T--GTGC.....GC-----TCTG.....AC.....T..GG.C--G	507
HPV18	GC-----A--A.....-----AT-----CCA.CTCCC..T-AG--A.....	549
HPV45	-C.-AA--A.....-G-----A-----G.-CCAC-CC..T-G-A.....	534
HPV39	-C.-G-A.....-A-A--TGG--A-CC--A-C.T-C-CCCT--G-A.....	505
HPV68ME180	--G-A--A.....-A-T--G.-G-C--A-C.T-C-C.C-T-G-A.....	539
HPV70	-C.-A--A.....-A-A--TGG--C--GCA.C--CCAC-C-G-C-A.....AT--G-----	632
HPV59	-C.-CTA.....-A-A-----AT-----T.GG-GG.CGCC...T-G-TAA.....A-----	547
HPV7	-C.-TT.....ACTG.TT--TC--C--A.-TT--T.CGCT...CC--T-----	565
HPV40	-C.-TT-C.....TG-A--G.TT--TC--C--A.-TG--T.G--C.-TC.....C-----A-----	464
HPV16	-CA-TG-GT.....CA-ATAAAATA--TCAC--GCG.C-A-C.G-C--C.....AT...C--G	542
HPV35h	--T--GT.....C--TT--.AT--T-G.GG-CC--CCACA-T-G-ACACTG--C-G-----	541
HPV31	--T-A--TATGTGTC--A.CATAT-T...-A-C--C--C.ACC.....T-----	663
HPV52	--G-AG.....TAAA-A..ATAC-T.-GC.C-AAC.-T-G.....G-T-----	614
HPV33	--G-A.....-A.AA.AT--A--G-----AG-----T-C--A-----	647
HPV58	--G-A.....G---A.AA.ATGT..-A---A-----C-----AG-----T-----	517
HPV6b	G--T-G.....C--A--CATA--C-G.-C--G.TG-T...AC.....TT-TG.CA--	461
HPV11	-T.G-----A--TACAATA--C-G.-CGG-.TG--A--G-----G..TG..-A--	505
HPV44	-T.C-----CT--ATA.-T--GC.TG-C.CG-T..TG-GA-C.....A-T-GTGC--G	493
HPV55	-T.-C-----CTA-ATA.AC--GC.TG-C--TG..TT-.A-C.....A-TCGTG--G	479
HPV13	CT-----C--TT-CTA.TC--C-----C--TT..T--AACA.....AT-CTTT	474
HPV34	GT-----A--T--TGCAC--AC--T-----CCA.C-C-C-CA.....T-----	540



LCR SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

PV enhancer-associated factor binding site			
	->	<-	
most-likely	T	TAGGCACATATTTT	TA
HPV54	G	-----TG-AA-----	AG
HPV32	-	-----G-----GGG-TT-GGC	-AGTA--TT
HPV42	-	-----C-----G--T-GGC	A-ACA-AT
HPV3	-C-T	-----TGCG-----	CT.A--TC-GC
HPV28	-C-T	-----TGCG-----	AT.A--G-GC
HPV10	-TCT	-----TGCG-----	CT.A--G-GC
HPV29	-C-T	-----C-----G	CT.A.G--A
HPV61	-	-----G-G-----	AC-AC
HPV2a	-	-----GTA-----	TGCG-C-G
HPV27	-	-----C.TA-----	TGCG-C-G
HPV57	-	-----CC-----	TGCG-C-G
HPV26	-	-----TT-TA-----	TAGGT-TTTA
HPV51	A	-----TG-----	T-GG-ATA
HPV30	-	-----G-----T-AG	-----T-AAAC
HPV53	-	-----G-----C	-----T-AAAC
HPV56	-	-----G-----C	-----T.A-A-G-G
HPV66	-	-----G-----T-G	-----T--AGG-G
HPV18	-	-----G-----T-G	-----T--AGG-G
HPV45	-	-----G-----T-G	-----T--AGG-G
HPV39	-	-----G-----T-G	-----T--AGG-G
HPV68ME180	-	-----G-----T-G	-----T--AGG-G
HPV70	-	-----G-----T-G	-----T--AGG-G
HPV59	-	-----G-----T-G	-----T--AGG-G
HPV7	-	-----G-----T-G	-----T--AGG-G
HPV40	-	-----G-----T-G	-----T--AGG-G
HPV16	-	-----G-----T-G	-----T--AGG-G
HPV35h	-	-----G-----T-G	-----T--AGG-G
HPV31	-	-----G-----T-G	-----T--AGG-G
HPV52	-	-----G-----T-G	-----T--AGG-G
HPV33	-	-----G-----T-G	-----T--AGG-G
HPV58	A	-----G-----T-G	-----T--AGG-G
HPV6b	G	-----G-----T-G	-----T--AGG-G
HPV11	G	-----G-----T-G	-----T--AGG-G
HPV44	G	-----G-----T-G	-----T--AGG-G
HPV55	G	-----G-----T-G	-----T--AGG-G
HPV13	-TC-A-T	-----G-----T-G	-----T--AGG-G
HPV34	-	-----G-----T-G	-----T--AGG-G
most-likely	CTACTTT	.....AG.CCA	ACTATGTGCT
HPV54	-ATAGG-GT	.....AT	-----GG-C-----
HPV32	G-G	-----GT	-----CAT
HPV42	G-TA	-----GTCACTGTT	A-----AT-AC-A
HPV3	-C-CA	.....A-----A	-----ACCTAA
HPV28	TCT-CACC	.....A-----A	-----ACCTAA
HPV10	TCT-CACC	.....A-----A	-----ACCTAA
HPV29	--C-ACC	.....T.T	-----A-----T
HPV61	--TT-C	.....G	-----GGA-AC
HPV2a	T-TT-GC	.....G	-----T-CAC-T
HPV27	T-T-GC	.....G	-----T-CAC-T
HPV57	T-TT-GC	.....G	-----T-CAC-T
HPV26	--TT-G-T	.....T	-----G
HPV51	---TG-TTT	.....AGT	-----G-T-C-A
HPV30	T-TTGG	.....G	-----G
HPV53	G-T-GCT	.....G	-----G
HPV56	---TG	.....G	-----G
HPV66	T-T-G-AT	.....A	-----G
HPV18	-----C	.....AT-T	-----AT-C
HPV45	-C-----CT	.....T	-----A-C
HPV39	-----TT	.....G	-----TT
HPV68ME180	-----TG	.....C	-----TT
HPV70	-AG	-----TA	.....C
HPV59	-----G-GC	.....A	-----T
HPV7	TA-AC	.....T	-----G
HPV40	TA-AC	.....T	-----G
HPV16	---T-A	.....G	-----A
HPV35h	T-TG-GTG	.....TTT	-----ACCACCCTA
HPV31	-ATG	-----AA	-----ACT
HPV52	G--A-CCT	.....AC	-----A
HPV33	T-G	-----GT	.....AT
HPV58	G-TTG	-----A	-----T
HPV6b	--GT-GG	.....T	-----T
HPV11	G-TA	.....G	-----T
HPV44	G-AG	.....T	-----T
HPV55	G-AG	.....T	-----T
HPV13	---A-T	.....TT-TA	-----G-TAA
HPV34	G-T	-----AC	.....AT

LCR SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

most-likely	AAAATG.AGTAACC.TATGC...TACACA.....ATATGC.AA.CCGATTTCCGGTTGC.	485
HPV54	T-C-AC---G---A.T...--GG.....A-AC-G.....	623
HPV32	TT-G-C.-C-G-TGC---ATT.....AC-TC-----AA-----	542
HPV42	T-T-A.-T-.TGT.-T.T...A--TGCA.....GGTG--.----AAC---A..	551
HPV3	GTCGCT.GC-.TG--T.....GC.....ATT.T.....G-A-----	542
HPV28	GTCGCT.GC-.TG--T.....GC.....AAT.T.....AG-A-----	684
HPV10	GTCGCT.GC-.TG--T.....GCTT.....ATT.....G-A-----	561
HPV29	GTCGCT.GC-.TG--T.....AC-T.....ATT.....G-A-C-----	567
HPV61	--CT-TGG-C-TGT.-T-A...A.---TT.....ATGT-A-A-G---A-C---C..	676
HPV2a	C--C-T.GCCTTG-.CGC--.A.TC-----G-AA-.CA-T--C---C..	564
HPV27	C--C-TGTC-.TG-.CGC--.A.TC-----G-AA-.CA-T--C---C..	592
HPV57	C--G-TGTC-.TG-.CGC--.A.TC-----G-AA-.CA-T--C---C..	605
HPV26	-T-C--TT-----C-AG..T-A--CAGG.....TGTTG--T-----AA-GT---TT.	723
HPV51	T-TGCA.G--GTG--CA...A-ATGT.....G-TAC-T-----GT---CT.	739
HPV30	---GCA.G--GTGT.A-AA-C.T--T-TA.....TCCCA---G-A---TT.	668
HPV53	---CCA.G--GTG-ACC-AT...-T-TG.....CACC---T-A---TT.	674
HPV56	C---CA.T-----A---CAA..T--T.....T-T-TTA-A--T-A---C-T.	722
HPV66	C---A.T-----A---A..T--T.....T-T-A-A-A--T-A---C-T.	640
HPV18	--T---C--G--G---A---T-GT.....T-----AA-A---G.	700
HPV45	---C---C-C-T---A..A---T-GT.....T-----AAAA---G.	685
HPV39	T-T-CA.--G-T.A--T...AG--CAAT.....AGTT-----AA-A---G.	652
HPV68ME180	GTT-AC--G-T.A-A-A...C--TCCATA.....AATT-G---AA-A---G.	686
HPV70	T-T--TTT-G--T.A--ATTT--G-CC.....TG-G---C---AA-A---G.	779
HPV59	--C---C--GG-.T..T...GT--TT.....GT-A-----AAAA---C-G.	692
HPV7	T-C-CA..T...T.C--G.....CC---A---C-----	683
HPV40	T-C-A..T...T.C--G.....CC---GG---C-----	584
HPV16	--TTG-TC-T..TGT.A-AA...-G--TGG.....GTG-G---A---T---G---A..	718
HPV35h	--C-T.-C-C---G-AT...--TTGTTATATGCACACAGGTG-G-C...-G-A-A..	727
HPV31	--TT-A.-A--GT.-G-ATG.T--T--TATAATTAA..TTGCATAT-GG-ATT-CA--T---A..	816
HPV52	--C---T--AT.AC-T...T--CCAGGT.....GTGCAC--CA-G---G-A---A-C	759
HPV33	--G---C--TACC-T..T-ATT-CCAG.....GTG-GGA-T---T---A---CAT.	787
HPV58	--G---C-C-T.A-CAT..T-TTGCCAG.....GTG-GGA-T---T---G---CA..	655
HPV6b	-----A-G.....C.....CC---G---G---A..	583
HPV11	-----A-G.....C.....CC---G---G---A..	627
HPV44	-----A-G.....C.....CC---G---G---A..	607
HPV55	-----A-G.....C.....CC---G---G---A..	592
HPV13	-----A-G.....C.....CC---A---G---A..	610
HPV34	---C---C--G-.AG---T--T--TTTTGC.....ACCTGGAC--TT--A---T---G-A-A..	674

	-> El binding site <-	-> Sp-1 bind
	position 1 in HPV16R	
most-likely	GCAAC.ACATGCTA...TTCTTTTAA.TTAT..TA.TAAATACAATCAT...ACTTTAAAAAA..TAG.GG	543
HPV54	T--C-.CAT-ATCT...-T--A-C.....-T-C---C---GA---T---T..A---	682
HPV32	AT--ATC-TAA--T...G-TC-G-G.....-G-T---T-TGA-T-A---G---	605
HPV42	AT--A.T-C-T-T...A-TC---C.....-C---C-G..G---G---T..A---	611
HPV3	.T--G-T-CT...AAC-.A.....A---GCAC..TAA---G.....	600
HPV28	.T--G-TTCT...CAAC-.A.....A-T---G-AC..GAAGC---G.....	742
HPV10	.T--G-CTCT...AAC-.A.....C-T---TAG..AA---T.....	619
HPV29	.C---C-TCT...AAC-.A.....C-TC--T-C..TAA---G.....	625
HPV61	T-CCT.-TG-CTC...G..AG.-TT-A.....TA-GT---G.....T	735
HPV2a	---T.GTC-A--T.G-GTGG---A..GT.AT-C-T---C...TTA-T-----	623
HPV27	---T.GTC-A---GTGG---A..AT.AT-C-T---C...TTA-T-----	649
HPV57	---T.CTC-A---GTGG---A..AT.AT-C-T---C...T-A-C---A.....	663
HPV26	--TT-ATG---A...G-T-C---A..A..CTTT-A---T---TG-CT---A.....	781
HPV51	--CTATG-T---A...CAT---C...A..C-TT-A---T---CT-G---C.....	798
HPV30	---G-A--A-T-T...A-T-A-A.....G.A-G---G---G---T-G.....	726
HPV53	---G-A--G-CT...T-A-A.....G.A-G-A---C---T-T-G---C.....	733
HPV56	---AA--G..T...A--G..G.A-G-T-----T-T-T---T.....	779
HPV66	--T-AA--G..T...A--G..G.A-G-T-----TT-T---T.....	697
HPV18	---G---A---A---C---A---CTTT-A---TG...G-A-T---A...	758
HPV45	--CCT.-T-ACAC...A-C---C---A...CTTT-A---T---AC-T---A...	743
HPV39	---T...A-CTA...A-AC...A..C-TT-T-GT-C..TTG-T---A...	711
HPV68ME180	---G---A-C-A..A-AC...A..C-TT-----TT-A-GT-T...A...	744
HPV70	---G---T-CTA...A-AC...A..C-TT-----A.....	836
HPV59	---GT---C...CA---C-C...CTTT-----G-AAT-----	750
HPV7	.T--G-TT-T..A---C-G---GTT-A-T-TG...AG-T-CT---A.....	741
HPV40	.T--TG-TT-T..A---C-C---T---A---TG...G-T-GT---A.....	642
HPV16	A---TTT--A-A...C-TA-A-A..A..AC---C---A---T-A-GT-T---ACTA...	780
HPV35h	AGTTTT-T-A-AT...AG.-T-G-A---T-C..C-A---A-AC---	789
HPV31	AGTTTT--A-A-TTG-----AC...AT--A-T---T...G-A---G.....	879
HPV52	-T-C-C--AC-AC...-T-----A...T---T-A-T---AGT---A.....	821
HPV33	ATTGG.T---TTAT...AATC-----AA-G---C-T---GCCA..G---T---A.G---	850
HPV58	ATTGT.T---T-TC..AA-A-----AA-C---C-T---GCCAAAT--GT---C.....	720
HPV6b	.T.C---CC...CATA---CC..-C-TA-G-T---A...GG-----	641
HPV11	.C---CC...CATA---CC..-C-TA-C-T---A...G-----G.....	685
HPV44	A---CC-G...A-AC-CC---CA-G-T---A-T---TAA..C---C---A-A---	669
HPV55	.A---CC-G...A-A-CC---TA-G-T---A-T---GTAA..G---G---G---	652
HPV13	.A---CC-C...ATAG-CC---AA-TG-TTC-A---T-A..G-----	670
HPV34	..CA.GTG-A-C...AC-C-----A--TA-AA--C-T---C---A---T---A...	734

LCR SuperGroup A Markov Nucleotide Alignment

	Sp-1 bind	<- ->E2 bind <-	->E2 bind <-	signal	position 82 in HPV16R	
most-likely	AGTAACCGAAAACGGT	.TACGACCGAAAACGGT	TACATATAAAAA	.GCAGCCCAAAAATA	.C.....TG	603
HPV54	--GG-----	.-A-----C-----	-----G-TTGT-G--A--	-----G-----	-----A-	740
HPV32	--G-----T-T-----	.-TA-----G-----T--	-----C--	-----TGGGCAG..TGGTC.CTTG-T		671
HPV42	-----TT-----	.-A-----C-----T-	-----C--	-----GTAG..TGGTC.CCAG-T		677
HPV3						646
HPV28	--GG-----	.TGG-----	-----G-----	-----AG-G-TT-C-T-GAAT	-----G-	802
HPV10	--GG-----T-----	.G-----TGG-----	-----CA-G--CGT-GC-.T	-----	-----	678
HPV29	--GG-----	.TGG-----	-----GA-T-A-TGC-GCG..T	-----	-----G-	685
HPV61	T-GC-----	.C.G-----CCTG-----	-----T--	-----A-A--GT-GGG-....	-----A-	793
HPV2a	T-G-----	.C.A-----TT-----	-----TG--T--	-----A--	-----	667
HPV27	T-----	.C-----T-----	-----G-----	-----A--GAGC-GG	-----	700
HPV57	C-----	.C.A-----	-----G-----	-----A--GAGCGCC--G..T	-----AC	720
HPV26	T-----	.-G-A-----C-----	-----GTAA-AGG-T-GCTAC	-----G	-----	842
HPV51	T-----	.-G-----T-----	-----G-----	-----GT--TGGT--GT.AT	-----A-	860
HPV30	--G-----TA-T-T-A-----	-----G-----	-----	-----TGT-CC-A--	-----G-	785
HPV53	-----TA-T-G-----	-----	-----	-----TGTGT-CA--	-----AC	792
HPV56	--G-----G-T-A-----	-----G-----	-----	-----TT-TTCTGT	-----G	840
HPV66	-----TG-T-G-----	-----G-----	-----	-----G--TGTG-G.C	-----	758
HPV18	-----CGG-----	-----GT-----	-----AT.GTG-G--C--	-----	-----AC	816
HPV45	T-----	.-G-A--A-----	-----G-----	-----T.TGTGG--A--G	-----	801
HPV39	-----	.C-G-----T--GG-----	-----C-----	-----GT--C-GT-T	-----	770
HPV68ME180	---G-----	.C-T-----GT-----	-----GCT-A--A-GC-G--	-----T	-----GT	803
HPV70	--GC-----	.C-----GT-----	-----C--TG-A--GT-G.CT	-----	-----	896
HPV59	T-----	.A-----G-----	-----G..T--TTG--GA--A	-----A-	-----	809
HPV7	C-----	.C-----	-----C-A-----	-----AC	-----	800
HPV40	T-----	.C-----G-----	-----TT.C-A-----	-----AC	-----	701
HPV16	C-----T--	.GA-----C--TAG-----	-----GA--TTTT	-----	-----	832
HPV35h	---G-----	.C.GT-----TGCC-----	-----GCAG-AGTGC-C-A-	-----A	-----A-	849
HPV31	---G-----GT---	.GA-----C--TGG-----	-----T--	-----AT-GT-T-T	-----TGTGCAAAACC-A	945
HPV52	T-----	.C.A-----C--GT-----	-----T-T-	-----A--GTGTAG	-----A	879
HPV33	T-----	.-A-----G-----	-----T-----	-----C-T--T	-----	904
HPV58	T-----	.C.T-----C--G-----	-----T--	-----GA--TTTT-T	-----GGTAGCTAC--	787
HPV6b	--GG-----	.-A-----TG-----	-----T-----	-----T--T	-----T	699
HPV11	--GG-----	.-A-----T-----	-----T--	-----C-----AT	-----T	743
HPV44	--G-----TT---	.C-A-----T-----	-----C-----	-----T--A	-----A-	728
HPV55	--GG-----TT---	.C-A-----T-----	-----C-----	-----T--A	-----A-	711
HPV13	T-GG-----	.TTA-----G-----	-----T--	-----C-----T	-----G	729
HPV34	T-----	.-G-A-----T-T--G-----	-----T--GT--T--AGT-C-C-G	-----	-----	795
most-likely	C.AG.ACA.GG					612
HPV54	T.TATTG.--GG					753
HPV32	A.--G--					679
HPV42	A.--G--					685
HPV3	-.C.-T-AT-					656
HPV28	-.--AGCTC					812
HPV10	-.--AG.C					686
HPV29	-.--AG.C					693
HPV61	-.AAG--CACTC					809
HPV2a	A.--					674
HPV27						700
HPV57	A.--GG--					730
HPV26	-.AA--C					852
HPV51	A.--A--C					869
HPV30	AC--TGT-.CC					796
HPV53	-C-G--TC					803
HPV56	G.-C.-T-.TC					849
HPV66	T.--T-.TC					767
HPV18	-.CA-T-.C					825
HPV45	-.TT--					810
HPV39	T.CC.-T-.CC					779
HPV68ME180	-.TA..T-.CC					811
HPV70	-.CC.-T-C--					906
HPV59	G.GCA--G.-					818
HPV7	A.TC..TG.--GCC					813
HPV40	-.TT..TG.--GCC					714
HPV16						832
HPV35h	-.--AG.T-GACAGACATTGTAAGGTGCGG-					879
HPV31	-.--G..C					953
HPV52	A.C-C--G.-C					889
HPV33	-.--TA--TACTGC					924
HPV58	-.--G..C					794
HPV6b	-.A.--GA--CA					712
HPV11	-.--GA--CA					756
HPV44	-.A.G-G.--GC					741
HPV55	-.A.G-G.--GC					724
HPV13	-.A.G-G.--GC					742
HPV34	G.-C.-G-TT-GG					808

LCR SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

		E2 binding site		
		->	<-	
most-likely	.....	CCGTTTTC	GGT.TAC	.....A.ATAAA.TC.....AACTTT
HPV19	AT.....	TTGTT	-T	.....G.....
HPV25	AA.....	ATTA	-C	.....A.....
HPV20	AC.....	CCGA		.....G.....
HPV21	AC.....	ATGA		.....G.....
HPV14d	AC.....	ATTAT	-A	.....G.....
HPV5	GGT.....	CTGA	-AAAGT	.....-TT-TT-.A.....
HPV36	TA.....	TGA	-T	.....-G-TT-.A.....
HPV47	AG.....	ATGA		.....-G-TGT-.T.....
HPV12	AT.....	GTA	-AA-T	.....-T-CC.....
HPV8	AT.....	TGTA		.....-A-CCA-A.....
HPV24	.....	AATAAAGG	-T-T	.....CGT-TTC.GG.....T-AA
HPV15	.....	A		.....T-AT-.A.....G
HPV17	.....	C		.....CT.....TC-AT-.A.....A
HPV37	.....			.....T.....C-AT-.A.....A
HPV9	.....	A-A		.....T.....CA---A-T.....T-AG-
HPV22	.....			.....G.....T.T---TAAA.....T-A
HPV23	.....	A-A		.....CG.....C-AT-.AA.....T-G
HPV38	.....			.....CG.....CC-AT-.AA.....TT-.A
HPV49	.....			.....G-TGGGTCTTAT-.....AT.....-TT-AA
HPV4	CAATGTGA	ACTCTTCTGGAAT	-A.TTC.-G-CA.....GG-.A-CCT-	.....-G.
HPV65	ATTAATC...	CTTATAAGAAT-CA-T.-T-C-G-	.....CA--G-AA-TTAAACTGAGCC--T-T-A-	.....59
HPV48	.....	TAAAGA	-T	.....-G.....-GTTTA.....TTA-
HPV50	GCTG.....	CTGACAT	-C	.....TT.GG.....T.T-CTG-G.....-A
HPV60	ATAC.....	ATATATATA	-A-AT-A	.....-A.....TG-AGG-.A.....T-T-AA

		AP-1 binding site		
		->	<-	
most-likely	TACACAGT.....	ATGTCAA	GTGAATGTATT	TTTTA..CT.CTGACTGTGACTAAAT.TG.....
HPV19	-G-----			.....A-----GA.....
HPV25	-G-----			.....A-G.TG.....A.....GGA.....
HPV20	-----G-----			.....A-----GA.....
HPV21	-----			.....A-----AA-.A.....
HPV14d	-----			.....A-C.....A...GC-----
HPV5	-----			.....G-----AA-TA--G-C-TCCAA.....
HPV36	-----			.....G-----AA-TA--C-C-ACCAA.....
HPV47	-----			.....C-G-----G-----AA-TG--C-C-CCA.....
HPV12	-G-----			.....G-----AA-T--C-C-ACCAA.....
HPV8	-----			.....G-----T-----CA-CA-C-C-C-ACCTA.....
HPV24	ATATGT-			.....-C-.A-----C-.G--AT.TC.A-TGC-----T-
HPV15	A-AC-A-			.....-A-GT-T-----C.A-TTC-----C.C-
HPV17	A-AC-AA			.....-GT-T-----C.A-TTC-----C.C-
HPV37	A-AC-A-			.....-A-GT-T-----C-----C.A.....
HPV9	--TC-A-			.....T-GT-T-----C-T-A-.C.A-CTTC-----C.C-
HPV22	--ACT-A-			.....C-GT-T-----C-T-G-.C.ACCTT-----C.C-
HPV23	--ACT-A-			.....C-GT-T-----T-A-.C.G-CTT-----C.C-
HPV38	--ACT-A-			.....G-GT-T-----C-T-G-.C.T-CTT-----C.C-
HPV49	--A-T-T-			.....T-GT-T-----G-C-GT--A-.C.GA-TTC-----GA-.T
HPV4	AG-CA-A-			.....TA.-T-T.A-.-CG--C-A-TCTC.AAA-T-A-.-T-A-A.....
HPV65	-T-T-A-C			.....TT-GA-C-T-----TGC-T.T-.TGA-AA--TG-G-.AA.....
HPV48	A-T-T-			.....GAA---A.C-AC-G-G.A-CA-.TA.AAC-----A-TT.....
HPV50	-GT-T-T-GAA			.....TTC-A-ACT-----C-.AGAT-.GA-T-.-AC-TT-.CACAAAAT...
HPV60	-TA-T-A-GCTGCTGT			.....-A-.A-----G--AA-AA-.T-G-AC-TCA.-CAAGTG-C--ACTCACGGG

		E2 binding site		
		->	<-	
most-likely	.....	AACAAACGCACCC	..CCTACATACA.....	GCGAGTTG...GTTGCCAAAA.
HPV19	.....	G-----	GA-----	A.....G-T-----A.....TG-----T
HPV25	.....	T-C-----	GA-----	A-A.....G-T-----A.....TG-----T
HPV20	.....	T-C-----	GAC-----	A.....G-T-----A.....TG-----T
HPV21	.....	C-----	GAC-----	A.....G-T-----A.....TG-----T
HPV14d	.....	TG-G-----	G-----	A-GGTGCCAAATGAG-T-----T-----G-
HPV5	.....	GGAT-CG-----	GG-----	CT-----GT-A-----T-----T-
HPV36	.....	GGG-CG-----	GG-----	GT-----A-----TACT-----C-----T-
HPV47	.....	AAG-AC-----	GG-----	CGT-----TTC-C-T-----T-----
HPV12	.....	GGA-G-----	G-----	A.....G-T-----A-----T-----
HPV8	.....	AGA-CG-----	GG-----	A.....G-T-----A-----T-----
HPV24	.....	--TT.TG--TTGA	ATGT--	C-----CCC-----A.....-G.
HPV15	.....	C-T-GGT--TTG	-A	-----C-----A-TC-
HPV17	.....	TCTTCGT--A-G	-AGA	-----C-----A-TC-
HPV37	.....	T-T-GT--A-G	-A	-----C-----T-----T-
HPV9	.....	T---GT--A-A	-AG-GCG	-----C-----T-TC-
HPV22	.....	-----GT--A-A	-AG	-----C-----T.T-
HPV23	.....	-----GT--A-A	-AG	-----C-----T-----C-
HPV38	.....	-----GT--A-A	-AGT	-----C-----GCCC-----A-TC-
HPV49	.....	G-TT-----	A	-----G-----C-----A-TC-
HPV4	.....	T-AG-TTT--AA	-G-GT-GT-	.....T-T---TT..TG--AACT-TA
HPV65	.....	T---T---CA-ATT-T-G	-C	.....T-----GT-C-TA-TG..TC--A..TC-
HPV48	.....	T-CG.TG-TGT-A	TT-T-CG-C	.....T-C-T-G.....-G-GT.TCT.
HPV50	.....	GAATA-----	TA..AG..TTA-TG	.....G-T-T--GTTGTCT--AG.TC-
HPV60	GTCTACATTTTGTCT			.....G-G.....T---AT.....TA.TC--G..CA---A.T-TC

LCR SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	GAGATATA.ATGT.GTGC.....CAG..AGACAC.TATG..TTCTAAGCAG	160
HPV19	C----C-.G-C-.A--CGCATCA.....GGCACAG--CTG-C--GA-C-.A--TC-TT-	177
HPV25	C----C-.G-C-.....A..-CT--GGC-GC..-G--CGC---	162
HPV20	---G-GAG.T---A---.....A---G-T.C-CA..GC-A-GT---	161
HPV21	---G-GAG.T---AA--CAAAA.....GAGGT---C--AG-C---G---CA	171
HPV14d	---G-CAG-.GC..CAA-TCAGGTTTGCGCCAGATCAGATACAGCGC-..-C-G-G-TG-.A--A-G-.TA	197
HPV5	T---ATC-G--CA.....A..-C----CG-C.....GG-CT---	173
HPV36	T---CTCTGT-TA.....A..-C-T-T.C--C.....GG-----	172
HPV47	C----AGCT--G.CA-T.....A..-C----CG--...GTC--.A	171
HPV12	T---TCTC-CT-TG.T---.....A..-C-T--CG--...GTC--TA	171
HPV8	C---CTC-GT-TA.....A..-T-G--C---...GTT--.A	172
HPV24	T---A---C..T---TAC.....CA---C.....A-A-.GAA-C-.T-	158
HPV15	--T---A---CA.....T---GTG-GA-.T-T..A--ACC---	147
HPV17	--T---AT-.CA.....T---GTG-GA-.T-T..A--ACT---	148
HPV37	C----A..ACA.....T---GTG-GA-.T-T..A--AG---	146
HPV9	--T---A---CA.....T---GTG-A-.T---AA-A-TA...	153
HPV22	C-.T---A..T-C-.....TC-.--GT-A.G--AA.CCA-C--T--	152
HPV23	C-.T---A..T-C-.....TC-.--GT-AGAT-A..GA-C-----	149
HPV38	--T---A..T-C-.....TGAA.G-G--GA-T-CA.A--AGT---	154
HPV49	--T---A-GT-C.....-G-T.GTT--C-C--GC-A--TG---	167
HPV4	-T-A---A..C---CACATA.....CTTGC--T.GTC--G.-C-C..-CTG-GT...	190
HPV65	TT-G-CA-C-.....T.....GTCC.GC-C-.C-GT..AAT--C-.T-	197
HPV48	--CC---A..C-C-.....T..G-T-GTC--T..GG-C-----	151
HPV50	--T---T.TA...C-C-CGC.....CCTTT-TAGT-T-AA---T.-G-ACCT-T-	191
HPV60	---CTAT-.A-..AAA-AAT.....CACTT-.GC---TCTC-.GAT-T-A--A	204
most-likely	A.....TT...T.GATCAAGCACGGG.AAGCAA..CCGCC...	188
HPV19	T.....T...A-C-T--ATT-G-CTCT-----	207
HPV25	-TGCATATCG.....TCTTTAGTG--...TGA-C-T--ATT-G-CGTT---	211
HPV20	G.....C-...-G-C-AT-A-AT-...-T--.GTGC	190
HPV21	GATCAGATACTACGCGGCCAGAGTTGGATCACATC-CGT-.T-T-A---CT-.--G-...-T-....	233
HPV14d	C.....A-CGT...C-G-A---CA..--AG-...-T-....	222
HPV5	-ACAGA.....CCGTG--CGT-AT-A-T-T--ATT--GG-CCT-C-----	218
HPV36	-TCGAC.....CGTG--CGT-GT-A-C-T--ATT--AG-CATT-----	216
HPV47	.....CA..C-C--G-ATTA-.T..TT..-T-----	196
HPV12	.....CA..-C--G-ATTA-.T..G-----	196
HPV8	.....CA..-C--G-ATTA-.T..GC..-T-----	197
HPV24	T.....CG.GT...C--A---CT.C.-G-T..TT-G.....	183
HPV15	T.....-TGG-----CC-.G--GC-----	175
HPV17	T.....-TGG-----C-C.-G--GC-----	176
HPV37	T.....-TGG-----CT-.G--G-----	174
HPV9	T.....A-.C.-TGG--T--C-C.-G-----	181
HPV22	.....-A..C.C--G---CT-.G-----	179
HPV23	.....-A..C.C--T---CT-.G--G-----	176
HPV38	.....-A..C--T---CT-.C-----	182
HPV49	T.....-ACAA..-T--.-C-T-T-C.C-A-.GT-T.GTTT	198
HPV4	.....-G--.-A-T-C-TCC---.-C-.AATA	220
HPV65	G.....A-CGC..C--.CA--TCC-.TC-G-T..G---.GCCA	228
HPV48	.....CG..C--GG---GCA-.-.G-.TTCAG	177
HPV50	TGATC.....AATCATGT--C-.-TG-AC.GT--T..GTA-A	227
HPV60	G.....CA..T-.C-G.GA---TTA.C.---TA	230
most-likely	.....	188
HPV19	.....	207
HPV25	.....	211
HPV20	CAGAGTTGGCTCAAACCTTCA.....	210
HPV21	.....	233
HPV14d	.....	222
HPV5	.....	218
HPV36	.....	216
HPV47	.....	196
HPV12	.....	196
HPV8	.....	197
HPV24	.....	183
HPV15	.....	175
HPV17	.....	176
HPV37	.....	174
HPV9	.....	181
HPV22	.....	179
HPV23	.....	176
HPV38	.....	182
HPV49	TTGCCAA.....	205
HPV4	ATTATTTCATACACAGATCAGTAGGAGAGGCGCCAAGACGGACATATCCTCTTCAAATTCCTTAAAAATTAT	293
HPV65	AAAGAGGAACGTCCCCTTCTAT.....T	251
HPV48	.....	177
HPV50	.....	227
HPV60	.....	230

LCR SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

	NF-1 binding sites ->	
most-likely	.....AAGG..AAATTTAATCT.GCCAATCAC..TTTT.GGCAG.....	222
HPV19	.....-T-G--TCA---CT-----T.....	242
HPV25	.....-T-G--TAC---AT.....C--C---TC.....	246
HPV20	..TCGTCCCAACACGTTCCGGAACAGG.....-G--GG--...-CGC...--TCT.....	267
HPV21	.....-G--G-----GA.....-TC.....	267
HPV14d	.....-G--G-G-----G--...-A---TGTT.....	254
HPV5	.....-A--GA-T-A...TA---G...--AT.....	252
HPV36	.....-GA-T-A...TA---G...-G---AT.....	250
HPV47	.....-AAG--CC---GG-T..TGTT--GT...--GATCACATTT	238
HPV12	.....-A-G--CC---GG-T..--AT-G..C-ACA---C.....	232
HPV8	.....-G-A-TGA-T-----TA.....	232
HPV24	..C--C--...AA-CG-T...--GCCA.....	207
HPV15	.....-A--C...G---GT---AC---AA.....	203
HPV17	.....G-A--C...GGA---GG...--AA.....	203
HPV37	.....-A--C...G-A---GA-T..A---AA.....	203
HPV9	.....-TT..TC..A...CT...--GGTT..CG--...A.....	209
HPV22	.....-A..GC...-T...--GGT...C---AA.....	204
HPV23	.....-C--...-T...--GGA...C---AA.....	199
HPV38	.....-C--...-T...--GGA...C---A.....	206
HPV49	.....GACATTTGCC--TACC-CA--CG--C.AG-T-CA...--GCC.....	250
HPV4	TGAATTTAACAACTGTAAGCTACAA--A..CCG--ATCG-T..T--TC-A...CC--G-AAA.....	352
HPV65	TTTCTAAAAAATTACCGTTTCTGCAGCT--C-AA-TG-GTAA-A-CG-T-T..CG--CC-T-.....	311
HPV48	.....-C-TC..C...-TG-GA...-A-G-AG--CG---C-T-A.....	212
HPV50	.....CC-T..C-C---GAGA..-A--CGAC..G---C-T-AGTTT...	269
HPV60	.....-CT-GTT--AAA-GAG-T...--AGGGAAACA...-A.....	267

	putative v-myb binding -> <- E2 binding site	
most-likely	.....CTTTTTGGCAG.....AGCTAAAGGACCGTT..AACGGTAA.GTT.....	260
HPV19	.....TGCAC---A.....-G-----TA.....	281
HPV25	.....T-G-----C..A-----CTA.....	285
HPV20	.....TC-----C.....-AG-A-----TTT.....	307
HPV21	.....G-G-----AG-T-----.....	304
HPV14d	.....GAA---A.....-T-G-A-----AT.....	293
HPV5	.....GCA---C.....T---A-----GCAAT.....	295
HPV36	.....GC---T.....-A-GCT---G-----ATTTA.....	293
HPV47	GGCACCGCGGCAG--G-----C.....TA-A-G-CA-----TGCA.....	294
HPV12	.....T-AG--C---C.....-TT-GT-----CTCAT.....	274
HPV8	.....-GC-----T.....CT-C-C-----TCAT.....	274
HPV24	.....AG--C---C.....TCGC-C-C-----GTTTTG.....	251
HPV15	.....CAT--C---A.....-C--G..C---A...-A-TATA.....	243
HPV17	.....CA-CA-C---A-C.....-C-----A-TATA.....	241
HPV37	.....CAT--C---A.....-C-----A-TGTAA.....	242
HPV9	.....-CG-CC---TT.....CA...-C---A-----C.....	245
HPV22	.....CA--GC---A.....-CT-C---A-----AACTTTT.....	246
HPV23	.....CA--G---A.....GAAA-G-C---A-----AACTTTT.....	243
HPV38	.....A-A-C-----CGA-GT-C---A-----ACTTTC.....	250
HPV49	.....AAC-C-----CAAC-CCA-A-A-----.....	289
HPV4	.....AGG-GAG--AA-...TTT--TT-C---T...T...-G---CAA.....	390
HPV65	.....TAACC---CAA...A-G-G-GT-AA--T..T-TA---C---TATGAG.....	360
HPV48	.....G---CA-A-C-CCAGTATTG-TT..T---A...-CA-T--C..ACCTTAAATGTAC	267
HPV50	.....TATG-C---AG-A-T.....-TAA-G-C---AA..GT---C.T-GCTAACA.....	316
HPV60	.....-CG---C-TTC.....TC--G---A---TTCCA---ACATGTTCA...	315

most-likely	.....TTGTACCGGGTGCGGT..AAAGAATT	284
HPV19	.....ATA---C-----T-GA-G---	305
HPV25	.....ATA---C-----T---TT---	310
HPV20	.....AT---T---C-----C-TAC---	333
HPV21	.....A-C-----C..G-TT---	329
HPV14d	.....TC--C-----C..-CT-T---	319
HPV5	.....TTCC---A-----A..TTG-G---	324
HPV36	.....ATTTA---A-----A..CTG---	322
HPV47	.....TTAA---A-----AC-G-TC---	323
HPV12	.....TC-----A-----CG---	298
HPV8	.....CAG-----A-----A..TG-A---	301
HPV24	.....TATAC-----C---A---CCA---A	279
HPV15	.....TCT--A---TAG-----T...C---	266
HPV17	.....TCT-G-A---TAG-----...C---	264
HPV37	.....TCT-CA---TAG-----...C---	265
HPV9	.....GCA--TAG-T---T...T---	266
HPV22	.....AATT--TA---TAG-----T...---	270
HPV23	.....ATTT--TG---TAG---T...C-TTT-C-	271
HPV38	.....TCT--TA---TAG---T...GGTTT---	277
HPV49	.....CA-T---C-----C-CATTA---	312
HPV4	.....TGT-T---CG---C-G---C-----	415
HPV65	.....TCAA--TGT-T---CG---C-G---C-----	389
HPV48	TGCCAACTTTTACAAGTTCAGACAGAGATCAACAAGATATCTTAAAACA---TAAA---CTG-	335
HPV50	.....AAGA-AAA-T-TCAC-A-T---CA	342
HPV60	.....TACAAAG--T-GA-TCACT-TC...TTGTT-GA	346

LCR SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	ACTCATT.....CAGTT.GTTGTTGCCAACT.ACAATAATCAAAA....C.....	323
HPV19	-----G-G-C-----TTG-CA-----C-G-GTT-TGAA-----	348
HPV25	-----GT.A.C-----TG-CA-----C-G-TT-GTAA-----	352
HPV20	-----TG.....GT-----G-AC-TC-G-T-G.....	376
HPV21	-----CG.....AT-----G-AC-T-T-GG-C-G.....	372
HPV14d	-----C-AT.....GTG-----C-TGCTG-T-G.....	362
HPV5	T-A-A-T.....AT-A-G-----C-GG-T-TT.....	366
HPV36	T-A-A-A.....AT-A-----C-TGCT-T-TT.....	364
HPV47	T-A-A-G.....G-TA-TA-----C-G-T-T.....	365
HPV12	T-C-A-AGCACATTATACT--A-T-----C-C---GTTT.....	351
HPV8	T-T-A-CA.....TA-----A-----A--C-CG-T-T-G.....	344
HPV24	TGC-CCTG.....CG-A-----AG-----TT-C--T-CCTA..A-	324
HPV15	T-G-----GGT-G-C-A-AGT-GT-A-----C-----	303
HPV17	T-G-----GGT-G-C-A-AGT-GT-A-----C---T.....	301
HPV37	T-G-----GGT-G-CC-A-TGT-G-A-----C---T.....	302
HPV9	GA-G-----GG-A-GA-----G-TT--A-----CTA-----	302
HPV22	TG-T---CGT.....AG--ACA.A---G-TT--A-----CTC-T..G.....	312
HPV23	-AC-T-GGC.....AA-A---G--AA---AAT-TA-GC--T-AT..A.....	318
HPV38	-T-C-GG.....--ACA.A-G-G-TT--A--C-C-CACGT.....ATCGGTACAGCAACCG	333
HPV49	---T-G-----TC-.C---G--TTGT-A-----C---TTG-A..A.....	352
HPV4	TGG-TG-----C.C-----C-G.GG-G-GG-GG-----A.....	450
HPV65	TGG-TG-----C.C-----C-G.GG-G-GG-GG-----A.....	424
HPV48	--CGT-G.....TGGTA-----A--TCTGACGC-----A-----	372
HPV50	-AC-TC-----G--CACC-CAGTG--G--GGC-G--GA--GT...ATACCGATAT.....	391
HPV60	-AC----T.....-C---C---G-AT-TGC.G-C-.G-C-----A.....	384
most-likely	.....ATGTTTTT	331
HPV19	.....T---C-	356
HPV25	.....T----C-	360
HPV20	.....	384
HPV21	.....	380
HPV14d	.....	370
HPV5	.....-A-----	374
HPV36	.....-A-----	372
HPV47	.....-A--C--	373
HPV12	.....-A-----	359
HPV8	.....	352
HPV24	.....-A--A--	332
HPV15	.....C-C-	307
HPV17	.....C-C-	305
HPV37	.....-C-	306
HPV9	.....-AC-	305
HPV22	.....CA-AA-A-	320
HPV23	.....--CAACC	326
HPV38	CTTGTGGTAGTAAAAATGAATTAAAAAACAAGGATATATTTAAGGGCCCTGTAAGCTTGGG---A--	405
HPV49	.....CA-A-A-	359
HPV4	.....TA---C-	458
HPV65	.....TA---C-	432
HPV48	.....-G--	377
HPV50	.....CGGTTGCT-----	407
HPV60	.....CG--GC-	391
most-likely	GCCTG.....TAACG.TTA...TTGT.AACAG.C.....ATTAT.TATATAAATATATAAAT	376
HPV19	-----T--G--...-C-A.C---G.T.....A-----T-----T--	403
HPV25	-----T--...-C-A.C---G.TG...TG---AC---T-----T--	409
HPV20	-----...-C-G.C---T.G.....A-----T-----T--	430
HPV21	-----...-C-A.C---TA.-TCACACC--A.-A-----T-----T--	433
HPV14d	-----...-C-A.C---TA.-...A.-C---G---T-----T--	416
HPV5	-----TAT.....CGT-TT--AT..CC---T-A..T.....CCAA---GT---C-----	427
HPV36	-----TAT.....CGT-TT--AT..CA--G-T-A..T.....AC-G---GT---A-----	425
HPV47	-----TAT.....CGT-TT--AC.C--ACCT---T.....T-----T-----	425
HPV12	-----T--T--T..-C--T-TA..T.....A--C-G---T-A-----	408
HPV8	-----T--T--T..-C-ATC--C...-A.-G---T-A-----	396
HPV24	T-A-----C-C--T..CC--T-C..T.....G-G-A.-G---TT--G-T-	374
HPV15	TTAT.....A-TA...A---C...C-GCG...C-T--TT-	344
HPV17	T-AT.....A-TA...A---G-C-C...CG--CC--A-TG-	342
HPV37	T-AT.....A-TA.C...A---C-C.-TGCGTTA-C.-AC-.G-TC-A-----	355
HPV9	.A-AT.....-TT-A...A.G--C-C...CG--AGCTT--	341
HPV22	A-----	322
HPV23	-T-TG.....G--TT.-AT.....	343
HPV38	.....	406
HPV49	A-A-----CGC...CGTG-T-TA...T-C-T---CTTGGA-AG---	406
HPV4	-T-----T-A-AG...GC---AT...CT---GCT-----C-	506
HPV65	ATTAT.....T-A-AG...GC---AC...C-C-A-GT-----C-	480
HPV48	-G-AACAATCGTCATAA---T.-AGGAACC-A.G---.T.....-C-A-A--C.-GC-G--	436
HPV50	CTA-C-----TAA-AG...CC---AT.T.....GAC--G-G-CG-GAC--C	456
HPV60	.-TATAGG.....ATAT--A.C-G..A---TGG-AC.T.....C--A-C--A-A---	441

LCR SuperGroup B Markov Nucleotide Alignment

most-likely	ATA.....TAA.ATATATATATATATA....TA.....	399
HPV19	---TATATA.....TATATA--T-----	438
HPV25	---TATAT.....ATATA--T-----	441
HPV20	---TATATATA.....TATATATA--T-----G-	469
HPV21	---T-----T-----	456
HPV14d	---T-----	439
HPV5	-A-----T-----AG...G-	448
HPV36	-A-----GC...T-	449
HPV47	-A-TAAATATATAAAATGTGTATTTATTTCTCAGGCTCAGT-CT.T-GC-...-TA-...G-	483
HPV12	-A-----	431
HPV8	-A-----G-	418
HPV24	-G-T-----A-A-G...G-AG...AC	394
HPV15	-C-----C---C-...GC-G...AG	365
HPV17	-C-----C-...GAGAGCTCT-	368
HPV37	-G-----ATG.-GCA--CT--AGAG...A-	378
HPV9	---G-C---A-----A-GG...-G-	363
HPV22	.....	322
HPV23	.....	343
HPV38	.....	406
HPV49	-C-----G-CAGG-C-C	419
HPV4	CGG.....A-G.-G--C----A-A...GG	529
HPV65	CGG.....A-G.-G--C----A-A...G-	503
HPV48	CAG.....-G.-T-C-TC-G-AGC...-G-	458
HPV50	CG-CTACGGTGCATA.....TAAAAGAGCTGA-C-.GC-C-G--.-TG-AG...G-	502
HPV60	---TGAC.....CAGA-G.-GG-----A--G...C-GAGACGTTG	481
most-likely	.....T.....ATA.....TA.....	405
HPV19	.....C-----C-CACAGATACATTTTGCAGCTGCAAAAC-	469
HPV25	.....-C-CGTAGACACTGC...AGCATTAGGAC-	469
HPV20	.....C-----TC-----GACAG	480
HPV21	.....-T-----TATAC	467
HPV14d	.....-T-----TACTA	450
HPV5	.....C-----AGATTGG	459
HPV36	.....C-----A-GGTTGGGTTTTTTT.AATAATTAAGGCA	479
HPV47	.....C-----	485
HPV12	.....-T-----ATGTATA	442
HPV8	.....-TACAATGCTGTGACTTGTGCAATTTTCCTA-GC...A	453
HPV24	.....A-----TCT	399
HPV15	.....-A-CTATTTA...GAGAGCTA	384
HPV17	.....C-----T--AGAG	376
HPV37	.....-T-----	380
HPV9	.....C-----C	365
HPV22	.....	322
HPV23	.....	343
HPV38	.....	406
HPV49	.....-C-GTGCATTTCTAC...TAAATCCTGTCCA	419
HPV4	.....G-----C-----TGTATT	558
HPV65	.....C-----	514
HPV48	.....G-----	458
HPV50	.....G-----	506
HPV60	GTAAAC-----T--G	492
most-likely	.....1	405
HPV19	.....T	470
HPV25	.....T	470
HPV20	ATATCATAGAGCTAATGCAGAGAGTGCAGGCAC	513
HPV21	ATACTAGGGA.....AGATGCCCTAGTACTC	493
HPV14d	CAGAAAAAAA.....CAGAGAATGCAGACTC	475
HPV5	GTTCTT.....CTGTAATCAGGCA	478
HPV36	.....A	480
HPV47	.....A	486
HPV12	AGGCTTGGTTCTTTTGCAATGTGATTGGGACAA	475
HPV8	.....A	454
HPV24	.....G	400
HPV15	.....T	385
HPV17	.....CAT	379
HPV37	.....T	381
HPV9	.....	365
HPV22	.....	322
HPV23	.....	343
HPV38	.....	406
HPV49	.....	419
HPV4	.....G	559
HPV65	CCTGAT.....AAATCCCATCCAG	533
HPV48	.....G	458
HPV50	.....G	507
HPV60	.....G	493



LCR SuperGroups C-E Nucleotide Alignment

SuperE. con HPV41	A????A????TG????T????T????T????T????A?GT??AT??T?A??TT??A????????T?A?TC?? -CGA-TTGC--GTAT-GTGG-GCGG-GTCC-CG-CG--CC--GTG-C-TC--ATA-TCACTTGG-C-G--CA	22 72
GroupE1. con HPV63	ATATACATGTGAATGTTGAATTATATAATGTGAATTGTGAATTCTTGCACTTTGGCACTTGACATTATCTT -----	72 72
SuperE. con HPV41	GG?????A?C????A?ctt?Tt?aT??t?A??Tt?t??t??t??t??t??t??Tt?ttattaa??Ttt? --GTACACC-CT-CATT-T--AT--ACT-CGCATGTAT--C-CTG-TA-GTTCC-G-ATGGG---TGAA-G-G	54 145
GroupE1. con HPV1a HPV63	GGCATACTGATACTTGAAA??T?T??AT??T?A??T????????????????TT?TTA??A??TT?? TA-A-AT-T--ATA-A-CTA-ATTTATTAGTAGATTAT--A--TAT-TTT--AT -----CT-G-TCA--GCT-G-AGG-TACACCTGTACAGTA--G---ATA-ACG--TA	106 54 145
SuperE. con HPV41	tt?tt?a?acaTtTt??t?tcggttgAGt?ct?atT?g?ta??at?atgtctcaTgattTggca?gccatt?? --AA-A-A-T--G--GG-AA--C--T-CA-GGG--T-T-CACGT-C-----CC--TG-AT	110 218
GroupE1. con HPV1a HPV63	????????C?TTT?????T??T??AGT??T?A?T??A??A??A????????T????T????G?AT??? ATT-TTATA-T---TATAC-TG-TT---TC-A-A-AGAC-TGT-AGATTACAT-AGTA-AAGTA-GC--GTA TGC-GCTGT-A---ACCTG-CT-CG---CA-T-T-GCCT--GTC-TATAGCCTCA-GACT-GGCAT-CA--TGG	126 127 218
SuperE. con HPV41	T?t????a?atact??ga?agcatatt??ta?cc?a????ca??gcg??c?aa?at.tg?a?a??catct -CCCGCCGCCG--GGG--TC---G--ATAATC--C-AACC--AA---TT-C--C--GCA-ACGTC---	152 290
GroupE1. con HPV1a HPV63	T?T????A?ATA?T????A?A??T??T??TA?????????????????????A????CA??? -T-ACATA-A---G-CTTGA-ACC-TT-AT--GTGAACCATCATTTACAATAGTGAC.ATC-TAGTT--TCT -A-GTGGC-G---C-TCAAAC-GGA-AC-GG--TCCTTTTGGCGCGCGCGAATTT.TGA-GTTAC--CTG	141 199 290
SuperE. con HPV41	g?cc??g?Tattcc??a????Tc??tctt?ccac?a?cg?TCT?tag?g??ta??aCtaaa?tggtTgtg? -G--CC-A--CAA-TGA-ACGG--TG---G--AT-G-C-CA---GGC-G-GA-TCA---G--AC-----T	199 363
GroupE1. con HPV1a HPV63	???????T?TTC????????T?????????C????G??TC??TA?????A??C?A??T??T??? GCAATTGC-A---CATCGTTCT-CACATATTCTA-AGTA-TGT--TC--GATTGT-TTG-T-TTT-CC-GTTA TTCCAAC-T-G---TGAGACGTC-GGATCTGATCC-GACC-CTG--GT--CTGCCA-AGA-G-AAG-GG-AGGC	157 272 363
SuperE. con HPV41	gc?aacca?taacattTtt?ct?gggc?A?c?acc?cttT?g?tt?ag?gcg?tg??t?g?gC?aAta? A-TGC-A-G-----GT-ATT-GA-CG-CT--GGTGC-G-CGGA--C--AAG-AT-TAG-C--G--G-C	251 436
GroupE1. con HPV1a HPV63	G??AA?C????????T??C??GG?C?A??A??C?CTTT??T?????G??T????T????C??AT?? -GC--A-AACAACATC-GTA-AT--A-C-AACA-CC-A----CAT--TATTGT-C-GCATA-ATTG-AG--TG -CG--C-GTTTGTGTT-TCC-TG--G-T-GCAG-AA-T----AGG--GCGACC-T-TTCGG-CGGG-CA--AA	181 345 436
SuperE. con HPV41	t?t?ttatt??c?t?tt?tt??c??gt??c??ata????ct?ggtcT?a??ga?t??Tt?cggt?aTtG? AG-T-----GC-AAAACCT--TGGTT-CTG-CA---GCAGG-GT-----C-ACGA-T-CG--G---CA--A-G	292 509
GroupE1. con HPV1a HPV63	T?????????T?TT????C??T????????????????T????T????G????T????T????TTG? -TGAGGATTTATT-GT--AGACT-CGG-GCATTATACACAAG-GTGCA-TTTTT-TGTTT-CTGAT-GA---T -CTCTTTCGATCG-TG--GTTAA-AAC-ATCAGGCGATTCTC-AGTTC-AACAC-AACGT-TACGG-CG---C	195 418 509
SuperE. con HPV41	?ag?Tattttc?T??aaaAc?ct??taa??at?gCtcTt??gtcct?TT?T??T?C??T??T??A?AA T-TG--CCA-GG-TATG---AA-CA---TC--C--C--TC--G--A--TC-TG-AA-GAAT-CG-TAC-A--	335 582
GroupE1. con HPV1a HPV63	??G?T?TTT?C?T??AA?A?C?????????CT?T?????C??TTTGTAAATCCCTCCCTACTCCAATAA GT-T-A---T-C-GC--T-TG-AATAAAGTGAG--G-CCTTT-TT CA-C-T---C-T-AT--A-CT-TGGTGGGAATTT--C-TGGGA-AG	237 491 555
SuperE. con HPV41	?A?A?C?A?A????AA????G?????????T?TA?????A?TGCGTCTTTTATATAATAAGTACTAT C-C-CA-AC-GTATAT--GATA-AGGAACGGAT-GG--CACCAC-G	373 628
GroupE1. con HPV1a	AAAATCCCTACCCCTAAAATCTGTTTGTGCTGTTTATTATAATAATGCGCTCTTTTATATAATAAGTACTAT -----	310 564
SuperE. con	TAACACCGCACCCGTTGTGGCTAATCCCTTATGGTATTTAAAAGACTACACCTACAGGATGTATTGTCTTCAT	446
GroupE1. con HPV1a	TAACACCGCACCCGTTGTGGCTAATCCCTTATGGTATTTAAAAGACTACACCTACAGGATGTATTGTCTTCAT -----	383 637
SuperE. con	TGTTTATGGTTTACCGCGCTCCAAAGACGGTTTGCCCAAAGACGGTTTGCCAACCGCGGTTAGGACTTGTTTC	519
GroupE1. con HPV1a	TGTTTATGGTTTACCGCGCTCCAAAGACGGTTTGCCCAAAGACGGTTTGCCAACCGCGGTTAGGACTTGTTTC -----	456 710
SuperE. con	AATTTGCTGCCAAACTTATCTGGTCTGCTCCAACGGGTTTCTGCCAAGCACCTAAAACGGTAGGTGTGTAC	592
GroupE1. con HPV1a	AATTTGCTGCCAAACTTATCTGGTCTGCTCCAACGGGTTTCTGCCAAGCACCTAAAACGGTAGGTGTGTAC -----	529 783
SuperE. con	TCTTTTCAAGAATTAACAAGGAGATTTCTCCGCCAAATTAGTTTCGAGCGACCGAATTCGGTCTGAAAAAT	665
GroupE1. con HPV1a	TCTTTTCAAGAATTAACAAGGAGATTTCTCCGCCAAATTAGTTTCGAGCGACCGAATTCGGTCTGAAAAAT -----	602 856
SuperE. con	CTAAAGTGATGATTGTTGTTGTTAACTACCATCATTCATTATTCTAGTTACAACAAGAACCTAGGAGTTATAT	738
GroupE1. con HPV1a	CTAAAGTGATGATTGTTGTTGTTAACTACCATCATTCATTATTCTAGTTACAACAAGAACCTAGGAGTTATAT -----	675 929
SuperE. con	GCCAGAAGTAAGCCTATAAAAATACACAGGTAAGACTCTGCACAGGACCAG	788
GroupE1. con HPV1a	GCCAGAAGTAAGCCTATAAAAATACACAGGTAAGACTCTGCACAGGACCAG -----	725 979