

Table S2. Nucleotide sequence mean difference (\pm standard error) of HPV16-related alpha-9 HPV complete genomes. The intra-lineage (e.g., A vs. A) and intra-sublineage (e.g., A1 vs. A1) difference values are highlighted in gray.

HPV31	A	B	C
A	0.27 \pm 0.03		
B	0.86 \pm 0.09	0.27 \pm 0.04	
C	1.15 \pm 0.11	1.19 \pm 0.12	0.42 \pm 0.05

HPV33	A	B
A	0.39 \pm 0.04	
B	0.94 \pm 0.08	0.17 \pm 0.02

HPV35	A
A	0.35 \pm 0.04

HPV52	A	B	C	D
A	0.19 \pm 0.03			
B	0.80 \pm 0.08	0.43 \pm 0.05		
C	0.96 \pm 0.10	1.08 \pm 0.09	0.54 \pm 0.06	
D	1.75 \pm 0.15	1.80 \pm 0.15	2.00 \pm 0.14	0.13 \pm 0.03

HPV58	A	B	C	D
A	0.47 \pm 0.04			
B	1.12 \pm 0.08	0.48 \pm 0.05		
C	1.40 \pm 0.11	1.05 \pm 0.09	0.20 \pm 0.03	
D	1.35 \pm 0.12	0.93 \pm 0.08	0.95 \pm 0.10	0.42 \pm 0.05

HPV67	A	B
A	0.36 \pm 0.05	
B	1.00 \pm 0.09	0.22 \pm 0.04

HPV33	A1	A2				
A1	0.24±0.03					
A2	0.62±0.07	0.13±0.03				

HPV35	A1	A2				
A1	0.21±0.03					
A2	0.48±0.06	0.24±0.03				

HPV52	B1	B2	C1	C2			
B1	0.13±0.04						
B2	0.59±0.08	0.20±0.04					
C1			n/c				
C2			0.62±0.07	0.39±0.07			

HPV58	A1	A2	A3	B1	B2	D1	D2
A1	0.24±0.03						
A2	0.60±0.06	0.27±0.03					
A3	0.54±0.07	0.70±0.08	0.14±0.03				
B1				0.16±0.04			
B2				0.71±0.07	0.12±0.04		
D1						0.15±0.03	
D2						0.58±0.07	0.22±0.04

HPV67	A1	A2				
A1	0.27±0.04					
A2	0.45±0.07	0.08±0.04				