**Supplemental Data S4:** Sequences and Clustal alignment of unique “gold” gene in *Delftia* species and strains.

>CP019171.1:4965063-4966107 Delftia acidovorans isolate ANG1, complete genome  
AGATGTCCTGGATGTTGGCTGCGCCACCGGGCACCGCCTGCGCAATGCGAGCAATCTCCTCCTCATCCAG  
CGCCACCAGGGTCAGCATGTCCGGCGTGATCGCCGTGCAGCCTTCGGGGATGCCGTTGGGCGGCACATCG  
ATCTCGCCGGCCACCTGCTCCCCTTGGTCCCCCTGCTGCGCCTGCAACACTGCCTGCGCAAACTCCGCCA  
GCCTCGGGTGCTGGAACAGCGTGCGCACCTGCACGCGCAGGCCCTGGGCGCGCACGCGCTCCAGCAGGCC  
CAGGGCCAGCAGCGAATGCCCGCCCAGCTCGAAGAAGCCGTCCTGCCGGCCCACGCGATCCACGCCCAGC  
ACCTCGGCCCAGATCGTCGCCAGCGTTTCCTCCAACTCGCCCTGCGGTGCCTCGTATTGCTGGGCGCTGA  
TCATCTCCGGCTCGGGCAGCGCCTTGCGGTCCACCTTGCCGTTGGCTGTCAGCGGCAGGGCTTCGAGCAC  
GACGATGGCCGAGGGCACCATGTAGTCGGGCAGCGCCTGGCCCAGGCGCTGCTTGAGCTGGCTTTCCTCC  
ACCGCGTCACGCAGGGAGACATAGGCGATCAGCCTTGCACCCTCCTTGGCCAGCACCACCGCCTCACGCA  
CTTCAGGCTGGGCCAGCAGCTGCGACTGCACCTCGCCCAGTTCGATGCGGAAGCCCCGGATCTTGACCTG  
CTGGTCGGCACGACCCAGGTATTCGAGTTCGCCCTGTGCACTCCAGCGCACCAGATCGCCCGTGCGGTAC  
AGGCGATCGCCTGCCTGTGTGAAGGGATTGGCGATAAAGCGCTCGGCGCTCAGGCCAGCGCGATTCAGGT  
AGCCGCGTGCCAGTCCTTCGCCCGCCACGTACAGCTCCCCGGCCACGCCCTGCGGCAGCAGGTTCAGGCT  
GCCATCGAGCACGTACAGGCCCAGGTCCGGAATAGCCACGCCAACGGGGCTGCGGCCACCATCCAAATCC  
GCCTTGGTGATCTGACGGTACGTCACATGCACCGTGGTCTCGGTGATGCCGTACATGTTGATGAG  
  
>CP000884.1:5233319-5234363 Delftia acidovorans SPH-1, complete genome  
AGATGTCCTGGATGTTGGCTGCGCCACCGGGCACCGCCTGCGCAATGCGAGCAATCTCCTCCTCATCCAG  
CGCCACCAGGGTCAGCATGTCCGGCGTGATCGCCGTGCAGCCTTCGGGGATGCCGTTGGGCGGCACATCG  
ATCTCGCCGGCCACCTGCTCCCCTTGGTCCCCCTGCTGCGCCTGCAACACTGCCTGCGCAAACTCCGCCA  
GCCTCGGGTGCTGGAACAGCGTGCGCACCTGCACGCGCAGGCCCTGGGCGCGCACGCGCTCCAGCAGGCC  
CAGGGCCAGCAGCGAATGCCCGCCCAGCTCGAAGAAGCCGTCCTGCCGGCCCACGCGATCCACGCCCAGC  
ACCTCGGCCCAGATCGTCGCCAGCGTTTCCTCCAACTCGCCCTGCGGTGCCTCGTATTGCTGGGCGCTGA  
TCATCTCCGGCTCGGGCAGCGCCTTGCGGTCCACCTTGCCGTTGGCTGTCAGCGGCAGGGCTTCGAGCAC  
GACGATGGCCGAGGGCACCATGTAGTCGGGCAGCGCCTGGCCCAGGCGCTGCTTGAGCTGGCTTTCCTCC  
ACCGCGTCACGCAGGGAGACATAGGCGATCAGCCTTGCACCCTCCTTGGCCAGCACCACCGCCTCACGCA  
CTTCAGGCTGGGCCAGCAGCTGCGACTGCACCTCGCCCAGTTCGATGCGGAAGCCCCGGATCTTGACCTG  
CTGGTCGGCACGACCCAGGTATTCGAGTTCGCCCTGTGCACTCCAGCGCACCAGATCGCCCGTGCGGTAC  
AGGCGATCGCCTGCCTGTGTGAAGGGATTGGCGATAAAGCGCTCGGCGCTCAGGCCAGCGCGATTCAGGT  
AGCCGCGTGCCAGTCCTTCGCCCGCCACGTACAGCTCCCCGGCCACGCCCTGCGGCAGCAGGTTCAGGCT  
GCCATCGAGCACGTACAGGCCCAGGTCCGGAATAGCCACGCCAACGGGGCTGCGGCCACCATCCAAATCC  
GCCTTGGTGATCTGACGGTACGTCACATGCACCGTGGTCTCGGTGATGCCGTACATGTTGATGAG  
  
>CP022656.1:223076-224129 Delftia acidovorans strain RAY209 genome  
AGATGTCCTGGATGTTGGCTGCGCCACCGGGCACCGCCTGCGCAATGCGTGCAATCTCATCCTCATCCAG  
CGCCACCAGGGTCAGCATGTCCGGCGTGATCTCCGTGCAGCCTTCGGGGATGCCGTTGGGCGGCACATCG  
ATCTCGCCGGCCACCTGCGCCCCTGGCTCACCCTGCTGATCCTGCAGCACCGCCTGCGCAAACTCCGCCA  
ACCTCGGGTGCTGGAACAGCGTGCGCACCTGCACGCGCAGGCCCTGGGCGCGCACGCGCTCCAGCAGGCC  
CAGGGCGAGCAGAGAATGCCCGCCCAGCTCGAAGAAGCCGTCCTGCCGTCCCACGCGCTCCACGCCCAGC  
ACCTCGGCCCAGATCTTCGCCAGCGTTTCTTCGAGTTCACCTTGCGGTGCCTCGTATTCCTGCGCACTCG  
CCATCTCCGGCTCGGGCAGCGCCTTGCGGTCCACCTTGCCGTTGGCAGTCAGCGGCAGGGCGTCAAGCGC  
GACGATGGCCGAGGGCACCATGTAGTCGGGCAGCGCCTGGCCCAGCCGGTCCTTGAGCCAACCGTCTTCG  
ACCGGCGAATTCAGCGAGACATAGGCCACCAATCGCGCCCCGCCTGTGCTTTCCTTGGCCAGCACCACGG  
CCTCGCGCACCTCGGGCTGGGCCAGCAGCTGCGACTGCACCTCGCCCAGCTCGATGCGGAAGCCCCGGAT  
CTTGACCTGCTGGTCGGCACGGCCCAGGTATTCGAGTTCGCCCTGAGCGTTCCAGCGCACCAGATCGCCC  
GTGCGGTACAGGCGATCGCCTGCCTGTGTAAAGGGATTGGCGATGAAGCGCTCGGCGCTCAGACCGGCGC  
GGTTCAGGTAACCACGTGCCAGGCCCTCACCCGCCACATACAACTCTCCCGCCACGCCCTGCGGCAGCAG  
GTTCAGGCTGCCGTCGAGCACGTACAGGCCCAGGTCCGGAATCGCCACGCCCACGGGGCTGCGTCCGCCG  
TCCAGATCCTTCCGGGTGATCTCCCGGTACGTCACATGCACCGTGGTCTCGGTGATGCCGTACATGTTGA  
TGAG

>CP018101.1:4891000-4892038 Delftia sp. HK171, complete genome  
AGATGTCCTGGATGTTGGCTGCACCACCGGGCACGGCTGCGGCGATCCGTGCAATCTCCTGGGCGTCCAG  
CGCCACCAGGGTCAGCATGGCCGGGGTGATGGCCGTGCAGTCTTCGGGAATGCCGTTGGGCGGCACCTGC  
ACCTCGGGTCGAGCATCGGCCTGTTCGCCACCAAGGGCCTGCGCAAAGTCGGCCAGCCTGGGCTGAAGGA  
ACAGGCTGCGCACCTGGGCCGCCAGCCCCCTGGCGCGCATGCGTTCGAGCAGCTTCAGGGCCAGCAACGA  
ATGACCACCCAGCTCGAAGAAGCTGTCATGGCGTCCCACGCGCTCCACGCCCAGCACCTCGGCCCAGATG  
CGCGCCAGCGCCTCTTCCAGTTCGCCCTGCGGCGCCTCGTATTGCTGGGTACTTGCCATTTCCGGTTCAG  
GCAAGGCCTTGCGGTCCACCTTGCCATTGGCCGTCAACGGCAGGGCATCGAGCACCACGATGGCCGAAGG  
CACCATGTAGTCAGGCAGCCCCTGACCCAGCCGCTCCTTGAGCAGCCCATCTTCGACTTCCTCGTTCAGC  
GAGACATAGGCCACCAGGCGCGCCCCGCCCGGCCCCTGGCTGGCCAGCACGACGGCCTCACGCACCTCCG  
GCTGCGCCAGCAGCTGGGCCTGCACTTCGCCCAGCTCGATGCGGAAGCCCCGGATCTTGACCTGCTGATC  
GACCCGGCCCAGGTATTCGAGCTCGCCCTGCGCGTTCCAGCGCACCAGGTCGCCTGTGCGGTACAGCCTG  
CTGCCATCGTCCGTGAAGGGGTTGGCGATGAAGCGCTCCGCGCTCAGGCCTTGCCGATTCAGGTAGCCAC  
GCGCCAGGCCCGCGCCCGCAACGAACAGCTCGCCCGCCACGCCTTGCGGCAACAGGTTCAGACTGCCGTC  
CAGCACGTACAGGCCCAGGTCCGGAATGGCAGTTCCCACGGGACTGCGGCCACCGTCCAAATCTGTCTTG  
GTGATCTCCCGGTACGTCACATGCACCGTGGTCTCGGTGATGCCGTACATGTTGATGAG  
  
>CP017420.1:7071774-7072827 Delftia tsuruhatensis strain CM13, complete genome  
CTCATCAACATGTACGGCATCACCGAGACCACGGTGCATGTGACGTACCGGGAGATCATCCAGAAGGATC  
TGGACGGCGGACGCAGCCCCGTGGGCGTGGCGATTCCGGACCTGGGCCTGTACGTGCTCGACGGCAGCCT  
GAACCTGCTGCCGCAGGGTGTGGCGGGAGAGTTGTATGTGGCGGGCGAGGGCTTGGCACGCGGCTATCTC  
AACAGGCAAGGACTGACGGCAGAGCGCTTCATTGCCAACCCGTTCAGCGAGACGGGCGAGCGCCTGTACC  
GCACGGGCGACCTGGTGCGCTGGAGTGCACAGGGCGAACTCGAATACCTGGGTCGTGCCGACCAGCAGGT  
CAAGATCCGGGGCTTCCGCATCGAGCTGGGCGAGGTGCAGTCGCAACTGCTGGCCCAGCCCGAGGTGCGC  
GAGGCCGTGGTTTTGGCCAAGGAGGGTGCAAGGCTGATCGCCTATGTCTCCCTGCGTGACGCGGTGGAGG  
AAAGCCAGCTCAAGCAGCGCCTGGGCCAGGCGCTGCCCGACTACATGGTGCCCTCGGCCATCGTCGTGCT  
CGATGCCCTGCCTTTGACGGCCAACGGCAAGGTGGACCGCAAGGCGCTGCCCGAGCCGGAGATGGCGAGT  
GCGCAGGAATACGAGGCACCGCAAGGTGAACTCGAAGAAACGCTGGCGCAGATCTGGGCCGAGGTGCTGG  
GCGTGGAGCGCGTGGGACGGCAGGACGGCTTCTTCGAGCTGGGCGGGCATTCGCTGCTGGCCCTGGGCCT  
GCTGGAGCGCGTGCGCGCCCGGGGCCTGCGCGTGCAGGTGCGCACGCTGTTCCAGCACCCGAGGCTGGCG  
GAGTTTGCGCAGGCGGTGCGGCAGGAGCAGCAGGGTGAGCAGGGTGAGCAAGGTGCGCAGGTGGCCGGCG  
AGATCGACGTGCCGCCCAATGGCATCCCCGAAGGCTGCACGGCGATCACGCCGGACATGCTGACCCTGGT  
GGCGCTGGATGAAGATGAGATTGCACGCATTGCCGCTGCGGTGCCCGGTGGCGCAGCCAACATCCAGGAC  
ATCT  
  
(Reverse Complement):  
AGATGTCCTGGATGTTGGCTGCGCCACCGGGCACCGCAGCGGCAATGCGTGCAATCTCATCTTCATCCAGCGCCACCAGGGTCAGCATGTCCGGCGTGATCGCCGTGCAGCCTTCGGGGATGCCATTGGGCGGCACGTCGATCTCGCCGGCCACCTGCGCACCTTGCTCACCCTGCTCACCCTGCTGCTCCTGCCGCACCGCCTGCGCAAACTCCGCCAGCCTCGGGTGCTGGAACAGCGTGCGCACCTGCACGCGCAGGCCCCGGGCGCGCACGCGCTCCAGCAGGCCCAGGGCCAGCAGCGAATGCCCGCCCAGCTCGAAGAAGCCGTCCTGCCGTCCCACGCGCTCCACGCCCAGCACCTCGGCCCAGATCTGCGCCAGCGTTTCTTCGAGTTCACCTTGCGGTGCCTCGTATTCCTGCGCACTCGCCATCTCCGGCTCGGGCAGCGCCTTGCGGTCCACCTTGCCGTTGGCCGTCAAAGGCAGGGCATCGAGCACGACGATGGCCGAGGGCACCATGTAGTCGGGCAGCGCCTGGCCCAGGCGCTGCTTGAGCTGGCTTTCCTCCACCGCGTCACGCAGGGAGACATAGGCGATCAGCCTTGCACCCTCCTTGGCCAAAACCACGGCCTCGCGCACCTCGGGCTGGGCCAGCAGTTGCGACTGCACCTCGCCCAGCTCGATGCGGAAGCCCCGGATCTTGACCTGCTGGTCGGCACGACCCAGGTATTCGAGTTCGCCCTGTGCACTCCAGCGCACCAGGTCGCCCGTGCGGTACAGGCGCTCGCCCGTCTCGCTGAACGGGTTGGCAATGAAGCGCTCTGCCGTCAGTCCTTGCCTGTTGAGATAGCCGCGTGCCAAGCCCTCGCCCGCCACATACAACTCTCCCGCCACACCCTGCGGCAGCAGGTTCAGGCTGCCGTCGAGCACGTACAGGCCCAGGTCCGGAATCGCCACGCCCACGGGGCTGCGTCCGCCGTCCAGATCCTTCTGGATGATCTCCCGGTACGTCACATGCACCGTGGTCTCGGTGATGCCGTACATGTTGATGAG  
  
  
>CP002735.1:2409661-2410699 Delftia sp. Cs1-4, complete genome  
CTCATCAACATGTACGGCATCACCGAGACCACGGTGCATGTGACGTACCGGGAGATCACCAAGACTGACC  
TTCAAGGAGGACGCAGCCCCGTCGGAGTGGCGATTCCCGACCTGGGCCTGTATGTGCTCGATGGCGGCCT  
GGACCTGCTGCCGCAGGGCGTGGCGGGCGAGCTGTTCGTTGCGGGCGCGGGCCTGGCGCGTGGCTACCTG  
AACCGGCAAGGCCTGAGCGCGGAGCGCTTCATCGCCAACCCCTTCACGGACGATGGCAGCAGGCTGTACC  
GCACAGGCGATCTGGTGCGCTGGAACGCGCAGGGCGAGCTCGAATACCTGGGCCGGGCCGACCAGCAGGT  
CAAGATCCGGGGCTTCCGCATCGAGCTGGGCGAAGTGCAGGCCCAGCTGCTGGCGCAGCCGGAGGTGCGT  
GAGGCCGTCGTGCTGGCCAGCCAGGGGCCGGGCGGGGCGCGGCTGGTGGCCTATGTCTCGTTGAATTCGC  
CAGCCGAAGACGGTTTGCTCAAGGACCGGCTGGGCCATGCGCTGCCCGACTACATGGTGCCCTCGGCCAT  
CGTGGTGCTCGATGCCCTGCCGTTGACGGCCAATGGCAAGGTGGACCGCAAGGCCTTGCCTGAACCGGAA  
ATGGCAAGTACCCAGCAATACGAGGCGCCGCAGGGCGAACTGGAAGAGGCGCTGGCGCGCATCTGGGCCG  
AGGTGCTGGGCGTGGAGCGCGTGGGACGCCATGACAGCTTCTTCGAGCTGGGTGGTCATTCGTTGCTGGC  
CCTGAAGCTGCTCGAACGCATGCGCGCCAGGGGGCTGGCGGCCCAGGTGCGCAGCCTGTTCCTTCAGCCC  
AGGCTGGCCGACTTTGCGCAGGCCCTTGGTGGCGAACAGGCCGATGCTCGACCCGAGGTGCAGGTGCCGC  
CCAACGGCATTCCCGAAGACTGCGCGGCCATCACCCCGGCCATGCTGACCCTGGTGGCGCTGGACGCCCA  
GGAGATTGCACGGATCGCCGCAGCCGTGCCCGGTGGTGCAGCCAACATCCAGGACATCT

(Reverse complement):  
AGATGTCCTGGATGTTGGCTGCACCACCGGGCACGGCTGCGGCGATCCGTGCAATCTCCTGGGCGTCCAGCGCCACCAGGGTCAGCATGGCCGGGGTGATGGCCGCGCAGTCTTCGGGAATGCCGTTGGGCGGCACCTGCACCTCGGGTCGAGCATCGGCCTGTTCGCCACCAAGGGCCTGCGCAAAGTCGGCCAGCCTGGGCTGAAGGAACAGGCTGCGCACCTGGGCCGCCAGCCCCCTGGCGCGCATGCGTTCGAGCAGCTTCAGGGCCAGCAACGAATGACCACCCAGCTCGAAGAAGCTGTCATGGCGTCCCACGCGCTCCACGCCCAGCACCTCGGCCCAGATGCGCGCCAGCGCCTCTTCCAGTTCGCCCTGCGGCGCCTCGTATTGCTGGGTACTTGCCATTTCCGGTTCAGGCAAGGCCTTGCGGTCCACCTTGCCATTGGCCGTCAACGGCAGGGCATCGAGCACCACGATGGCCGAGGGCACCATGTAGTCGGGCAGCGCATGGCCCAGCCGGTCCTTGAGCAAACCGTCTTCGGCTGGCGAATTCAACGAGACATAGGCCACCAGCCGCGCCCCGCCCGGCCCCTGGCTGGCCAGCACGACGGCCTCACGCACCTCCGGCTGCGCCAGCAGCTGGGCCTGCACTTCGCCCAGCTCGATGCGGAAGCCCCGGATCTTGACCTGCTGGTCGGCCCGGCCCAGGTATTCGAGCTCGCCCTGCGCGTTCCAGCGCACCAGATCGCCTGTGCGGTACAGCCTGCTGCCATCGTCCGTGAAGGGGTTGGCGATGAAGCGCTCCGCGCTCAGGCCTTGCCGGTTCAGGTAGCCACGCGCCAGGCCCGCGCCCGCAACGAACAGCTCGCCCGCCACGCCCTGCGGCAGCAGGTCCAGGCCGCCATCGAGCACATACAGGCCCAGGTCGGGAATCGCCACTCCGACGGGGCTGCGTCCTCCTTGAAGGTCAGTCTTGGTGATCTCCCGGTACGTCACATGCACCGTGGTCTCGGTGATGCCGTACATGTTGATGAG  
  
  
CLUSTAL O(1.2.4) multiple sequence alignment  
  
  
CP018101.1:4891000-4892038      AGATGTCCTGGATGTTGGCTGCACCACCGGGCACGGCTGCGGCGATCCGTGCAATCTCCT 60  
CP002735.1:2409661-2410699      AGATGTCCTGGATGTTGGCTGCACCACCGGGCACGGCTGCGGCGATCCGTGCAATCTCCT 60  
CP022656.1:223076-224129        AGATGTCCTGGATGTTGGCTGCGCCACCGGGCACCGCCTGCGCAATGCGTGCAATCTCAT 60  
CP019171.1:4965063-4966107      AGATGTCCTGGATGTTGGCTGCGCCACCGGGCACCGCCTGCGCAATGCGAGCAATCTCCT 60  
CP000884.1:5233319-5234363      AGATGTCCTGGATGTTGGCTGCGCCACCGGGCACCGCCTGCGCAATGCGAGCAATCTCCT 60  
CP017420.1:7071774-7072827      AGATGTCCTGGATGTTGGCTGCGCCACCGGGCACCGCAGCGGCAATGCGTGCAATCTCAT 60  
                                \*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\* \*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\* \*\*    \*\* \*\* \*\* \*\*\*\*\*\*\*\* \*  
  
CP018101.1:4891000-4892038      GGGCGTCCAGCGCCACCAGGGTCAGCATGGCCGGGGTGATGGCCGTGCAGTCTTCGGGAA 120  
CP002735.1:2409661-2410699      GGGCGTCCAGCGCCACCAGGGTCAGCATGGCCGGGGTGATGGCCGCGCAGTCTTCGGGAA 120  
CP022656.1:223076-224129        CCTCATCCAGCGCCACCAGGGTCAGCATGTCCGGCGTGATCTCCGTGCAGCCTTCGGGGA 120  
CP019171.1:4965063-4966107      CCTCATCCAGCGCCACCAGGGTCAGCATGTCCGGCGTGATCGCCGTGCAGCCTTCGGGGA 120  
CP000884.1:5233319-5234363      CCTCATCCAGCGCCACCAGGGTCAGCATGTCCGGCGTGATCGCCGTGCAGCCTTCGGGGA 120  
CP017420.1:7071774-7072827      CTTCATCCAGCGCCACCAGGGTCAGCATGTCCGGCGTGATCGCCGTGCAGCCTTCGGGGA 120  
                                   \* \*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\* \*\*\*\* \*\*\*\*\*  \*\*\* \*\*\*\* \*\*\*\*\*\*\* \*  
  
CP018101.1:4891000-4892038      TGCCGTTGGGCGGCACCTGCACCTCGGGTCGAGCATCGGCC------------------- 161  
CP002735.1:2409661-2410699      TGCCGTTGGGCGGCACCTGCACCTCGGGTCGAGCATCGGCC------------------- 161  
CP022656.1:223076-224129        TGCCGTTGGGCGGCACATCGATCTCGCCGGCCACCTGCGCCCCTGGCTCAC--------- 171  
CP019171.1:4965063-4966107      TGCCGTTGGGCGGCACATCGATCTCGCCGGCCACCTGCTCCCCTTGGTCCC--------- 171  
CP000884.1:5233319-5234363      TGCCGTTGGGCGGCACATCGATCTCGCCGGCCACCTGCTCCCCTTGGTCCC--------- 171  
CP017420.1:7071774-7072827      TGCCATTGGGCGGCACGTCGATCTCGCCGGCCACCTGCGCACCTTGCTCACCCTGCTCAC 180  
                                \*\*\*\* \*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\* \* \* \*\*\*\* \* \*   \*   
  
CP018101.1:4891000-4892038      -----TGTTCGCCACCAAGGGCCTGCGCAAAGTCGGCCAGCCTGGGCTGAAGGAACAGGC 216  
CP002735.1:2409661-2410699      -----TGTTCGCCACCAAGGGCCTGCGCAAAGTCGGCCAGCCTGGGCTGAAGGAACAGGC 216  
CP022656.1:223076-224129        CCTGCTGATCCTGCAGCACCGCCTGCGCAAACTCCGCCAACCTCGGGTGCTGGAACAGCG 231  
CP019171.1:4965063-4966107      CCTGCTGCGCCTGCAACACTGCCTGCGCAAACTCCGCCAGCCTCGGGTGCTGGAACAGCG 231  
CP000884.1:5233319-5234363      CCTGCTGCGCCTGCAACACTGCCTGCGCAAACTCCGCCAGCCTCGGGTGCTGGAACAGCG 231  
CP017420.1:7071774-7072827      CCTGCTGCTCCTGCCGCACCGCCTGCGCAAACTCCGCCAGCCTCGGGTGCTGGAACAGCG 240  
                                     \*\* \* \* \*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\* \*\* \*\*\*\* \*\*\* \*\* \*\*  \*\*\*\*\*\*\*   
  
CP018101.1:4891000-4892038      TGCGCACCTGGGCCGCCAGCCCCCTGGCGCGCATGCGTTCGAGCAGCTTCAGGGCCAGCA 276  
CP002735.1:2409661-2410699      TGCGCACCTGGGCCGCCAGCCCCCTGGCGCGCATGCGTTCGAGCAGCTTCAGGGCCAGCA 276  
CP022656.1:223076-224129        TGCGCACCTGCACGCGCAGGCCCTGGGCGCGCACGCGCTCCAGCAGGCCCAGGGCGAGCA 291  
CP019171.1:4965063-4966107      TGCGCACCTGCACGCGCAGGCCCTGGGCGCGCACGCGCTCCAGCAGGCCCAGGGCCAGCA 291  
CP000884.1:5233319-5234363      TGCGCACCTGCACGCGCAGGCCCTGGGCGCGCACGCGCTCCAGCAGGCCCAGGGCCAGCA 291  
CP017420.1:7071774-7072827      TGCGCACCTGCACGCGCAGGCCCCGGGCGCGCACGCGCTCCAGCAGGCCCAGGGCCAGCA 300  
                                \*\*\*\*\*\*\*\*\*\* \* \*\*\* \*\*\* \*\*\*\*\*\*\*\* \*\*\* \*\* \*\*\*\*\*   \*\*\*\*\*\* \*\*\*\*  
  
CP018101.1:4891000-4892038      ACGAATGACCACCCAGCTCGAAGAAGCTGTCATGGCGTCCCACGCGCTCCACGCCCAGCA 336  
CP002735.1:2409661-2410699      ACGAATGACCACCCAGCTCGAAGAAGCTGTCATGGCGTCCCACGCGCTCCACGCCCAGCA 336  
CP022656.1:223076-224129        GAGAATGCCCGCCCAGCTCGAAGAAGCCGTCCTGCCGTCCCACGCGCTCCACGCCCAGCA 351  
CP019171.1:4965063-4966107      GCGAATGCCCGCCCAGCTCGAAGAAGCCGTCCTGCCGGCCCACGCGATCCACGCCCAGCA 351  
CP000884.1:5233319-5234363      GCGAATGCCCGCCCAGCTCGAAGAAGCCGTCCTGCCGGCCCACGCGATCCACGCCCAGCA 351  
CP017420.1:7071774-7072827      GCGAATGCCCGCCCAGCTCGAAGAAGCCGTCCTGCCGTCCCACGCGCTCCACGCCCAGCA 360  
                                  \*\*\*\*\* \*\* \*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\* \*\*\* \*\* \*\* \*\*\*\*\*\*\*\* \*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*  
  
CP018101.1:4891000-4892038      CCTCGGCCCAGATGCGCGCCAGCGCCTCTTCCAGTTCGCCCTGCGGCGCCTCGTATTGCT 396  
CP002735.1:2409661-2410699      CCTCGGCCCAGATGCGCGCCAGCGCCTCTTCCAGTTCGCCCTGCGGCGCCTCGTATTGCT 396  
CP022656.1:223076-224129        CCTCGGCCCAGATCTTCGCCAGCGTTTCTTCGAGTTCACCTTGCGGTGCCTCGTATTCCT 411  
CP019171.1:4965063-4966107      CCTCGGCCCAGATCGTCGCCAGCGTTTCCTCCAACTCGCCCTGCGGTGCCTCGTATTGCT 411  
CP000884.1:5233319-5234363      CCTCGGCCCAGATCGTCGCCAGCGTTTCCTCCAACTCGCCCTGCGGTGCCTCGTATTGCT 411  
CP017420.1:7071774-7072827      CCTCGGCCCAGATCTGCGCCAGCGTTTCTTCGAGTTCACCTTGCGGTGCCTCGTATTCCT 420  
                                \*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\* \*\*\*\*\*\*\*\* \*\* \*\* \*  \*\* \*\* \*\*\*\*\* \*\*\*\*\*\*\*\*\*\* \*\*  
  
CP018101.1:4891000-4892038      GGGTACTTGCCATTTCCGGTTCAGGCAAGGCCTTGCGGTCCACCTTGCCATTGGCCGTCA 456  
CP002735.1:2409661-2410699      GGGTACTTGCCATTTCCGGTTCAGGCAAGGCCTTGCGGTCCACCTTGCCATTGGCCGTCA 456  
CP022656.1:223076-224129        GCGCACTCGCCATCTCCGGCTCGGGCAGCGCCTTGCGGTCCACCTTGCCGTTGGCAGTCA 471  
CP019171.1:4965063-4966107      GGGCGCTGATCATCTCCGGCTCGGGCAGCGCCTTGCGGTCCACCTTGCCGTTGGCTGTCA 471  
CP000884.1:5233319-5234363      GGGCGCTGATCATCTCCGGCTCGGGCAGCGCCTTGCGGTCCACCTTGCCGTTGGCTGTCA 471  
CP017420.1:7071774-7072827      GCGCACTCGCCATCTCCGGCTCGGGCAGCGCCTTGCGGTCCACCTTGCCGTTGGCCGTCA 480  
                                \* \* \*\* \*\*\* \*\*\*\*\* \*\* \*\*\*\* \*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\* \*\*\*\*\* \*\*\*\*  
  
CP018101.1:4891000-4892038      ACGGCAGGGCATCGAGCACCACGATGGCCGAAGGCACCATGTAGTCAGGCAGCCCCTGAC 516  
CP002735.1:2409661-2410699      ACGGCAGGGCATCGAGCACCACGATGGCCGAGGGCACCATGTAGTCGGGCAGCGCATGGC 516  
CP022656.1:223076-224129        GCGGCAGGGCGTCAAGCGCGACGATGGCCGAGGGCACCATGTAGTCGGGCAGCGCCTGGC 531  
CP019171.1:4965063-4966107      GCGGCAGGGCTTCGAGCACGACGATGGCCGAGGGCACCATGTAGTCGGGCAGCGCCTGGC 531  
CP000884.1:5233319-5234363      GCGGCAGGGCTTCGAGCACGACGATGGCCGAGGGCACCATGTAGTCGGGCAGCGCCTGGC 531  
CP017420.1:7071774-7072827      AAGGCAGGGCATCGAGCACGACGATGGCCGAGGGCACCATGTAGTCGGGCAGCGCCTGGC 540  
                                  \*\*\*\*\*\*\*\* \*\* \*\*\* \* \*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\* \*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\* \*\*\*\*\*\* \* \*\* \*  
  
CP018101.1:4891000-4892038      CCAGCCGCTCCTTGAGCAGCCCATCTTCGACTTCCTCGTTCAGCGAGACATAGGCCACCA 576  
CP002735.1:2409661-2410699      CCAGCCGGTCCTTGAGCAAACCGTCTTCGGCTGGCGAATTCAACGAGACATAGGCCACCA 576  
CP022656.1:223076-224129        CCAGCCGGTCCTTGAGCCAACCGTCTTCGACCGGCGAATTCAGCGAGACATAGGCCACCA 591  
CP019171.1:4965063-4966107      CCAGGCGCTGCTTGAGCTGGCTTTCCTCCACCGCGTCACGCAGGGAGACATAGGCGATCA 591  
CP000884.1:5233319-5234363      CCAGGCGCTGCTTGAGCTGGCTTTCCTCCACCGCGTCACGCAGGGAGACATAGGCGATCA 591  
CP017420.1:7071774-7072827      CCAGGCGCTGCTTGAGCTGGCTTTCCTCCACCGCGTCACGCAGGGAGACATAGGCGATCA 600  
                                \*\*\*\* \*\* \* \*\*\*\*\*\*\* \* \*\* \*\* \*         \*\* \*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\* \* \*\*  
  
CP018101.1:4891000-4892038      GGCGCGCCCCGCCCGGCCCCTGGCTGGCCAGCACGACGGCCTCACGCACCTCCGGCTGCG 636  
CP002735.1:2409661-2410699      GCCGCGCCCCGCCCGGCCCCTGGCTGGCCAGCACGACGGCCTCACGCACCTCCGGCTGCG 636  
CP022656.1:223076-224129        ATCGCGCCCCGCCTGTGCTTTCCTTGGCCAGCACCACGGCCTCGCGCACCTCGGGCTGGG 651  
CP019171.1:4965063-4966107      G---------CCTTGCACCCTCCTTGGCCAGCACCACCGCCTCACGCACTTCAGGCTGGG 642  
CP000884.1:5233319-5234363      G---------CCTTGCACCCTCCTTGGCCAGCACCACCGCCTCACGCACTTCAGGCTGGG 642  
CP017420.1:7071774-7072827      G---------CCTTGCACCCTCCTTGGCCAAAACCACGGCCTCGCGCACCTCGGGCTGGG 651  
                                           \* \* \* \* \*\*\*\*\*\* \*\* \*\* \*\*\*\*\* \*\*\*\*\* \*\* \*\*\*\*\* \*  
  
CP018101.1:4891000-4892038      CCAGCAGCTGGGCCTGCACTTCGCCCAGCTCGATGCGGAAGCCCCGGATCTTGACCTGCT 696  
CP002735.1:2409661-2410699      CCAGCAGCTGGGCCTGCACTTCGCCCAGCTCGATGCGGAAGCCCCGGATCTTGACCTGCT 696  
CP022656.1:223076-224129        CCAGCAGCTGCGACTGCACCTCGCCCAGCTCGATGCGGAAGCCCCGGATCTTGACCTGCT 711  
CP019171.1:4965063-4966107      CCAGCAGCTGCGACTGCACCTCGCCCAGTTCGATGCGGAAGCCCCGGATCTTGACCTGCT 702  
CP000884.1:5233319-5234363      CCAGCAGCTGCGACTGCACCTCGCCCAGTTCGATGCGGAAGCCCCGGATCTTGACCTGCT 702  
CP017420.1:7071774-7072827      CCAGCAGTTGCGACTGCACCTCGCCCAGCTCGATGCGGAAGCCCCGGATCTTGACCTGCT 711  
                                \*\*\*\*\*\*\* \*\* \* \*\*\*\*\*\* \*\*\*\*\*\*\*\* \*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*  
  
CP018101.1:4891000-4892038      GATCGACCCGGCCCAGGTATTCGAGCTCGCCCTGCGCGTTCCAGCGCACCAGGTCGCCTG 756  
CP002735.1:2409661-2410699      GGTCGGCCCGGCCCAGGTATTCGAGCTCGCCCTGCGCGTTCCAGCGCACCAGATCGCCTG 756  
CP022656.1:223076-224129        GGTCGGCACGGCCCAGGTATTCGAGTTCGCCCTGAGCGTTCCAGCGCACCAGATCGCCCG 771  
CP019171.1:4965063-4966107      GGTCGGCACGACCCAGGTATTCGAGTTCGCCCTGTGCACTCCAGCGCACCAGATCGCCCG 762  
CP000884.1:5233319-5234363      GGTCGGCACGACCCAGGTATTCGAGTTCGCCCTGTGCACTCCAGCGCACCAGATCGCCCG 762  
CP017420.1:7071774-7072827      GGTCGGCACGACCCAGGTATTCGAGTTCGCCCTGTGCACTCCAGCGCACCAGGTCGCCCG 771  
                                \* \*\*\* \* \*\* \*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\* \*\*\*\*\*\*\*\* \*\*  \*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\* \*\*\*\*\* \*  
  
CP018101.1:4891000-4892038      TGCGGTACAGCCTGCTGCCATCGTCCGTGAAGGGGTTGGCGATGAAGCGCTCCGCGCTCA 816  
CP002735.1:2409661-2410699      TGCGGTACAGCCTGCTGCCATCGTCCGTGAAGGGGTTGGCGATGAAGCGCTCCGCGCTCA 816  
CP022656.1:223076-224129        TGCGGTACAGGCGATCGCCTGCCTGTGTAAAGGGATTGGCGATGAAGCGCTCGGCGCTCA 831  
CP019171.1:4965063-4966107      TGCGGTACAGGCGATCGCCTGCCTGTGTGAAGGGATTGGCGATAAAGCGCTCGGCGCTCA 822  
CP000884.1:5233319-5234363      TGCGGTACAGGCGATCGCCTGCCTGTGTGAAGGGATTGGCGATAAAGCGCTCGGCGCTCA 822  
CP017420.1:7071774-7072827      TGCGGTACAGGCGCTCGCCCGTCTCGCTGAACGGGTTGGCAATGAAGCGCTCTGCCGTCA 831  
                                \*\*\*\*\*\*\*\*\*\* \* \*\*\* \* \* \*\* \*\* \*\*\*\*\* \*\* \*\*\*\*\*\*\*\* \*\*  \*\*\*  
  
CP018101.1:4891000-4892038      GGCCTTGCCGATTCAGGTAGCCACGCGCCAGGCCCGCGCCCGCAACGAACAGCTCGCCCG 876  
CP002735.1:2409661-2410699      GGCCTTGCCGGTTCAGGTAGCCACGCGCCAGGCCCGCGCCCGCAACGAACAGCTCGCCCG 876  
CP022656.1:223076-224129        GACCGGCGCGGTTCAGGTAACCACGTGCCAGGCCCTCACCCGCCACATACAACTCTCCCG 891  
CP019171.1:4965063-4966107      GGCCAGCGCGATTCAGGTAGCCGCGTGCCAGTCCTTCGCCCGCCACGTACAGCTCCCCGG 882  
CP000884.1:5233319-5234363      GGCCAGCGCGATTCAGGTAGCCGCGTGCCAGTCCTTCGCCCGCCACGTACAGCTCCCCGG 882  
CP017420.1:7071774-7072827      GTCCTTGCCTGTTGAGATAGCCGCGTGCCAAGCCCTCGCCCGCCACATACAACTCTCCCG 891  
                                \* \*\* \* \*\* \*\* \*\* \*\* \*\* \*\*\*\* \*\*  \* \*\*\*\*\* \*\* \*\*\* \*\*\* \*\* \*  
  
CP018101.1:4891000-4892038      CCACGCCTTGCGGCAACAGGTTCAGACTGCCGTCCAGCACGTACAGGCCCAGGTCCGGAA 936  
CP002735.1:2409661-2410699      CCACGCCCTGCGGCAGCAGGTCCAGGCCGCCATCGAGCACATACAGGCCCAGGTCGGGAA 936  
CP022656.1:223076-224129        CCACGCCCTGCGGCAGCAGGTTCAGGCTGCCGTCGAGCACGTACAGGCCCAGGTCCGGAA 951  
CP019171.1:4965063-4966107      CCACGCCCTGCGGCAGCAGGTTCAGGCTGCCATCGAGCACGTACAGGCCCAGGTCCGGAA 942  
CP000884.1:5233319-5234363      CCACGCCCTGCGGCAGCAGGTTCAGGCTGCCATCGAGCACGTACAGGCCCAGGTCCGGAA 942  
CP017420.1:7071774-7072827      CCACACCCTGCGGCAGCAGGTTCAGGCTGCCGTCGAGCACGTACAGGCCCAGGTCCGGAA 951  
                                \*\*\*\* \*\* \*\*\*\*\*\*\* \*\*\*\*\* \*\*\* \* \*\*\* \*\* \*\*\*\*\* \*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\* \*\*\*\*  
  
CP018101.1:4891000-4892038      TGGCAGTTCCCACGGGACTGCGGCCACCGTCCAAATCTGTCTTGGTGATCTCCCGGTACG 996  
CP002735.1:2409661-2410699      TCGCCACTCCGACGGGGCTGCGTCCTCCTTGAAGGTCAGTCTTGGTGATCTCCCGGTACG 996  
CP022656.1:223076-224129        TCGCCACGCCCACGGGGCTGCGTCCGCCGTCCAGATCCTTCCGGGTGATCTCCCGGTACG 1011  
CP019171.1:4965063-4966107      TAGCCACGCCAACGGGGCTGCGGCCACCATCCAAATCCGCCTTGGTGATCTGACGGTACG 1002  
CP000884.1:5233319-5234363      TAGCCACGCCAACGGGGCTGCGGCCACCATCCAAATCCGCCTTGGTGATCTGACGGTACG 1002  
CP017420.1:7071774-7072827      TCGCCACGCCCACGGGGCTGCGTCCGCCGTCCAGATCCTTCTGGATGATCTCCCGGTACG 1011  
                                \* \*\* \*\* \*\*\*\*\* \*\*\*\*\* \*\* \*\* \* \*  \*\* \* \* \*\*\*\*\*\* \*\*\*\*\*\*\*  
  
CP018101.1:4891000-4892038      TCACATGCACCGTGGTCTCGGTGATGCCGTACATGTTGATGAG 1039  
CP002735.1:2409661-2410699      TCACATGCACCGTGGTCTCGGTGATGCCGTACATGTTGATGAG 1039  
CP022656.1:223076-224129        TCACATGCACCGTGGTCTCGGTGATGCCGTACATGTTGATGAG 1054  
CP019171.1:4965063-4966107      TCACATGCACCGTGGTCTCGGTGATGCCGTACATGTTGATGAG 1045  
CP000884.1:5233319-5234363      TCACATGCACCGTGGTCTCGGTGATGCCGTACATGTTGATGAG 1045  
CP017420.1:7071774-7072827      TCACATGCACCGTGGTCTCGGTGATGCCGTACATGTTGATGAG 1054  
                                \*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*