

MO0003-2	481	GTAGTAAAGTTGTTGAAACTGAAAGATACGTTTGAACCGTATATCGATACGTTAGCCGTGGCGCTTTAGATGCAAACGG
MO0027-1	481	GTAGTAAAGTTGTTGAAACTGAAAGATACGTTTGAACCGTATATCGATACGTTAGCCGTGGCGCTTTAGATGCAAACGG
MO00027-2	481	GTAGTTAAGTTGTTGAAACTGAAAGATACGTTTGAACCGTATATCGATACGTTAGCCGTGGCGCTTTAGATGCAAACGG
MO0009-2	481	GTAGTTAAGTTGTTGAAACTGAAAGATACGTTTGAACCGTATATCGATACGTTAGCCGTGGCGCTTTAGATGCAAACGG
MO00029-1	481	GTAGTTAAGTTGTTGAAACTGAAAGATACGTTTGAACCGTATATCGATACGTTAGCCGTGGCGCTTTAGATGCAAACGG
MO00036-1	481	GTAGTTAAGTTGTTGAAACTGAAAGATACGTTTGAACCGTATATCGATACGTTAGCCGTGGCGCTTTAGATGCAAACGG
MO00036-2	481	GTAGTTAAGTTGTTGAAACTGAAAGATACGTTTGAACCGTATATCGATACGTTAGCCGTGGCGCTTTAGATGCAAACGG
MO00041-1	481	GTAGTTAAGTTGTTGAAACTGAAAGATACGTTTGAACCGTATATCGATACGTTAGCCGTGGCGCTTTAGATGCAAACGG
MO00049-1	481	GTAGTTAAGTTGTTGAAACTGAAAGATACGTTTGAACCGTATATCGATACGTTAGCCGTGGCGCTTTAGATGCAAACGG
MO0009-1	481	GTAGTTAAGTTGTTGAAACTGAAAGATACGTTTGAACCGTATATCGATACGTTAGCCGTGGTGCCTTGATGCAAACGG
MO00045-1	481	GTAGTTAAGTTGTTGAAACTGAAAGATACGTTTGAACCATATATCGATACGTTAGCCGTGGCGCTTTGATGCAAACGG
2006-3950 Strep	1	

MO0003-2	961	TGTAATCATTTGGTTTTTACTATCAGGTATTTAATTATTGGCATTGCTATAGTTTGCCAAATGATAACTGAGGTTAGAA
MO0027-1	961	TGTAATCATTTGGTTTTTACTATCAGGTATTTAATTATTGGCATTGCTATAGTTTGCCAAATGATAACTGAGGTTAGAA
MO00027-2	961	TGTAATCATTTGGTTTTTACTATCAGGTATTTAATTATTGGCATTGCTATAGTTTGCCAAATGATAACTGAGGTTAGAA
MO0009-2	961	TGTAATCATTTGGTTTTTACTATCAGGTATTTAATTATTGGCATTGCTATAGTTTGCCAAATGATAACTGAGGTTAGAA
MO00029-1	961	TGTAATCATTTGGTTTTTACTATCAGGTATTTAATTATTGGCATTGCTATAGTTTGCCAAATGATAACTGAGGTTAGAA
MO00036-1	961	TGTAATCATTTGGTTTTTACTATCAGGTATTTAATTATTGGCATTGCTATAGTTTGCCAAATGATAACTGAGGTTAGAA
MO00036-2	961	TGTAATCATTTGGTTTTTACTATCAGGTATTTAATTATTGGCATTGCTATAGTTTGCCAAATGATAACTGAGGTTAGAA
MO00041-1	961	TGTAATCATTTGGTTTTTACTATCAGGTATTTAATTATTGGCATTGCTATAGTTTGCCAAATGATAACTGAGGTTAGAA
MO00049-1	961	TGTAATCATTTGGTTTTTACTATCAGGTATTTAATTATTGGCATTGCTATAGTTTGCCAAATGATAACTGAGGTTAGAA
MO0009-1	721	-----
MO00045-1	721	-----
2006-3950_Strep	241	TGTAATCATTTGGTTTTTACTATCAGGTATTTAATTATTGGCATTGCTATAGTTTGCCAAATGATAACTGAGGTTAGAA

mefA 880-1218

MO0003-2	1041	AATTAGATTTAAAAATAACAATATTGGAGGAATATTTATGTATCTTATTTTCATGTAACTCTTCTGCTAAAAATCGCAGG
MO0027-1	1041	AATTAGATTTAAAAATAACAATATTGGAGGAATATTTATGTATCTTATTTTCATGTAACTCTTCTGCTAAAAATCGCAGG
MO00027-2	1041	AATTAGATTTAAAAATAACAATATTGGAGGAATATTTATGTATCTTATTTTCATGTAACTCTTCTGCTAAAAATCGCAGG
MO0009-2	1041	AATTAGATTTAAAAATAACAATATTGGAGGAATATTTATGTATCTTATTTTCATGTAACTCTTCTGCTAAAAATCGCAGG
MO00029-1	1041	AATTAGATTTAAAAATAACAATATTGGAGGAATATTTATGTATCTTATTTTCATGTAACTCTTCTGCTAAAAATCGCAGG
MO00036-1	1041	AATTAGATTTAAAAATAACAATATTGGAGGAATATTTATGTATCTTATTTTCATGTAACTCTTCTGCTAAAAATCGCAGG
MO00036-2	1041	AATTAGATTTAAAAATAACAATATTGGAGGAATATTTATGTATCTTATTTTCATGTAACTCTTCTGCTAAAAATCGCAGG
MO00041-1	1041	AATTAGATTTAAAAATAACAATATTGGAGGAATATTTATGTATCTTATTTTCATGTAACTCTTCTGCTAAAAATCGCAGG
MO00049-1	1041	AATTAGATTTAAAAATAACAATATTGGAGGAATATTTATGTATCTTATTTTCATGTAACTCTTCTGCTAAAAATCGCAGG
MO0009-1	721	-----
MO00045-1	721	-----
2006-3950_Strep	321	AATTAGATTTAAAAATAACAATATTGGAGGAATATTTATGTATCTTATTTTCATGTAACTCTTCTGCTAAAAATCGCAGG

mefA 880-1218

Regulatory sequence motif MYLIMF

MO0003-2	1121	GTTTTCCTGCATACAAGCAAATGAAAGCATGCGATTATAGACAGGAGGAAATGTTATGGAATTAATATTTAAAGCAAAA
MO0027-1	1121	GTTTTCCTGCATACAAGCAAATGAAAGCATGCGATTATAGACAGGAGGAAATGTTATGGAATTAATATTTAAAGCAAAA
MO00027-2	1121	GTTTTCCTGCATACAAGCAAATGAAAGCATGCGATTATAGACAGGAGGAAATGTTATGGAATTAATATTTAAAGCAAAA
MO0009-2	1121	GTTTTCCTGCATACAAGCAAATGAAAGCATGCGATTATAGACAGGAGGAAATGTTATGGAATTAATATTTAAAGCAAAA
MO00029-1	1121	GTTTTCCTGCATACAAGCAAATGAAAGCATGCGATTATAGACAGGAGGAAATGTTATGGAATTAATATTTAAAGCAAAA
MO00036-1	1121	GTTTTCCTGCATACAAGCAAATGAAAGCATGCGATTATAGACAGGAGGAAATGTTATGGAATTAATATTTAAAGCAAAA
MO00036-2	1121	GTTTTCCTGCATACAAGCAAATGAAAGCATGCGATTATAGACAGGAGGAAATGTTATGGAATTAATATTTAAAGCAAAA
MO00041-1	1121	GTTTTCCTGCATACAAGCAAATGAAAGCATGCGATTATAGACAGGAGGAAATGTTATGGAATTAATATTTAAAGCAAAA
MO00049-1	1121	GTTTTCCTGCATACAAGCAAATGAAAGCATGCGATTATAGACAGGAGGAAATGTTATGGAATTAATATTTAAAGCAAAA
MO0009-1	721	-----
MO00045-1	721	-----
2006-3950_Strep	401	GTTTTCCTGCATACAAGCAAATGAAAGCATGCGATTATAGACAGGAGGAAATGTTATGGAATTAATATTTAAAGCAAAA

Msr(D)

MO0003-2	1201	GACATTCGTGTGGAATTCAAAGGACGCGATGTTTTAGATATAAATGAATTAGAAGTATATGATTATGACCGTATTGGTTT
MO0027-1	1201	GACATTCGTGTGGAATTCAAAGGACGCGATGTTTTAGATATAAATGAATTAGAAGTATATGATTATGACCGTATTGGTTT
MO00027-2	1201	GACATTCGTGTGGAATTCAAAGGACGCGATGTTTTAGATATAAATGAATTAGAAGTATATGATTATGACCGTATTGGTTT
MO0009-2	1201	GACATTCGTGTGGAATTCAAAGGACGCGATGTTTTAGATATAAATGAATTAGAAGTATATGATTATGACCGTATTGGTTT
MO00029-1	1201	GACATTCGTGTGGAATTCAAAGGACGCGATGTTTTAGATATAAATGAATTAGAAGTATATGATTATGACCGTATTGGTTT
MO00036-1	1201	GACATTCGTGTGGAATTCAAAGGACGCGATGTTTTAGATATAAATGAATTAGAAGTATATGATTATGACCGTATTGGTTT
MO00036-2	1201	GACATTCGTGTGGAATTCAAAGGACGCGATGTTTTAGATATAAATGAATTAGAAGTATATGATTATGACCGTATTGGTTT
MO00041-1	1201	GACATTCGTGTGGAATTCAAAGGACGCGATGTTTTAGATATAAATGAATTAGAAGTATATGATTATGACCGTATTGGTTT
MO00049-1	1201	GACATTCGTGTGGAATTCAAAGGACGCGATGTTTTAGATATAAATGAATTAGAAGTATATGATTATGACCGTATTGGTTT
MO0009-1	721	-----
MO00045-1	721	-----
2006-3950_Strep	481	GACATTCGTGTGGAATTCAAAGGACGCGATGTTTTAGATATAAATGAATTAGAAGTATATGATTATGACCGTATTGGTTT

Msr(D)

MO0003-2	1281	AGTAGGAGCAAATGGTGCTGGAAAAAGCACTTTACTCAGGGTACTTTTAGGAGAATTAACCCCCAGGATGTAAATGA
MO0027-1	1281	AGTAGGAGCAAATGGTGCTGGAAAAAGCACTTTACTCAGGGTACTTTTAGGAGAATTAACCCCCAGGATGTAAATGA
MO00027-2	1281	AGTAGGAGCAAATGGTGCTGGAAAAAGCACTTTACTCAGGGTACTTTTAGGAGAATTAACCCCCAGGATGTAAATGA
MO0009-2	1281	AGTAGGAGCAAATGGTGCTGGAAAAAGCACTTTACTCAGGGTACTTTTAGGAGAATTAACCCCCAGGATGTAAATGA
MO00029-1	1281	AGTAGGAGCAAATGGTGCTGGAAAAAGCACTTTACTCAGGGTACTTTTAGGAGAATTAACCCCCAGGATGTAAATGA
MO00036-1	1281	AGTAGGAGCAAATGGTGCTGGAAAAAGCACTTTACTCAGGGTACTTTTAGGAGAATTAACCCCCAGGATGTAAATGA
MO00036-2	1281	AGTAGGAGCAAATGGTGCTGGAAAAAGCACTTTACTCAGGGTACTTTTAGGAGAATTAACCCCCAGGATGTAAATGA
MO00041-1	1281	AGTAGGAGCAAATGGTGCTGGAAAAAGCACTTTACTCAGGGTACTTTTAGGAGAATTAACCCCCAGGATGTAAATGA
MO00049-1	1281	AGTAGGAGCAAATGGTGCTGGAAAAAGCACTTTACTCAGGGTACTTTTAGGAGAATTAACCCCCAGGATGTAAATGA
MO0009-1	721	-----
MO00045-1	721	-----
2006-3950_Strep	561	AGTAGGAGCAAATGGTGCTGGAAAAAGCACTTTACTCAGGGTACTTTTAGGAGAATTAACCCCCAGGATGTAAATGA

Msr(D)

MO0003-2	1361	ATCGTCTGGGTGAACCTTGCCATATATCCCCAGTTGGACGAAGTAACCTGCAGGAGGAAAAAGATTTTGCACCTGTAGGC
MO0027-1	1361	ATCGTCTGGGTGAACCTTGCCATATATCCCCAGTTGGACGAAGTAACCTGCAGGAGGAAAAAGATTTTGCACCTGTAGGC
MO00027-2	1361	ATCGTCTGGGTGAACCTTGCCATATATCCCCAGTTGGACGAAGTAACCTGCAGGAGGAAAAAGATTTTGCACCTGTAGGC
MO0009-2	1361	ATCGTCTGGGTGAACCTTGCCATATATCCCCAGTTGGACGAAGTAACCTGCAGGAGGAAAAAGATTTTGCACCTGTAGGC
MO00029-1	1361	ATCGTCTGGGTGAACCTTGCCATATATCCCCAGTTGGACGAAGTAACCTGCAGGAGGAAAAAGATTTTGCACCTGTAGGC
MO00036-1	1361	ATCGTCTGGGTGAACCTTGCCATATATCCCCAGTTGGACGAAGTAACCTGCAGGAGGAAAAAGATTTTGCACCTGTAGGC
MO00036-2	1361	ATCGTCTGGGTGAACCTTGCCATATATCCCCAGTTGGACGAAGTAACCTGCAGGAGGAAAAAGATTTTGCACCTGTAGGC
MO00041-1	1361	ATCGTCTGGGTGAACCTTGCCATATATCCCCAGTTGGACGAAGTAACCTGCAGGAGGAAAAAGATTTTGCACCTGTAGGC
MO00049-1	1361	ATCGTCTGGGTGAACCTTGCCATATATCCCCAGTTGGACGAAGTAACCTGCAGGAGGAAAAAGATTTTGCACCTGTAGGC
MO0009-1	721	-----
MO00045-1	721	-----
2006-3950_Strep	641	ATCGTCTGGGTGAACCTTGCCATATATCCCCAGTTGGACGAAGTAACCTGCAGGAGGAAAAAGATTTTGCACCTGTAGGC

Msr(D)

MO0003-2	2401	TTAAGCGGTGGAGAAATTATAAAATTGTTGCTTGCTAAAATGCTCATGGGTAGATATAACATCCTAATAATGGATGAACC
MO0027-1	2401	TTAAGCGGTGGAGAAATTATAAAATTGTTGCTTGCTAAAATGCTCATGGGTAGATATAACATCCTAATAATGGATGAACC
MO00027-2	2401	TTAAGCGGTGGAGAAATTATAAAATTGTTGCTTGCTAAAATGCTCATGGGTAGATATAACATCCTAATAATGGATGAACC
MO0009-2	2401	TTAAGCGGTGGAGAAATTATAAAATTGTTGCTTGCTAAAATGCTCATGGGTAGATATAACATCCTAATAATGGATGAACC
MO00029-1	2401	TTAAGCGGTGGAGAAATTATAAAATTGTTGCTTGCTAAAATGCTCATGGGTAGATATAACATCCTAATAATGGATGAACC
MO00036-1	2401	TTAAGCGGTGGAGAAATTATAAAATTGTTGCTTGCTAAAATGCTCATGGGTAGATATAACATCCTAATAATGGATGAACC
MO00036-2	2401	TTAAGCGGTGGAGAAATTATAAAATTGTTGCTTGCTAAAATGCTCATGGGTAGATATAACATCCTAATAATGGATGAACC
MO00041-1	2401	TTAAGCGGTGGAGAAATTATAAAATTGTTGCTTGCTAAAATGCTCATGGGTAGATATAACATCCTAATAATGGATGAACC
MO00049-1	2401	TTAAGCGGTGGAGAAATTATAAAATTGTTGCTTGCTAAAATGCTCATGGGTAGATATAACATCCTAATAATGGATGAACC
MO0009-1	721	-----
MO00045-1	721	-----
2006-3950_Strep	1681	TTAAGCGGTGGAGAAATTATAAAATTGTTGCTTGCTAAAATGCTCATGGGTAGATATAACATCCTAATAATGGATGAACC

$$\text{Msr}(\mathcal{D})$$

MO0003-2	2481	CAGTAACTTCCTTGACATACCAAGTTTAGAGGCTTTGGAATACTAATGAAGGAGTACACCGGAACTATCGTGTTTATCA
MO0027-1	2481	CAGTAACTTCCTTGACATACCAAGTTTAGAGGCTTTGGAATACTAATGAAGGAGTACACCGGAACTATCGTGTTTATCA
MO00027-2	2481	CAGTAACTTCCTTGACATACCAAGTTTAGAGGCTTTGGAATACTAATGAAGGAGTACACCGGAACTATCGTGTTTATCA
MO0009-2	2481	CAGTAACTTCCTTGACATACCAAGTTTAGAGGCTTTGGAATACTAATGAAGGAGTACACCGGAACTATCGTGTTTATCA
MO00029-1	2481	CAGTAACTTCCTTGACATACCAAGTTTAGAGGCTTTGGAATACTAATGAAGGAGTACACCGGAACTATCGTGTTTATCA
MO00036-1	2481	CAGTAACTTCCTTGACATACCAAGTTTAGAGGCTTTGGAATACTAATGAAGGAGTACACCGGAACTATCGTGTTTATCA
MO00036-2	2481	CAGTAACTTCCTTGACATACCAAGTTTAGAGGCTTTGGAATACTAATGAAGGAGTACACCGGAACTATCGTGTTTATCA
MO00041-1	2481	CAGTAACTTCCTTGACATACCAAGTTTAGAGGCTTTGGAATACTAATGAAGGAGTACACCGGAACTATCGTGTTTATCA
MO00049-1	2481	CAGTAACTTCCTTGACATACCAAGTTTAGAGGCTTTGGAATACTAATGAAGGAGTACACCGGAACTATCGTGTTTATCA
MO0009-1	721	-----
MO00045-1	721	-----
2006-3950 Strep	1761	CAGTAACTTCCTTGACATACCAAGTTTAGAGGCTTTGGAATACTAATGAAGGAGTACACCGGAACTATCGTGTTTATCA

 $\text{Msr}(\mathbf{D})$

MO0003-2	2561	CCCACGATAAACGATTACTCGAAAATGTAGCAGATGTAGTTTATGAAATTAGAGATAAGAAAAATAAATCTGAAACAT	TAA
MO0027-1	2561	CCCACGATAAACGATTACTCGAAAATGTAGCAGATGTAGTTTATGAAATTAGAGATAAGAAAAATAAATCTGAAACAT	TAA
MO00027-2	2561	CCCACGATAAACGATTACTCGAAAATGTAGCAGATGTAGTTTATGAAATTAGAGATAAGAAAAATAAATCTGAAACAT	TAA
MO0009-2	2561	CCCACGATAAACGATTACTCGAAAATGTAGCAGATGTAGTTTATGAAATTAGAGATAAGAAAAATAAATCTGAAACAT	TAA
MO00029-1	2561	CCCACGATAAACGATTACTCGAAAATGTAGCAGATGTAGTTTATGAAATTAGAGATAAGAAAAATAAATCTGAAACAT	TAA
MO00036-1	2561	CCCACGATAAACGATTACTCGAAAATGTAGCAGATGTAGTTTATGAAATTAGAGATAAGAAAAATAAATCTGAAACAT	TAA
MO00036-2	2561	CCCACGATAAACGATTACTCGAAAATGTAGCAGATGTAGTTTATGAAATTAGAGATAAGAAAAATAAATCTGAAACAT	TAA
MO00041-1	2561	CCCACGATAAACGATTACTCGAAAATGTAGCAGATGTAGTTTATGAAATTAGAGATAAGAAAAATAAATCTGAAACAT	TAA
MO00049-1	2561	CCCACGATAAACGATTACTCGAAAATGTAGCAGATGTAGTTTATGAAATTAGAGATAAGAAAAATAAATCTGAAACAT	TAA
MO0009-1	721	-----	
MO00045-1	721	-----	
2006-3950 Strep	1841	CCCACGATAAACGATTACTCGAAAATGTAGCAGATGTAGTTTATGAAATTAGAGATAAGAAAAATAAATCTGAAACAT	TAA

 $\text{Msr}(\mathcal{D})$

MO0003-2	2641	ATTTAAGGTAGTCGCTGGTCAGTATTGATTCTAATAAAGGCTGTTTGAATGATTTTCAGACGGGCTTTATTGTTTTATAT
MO0027-1	2641	ATTTAAGGTAGTCGCTGGTCAGTATTGATTCTAATAAAGGCTGTTTGAATGATTTTCAGACGGGCTTTATTGTTTTATAT
MO00027-2	2641	ATTTAAGGTAGTCGCTGGTCAGTATTGATTCTAATAAAGGCTGTTTGAATGATTTTCAGACGGGCTTTATTGTTTTATAT
MO0009-2	2641	ATTTAAGGTAGTCGCTGGTCAGTATTGATTCTAATAAAGGCTGTTTGAATGATTTTCAGACGGGCTTTATTGTTTTATAT
MO00029-1	2641	ATTTAAGGTAGTCGCTGGTCAGTATTGATTCTAATAAAGGCTGTTTGAATGATTTTCAGACGGGCTTTATTGTTTTATAT
MO00036-1	2641	ATTTAAGGTAGTCGCTGGTCAGTATTGATTCTAATAAAGGCTGTTTGAATGATTTTCAGACGGGCTTTATTGTTTTATAT
MO00036-2	2641	ATTTAAGGTAGTCGCTGGTCAGTATTGATTCTAATAAAGGCTGTTTGAATGATTTTCAGACGGGCTTTATTGTTTTATAT
MO00041-1	2641	ATTTAAGGTAGTCGCTGGTCAGTATTGATTCTAATAAAGGCTGTTTGAATGATTTTCAGACGGGCTTTATTGTTTTATAT
MO00049-1	2641	ATTTAAGGTAGTCGCTGGTCAGTATTGATTCTAATAAAGGCTGTTTGAATGATTTTCAGACGGGCTTTATTGTTTTATAT
MO0009-1	721	-----ATTGATTCTAATAAAGGCTGTTTGAATGATTTTCAGACGGGCTTTATTGTTTTATAT
MO00045-1	721	-----ATTGATTCTAATAAAGGCTGTTTGAATGATTTTCAGACGGGCTTTATTGTTTTATAT
2006-3950 Strep	1921	ATTTAAGGTAGTCGCTGGTCAGTA

MO0003-2	2721	TGCTTTCAAATATCAGAATCTTGATTGCAAATGATTCTATGAAATAGCCGTAATGTTATACTTAGCCTCTTGTTGGC
MO0027-1	2721	TGCTTTCAAATATCAGAATCTTGATTGCAAATGATTCTATGAAATAGCCGTAATGTTATACTTAGCCTCTTGTTGGC
MO00027-2	2721	TGCTTTCAAATATCAGAATCTTGATTGCAAATGATTCTATGAAATAGCCGTAATGTTATACTTAGCCTCTTGTTGGC
MO0009-2	2721	TGCTTTCAAATATCAGAATCTTGATTGCAAATGATTCTATGAAATAGCCGTAATGTTATACTTAGCCTCTTGTTGGC
MO00029-1	2721	TGCTTTCAAATATCAGAATCTTGATTGCAAATGATTCTATGAAATAGCCGTAATGTTATACTTAGCCTCTTGTTGGC
MO00036-1	2721	TGCTTTCAAATATCAGAATCTTGATTGCAAATGATTCTATGAAATAGCCGTAATGTTATACTTAGCCTCTTGTTGGC
MO00036-2	2721	TGCTTTCAAATATCAGAATCTTGATTGCAAATGATTCTATGAAATAGCCGTAATGTTATACTTAGCCTCTTGTTGGC
MO00041-1	2721	TGCTTTCAAATATCAGAATCTTGATTGCAAATGATTCTATGAAATAGCCGTAATGTTATACTTAGCCTCTTGTTGGC
MO00049-1	2721	TGCTTTCAAATATCAGAATCTTGATTGCAAATGATTCTATGAAATAGCCGTAATGTTATACTTAGCCTCTTGTTGGC
MO0009-1	778	TGCTTTCAAATATCAGAATCTTGATTGCAAATGATTCTATGAAATAGCCGTAATGTTATACTTAGCCTCTTGTTGGC
MO00045-1	778	TGCGTTCAAATATCAGAATCTTGATTGCAAATGATTCTATGAAATAGCCGTAATGTTATACTTAGCCTCTTGTTGGC
2006-3950	Strep	-----

MO0003-2	2801	GATTGGGAAGAAACAGTCATTAGATAATGCGGATAGATGCCGCCTTTTCATGGCAGACTGAGGTTTTTAAATAAATGTA
MO0027-1	2801	GATTGGGAAGAAACAGTCATTAGATAATGCGGATAGATGCCGCCTTTTCATGGCAGACTGAGGTTTTTAAATAAATGTA
MO00027-2	2801	GATTGGGAAGAAACAGTCATTAGATAATGCGGATAGATGCCGCCTTTTCATGGCAGACTGAGGTTTTTAAATAAATGTA
MO0009-2	2801	GATTGGGAAGAAACAGTCATTAGATAATGCGGATAGATGCCGCCTTTTCATGGCAGACTGAGGTTTTTAAATAAATGTA
MO00029-1	2801	GATTGGGAAGAAACAGTCATTAGATAATGCGGATAGATGCCGCCTTTTCATGGCAGACTGAGGTTTTTAAATAAATGTA
MO00036-1	2801	GATTGGGAAGAAACAGTCATTAGATAATGCGGATAGATGCCGCCTTTTCATGGCAGACTGAGGTTTTTAAATAAATGTA
MO00036-2	2801	GATTGGGAAGAAACAGTCATTAGATAATGCGGATAGATGCCGCCTTTTCATGGCAGACTGAGGTTTTTAAATAAATGTA
MO00041-1	2801	GATTGGGAAGAAACAGTCATTAGATAATGCGGATAGATGCCGCCTTTTCATGGCAGACTGAGGTTTTTAAATAAATGTA
MO00049-1	2801	GATTGGGAAGAAACAGTCATTAGATAATGCGGATGATGCCGCCTTTTCATGGCAGACTGAGGTTTTTAAACAAATGTA
MO0009-1	858	GATTGGGAAGAAACAGTCATTAGATAATGCGGATAAATGCCGCCTTTTCATGGCAGACTGAGGTTTTTAAATAAATGTA
MO00045-1	858	GATTGGGAAGAAACAGTCATTGGATAATGCGGATAGATGCCGCCTTTTCATGGCAGACTGAGGTTTTTAAACAAATGTA
2006-3950 Strep		-----

MO0003-2 2881 ACGGTAGAATAAACAGGCTGCCGGACAACATTCAAATCGATGAAATGGATAGCAGAAAATGAGCAGAATCCAACAAACTT
MO0027-1 2881 ACGGTAGAATAAACAGGCTGCCGGACAACATTCAAATCGATGAAATGGATAGCAGAAAATGAGCAGAATCCAACAAACTT
MO00027-2 2881 ACGGTAGAATAAACAGGCTGCCGGACAACATTCAAATCGATGAAATGGATAGCAGAAAATGAGCAGAATCCAACAAACTT
MO0009-2 2881 ACGGTAGAATAAACAGGCTGCCGGACAACATTCAAATCGATGAAATGGATAGCAGAAAATGAGCAGAATCCAACAAACTT
MO00029-1 2881 ACGGTAGAATAAACAGGCTGCCGGACAACATTCAAATCGATGAAATGGATAGCAGAAAATGAGCAGAATCCAACAAACTT
MO00036-1 2881 ACGGTAGAATAAACAGGCTGCCGGACAACATTCAAATCGATGAAATGGATAGCAGAAAATGAGCAGAATCCAACAAACTT
MO00036-2 2881 ACGGTAGAATAAACAGGCTGCCGGACAACATTCAAATCGATGAAATGGATAGCAGAAAATGAGCAGAATCCAACAAACTT
MO00041-1 2881 ACGGTAGAATAAACAGGCTGCCGGACAACATTCAAATCGATGAAATGGATAGCAGAAAATGAGCAGAATCCAACAAACTT
MO00049-1 2881 ACGGCAGAATAAAATAGGCTGCCGGACAACATTCAAATCGATGAAATGGATAGCAGGAATGAGCAGAATCCAACAAACTT
MO0009-1 938 ACGGCAGAATAAACAGGCTGCCGGACAACATTCAAATCGATGAAATGGATAGCAGGAATGAGCAGAATCCAACAAACTT
MO00045-1 938 ACGGCAGCATAAACAGGCTGCCGGACAACATTCAAATCGATGAAATGGATAGCAGAAAATGAGCAGAATCCAACAACTT
2006-3950_Strep -----

trpA

MO0003-2 2961 TTTCAGCGCTCAATGGCGCAAAGCACTGATTCCTTATATTACGGTGGGTGATCCCAACCTTGAGACGACCTGGCATTG
MO0027-1 2961 TCTCAGCGCTCAATGGCGCAAAGCACTGATTCCTTATATTACGGTGGGTGATCCCAACCTTGAGACGACCTGGCATTG
MO00027-2 2961 TCTCAGCGCTCAATGGCGCAAAGCACTGATTCCTTATATTACGGTGGGTGATCCCAACCTTGAGACGACCTGGCATTG
MO0009-2 2961 TCTCAGCGCTCAATGGCGCAAAGCACTGATTCCTTATATTACGGTGGGTGATCCCAACCTTGAGACACCTTGGCATTG
MO00029-1 2961 TCTCAGCGCTCAATGGCGCAAAGCACTGATTCCTTATATTACGGTGGGTGATCCCAACCTTGAGACGACCTGGCATTG
MO00036-1 2961 TCTCAGCGCTCAATGGCGCAAAGCACTGATTCCTTATATTACGGTGGGTGATCCCAACCTTGAGACGACCTGGCATTG
MO00036-2 2961 TCTCAGCGCTCAATGGCGCAAAGCACTGATTCCTTATATTACGGTGGGTGATCCCAACCTTGAGACGACCTGGCATTG
MO00041-1 2961 TCTCAGCGCTCAATGGCGCAAAGCACTGATTCCTTATATTACGGTGGGTGATCCCAACCTTGAGACGACCTGGCATTG
MO00049-1 2961 TCTCAGCGCTCAATGGCGCAAAGCACTGATTCCTTATATTACGGTGGGTGATCCCAACCTTGAGACGACCTGGCATTG
MO0009-1 1018 TCTCAGCGCTCAATGGCGCAAAGCACTGATTCCTTATATTACGGTGGGTGATCCCAAGTCTTGAGACACCTTGGCATTG
MO00045-1 1018 TCTCAGCGCTCAATGGCGCAAAGCACTGATTCCTTATATTACGGTGGGCATCCCAACCTTGAGACACCTTGGCATTG
2006-3950_Strep -----

trpA

MO0003-2 3041 ATGCACAGCCTGGTAGCTAACGGTGTCTGATATTTTGAACCTGGGTGTGCCGTTTTCTGACCCGATGGCGGATGGTCCGAC
MO0027-1 3041 ATGCACAGCCTGGTAGCTAACGGTGTCTGATATTTTGAACCTGGGTGTGCCGTTTTCTGACCCGATGGCGGATGGTCCGAC
MO00027-2 3041 ATGCACAGCCTGGTAGCTAACGGTGTCTGATATTTTGAACCTGGGTGTGCCGTTTTCTGACCCGATGGCGGATGGTCCGAC
MO0009-2 3041 ATGCACAGCCTGGTAGCTAACGGTGTCTGATATTTTGAACCTGGGTGTGCCGTTTTCTGACCCGATGGCGGATGGTCCGAC
MO00029-1 3041 ATGCACAGCCTGGTAGCTAACGGTGTCTGATATTTTGAACCTGGGTGTGCCGTTTTCTGACCCGATGGCGGATGGTCCGAC
MO00036-1 3041 ATGCACAGCCTGGTAGCTAACGGTGTCTGATATTTTGAACCTGGGTGTGCCGTTTTCTGACCCGATGGCGGATGGTCCGAC
MO00036-2 3041 ATGCACAGCCTGGTAGCTAACGGTGTCTGATATTTTGAACCTGGGTGTGCCGTTTTCTGACCCGATGGCGGATGGTCCGAC
MO00041-1 3041 ATGCACAGCCTGGTAGCTAACGGTGTCTGATATTTTGAACCTGGGTGTGCCGTTTTCTGACCCGATGGCGGATGGTCCGAC
MO00049-1 3041 ATGCACAGCCTGGTGGCTAATGGTGTCTGATATTTTGAACCTGGGTGTGCCGTTTTCTGACCCGATGGCGGATGGTCCGAC
MO0009-1 1098 ATGCA TAGCCTGGTGGCTAATGGTGTCTGATATTTTGAACCTGGGTGTGCCGTTTTCTGACCCGATGGCGGATGGTCCGAC
MO00045-1 1098 ATGCA TAGCCTGGTGGCTAATGGTGTCTGATATTTTGAACCTGGGTGTGCCGTTTTCTGACCCGATGGCGGATGGCCCGAC
2006-3950_Strep -----

trpA

MO0003-2 3121 CATTACAGCTGCGGCCGAAAGGGCGTTGGCAAATCATGTTTCTTTGCACGACGTATTGAAACAGTACGCTTGTTCCGCC
MO0027-1 3121 CATTACAGCTGCGGCCGAAAGGGCGTTGGCAAATCATGTTTCTTTGCACGACGTATTGAAACAGTACGCTTGTTCCGCC
MO00027-2 3121 CATTACAGCTGCGGCCGAAAGGGCGTTGGCAAATCATGTTTCTTTGCACGACGTATTGAAACAGTACGCTTGTTCCGCC
MO0009-2 3121 CATTACAGCTGCGGCCGAAAGGGCGTTGGCAAATCATGTTTCTTTGCACGACGTATTGAAACAGTACGCTTGTTCCGCC
MO00029-1 3121 CATTACAGCTGCGGCCGAAAGGGCGTTGGCAAATCATGTTTCTTTGCACGACGTATTGAAACAGTACGCTTGTTCCGCC
MO00036-1 3121 CATTACAGCTGCGGCCGAAAGGGCGTTGGCAAATCATGTTTCTTTGCACGACGTATTGAAACAGTACGCTTGTTCCGCC
MO00036-2 3121 CATTACAGCTGCGGCCGAAAGGGCGTTGGCAAATCATGTTTCTTTGCACGACGTATTGAAACAGTACGCTTGTTCCGCC
MO00041-1 3121 CATTACAGCTGCGGCCGAAAGGGCGTTGGCAAATCATGTTTCTTTGCACGACGTATTGAAACAGTACGCTTGTTCCGCC
MO00049-1 3121 TATTCAACGTGCGGCTGAACGGGCGTTGACAAATCATGTTTCTTTGCACGACGTATTGAAACAGTACGATTGTTCCGCC
MO0009-1 1178 CATTACAGCTGCGGCCGAAAGGGCGTTGGCAAATCATGTTTCTTTGCACGACGTATTGAAACAGTACGTTGTTCCGCC
MO00045-1 1178 TATTCAACGTGCGGCTGAAGGGCGTTGGCAAATCATGTTTCTTTGCGACGTATTGAAACAGTACGCTTGTTCCGCC
2006-3950_Strep -----

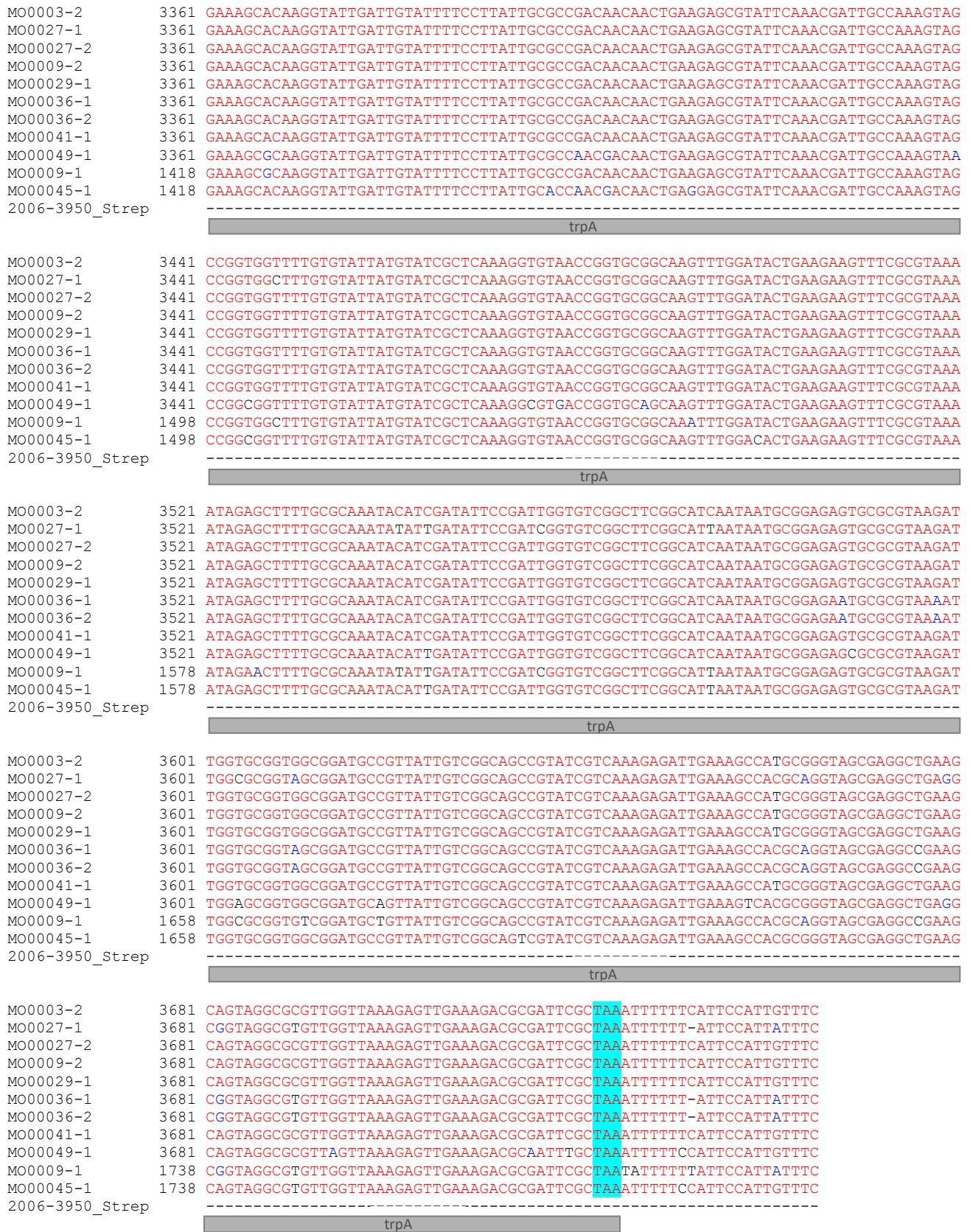
trpA

MO0003-2 3201 AAACCAATGATAAAACGCCGATTGTGTTAATGGGCTATTTGAACCCAGTACATAAAATGGGTTATAAAGCGTTTGACAA
MO0027-1 3201 AAACCAATGATAAAACGCCGATTGTGTTAATGGGCTATTTGAACCCAGTACATAAAATGGGTTATAAAGCGTTTGACAA
MO00027-2 3201 AAACCAATGATAAAACGCCGATTGTGTTAATGGGCTATTTGAACCCAGTACATAAAATGGGTTATAAAGCGTTTGACAA
MO0009-2 3201 AAACCAATGATAAAACGCCGATTGTGTTAATGGGCTATTTGAACCCAGTACATAAAATGGGTTATAAAGCGTTTGACAA
MO00029-1 3201 AAACCAATGATAAAACGCCGATTGTGTTAATGGGCTATTTGAACCCAGTACATAAAATGGGTTATAAAGCGTTTGACAA
MO00036-1 3201 AAACCAATGATAAAACGCCGATTGTGTTAATGGGCTATTTGAACCCAGTACATAAAATGGGTTATAAAGCGTTTGACAA
MO00036-2 3201 AAACCAATGATAAAACGCCGATTGTGTTAATGGGCTATTTGAACCCAGTACATAAAATGGGTTATAAAGCGTTTGACAA
MO00041-1 3201 AAACCAATGATAAAACGCCGATTGTGTTAATGGGCTATTTGAACCCAGTACATAAAATGGGTTATAAAGCGTTTGACAA
MO00049-1 3201 AAAC TAATGATAAAACGCCGTTGTGTTAATGGGCTATTTGAACCCATACATAAAATGGGCTATCAGGCGTTTGCGCAA
MO0009-1 1258 AAACCAATGATAAAACGCCGATTGTGTTAATGGGCTATTTGAACCCAGTACATAAAATGGGTTATCAGGCGTTTGCGCAA
MO00045-1 1258 AAACCAATGATAAAACGCCGTTGTGTTAATGGGCTATTTGAACCCGTGTACATAAAATGGGTTATCAGGCGTTTGCGCAA
2006-3950_Strep -----

trpA

MO0003-2 3281 GCGGCTGCCGACGCGGGCGTAGATGGCGTGTGACTGTGGATTCCCGGTAGAAACCATCACCCCGCTGCATGACTCTTT
MO0027-1 3281 GCGGCTGCCGACGCGGGCGTAGATGGCGTGTGACTGTGGATTCCCGGTAGAAACCATCACCCCGCTGCATGACTCTTT
MO00027-2 3281 GCGGCTGCCGACGCGGGCGTAGATGGCGTGTGACTGTGGATTCCCGGTAGAAACCATCACCCCGCTGCATGACTCTTT
MO0009-2 3281 GCGGCTGCCGACGCGGGCGTAGATGGCGTGTGACTGTGGATTCCCGGTAGAAACCATCACCCCGCTGCATGACTCTTT
MO00029-1 3281 GCGGCTGCCGACGCGGGCGTAGATGGCGTGTGACTGTGGATTCCCGGTAGAAACCATCACCCCGCTGCATGACTCTTT
MO00036-1 3281 GCGGCTGCCGACGCGGGCGTAGATGGCGTGTGACTGTGGATTCCCGGTAGAAACCATCACCCCGCTGCATGACTCTTT
MO00036-2 3281 GCGGCTGCCGACGCGGGCGTAGATGGCGTGTGACTGTGGATTCCCGGTAGAAACCATCACCCCGCTGCATGACTCTTT
MO00041-1 3281 GCGGCTGCCGACGCGGGCGTAGATGGCGTGTGACTGTGGATTCCCGGTAGAAACCATCACCCCGCTGCATGACTCTTT
MO00049-1 3281 GCGGCTGCCGAGGCGAGGCTAGATGGCGTGTGACCGTGGATTCTCCGGTAGAAACCATTCGCCCTTTGCATGAATCGTT
MO0009-1 1338 GCGGCTGCCGACGCGGGCGTAGATGGCGTGTGACTGTGGATTCTCCGGTAGAAACCATTCGCCCTGCATGACTCGTT
MO00045-1 1338 GCGGCTGCCGAGGCGAGGCTGTATGGCGTGTGACCGTAGATTCTCCGGTAGAAACCATTCGCCCTTTGCATGAGTCATT
2006-3950_Strep -----

trpA



Supplemental figure 3. Alignment of all *N. subflava* at the integration site of *msr(D)* with up and downstream regions and integrated fragment of the MEGA element (region 2006-3950). Indicated are: *ihfA*, *msr(D)* and *trpA* in grey bar with start and top codon indicated in cyan background, *mefA* (fragment 880-1218) grey striped bar, regulatory sequence factor MYLIMF and DUS factor in yellow box, integration site with green horizontal line.