

A

```

*      20      *      40      *      60      *      80      *      100     *      120
vtaA1 : ATGAATAAAATATTTAGAGTTATTTGGAGTCATGCTCAACAGGCTTGGGTGGTTGTATCTGAGTTAGTAAAGTCTCATACCAAACATCCGCTTACACGGATAAAAGAGCTCAAGTATGCACCTC : 125
vtaA2 : .....A..... : 125
vtaA3 : .....T..... : 125
vtaA4 : .....G.....C..... : 125
vtaA5 : .....G.....C..... : 125
vtaA6 : .....A.....A.....G..... : 125
vtaA7 : .....T..... : 125
vtaA8 : .....T..... : 125
vtaA9 : .....G..... : 125
vtaA10 : ..... : 125
vtaA11 : .....T..... : 125
vtaA12 : .....T.....A.....A.....A..... : 125
vtaA13 : .....G.....C..... : 125
vtaA14 : .....A.....C..... : 121
vtaA15 : .....A.....A..... : 125
vtaA16 : .....C..... : 124
vtaA17 : .....T.....A.....GT..... : 122
vtaA18 : .....G..... : 125
vtaA19 : ----- : 9
vtaA20 : .....T.....A.....G..... : 125
vtaA21 : .....G.....T..... : 125
vtaA22 : .....T.....A.....G..... : 122
vtaA23 : .....G.....A.....G..... : 125
vtaA24 : .....G..... : 122
vtaA25 : .....A.....G..... : 125
vtaA26 : .....AGA.....T.....C..... : 125
vtaA27 : .....T.....G..... : 122
vtaA28 : .....G.....T.....G..... : 125
vtaA30 : .....T.....A.....GT..... : 125

```

pADH-F ATGAATAAAATATTTAGAGTTATTTGG >

```

*      140     *      160     *      180     *      200     *      220     *      240     *
vtaA1 : AGATTATTTTTAGATAAACAGCAAGATAAAATTTAAATTAAGTCTTTTAAGTCTAGTATTACTAGGTATATTTTTAGTTCA-----GTAGGTTT-----AGCTGCAT : 223
vtaA2 : .....C.....TA-----GCT.---... : 223
vtaA3 : .....C.....A-----GC.---... : 223
vtaA4 : .....C.....CG.C..... : 226
vtaA5 : .....A.....C.....GTAGCA.....G.ACAACTTCACACAGG.A.AC... : 244
vtaA6 : .C.....C.....CG.C.....AGCTACTCACTCAGG.A.AC... : 241
vtaA7 : .....A.....A.C.....GT---A.....G.AGATCGTCATAAAGG.A.C... : 241
vtaA8 : .....T.....C.....A-----GC.A---GGC : 223
vtaA9 : .....A.....C.....GTAGCA.....G.ACAACTTCACACAGG.A.A... : 244
vtaA10 : .....TAG.....A-----GCT.---... : 223
vtaA11 : .....G.....C.....GTA.C.....AAT-----TACTGATT.AT... : 235
vtaA12 : .C.....T.....T.A.....C.....A-----GC.A---GGC : 223
vtaA13 : .....C.....TCAGCT.CT.C.AACACAACAAATACCGC.AAAC... : 244
vtaA14 : .....A.....A.C.....GT---AT.....GTAAAA---CACACAGG.CAAC... : 234
vtaA15 : .C.....C.....CG.C.....AGCTACTCACTCAGG.A.AC... : 241
vtaA16 : .....C.....TCAGCT.CT.C.AACACAACAAATAACGC.CAAC... : 243
vtaA17 : .....A.....T.....A-----GC.C---A.. : 220
vtaA18 : .....C.....TCAGCT.CT.C.AACACAACAAATACCGC.CAAC..C : 244
vtaA19 : .C.....A.....A.....C.....A-----GC.---... : 106
vtaA20 : .....A-----GCT.AGC... : 226
vtaA21 : .....C.....TCAGCT.CT.C.AACGCAACAAATACCGC.A.AC... : 244
vtaA22 : .....A.....T.....C.....TA-----GCT.---T.. : 220
vtaA23 : .....A-----GCT.---... : 223
vtaA24 : .....C.....TCAGCT.CT.C.AACACAACAAATACCGC.CAA... : 241
vtaA25 : .C.....A.....T.....A-----GC.C---A.. : 223
vtaA26 : .....A.....C.....TA-----GCT.---T.. : 223
vtaA27 : .....C.....TA-----GCT.---... : 220
vtaA28 : .....A-----GCT.AGC... : 226
vtaA30 : .....GTAGGTTTCAGCA.C..C.G.TAGCACAAGTAACGA.AAAC... : 250

```

c5-F GATAAATTTAAATTAAGTγTTTTAAGTCTAG >

B

	*	20	*	40	*	60	*	80	*	100	*	120	*	140	
vtaA1	:	TTTAGGTAAAGATAAGCAAGGAAATCCAGTTGTAATATGAATGGTGCCAGAA	---	TTACCAACGTTGGAGATGGTAGTGCTGAGGGCGATATTGTGAATGTGCGTCAGCTCAACAAAGTGGTTTCTTCTGTGAATACAGGA	:	139									
vtaA2	:	.....C.....	---	.....T.....	:	139									
vtaA3	:	.....	---	.....T.....	:	139									
vtaA4	:	.....C.....	---	.....T.....	:	139									
vtaA5	:	.....	---	.....	:	139									
vtaA6	:	.....	---	.....T.....	:	139									
vtaA7	:	.....	---	.....T.....	:	139									GROUP 1
vtaA8	:	.....	---	.....T.....	:	139									
vtaA9	:	.....C.....	---	.....T.....	:	139									
vtaA14	:	.....C.....	---	.....T.....	:	139									
vtaA15	:	.....	---	.....T.....	:	139									
vtaA16	:	.....C.....	---	.....T.....	:	139									
YADAF1	:	TTTAGGTAAAGATAAGCAAGGAAATCC>													

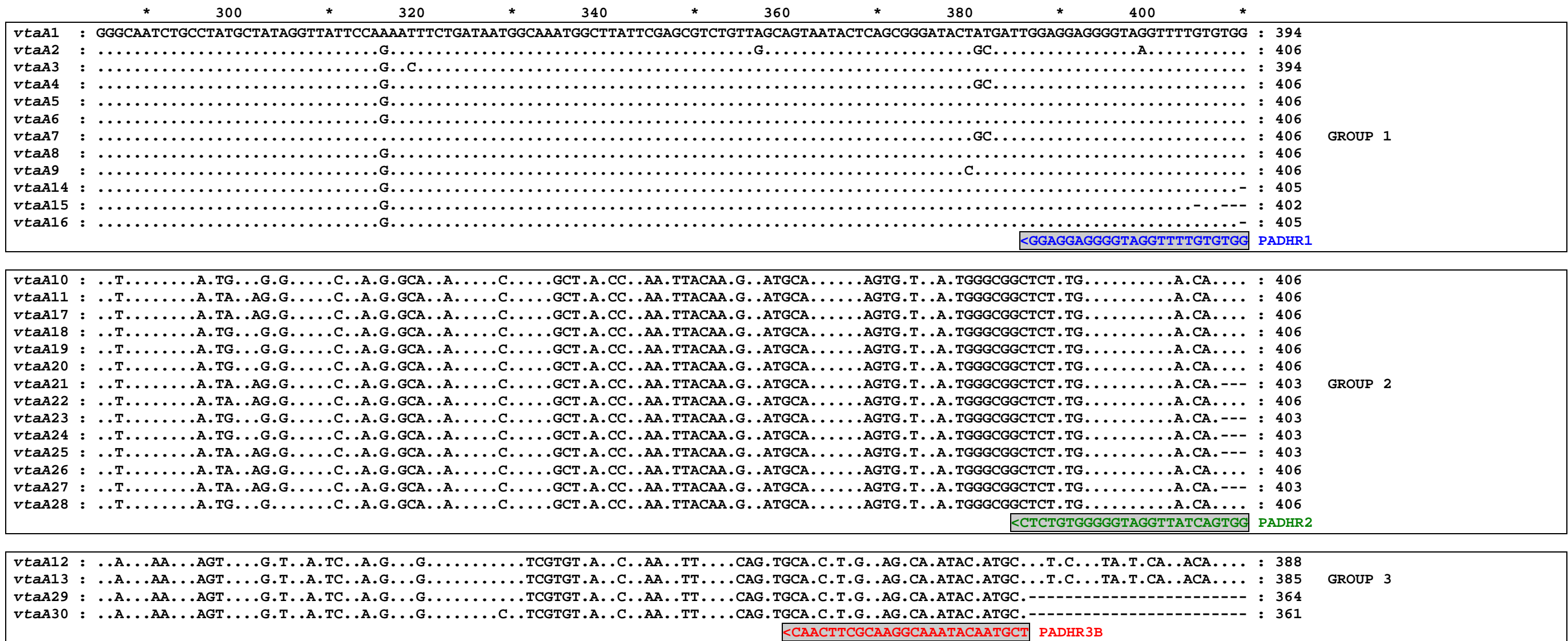
vtaA10	:	CG.G.....T.TAG---.CA.T...GGCAAAA.GG.A.CTCGCC..ATTCA..ACG..G.ACCT.G.TT.ATCTC.GAGCAAAGTAC...GCGA.T...GTA.C...T.GT.T.GCT.AA.A.-C..A.CAC.AGGT.C.	:	138	
vtaA11	:	CG.G.....T.TAG---.CA.TG..GGCAAAA.GG.A.CTCG.C..ATTCA..ACG..G.ACCT.G.TT.ATCTC.GAGCAAAGTAC...GCGA.T...GTA.C...T.GT.T.GCT.AA.A.-C..A.CAC.AGGT.C.	:	138	
vtaA17	:	CG.G.....T.TAG---.CA.T...GGCAAAA.GG.A.CTCG.C..ATTCA..ACG..G.ACCT.G.TT.ATCTC.GAGCAAAGTAC...GCGA.T...GTA.C...T.GT.T.GCT.AA.A.-C..A.CAC.AGGT.C.	:	138	
vtaA18	:	CG.G.....T.TAG---.CA.TG..GGCAAAA.GG.A.CTCG.C..ATTCA..ACG..G.ACCT.G.TT.ATCTC.GAGCAAAGTAC...GCGA.T...GTA.C...T.GT.T.GCT.AA.A.-C..A.CAC.AGGT.C.	:	138	
vtaA19	:	CG.G.....T.TAG---.CA.TG..GGCAAAA.GG.A.CTCG.C..ATTCA..ACG..G.ACCT.G.TT.ATCTC.GAGCAAAGTAC...GCGA.T...GTA.C...T.GT.T.GCT.AA.A.-C..A.CAC.AGGT.C.	:	138	
vtaA20	:	CG.G.....T.TAG---.CA.TG..GGCAAAA.GG.A.CTCG.C..ATTCA..ACG..G.ACCT.G.TT.ATCTC.GAGCAAAGTAC...GCGA.T...GTA.C...T.GT.T.GCT.AA.A.-C..A.CAC.AGGT.C.	:	138	
vtaA21	:	CG.G.....T.TAG---.CA.T...GGCAAAA.GG.A.CTCG.C..ATTCA..ACG..G.ACCT.G.TT.ATCTC.GAGCAAAGTAC...GCGA.T...GTA.C...T.GT.T.GCT.AA.A.-C..A.CAC.AGGT.C.	:	138	GROUP 2
vtaA22	:	CG.G.....T.TA---.CA.TG..GGCAAAA.GG.A.CTCG.C..ATTCA..ACG..G.ACCT.G.TT.ATCTC.GAGCAAAGTAC...GCGA.T...GTA.C...T.GT.T.GCT.AA.A.-C..A.CAC.AGGT.C.	:	138	
vtaA23	:	CG.G.....T.TA---.CA.CG..GGTACAA.GG.A.CTCG.C..ATTCA..ACG..G.ACCT.G.TT.ATCTC.GAGCAAAGTAC...GCGA.T...GTA.C...T.GT.T.GCT.AA.A.-C..A.CAC.AGGT.C.	:	138	
vtaA24	:	CG.G.....T.TAG---.CA.TG..GGCAAAA.GG.A.CTCG.C..ATTCA..ACG..G.ACCT.G.TT.ATCTC.GAGCAAAGTAC...GCGA.T...GTA.C...T.GT.T.GCT.AA.A.-C..A.CAC.AGGT.C.	:	138	
vtaA25	:	CG.G.....T.TAG---.CA.T...GGC.AAA.GG.A.CTCG.C..ATTCA..ACG..G.ACCT.G.TT.ATCTC.GAGCAAAGTAC...GCGA.T...GTA.C...T.GT.T.GCT.AA.A.-C..A.CAC.AGGT.C.	:	138	
vtaA26	:	CG.G.....T.TAG---.CA.T...GGCAAAA.GG.A.CTCG.C..ATTCA..ACG..G.ACCT.G.TT.ATCTC.GAGCAAAGTAC...GCGA.T...GTA.C...T.GT.T.GCT.AA.A.-C..A.CAC.AGGT.C.	:	138	
vtaA27	:	CG.G.....T.TAG---.CA.TG..GGCAAAA.GG.A.CTCG.C..ATTCA..ACG..G.ACCT.G.TT.ATCTC.GAGCAAAGTAC...GCGA.T...GTA.C...T.GT.T.GCT.AA.A.-C..A.CAC.AGGT.C.	:	138	
vtaA28	:	CG.G.....T.TAG---.CA.T...GGCAAAA.GG.A.CTCG.C..ATTCA..ACG..G.ACCT.G.TT.ATCTC.GAGCAAAGTAC...GCGA.T...GTA.C...T.GT.T.GCT.AA.A.-C..A.CAC.AGGT.C.	:	138	
YADAF2	:	AGCTTAATAT-CTCAGCACAAAGGTGC>			

vtaA12	:	CGC.AACGGT.TGGTTTCC.T.GG.G.T.CA.GTG..GA.CGCC..AT.CA..ATG..G.A.CA.GG.A.AT.TC.TC.A..TCAAC...GCGA.T...GTA.C...T.GT.T-----AA.G.-.G.A-CAT.G.TT..G	:	135	
vtaA13	:	CG.G.....T.TAG---.CA.TG..GGCAAAA.GG.A.CTCG.C..ATTCA..ACG..G.ACCT.G.TT.ATCTC.GAGCAAAGTAC...GCGA.T...GTA.C...T.GT.T-----AA.G.-.G.A-CAT.G.TT..G	:	132	GROUP 3
vtaA29	:	CGC.AACGGT.TGGTTTCC.T.GG.G.T.CA.GTG..GA.CGCC..AT.CA..ATG..G.AGCA.GG.A.AT.TC.TC.A..TCAAC...GCGACT...GTA.C...T.GT.T-----AA.G.-.G.C-CAT.G.TT..G	:	135	
vtaA30	:	CG.G.....T.TAG---.CA.T...GGCAAAA.GG.A.CTCG.C..ATTCA..ACG..G.ACCT.G.TT.ATCTC.GAGCAAAGTAC...GCGA.T...GTA.C...T.GT.T-----AA.G.-.G.A-CAT.G.TT..G	:	132	
YADAF3	:	AATGGTAGCCAGTTGTAT-----AATGT-TGC>			

	*	160	*	180	*	200	*	220	*	240	*	260	*	280	
vtaA1	:	TTAATCAATTATCAAGAGAT-ATTG-----TTAATGCAAGAGCGGGTATTGCTTCTGCTGGGCGATGGCTAATTTGCCACAAATTTCTTTACCAGGTAAAAGTGTATTTCTGTTTCTAATGCACAATATCGC												: 268	
vtaA2	:	-----GTCGTGTTGATG-----TA-----T-----												: 280	
vtaA3	:	-----A-----												: 268	
vtaA4	:	-----GTCGTGTTGATG-----T-----												: 280	
vtaA5	:	-----GTCGTGTTGATG-----G-----												: 280	
vtaA6	:	-----GTCGTGTTGATG-----												: 280	
vtaA7	:	-----GTCGTGTTGATG-----T-----												: 280	GROUP 1
vtaA8	:	-----GTCGTGTTGATG-----G-----												: 280	
vtaA9	:	-----GTCGTGTTGATG-----												: 280	
vtaA14	:	-----GTCGTGTTGATG-----G-----												: 280	
vtaA15	:	-----GTCGTGTTGATG-----												: 280	
vtaA16	:	-----GTCGTGTTGATG-----G-----												: 280	

vtaA10	:	.A.GGG.G..AT...CA.T.AG..CAACCGTAATAATAAAGC.CTGC.T.....AGG.T..AAC..CGCA..AGG..A.....GG...A.C.C.....GTCAATG...G.A.CA..AGCG.GGACT.TCAAA														: 280	
vtaA11	:	.A.GGG.G..AT...CA.T.AG..CAACCGTAATAATAAAGC.CTGC.T.....AGG.T..AAC..CGCA..AGG..A.....GG...A.C.C.....GTCAATG...G.A.CA..AGCG.GGACT.TCAAA														: 280	
vtaA17	:	.A.GGG.G..AT...CA.T.AG..CAACCGTAATAATAAAGC.CTGC.T.....AGG.T..AAC..CGCA..AGG..A.....GG...A.A.C.T.....TCAATGG..G.G..A..AGCG.GGACT.TCAAA														: 280	
vtaA18	:	.A.GGG.G..AT...CA.T.AG..C.ACCGTAATAATAAAGC.CTGC.T.....AGG.T..AAC..CGCA..AGG..A.....GG...A.C.C.....GTCAATG...G.A.CA..AGCG.GGACT.TCAAA														: 280	
vtaA19	:	.A.GGG.G..AT...CA.T.AG..CAACCGTAATAATAAAGC.CTGC.T.....AGG.T..AAC..CGCA..AGG..A.....GG...A.C.C.....GTCAATG...G.A.CA..AGCG.GGACT.TCAAA														: 280	
vtaA20	:	.A.GGG.G..AT...CA.T.AG..CAACCGTAATAATAAAGC.CTGC.T.....AGG.T..AAC..CGCA..AGG..A.....GG...A.C.C.....GTCAATG...G.A.CA..AGCG.GGACT.TCAAA														: 280	
vtaA21	:	.A.GGG.G..AT...CA.T.AG..CAACCGTAATAATAAAGC.CTGC.T.....AGG.T..AAC..CGCA..AGG..A.....GG...A.A.C.T.....TCAATGG..G.G..A..AGCG.GGACT.TCAAA														: 280	GROUP 2
vtaA22	:	.A.GGG.G..AT...CA.T.AG..CAACCGTAATAATAAAGC.CTGC.T.....AGG.T..AAC..CGCA..AGG..A.....GG...A.C.C.....TCAATGG..G.G..A..AGCG.GGACT.TCAAA														: 280	
vtaA23	:	.A.GGG.G..AT...CA.T.AG..CAACCGTAATAATAAAGC.CTGC.T.....AGG.T..AAC..CGCA..AGG..A.....GG...A.C.C.....GTCAATG...G.A.CA..AGCG.GGACT.TCAAA														: 280	
vtaA24	:	.A.GGG.G..AT...CA.T.AG..CAACCGTAATAATAAAGC.CTGC.T.....AGG.T..AAC..CGCA..AGG..A.....GG...A.C.C.....GTCAATG...G.A.CA..AGCG.GGACT.TCAAA														: 280	
vtaA25	:	.A.GGG.G..AT...CA.T.AG..CAACCGTAATAATAAAGC.CTGC.T.....AGG.T..AAC..CGCA..AGG..A.....GG...A.A.C.T.....TCAATGG..G.G..A..AGCG.GGACT.TCAAA														: 280	
vtaA26	:	.A.GGG.G..AT...CA.T.AG..CAACCGTCAAAATAAAG.GCTTC.T..A.....AGG.T..AAC..CGCA..AGG..A.....GG...A.A.C.T.....TCAATGG..G.G..A..AGCG.GGACT.TCAAA														: 280	
vtaA27	:	.A.GGG.G..AT...CA.T.AG..CAACCGTAATAATAAAGC.CTGC.T.....AGG.T..AAC..CGCA..AGG..A.....GG...A.A.C.T.....TCAATGG..G.G..A..AGCG.GGACT.TCAAA														: 280	
vtaA28	:	.A.GGG.G..AT...CA.T.AG..CAACCGTAATAATAAAGC.CTGC.T.....AGG.T..AAC..CGCA..AGG..A.....GG...A.C.C.T.....TCAATGG..G.G..A..AGCG.GGACT.TCAAA														: 280	

vtaA12	:	----G.G.AGT.AG....GA.--.GGCGTCAA-----CTTC.T.....G.AA.AAC...T...AGC...A.T.....G.GA.....CA.AT.GGG..C.GG..T..GTACT.TCGAG														: 262	
vtaA13	:	----G.G.AGT.AG....GA.--.GGCGTCAA-----CTTC.T.....G.....G.AA.AAC...T...AGC...A.T.....G.GA.....CA.AT.GGG..C.GG..T..GTACT.TCGAG														: 259	GROUP 3
vtaA29	:	----G.G.AGT.AG....CGA.--.GTCGTCAA-----CTTC.T.....G.AA.AAC...T...AGC...A.T.....G.GA.....CA.AT.GGG..C.GG..T..GTACT.TCGAG														: 262	
vtaA30	:	----G.G.AGT.AG....GA.--.GGCGTCAA-----CTTC.T.....G.AA.AAC...T...AGC...A.T.....G.GA.....CA.AT.GGG..C.GG..T..GTACT.TCGAG														: 259	



**FIGURE S1.** Multiple alignments of A) 5'-end (coding for the extended signal peptide) and B) 3'- end (coding for the translocator domains) of all *vtaA* genes sequenced. Primers used to amplify these genes are in shaded boxes at the bottom of the alignments.