

Fig. S1

1 TACGTAACGCGTAAAGAGTTCAACGAGTACAAAGACTCAAACGACCAACGACTTACAAAG
61 ATTGAAAATAAGGTCGATAAGCTTGAAATTTAAAGTTGATAAGCTAGAGAAGAAAGTCGAT
121 AAGCTGGAAGTTAAGGTTGATAAACTAGTCGAAACTGTTAATGCTCAAGGAGAAGATCTT
181 AACAACTTCAAAGTTGAAGTGAGAGGAACACTTCAAAGCCAAGGCGAAACCCGCAATTA
241 ATTTTGC AAACGCTACAAGGCATGAGTAAGCGGCTTGATTCTGTTGAAGGACGTTTAGAC
301 TCTATGGATGGTCGTCGATTCAATGGAAACTCGTTTGGACAAAATCGATCCGCTAAAA
361 TAGTCTTAGGCTAAATAACAAAAGTGCCAGCAATTAATCTATAAAGGTTAGTCGCTGGTAT
421 TTTTCAATTTATTTGAAATAAAATAAAAAAGCCATCCTATCAAGGAGAAAGACAGACAGCTAA
481 TGAATTGAAATCAATTACTTAAATTAATAATTTCCAAGTAAATGAAGAGATTAATATCTGAT
541 GAATAGCCTTCTGTATTATTAGCAAAGGTACTTTAAAAATTTGTTACACTTTTTTCTACTA
601 ACATCATCTTTGCTTTTAAATGAAAAGCTAAGTGAAGCGCTAAACTCAATTCACCTCTAAA
661 TTTCTTGTAATTTCTTTTCCATTAACTTTAATTTTTTCTTCTTTAGTAAAGAAATTTTTCT
721 GTAGTAAATTTGTTTTCTGGATCAGAAATTAGATTTAATTTTAGGGAAAAGATCAAAAATA
781 TGCCTTGTACCCTTTCTTAGCAGTGAATCACCTGAAGAATAATCTCCAAACCAATTTAAAG
841 GTATAGCTCAACTTAGCTTCAATTGACAAAATCCTTAAAACTTTGGTATGTCATCTGGAAA
901 TATTCAACTTTTCGCTCCATCGTAAAAGGATCCTTGCTTGCGGGATAAAATACATCGTCA
961 AAATCAAAATCTGGAATACCTAATTCGCCCCTTTTCCGCACCTTTGTTTTTCAGGCGTCTAAC
1021 AACAAATTTTGTGTATCTTTTCGATTAACTTTGTAAAGACTTCTTTAGAGAAGTTATCATG
1081 TTTTTTTTGCCTTCTGTAGTTTTTAATGCTTTTATACACATCAATGTCTTTACCGGTGGCT
1141 TCTTTAATAAGATTTCTAAGATCTGCTTGGATACCAGTACAGGCGCTTAAAACTGTTCCA
1201 CATAACAAAAATAAAGAACC AAAGGAAACCTTTGACAAAACTTCTTTTTGCGCATCAAC
1261 AGTAAAAATAACTCTTTAATTTTGCCTTTTTTTGTAAAAAGCCTTTTTGGGATAAGAACTT
1321 GAATTTGGAATTTTCGGGTTGAACATTAATTA AAAACACTGAAATTTCCAATCATTTATTAAC
1381 AACATCTACTGATAAAGTTTTGATCTGAGTAGTTCTAATAAATGCTAATTTGTTGGCAT
1441 TTTTATTCATTTAATGCTTTCTAAAACTTTTTTGC AATTTTGTGGCACTTCTCAATAAG
1501 TCGGTCAATTTATTTAGTGAAGAGCAAATGCAAATCTTTAATTTTTTGAATTGATCAGC
1561 AAAGCGTCTGATCCCTGTTGGCAACCGAGTTGCAAGTGTAGTTATTTTTTAAAAAATCA
1621 AAAGAAAAAGAAAGGAACATTTAAACATGAAAAAAGTTAAAGCATTAAGGAATCTTTTT
1681 CTAGAAAAAGCCAATGAAAACTTTAATACCCCAAATTTGCTTCAATGGTAGCTTACTTTT
1741 GATCCAAAGGAAGACGGTACTTTGTGAATTCATTATGAAAAATAAAACTGTAATGAAGTT
1801 GCTGACACTGAGATAACAAATAAGGAAAAGCCTTTAGGCACCTGAAAAGAGTTAGTTAACT
1861 TTTTGGTCTAAAAAGACATAAAATTTACCAACGGTAAGTGTAAAACTTGTCTGTTGGTATT
1921 TTTATTTCCCCACGCTCACCAGTTTTAGTACCGGTTCAACCTCGCGGGTCCGGTGCTC
1981 GACCAGTGTGTGATTATGTGCCCTGGATTGGGAATGGGCACAGGTATGGGAATAACCAC
2041 CGGGGCTGGATGATATAACCGCGCTTAAAACCGGCGCGGGTCTCCAGCGGAATAGT
2101 ACGAACACAAGTGGTTTCGCGTTCCCTTTCTCCCGAGTTCTCGAATGTTCGCGGTTGGCCTC
2161 AAAGCGAATGTCCAGGGCACCTGGGTGGCAGTACAGACGACACTACGGGAAAAGATAAT
2221 CCCAAATGACCCACCCTCGACCCAGCCAACCTCCAGCTCTGAACGGGGGCGGGGTGAAGG
2281 AATGATAAGGCTTCAAACAAAAGTGACGAAAACACACCACCTTTAAAAGCGCTACG
2341 GGCAGTGGCCAGCAGGGTGGTCTACAACGGGTGGTTCAGCGGGCAATCCCGGCTCGTTA
2401 AAGCAGGATAAGATTAGTAAATCAGGTCAGAACTTAACCACGCAGGACGGCGCGCCCCAG
2461 TCTAATTCGACGACGGAATCCGCGTCGAATTTATGATCACCTCCCCCAACCTCACCCCCA
2521 CATCCGATTTACCGAACGCGCTGTCATTCACCAACAAGAACAACGCGCAGCGCGCCAGC
2581 TCTTCTCCGCGGCTTGTGTTGGGCAGCATCCCGGTGTTGGTGAATCGAAGTGGGTGATG
2641 ATTTCAAACAAATTTCAAAGCCACCGACCAAAAATGGTCTTACACCGACTTAAAGTCGGACC
2701 AAACCAAGCTCAACCTCCCCGCTTATGGTGAAGTGAATGGGTTGTTGAATCCGGCGTTGG
2761 TGGAAACCTATTTTTGGGACGACGCGAGCGGGTGGCTCGGGTCCAACACGACCAGTTTAC
2821 CCGGTATCGGTTTTAAAAATTTCCGAAACAAAATAATGATTCTGAAGGCTGTGCTGATCACC
2881 CCGGGTTGGCTTGAACGCCGCAAGACGTTGGTAACCTCGTTGTGTCAGTGGTACCAGCTTGA
2941 GCTTCCAGTTGGGCGGGTGGCTGGTCACTTTCACGGACTTTTGTCAAACCCCGCGCGGGTT
3001 ACCTCGGGCTCCAGTTAACGGGCTTGGATGCAAGTGTATGCGACGACGCGCGCCCTCATTT
3061 GGGCAAGCAGCCCTGAGCGGCTTTTCGTGGCAGTTGGGTCAACCGCTTGGGCCGGGTCCG
3121 AGAGTGTGTGGGATTTAAAGGGGGTGTGACAAGATCAAGCTCAGGCGGCCGCGCAAGCAG
3181 CTACCACCACCGCCGAACAGGGGACGCCCTTACCGGAGCACCCCAATGCCCTCGCGTACC

3241 AAATTAGCTCCACCGACAAGGATTTCGTACAAGGCTTCCACTCAAAGCTCCGGTCAAACCA
3301 ATTCCCAAAACACCTCCCCCTACCTCCATTTGATTAAACCTAAGAAAAGTCGAAAAACACGA
3361 CCCAACTCGACCAGGGCTTAAAAACCTGTTGGACCCCAACCAGGTTTCGCACCAAGCTGCG
3421 CCAAAGCTTTGGTACAGACCAATTCACCCAAGCCAAACCCCAATCCCTCAAAAAACCAC
3481 ACCGGTGTGGGACGAATAGTGGTAACATTGGCAGTGTGCTTAGTGGTGGGGGTGCTGG
3541 AGGAGCAGACAGCACCAATTCGGTGGACCTCTCCCCGTTGAACGGGTGAGTGGGTGGCT
3601 TGTGGGGCAATTACCCAGTGGGGTGGGGGGAATAGTAGTGAGGATATTAAGTGTGCA
3661 AGACACTCCATTTATGATCTGTATTCATTAGTATATTCCTTTTAAATTTGTTCCCTCACT
3721 TTATTCATATGAACCACCGCTCCCTCGCGACGGGACTCACCGTAGTGGGACACTTACA
3781 AGTACCACCACGACGCTCAAGCGCCAGCAATTTAGCTACACCCGCTGACGAGGTGCGG
3841 CTGCGCCACACCAATGCCATCAACCCGCGCTTAACCCCGTGAACGTATCGTAACACGAGC
3901 TTTTCGTCCCTCCCCCTCACGGGTGAAAACCCCGGGCGTGGGCTTAGTGCAGCAAC
3961 ACCGCCAAGGGCATCACTGCCGGCAGTGGCAGTCAACAAACCACGTATGATCCCACCCGA
4021 ACCGAAGCGGCTTTGACCACCGCCACCACCTTTGCGTTACGCCGATACGACCTCGCCGGG
4081 CGTTGTACGACCTCGACTTTTCGAAGTTAAACCCGCAAACGCCACGCGGACCAAACCG
4141 GGCAGATCACCTTTAACCCCTTTGGCGGCTTTGGTTTGTAGTGGGGTGCACCCCAACAGT
4201 GAAACGAGGTCAAAAAAAGGTCCCGTCGAGGTGGCGCAAGACCCCTCCAATCCCTACC
4261 GTTTTGCCGTTTTTACTCGTCCCGCGCAGCGTGGTGTACTATGAGCAGTTGCAAAGGGGT
4321 TGGGCTTACCACAGCAGCGAACCAGAAATGGTCAAAATACCTCCACCACCGGGCAATGT
4381 TTGGCTTGAAGGTGAAGAACGCCGAGGCGGACACCGCAAGAGCAATGAAAACTCCAGG
4441 GCGCTGAGGCCACTGGTTCTTCAACCACATCTGGATCTGGCCAATCCACCCAACGTGGGG
4501 TTCGTACAGGGACACCAAAGTCAAGGCGTTGCAGGTGGCGGTGAAAAAGAAATCGGACTC
4561 GGAGGACAATGGTACAGATCGAACTTGAACCAACAACCTCGCCAACGCCCCGATTTAAACG
4621 GGGCTCCAATAACAACCAGCAAGTCCAACCTCAAGGCGGACGATTTTGGTACTGCCCTTC
4681 CAGTTCGGGATCAGGCACCCAAGATGGCACCCCAACCCCTGAACGCGGTGGTTAACGAC
4741 TGAGCAAATTCACAACGACCCCGCAAATTCGCCGCTCGATCCTCATTCTGTACGATGC
4801 GCCTTATGCGCGCAACCGTACCGTCATTGACCGGTTGATCACTTGGATCCCAAGGTGAT
4861 GGTGGATAAATTACTGTTAAACAATTTTTTTAGAAAAAGGCAGTTTTTTGAAGTTTTTAATTT
4921 GTAATAATTTCAATTTTTTAAAAATGCCAAATCCTGTTAGATTTGTTTACCCTGTTGATTTG
4981 AGAAGCCCTGAAGAAATTTTTGAACATGGCTTTTCAACTTTAGGTGATGTGAGAAATTTT
5041 TTTGAACACATTTCTCTCCACTAATTTTTGGTGAAGCTAATTTTTTCCACTTCAGAAACA
5101 CCCACAGCAGCTATTTCGCTTCTTTGGTAGCTGGTTACGGGAATATGTACCAGAGCACCCC
5161 AGAAGGGCTTACTTTATATGAAATTCGTGCCGACCAACACTTTTTACAATGCCCGCGCCACT
5221 GGGGAGAACTTGTTAGATTTAATGCGTCAAAGACAAGTAGTATTTGACTCTGGTGATCGA
5281 GAAATGGCACAAATGGGAATTAGAGCTTTACGCACCTTCCCTTTCGCTATCAACGTGAATGG
5341 TTTACCGATGGTCCAATTCAGCAGCTAATGTCCGTAGTGTGACTAGTAGATGCTGTT
5401 CCCGTTGAACCTGGTCACTGCTCACCACCCGGCTGGTTCGTTGTAGAGACTACTAGAATT
5461 AATGAACCGGAAATGCACAACCTCATTATCAAGAGCTGCAAACCAAGCCAATGATCAA
5521 CCATGATTGCCAACACCAGGAATAGCTACTCCTGTACATTTATCAATTCCCAAGCAGCT
5581 TCCGTTGCTGATGTTTTCGGAAGTACTTCCGCTTCGCTATCGTTTTGCGTGCCCTGATTGA
5641 AGTCCACCTTCTAGTAATGGTGAATAATCCGCTAGACAAATGCATTGCGGAAAAGATTGAT
5701 AACTATAACCTACAATCCTTACCACAGTACGCTAGCAGTGTAAAGGAACTGGAAGATACA
5761 CCAGTATACCTAAGGGGAATTAACCGCAAAAAACCTTTATGTTACAAGCAGATCCGCAA
5821 AATAACAATGCTTTTTTGGTTCGAAGTAAACCCCAAACAAAAGTCCAGCTTTCCCAAACC
5881 ATCTTCTTTTTGGGATGTTTATCAACGAAATTTGTCTCAAGGATTTAACTGGTGCACAAATC
5941 AGTCTTTTCGCTTACTGCCCTTTACTACTCAGTATGCTGGTCAAGTCAAAGTGCACCTTAGT
6001 GTTAGCGCGTTAATGCCGTGAACCAAAAGTGAATAATGACACCGCAAGACAGTGAATA
6061 ACTCAGTTTTCGGGTCTCCTCTGAACGTTTAGGTCAAACCTGAAAAATGGCTTGTCTGAAAT
6121 ACCAAGAGTGGTGGTTTCAACACAGCATTTGTATGTATGCTCCTTTGAAAAATCCCACTAGT
6181 GATTTGGAAGAATTACAAATAATTTGTGATGAATGTACTACCCATGCGCAGTTTTGTTACT
6241 ATGCGTGCAGCTAGCACCTTCTTTGTTGATGTTTACGCTAGGCTGGTATTGAAGGGGTTAT
6301 TACTATAACCCACAATTAAGTGGTTGATCTTATCAGATGAAAAACCCAGATGGACAGATA
6361 TTCATATGATCAAAAACTTCGAAAACTTCCCTTGTCCAGGACAACCAAAACGTGTTCTTT
6421 CTCCATAATAAACTCAACAAAACAACTGGTTACAGCTGGGATTGAGTAGAATGGCTAAAA
6481 CATGACATGAATGAGGACAAAGACGAAAACTTTTAAATGGTACTTTTTCGCGTGATGACCTT
6541 ACCATTCCTTCCGTTGAAGGGCTTAACTTCCGCCACATTCGCTGTTACGCTGACAACCAG
6601 CAGTTAAAGGTGATCATAAGCGGTTACGTTGGGGCGGTTGGTACTCCACTTACGATAAA

6661 GTTCAAAGTAATGTCGAAGATAAGATTTTTGGTCAAAGATGGTTTTGATCGCTTTTAGCGA
6721 TTAAGCTTTAACGTCACGTGTTTTGCTCTAATGTTAGAAAGCAAAGATCTTGTGACAAACT
6781 CGTTGCGCTTGGCGTAACGACGTACTACTAAATAAGTTACAGCACCAGCAGCTACTACAC
6841 TAGCTATAGCAGCCACAGTTAAACCAGCTACCAACGGATCTACGTGGGTTAAGAAAGTTGA
6901 AACTGCCACCATTTGCATTCAATTC AACGGTAAAGCCATCTAGTGATCTTTCACCTTGAA
6961 CTAGTTGTTGGCTAGACAAATGAGCGTGGTTTTGAAGAGGTCAAATGAACCATTAGCACCAA
7021 CTTGGTTTTTCGTACTTAACTTGTAAAGAACTCCTTCAATTTGCTTTTGGGAGGTACTTTGAA
7081 TTGGTGCATAAGCATCATTAATAAAATGAGCTGTCCGGTAAACAATGCCCTACAATCATGT
7141 TGTACTCATAACGGATTGAGTCCAGAGAAAACAAACACAAGTGTTTTTCTGCTCCTTATTAT
7201 TTCCCACACTTCTATTTTTCTATTTTTGTAAAGAAATATCAACCGTAGTGCTTTGGTTTTGGGT
7261 TGAATGCATTTCTAGTTAAGGCAATTTCTAGATTACCACCTTCCAGCATTATTTGTCAGTTT
7321 GGGCACCGCCATCATTACCATAACTGTGTAAAGATTGTGCTTCCCTGTGCCAATTTGTTGA
7381 CATCATTTTTGGGTCATTTCAAACCTAAAGAGCCATTTTTGTTCAAGCGAGAAGTCGGCTTTTA
7441 AGTCTAGCTTGATGCCATCCTTTTTCAACATCAAACCTTAAATTTCTGCTCCTTTAAGAAAACCT
7501 TCTTGTTAGTTAGTCTCTCTACATAACCAACCACCGCACCTAGCAGCTTGACTTAAAA
7561 CACCACGTTTTAGAACTCTCGTTGGACTTCAAGAAGTGCGCTACGATCTCTCTGTTTTTGG
7621 TTGAAAGAGAAGTGGTTGTTTTGGAAGAAGTTTTGCGGTAATTTTTCCCTTCAATCAC TAG
7681 TGTGAAATACAGTTTTAGATTTTTGTCTTGTGCTTGAATTACAGCGTCCCTTGAGGCATTAT
7741 CGACGTATATACCGTTGTTGTGCGAACCTAAGTGCATCGAGTGAGTAGAACTTATCCTTTG
7801 TTTCAAAACGGATAAATGTAAGTACTTTGCGCGTCTTGTCTAAACCTTCTAGGTAATAGA
7861 AATAGTTTTCTAGGTTAGCAATACGACGTTGGTTACCAAGGTTGTTAGCGTTAGTTACAT
7921 CTACTACCACATAGAAGTGACCAATTTGCTTTTCAATTTCCGTTCAAGTTAATATTGTTCTTAG
7981 TTTGAAAGTTTTGTCAGTGCAGTTTTGAGTTGAGTATCTTTAGTATCAGTGCTGCCTAAAA
8041 CATCTTGAACTTTTGCGTACGTTATCAAAGTCGAGGTTAGTGCTAATACCCTTGCCTGGTAA
8101 GGTAAATCGTTAATGCTCTTGTGAAACTCTTGTCTCATCAATTTACGTAACCTGATCATTTTT
8161 GTGCTTTTTCAAACAATACTTCTTGTCTGTAAGTTTTGCCCGTTCTCAACTAGCACTTTTGGA
8221 AATCTCTTCTTTCAGTTAATATCTGAAGACTAGCTTGTGTTGCTTCTTCTTAAAGTAGTGTT
8281 TTAGCTACAGATAACAACCTTATCTTCTTTCACCTTCCAAGCGATCAAGGAAGTCATTATCA
8341 CGTCAGCCACCATCTGAAAACCAATTGCAATTAACAATAAATTTAGCTTTGTTTTTCGTTT
8401 GCTAAAGCATTTAGCTTGGTCTTCTATTGTTTTTCAATTTGCTAAGAACTGGAAGTTTTGTCC
8461 ATCCCACACTTTAACTTCCCTTAGTTACTTTTTTGTCTTAGGGTAAACGTTAGCGTAAATGGC
8521 CATGGAAAAGTAAGAAGCTACTAACTTTAAGAATTGATCTCAGTCCCTTCGGTTCTTGGTT
8581 TAAATTAAGACCTAATTCCTTATTTGCTTCTTGATAACCACTTAACTCAACCGGTTGAGTT
8641 AATTTGGAGTACTTACTTTTATTTGGTATCTTTATCTAGGCTACTAATGTATTTCTTTTACCTT
8701 TAGGTAATCAACTTGCCTTGTTTTTAATTTGCGTTAAAACGCTGTTAATGCCAGCTTTTTTC
8761 ACTTTTCGTTACTTTTTGCTCTCTAAACGTTGTTCTAAATCCTTTACTTGTTCAGAAAGGTT
8821 GTAAACGTTAGTGATTGCATTAACAAAACTGGATTTAAAACAAAATCTAAGGTAGGTGC
8881 TTGAGTTAAAACACCGTTTTCTAGTTGAAATTTAGATTAGCGTTTTGTTTTAGGGATCAACAG
8941 CTTATCTAAGTTAAAGTTTTTTGTAACGGACAAAACCTAAAGCTTTGGTTTTGTAGTTTTGTA
9001 ATTTCTGTTTTCAAACCTAAAGTTAGTTCCAGTGGTGTAGTGTCATCACCTCTTTTAC
9061 TGCACCTACCTAACCCAACATTTAGAGTTTTATCCTTTCGCTACGTATGCTTTAAGTTGACT
9121 TTTAGCTGCACCTTTGATAGTTGGCCTGTGTACTCTTAGCGTTAGCAATAAAGTCAGCTGT
9181 TTTTATCGATTGCTGCTGACCATTGCTGTCCGGTGTAAAAAGCTTGGTTCAAGGATCTAA
9241 CTTAAACAAAAGAAAGTAATGCCGTGATTAGTAAAGCTCTTTAAAGGACGGTTCGGAATAATG
9301 AATTTGTTGCAGGGTAATCTAATGGATCACGTTTAGCACCTAAGAAAAGTGGTTTTCAAAGTT
9361 TACGTTAGGTTTTTCAATGAAGTTACGATCTTTGTTTTGCAAGTCACTAGTTTTCTAGTAGT
9421 TGTA AAAACAGATTGACGGAACCATAAGAATACTCCTTTCTCTGAGTGGAGGTTGTTGAC
9481 GTTTTGTAAACAGTTTTTCTTTAATGCTTACCCCAAACGGTTTTTGGAAAGTTTTCGTTTTGTTGC
9541 TGGGTCAGATTTTTTTTTAAATCTGCTTACGCGTGAAGTTACCCCTTTCAATGAGCCTAT
9601 CTTTTGGTGGGCAAAGTCAAGGTCAAACCAAGCAGTTTCTCTCCATCGATCATCAATGGT
9661 TCCAGCTTTTTTTTTGACCCCGGTAGTGGGTTTTTGTAAACTTTGAACCTTATCATACCCCTGC
9721 TCGGTATTTTTGTTTCATGTGCGAAACGGCGATTTCCAACCGTTATTTAATTAACAGTGCCAC
9781 TAAACCAAACCTCATATCTGACTTAGTTTTAGATGTTTACTTCTTTTTATTTCCGGAAACTT
9841 GTTACTTAATTTAGAAAAGGAAGATCCACCAACAAGCCAACCAAACAGCGAGTCCAGC
9901 ACACAACAGCAACGAATAAATTTTCGTAAACGTTTTATCCTCATACGTGTAATTTTATAACA
9961 AAAAAACGCCCTTTGGGGAACGTTTTTAAACAAGTTTAAATTTAGTCAATTTTTATTGAA
10021 TATTAATCTTTCATTTATTTAATGCTTAAAGATTAATTAACTTTTGCACTTGTCTAAGAA

10081 GTCCATTTTGGACAAAGAAAAATCCCAAAAGGATGGCAATAAAGCTCACGCTTTTGGGATC
10141 TTCCTTGTGGTTTAAACCATTTTTTTTAGCTAAGTCTACTTAACTTTTCTTGCTTTGAGCA
10201 TTTGTTCTCAGAAGTGCTTACGACTCTTACGTCAGCGGTGTAAGACAACCCACTAGCTA
10261 TTATTGTTGAAAGTAATGCAGCACTACCAGTAAAAGTAAATGCTATTTAATGGTCAGTTAA
10321 TCTTATTGATGCTTCTTTTATTGAAAATGTTTTTGTGTAGATCAAAGGTGAAGTTATCAA
10381 TTTGTTTTTGGTTATTTGCCAATTGTACCTTGGTCAATAAAGGTAGTTGACCAGTCTTAA
10441 TTGGTGCCTGGTATTTGTGTTCTAAAACGGTTTTGAGCTGCTTTCTAAAATCTGTTTTGCA
10501 ATGGAGCGTAGGCATTCCTAATAAAGGAGCTGTCGGTAAACAACAGACTAACAACTGTGT
10561 TGTATTCGAAGTTGTTTTAGGTTAGAGAAGTCAAACACCAAGTTTTTCTGCTCTCTAACCG
10621 TACCATCCTTGTAGTTTTGGATTTCTTGGTAACAATCCAGTAAGGCAGTTTAAATAACGG
10681 TACTTTGTTCAAGGTTGGTGGTTAAAGTAATCTTGAAGATGTTTTTGTCTGATTCTGGAT
10741 CATCACCTTTTTCTTCTGAAACCAAGACATTTGTAACCTTAGCTTCTTCTACAATTTGGT
10801 TAAATTACACTTGGGTCTTTAACCTCTAAAATTACCCTTCTTGTCTAAGGTAAAAGTTGATG
10861 TTAACCGTAGCTTTAAATTTATTTTTGTCTTCCCTTATTAAAGCTCACCCTTTCTTTAAAA
10921 AGAGCTTTTTTACCAGTCATTCGCTCAACATAGCCTAAGATCGAACCACTGACATTTTTCAC
10981 TCAAAAAACCCCTCATCATTCTCAGCGTTAGGTGTAGATAGTTTAGCTGAATTTGTCAGCAC
11041 TTGCTGTAGGCAAAGTAAGTTCAGCGTTGGTGAGGTTAGCCTTCAAAGCAGCGTTCCAGT
11101 TATGAGTATCGAGATAAAGGTTTTGGTTTTGCTTGGCTTGGATAAATGCATCCTTGGACA
11161 CATTTTTTACATAAAGGCCACGACTATCAACCGCTAGTGATTTCGAGTGAATACAGCTTTT
11221 GTTTTTTTTCAAAGCGCACTAAGTACGAACTTTTGTGCTCCTTTGTCCAACCTTCAATAT
11281 AGTAAAAGTAACTCTTAGCGTTATTTGCCCGGCGTTGGTTACCCAAGTCATTGGCATTAG
11341 TTACATCCACTACTACATAAAACTGACCAGTGTATGGGTTAGATCGTAGGTTTAAACCAT
11401 ACTTGTTTGCCGTACTTTGAACGCTAGCGAGCTTCCGGATCATCACTTTTTGCGGGCGTTTA
11461 ACATCGCATCAACTTTTATGAACAGCATTTACTTTTAAATTTTCAAGTTTTCAGAGATGCCTTGTA
11521 CCTTTAAATAGTTGTTAATGTCTTTTTGGAAGCGTTCGCGCTCATCGTTCAAATCAGTGC
11581 TTTGTACTACAATACTCTTGGTTTTGTGAGTTTTGTTTTGTCCAGCTAGCTTGTTTAAAGT
11641 TTTGTGCGTAATGGTACTTATAAGAAAATTTTCGTTGGCTGCTTTTTTCTATTTTGTAGCAT
11701 CACCGTTAGCAATTTTAGTTTTACTACTCTTAGGGTTAGAGCTACCTTATTGATAAAAAC
11761 TAGCATCACGTAAACCGCTTTCATCTTGA AAAACCAATGGCGCTTACAGCAATCTCAGCGC
11821 GGTTTTTCAATTTGCTAGTTGTTCTGATTTTTTTTTCAGTGTTTTTCAATCGGGATGAACCAA
11881 ACTTAGCACCATCCCAAACCTTCAATCCGCTTTTCCCTTTGCGCGTTTTAAATTTGACGTTAG
11941 CAAAAATGTCCTTAGAGAAGTAAGAAGCAATTAAGCTGGAAAGTTGTGTTTCAAGTATTAA
12001 CATCATCGTTCAAGTTTAAACCAAACCTCTTTTTTTAGCATCAGCATAACCATTTGTGCAGTAT
12061 TTTTACCCTTGGATTCAATACTACCTGGATTTTTGGCTTCAATTTTTTCAAGCTTGCCAAATA
12121 AATCAGCTACTTGAATGTAGTCAACTTCCCTTATTTTTTGAATTTGTTCTATAACCTTATTGA
12181 TTGCTGCTTTTGTCACTTTTCAATTTGTAAGGTTGATCAGACTTTTAAATGCTCCTTTAAATCAA
12241 GTGTTTTGCGCAAAACAGATTGTGAATGTTGACAAATGGCGTTTTGTCAAAAACGGGGTTAAAGT
12301 CAAAGGACAGTGTGGTTGTTTGAACAAAACACCAATCTTAAATGCCGTAGCATCCTCGT
12361 TGGTTTTTGGCACTAGTAACTTATCGAGCTTAAAGTTATTGTAAGTGTCAATGCTAAAGG
12421 TCGAATCCTTAAAGTTTTGTACTTTTAGCTGTTGGTTGGAGGCTATATCACTCTTAGTGGTGT
12481 AAGTTTTGACGTACAGCACTACCTAAACCTAAGTCAATACTGCGAGTTTTTCTAACAAGCG
12541 TTTTAAATCTGGTTTTTTATTAACCCATTGGTAATTAGTCTTGGTACTCTTTGCTTTTTCTAA
12601 TGTAATCACTTACAGTAATTAATCTTTCCGACCGTTTTTCCCTTGTAAAACAGCTTGCCTGT
12661 AAGGTTCTAGCTTTAAAAAGAAGCGCGTGTGAGTGGTATGACTACCTCAATCAGGACTGT
12721 GCCAATTTGGAGTTACCACCTTCAGAAGTGATGTTGGTGGTAAAAGGCATTGGGGTTATTGT
12781 TGGTATCCCAAAAATCGGTAAAAAGCCACTGTTAGCCCAGCCCTTAGTACCCTTGGTGT
12841 TAAAACAGTTTTGGTTGAACAGATGAAGATTCCCTTATCTGGATCTAACCGCTCAGCAC
12901 GTAGAGAAATCTCGAGCGAATATCACCCATAAAGGTTTTTTTTATCCCAATTTCTGG
12961 GAGTTGGTTCTGGAACACGCTTGTCAATATGATAATTCATCATTTTTCCACCACCACTATGC
13021 GTTGGTTGGCATAACCCAAATCAAACCAAGCCACCCACTTTTCAAGTAATAAGGGTTACTTG
13081 CTGTCCTTTTCCGCGTTAGAGTACTTGTAAATATGTTTGGTTCCAGCTAAAAGTGAACGTTTTT
13141 TGTGCTATTTGTTCTCGTGCCGGAACGCTCAAGTGGGACCGTTATCAGTGTGTCAACCCA
13201 CTAACCAAAGCTAGCGCCAGAGTTGGTATAACCTTTTACATCTGGTAGTTACCGTTCT
13261 GAATGGAAAGCTGAGCAGTACGCTCAATTTGCTTAAAGTGTCTTCTGAGCGTAAAGGCTTT
13321 CACTAATGTAGTTATTAACGTTGTTTAAAGTAGACCTCTGCTTTTTTACCCTTATTTCACT
13381 TTAATCAAAGCGCTGGGTAATAGCTGGACTTTTACTCTTTAAGATTGAAAGCACATCGC
13441 CTTTACCCTTAAAGGTAGCGCATGTGAACGCCACCATCGCTTGATAGTGTTCATTGTTAC

13501 TTTTAAACAACGCTAGTGAATGCTGAACTTGCAACGAATCAACCAAACTTCCTAATGCAA
 13561 AACCAAAAAGTAAGAATCGGTACTGTAAACGTTTCATGCTTTATTCTAGCACTTTAAAAA
 13621 TATTTTTGACAATCCTTCTGCGCGTGTATTAAAGCAAATGCTGAACGAAATGACAAAAG
 13681 ACGCACGGTTTTGAACTCAAAAAGCTTTTTATGGCGTGGTATTTACCAAGCATTTCAATC
 13741 ATTTTACCCTCTAAATGAAGAGTTACTTTGCTCTGCTTATCTCAATATAGTTAAAGTAAT
 13801 GTGTATAAACGTAGCTAAAAATAAAAAACCAACTGAGAGCAGTTGGTTGGAATCAATAAT
 13861 TTGGCGCGCCCAATAGGACTTGAACCCATAACCTTCTGGTCCGAAGCCAGACACTCTATC
 13921 CAATTGAGCTATGGGCGCTTCTTATAGTTAATTCTATTAAATCTCTGAGAACTGCGCAAA
 13981 TCTTTATTAAAAATTAGCTGACTTCAACACAGTCGCTCTAATACATGTCAAAGGATAAAAA
 14041 AAATAAGGTTGAACAGCTTGAACCAGTAGACCTTTTTTGAGCGGACTAAGCTAGAGGACAC
 14101 CCAAGTTTTAAATGATGTTGAACTAGATGACATCAAGAAACTAGAAGAGTTGAAAAAAGA
 14161 ATTGGAACCAACCTTTTGATCCACGTACCAGAAATGAAAATTAAACGTGAAATCAAAGAGTT
 14221 GGAACGTAAACTAAGAAGGAACCGTTAGTGAATGTTTGTAAACCTCCACACTAACTCTTA
 14281 CTATAACTTCCCTCAACTCCACACTTTCCACCGCAAAAAGCTAGTTGACCTAGCTGTTCAAGA
 14341 CCAACAGGTAGCTGTTTGTTTAACCGATCCCAACTTATTTGGTGTACTACCGAGTTTTTTTTT
 14401 GGCCTGTCAAAAAGCGCACATTA AACCCCTTAATTTGGGTTGAGTGTACTGTTCGACATTA
 14461 CGAACAAAACGTTAATTTACTAGTAATTGCCCAAACCAACCGGGTTATCAGAACCATAAT
 14521 GTGCTTAGCGTTAGTTAAAGACCAACCAGATTTGCAATTAGAACCCTTTTTGGATGGTAA
 14581 TGTGGTAATTTATTTGCACACAACTGAACTGCGCCTCAACACCGCAAACCCCGTTTACTTT
 14641 AGCACATGGTTTGAGTGGTCGTTATCCTAAAAATTGCAGTAACACAAAAACCAGTTAAGTG
 14701 TCAAAACACCAATAAGGACTTAACTGCTCTTAACTTAAAGCAAAATTAGTCAAAATTAA
 14761 CAGCGAACACTTCCAGCCACTGGAATGAAAATTAAGCCGTAGTTTAAACGAAATCCAATT
 14821 GGATCCACCAATTTGTGCAACAACTCCGGCACCAACCTTTTTTTAAGCCAAAAGGCAGCACA
 14881 GCAAAATTTTAGCGAAGAGGAATTTGGGAAATCTGCAAAAAGCTAGTGGAGCAAAGTCAATG
 14941 AGATTTAACC

1...363 (363 bp)

MPN368, partial
hypothetical protein

495...1256 (762 bp)

MPN369
conserved hypothetical protein

1897...4110 (2214 bp)

MPN370
hypothetical protein

4153...4788 (636 bp)

MPN371
hypothetical protein

4942...6717(1776 bp)

MPN372
similarity to pertussin toxin subunit S1

6728...7342 (615 bp)

MPN373
hypothetical protein

8302...9060 (759 bp)

MPN374
hypothetical protein

9406...9795 (390 bp)

MPN375

hypothetical protein

10175...13597 (3423 bp)

MPN376

hypothetical protein

14024...14248 (225 bp)

MPN377

hypothetical protein

14252...14950 (699 bp)

MPN378, partial

DNA polymerase III alpha subunit

dnaE

Table S1: Primers used for transcriptional analysis of *cards*

Primer name	Primer sequence	Note	
Primer extension			
MPN372PE	GCTGTGGGTGTTTCTGAAGTGGA	444484-444507 ¹	144-167 ²
MPN372PE2	TCTCACATCACCTAAAGTTGA	444413-444433	73-93
MPN371PE	GCAAGTCCAACCTCAAGGCGGACGAT	444038-444062	126-150
MPN373PE	CCGTAGTGCTTTGGTTTGGGTTGA	446639-446662	80-103
Reverse transcription PCR			
MPN371P	GTGCCATCTTGGGTGCCTGA	444090-444109	337 bp (79-415) ³
MPN371M	GCAATGTTTGGCTTGAAGG	443773-443791	
MPN372P ⁴	TTCCACTTCAGAAACACCCACAGC	444484-444507	556 bp (144-699)
MPN372M ⁴	TCAATCAGGGCACGCAAACG	445020-445039	
MPN373P	TCAACCCAAACCAAAGCACTACGG	446639-446662	401 bp (80-480)
MPN373M	ACCAGCTACCAACGGATCTACGTGG	446262-446286	
MPN393P ⁴	ACTGGTTCTGCCCTACCTTCCGTTCC	471171-471196	456 bp (260-715)
MPN393M ⁴	CTTCGTGCATTGCTTCGTAACCTCGC	470741-470765	

¹ primer position within *M. pneumoniae* reference strain M129 genome

² primer position within corresponding gene

³ size of the amplified fragment and its position within coding region

⁴ primers used in quantitative real time RT-PCR

Chromosomal region of clinical isolate S1 used in this study, corresponding to nucleotides 439400 to 454348 of strain M129 complete genome was sequenced. The region contains identical coding regions, and only minor sequence differences were found. Sequence is provided in Fig. S1.

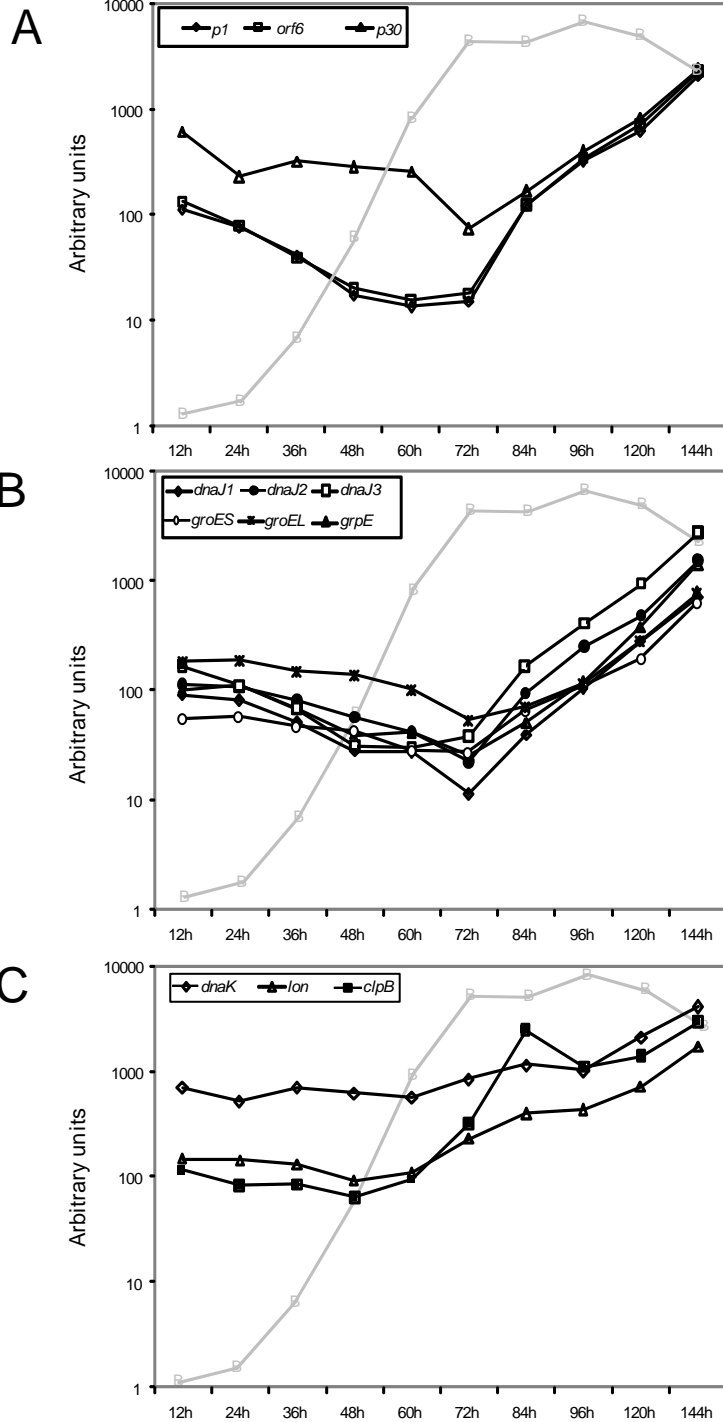
Table S2: Primers used for generating gene regions used in macroarray

Gene	Primer name	Primer sequence	Position within M129 genome	Amplicon (bp)	T _a ¹ (°C)
<i>dnaJ1</i>	MPN002P	AGCGGAGTATGACGCTATGCTGCGC	2008-2032	496 ²	60
	MPN002M	TGTTGAGTTCGTACCACATTTGTCCAGGG	2476-2504	(171-667)	
<i>dnaJ2</i>	MPN021P	TTGCCCTATGATTTAGAGATTGCG	26553-26576	477	55
	MPN021M	ATTGGCTACTACATTATGGTCAACC	27005-27029	(394-870)	
<i>dnaJ3</i>	MPN119P	AATAAGGCACCGGATGCGGC	152682-152701	590	57
	MPN119M	TAACCGTACTCAGGATTACCAATCATTGC	153243-153271	(115-704)	
<i>grpE</i>	MPN120P	TTACCGAAATTCTCAGTTCCATCCG	155345-155369	554	55
	MPN120M	CGATACCTTACCACCGTATTAGCCG	155873-155898	(23-576)	
<i>hrcA</i>	MPN124P	ACCCGACAAGCCCAAATTCTCAAGG	161746-161770	537	55
	MPN124M	GCGATCATTAAAGATCCTGACACATACC	161234-161261	(16-552)	
<i>tig</i>	MPN331P	TTGATGCCATCTTCCAGCCG	389146-389165	540	55
	MPN331M	TGATCTCTAACTGCTTAATTGCTTTGAGC	389657-389685	(224-763)	
<i>lon</i>	MPN332P	AGCGTTAGATAAGTTGTTGGAACGG	390705-390729	496	55
	MPN332M	TTTAATGTGCTCTGGATATGGG	391179-391200	(378-873)	
<i>sigA</i>	MPN352P	AAGGAGAGTGATGTACCAAAGAAGCGTCG	420002-420030	456	57
	MPN352M	GGAAGAATCGAGCGAACCTAGAAAGAAACG	419575-419604	(211-666)	
<i>cards</i>	MPN372P	TTCCACTTCAGAAACACCCACAGC	444484-444507	556	60
	MPN372M	TCAATCAGGGCACGCAAAACG	445020-445039	(144-699)	
<i>pdhB</i>	MPN392P	GCTATGGCTGGTATTGGTGTGGGTGC	470140-470165	608	60
	MPN392M	GCCGCTTCGGTAACACTACGAGCAAGC	469558-469582	(193-800)	
<i>pdhA</i>	MPN393P	ACTGGTTCTGCCCTACCTTCCGTTCC	471171-471196	456	57
	MPN393M	CTTCGTGCATTGCTTCGTAACCTCGC	470741-470765	(260-715)	
<i>nox</i>	MPN394P	TTTGGGTTGTGGAATTGCCTTGG	472774-472796	557	57
	MPN394M	GGTTAATGCCCGCTTCTTCATGG	472240-472263	(120-676)	
<i>gap</i>	MPN430P	TTAGCACACTTACTAAAGTACGACTCCGC	518687-518715	576	57
	MPN430M	AAGGGCCATACCGTTGAGCTTACC	518140-518163	(136-711)	
<i>dnaK</i>	MPN434P	CTACCGCCGCTGCATTGGCTTATGG	523137-523161	447	60
	MPN434M	AAACATCCGAAATTGGGTTGCGAGTACG	522715-522742	(464-910)	
<i>clpB</i>	MPN531P	AATTTATGAACCTTTCGTTGTCTGG	653657-653680	427	55
	MPN531M	CATTTCTACAGCAGCTACCAAGGC	653254-653277	(270-696)	
<i>groEL</i>	MPN573P	GCTGTATCTACCAATGATATTGCTGG	697070-697095	493	55
	MPN573M	TTTCCATGCTACCTTCTAGTAACGG	696603-696627	(229-721)	
<i>groES</i>	MPN574P	AGTGCCCAAGGGAAGTGTGCG	697541-697562	102	55
	MPN574M	AAAGTAGATCGTGTACCCGATGCC	697461-697484	(115-216)	
<i>eno</i>	MPN606P	AACTACGCGATGGTGTATCCC	727353-727372	556	55
	MPN606M	GCTGCCTTAATTGCTTCGACC	726817-726837	(173-728)	
<i>tuf</i>	MPN665P	TCGTTGGTTTACGTCCAATC	788573-788592	130	55
	MPN665M	TCCACTTCTTACGGTCCACA	788463-788483	(734-863)	
<i>ftsH</i>	MPN671P	GCCTACTACCAATTATTATCTTTGTCA	795873-795899	523	55
	MPN671M	TTTAAGGTTTGTTCGACCACCG	795377-795398	(533-1055)	
<i>recA</i>	MPN490P	TCGGCACTGGTGGTTTGCCACTAGG	597651-597675	517	60
	MPN490M	ATCCGCATCGAAGCGTAGAACTTCAACG	597159-597186	(152-668)	
<i>P1</i>	MPN141P	TATGATCCCACCCGAACCGAAGC	181188-181210	653	60
	MPN141M	TTGAGTTGGACGGACTGACCCG	181819-181840	(331-983)	
<i>orf6</i>	MPN142P	TCCGGGTCTAACTCCCAAGACTTCCG	186122-186146	606	60
	MPN142M	ACTGACAGGTGCTGATCTCAAGAGCG	186702-186727	(376-981)	
<i>P30</i>	MPN453P	GCAGAAGAGGATACAGTACAAATTCAGGG	553325-553353	622	60
	MPN453M	CAGGACGTGGTGGTTGCATTCC	552732-552753	(166-787)	

¹ annealing temperature used in PCR.

² size of the amplified fragment and its position within the coding region

Fig. S2



Growth phase-dependent variations in adherence (A) and heat-shock (B & C) related genes mRNA in *M. pneumoniae* SP-4 broth cultures. *M. pneumoniae* cells were grown at 37°C for 12, 24, 36, 48, 60, 72, 84, 96 and 120 h and harvested at each time interval for analysis. Experiments were repeated two times. Levels of each transcript are estimated by DNA slot blot (average value \pm SD), and mycoplasma growth (total protein) are indicated in grey lines, and expression levels are presented in arbitrary values.