A

	NIES102	NIES843	NIES1067	NIES298	NIES87	PCC7806
NIES102		0.0087	0.0193	0.0263	0.0301	0.0305
NIES843			0.0214	0.0280	0.0287	0.0294
NIES1067				0.0239	0.0294	0.0302
NIES298					0.0280	0.0228
NIES87						0.0273
PCC7806						

B

PCC7806

NIES298

NIES87

56

99

100

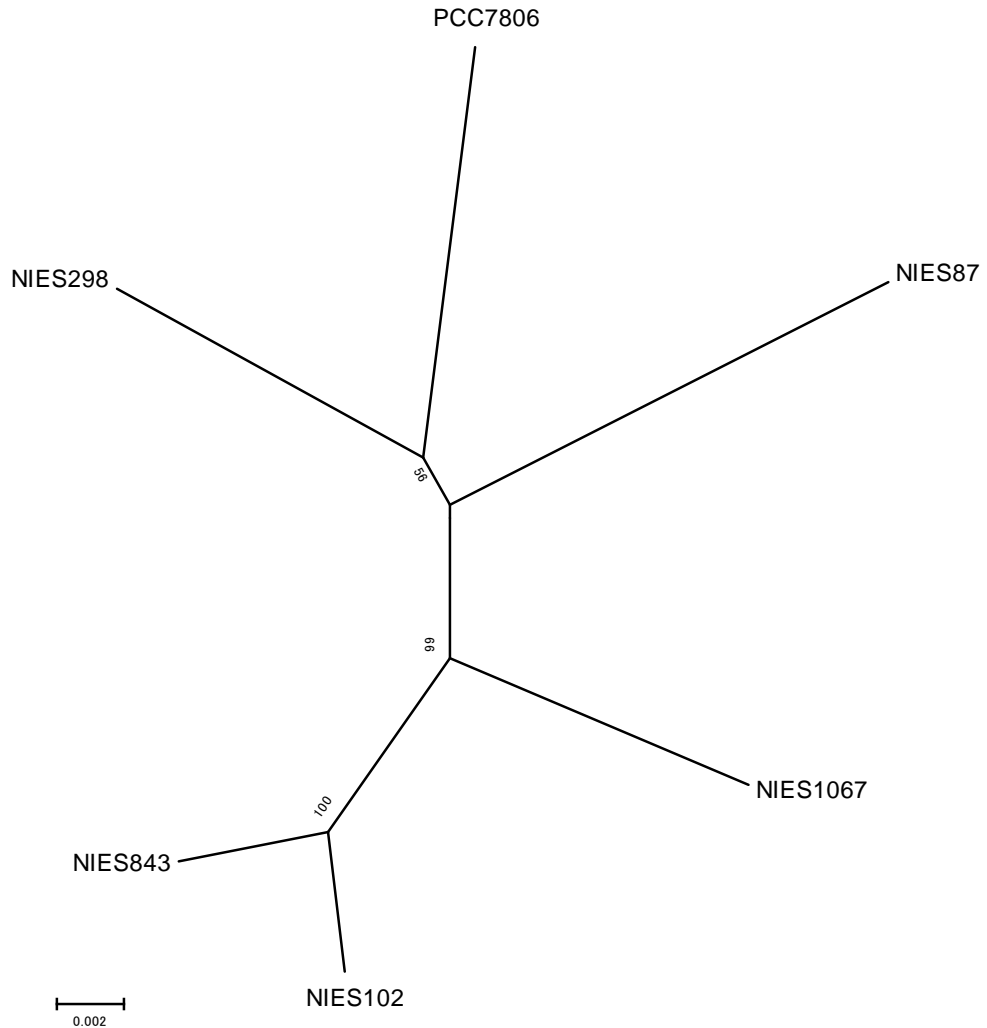NIES1067

NIES843

NIES102

0.002

Figure S1. Phylogenetic relationships among six *M. aeruginosa* strains used in this study. Pairwise evolutionary distance (A) and Neighbor-joining tree (B) of the six *M. aeruginosa* strains were calculated using MEGA 5 (1) from concatenated nucleotide sequences (2,992 b) of seven house-keeping genes (*ftsZ, glnA, gltX, gyrB, pgi, recA, tpi*) determined by (2). Sequences of the seven genes in PCC7806 were retrieved from the genomic contigs in the Genbank database.

References
(1) Tamura K, Dudley J, Nei M, and Kumar S. 2007. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. Mol. Biol. Evol. **24:**1596-1599.
(2) Tanabe Y, Kasai F, Watanabe M. 2007. Multilocus sequence typing (MLST) reveals high genetic diversity and clonal population structure of the toxic cyanobacterium *Microcystis aeruginosa*. Microbiology **153:**3695-3703.

TABLE S1. Primers used in this study

target strain/CT	primer name	sequence (5'-3')	purpose
common	MaeCRf	ATCCTTAACTATTATCTGGTGGCTGAAAAG	CRISPR amplification
	MaeCRrGT	GGTTTAAGATTAATTGGAACGT	repeat-based PCR, CRISPR amplification
	MaeCRrCA	GGTTTAAGATTAATTGGAACCA	repeat-based PCR, CRISPR amplification
	MaeCRf2	CTTATCCCGTAAGGTTTTGC	repeat-based PCR
	CRseqMaeF1	GCTTTTACCACTGGGCG	sequencing
NIES102	MaeCRrtp3	GACACGAGAAGAAAGAAAAGGTTAATCAGT	CRISPR amplification
	102seqF2	GATGCTTTATAGGGAGGAGAG	sequencing
	102seqF3	TCGATTAATCATCCTAAAGATATCGGGCAGAA	sequencing
	102seqR2	AGGGGTAATTATGGCTTCTAGAGGGT	sequencing
	31120R2	AGCCGCCGTCAGTGCCACATCTGAT	sequencing
	31110R1	TTCTACAATTTGAGTCAATTAAAGTACCTATCGG	sequencing
	MAE_CR_R3	TACCATTATTCAGCAAGCCCTAGTTAGTAAAAGTA	sequencing
NIES1067	1067R1	TCGCCGCTTACCGTACTAAAAATATCTTC	sequencing
	1067tail1	CAGATCAGTTCAATAGATAAAGAAGCAGAGATTAT	TAIL-PCR
	1067tail2	GCTCAATCCTAGCGCACCGGATCA	TAIL-PCR
	1067tail3	GAGTGAAGATATTTTTAGTACGGTAAGCGGCGAC	TAIL-PCR
	1067iseqF1	TTCATTAAATTCTGGGATGATGATAGTAGAATTCTC	sequencing
	1067iseqR1	ACGACAAACAGCATCTTTTTTTAGATATTGATTGG	sequencing
	1067tseqF1	ACTACTAATCGAGACAATTTAAGTTTTTATACCACT	sequencing
	1067tseqR1	AATTTAATTCTCTTGCCACAATCAAAATAGT	sequencing
	1067tailB1	AGGTAACGCCGGCCCAGCCCGTATTTCT	TAIL-PCR
	1067tailB2	ACAAAACTAAACCCTATCGCACCCAAAGCACCAACT	TAIL-PCR
	1067tailB3	CTAATCCGATAAAGCAAAAGCCAGCCGCCCCA	TAIL-PCR
	1067tailC1	GGGTGCGACCATTGGCTGGTAGATGGCT	TAIL-PCR
	1067tailC2	CCTCTAGTTTTCGCTCGATTTGTAGTTCTC	TAIL-PCR
	1067tailC3	ATGAAATTTTCTCGGACAAAAAATTAACCCCTAGC	TAIL-PCR
	1067tcseqF	CTCTATTGACTACTTCTAATTCTTTC	sequencing
	1067tailD1	CAAACTGGAGGAACGGAAGGTAACTTTC	TAIL-PCR
	1067tailD2	GGTCTGACAAAAATAGGTGATAAATATCATCAGC	TAIL-PCR
	1067tailD3	GTTGCGCTGTTAATGTAGTCAGTTTTTCTATTC	TAIL-PCR
	1067tailE1	GCTATTCCACGGATTCCATGCTGCATTTTTCTC	TAIL-PCR
	1067tailE2	TTTAAGCTAAGAGAATTTTCCTCTTCTTCCCCAGT	TAIL-PCR
	1067tailE3	GTTAAGAGATGCAGAAAAGGAATTGGAAAGAGAAA	TAIL-PCR

	1067CRinR1	TCTCAAGAGGCTCTAAAAGTTGGGGATGCA	sequencing
	1067tailF1	CCGATAAGTTAGAGGTTCGGGCGCTTTC	TAIL-PCR
	1067tailF2	TGCATCCCCAACTTTTAGAGCCTCTTGAGAGGC	TAIL-PCR
	1067tailF3	CTTTTTCCCTATTAGATTTAGCATTATCGT	TAIL-PCR
	1067fulR	CCGATTAAGATGGGCGTGGAGTTA	sequencing
	1067tFseqF2	GGTAAGGGGGTCAGATAAAG	sequencing
	1067seqFN1	CCTCTAGTAAAATTTATCCAATACCCAA	sequencing
	1067rev2	AAGGGCAAATTCGCAACTTTTGC	sequencing
	1067rev3	GCAGGCTTAGATGATAATTTAGATAC	sequencing
NIES298	298CRrS6	CGCACCCTCAAAGATACCGATATTCT	CRISPR amplification
	298S6R2	CTGTGATTGCCGATCGCGTGCT	sequencing
	298tail1	GGCTTAGACTACGATGGGCCAAGCAT	TAIL-PCR
	298tail2	TTTTGGGGAGAATTTAGGATGATTTTATTATAAA	TAIL-PCR
	298tail3	AATCATCCTCAATCTTAGCGGCCTCCACAT	TAIL-PCR
	298S3	TTATAAAGTACATATCTACAGGATATTCCG	sequencing
	298tseqF1	TATAGACACAGCTATAGAAGACTATAATCCAATT	sequencing
	298tseqR2	GCAAGCTTCTAAGGATTGCATCCAT	sequencing
	298tailB1	TTTAGCGGCCTATCAGGCAATTTTCC	TAIL-PCR
	298tailB2	TATCTTGCCTAGTTCTTTCCCCTTACCAGT	TAIL-PCR
	298tailB3	AGTAAGGAAAGACGACGGTAACGGCAAAAG	TAIL-PCR
	298tseq2	TGAATACTTGCGACTAAATTATTAAG	sequencing
	298tailC1	GCTGTCTATCTTGCCTAGTTCTTTCCCCTT	TAIL-PCR
	298tailC2	ACTCAGTAGGCGAGGTGACAGCCTGTA	TAIL-PCR
	298tailC3	ATAGCCGATTAAATCGGTCCCGGACTCGAA	TAIL-PCR
	298tailD1	GGCTGCGGCTGACTTGACAATCGAGCCT	TAIL-PCR
	298tailD2	GTTAGCAAAAGACTGTAAACTTATCAGTACACAAG	TAIL-PCR
	298tailD3	TTGTGAATACTGCAATAGCCACAATAGATAGAAT	TAIL-PCR
	298CRinF1	TGTCGGTGAAAAGGCTTGCT	sequencing
	298CRinR1	GTCATCTGCCCGGCATCGTT	sequencing
	298tailE1	CCGATGCCTGATACCCAATGGGCAGGAA	TAIL-PCR
	298tailE2	CCCCCATTGTATCTGGTAATTTTACTATG	TAIL-PCR
	298tailE3	ATGACCTACCTAGCGCGTATGCAAG	TAIL-PCR
	298tailF1	GGCCTCATGCCTTTCTCAACGACTGTTGAC	TAIL-PCR
	298tailF2	AGTGCACCCGCCGTGTATGTGGCGATC	TAIL-PCR
	298tailF3	TCGCCACCACCCTCTATCTCTCGGCTCA	TAIL-PCR
	298tailG1	CTTTTGGTAGCCACTGGCAGATTAAATCTTC	TAIL-PCR

	298tailG2	GGCTTTTTGCCAATTCCCCAAAAGCTTGTC	TAIL-PCR
	298tailG3	CACTATATTCCGATTCACTGGCTAACCG	TAIL-PCR
	298tailH1	CGAGTCTTGATTTTTTCCATCTTGATAATCC	TAIL-PCR
	298tailH2	GGGAATCAGAATATGATGGGAAGGCTCGC	TAIL-PCR
	298tailH3	GTGCGTCCCCCTTGAGGGGTTTTCCTT	TAIL-PCR
	298S134F	CCATTTTCCCATCTGACAATAGTTTTC	sequencing
	298S146R	GAATATCACCGACCAACAAATAGATC	sequencing
	298tailI1	CAAGGAATAATCAAGCAAATGCCCGGCAGA	TAIL-PCR
	298tailI2	GCCTGAACGCTGTATTGCAAGCTCACCA	TAIL-PCR
	298tailI3	GGTAACAGTAAAGCCTAAAGCTGTA	TAIL-PCR
	298tailJ1	CGCTCTCAAGCTCTTTAGTTCGGTCTTTTAAGCC	TAIL-PCR
	298tailJ2	CTTGAGTGACAGGATATTTTCCAATCGCGAA	TAIL-PCR
	298tailJ3	AACAATAACCATCCTCTCCATCATC	TAIL-PCR
	298rev2	ATCAATTACTATGCGCTGGCCAAATTTGGT	sequencing
	298rev3	GTATTCCACTGATCCATCGGGATTGAT	sequencing
	298for3	CGTTACCTCGGTATTTTCTCG	sequencing
	298tJseqF	ATTAGCAGCCAACAACGCTC	sequencing
	298tJseqR	GCAATCCAAAGGATTTATCTTCTTCG	sequencing
NIES87	MaeCRrtp2	CAATCCGACATATAGTTGATTCTGATAGTT	CRISPR amplification
	87seqF2	TGCAAGGGAATATCACACTAAC	sequencing
	87seqR2	TTTCCACTTCAATCTAAGAATTGAGA	sequencing
	87seqR3	ACTATCCCTTTTTCTGTCAGG	sequencing
	87seqF3	TTAGATACTTACGAGAATTTATTACCTTGTTCACAA	sequencing
	87seqR4	AAAGCCACTGCAGCAGTATGTAGAG	sequencing
	87wA	CATTTTGTGCATTTTCCCGTTCTTTTAATTGAGT	CRISPR amplification using outward primer
	87wAseqF1	CACATTGGTACAAGCTGGGAAC	sequencing
	87wAseqR1	CTTGATCAAAAGCGATCACAAATTCC	sequencing
	87wB1	TTCAGTGTTTGAGTTGGCGCAG	CRISPR amplification using outward primer
	87wBseqR	GCATTACACCCCGGTTTATAGTT	sequencing
	87wC	AACCACCCTACTATTAGGCGAA	CRISPR amplification using outward primer
	87tailD1	TGGTGACTTTTATGAATACAGTTGTACTTATCCC	TAIL-PCR
	87tailD2	TTGAGCCACTAATCCAGAGACA	TAIL-PCR
	87wE	TTTGCCTAAGTCAGTACCGAT	CRISPR amplification using outward primer
CT1	CT1R	TAGGGATAAGGTAAGGCCAA	sequencing
CT4	CT4R	CCATGATACGCATACTCGAA	sequencing

	CT4F	TCTGATGATAGTCTGGATGAAATTG	sequencing
	CT4R2	TTTATTCTTGGCAAGCCTAC	sequencing
CT5	CT5F	ATCGTATCGGGATCATCGTG	sequencing
	CT5R	AGACCTAAAAATGGCTAAAACAACG	sequencing
	CT5R2	TGTAAACAGTTATGTAAACAATCG	sequencing
CT12	CT12F	TTAACAGCTTGCATTCTCAAGCTAA	sequencing
	CT12R	TAGCTATGGCATGGATGCAA	sequencing
	CT12R2	ATTGGATAGAGGCTTTTGAC	sequencing
CT13	CT13R	ATCTTGAGGGTTTCGCCATG	sequencing
CT15	CT15F	ACTTTCTACCATCCCAGAAG	sequencing
	CT15R	AGGTCTGTAATCCTAAGCAAA	sequencing
	CT15R2	TTGAGTGGCTGTGCAAG	sequencing
CT19	CT19R	GATACCATTGCTTATCACTAAGA	sequencing
CT20	CT20R	CATCCCAGAATTTAATGAAGAC	sequencing
CT21	CT21F	ACCTAACTGTACTCTATGAGT	sequencing

TABLE S2. Significant matches of the CRISPR spacers to foreign genetic elements.

| Strain | Spacer name | Significant match | | | |
		Foreign genetic elements	Locus	Direction[b]	Identity (%)
NIES87	87spc78	plasmid pMA2	IG[a]		100
	87spc129	plasmid pMA1	IG		85
	87spc130	plasmid pMA1	IG		86
	87spc138	plasmid pMA2	IG		94
	87spc147	plasmid pMA1	IG		86
	87spc156	plasmid pMA2	IG		88
NIES102	102spc23	plasmid pMA2	IG		82
NIES298	298spc3	plasmid pMA1	IG		85
	298spc5	plasmid PMA1	ORF2	+	86
	298spc6	plasmid PMA1	ORF2	+	97
	298spc7	plasmid PMA1	IG		100
	298spc21	phage Ma-LMM01	IG (ORF39-40)		94
	298spc47	plasmid PMA1	ORF2	-	92
	298spc54	plasmid PMA1	IG		91
	298spc77	phage Ma-LMM01	MAP_037	-	88
	298spc102/122	phage Ma-LMM01	MAP_039	+	83
	298spc124	phage Ma-LMM01	MAP_040	-	86
NIES843	843-1spc92	plasmid pMA1	IG		92
	843-1spc96	plasmid pMA1	replication protein	-	100
	843-3spc4	plasmid pMA2	IG		97
	843-3spc14	*Cyanothece* PCC7424 plasmid pP742402	PCC7424_5473	-	86
	843-3spc17	*S. thermophilus* LMD-9 plasmid 1	IG		82
NIES1067	1067spc14	plasmid pMA1	IG		94
	1067spc15	plasmid pMA1	replication protein	-	92
PCC7806	7806spc34	phage Ma-LMM01	MAP_041	-	85
	7806spc50	*Bacillus coagulans* plasmid pMSR0	ORF-2	-	82
CT1	CT1spc8	plasmid PMA1	ORF2	-	91
	CT1spc9	plasmid pMA2	ORF3	+	86
	CT1spc10	plasmid PMA1	ORF2	-	94
	CT1spc11	plasmid PMA1	ORF2	+	100
	CT1spc12	plasmid PMA1	IG[a]		95
CT5	CT5spc1	plasmid pMA1	IG		91
	CT5spc2	plasmid pMA1	Rep	+	86
	CT5spc7/9	plasmid pMA1	IG		91
	CT5spc8	plasmid pMA1	Rep	-	92
	CT5spc22	plasmid pMA1	IG		97
CT6	CT6spc2	phage Ma-LMM01	MAP_061	-	89
CT9	CT9spc1	plasmid pMA2	IG		85
CT10	CT10spc1	plasmid PMA1	ORF2	+	97
CT15	CT15spc12	phage Ma-LMM01	MAP_025	-	97
	CT15spc13	phage Ma-LMM01	MAP_020	-	97
	CT15spc14	phage Ma-LMM01	MAP_025	-	97
CT19	CT19spc12	phage Ma-LMM01	MAP_163	+	83

[a] IG, intergenic region.

[b] +, sense strand; -, antisense strand. Indicated for only matches to coding regions.

TABLE S3. Pairs of similar spacers.

Spacer name	Sequences (5'-3')[a]

```
                        *  ***********************
298spc131               ATATTCTGGGATGATGATAGTAGAATTAGAATTCTCGAA
1067spc3            TTCATTAAATTCTGGGATGATGATAGTAGAATTCTC
CT20spc13      GTCTTCATTAAATTCTGGGATGATGATAGTAGA
                       ******************************


102-8/843-15   TCCTATGGATGGGCATCGGAGGGTATTAGCTTGGT
CT8spc5        TCCTATGGATGGGCATCGCCGCGTTTTAGCTTGGTTGC
               *****************  *  **  *********


87-115/116          AATGAATTATTATCAAGGATTGAAGCCTTAGAAAAT
CT19spc1       AACAATCGGATTAACGAACTATTATTAAGGATTGAAG
                    **  ***  ******  ***********


                    *****  ********  **  *****  ****
CT14spc7            AAAAGCGACGCAATCGAAACTAATAAACAGCTTGA
CT19spc15        TTCAGGTCAAAAGTGACGCAATTGAGACTAACAAAC
87spc56#       GTTTTCAGGTCAAAAGCGACGCAATCGAGACTAACA
               ************  ********  **********


298spc94#      AAGTGGCTGTTGATAATGGGTTTACTGGCACGG
298-102/122            GATAATGGGTTTACTGGCACAGAACAAGATTGGCTT
                      *******************  *


298-99/119     CCGGCATTGGGGATTCGGATTGCTCCTTGTAAAGA
298spc118      CCGGCATTGGGGATTCGGATTGCTCCTTGTAAAGAA
               ***********************************


                    *****  ****************  ********  ***
1067spc18#          CCCTCGTCTTGAATTGATAGCATCGACGCATTATT
843-1spc58          CCCCTCATCTTGAATTGATAGCAGCGACGCATCATT
843-2spc19     CGCCTACTAAATTCCCCTCATCTTGAATTGATAGC
                    **********************


102-16/843-23  CGGCATTCTCTATCGGCGCGTCTCCGATAGACTC
CT17spc13#     CGGCATTCTCTATCGGCGCGTCCCCGATAGACTCTT
               **********************  ***********


               ********************************
843-1spc99     CGAAATTCTGCAATTCCATCGGCAATAATTAAA
843-1spc100    CGAAATTCTGCAATTCCATCGGCAATAATTAAAAA
CT1spc5#        GAAATTCTGCAATTCCATCGGCAATAATTAAAAA
                ********************************


1067spc36      AAATCCGCAAAAGTTGCGAATTTGCCCTTCGGCAAC
CT8spc7        AAATCCGCAAAAGTTGCGAATTTGCCCTTCGGCAACGCTCAGG
               ************************************


298spc144      TTTCCCGGGTTTTCCGTCGTTTCCGGGCTTCCCGT
CT20spc12#        CCTGGTTTCCCGTCGTTTCCCGGTTTCCCGTCCCGTCCCGGCT
                  **  *****  **********  **  *******


298spc14       CGCCATTTATCGAAGCCGTGGGGATAACCTAATAATTCCAAA
CT10spc3       CGCCATTTATCGAAGCCGTGGGGATAACCTAATA
               **********************************


1067spc8       GGGGTGGTAAGCATTTCTATTTCGGTTTCGAGCTTTTCAAT
CT4spc14#             ATTTCTATTTCGGTTT-GAGCTTTTTGAGCCTCTAA
                      ***************  ********   *


298spc98       GTGAATGCCGGTTATTTCGCATAACTTTGTATTTGCGCTG
1067spc74             ATTTCGCATAATTTTGTATTTGCGCTGGTGGTTG
                     ***********  ***************


1067spc84      GAAAAGTTCCCTCGGATTGAGTCCCCGCTTGACTCTCCCC
CT16spc5             CCCTCGGATTGAGTCCCCGCTTGACTCTCCCCCAC
                     *****************************


CT4spc23         GTTGCTCAAAGCTTAGATAGTTGGTATGCAGAACAGCGAT
CT22spc4#      GTGGTTGCTCAAAGCTTGGATAGTTGGTATGCTG
                     **************  **************  *
```

```
102spc23        CCCTTTAGCCGATTTAATTCCTATGAT TTTGGGATTCTC
CT19spc9                      TCGCAATTGCTATGATCTTTGGGATTATCTTGAT
                              **** ******* ********* **


298spc123               TATCTGCTAAAAGATTTATAATCTTTATTGGTCTA
7806spc27       ATCGGAGGTTTATCTGCTAAAAGATTTATAATCTTTATT
                              *****************************


87spc38         GATGATCAATTTAGGCTAATACTGCCAGCTCCTTTTGA
87spc108#       GACAATCAGTTTAGGCTAATACTGCCAGCTTCTT
                **   **** ******************** ***


87spc39         GCCCAATTGAGAGATGGCGACACGATTAAACTTCGATT
87spc40         GCCCAATTGAGAGATGGCGACACGATTAAACTT
                ********************************


87spc105        TGATGATTCCTTCGGCTCGAATTTGGAATCGGCAAAG
CT5spc24        TGATGATTCCTTTGGGTCCAATTTGGAATCGGCAAAG
                ************ ** ** *****************


102spc2         TTCAAACATGATACTAATTTTTTGACTTTTTGCCCGA
CT23spc5        TCCAAACATGATACTAATTTTT GGCTTTTTGCCC
                *  ******************* * * **********


298spc62        AGCTTTAATCCAGCTTCTGCGCTAGATTTTATTAAAA
1067spc69             TGATCCTGCTTCTGCGCTAGATTTTATTAAAAAT
                * **** ************************


87spc22                   ATTTGTTTGATTAGGTGCTAAAAAACGACCATTAAG
843-1spc33#     CTTTGCGTGTTGTTGGTTTGATTGGGTGCTAAAAAAC
                       ** ******** *************


843-2spc3       GTGATTGAGGTGTAGGTAGTTCCCGCCCATCCAACTG
7806spc45       GTGATTGAGGTGTAGGCAGTTCCCGCCCATCTAAC
                **************** ************** ***


CT5spc20                   ATTTTTAAGCGCAAAAAACTCGCTATCAACATCACGG
CT13spc3#       GTGATAATTGTTTTTGAGAGCAAAAAACTCGTTATC
                       ***** ** *********** ****


87spc45         CGCCAATCAAGATGCCCCTATAAAAGTTGTGTCAG
87spc87         TGCCAATCAAGATGCTCCTATAAAAGTTGTGTCAGT
                 ************* *****************


102spc27        TTCCCTATGTCTGACCGTTGGGCGGGGAGATTTAAT
1067spc32       TTGCCTATGTCTGACCGTTGGGCGGGGAGATTAAG
                ** *************************** *


298spc45        AATTGGAGAATATCGGTATCTTTGAGGGTGCGCTG
843-1spc7          GGAGAATATCGGTATCTCTGAGGGTGCGTTGCGGGG
                   ***************** ********** **


843-1spc55      AAGTTCCAATGGTACGAAACAGCCTGGGCAGACC
843-2spc1       CAGCCCGAATGGTACGAGACAGCCTGGGCAGACCAA
                 **   * ********** ****************


102spc36         TTGTCCCTATTCCGGGCGCGTCCCATTAAGCTGT
CT3spc11#       TTTAATCCTATTCCGGGCGCGTTTCATTAAGCTGTT
                 **   *************** ***********


87spc20          TTACCTTCAATTTTTTGCTGTTCTTCTGCGCTAAC
CT19spc17#      GTTTTACCTTCAATTCTTTGCTGGTCTTCTGTGCT
                     ************ ******* ******* ***


87spc66         GGGCTTCCTTCAAATTCCGGCCTCGCTAATTCCC
87spc67         GGGCTTCCTTCAAATTCCGGCCTCGCTAATTCCCG
                **********************************


87spc119        ATCAATTATCAGCGATTATCAAGTAATTAGGAGTA
298spc126       ATCAGTTACCAGCGATTATCAAGTAATTAGGAGT
                **** *** ***********************


102spc25        ATTTTACCCTGTATTTCAGAAATTAGAAGAAAAAG
7806spc65#       TTTTATCCTGTATTCCAGAAATTAGAAGAAAAAG
                 ***** ******** *****************
```

```
298spc32              GGAATATCCTGTAGATATGTACTTTTATAAAGAAA
843-3spc26            TTCGGAGTATCCTGTAGATATGTACTTTTATAAGG
                      *** *********************** *


298spc75             ATTTGATAGCCGATTAAATCGGTCCCGGACTCGAA
1067spc50            ATTTGATAGCCGATTAAATCACTTCCAGGCTCAA
                     ******************  * ** * *** *

298spc76             CTAGTATTCAATCTTTTCATATTGGCTACCTAGCT
CT17spc9            CCAGTATTCAATCTTTTCATATTGGCTATTTAGC
                     * ************************   ****

298spc139           TCACTCACCCCGCTTTACTAGCATATCACACTTTC
CT3spc6#                         TTTACTAGCATATCACACTTTCAATCAATGCGATA
                                  *********************

102spc38            ATCGAAGAGCTACACGCTGAAAAAGAGCGCGATA
298spc142           ATCGAAGAGCTACACGCTGAAAAAGAGCGTGATAT
                    **************************** ****

87spc129                      ACTACACGGGACCCAATCCTGAAAGCCTTACCAC
843-1spc24#         AACTATAGATGTCACTACACAGGACCGAATCCTGA
                             ******* ***** ********

843-1spc83                      ATTTTAGACATTTTTAGGTCTGTGCCAAGAATGCA
CT5spc28            CTTGTTTTTCGTTGTTTTAGCCATTTTTAGGTCT
                              ****** *************

843-1spc107         ACTAAGTATTTTGCTGGTAAGCAAATAGATGAATT
843-2spc10          ACCAAGTATTTTGCTGGTAAAGAAACAGACGAATT
                    ** ****************  *** *** *****

843-3spc11          CATTTACTTTTTAATGAAGGCACGCCATAATTTAA
843-3spc39          CATTTACTTTTTAATGAAGCCACGCCATAATTTAA
                    ****************** ***************

843-1spc71          GTTTTTAGGAATGATGCCTGCCGTGGCAATGTCT
1067spc2#               TAGGAATGATGCCTACCGTGGCACTGTCTCTTGAT
                        ************** ******** *****

1067spc60           ACCTCTATTGACTACTTCTAATTCTTTCCCCACAG
7806spc40                 AACTATTTCTAATTCTTTCCCCAATGTTAAACTGG
                          **** ****************  *

843-1spc29          AATGGTTTGCATAATCCTAATTGCTACATCTCCC
1067spc88#              TTGCATAATCCTAATTGCTACATCTCCCGAAGTAA
                        **************************

CT3spc9             AAAGCGAGCCTTTTCTCCCACTTTGAAAGTAACTC
CT5spc32            AAATGTAGCCTTTTTTCCCACTTTGAAAGTAACT
                    ***   ******** *******************

87spc89             GCATTTCTCCAATTGGCATCGCCATCGGCAAAGA
CT5spc3                  TCTCCAATTGGCATCGCCATCGGCAAAAGCATAAA
                        **************************

CT10spc5            GGCATAGAAGCCGATCACTACCCCGATCAAGAGGA
CT12spc14           GGCATAGAAGCTAATCACTACCCTGATCAAACAG
                    ***********  ********** ******   *

CT11spc5            CTAATTCGCGCTTTAAATCGCTGTATTCTGATT
CT12spc9            CTAATTCGCGCTTTAAATTGCTGTATTCTGATTCA
                    ****************** **************


CT1spc7             ATTTTCGATCTCCTCCCGGCACTCCTCCCGGGCC
CT1spc13#               TTTCGATCTCCTCCCGGCACTCCTCCCGGGCCGA
                        ******************************
```

[a] Shared nucleotides are indicated by "*". Complementary sequences are shown for the
spacers marked with #.

Supplemental Text. Consensus sequences for the CRISPR types.


```
>CT1
CTTATCCCGTAAGGTTTTGCGGGGTCTTGAAGAACTGGGTCACTTGCTGTACAATGGGTTTATTGCGGGTGCGGCGCATACGAACCTT
GAAAACCCCATAGCGTACGGCTTTTACCACTGGGCG

GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    ATGGCAGTAACTTGTTAACAGGTTTATATCTTCTAC
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    TGAGGGGATACATCCCCTCAGTCCTTAGCTCTAAG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    GCTAGTGACATCTATAGTCCTTACTCTTGGATCCT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    GTTGAAGCCATAAGGTAAAAAAAATACCTCAATAA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    TTTTTAATTATTGCCGATGGAATTGCAGAATTTC
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    TTTTAATATTGCCGAAGCTAATAGATTTTTTAAT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    ATTTTCGATCTCCTCCCGGCACTCCTCCCGGGCC
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    ATCTGGTTTCTTATTAAATTCGCCGTTCAACTC
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    ATCAAGGGGATTTATACCTATGCGATCCAAAAGAAAT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    GAAATTCTCATCTATTTCAGGATCATAATTTCGAT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    CCTTTTTTAAAACATTAGGGGGAGAATACTT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    CTTACCTTGGCCTTACCTTATCCCTACCCTTGCCCTGCTT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    TCGGCCCGGGAGGAGTGCCGGGAGGAGATCGAAA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    AACAGGTCTGTTCTCAGTATTGTTTACAGTAACAG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    GTTTGTGATGAGGTGGATCGCTATCCTTTTAGTG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    AGAAAAGAAGCAAACTCAATATTATTAGGCTCAA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC


>CT2
CTTATCCCGTAAGGTTTTGCGGGGTCTTGAAGAACTGGGTCACTTGCTGTACAATGGGTTTATTGCGGGTGCGGCGCATACGAACCTT
GAAAATCCCATAGCGTATAGCTTTTACCACTGGGC

CTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    AAGAAATTGGTAGTTTTAAGATTGGAAAATACCCAAT
CTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    GAGGTAATATCTCAAAGAGATCAATCTCTTTTTT
CTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    TTACGAATTTCGATTAAATGCCGTATTTCTGTCGG
CTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    CTGAAACTCTTCAAATGAGAGCAATTCTTTTTTTG
CTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    ATCAGTAGATAAATCTTTAATCGCTTTTTTGATATTG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC    GTCAGCACCTGCGCTGCCAGTCCCGTGATAAAACACG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC    GCGACCACTTCCCCGAACGAGTACCTTTTCCCCGGG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC    TTGCAACATCGATTCGCTAAATTTTACCCAGTCAGGG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC    TTGCAACATCGATTCGCTAAATTTTACCCAGTCAGGG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC    CGAGAATGACTTGCAATCCCTTATTTTTTCTACCG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC    CCCTTAGATGAAGCTGTACCACGCACTCCCGGCCCT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC    AAGTCTCACTTGATAGCCAATAGCCCGGCCCTCACTATCG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC    CTTTATATTCCTGAGAAGATGCCAGTAATAATCCG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC


>CT4
CTTATCCCGTAAGGTTTTGCGGGGTCTTGAAGAACTGGGTCACTTGCTGTACAATAGATTTATTGCGGGTGCGGCGCATACGAACCTT
GAAAACCCCATAGCGTATAGCTTTTACCACTGGGCG

GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    TAGCCTTAGATGATCGATCAAGTAGTTCATCTGTAGT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    TTCATTCTTACGGCGGGAAATATGCTCATCCTTTTG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    TATCTGATGATAGTCTGGATGAAATTGTATTAGA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    AGGAAAAAGTGGATGGCCGTATCCTCGTGCAAAAATCGA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    TAGCGTAAAATTACAAAATTTTTATTGATTTCTTT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    AAAAATGTGCATTTACTCTTTAACGCCTAGCCATAAT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    GGACGCTATTAGTATAGATAATATTTGCAAATGCCTAGGA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    GTTTTTATTAAATTAGCCCTTAGATGTGTTACATATC
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    GTAACGCCGTAACGCTGTAACAGCCTTATCCAGTAAGG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    ATAGCTTGATTTTAATAGAAATTAAGATTGATTA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    GCTGCTACCGGGATTAAAAGGCAAATCGACACGCAA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    GACTAGCGCATAATTGATCGCCGCTATCCAATCCT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    GCTACCGTTCTGTGGGGTGGGAATCGTTTTTTGCGT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    TTAGAGGCTCAAAAAGCTCAAACCGAAATAGAAAT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC    AGAGTCGCTTGCTATTAACTATGATTCTCGATCTG
```

```
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      AAATCTGAGCGACTTTCTCGCCACGGTCGGGGTCGTTCGCTG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      CTTTTAACGGCTAATTCTACTGGATCACCCTCAA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      CGGTAGGCTTGCCAAGAATAAACCCCGGGGGGCA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      AGTAATTATGGCTTATCAATTGATAAAAGTTATT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      AAATTTTTAGACATTGATCGCAACCTAGAACCTA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      GGGGAGATTCATAGAGAATCGATGACTAAAAACTTCAT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      AGGTGTAGGAGAATTAGCCGTTAAAGAACCAGAAA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      GTTGCTCAAAGCTTAGATAGTTGGTATGCAGAACAGCGAT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      ACAGTTCGAGTATGCGTATCATGGAACAAAATAAG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      GGACTAGAGAGATTTGTGACTATCTTCTATTGATG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      GATCAATCCTTCCGCTTTTCTGAAAGATGCCACCG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      TTCCATTGAAGGAAATATTCCGATAATGCACACCG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC


>CT5
CTTATCCCGTAAGGTTTTGCGGGGTTCTTGAAGAAGTGGGTCACTTGCTGTACAATGGGTTTATTGCGGGTGCGGCGCAACGGAACCTT
GAAAATCCCATAGCGTACGGCTTTTACCACTGGGCG

GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      TCGGAGAAATCGCCCTTCCCTTGCAGTGCCAAAGG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      CGCAACTGTCGCCTAGAGGATTTGCGAGAGACGATC
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      TCTCCAATTGGCATCGCCATCGGCAAAAGCATAAA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      CCGCGATCGTATCGGGATCATCGTGGTGCAAACCGTCTCGG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      CACAGCCCTTTCCCCCTCAGATACCTCCTAGGTGATTTTCAA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      AAAAAGGGGGAATAGCTATGGCTTGTTAATGCTTGTTCCA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      TTTTCCCCAGCAATCACCGGGGGGGGGAGTATAAT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      TTTAACCCGCTTGACATTGATTATCGGTGTATAATC
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      TTTTCCCCAGCAATCACCGGGGGGGGGAGTATAAT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      TTTTCAATTTGTCCATGACGCGGGCCATCGCCTG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      CGGCTGTGGCTTGCCGACGGAAAAACTGATGCTC
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      CTCTTTATAGCCTTGTACCTCCGGGCGATTTGACCAG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      TGACATTAATGGCGGCAGCACTCGATTAATATCA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      TAGACCAACTGGGACTTTTTTAGCGGGCTCAGAATT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      TTGCCGTGGGAAATCGAGTTACTTGGCTGGATCCC
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      GCTCATAGCCACAGTGAGGACAGGGGATAAAATA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      TTCTCCGCCGCTTTTTTTATGACCAACGTTTTGA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      GCGAGATTCGCCAGCTTTGGTGGGGAAGATTGATA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      GGATCTTCAATCGTATTATATCTAAAAACATTTA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      ATTTTTAAGCGCAAAAAACTCGCTATCAACATCACGG
GTTCTAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      GCAATAATAAACCAGTTTGCTTCTAAAAATTCGC
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      TACTCGATTGTTTACATAACTGTTTACATCCAATT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      TTCCAGTCGGTGGATTTTGTTGTTATTTTTTCCATT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      TGATGATTCCTTTGGGTCCAATTTGGAATCGGCAAAG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      ATTAGCGATCACGAACTCGGAAAACTGAGAAATATC
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      ACGATTCATTGTAACACTGATAACTGATAATTGG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      TACCGTTGTCACCGTTGTAAGCCGCTCTGTATAAGG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      CTTGTTTTTCGTTGTTTTAGCCATTTTTAGGTCT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      TAGAATGGTTCCATATTTACAGTATGGAAATTTT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      TTATCACTATCTGAAACAGAATAAATCAGATAAT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      GCTTGCCTCTCGATACTATTAGCTTAGTAGCTTTTTC
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      AAATGTAGCCTTTTTTCCCACTTTGAAAGTAACT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC


>CT7
CTTATCCCGTAAGGTTTTGCGGGGTCTTGAAGAACTGGGTCACTTGCTGTATGATTGGTTTATTGCGGGTGCGGCGCATACGAACCTT
GAAAATCCCATAGCGTATAGCTTTTACCACTGGGCG

GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      AGAAATCGCTCAAGCAAGGCTAAGAGCCGCCAAAG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      TCCCTTGTAGGATAAGAGCATTATCGAATTTAGCACCCGG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      TTTGGCCTCGATACTAGGAGGCTTTTGGACGAACTC
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC      TCATTTGCCGCAATTACCGACATGATCACTACTTT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC
```

>CT8
CTTATCCCGTAAGGTTTTGCGGGGTCTTGAAGAACTGGGTCACTTGCTGTACAATAGATTTATTGCGGGTGCGGCGCATACGAACCTT
GAAAACCCCATAGCGTATAGCTTTTACCACTGGGCG

GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   CGTGAGAGGGCAAAAAAGCGGAAATGACTTAACT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   CTAAGATGTACGTTGCCAAGTCTAGGGAAGCTTTTGAAG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   CTGGACAGGTATGGGACAAAAATGCCCTAGAAAC
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   ATTGGTAACGATTATTTAAAGGCTAATCATTAGTTT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   TCCTATGGATGGGCATCGCCGCGTTTTAGCTTGGTTGC
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   GTCTTGCTATTTTTTCGTGGGTTTTGGCAACTT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   AAATCCGCAAAAGTTGCGAATTTGCCCTTCGGCAACGCTCAGG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   GCCACTCACCGCGTGGGAATCACACAGTTGATCCGC
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   ATGGGACAAGGCGGCTTAAGCGTAGGGCAACTCA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   ACTATCGGCAAAGCTCCCAAAGAAAAATCTAAAGG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC

>CT19
CTTATCCCGTAAGGTTTTGCGGGGTCTTGAAGAACTGGGTCACTTGCTGTATGATTGGTTTATTGCGGGTGCGGCGCATACGAACCTT
GAAAATCCCATAACGTATAGCTTTTACCACTGGGCG

GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   AACAATCGGATTAACGAACTATTATTAAGGATTGAAG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   GCATCTACAGTAGCCGCTGTTATATCTACTAGATACAGTTCCAAT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   GCGAGAATGGCTAAAGTTTGTATAGAGGTGAGAA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   GTATAGTCGCGCCAGCCCATTATCCCCGCCAAAGGCAT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   GCTACAGCCCGATGGGTATCAAATTATTTAACTT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   GCTGGGGGAGTACCCGAACCTCCTATCCAATTAAT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   ATTGAAGCATTTAATCCCCCAATCTGAAATAAACGG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   TACCGATTTATCAAGGATACGGGTATCGCACCCAA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   TCGCAATTGCTATGATCTTTGGGATTATCTTGAT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   GAAGGTTCCAGACGGAAGCGGCGTAAAGATAAGCCTTCTGAA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   ATAGATAAATAACTTTAATTGTGGTAAAGTAATGT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   TCTTAGTGATAAGCAATGGTATCTTGGCGATGAACA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   AACTAATTTGCTTAGGGTAGAAGCTTCGGTATGTATA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   CAAATTAATCAACCTAAAGAAACTAAACCATCTAAT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   TTCAGGTCAAAAGTGACGCAATTGAGACTAACAAAC
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   ATTATGGCTAATCTCAGTTTACAGGAATTTGATC
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   AGCACAGAAGACCAGCAAAGAATTGAAGGTAAAAC
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC

>CT22
CTTATCCCGTAAGGTTTTGCGGGGTCTTGAAGAACTGGGTCACTTGCTGTATGATTGGTTTATTGCGGGTGCGGCGCATACGAACCTT
GAAAATCCCATAGCGTATGGCTTTTACCACTGGGCG

GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   ATCTAAACTAGCAACAGGAGCCAGAGAAAACAAC
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   TCAAAATTAGTGGGCAATATAAGATTAAATAAAT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   CGCTATTTTCTTCATGCGCTCCCATTAATGCTACTG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC   CAGCATACCAACTATCCAAGCTTTGAGCAACCAC
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTATTAGGGATTGAAAC

>CT23
CTTATCCCGTAAGGTTTTGCGGGGTCTTGAAGAACTGGGTCACTTGCTGTATGATTGGTTTATTGCGGGTGCGGCGCATACGAACCTT
GAAAATCCCATAGCGTATAGCTTTTACCACTGGGCG

GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC   TTACTACCACCCCATACAGGGAAATCAGCAAAAT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC   ACTAGCCACAACAGGAGGGGTTACAATGTAATTTA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC   CTTCTAACGGGTTTGGAATTAGGAATTTTACTCTAGA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC   CGGACCAAAAGGCAGGGGTTTCTCGCTTGGGACAAAC
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC   TCCAAACATGATACTAATTTTTGGCTTTTTGCCC
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC   AAGAAACCTCTTTCTCCCCTGCATTAGGCATTAATC
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC   AAGCATCTAAAAGCTATCTGTGAAAAGCTTGATCAG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC   GTGATTTTTGGGAATTTCACGAAGGTTTTGTACAAAA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC   CCGGATGACAGTGACCCAATTGAATCAGTAACGG

```
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC     TATACCGAGAGGGAAGCGATCCGGACAATGCTGCTTAATA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC     AGGAGTATCAAAACGTGGAATCAATCGAGTACGA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC


>CT24
CTTATCCCGTAAGGTTTTGCGGGGTCTTGAAGAACTGGGTCACTTGCTGTATGATTGGTTTATTGCGGGTGCGGCGCATACGAACCTT
GAAAATCCCATAGCGTATAGCTTTTACCACTGGGCG

GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC     AATCACTTTGATGCTATTTTTGCTATCTCTCAT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC     AGAGCATATTCGCTATTTCCGTTAAAAAATGCTAGG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC     TCGTGAACCCAAATAGTTTGATAGGGTGATTCAGCTT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC     TTAAAAATTATAGGGATAAAAGACATGGAAAATAC
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC     CGATCGCCTTTTGCCGGATCAATTAAAAGGATAAAA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC     GCGATCGCATCCTAGACCATTCCCGCCATACTT
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC     GTTTGTGCCAGTGCGATCGGTGTGGTTAGTGCTAGAGC
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC     AGGATTCATTGTAACTGCCTATGTGTCGATAGCTTACATG
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC     CCATGGTTTATCTTTAGGACTCGCATCAGATAGCCACAGA
GTTCCAATTAATCTTAAACCCTACTAGGGATTGAAAC
```